

Broad 研究院开发出 新一代的基因组可视化工具

研究人员每天都收集到海量的基因组数据，但是如何有效地查看这些数据，却是令人头疼的问题。为了满足这个日益增长的需求，Broad 研究院的研究人员开发了一种新颖且免费的可视化工具 Integrative Genomics Viewer (IGV)，能帮助使用者同时整合并分析不同类型的基因组数据，并能灵活放大基因组上的某个特定区域。

Broad 研究院首席信息学执行官、计算生物学和生物信息学主管 Jill Mesirov 表示，这项新工具就像 Google 地图一样能综合查看基因组数据。它将完全不同的基因组数据集合起来，以简单、全面的方式查看。我简直不敢相信同时也非常自豪，我们的科学家反应如此迅速，已经开发出了这个满足基因组学研究的关需求的关键需求的工具。

有了 IGV，研究人员还可以像 Google 地图选择“街道景观”一样，选择组成基因组的 A、C、T 和 G，但他们可以同时查看关于基因表达信息的其他层次，以及遗传密码中的序列变化或突变。其他的基因组细节，如拷贝数变化、染色质沉淀数据和表观遗传学修饰，也可以在 IGV 中查看。此外，所有这些数据类型都可以被覆盖或叠加，来判定某个水平的变化如何影响其他水平。使用者可以选择多种显示模式，以 heat map、柱状图、散点图或其他形式查看他们的数据。这种新的可视化工具是免费的，可供研究人员自由使用。

这个项目的开发者之一、高级软件工程师 Jim Robinson 表示，其他工具只能提供基因组数据的局部详细视图，只有少数能够提供全基因组视图。而 IGV 将两者整合起来，能够

在所有的分辨规模下提供流畅的放大和平移。

Broad 研究院癌症信息学开发部主任 Michael Reich 表示，许多可视化工具都局限在不能处理多种类型的基因组数据，当出现一种新的数据类型时，它们就需要改造。IGV 完全整合了所有的数据类型，能为未来的发展和改进提供坚实的平台。

Broad 成员，同时也是哈佛大学助理教授的 John Rinn 已经使用过多种可视化工具来筛选不同类型的基因组数据。Rinn 表示：“在我用 IGV 之前，我不得不使用三种不同的程序来查看我的数据。但是现在，通用的浏览工具使我能迅速扫描整个基因组，并发现其中有前途的区域，IGV 彻底改变了我的工作。”

IGV 有望增加许多生物医学研究领域的开发速度。Reich 认为，这项工具使研究者能查看多种类型的基因组数据，尤其是那些与疾病相关的数据。我们非常高兴地看到它已经开创性地应用在癌症基因组的研究上。

IGV 是面向全世界研究人员开放的，你可以访问 <http://www.broad.mit.edu/igv>。

(生物通 余亮)

