

基因融合事件分析

使用 Fusionmap 在转录组中研究基因融合事件。

Fusionmap 首先通过比对到基因组和转录本中双末端(paired)关系的序列寻找候选的基因融合，然后采用通过与 nt 等数据库比较，过滤掉假阳性结果。

=====文件=====

|-- *_circos.svg 基因融合 circos 图 (SVG 格式)

|-- *_circos.png 基因融合 circos 图 (PNG 格式)

红色的线代表同一染色体上发生的融合事件，绿色的线代表不同染色体上发生的融合事件。

|-- *_FusionReport.xls 基因融合事件统计表

```
|-- FusionID 融合的唯一标识 ID
|-- *.UniqueMappingPosition1    映射到唯一位点的基因融合数目
|-- *.UniqueMappingPosition2
|-- *.Count            基因融合位点总数
|-- Gene1    发生融合的基因
|-- Strand1 基因融合发生在正义链"+"还是反义链 "-"
|-- Chromosome1    融合基因位于的染色体
|-- Start1    融合的基因的起始位点
|-- End1      融合的基因的终止位点
|-- Gene2
|-- Strand2
|-- Chromosome2
|-- Start2
|-- End2
|-- Filter    空
```