



# 基本解析

お客様が取得されたFASTQファイルをもとに、基本的なNGS解析をおこないます。germline, somaticのどちらにも対応可能です。

## BAM/VCFファイル作成

- FASTQファイルのクオリティチェック・トリミング・フィルタリング, 参照ゲノム配列へのマッピング, マッピング後クオリティチェックをおこないます。
- 変異 (SNV/indel) の検出, 検出された変異のフィルタリングをおこないます。

## アノテーション付与

- 検出された変異に遺伝子情報や公共データベース情報等のアノテーションを付与します。