

IGV 使用文档

1 软件介绍

基因组可视化，即对基因组数据进行可视化，通常指对最基本的 DNA 序列，和注释数据等基因组相关的分析数据，使用图形元素表达出来，方便视角直观地识别已知或位置的数据模式，或者比较差异等。

Integrative Genomics Viewer (IGV) 是一种探索大型综合基因组数据的高性能交互式可视化工具。它支持各种各样的数据类型，包括基于芯片测序、二代测序数据和基因组注释数据等。

2 详细信息

官方网页：<http://software.broadinstitute.org/software/igv/>。

3 参考文献

James T. Robinson, Helga Thorvaldsdóttir, Wendy Winckler, Mitchell Guttman, Eric S. Lander, Gad Getz, Jill P. Mesirov. Integrative Genomics Viewer. Nature Biotechnology 29, 24–26 (2011)

4 支持格式

推荐使用 bam 格式（需有对应的 .bai 索引文件）或者锐博提供的 bdg/bw 格式文件。

数据来源	文件格式
序列比对	SAM/BAM
显示覆盖率	TDF
拷贝数	SNP、CN
基因表达	GCT、RES
基因注释	GFF3/GTF、BED
突变数据	MUT
追踪参考基因组覆盖度、测序深度 (UCSC)	WIG、BW

5 启动方式

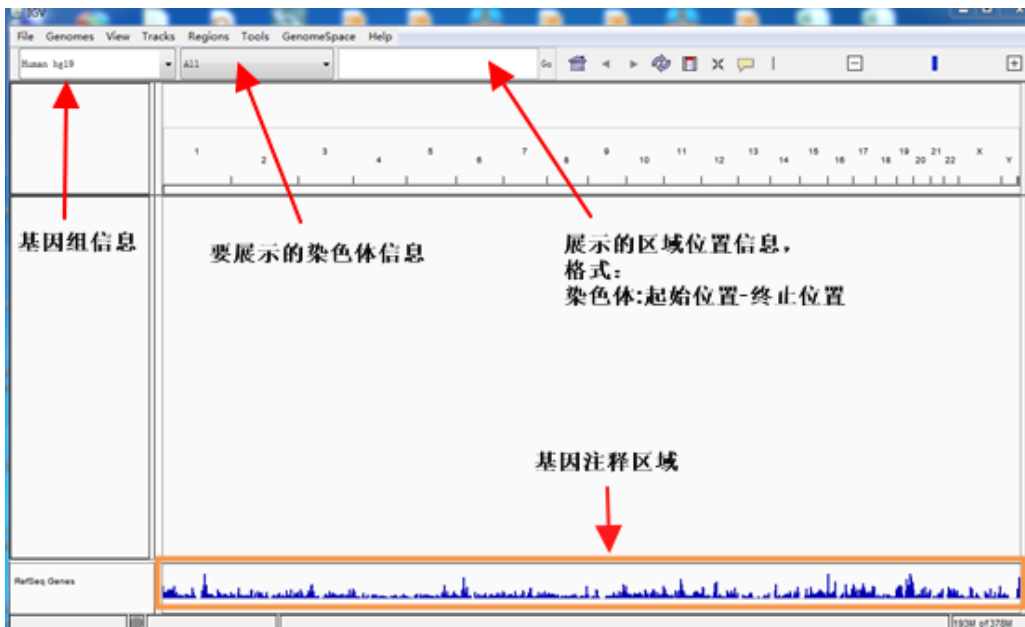
linux 环境：sh igv.sh

windows 环境：双击图标即可启动

6 步骤详解

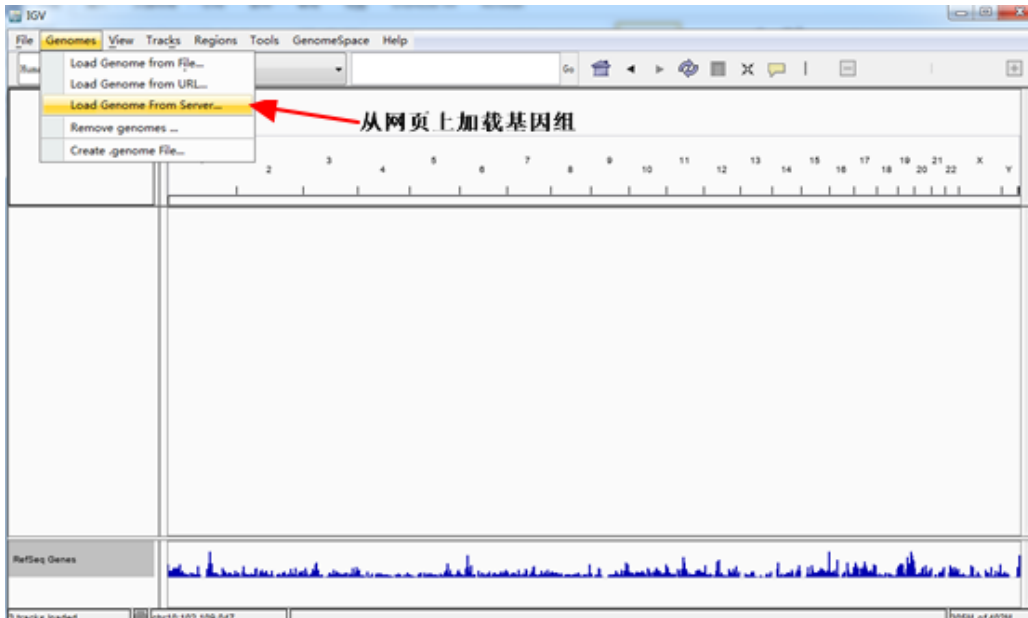
6.1 IGV 界面信息

打开 IGV，会自动加载人类基因组文件 (Human hg19)，显示主界面如下：

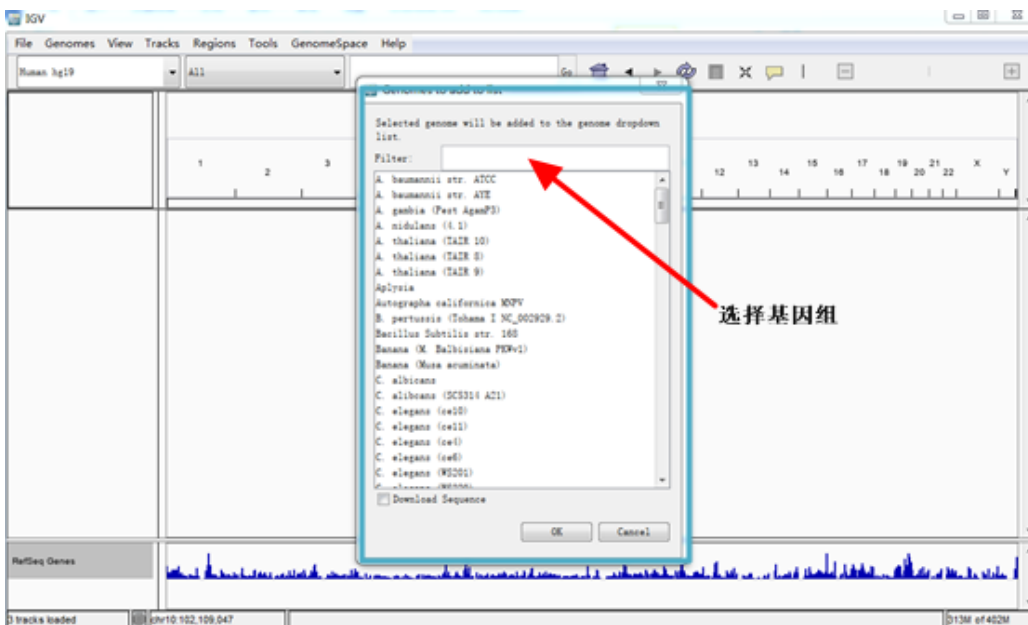


6.2 基因组信息

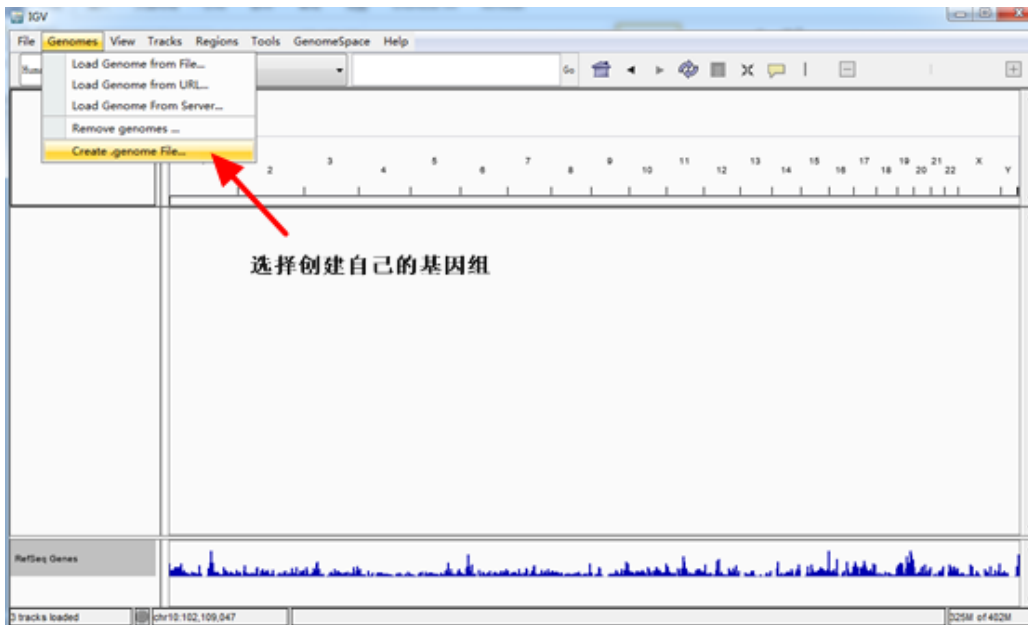
6.2.1 加载自己需要的基因组



6.2.2 选择基因组



6.2.3 创建自己的基因组

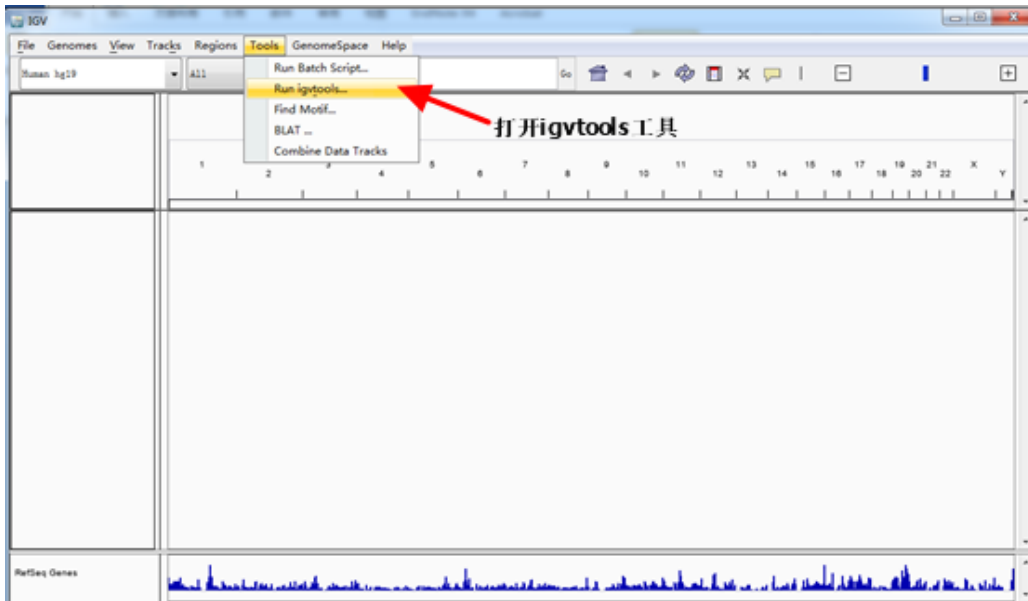


6.3 文件转化

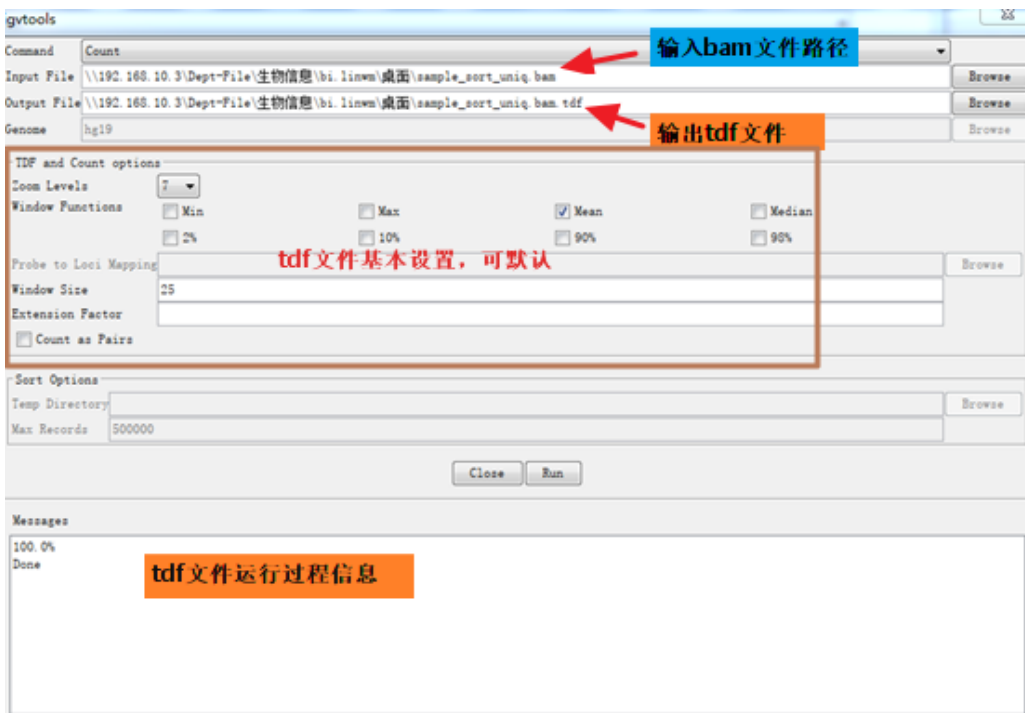
以 bam 文件为示例。

为了节省空间以及提高图片查看效率，建议将 bam 文件转化为 tdf 文件后进行查看。

6.3.1 打开转化工具：igvtools

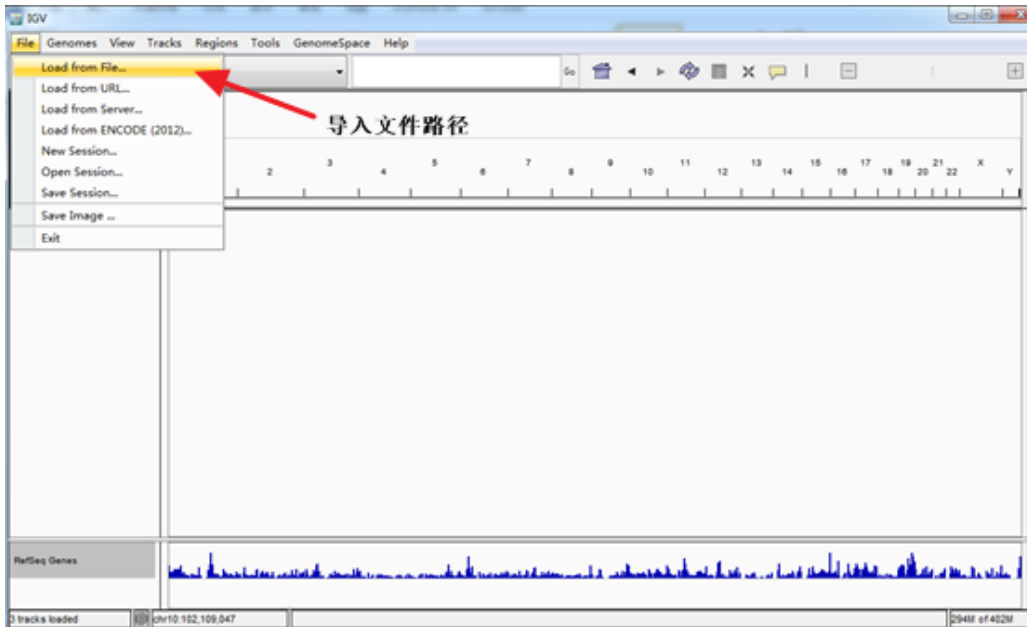


6.3.2 导入文件并进行转化

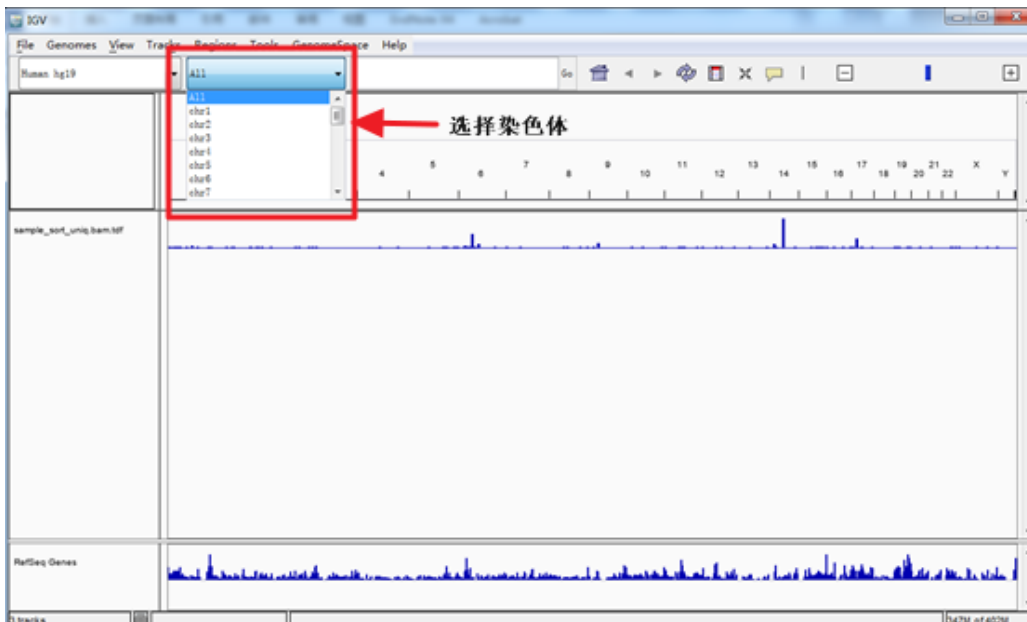


6.4 文件导入及展示区域选择

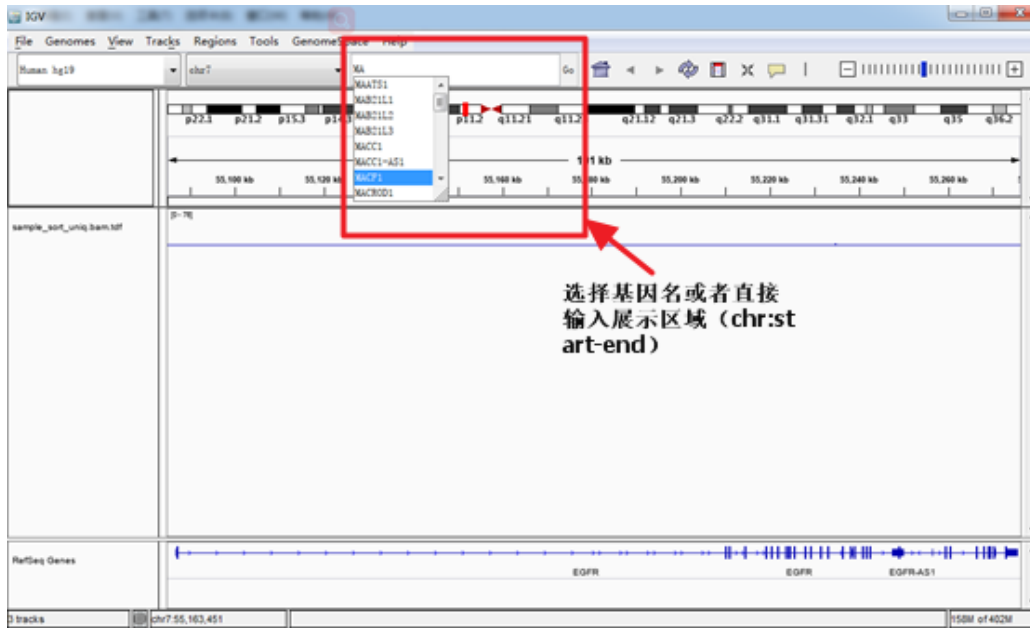
6.4.1 导入需查看文件



6.4.2 选择需要查看的染色体

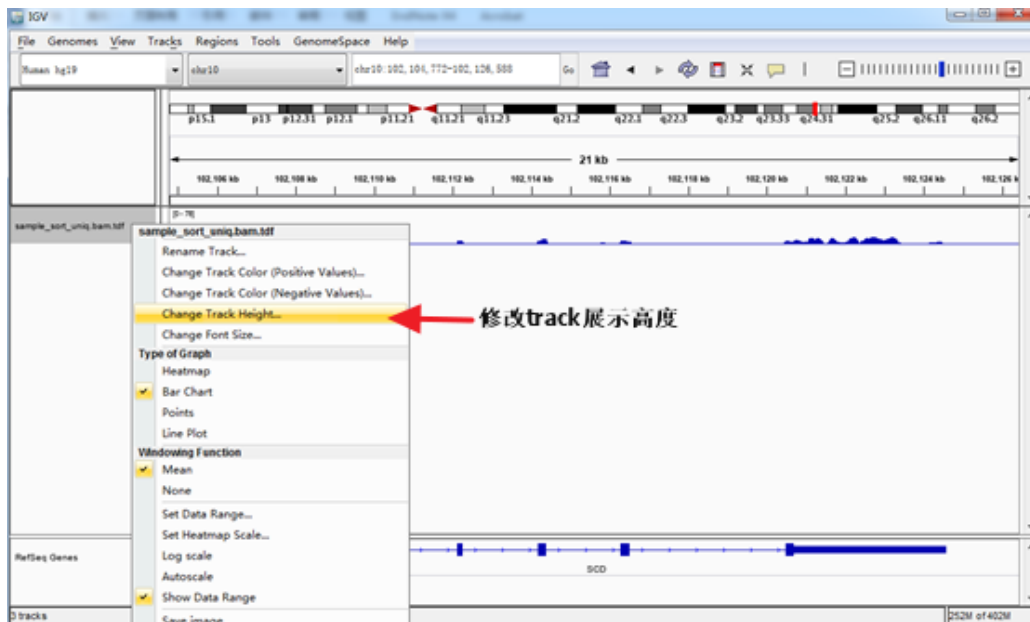


6.4.3 选择查看的基因名或者区域信息

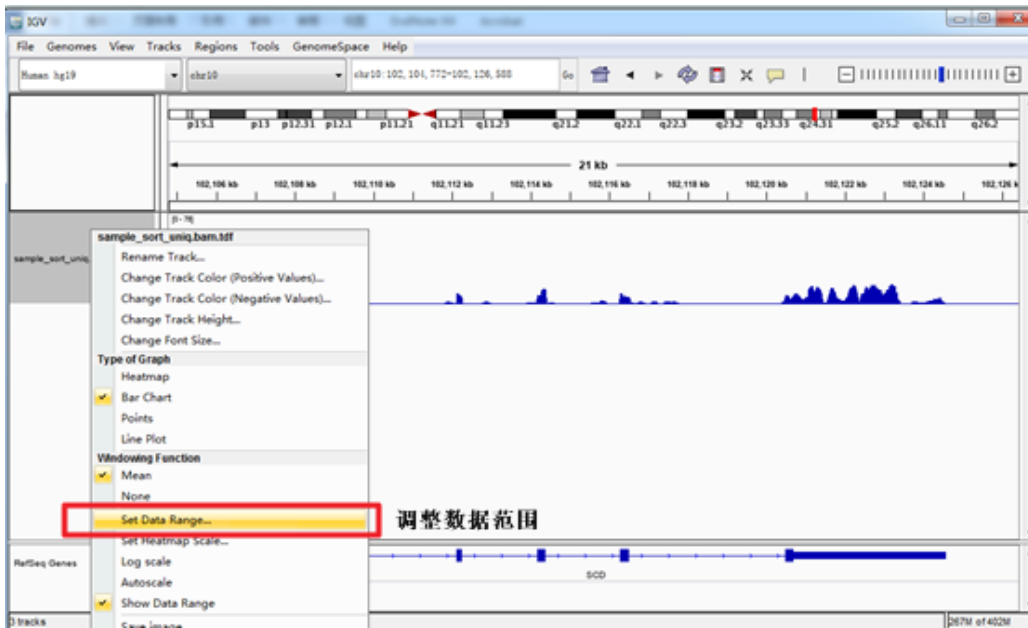


6.5 track 调整

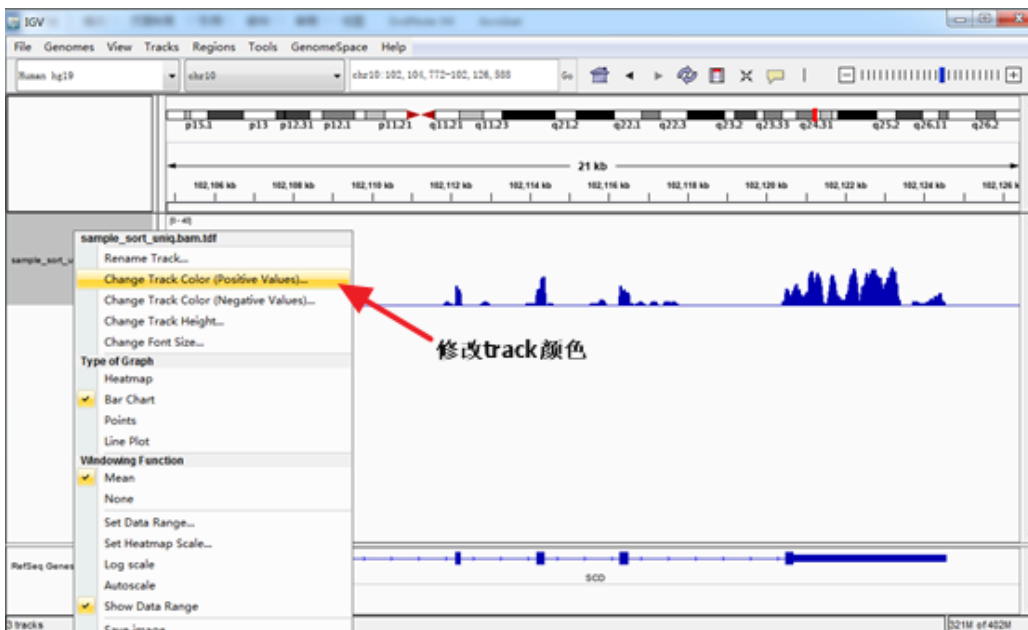
6.5.1 调整 track 高度



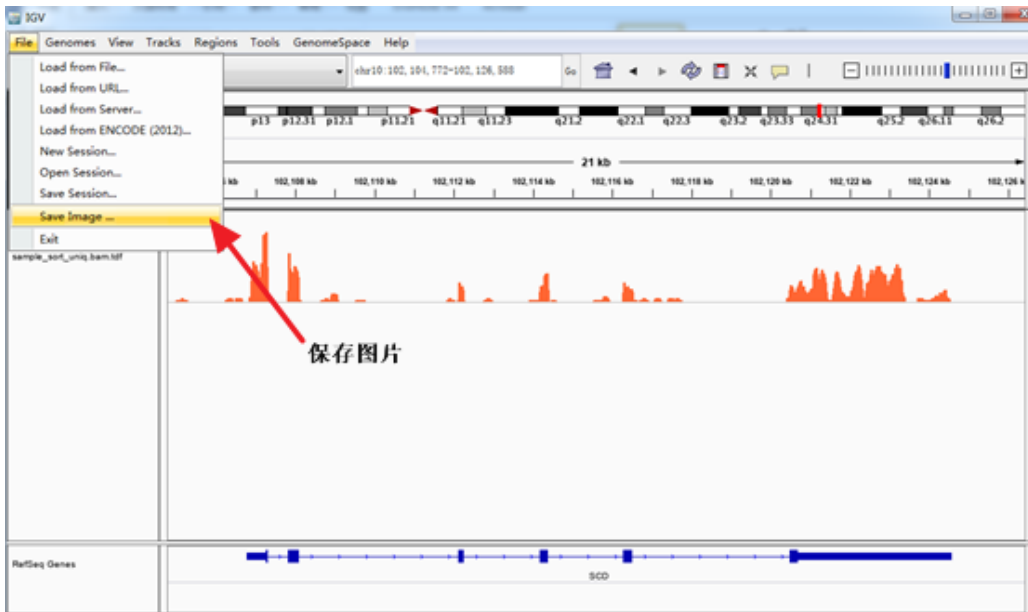
6.5.2 调整数据覆盖深度范围



6.5.3 调整 track 颜色



6.6 保存图片



6.7 重复操作，同时导入多个文件

