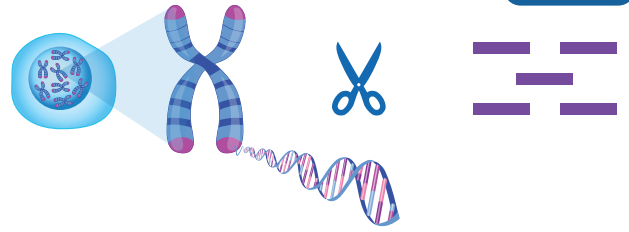


### 1. PREPARACIÓN DE LA MUESTRA

- Dilución y cuantificación de la muestra.
- Fragmentación enzimática de 10 ng de ADN genómico.

SAMPLE TRACKING



1h

### 2. LIGACIÓN DE ADAPTADORES DE SECUENCIACIÓN

- Reparación de extremos y ligación de adaptadores.
- Purificación de los fragmentos unidos a los adaptadores.
- Amplificación universal de las librerías por PCR: unión de index y adaptadores de secuenciación.

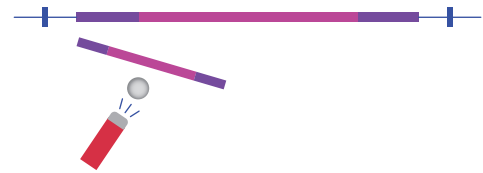
CONTROL DE CALIDAD DE LAS LIBRERÍAS



2h

### 3. HIBRIDACIÓN Y CAPTURA

- Hibridación de las sondas biotinizadas a las regiones de interés.
- Captura de las sondas con beads de estreptavidina.
- Purificación de los fragmentos de ADN capturados.

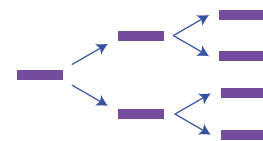


6h

### 4. ENRIQUECIMIENTO DE LAS LIBRERÍAS

- Amplificación post-captura mediante PCR para el enriquecimiento de las librerías.
- Purificación de los productos de PCR.

CONTROL DE CALIDAD DE LAS LIBRERÍAS



1h

### 5. SECUENCIACIÓN MASIVA

- Secuenciación de las librerías con plataformas de Illumina.



19h /  
24 h

### 6. ANÁLISIS BIOINFORMÁTICO

- Pipeline de análisis diseñado especialmente para Hereditary OncoKitDx, a través de la plataforma Datagenomics.