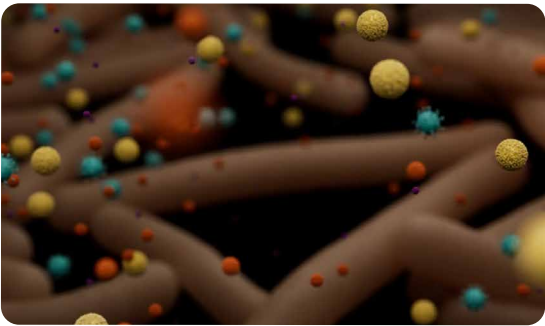


一站式基因组学平台助您发现微生物世界

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
✓ 任何读长长度 (50 bp 至 >4 Mb) ✓ 原始DNA/RNA 直接测序 ✓ 实时数据流 ✓ 可及、可负担得起的测序 ✓ 简化、自动化的工作流程	✓ 读长长度短 (<300 bp) ✓ 需要扩增 ✓ 固定的运行时间与批量数据传输 ✓ 局限于中心化实验室 ✓ 繁琐的工作流程

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
微生物分离物测序和血清分型 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。 沙门氏菌血清分型 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。	工作流程--细菌分离物测序 方案概述--直接从群落进行快速沙门氏菌测序	wf-bacterial-genomes
宏基因组学 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。	工作流程——宏基因组组装	wf-metagenomics
16S 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。	工作流程-16S 测序	wf-16S
质粒 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, 也就不再需要使用多种技术来确认构建体的身份。	工作流程 - 全质粒测序	wf-clone-validation