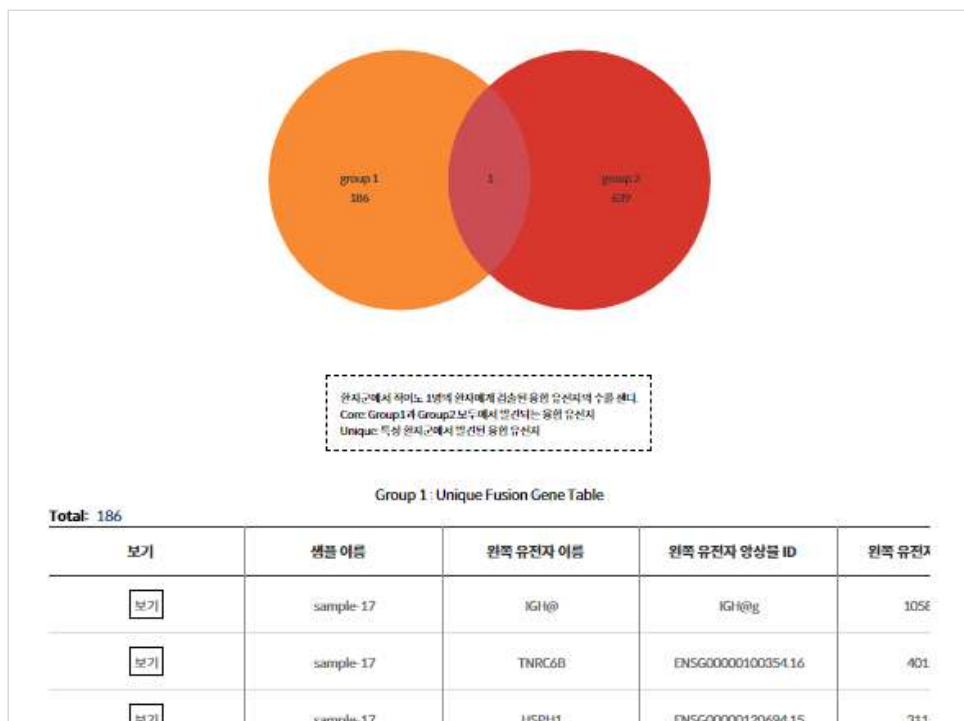


다중 데이터 시각화 가이드 - Fusion Plot

- . 시각화 가능한 오믹스 데이터 : Clinical Information, Fusion
- . Fusion plot은 선택된 샘플 그룹에 대한 Fusion genes 개수 정보를 벤 다이어그램으로 나타내고, 개별 Fusion gene을 시각화합니다.
- . **[임상정보 그룹화]**를 통해 사용자가 원하는 임상 정보를 선택하여 샘플에 대해 지정된 그룹으로 나눌 수 있습니다.
 - 연속형 변수 : 사용자가 [Add group] 버튼으로 최대 3개 그룹까지 그룹을 추가하여 값 범위를 직접 입력해 지정
 - 범주형 변수 : 사용자가 환자 그룹의 구성원을 체크박스를 통해 직접 선택하여 각 그룹을 지정
 - 부울형 변수 : YES(TRUE) or NO(FALSE) 데이터에 따라 자동으로 그룹 지정
- . **[유전자 세트 필터링]**을 통해 원하는 유전자에 대한 Fusion Plot을 그릴 수 있습니다.
- . 그룹 지정을 완료하면 벤 다이어그램과 fusion gene 목록이 화면에 나타납니다.



< Fusion plot - 벤다이어그램 시각화 >

- . 벤 다이어그램의 각 영역을 [클릭]하면 하단에서 해당하는 fusion gene 목록을 볼 수 있습니다.
 - group1 : 그룹 1 샘플만 지닌 fusion gene 개수
 - group2 : 그룹 2 샘플만 지닌 fusion gene 개수

- 교집합 영역 : 그룹 1, 그룹 2의 환자가 공통으로 지닌 fusion gene 개수

→ 영역 구분 기준 : Left Gene Name, Right Gene Name, Left Breakpoint, Right Breakpoint가 일치할 시, 공통된 fusion gene으로 계수

. 각 영역을 클릭하면 해당 영역의 fusion gene 목록 테이블을 볼 수 있습니다.

- Sample Name : 샘플 이름

- Left Gene Name : fusion gene을 구성하는 왼쪽 유전자 이름

- Left Ensembl ID : 왼쪽 유전자의 Ensembl ID

- Left Breakpoint : 왼쪽 유전자가 잘리는(융합되는) 지점

- Right Gene Name : fusion gene을 구성하는 오른쪽 유전자 이름

- Right Ensembl ID : 오른쪽 유전자의 Ensembl ID

- Right Breakpoint : 오른쪽 유전자가 잘리는(융합되는) 지점

- Junction Read Count : Splice junction에 존재하는 read 수

- Spanning Frage Count : Spanning read 수

→ Spanning read : single-end 또는 paired-end reads 중 하나의 read가 fusion gene의 두 유전자에 일부분씩 정렬된 것(split)

- Splice Type : 변이 타입

. Fusion gene 목록 테이블에서 View 컬럼의 [View] 버튼을 통해 각 fusion gene의 그래프를 볼 수 있습니다.



< Fusion plot - Fusion gene 시각화 >

- Left gene transcript ID, Right gene transcript ID의 각 드롭다운 메뉴에서 원하는 transcript를 선택하여 시각화

- . 첫 번째 줄 : 엑손(exon) 영역은 색상 박스로 표시되며, Left/Right gene transcript에 따라 다른 색상으로 나타냄(각 엑손 영역에 마우스 오버 시 exon 번호 확인 가능)
- . 두 번째 줄 : Left/Right gene transcript의 breakpoint 기준으로 바깥쪽 영역이 융합되는 모습이 표시
- . 세 번째 줄 : 융합된 유전자에서 인트론(intron)을 제외한 엑손(exon) 영역만 표시