

# 利用Oxford Nanopore纳米孔测序实现基因组病原体检测的未来

快速准确地识别和表征微生物对于指导公共卫生、食品安全和临床研究以防止致病微生物的传播至关重要。组装完整的微生物基因组不仅对疫情调查和抗生素耐药性 (AMR) 监测有重要价值，而且对微生物风险评估、质量控制 (QC) 监测和新型食品开发也是如此。表征微生物群落也可以为广泛、实时的病原体监测提供宝贵洞察。

然而，传统测序技术产生的短读长可能会遗漏关键的基因组信息，如重复区域，从而限制了基因组的组装。此外，传统测序设备非常局限于在中心化的实验室使用。



## 技术对比

Oxford Nanopore纳米孔测序	传统短读长测序技术
<ul style="list-style-type: none"> <li>✓ 任何读长长度 (50 bp 至 &gt;4 Mb)</li> <li>✓ 原始DNA/RNA 直接测序</li> <li>✓ 实时数据流</li> <li>✓ 可及、可负担得起的测序</li> <li>✓ 简化、自动化的工作流程</li> </ul>	<ul style="list-style-type: none"> <li>✓ 读长长度短 (&lt;300 bp)</li> <li>✓ 需要扩增</li> <li>✓ 固定的运行时间与批量数据传输</li> <li>✓ 局限于中心化实验室</li> <li>✓ 繁琐的工作流程</li> </ul>

## 微生物学应用领域推荐设备



### GridION™

小巧的台式设备，可运行和分析多达五张 MinION™ 测序芯片。在一台设备上按需独立运行多个实验——是快速、可扩展地分析病原体样本和追踪新型变异的理想之选。

兼容的测序芯片	MinION 测序芯片
每张测序芯片的常规通量	15-35 Gb
适合的应用	细菌宏基因组学、细菌分离物、细菌全基因组、病毒扩增子、全长 16S rRNA

### PromethION™ 2

PromethION™ 2 Integrated 设备提供灵活、可负担得起、高产出的纳米孔测序设备，以紧凑和可及的形式满足每个实验室的需求，是实时从复杂的宏基因组样本中获取完整环状基因组的理想选择。



兼容的测序芯片	PromethION 测序芯片
每张测序芯片的常规通量	100-200 Gb
适合的应用	实时从复杂的微生物样本中提取完整的环状 MAG

## 端到端工作流程

应用	工作流程和 测序方案	Github 中的 分析工具
<b>微生物分离物测序和血清分型</b>	<a href="#">工作流程--细菌分离物测序</a>	<a href="#">wf-bacterial-genomes</a>
Oxford Nanopore测序可以生成长度不受限制的任意读长，从而通过单次实验中就能获得完整的、具有参考质量的微生物基因组序列。wf-bacterial-genomes 工作流程可以实现从头组装细菌分离物基因组、注释组装中的相关的区域、物种识别和序列分型，以及识别与抗生素耐药性相关的基因和单核苷酸变异。		
<b>沙门氏菌血清分型</b> 利用 PCR 和混样建库的纳米孔测序技术，在 10-20 小时内直接从单个沙门氏菌菌落中进行全基因组扩增，从而对食源性病原体进行免培养、菌株级表征。该方案无需进行液体肉汤再培养、DNA 提取和复杂的文库制备方法。	<a href="#">方案概述--直接从菌落进行快速沙门氏菌测序</a>	
<b>宏基因组学</b>	<a href="#">工作流程--宏基因组组装</a>	<a href="#">wf-metagenomics</a>
宏基因组组装基因组 (MAG) 对于了解和表征无法培养的各种微生物群落至关重要。与短读长测序方法相比，纳米孔长读长序列可以跨越富含重复序列 (抗生素耐药性 (AMR) 基因的特征) 和结构变异。这提高了微生物分类的解析度，简化了基因组组装，从而提供对微生物群落的组成和功能更深入的洞察。		
<b>用于病原体监测的宏基因组学</b> 快速的宏基因组纳米孔测序工作流程能够快速识别来自单一样本的细菌、真菌和病毒病原体，从而能对混合微生物样本进行全面表征。使用传统的短读长技术会限制对微生物的可靠识别，尤其是在区分近缘菌株时。此外，与短读长测序相比，纳米孔长读长能更可靠地识别抗微生物基因背景 (携带于质粒或位于染色体上)，为控制和干预措施提供信息。	<a href="#">工作流程--病原体宏基因组学</a>	
<b>流感</b>	<a href="#">方案概述-流感测序</a>	<a href="#">wf-flu</a>
全基因组测序可持续监测和识别新出现的毒株，因此可为季节性疫苗的开发提供信息。本概述介绍了如何通过 PCR 扩增和混样建库的纳米孔测序生成准确的甲型和乙型流感病毒全基因组序列。工作流程包括过滤、基因变异识别以及与疾控中心流感参考基因进行序列比对。		
<b>猴痘</b>	<a href="#">工作流程-Mpox 测序</a>	<a href="#">wf-artic</a>
我们需要快速的分子测定方法来检测 MPXV，并识别分支群和病毒特征的变化，以了解流行病学、防止进一步传播并开发特定的治疗方法。在当前的全球疫情爆发初期，大多数 MPXV 测序都采用了宏基因组方法，但后来又开发出了用于 MPXV 全基因组分析的靶向测序方法。		
Oxford Nanopore Technologies可根据您的实验需求进行宏基因组测序和靶向 MPXV 测序。		
<b>16S</b>	<a href="#">工作流程-16S 测序</a>	<a href="#">wf-16S</a>
16S 核糖体 RNA (rRNA) 基因测序是微生物识别的主要方法，可应用于微生物组表征、食品安全和临床微生物学。传统技术通常使用短读长数据，无法跨越 16S rRNA 基因全长，从而限制了物种级识别的解析度。		
Oxford Nanopore 提供端到端的工作流程，对全长 16S rRNA 基因进行测序和分析，从而提高分类学解析度，准确分析多微生物群落，快速识别基本筛查方法遗漏的新物种和变异。		
<b>质粒</b>	<a href="#">工作流程 - 全质粒测序</a>	<a href="#">wf-clone-validation</a>
Oxford Nanopore 测序可在机构内部对全长质粒序列进行高度准确、灵活和安全的表征，无需引物，几小时内即可获得结果，无需将构建体送交第三方进行验证。通过一次实验获得全序列数据，也就不需要使用多种技术来确认构建体的身份。		