**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(pairend)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