



2015年度第2回 バイオインフォマティクス実習

integrative genomics viewerでマッピングしたシーケンスを可視化する

前回

- マウスmm10 染色体1番のシーケンスをインデックス化
- bowtieを使ってSRR1805875のデータ(サイズを縮小)をマッピング
- samファイル形式で出力

今回

- sam→bamファイルへ変換
- bamファイルをソート
- indexを作成
- integrative genomics viewerにアップロード

samtoolsを使ってsam→bam変換

- samtools

マッピングしたデータを操作するツール

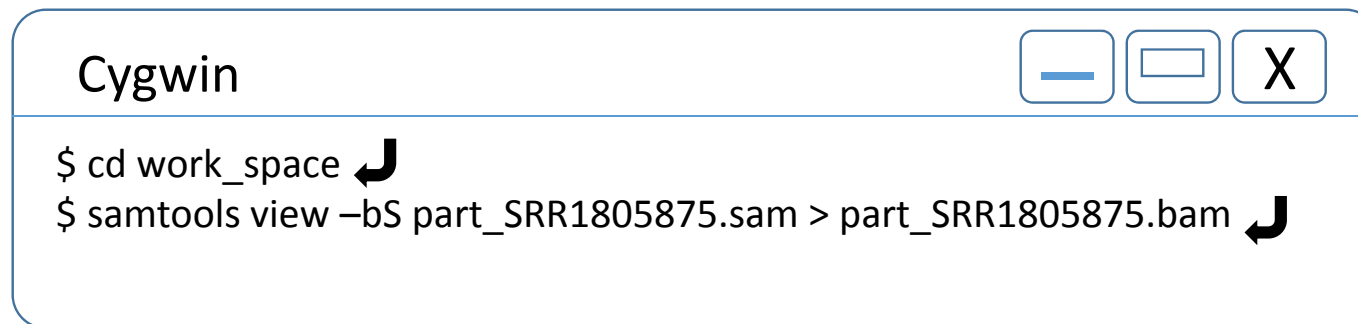
<http://samtools.sourceforge.net/>で配布



samtoolsのcygwinでのインストール

- ソースコード`samtools-1.x.tar.bz2`をダウンロード解凍する
- Cygwin terminalで解凍したフォルダへ移動
- `make`と入力

sam→bam変換

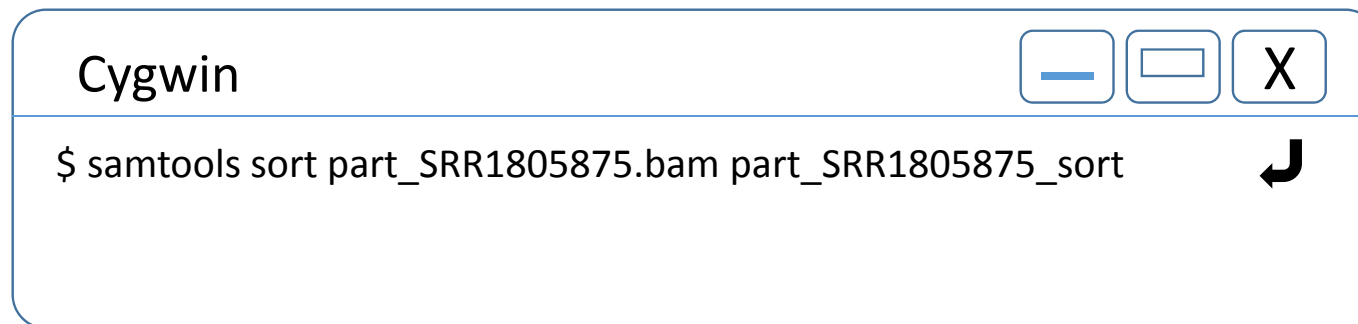


```
Cygwin
$ cd work_space ↵
$ samtools view -bS part_SRR1805875.sam > part_SRR1805875.bam ↵
```

sam→bam変換の書式

samtools view -bS samファイル名 > bamファイル名

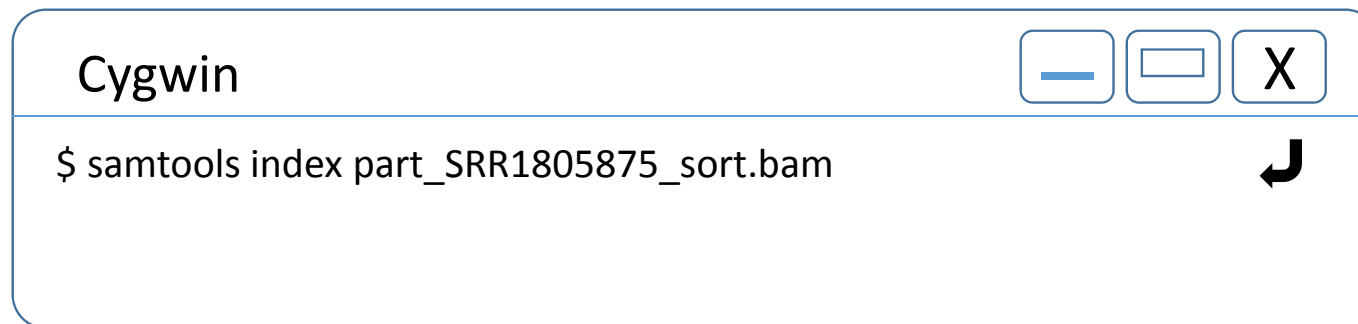
bamファイルのソート



ソートの書式

samtools sort bamファイル名 ソート後のbamファイル名 (拡張子.bam無し)

インデックスファイル作成



```
Cygwin
$ samtools index part_SRR1805875_sort.bam ↵
```

ソートの書式

samtools index ソート後のbamファイル名(拡張子.bam有り)

bamファイル名.bam.baiという名前のインデックスファイルを作成してくれる

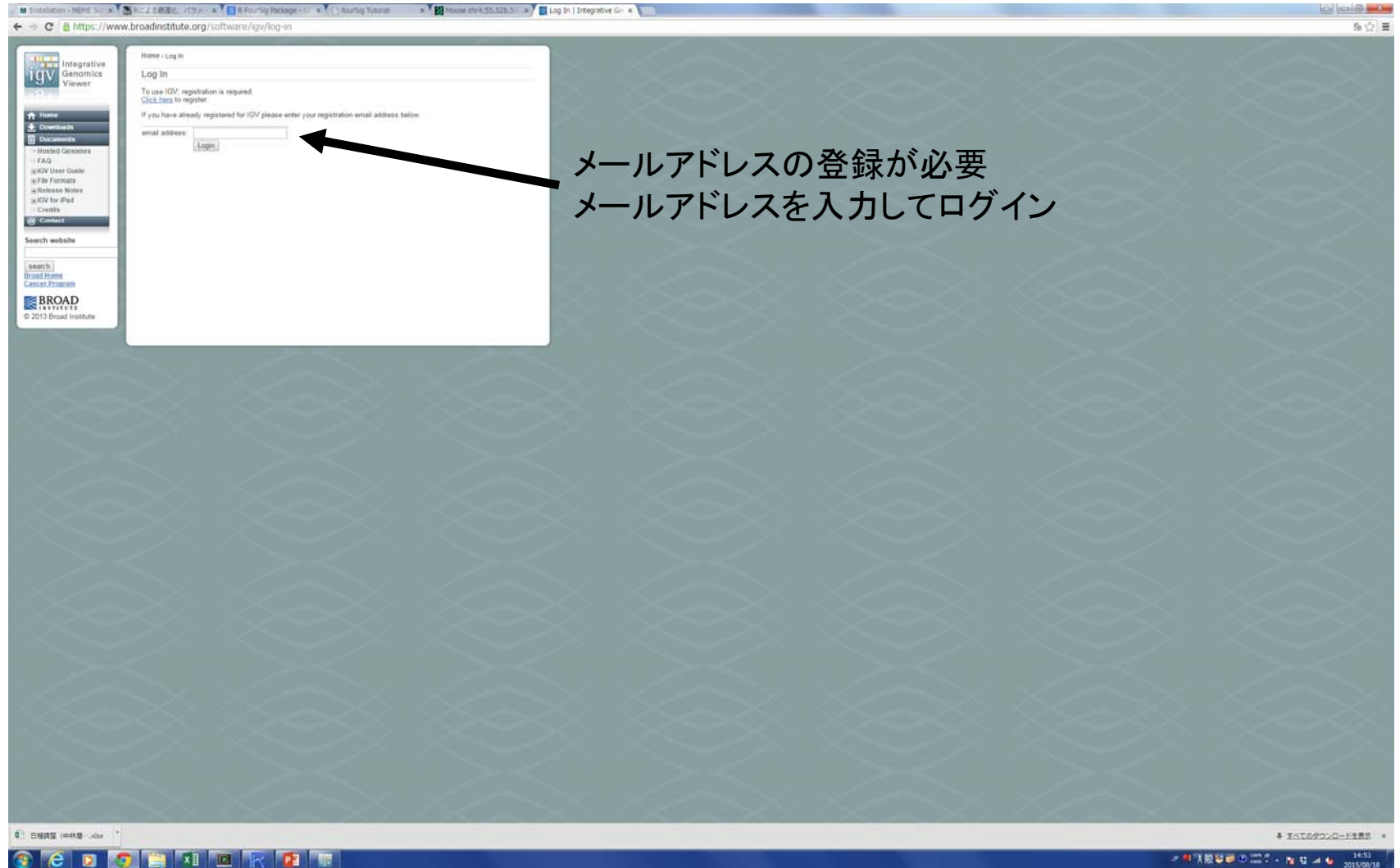
integrative genomics viewer

The screenshot shows the homepage of the Integrative Genomics Viewer (IGV) website. The browser's address bar displays <https://www.broadinstitute.org/igv/>. The page features a navigation sidebar on the left with links to Home, Downloads, Documents, and Contact. The main content area includes a large header image with the text "Integrative Genomics Viewer". Below this, there are sections for "What's New" (dated September 2014), "Overview" (describing IGV as a high-performance visualization tool), "Downloads" (with a registration link), "Citing IGV" (providing citation information for publications), and "Funding" (listing funding sources like the National Cancer Institute). The footer of the page contains logos for various institutions and the GENOMESPACE initiative. The Windows taskbar at the bottom shows the system clock as 14:40 on 2015/06/18.

<http://www.broadinstitute.org/igv/>

ダウンロードページ

Download →



メールアドレスの登録が必要
メールアドレスを入力してログイン

ダウンロードページ

The screenshot shows the IGV download page with several annotations:

- Mac用のアプリケーション本体をダウンロードして使用** (Download the Mac application body and use it): Points to the "Download Mac App" button under the "1. Mac Application" section.
- 使用環境に応じたjnlpファイルをダウンロード
jnlpファイルをダブルクリックするとIGVが
ダウンロードされて起動する** (Download the jnlp file according to the usage environment. Double-clicking the jnlp file will download and start IGV): Points to the "Launch" buttons under the "2. Java Web Start" section.
- IGV本体をダウンロードして使用
Win Mac Linux共通** (Download IGV body and use it, Win Mac Linux common): Points to the "Download Binary Distribution" button under the "3. Binary Distribution" section.

The page content includes:

- Integrative Genomics Viewer (IGV) (Version 2.3)**
- Install IGV**
- Options for installing and running IGV:**
 - (Mac only) Download and run the Mac application; or
 - (All systems) Use the Java Web Start buttons (Mac users: see below for limitations); or
 - (All systems) Download the binary distribution and run IGV from the command line.
- 1. Mac Application**

Download and unzip the Mac App archive, then double-click the IGV application to run it. The application can be moved to the "Applications" folder, or anywhere else. Note: This requires Java 7. Mac users with Java 6 (JRE 1.6) should use the binary distribution archive or the Java Web Start buttons below.

[Download Mac App](#)
- 2. Java Web Start**

The buttons below use Java Web Start (JWS) to install and launch IGV directly from our web site.

***Mac Users:** The Java Web Start option does not work for some users due to security settings. The recommended solution is to use the bundled Mac App from the link above. Alternatively you can try to work around this by right-clicking on the buttons and saving the "jnlp" file, then right-click on the "jnlp" file and select "Open With Java Web Start".

Chrome: Chrome does not automatically launch the Java Webstart files by default. Instead, the launch buttons below will download a "jnlp" file. This should appear in the lower left corner of the browser. Double-click the downloaded file to launch on a Mac right-click and select "Open With Java Web Start".

Windows users: To run with more than 1.2 GB of memory you must install 64-bit Java. **Mac OS X users: Installers do not include 64-bit Java by default, even if the operating system is 64-bit.** Attempting to launch the 2GB or greater launch options with 32-bit Java will result in the error "could not create a virtual machine".

Launch	Launch	Launch	Launch
Launch with 750 MB	Launch with 1.2 GB	Launch with 2 GB	Launch with 10 GB
	Maximum usable memory for Windows OS with 32-bit Java	Maximum usable memory for 32-bit MacOS	For large memory machines with 64-bit Java
- 3. Binary Distribution**

Download and unzip the binary distribution archive in a folder of your choosing. IGV is launched from a command prompt - follow instructions in the "readme" file. To launch igv on Mac or Linux platforms use the shell script "igv.sh". On Windows use "igv.bat".

[Download Binary Distribution](#)
- igvtools**

Utilities for preprocessing data files.

 - [igvtools_2.3.57.zip](#)
- Other IGV Versions**

[Development Snapshot Build](#) - Latest development snapshot, built at least nightly.

[Archived Versions](#)
- Source Code**

Source code repository is hosted at GitHub:

 - <https://github.com/broadinstitute/igv>

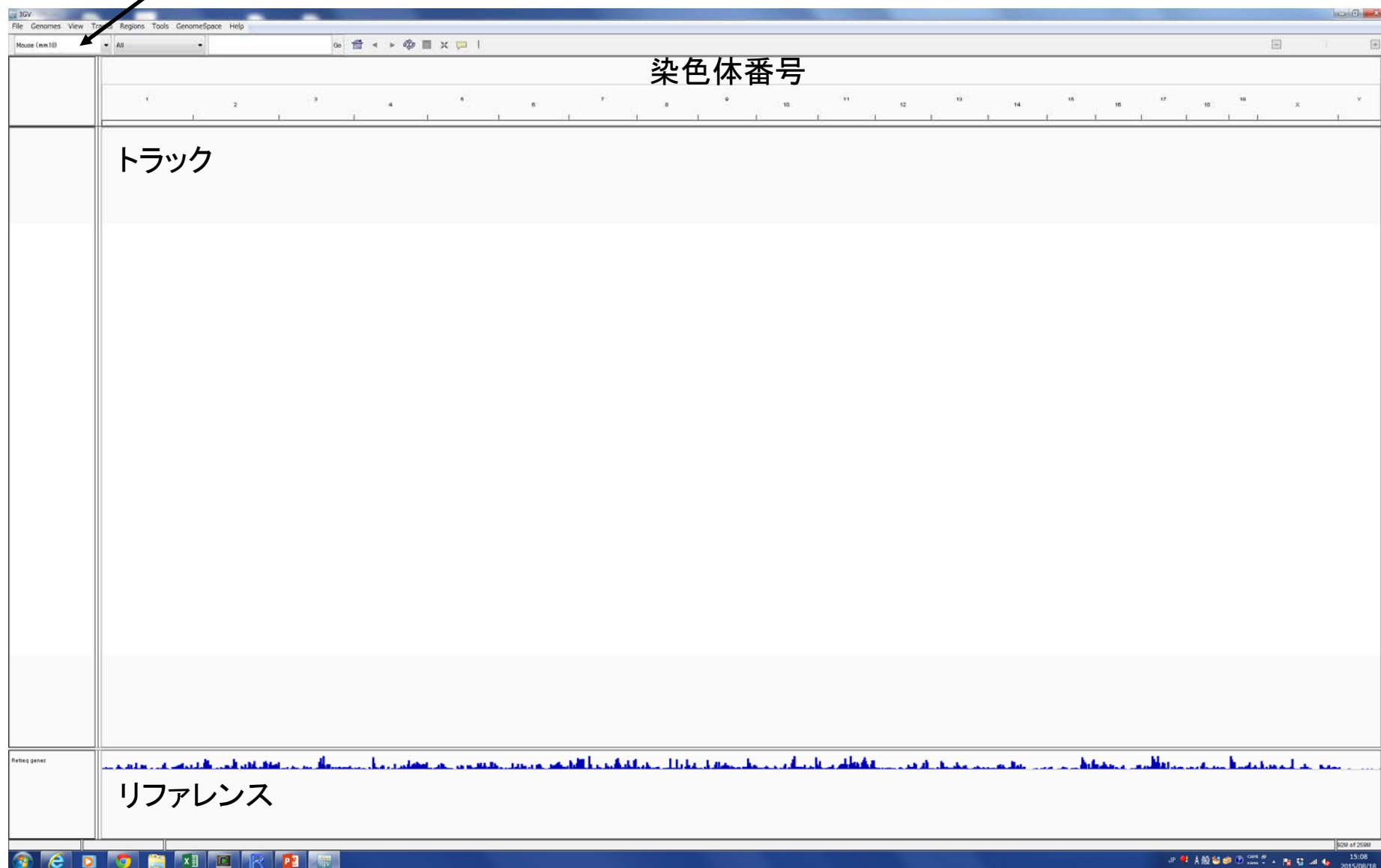
Source distribution archive:

 - [v2.3.59.zip](#)
- License**

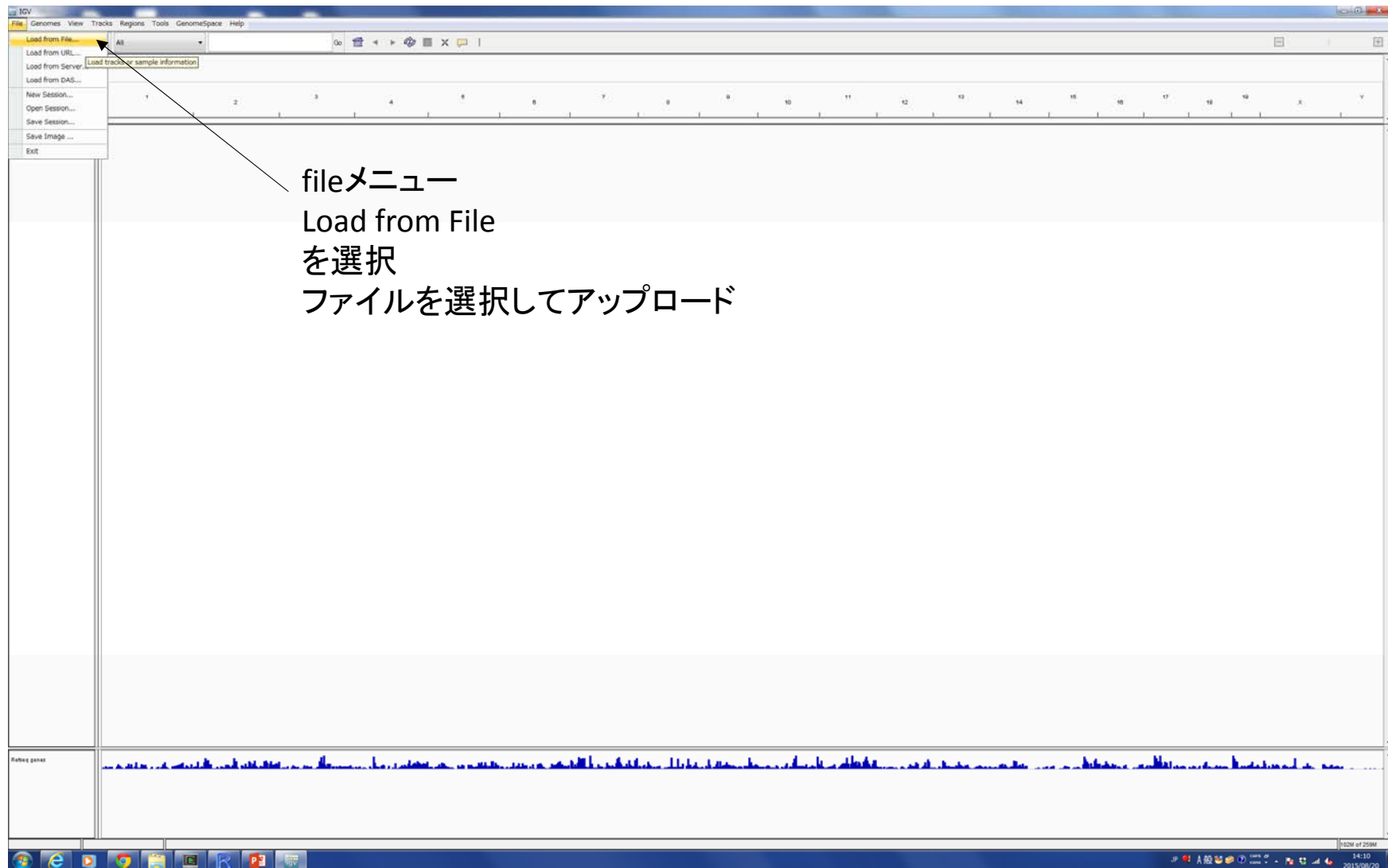
Permission to use this work is granted under the [MIT License](#)

IGV

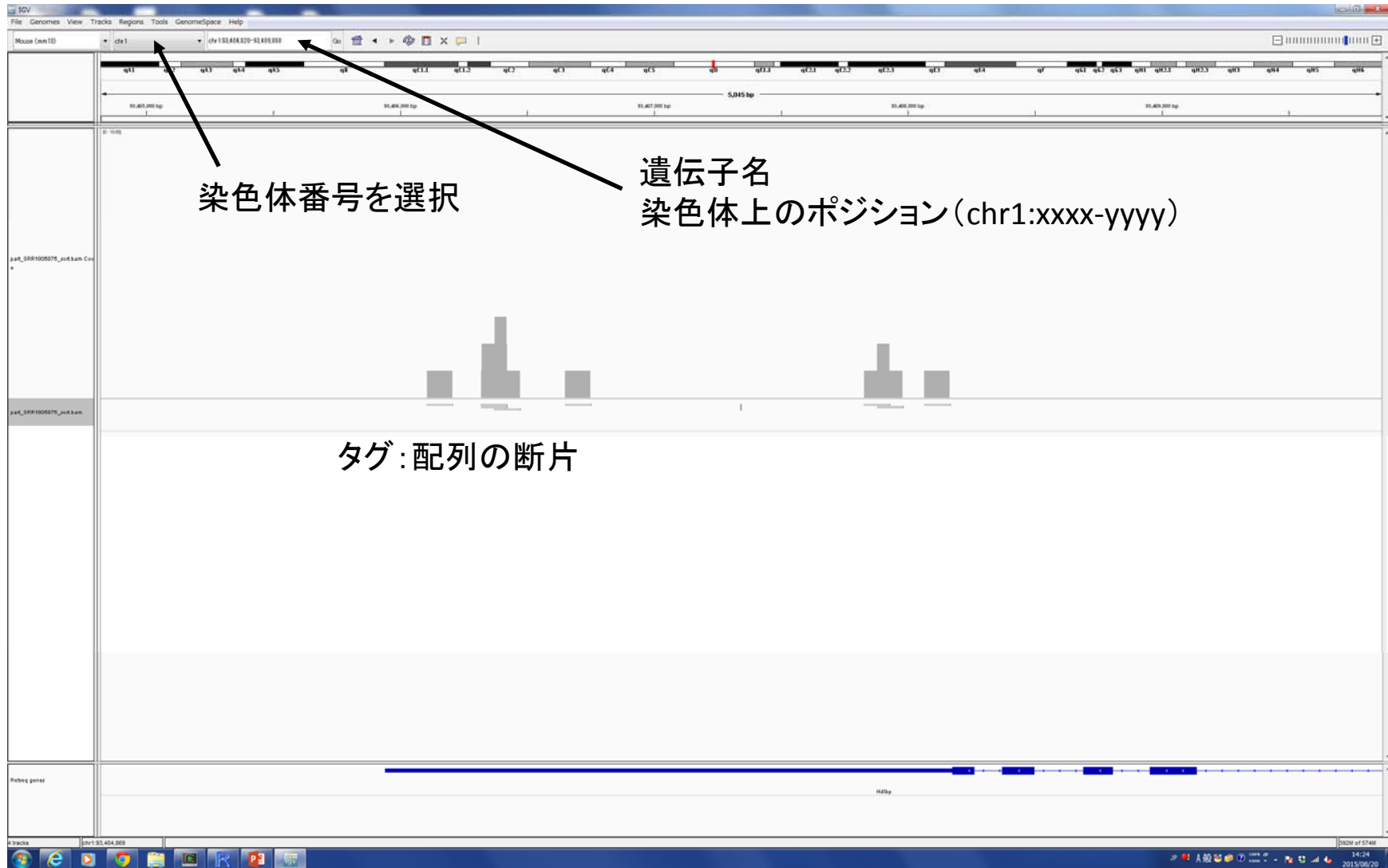
ゲノムを選択 mouse mm10



fileをupload

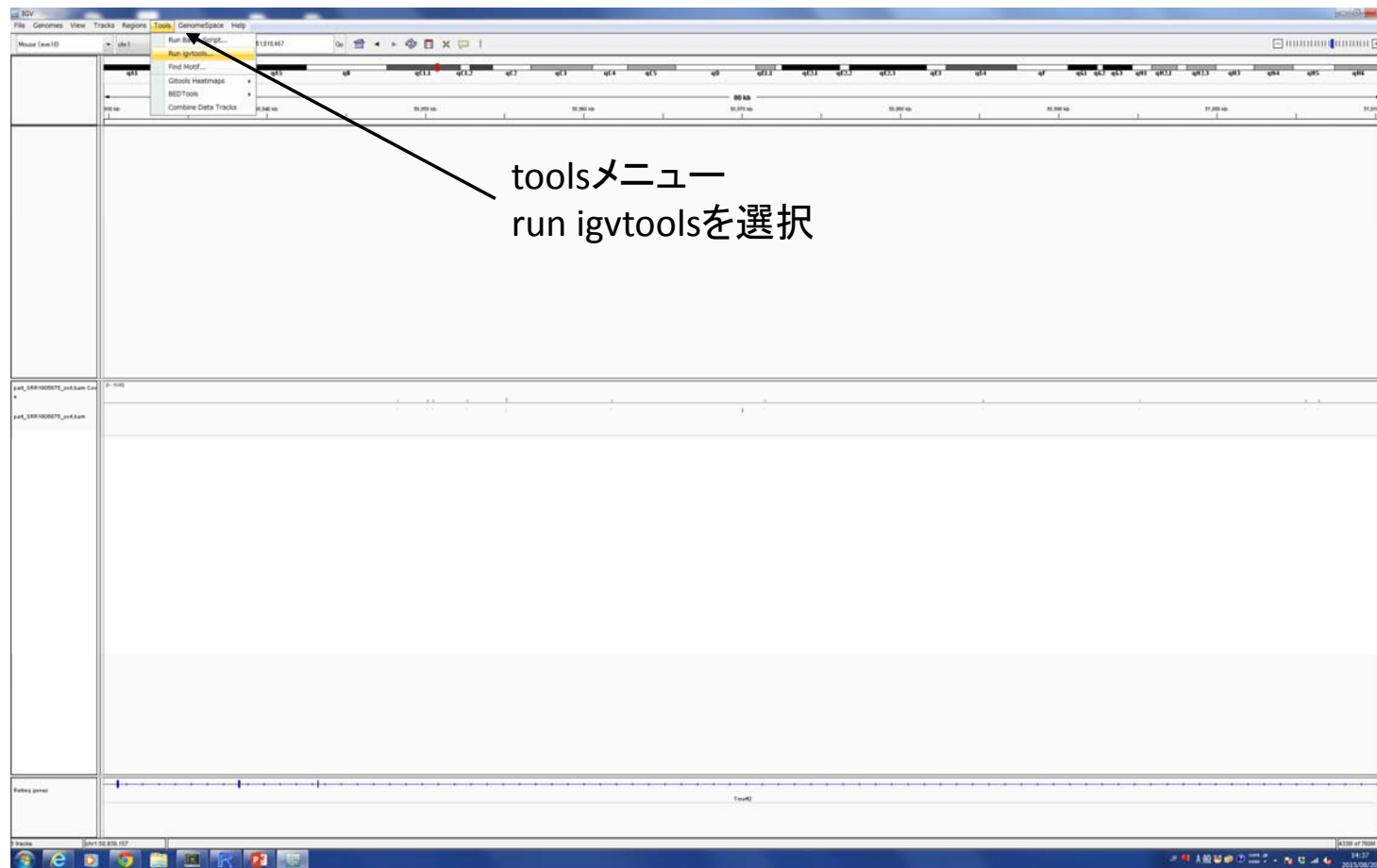


遺伝子名で検索

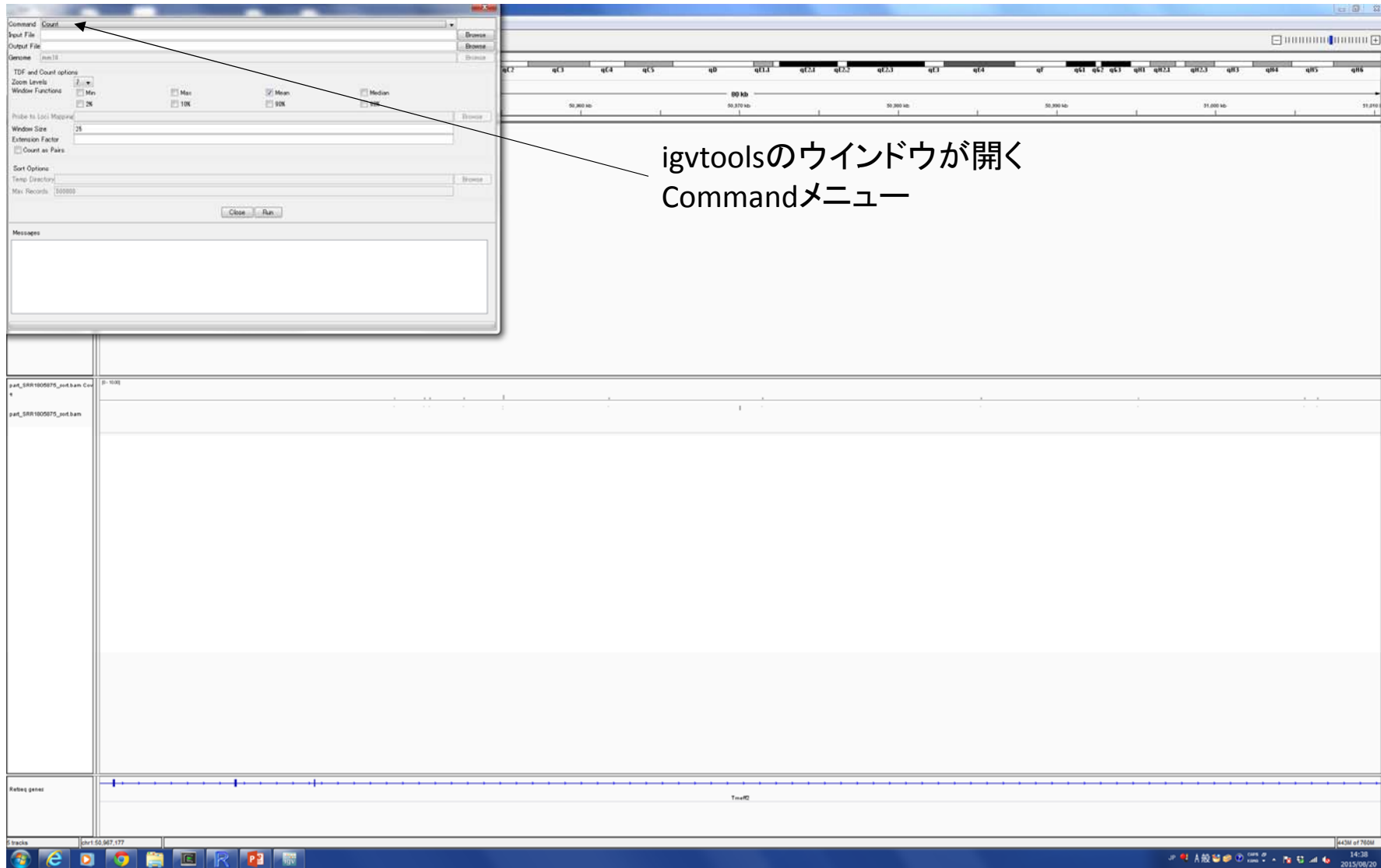


TDFファイルの作成

- TDFファイル: タグ情報のバイナリファイル
容量が少なく扱いやすい



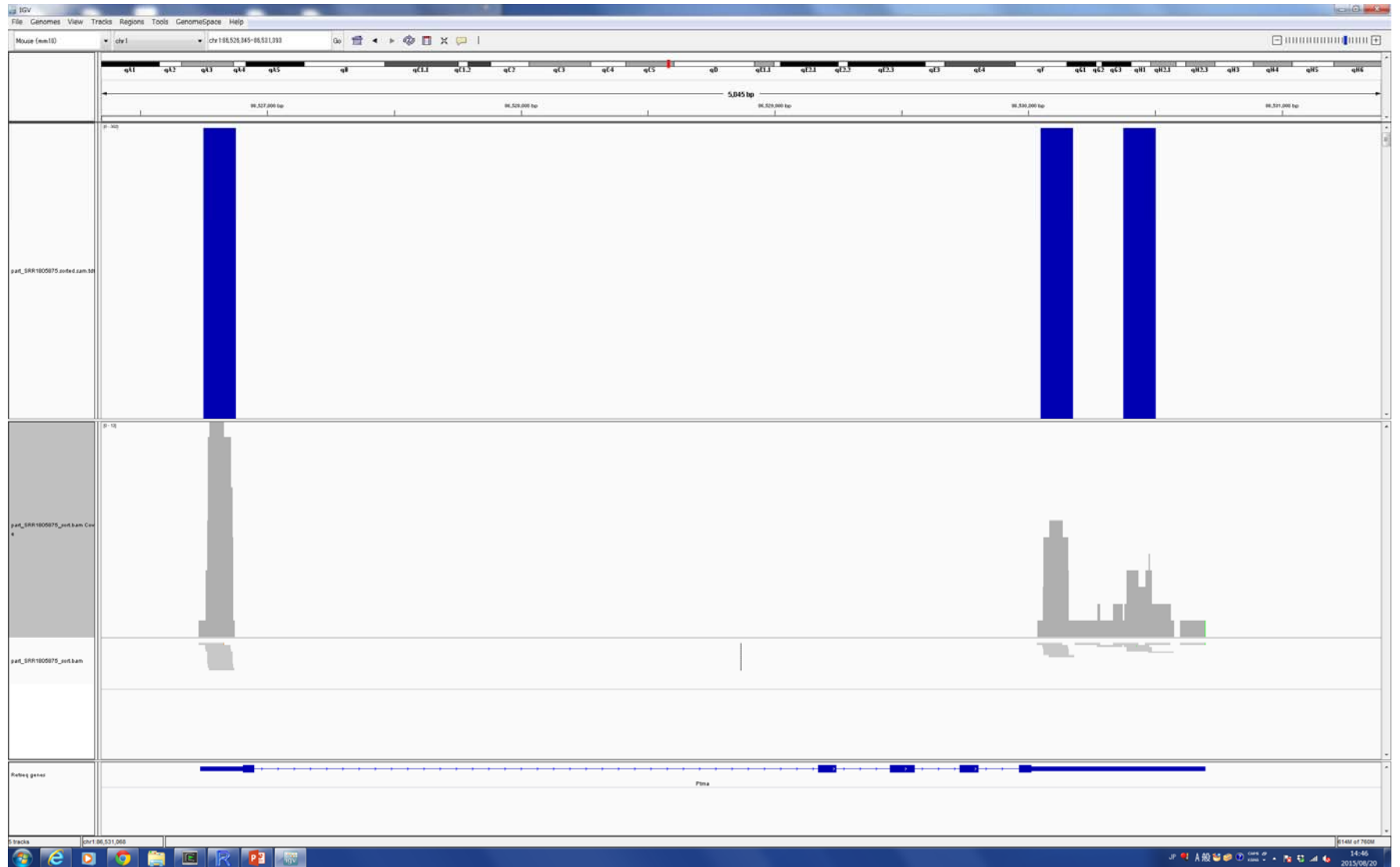
igvtools



sort→index→count

- samファイルをソート
ファイル名.sorted.sam
- インデックスを作成
ファイル名.sorted.sam.sai
- TDFファイルを作成
ファイル名.sorted.sam.tdf

ptma



まとめ

- マッピングしたsamフォーマットの配列情報をsamtoolsでbamファイルに変換
- インデックスを作成
- IGVにアップロード、データを可視化
- igvtoolsでsamファイルをソート、インデックス作成、tdfファイルを作成
- tdfファイルをIGVにアップロード、可視化