



Product



我们的目标是：使任何人，在任何地点，能对任何生物进行分析。

已经在国际空间站上完成了纳米孔DNA和直接RNA测序。
图像来源：美国宇航局（NASA）约翰逊航天中心。

纳米孔测序工作原理

纳米孔测序是独一无二的、可扩展的测序技术，它能够直接实时分析任意长度的DNA或RNA片段。通过实时监测核酸通过蛋白纳米孔时的电流变化来工作。解码这些电流信号以确定碱基序列。

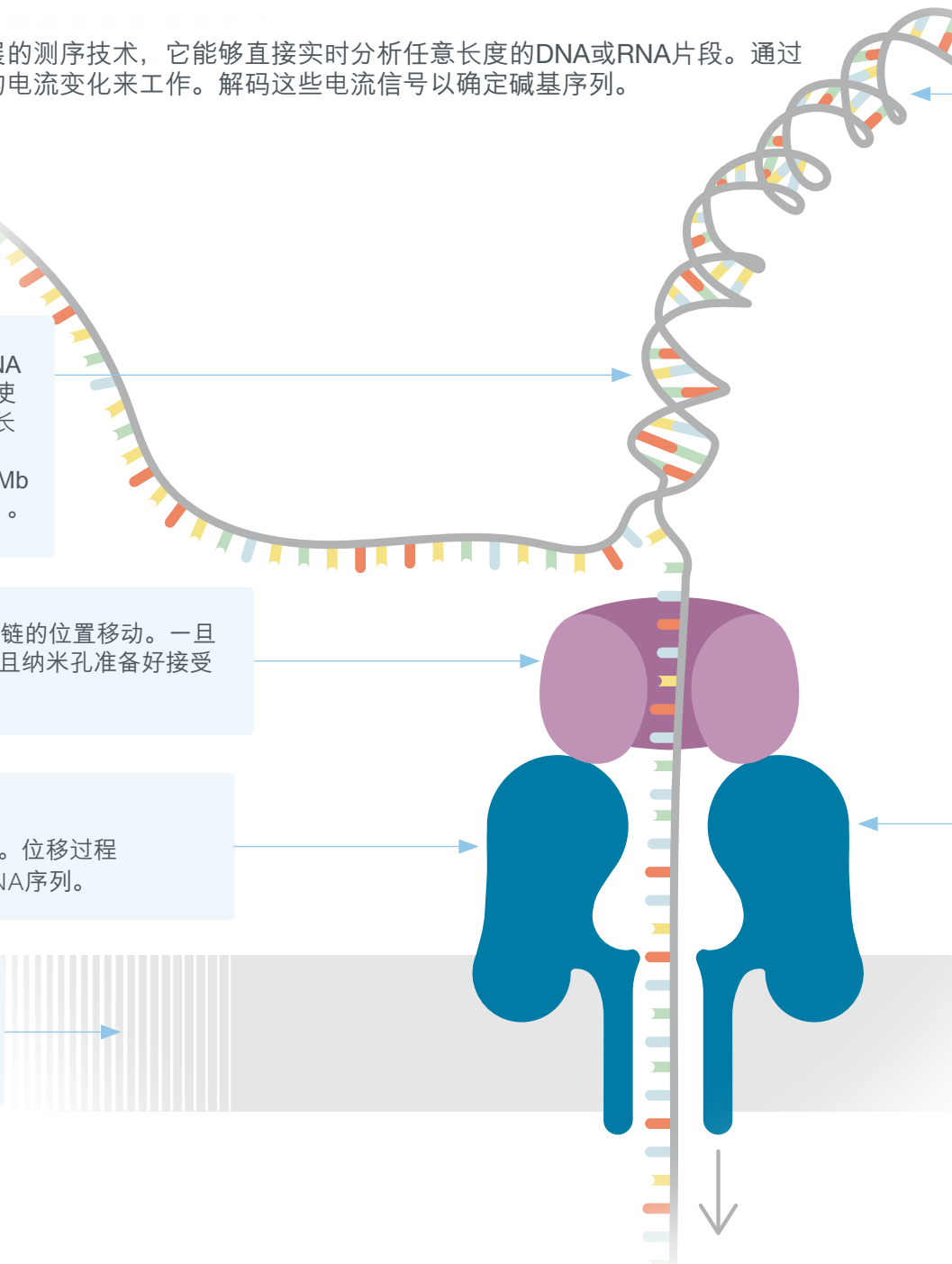
纳米孔能处理呈现给它的DNA或RNA片段的整个长度。用户可以通过所使用的文库制备实验方案来控制片段长度，能够生成任意所需长度的片段——从短片段到超长片段（如>2Mb的DNA片段¹和>20kb的RNA片段²）。

酶马达通过纳米孔控制DNA或RNA链的位置移动。一旦DNA或RNA通过，马达蛋白分离并且纳米孔准备好接受下一个片段。

纳米孔测序仪

DNA或RNA片段通过纳米级的小孔。位移过程中电流的波动可用于确定DNA或RNA序列。

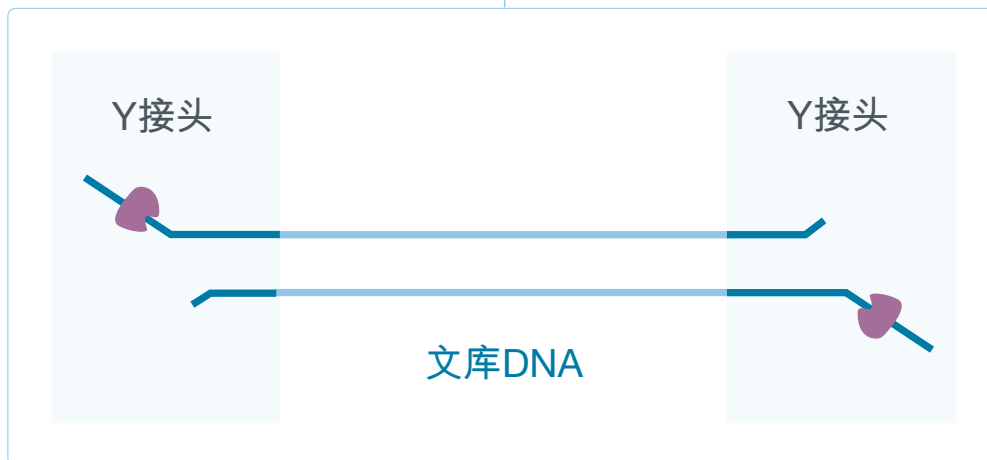
电阻膜意味着所有电流必须通过纳米孔，确保信号清晰。



1. Payne, A. et al. Bioinformatics. bty841 (2018).
2. Viehweger, A. et al. Genome Res. 29:9 (2019).

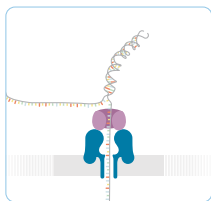
文库制备

文库制备在片段的两端添加测序接头和马达蛋白

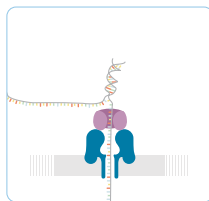


移位

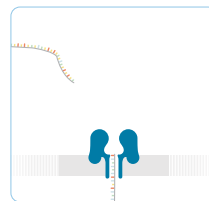
模板链和互补链都携带马达蛋白，因此两条链都可以移位至纳米孔。



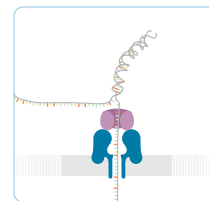
模板...



...模板...



(出口)



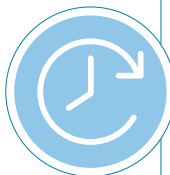
下一个分子...

探索纳米孔技术的优势



读长不受限制——从短读长到超长读长（长达2.3Mb¹）

- 终端灵活性——优化应用领域
- 基因组组装更简单
- 解决结构变异、重复和定相
- 表征和定量化全长转录本



实时分析

- 即刻拿到数据
- 快速的物种鉴定
- 早期样本检验和QC
- 数据足够？停止、清洗、储存或运行另一个样本



直接测序

- 测序原始DNA或RNA，无需复制
- 无扩增偏差
- 识别碱基修饰



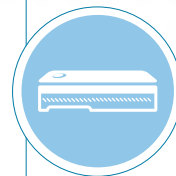
1. Payne, A. *et al.* Bioinformatics. bty841 (2018).

在南极洲使用MinION测序。
图片由伦敦大学Sarah Stewart Johnson博士提供



可扩展-从手持到超高通量

- 同一种技术适用于所有设备——根据需求选择
- 小型测序仪Flongle™和MinION™
- 台式高通量测序仪GridION™和PromethION™



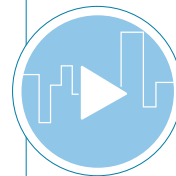
极简的文库制备

- 快速10分钟（DNA）文库制备
- 自动，手持制备——VolTRAX™
- 低样本量，高DNA和RNA产出
- 混样建库最大化产出



按需测序

- 任何时候测序任何生物
- 对样本量没有要求
- GridION和PromethION具有灵活的通量



提供新的生物学见解



全基因组测序

- 从头组装
- Scaffolding和完成
- 变异分析: 结构变异、单核苷酸位点变异 (SNV)、定相、碱基修饰
- 重测序



靶向测序

- 扩增子和PCR-FREE富集
- 16S rRNA分析
- 变异分析: 结构变异、单核苷酸位点变异 (SNV)、定相、碱基修饰



RNA测序

- 直接RNA、直接cDNA、cDNA测序
- 表征和定量全长转录本
- 识别剪接变异和基因融合
- 测序完整的基因组
- 识别碱基修饰



宏基因组学

- 对混合样本进行实时、无偏差分析
- 使用长读长加强物种鉴定



表观遗传学

- 甲基化
- 组蛋白修饰
- 非编码RNA活性



临床研究



癌症研究





完善的工作流程：实时解读生物学问题

准备

文库制备试剂盒



VolTRAX



测序

兼容
Flongle



MinION



MinIT
(optional)



MinION Mk1C



GridION



PromethION



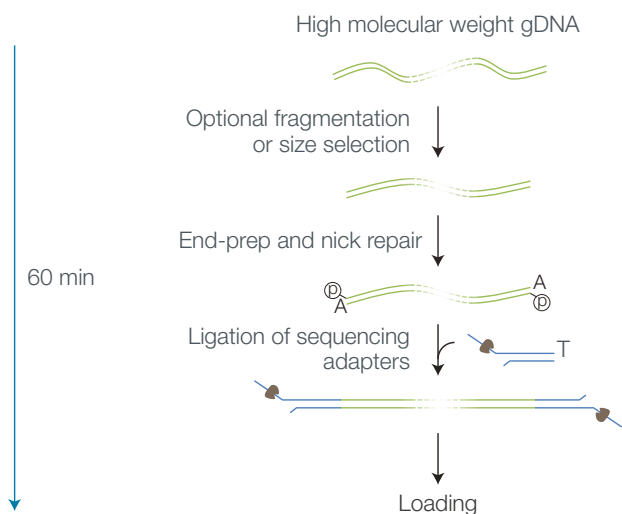
分析

所需的生物信息学能力		
EPI2ME™	● ○ ○ ○	使用云端或本地EPI2ME平台开展实时分析工作流程。 nanoporetech.com/analyse
实验方案生成器和 分析教程	● ● ○ ○	遵循Oxford Nanopore Technologies在实验室方案生成器中所提供的分析建议。 nanoporetech.com/knowledge
社区开发的 工具	● ● ● ○	运行纳米孔社区编写和开发的开源工具。 community.nanoporetech.com
定制分析 流程	● ● ● ●	所有数据，无论是原始数据还是碱基识别数据，都可以在用户为特定应用编写的定制分析流程中使用。

DNA文库制备

最高通量

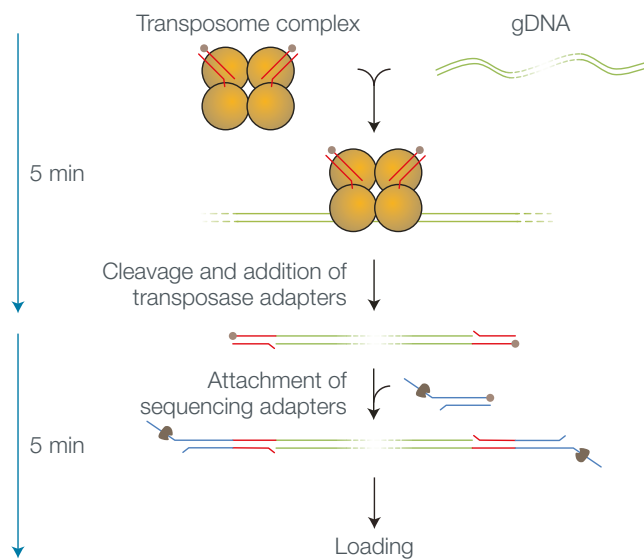
连接测序试剂盒 (Ligation Sequencing Kit)



- DNA末端修复和dA尾添加
- 将测序接头连接到已制备的末端上
- 可通过片段化或片段大小选择来控制片段长度

制备时间最短

带转座酶的快速测序试剂盒 (Rapid Sequencing Kit)



- 转座酶在切割模板分子的同时, 将标记贴附到被切割的末端
- 在被标记末端上添加快速测序接头
- 随机切割后得到片段长度

如何选择DNA试剂盒

对任意长度的DNA片段进行测序分析-从短片段到超长短片。简化基因组组装、变异检测、定相和宏基因组物种鉴定。使用直接测序、PCR-FREE的方法来分析原始DNA并识别碱基修饰。

	1D连接 (SQK-LSK109)	快速 (SQK-RAD004)	PCR (SQK-PSK004)
用于:	最高通量	快速和简单制备	控制读长长度或扩增测序
 制备时间	60分钟	10分钟	PCR + 60分钟
 输入量	1,000ng dsDNA	400ng HMW gDNA (>30 kb)	100ng dsDNA
 片段化	可选	基于转座酶	N/A
 读长	等于片段长度	随机分布，取决于输入片段长度	等于片段长度
 是否需要PCR	否	否	是
 多样本选择	原始条形码扩展包（PCR-FREE）:PCR条形码扩展包	使用快速条码试剂盒	使用PCR条码试剂盒

还可提供:

- 野外测序试剂盒——拥有快速测序的所有优势，同时增加环境运输及储存的便利性
 - 连接测序试剂盒XL——用于高通量工作流程的多孔板测序试剂盒特定应用的文库制备试剂盒（如16s测序）
 - 自动的工作流程
- Cas9测序试剂盒——PCR-FREE靶向富集长片段区域，能够简化目标区域的分析并保留碱基修饰。*

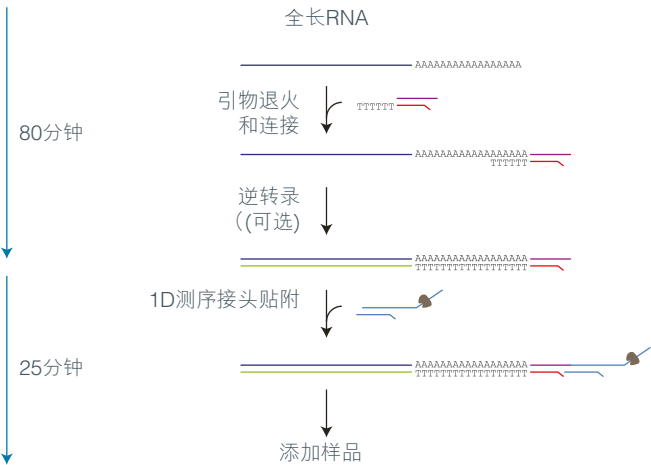
* 预计2020年第一季度上市。

RNA文库制备

用于对RNA分子进行直接测序

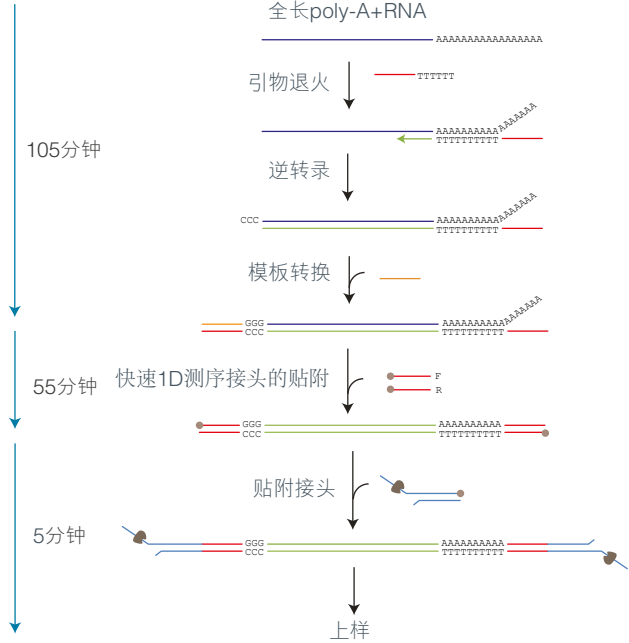
高通量的全长转录物分析

直接RNA测序试剂盒



- 可选的反转录步骤提高了通量——cDNA链未被测序
- 将测序接头贴附到已制备的末端上
- 读长反映出样本中分子的长度







cDNA-PCR 测序试剂盒 (cDNA-PCR Sequencing Kit)



- 使用反转录和链转换法合成cDNA, 再用PCR扩增
- 在PCR针对全长转录物富集之前进行链转换
- 将测序接头贴附到扩增的cDNA上

如何选择RNA试剂盒

利用纳米孔长读长测序表征和定量分析全长RNA转录本，剪切突变，和基因融合。可直接测序原始RNA链，无需扩增或反转录，还可以识别碱基修饰。

	直接RNA (SQK-RNA002)	PCR-cDNA (SQK-PCS109)	直接cDNA (SQK-DCS109)
用于:	对RNA分子进行直接测序, 并保留碱基修饰	高通量的全长转录物	无PCR偏倚的全长转录物
 制备时间	105分钟	165分钟	275分钟
 建议输入量	500ng RNA (poly-A ⁺)	1ng RNA (poly-A ⁺)	100ng RNA (poly-A ⁺)
 读长	等于RNA长度	富集全长cDNA	富集全长cDNA
 是否需要PCR	否	是	否
 反转录	可选	是	是
 多样本选择	开发中	PCR-cDNA条形码试剂盒	原始条形码扩展包

多样本低成本的分析

条形码

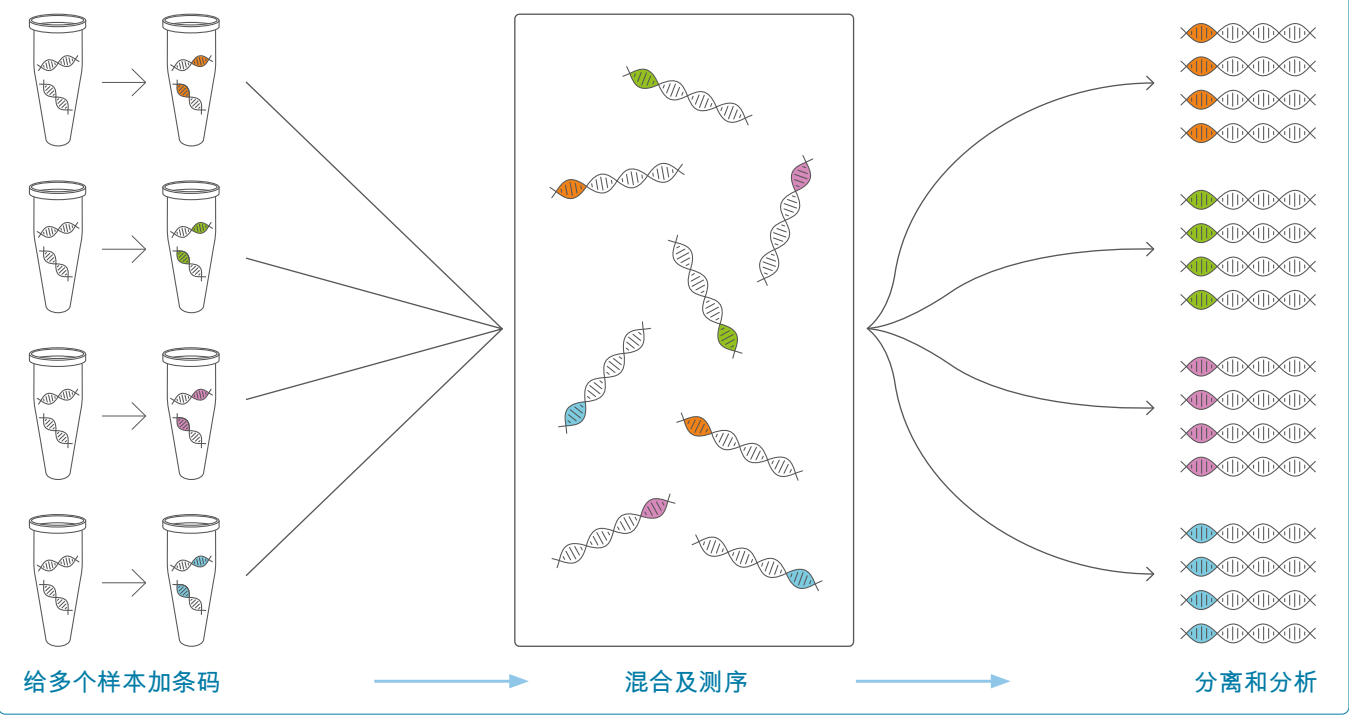
通过条码试剂盒用户可以对多个样本进行混样建库以从单个测序芯片中生成最多的数据将读长从循序测序文库上样中分离出来并降低每个样本的成本。

- 用于PCR-FREE的非扩增条码试剂盒（多至24个样本）
- 用于多达96个样本的PCR条码试剂盒
- 结合原始和PCR条码技术，提高处理多样本的能力，样本数多至数千个。
- gDNA条码试剂盒、扩增子，cDNA与专用条码试剂盒或条码扩展包

清洗

通过清洗试剂盒可在短时测序运行之后重复使用测序芯片，意味着多个文库可以循序使用。

多样本芯片使用





PromethION

高通量，高样本数台式纳米孔测序系统

VoITRAX

用于纳米孔测序的自动化文库制备解决方案

VoITRAX是小型的USB驱动设备，它可以自动完成纳米孔测序的上游实验过程——从样本提取到文库制备。可预定义或者自定义协议，完善优化样本制备以及开发新方法。

可更换的耗材管：纳米孔测序前可准备任何生物样本

USB供电，便携式：液体通过软件编程的路径在管周围流动，依次进行个体反应。





自动化文库制备：
集成了PCR等功能。

用于DNA和RNA QC的
荧光检测器

仅数分钟的上机时间，即便是新的/复杂的实验。

规格

重量

301 g(含耗材管)

大小

长134mm | 宽58mm | 高64mm

了解更多详情，请访问网站：

nanoporetech.com/cn

Flongle

使MinION和GridION适用于更小的快速检测和分析

Flongle是MinION/GridION的小型适配器，可在更小的单测序芯片上进行直接实时的DNA或RNA测序。能够及时得到测序数据。Flongle设计用于更小或者更频繁的测试及实验的最快速可得和最具经济效益的测序系统。

带有**126个通道**的测序芯片耗材

可重复使用的接头，容许对接较小的测序芯片

与MinION一样的设备



适用于

GridION, MinION,
和MinION Mk1C



样本在此加入到
测序芯片



规格

重量
20g

尺寸
高23mm | 宽23mm | 深8mm

在线购买:

<http://store.nanoporetech.com/cn>

MinION

便携式DNA/RNA测序，任何人都可用

MinION是一款功能强大的手持测序仪，能够提供具有经济效益的，长达Gb的实时长读长测序数据。体积小大到可以放到口袋里，能够读取任意长度的DNA或RNA片段，这款USB驱动MinION测序仪能够帮助研究人员在任何环境中快速获得广泛应用领域的生物学见解。

测序芯片，带有
512个有效通道

样本在此加入
到测序芯片

测序芯片耗材，将生
物学和电子学结合起
来进行纳米孔测序。

USB供电设备，连接到
笔记本电脑、计算机、
或MinIT进行操作。



带多个纳米孔的定制传感器阵列，用于扩大测序规模

传感器芯片与定制ASIC配合使用，用于控制和数据采集

适用于

MinIT，用于MinION测序的预配置IT解决方案，无需专用的笔记本电脑。

更多信息，请查看

nanoporetech.com/products



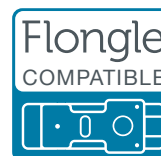
规格

重量

87g(带测序芯片103g)

尺寸

高23mm | 宽105mm | 深33mm



在线购买：

<https://store.nanoporetech.com/cn>

MinION Mk1C

全方位集成的、完全便携式测序和分析

MinION Mk1C结合了MinION实时快速可手持测序、Flongle强大的集成计算和高分辨率触摸屏的优点，能够为DNA/RNA测序提供全方位的解决方案。

高分辨率触摸屏显示支持全面的设备控制，简单的测序结果可视化。

整合、功能强大的实时计算，含预置碱基识别和分析软件。

数据文件被写入一个机载的、高容量SSD固态硬盘；可将数据转移到您的自有系统。



连接：支持蓝牙、无线网络和移动网络——上传和分析您的数据，不论身在何方。

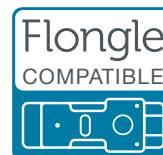


使用**Flongle**用于更小的实验和分析，或者使用**MinION**测序芯片用于Gb级的数据。

规格

重量
420g

尺寸
高30mm | 宽140mm | 深114mm



了解更多详情，请访问网站：

nanoporetech.com/cn

GridION Mk1

高通量台式系统，带有集成计算模块

GridION能够同时或单独运行五个测序芯片，为繁忙的实验室和服务商提供经济高效按需的纳米孔长读长实时测序等优势。高性能集成数据处理减少了对IT基础架构的复杂需求。

GridION上一次可有多达
2560个有效通道进行测序。

耗材测序芯片。将生
物学和电子学结合起
来进行纳米孔测序。

板载数据分析，提供实时地本次
分析。



GridION提供服务提供商认证。





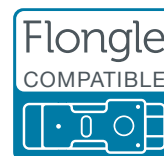
样本在此加入到测序芯片。

5个独立的测序芯片，可以单独或一起运行，适合于按服务收费的操作。

规格

重量
11kg

尺寸
高220mm | 宽370mm | 深365mm



了解更多详情，请访问网站：

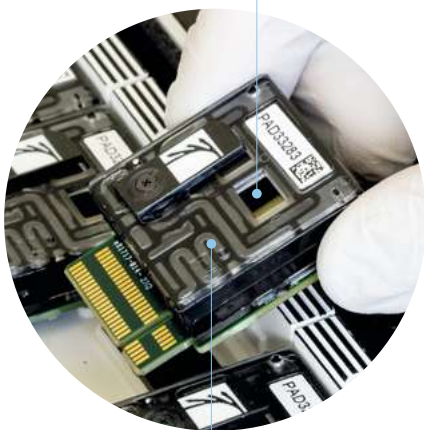
nanoporetech.com/cn

PromethION 24和PromethION 48

高通量、高样本的台式系统

PromethION是灵活、高产量的台式测序仪，是大型项目和高通量实验室的理想选择。可以同时或单独运行多达24个（PromethION 24）或48个（PromethION 48）测序芯片——根据需求可提供高达Tb级别的长读长测序数据——从短片段到超长片段（如>2Mb）。集成的高性能计算能力可实时进行碱基识别和后续分析，以便快速获得结果。

样本在此处加入到测序芯片。



每个测序芯片包含多达3000多个有效通道。

24（P24）或48（P48）个独立测序芯片可以单独或者一起运行。



测序模块



PromethION提供服务提供商认证。



计算机模块

在PromethION上一次可有多达72000 (P24) 或144000 (P48) 个有效通道进行测序。

PromethION48单次运行可生成超过7Tb的数据

规格

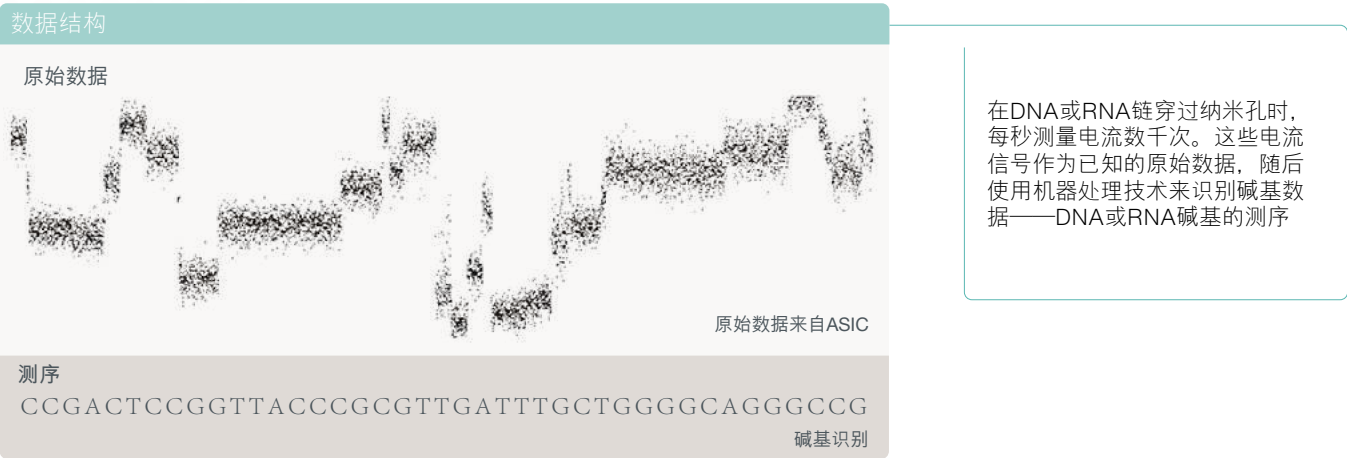
	重量	尺寸
测序模块	28kg	高190mm 宽590mm 深430mm
计算模块	25kg	高440mm 宽178mm 深470mm

了解更多详情，请访问网站：

nanoporetech.com/cn

数据分析和碱基识别

纳米孔测序提供实时的数据流，能够快速的进行碱基识别和实时数据分析，及时得到结果。



无需PCR扩增或反转录，纳米孔技术可以测序原始DNA或RNA，保留碱基修饰并与能与核苷酸一起检测到。

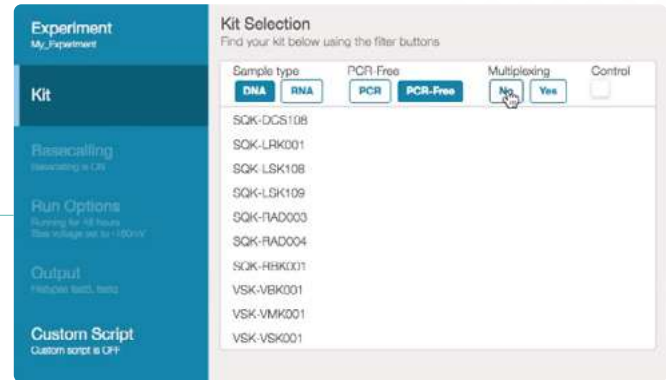


纳米孔测序可以提供标准的FASTQ和FAST5格式的系列数据，适合使用下游一系列的分析工具进行分析（见11页），包括纳米孔测序实时的EPI2ME平台。

碱基识别和设备控制

设备控制和初级分析软件MinKNOW™适用于所有纳米孔设备，提供简便的实验设置和测序性能实时可视化。

MinKNOW能够完全控制测序参数：
开始运行、设置运行参数、分组实验。



可视化的测序进程和实时的性能分析。QC运行，且文库有问题时会停止测序，清洗测序芯片，重新开始。



实时的碱基识别并以 .fastq 或 .fast5 的格式实时输出。也可以在样本运行完使用一系列算法之后进行碱基识别。



EPI2ME实时分析

基于云端或本地的数据分析平台EPI2ME能够以更便捷的方式获得越来越多的实时数据分析工作流程。

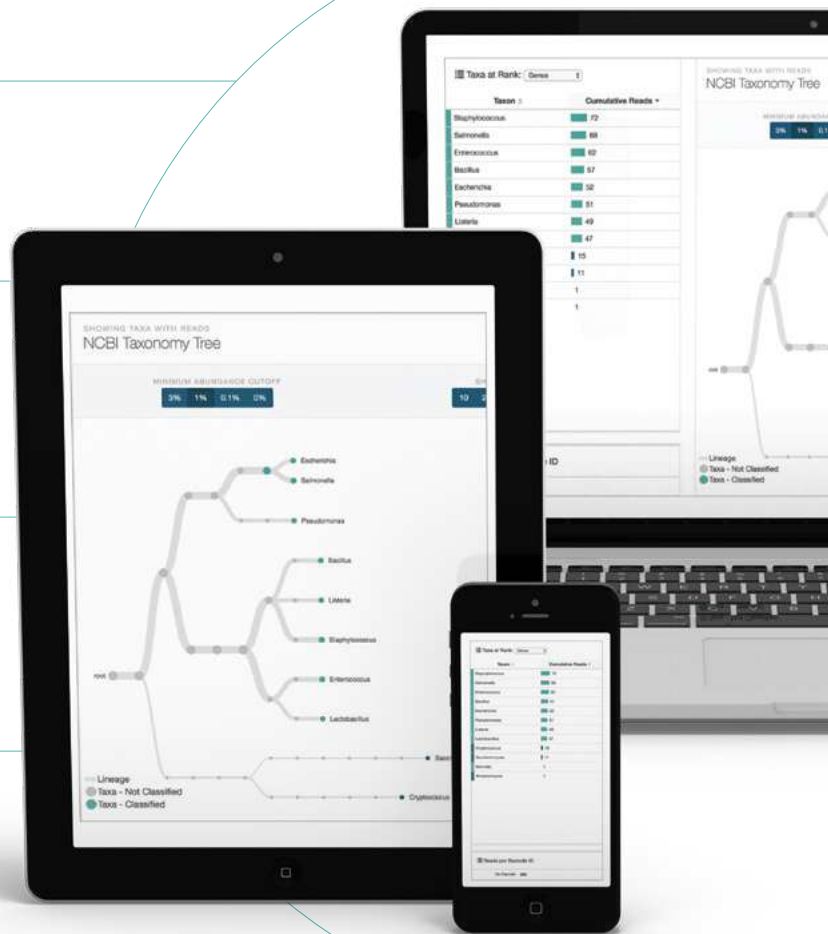
直观的用户界面

全面的QC标准

云端或本地分析

无需生物信息学经验

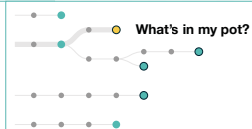
立刻获得结果





What's In My Pot (WIMP)

对宏基因组样本的微生物种属水平鉴定和定量



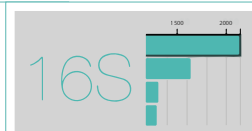
ARMA

基于工作流程构建，支持完整的抗生素抗性分析



16S

支持宏基因组样本中细菌和古细菌的菌属水平鉴定



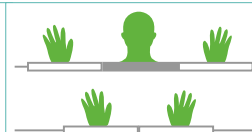
定制参考比对

将序列数据比对到所选择的参考序列上



人类基因组结构变异

定位和识别人类基因组上的结构变异



人类基因组比对

将人类基因组和外显子与GRCh38参考基因组比对



开发中



Ubik™

快速手持单管样本准备



SmidgION™

在智能手机上进行实时纳米孔长读长测序和分析

Plongle™

以96孔板的形式对更小型频繁的实验和验证进行高通量分析



在任何地方，任何人可以分析任何生物



Grid**ION** Mk1



Min**ION** Mk1C

Flongle



Prometh**ION**



Min**ION**



Vol**TRAX**



Min**IT**



Oxford Nanopore Technologies

电话 +44 (0)845 034 7900

电邮 sales@nanoporetech.com

微信 nanoporetech; NanoporeEvent

推特 @nanopore



www.nanoporetech.com

Oxford Nanopore Technologies, 飞轮图标, EPI2ME, Flongle, GridION, Metrichor, MinION, MinIT, MinKNOW, PromethION, SmidgION和VolTRAX 都是 Oxford Nanopore Technologies 在各个国家的注册商标。所有其他商标和名称均归其各自所有者所有。
© 2020 Oxford Nanopore Technologies。版权所有。Oxford Nanopore Technologies 产品目前仅供研究使用。不用于诊断程序。
BR_1009(CN)_V4_16March2020

