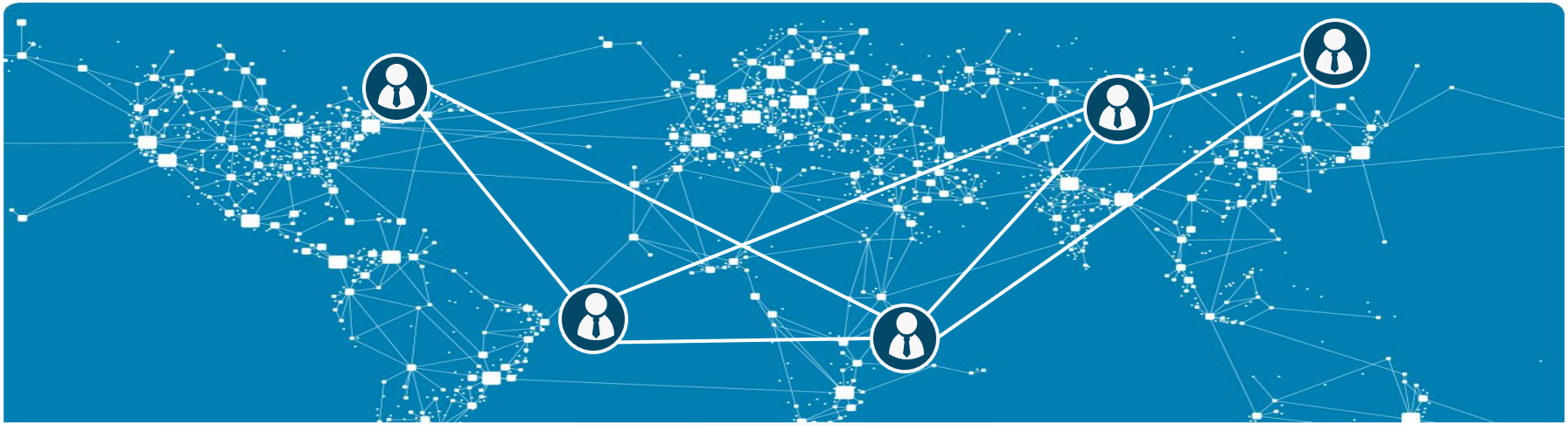


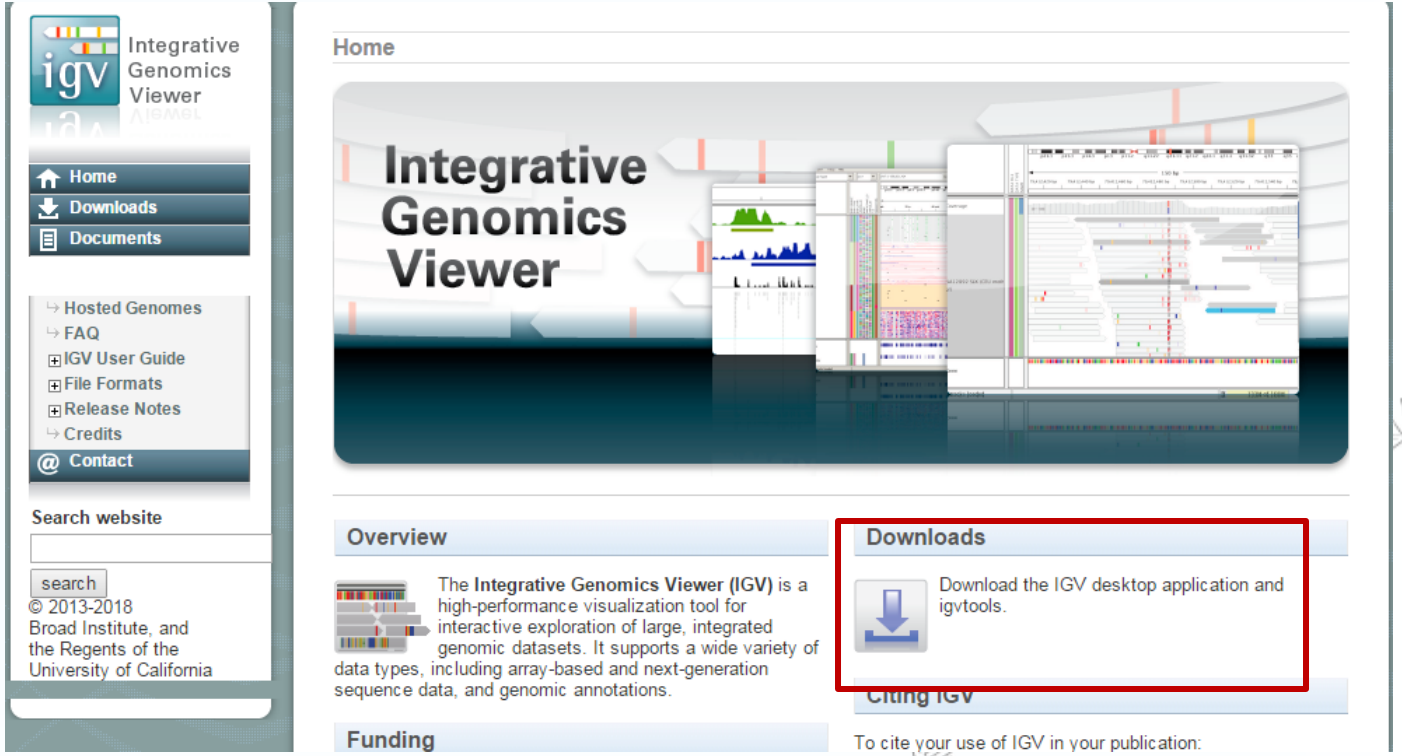
IGV可视化

基因组浏览器总结

- 本地安装UCSC基因组浏览器
- 测序数据可视化 (一)
- IGV基因组浏览器可视化高通量测序数据
- 高通量数据分析必备-基因组浏览器使用介绍 - 1
- 高通量数据分析必备-基因组浏览器使用介绍 - 2
- 高通量数据分析必备-基因组浏览器使用介绍 - 3

宏基因组
易生信

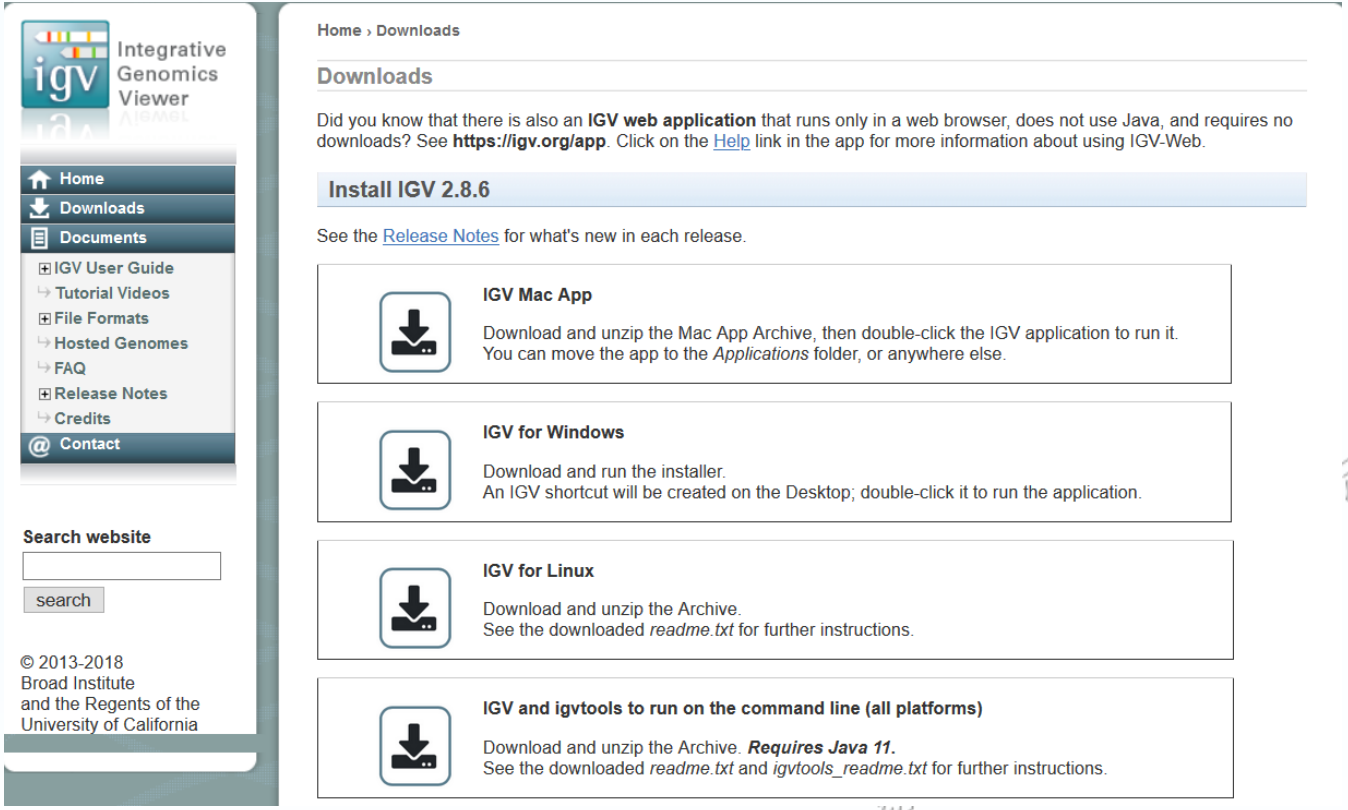
比对结果可视化-IGV



http://software.broadinstitute.org/software/igv/

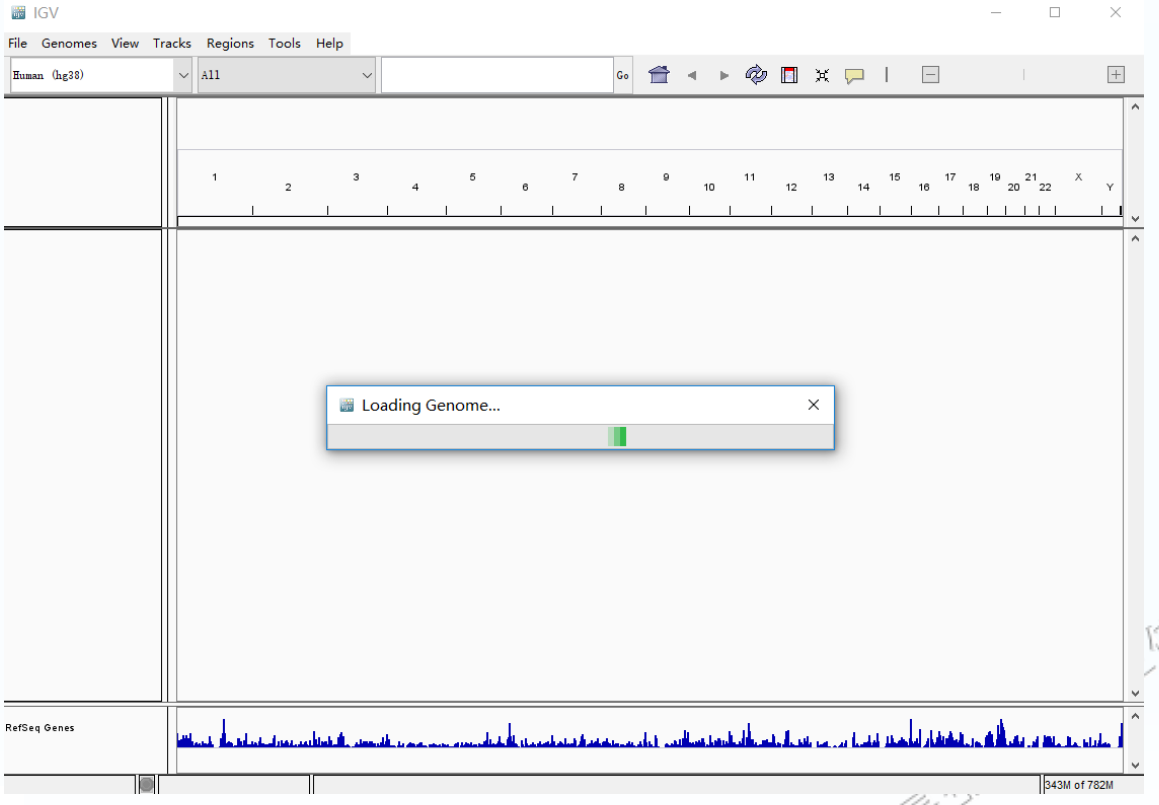
易生信，毕生缘；培训版权所有。

IGV 的下载



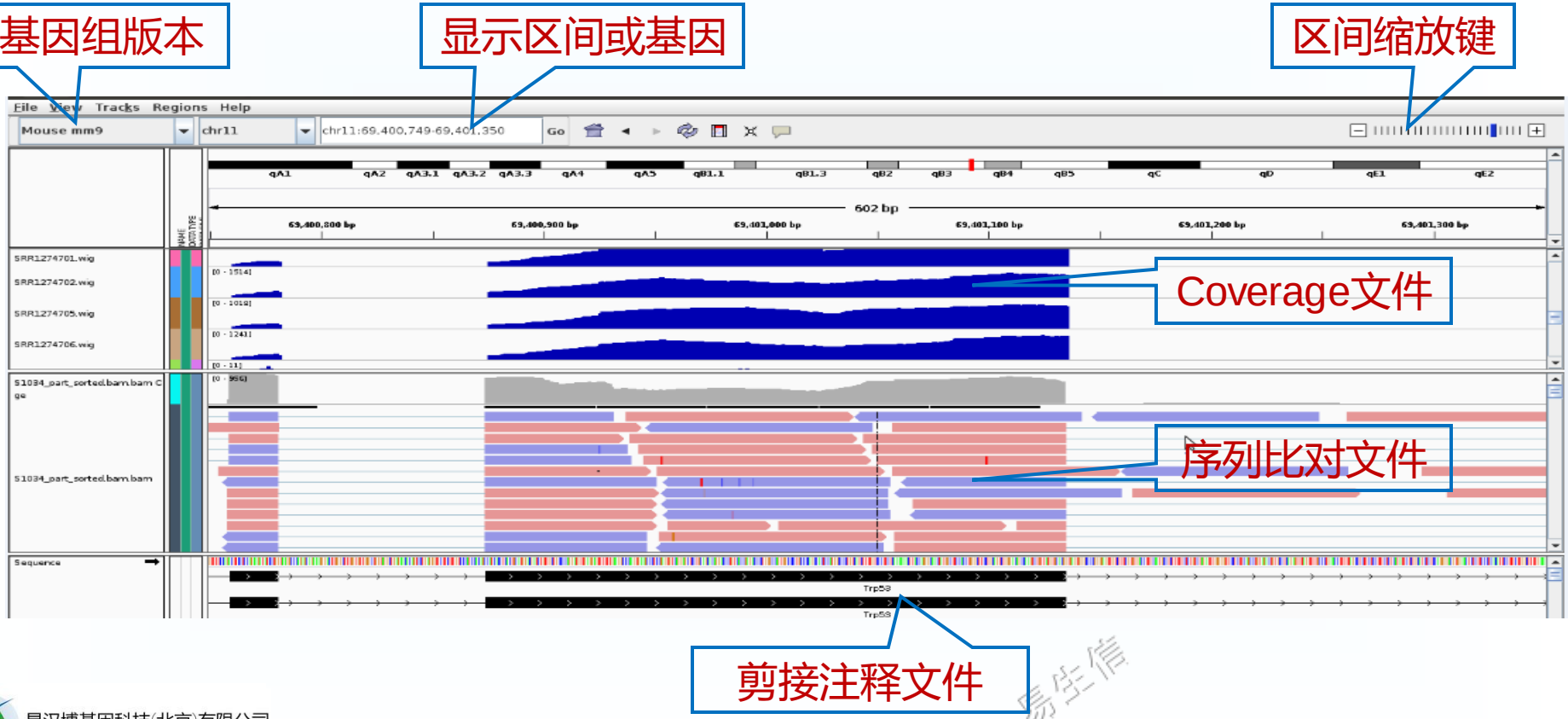
易汉博基因科技(北京)有限公司
EHBIO Gene Technology (Beijing) co., LTD
易生信，毕生缘；培训版权所有。

启动IGV



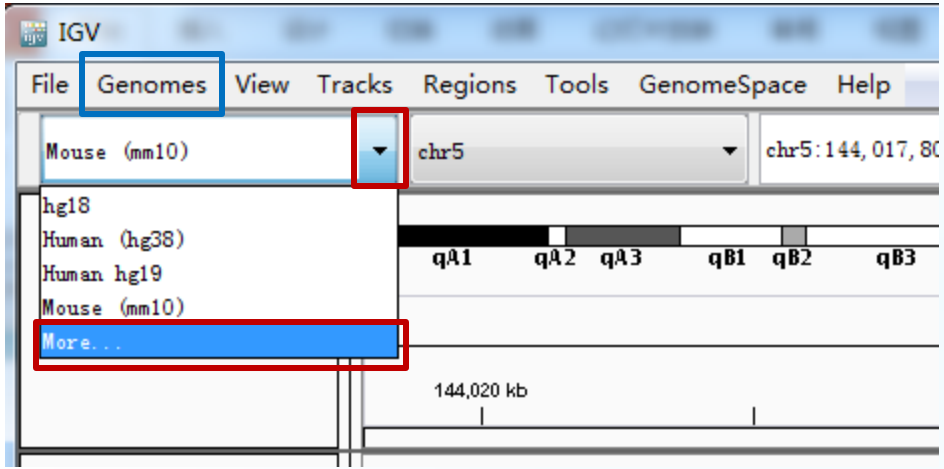
基因组文件的默认位置：C:\Users\Administrator\igv

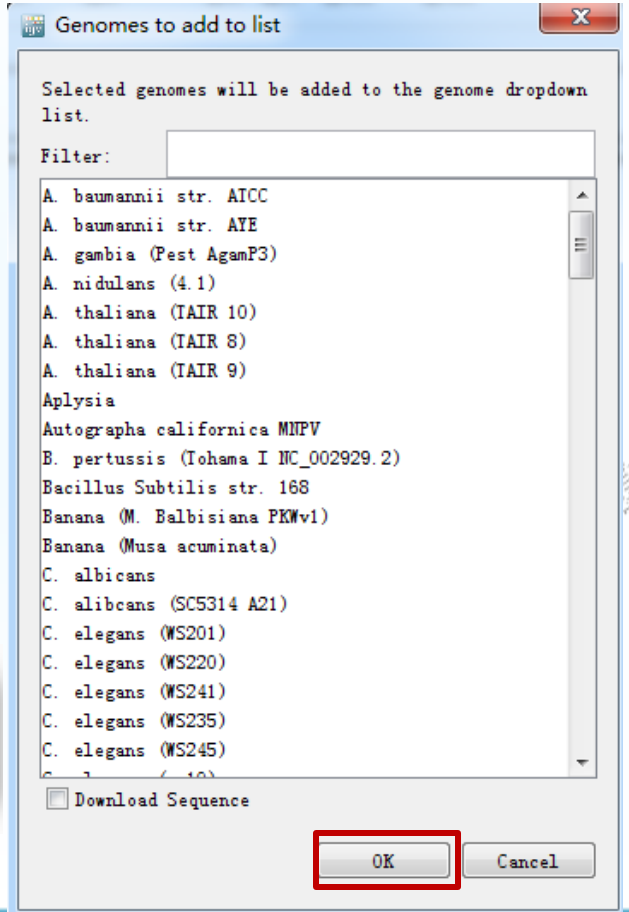
IGV界面



易生信，毕生缘；培训版权所有。

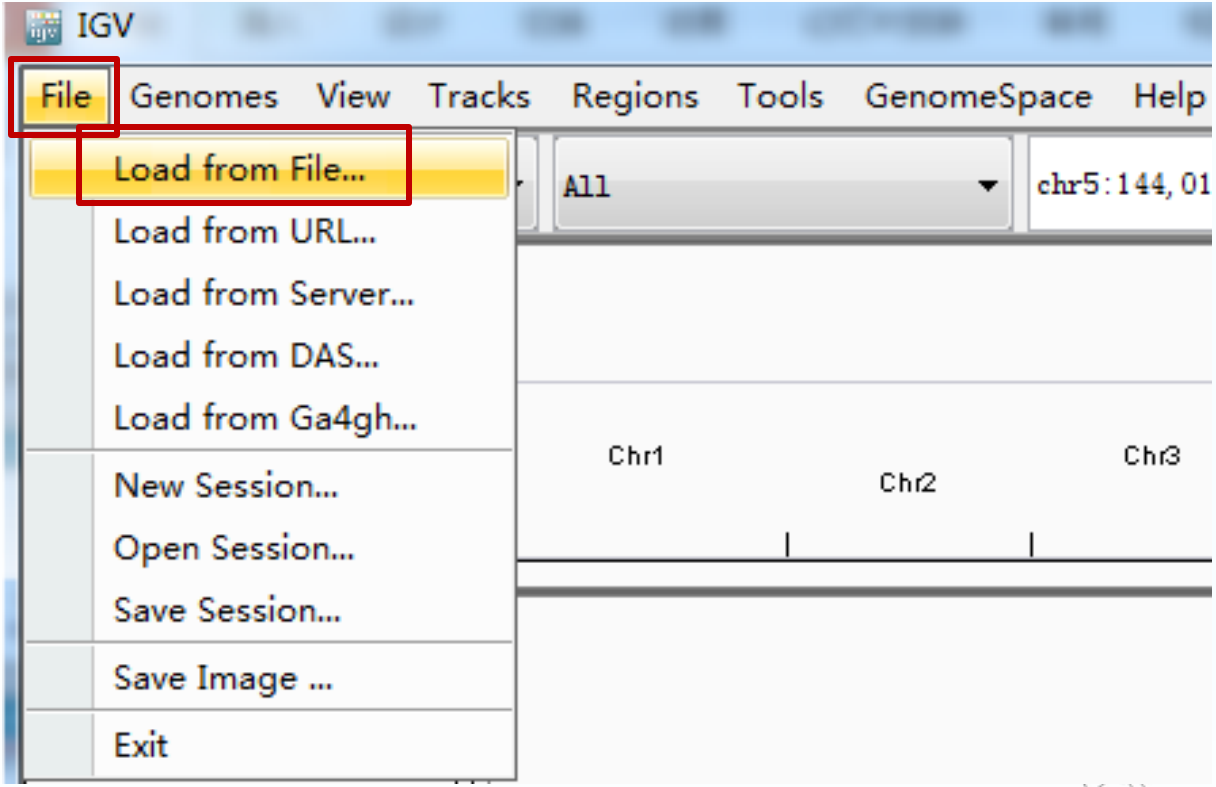
IGV使用步骤 – 加载基因组





易生信，毕生缘；培训版权所有。

IGV使用步骤 – 导入结果文件



宏基因组
生信宝典
易生信

IGV推荐使用的文件格式

Source Data	File Formats
ChIP-Seq, RNA-Seq	TDF
Copy number	CN format, SNP format
Gene expression data	GCT format, RES format
Genome annotations	GFF or GFF3 format, BED format
GISTIC data	GISTIC format
LOH data	LOH format
Mutation data	MUT format
RNAi data	GCT format
Segmented data	SEG format, CBS format
Sequence alignment data	SAM format, BAM format
Any numeric data	IGV format, TAB format, WIG format

http://software.broadinstitute.org/software/igv/RecommendedFileFormats

易生信，幸生缘，培训版权所有。

转换为基因组浏览器可识别格式 BAM to bw/TDF

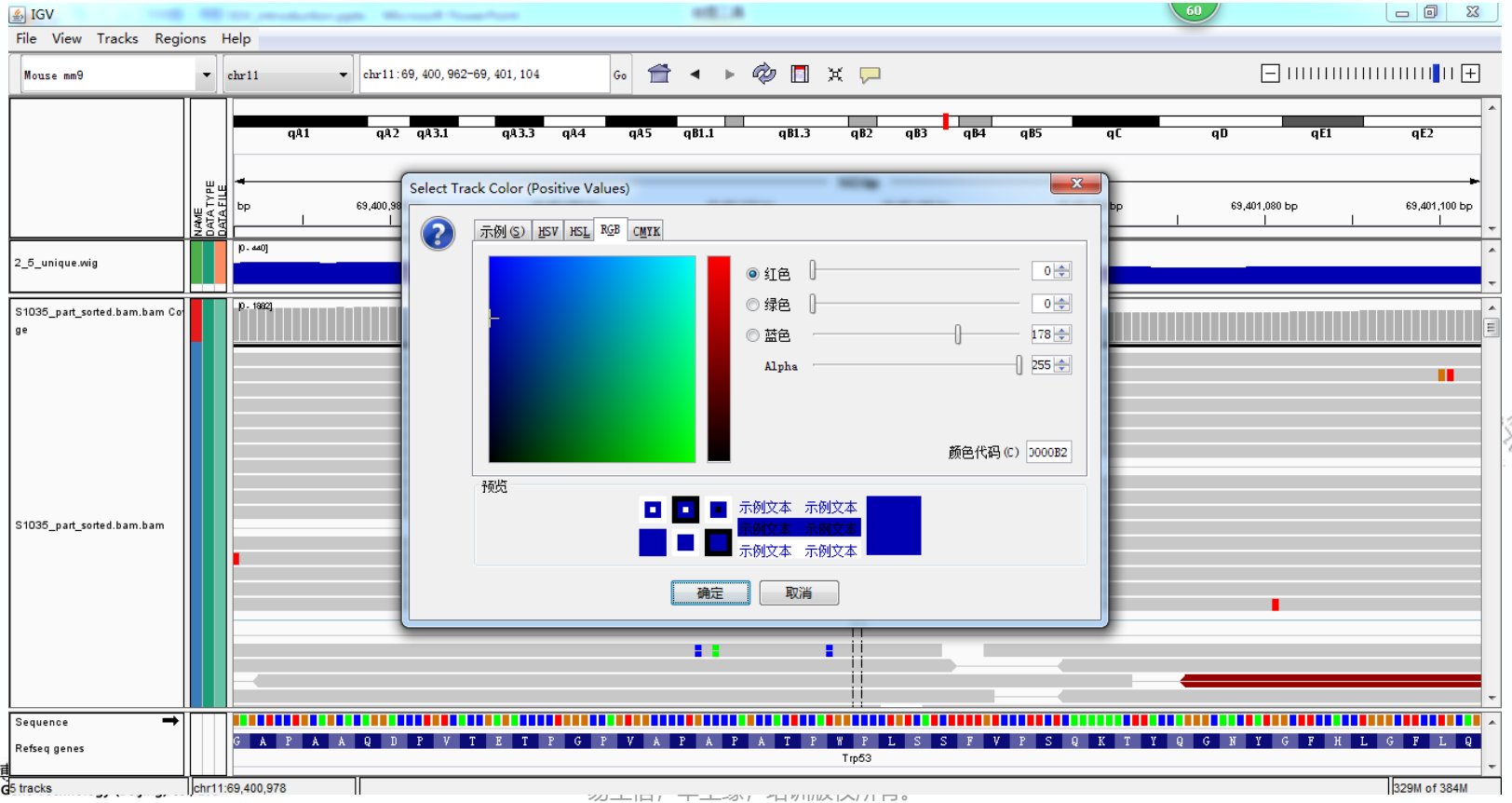
- IGVtools
  - igvtools count sample.bam sample.tdf
  - igvtools count sample.bam sample.tdf,sample.wig
  - igvtools toTDF sample.norm.wig sample.norm.tdf mm10
- 其它工具
  - RSeQC的bam2wig.py http://dldcc-web.brc.bcm.edu/lilab/liguow/CGI/rseqc/_build/html/
  - deepTools的bamCoverage http://deeptools.readthedocs.io
- Wig转bigWig
  - mysql --user=genome --host=genome-mysql.cse.ucsc.edu -A -e \
    "select chrom, size from mm10.chromInfo" > chrom.sizes
    wigToBigWig in.wig chrom.sizes out.bw
    http://hgdownload.cse.ucsc.edu/admin/exe/

宏基因组
生信宝典
易生信

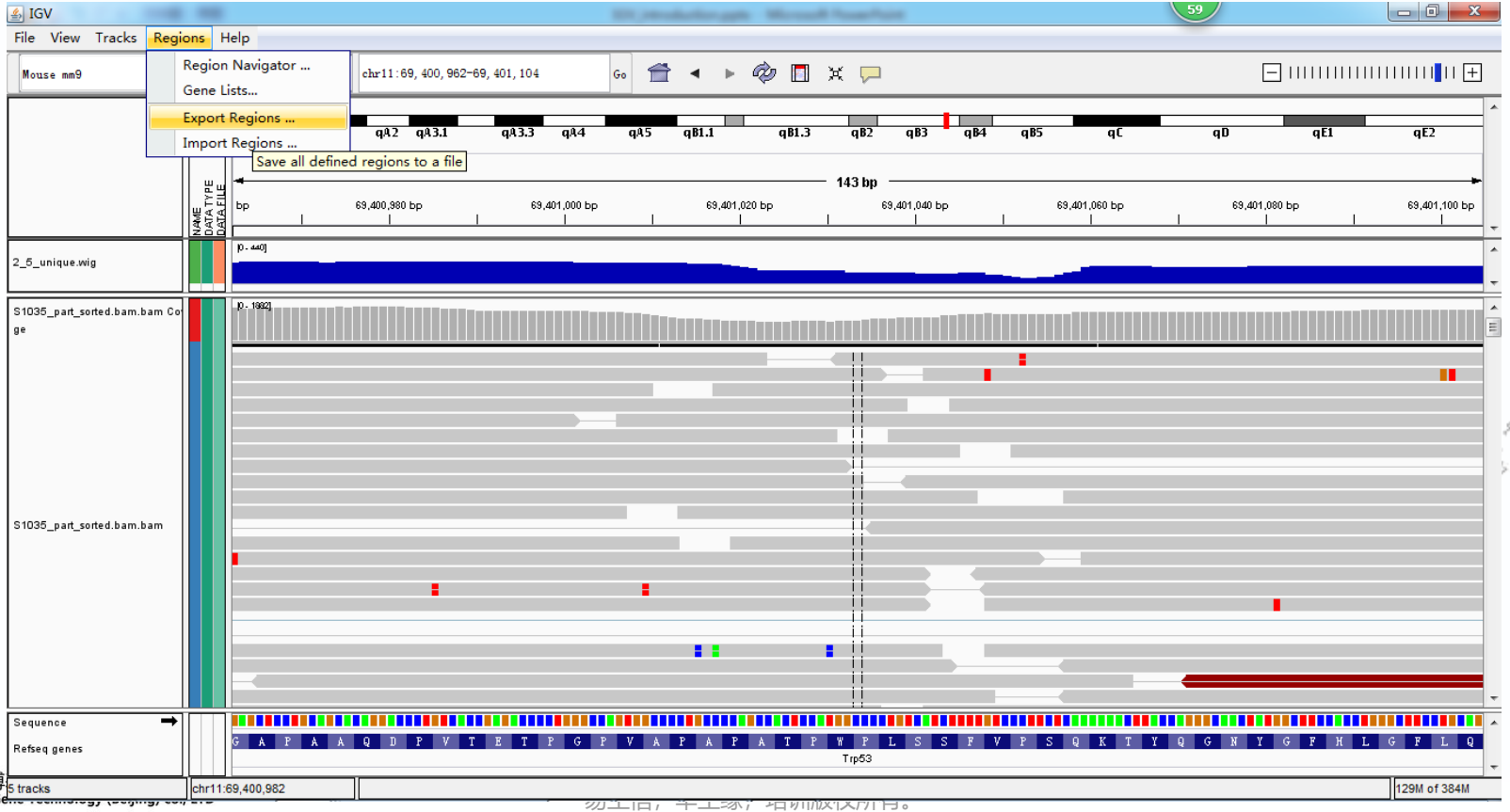
IGV使用步骤 – 更改Track颜色

易生信，毕生缘；培训版权所有。

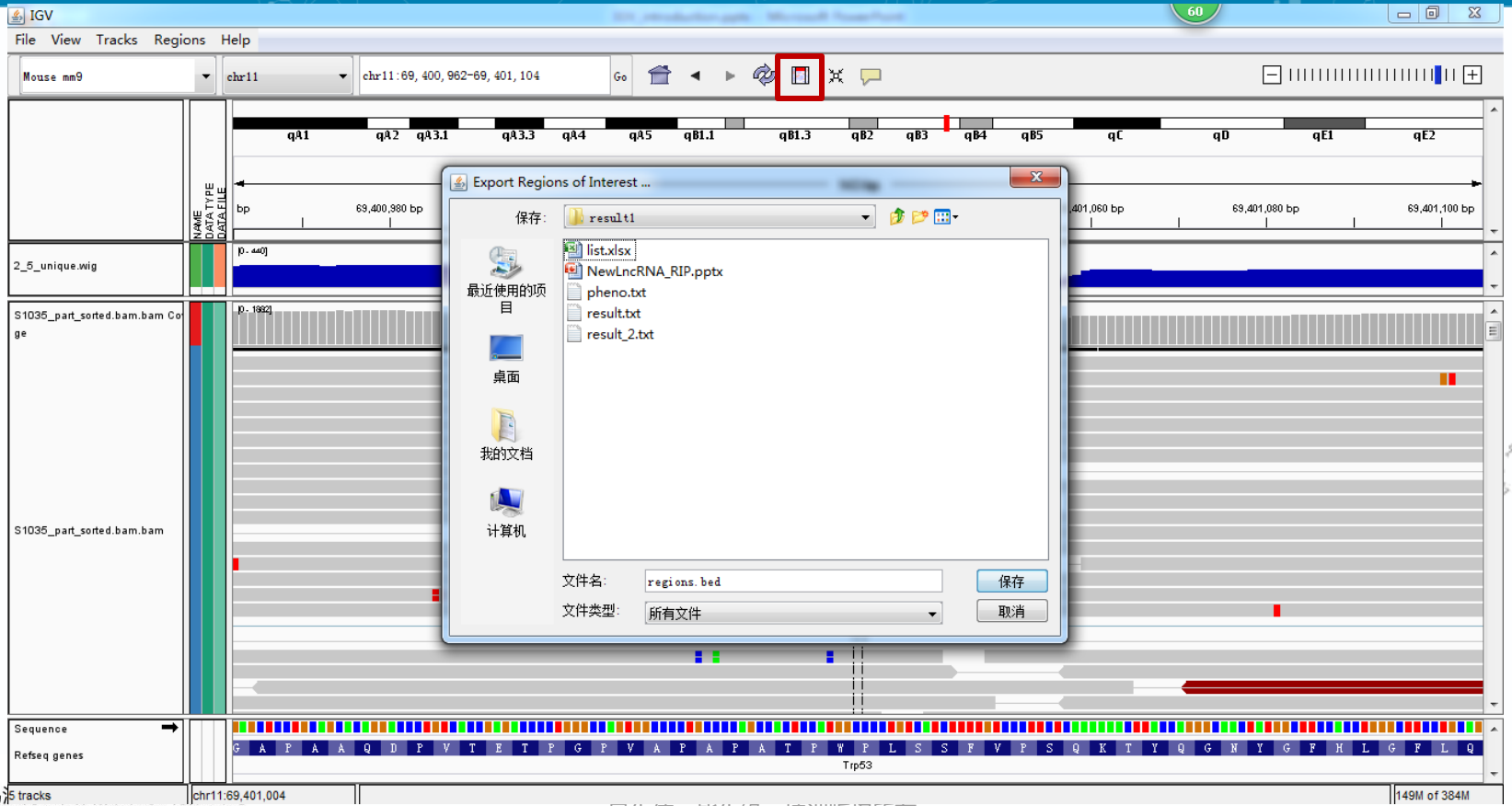
IGV使用步骤 – 更改Track颜色



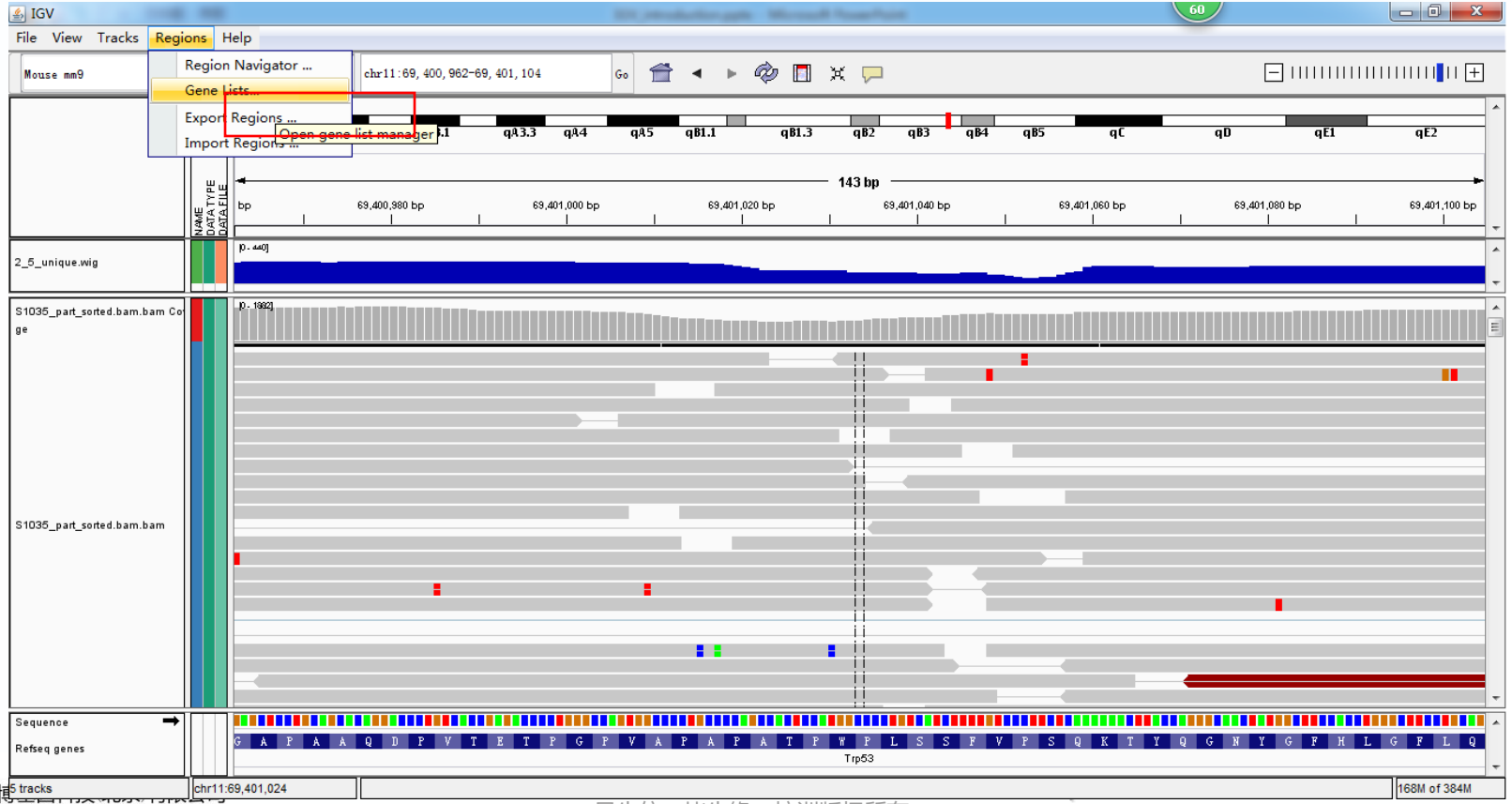
IGV使用步骤 – 输出区域序列



IGV使用步骤 – 输出区域序列



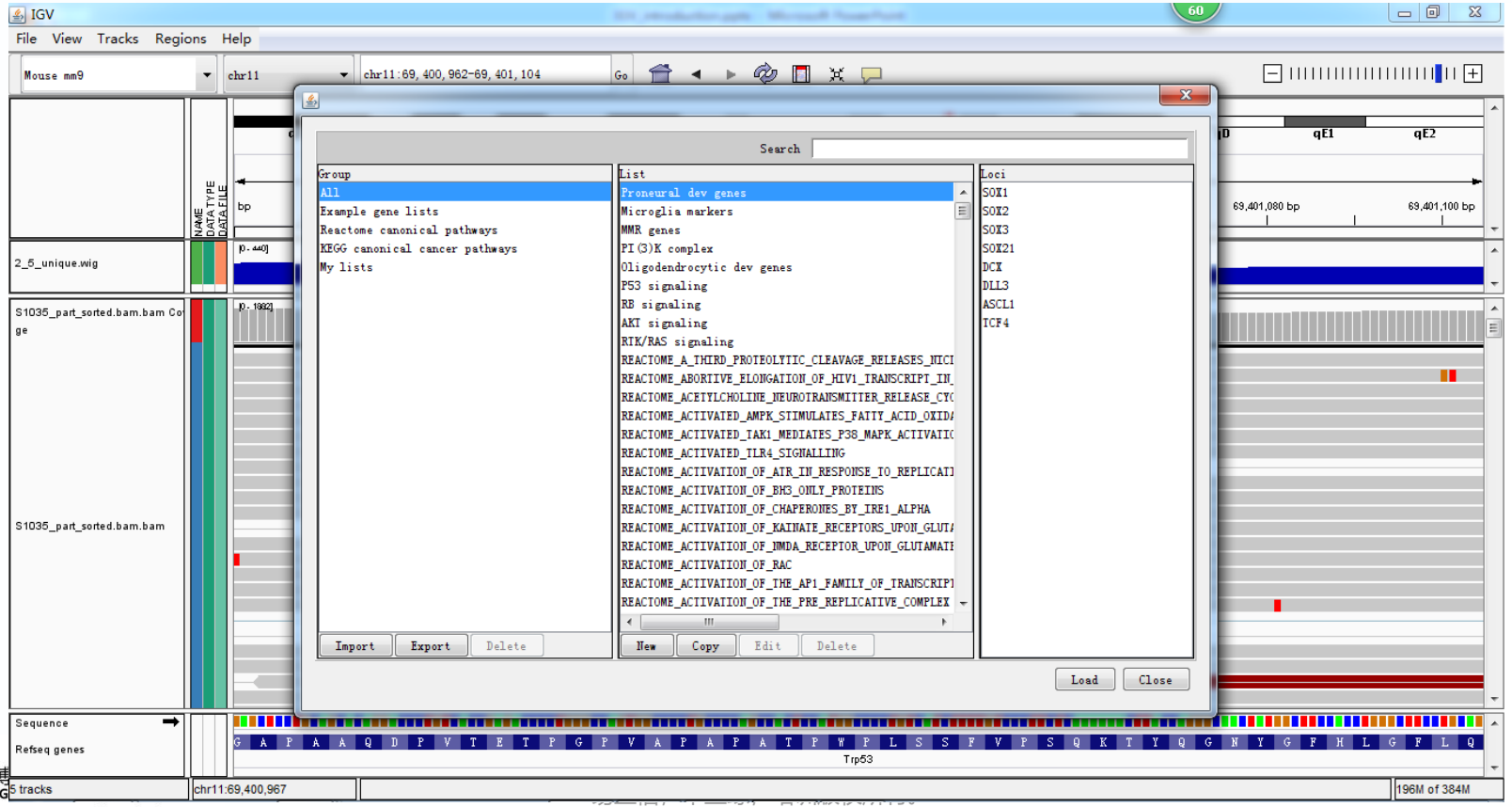
IGV使用步骤 – 多基因同时显示



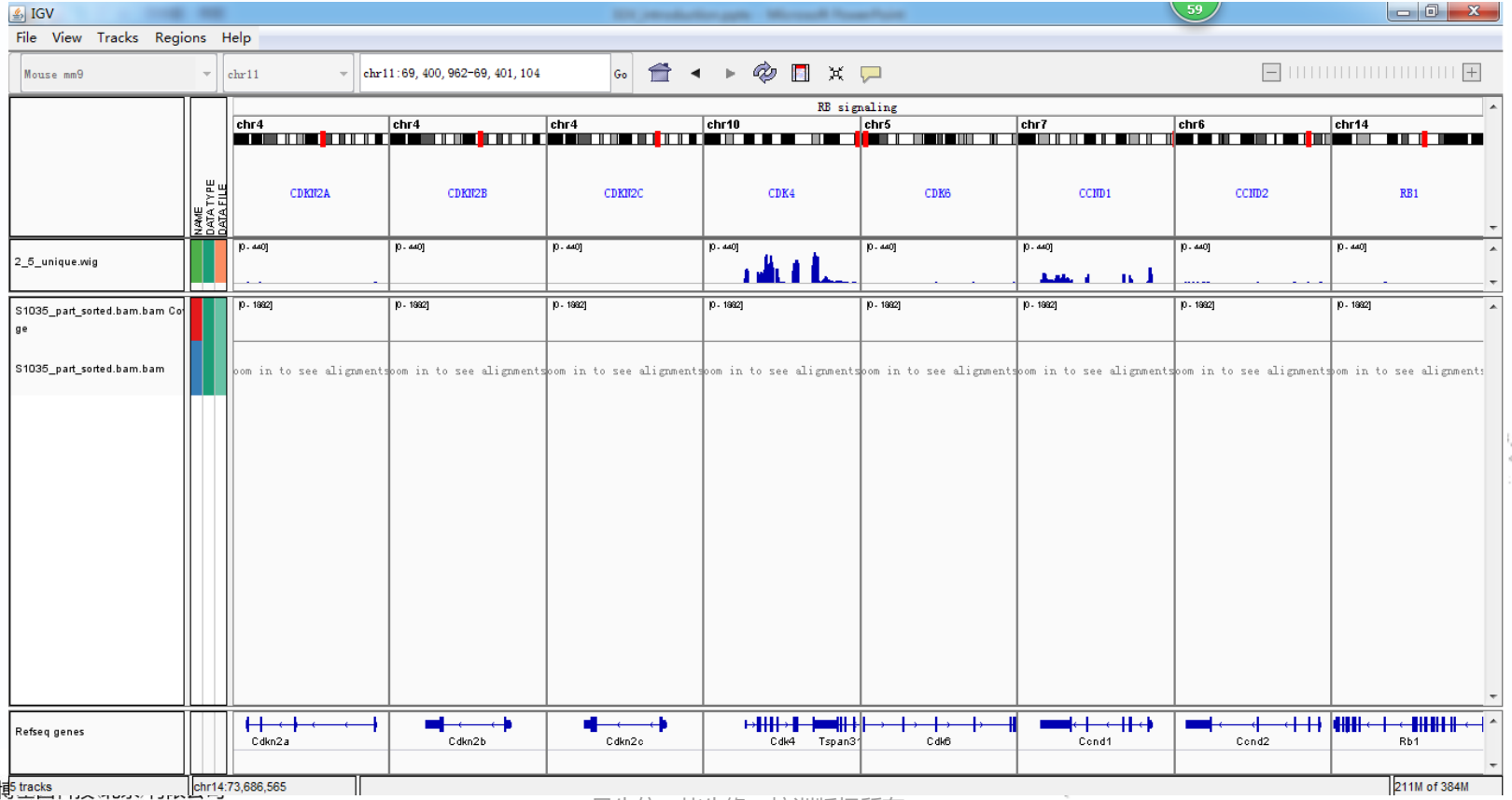
基因组

易生信，毕生缘；培训版权所有。

IGV使用步骤 – 多基因同时显示



IGV使用步骤 – 多基因同时显示



基因组

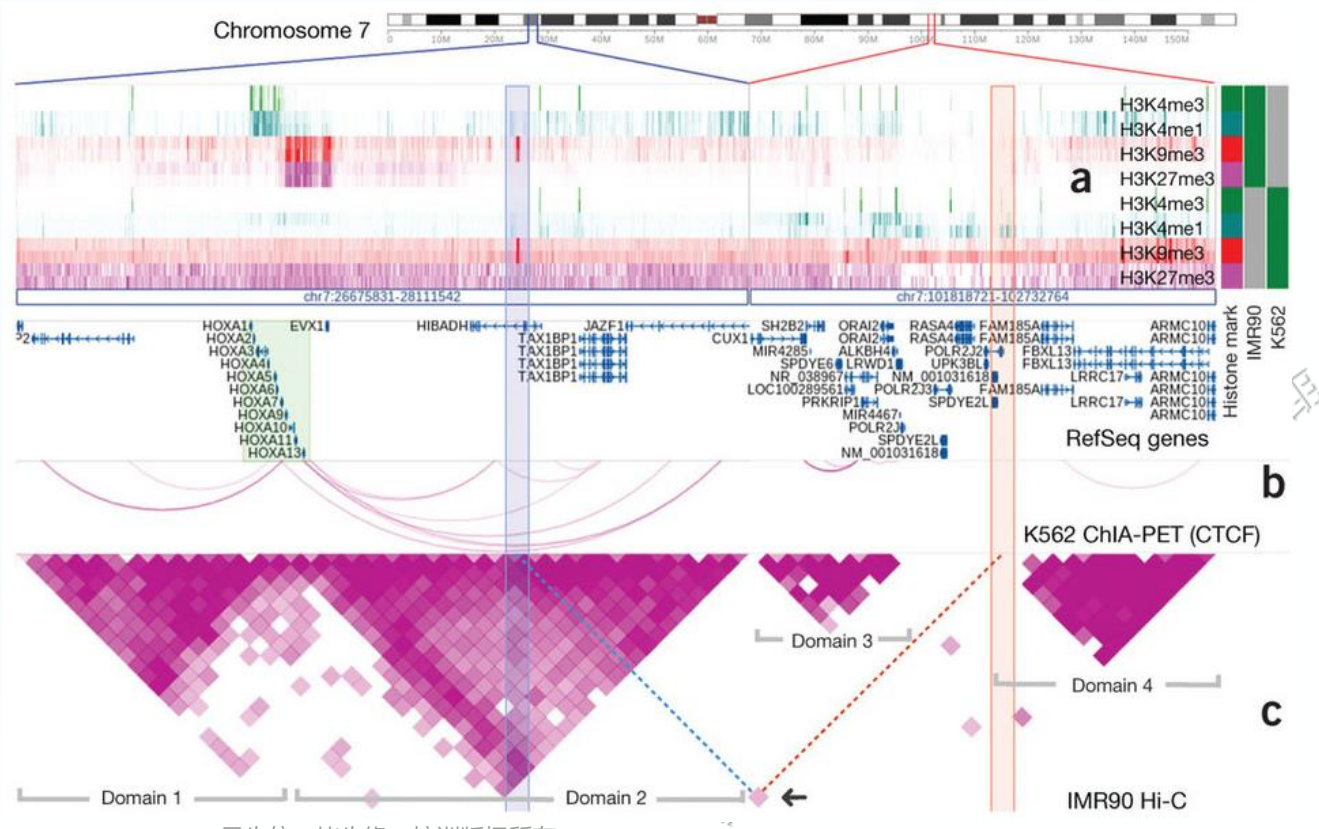
Epigenome Browser

基因表达和调控数据
（组蛋白修饰）

基因注释数据

染色体相互作用数据
（特有功能）

染色体相互作用数据
（特有功能）



易生信，毕生缘；培训版权所有。

Sequencing costs a lot and gains more

长按关注 生信宝典 ， 简单入门，快速晋级