

纳米孔基因测序平台

普译 纳米孔测序平台简介

▶▶▶



新一代单分子测序技术：纳米孔测序技术



M1

5' -> 3'

多种突变体

移动速度均一性好
综合性能更好

M2

5' -> 3'

多种突变体

信号噪音小

M3

5' -> 3'

多种突变体

速度快、噪音小

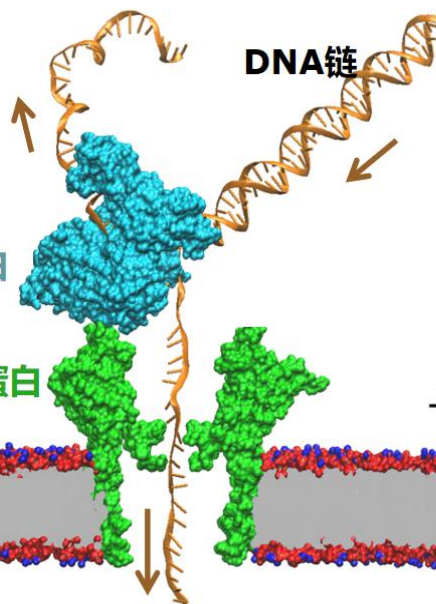
N1

3' -> 5'

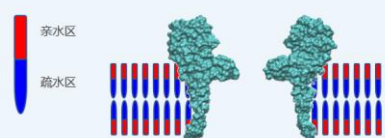
不同运动方向

马达蛋白

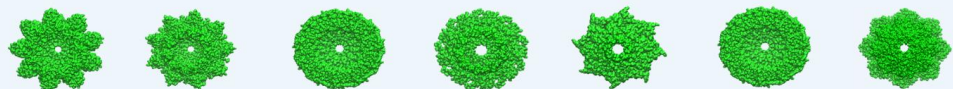
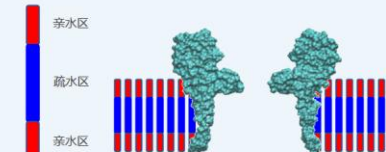
纳米孔蛋白



二嵌段共聚物



三嵌段共聚物



N系列

单次准确度97%

H系列

准确度93%

P系列

解码算法构建中

B系列

解码算法构建中

L系列

X系列

D系列

蛋白优化中

限制区较薄，碱基分辨能力高。目前主要研发方向是提高限制区稳定性

蛋白结构稳定性强，限制区可塑性高，可设计不同厚度的限制区

收缩区为单层氨基酸，理论上可分辨单个碱基。可溶区较大，控速蛋白适应性强

AAACAAGCATGTCATCG

基于深度学习的解码算法

测序仪控制软件

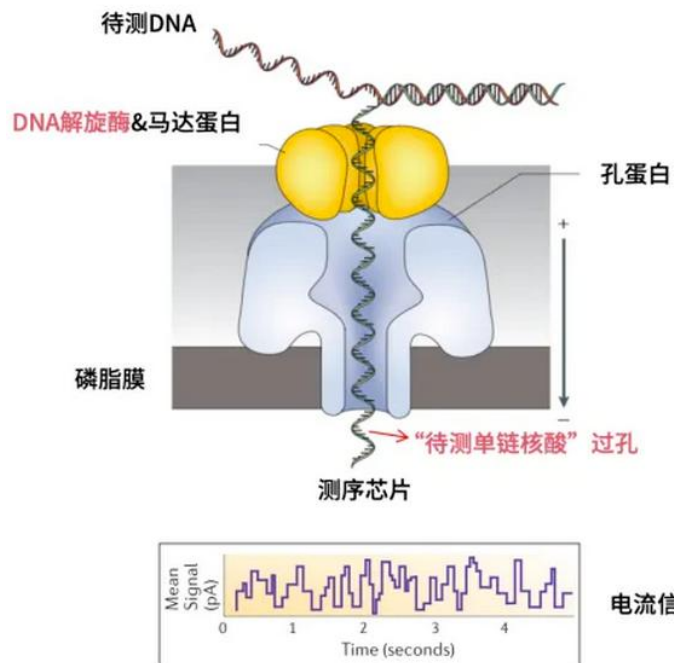
纳米孔测序技术分类

生物纳米孔—链式测序法

ONT、齐碳、普译、华大序风

“纳米孔链测序”

NANOPORE

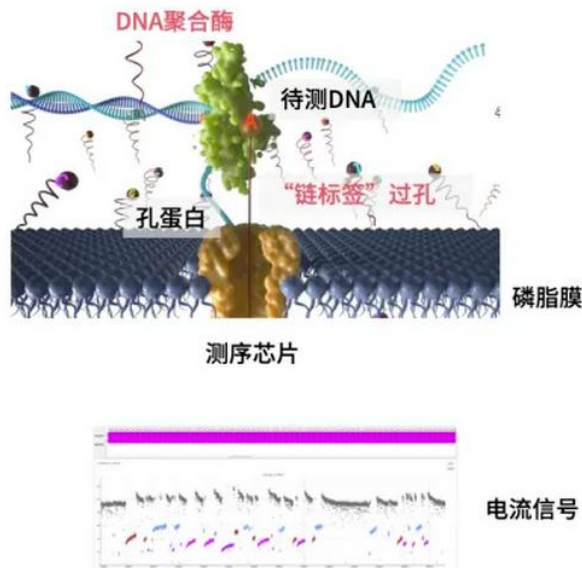


生物纳米孔—标签测序

Genia、今是、安序源

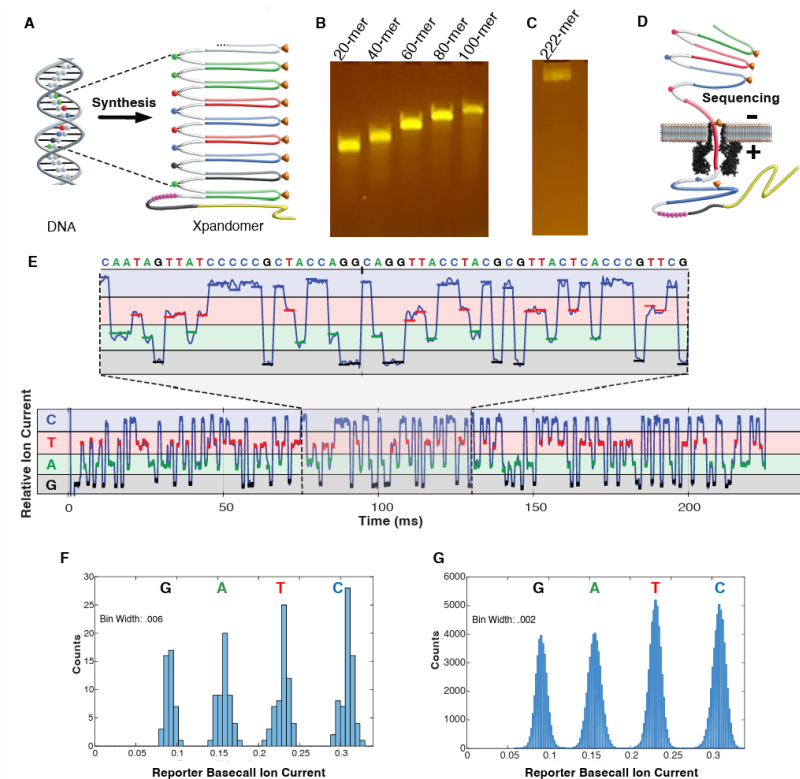
“边合成边纳米孔测序”

GENGUS 今是科技



罗氏SBX测序技术

罗氏SBX测序技术



无限制测序读长

理论可检测无限长，目前最长
Mb片段，长短兼容，测序范围
80 bp ~ Mbp

碱基修饰

进行核酸测序的同时，可直接
给出甲基化修饰信息

简单便携

实验操作简单，使用快速法建
库试剂盒仅需十分钟实验过程，
最小测序仪仅几千克重，可按
需进行不同地点使用

DNA\RNA测序

全世界唯一支持进行RNA直
接测序的技术

实时测序

测序的同时产生测序数据，可
进行边测序边分析

使用灵活

耗材芯片可进行清洗重复使用
(数据量不超出上限)，高通
量仪器为每个通道独立运行，
可分别进行高达6个独立的实
验

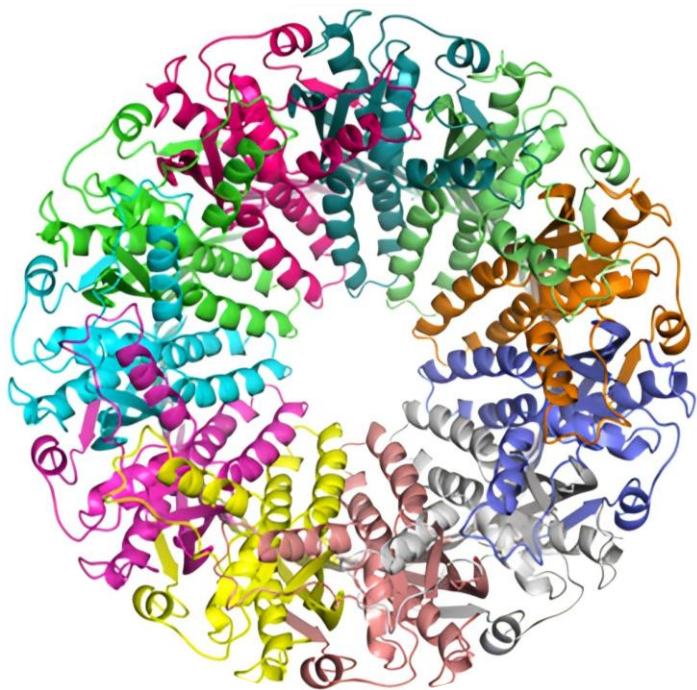


核心技术：纳米孔蛋白

纳米孔蛋白：构成溶液和单链核酸分子在电泳作用下运动的通道，是传感DNA碱基的核心元件

自主知识产权：公司具备完整的蛋白工程改造、鉴定和优化体系，可完成从基因改造到蛋白表征全流程研发。

普译生物承接黄亿华课题组在孔蛋白方面的技术积累，拥有若干种候选纳米孔蛋白，可以根据DNA、RNA、表观遗传等不同的测序要求针对性的优化纳米孔蛋白。



1

NV1

初代孔蛋白体系



原始序列准确率

97%

2

NV2

特化孔蛋白体系



最低起始量要求

1 pg

3

NV3

最新孔蛋白体系



原始序列准确率

99%

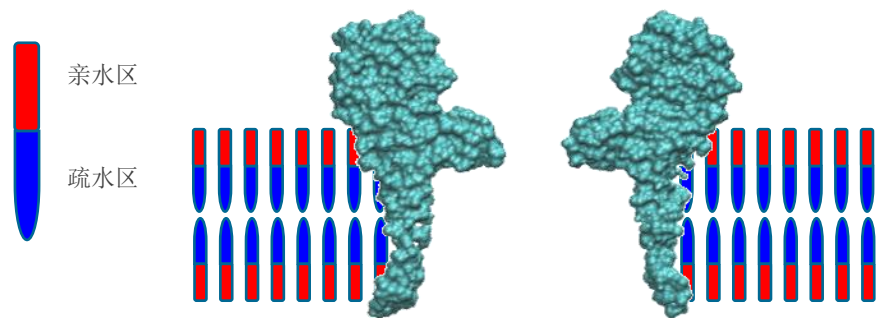
孔蛋白持续升级优化……

人工膜：是一种模拟细胞膜的人工合成膜，具有类似生物磷脂双层膜的结构和功能特性。

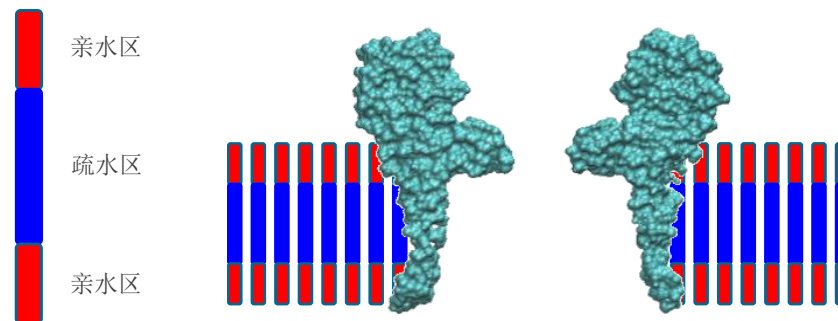
技术优势：已建立一种二嵌段共聚物和一种三嵌段共聚物的高稳定人工膜构建流程，实现高比例自动化纳米孔嵌膜。

基于嵌段共聚物的人工膜与磷脂人工膜相比，储存稳定性和电压耐受性大大提高，能够实现3个月的储存寿命和48小时的测序寿命。

二嵌段共聚物



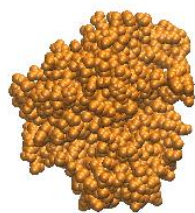
三嵌段共聚物



控速蛋白：是一种马达蛋白，它能够在核酸链上运动，从而起到了控制电场力下核酸链通过纳米孔的作用。

在特定电压下，控速蛋白在核酸链上的运动速度决定了核酸通过纳米孔的速度，也就是该核酸链测序的速度。

技术优势：研发的若干个系列的控速蛋白持续优化中，从中不断筛选具有更高控速稳定性和碱基分辨力的控速蛋白纳入产品体系。

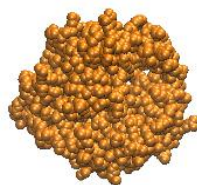


M1

5'-> 3'

多种突变体

移动速度均一性好
综合性能更好

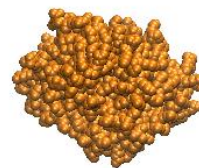


M2

5'->3'

多种突变体

信号噪音小

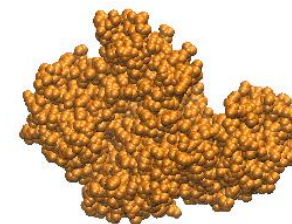


M3

5'-> 3'

多种突变体

速度快、噪音小



N1

3'->5'

不同运动方向

MEDIUM-THROUGHPUT

中通量测序芯片PolyseqCell

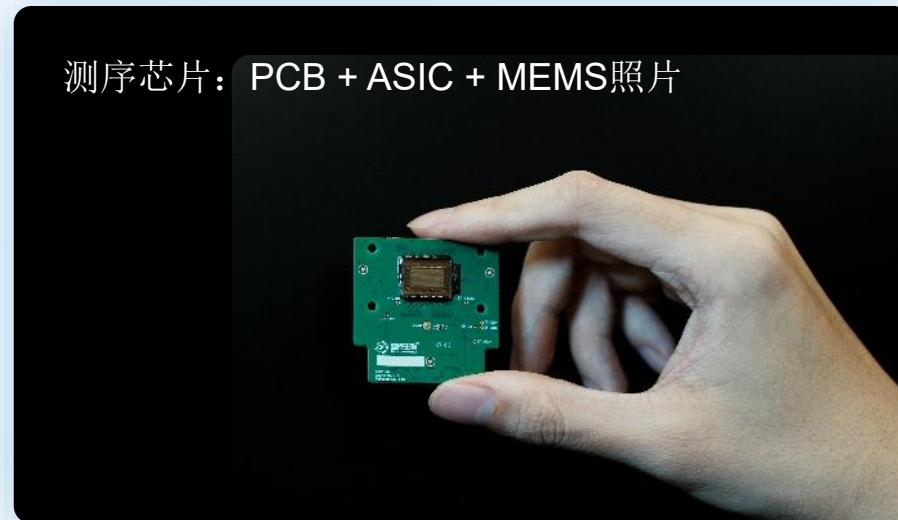
PolyseqCell基于中通量、低噪声、低成本的硅基半导体测序芯片，拥有 640×4 纳米孔，可640通道同时测序，在72小时测序时长下预计产出20-30Gb的高质量测序数据。使用简便，开箱即用。

HIGH-THROUGHPUT

高通量测序芯片PolyseqXCell

PolyseqXCell采用集成度更高、规模更大的设计方案，在芯片内部直接将pA级电流信号转换为数字信号，大大提高了测序芯片测序通量和测序仪的集成度。

测序芯片：PCB + ASIC + MEMS照片



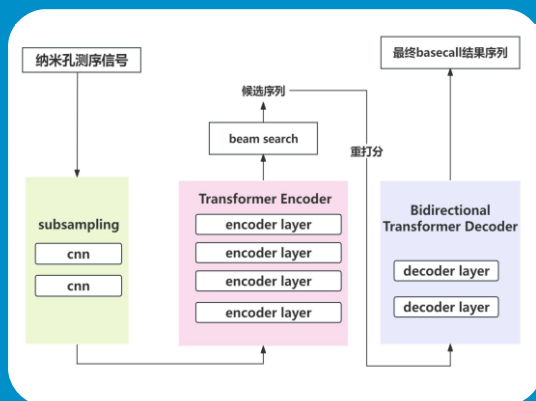
测序芯片：安装流体池的照片



基于深度学习的解码算法

将端到端的神经网络和深度学习训练用于纳米孔测序的电流信号解码，解码算法包括：

- 1、DNA直接测序
- 2、RNA直接测序
- 3、表观遗传修饰信息检测



Computational and Structural Biotechnology Journal
Volume 23, December 2024, Pages 3430-3444

BaseNet: A transformer-based toolkit for nanopore sequencing signal decoding

Qingwen Li^{a,b}, Chen Sun^c, Daqian Wang^a, Jizhong Lou^{a,b,c}

^a Key Laboratory of Epigenetic Regulation and Intervention, Center for Excellence in Biomacromolecules, Institute of Biophysics, Chinese Academy of Sciences, Beijing 100101, China
^b University of Chinese Academy of Sciences, Beijing 100049, China
^c Beijing Polyseq Biotech Co. Ltd., Beijing 100089, China

Received 18 June 2024, Revised 18 September 2024, Accepted 24 September 2024, Available online 25 September 2024, Version of Record 28 September 2024.

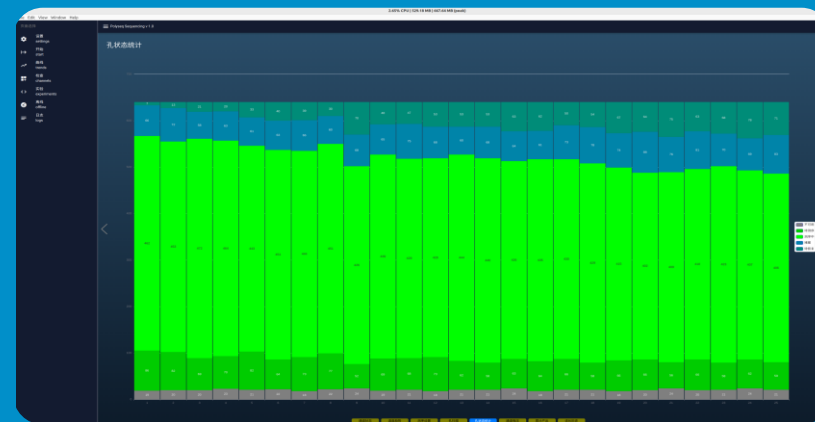
What do these dates mean?

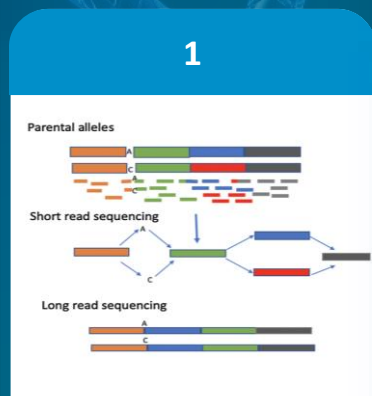
Check for updates

测序仪控制软件

核心操控中枢，统筹原始电流信号采集与预处理，提供稳定的数据接口与运行环境，软件特点包括：

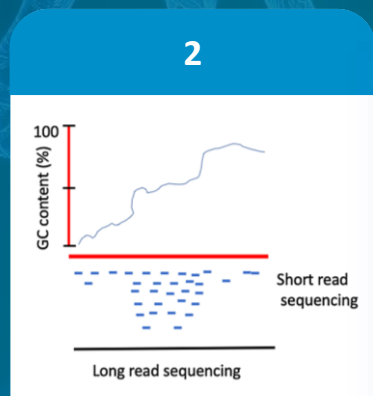
- 1、采用了前后端分离的架构
- 2、兼顾美观、性能和可靠性
- 3、在测序的同时实时解码





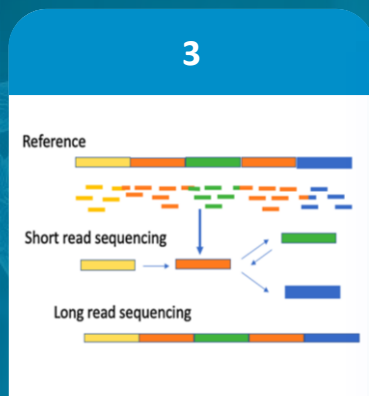
单倍体分型

成超长读长，可高覆盖较大基因变化，成功实现单倍型定相



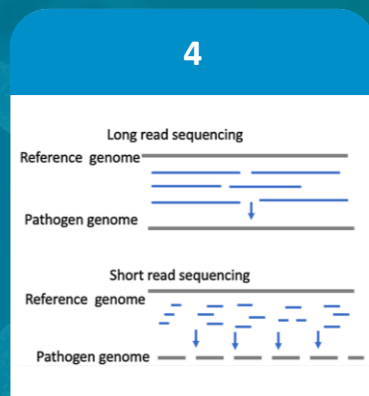
高/低GC含量基因组适用性

无需扩增步骤，对高/低GC含量基因组适用性强，减少偏差



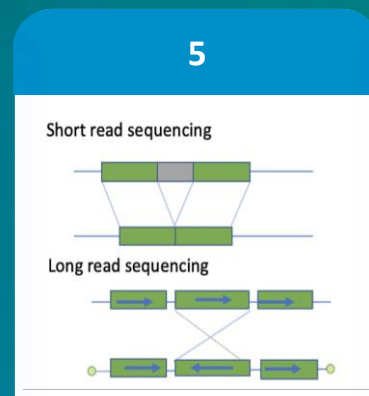
重复序列区域组装

可覆盖重复序列及关联区域，解决位置关系模糊性，实现重复序列区域的连续组装



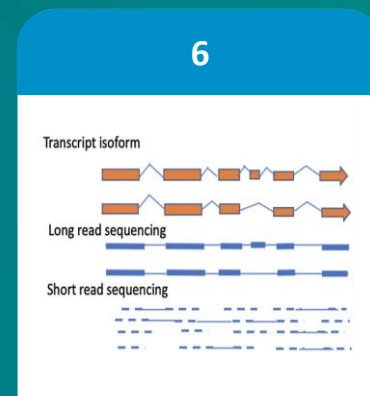
基因组组装完整性

减少序列缺口，实现精确的全基因组图谱绘制和全面的变异识别



遗传变异检测

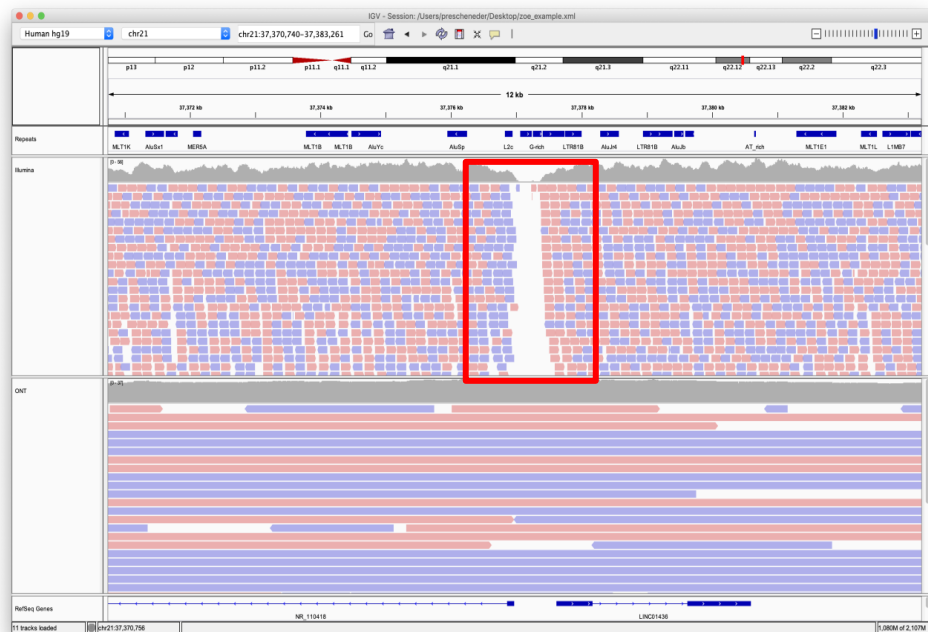
擅长识别病原体基因组或宿主疾病相关基因的结构变异（如大片段插入、缺失、倒位等）



转录本异构体检测

同一基因座的多种转录本异构体，揭示转录本复杂性

纳米孔测序 - 应用 - 基因组端到端组装结果



基因组序列



短读长



短读长共有序列



长读长



长读长共有序列



高质量端到端基因组组装结果

JOURNAL ARTICLE ACCEPTED MANUSCRIPT

Genome assembly of the Antipodean and Gibson's albatrosses (*Diomedea antipodensis antipodensis* and *D. a. gibsoni*) [Get access >](#)

Imogen Foote ✉, Tom Oosting, Kath Walker, Graeme Elliott, Kalinka Rexer-Huber, Graham C Parker, Geoffrey K Chambers, Peter A Ritchie

Journal of Heredity, esaf054, <https://doi.org/10.1093/jhered/esaf054>

Published: 07 August 2025 [Article history](#) ▾

JOURNAL ARTICLE

First whole-genome sequence and assembly of the Ecuadorian brown-headed spider monkey (*Ateles fusciceps fusciceps*), a critically endangered species, using Oxford Nanopore Technologies [Open Access](#)

Gabriela Pozo, Martina Albuja-Quintana, Lizbeth Larraeategui, Bernardo Gutiérrez, Nathalia Fuentes, Felipe Alfonso-Cortés, Maria de Lourdes Torres ✉ [Author Notes](#)

G3 Genes|Genomes|Genetics, Volume 14, Issue 3, March 2024, jkae014,

<https://doi.org/10.1093/g3journal/jkae014>

Published: 19 January 2024 [Article history](#) ▾

JOURNAL ARTICLE FEATURED

A high-quality Oxford Nanopore assembly of the hourglass dolphin (*Lagenorhynchus cruciger*) genome [Open Access](#)

Nick McGrath, Jamie le Roux, Annabel Whibley, Alana Alexander, Ramari Oliphant Stewart, Muriel Johnstone, Karen A Stockin ✉, Olin K Silander ✉ [Author Notes](#)

G3 Genes|Genomes|Genetics, Volume 15, Issue 5, May 2025, jkaf044,

<https://doi.org/10.1093/g3journal/jkaf044>

Published: 28 February 2025 [Article history](#) ▾

bioRxiv

THE PREPRINT SERVER FOR BIOLOGY

HOME | SUBMIT

New Results

[View current version of this article](#)

[Follow this preprint](#)

Complete sequencing of ape genomes

[DongAhn Yoo](#), [Arang Rhie](#), [Prajna Hebbar](#), [Francesca Antonacci](#), [Glennis A. Logsdon](#), [Steven J. Solar](#), [Dmitry Antipov](#), [Brandon D. Pickett](#), [Yana Safonova](#), [Francesco Montinaro](#), [Yanting Luo](#), [Joanna Malukiewicz](#), [Jessica M. Storer](#), [Jiadong Lin](#), [Abigail N. Sequeira](#), [Riley J. Mangan](#), [Glenn Hickey](#), [Graciela Monfort Anez](#), [Parithi Balachandran](#), [Anton Bankevich](#), [Christine R. Beck](#), [Arjun Biddanda](#)

Reference



NGS



纳米孔



纳米孔测序 - 单倍型基因组结果



父本



母本

假染色体

单倍型基因组

单倍型A
单倍型B
单倍型C
单倍型D

nature genetics

Article

<https://doi.org/10.1038/s41588-023-01419-6>

A complete telomere-to-telomere assembly of the maize genome

Received: 6 April 2022

Accepted: 5 May 2023

Published online: 15 June 2023

Check for updates

Jian Chen^{1,6}, Zijian Wang^{1,6}, Kaiwen Tan¹, Wei Huang¹, Junpeng Shi¹, Tong Li¹, Jiang Hu², Kai Wang², Chao Wang², Beibei Xin¹, Haiming Zhao¹, Weibin Song¹, Matthew B. Hufford³, James C. Schnable⁴, Weiwei Jin¹ & Jinsheng Lai^{1,5,6,7}✉

A complete telomere-to-telomere (T2T) finished genome has been the

Plant Biotechnology Journal



Plant Biotechnology Journal (2023), pp. 1–14

doi: 10.1111/pbi.14055

Chromosome-scale genome assembly-assisted identification of *Mi-9* gene in *Solanum arcanum* accession LA2157, conferring heat-stable resistance to *Meloidogyne incognita*

Lijun Jiang^{1,1}, Jian Ling^{1,1}, Jianlong Zhao^{1,1}, Yu Yang^{2,3}, Yuhong Yang¹, Yan Li¹, Yang Jiao¹, Zhenchuan Mao^{1,*}, Yunsheng Wang^{1,*} and Bingyan Xie^{1,*}



ARTICLE

DOI: 10.1038/s41467-018-07271-1

OPEN

A chromosome-scale assembly of the sorghum genome using nanopore sequencing and optical mapping

Stéphane Deschamps¹, Yun Zhang², Victor Llaca¹, Liang Ye¹, Abhijit Sanyal³, Matthew King¹, Gregory May¹ & Haining Lin¹

CellPress
PARTNER JOURNAL

Molecular Plant
Research Article

The *Chrysanthemum nankingense* Genome Provides Insights into the Evolution and Diversification of Chrysanthemum Flowers and Medicinal Traits

Chi Song^{1,9}, Yifei Liu^{2,9}, Aiping Song^{3,9}, Gangqiang Dong^{4,9}, Hongbo Zhao^{5,9}, Wei Sun¹, Shyam Ramakrishnan⁶, Ying Wang¹, Shuaibin Wang³, Tingzhao Li¹, Yan Niu⁷, Jiayu Jiang³, Bin Dong¹, Ye Xia⁷, Sumei Chen¹, Zhigang Hu², Fadi Chen^{1,*} and Shilin Chen^{1,*}

nature communications

Article | Open Access | Published: 28 April 2021

Chromosome-scale assembly and analysis of biomass crop *Miscanthus lutarioriparius* genome

Jiashun Miao, Qi Feng, Yan Li, Qiang Zhao, Congcong Zhou, Hengyun Lu, Danlin Fan, Juan Yan, Yiqi Lu, Qilin Tian, Wenjun Li, Qijun Weng, Lei Zhang, Yan Zhao, Tao Huang, Laigeng Li, Xuehui Huang, Tao Sang & Bin Han

Nature Communications 12, Article number: 2458 (2021) | Cite this article

RESEARCH ARTICLE SUMMARY

PLANT SCIENCE

The genetic and epigenetic landscape of the *Arabidopsis* centromeres

Matthew Naish¹, Michael Alonge¹, Piotr Wlodzimierz¹, Andrew J. Tock, Bradley W. Abramson, Anna Schmäcker, Terezie Mandáková, Bhagyshree Jamge, Christophe Lambing, Pallas Kuo, Natasha Yelina, Nolan Hartwick, Kelly Colt, Lisa M. Smith, Jurriaan Ton, Tetsuji Kakutani, Robert A. Martienssen, Korbinian Schneeberger, Martin A. Lysak, Frédéric Berger, Alexandros Bousios, Todd P. Michael, Michael C. Schatz¹, Ian R. Henderson¹



ARTICLE

DOI: 10.1038/s41467-018-03016-2

OPEN

High contiguity *Arabidopsis thaliana* genome assembly with a single nanopore flow cell

Todd P. Michael¹, Florian Jupe^{2,6}, Felix Bemm³, S. Timothy Motley¹, Justin P. Sandoval², Christa Lanz², Olivier Loudet⁴, Detlef Weigel³ & Joseph R. Ecker^{2,5}

nature communications

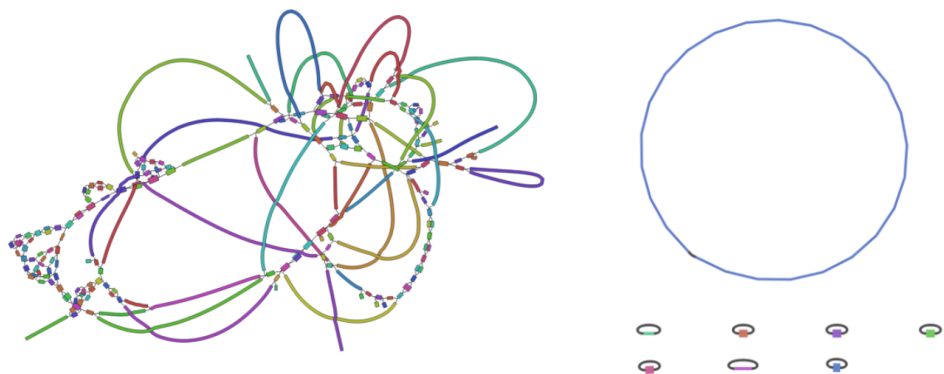
Article | Open Access | Published: 28 April 2021

Chromosome-scale assembly and analysis of biomass crop *Miscanthus lutarioriparius* genome

Jiashun Miao, Qi Feng, Yan Li, Qiang Zhao, Congcong Zhou, Hengyun Lu, Danlin Fan, Juan Yan, Yiqi Lu, Qilin Tian, Wenjun Li, Qijun Weng, Lei Zhang, Yan Zhao, Tao Huang, Laigeng Li, Xuehui Huang, Tao Sang & Bin Han

Nature Communications 12, Article number: 2458 (2021) | Cite this article

病原——细菌/真菌全基因组测序 (WGS)



使用bandage对短读长（左）以及普译测序平台（右）组装结果进行可视化评估，普译测序平台可以得到完整闭环的细菌基因组以及质粒基因组

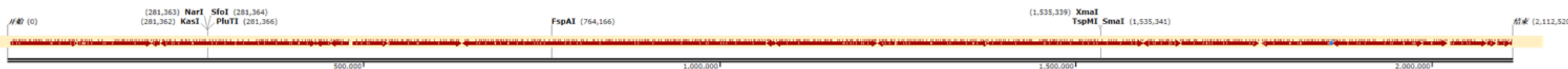
全基因组测序能够有效地收集到菌株的完整信息，尤其是能够得到完整闭环基因组的前提下，可以准确的获取到物种分类信息、耐药基因（AMR）、毒力元件、血清型、质粒以及其他可移动元件等。微生物基因组可以使用短读长测序数据组装，但这些组装的基因组连续性受到重复序列等复杂结构的限制。正确定位重复序列在基因组中的位置对于理解基因组结构对基因功能的影响至关重要。



使用普译测序数据进行基因组组装可以获取完整闭环微生物基因组和全部基因组信息。

	菌1	菌2	菌3	菌4
基因组大小	7222782	4546357	2961365	1967696
Contig数	5	4	1	1
染色体大小	6323905	4532118	2961365	1967696
成环染色体数	1	1	1	1
成环质粒数	4	2	0	0
BUSCO完整性	C:99.1%	C:99.1%	C:99.6%	C:99.2%

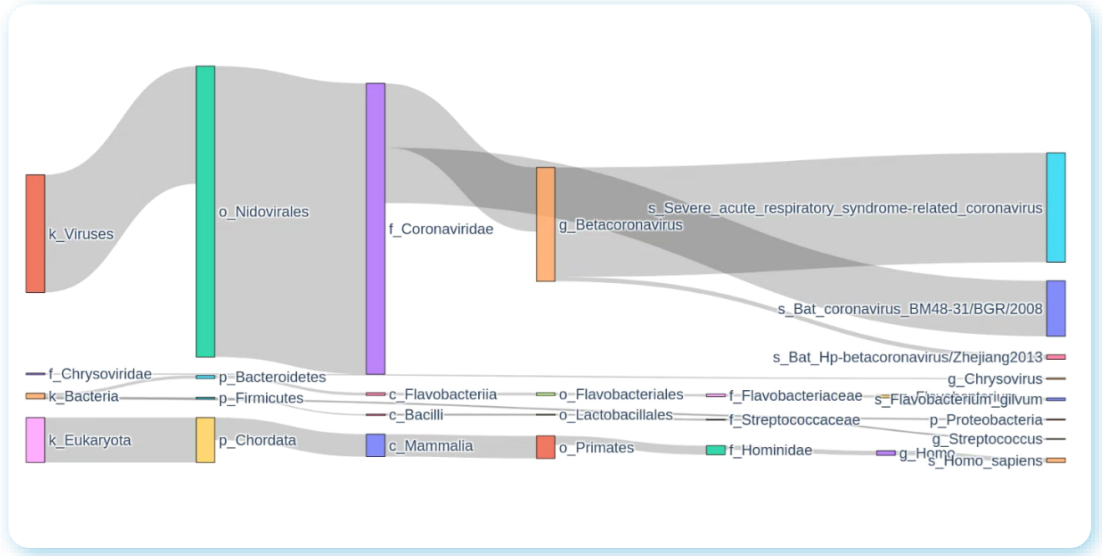
PolyseqOne测序contig与NGS测序contig比较



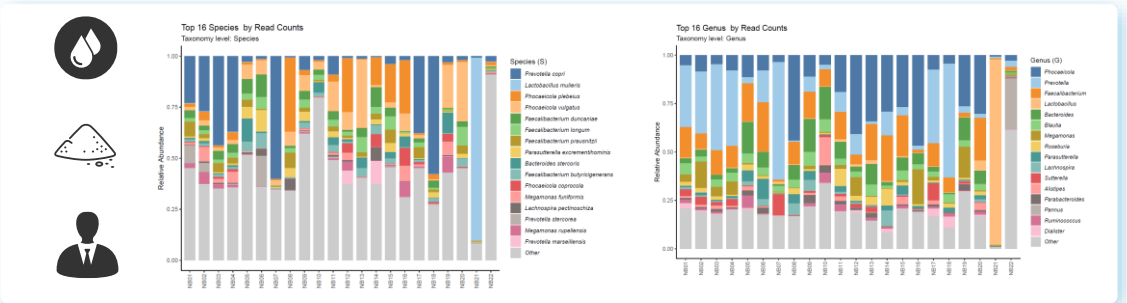
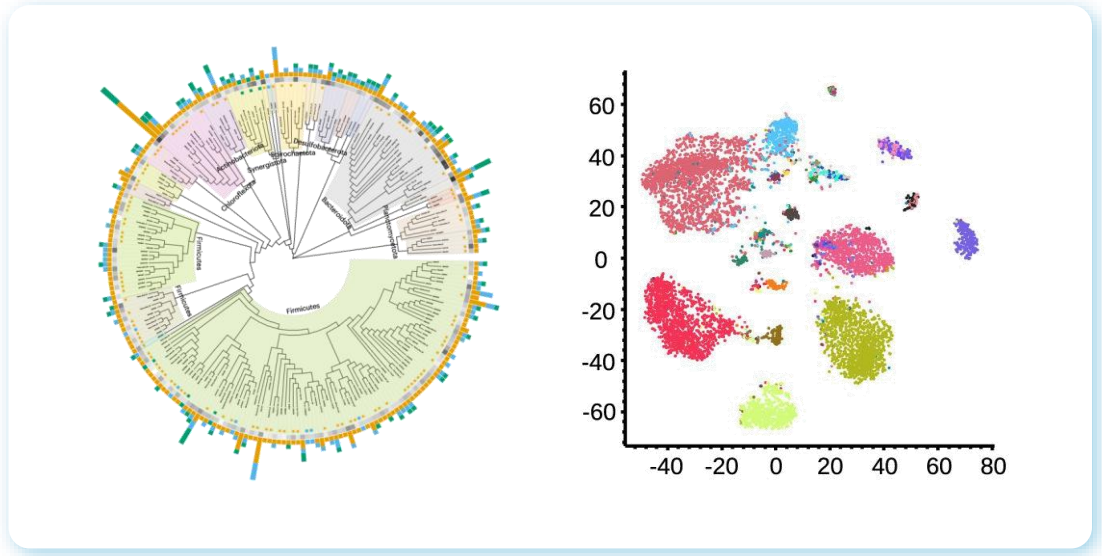
病原——宏基因组测序

宏基因组可用于解析微生物的群落结构、物种组成、系统进化、基因功能和代谢网络等，其分析的微生物群落中包括不可培养微生物，从而可以检测同一份样本内已知和未知的病毒、真菌和细菌，目前被广泛应用于环境监测、疾病诊断、药物开发等众多领域。

传统方法是基于短读长的测序平台，基因组复杂区域无法跨越，最终导致宏基因组组装结果碎片化。



使用普译测序平台可以获得不受读长限制的测序数据，从而得到高质量的宏基因组组装结果（MAGs），大大提高了宏基因组分析能力，洞悉前所未见的微生物群落信息。



LDT: 病原tNGS (多病原/分型/耐药panel) 流程

核酸提取与扩增

核酸提取试剂盒 (磁珠法)
全基因组捕获试剂 (多重PCR法)
全基因组捕获试剂 (探针捕获法)
多重耐药扩增试剂
多重病原体检测panel。。。



肺泡, 痰液, 拭子
全血, 血浆
脑脊液
组织

提取扩增
1.5-4h

建库



扩增法加barcode约1.5h
连接法加barcode约1.5h

建库
2.5-4h

纳米孔测序

PY-NFC001, PolyseqCell测
序芯片
数据产出500Mb-3Gb/h



测序分析
1-3h

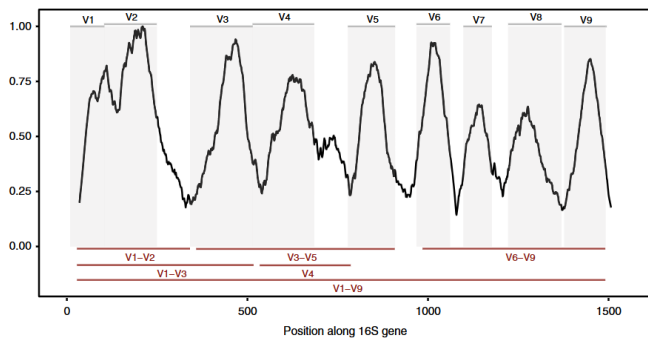
分型、耐药、谱系分析

致病病毒全基因组分析系统
致病菌全基因组分析系统
广谱病原微生物及耐药分析系统
新冠全基因组分析软件系统
艾滋病病毒全基因组及耐药分析系统
定制化生信分析平台

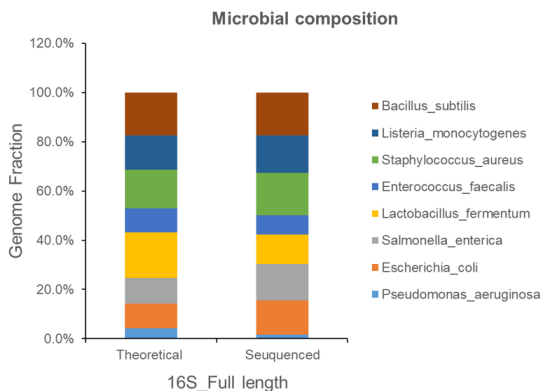
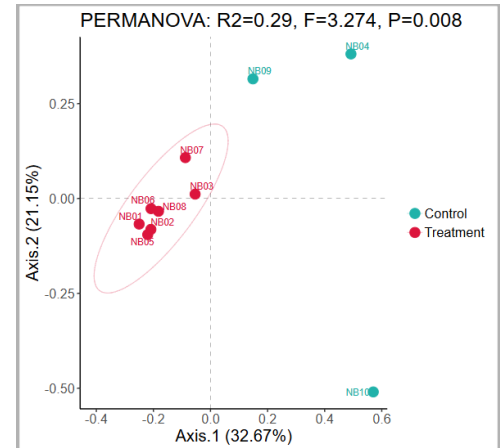
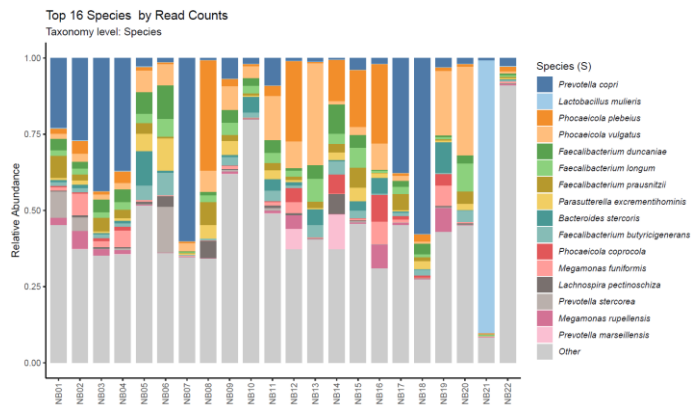


解读报告
0.5h

病原——全长16s扩增子测序

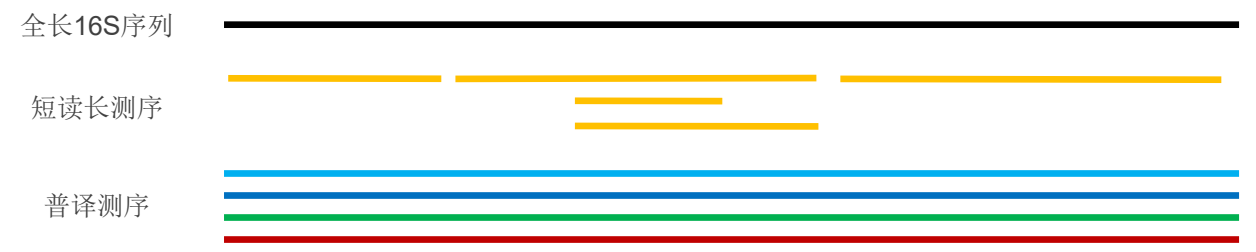


每个已知物种的唯一代表性序列
在16S全长序列中的分布

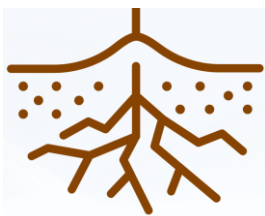


使用普译测序对ZymoStandard标准品进行16s扩增子测序
结果显示高度一致性

使用普译测序平台，将能够得到高质量的全长16S数据，并最终得到可靠的高达种水平分类图谱。



纳米孔测序 - 植物应用 - 微生物



根际微生物



叶际微生物



SPRINGER NATURE Link

Find a journal Publish with us Track your research Search

Home > BMC Genomics > Article

A portable, nanopore-based genotyping platform for near real-time detection of *Puccinia graminis* f. sp. *tritici* lineages and fungicide sensitivity

Research | Open access | Published: 01 April 2025
Volume 26, article number 327, (2025) Cite this article

bioRxiv

THE PREPRINT SERVER FOR BIOLOGY

HOME | SUBI

New Results

Follow this preprint

Genome Enrichment of Rare, Unknown Species from Complicated Microbiome by Nanopore Selective Sequencing

Yuhong Sun, Xiang Li, Qing Yang, Bixi Zhao, Ziqi Wu, Yu Xia
doi: <https://doi.org/10.1101/2022.02.13.480078>

Now published in *Genome Research* doi: [10.1101/gr.277266.122](https://doi.org/10.1101/gr.277266.122)



Data in Brief
Volume 28, February 2020, 105094



Data Article

Metagenome dataset of wheat rhizosphere from Ghazipur region of Eastern Uttar Pradesh

Ruchi Srivastava^{a,b}, Alok K. Srivastava^a, Promod W. Ramteke^b, Vijai K. Gupta^c, Anchal K. Srivastava^a



New Phytologist

Letter | Open Access | CC BY

Adaptive sampling with Oxford Nanopore offers a simple way to improve the efficiency of plant metagenomic studies

Joost Theo Petra Verhoeven, Aditya Sanjay Malwe, Nathan Roussel, Ida Broman Nielsen, Sarah S. T. Mak, Tue Kjærgaard Nielsen, Christopher James Barnes

First published: 05 August 2025 | <https://doi.org/10.1111/nph.70450>

SECTIONS

PDF TOOLS SHARE

frontiers | Frontiers in Microbiology

ORIGINAL RESEARCH
published: 29 April 2022
doi: [10.3389/fmicb.2022.868383](https://doi.org/10.3389/fmicb.2022.868383)



Metagenomic-Metabolomic Mining of *Kinema*, a Naturally Fermented Soybean Food of the Eastern Himalayas

Pynhunlang Kharnaor and Jyoti Prakash Tamang*

Department of Microbiology, School of Life Sciences, Sikkim University, Gangtok, India

HOME | SUB

bioRxiv
THE PREPRINT SERVER FOR BIOLOGY

New Results

View current version of this article

Follow this preprint

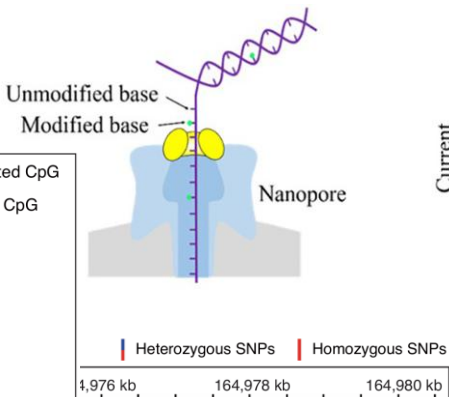
Surfactin stimulated by pectin molecular patterns and root exudates acts as a key driver of *Bacillus*-plant mutualistic interaction

Grégory Hoff, Anthony Arguelles-Arias, Farah Boubsi, Jelena Prsic, Thibault Meyer, Heba M. M. Ibrahim, Sebastien Steels, Patricio Luzuriaga, Aurélien Legras, Laurent Franzl, Michelle Lequart, Catherine Rayon, Victoria Osorio, Edwin de Pauw, Yannick Lara, Estelle Deboever, Barbara de Coninck, Philippe Jacques, Magali Deleu, Emmanuel Petit, Olivier Van Wuytswinkel, Marc Ongena

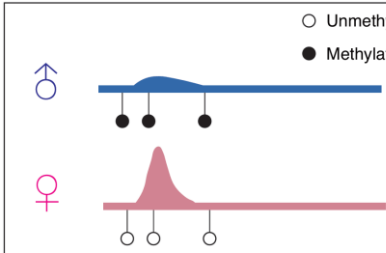
doi: <https://doi.org/10.1101/2021.02.22.432335>

Now published in *mBio* doi: [10.1128/mBio.01774-21](https://doi.org/10.1128/mBio.01774-21)

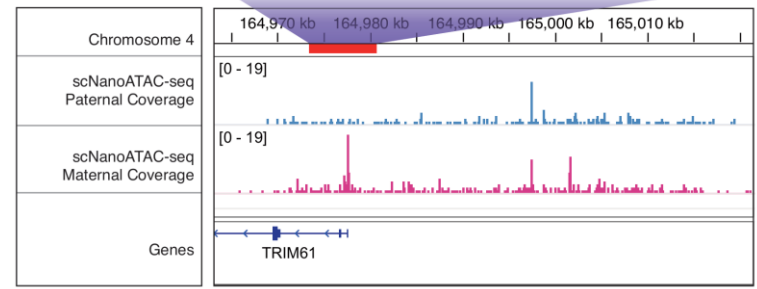
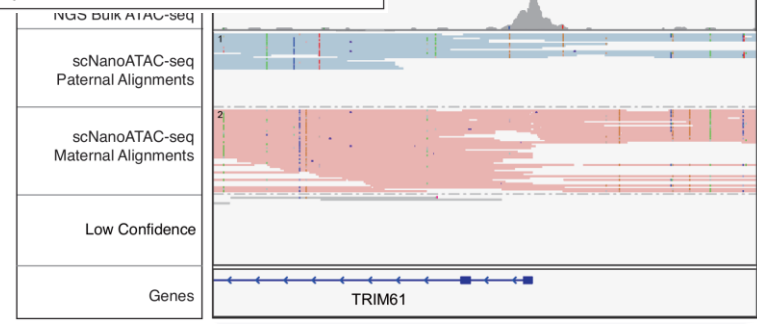
Load to the flow cell and sequencing



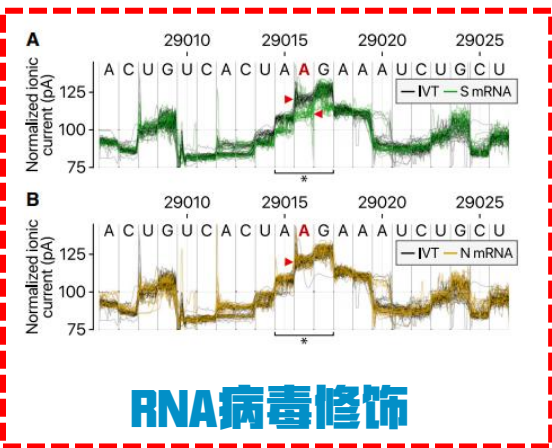
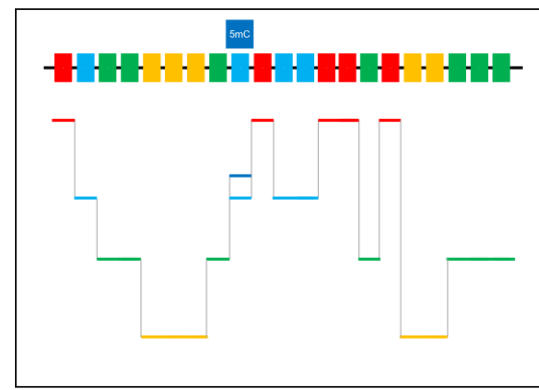
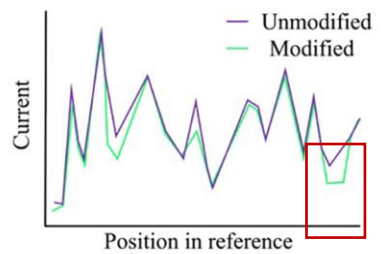
○ Unmethylated CpG
● Methylated CpG



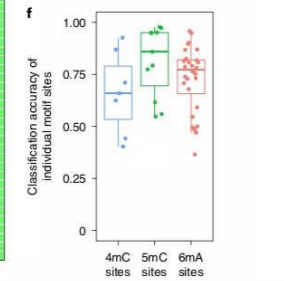
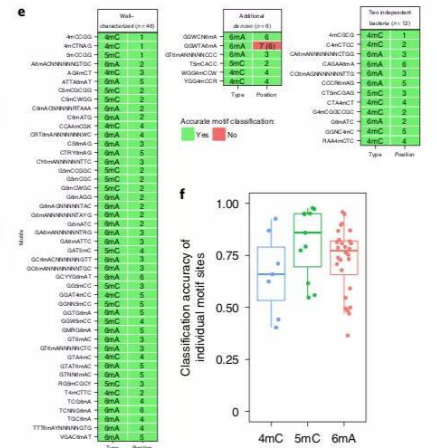
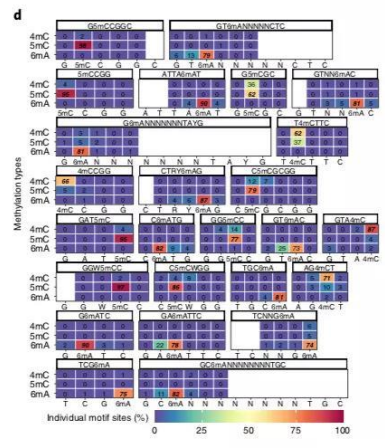
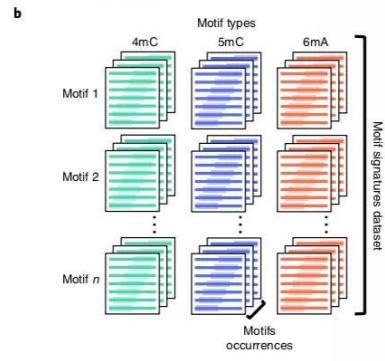
Imprinted DMR at TRIM61



印记基因



RNA病毒修饰



微生物基因组甲基化研究

纳米孔测序应用-HLA测序

Contents lists available at ScienceDirect




AMERICAN SOCIETY FOR HISTOCOMPATIBILITY & IMMUNOGENETICS

journal homepage: www.elsevier.com/locate/humimm

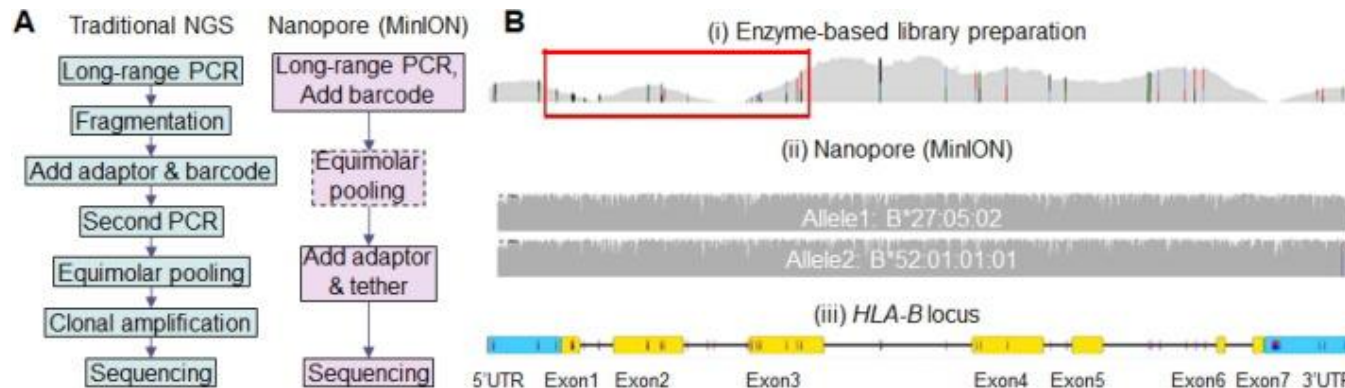


Review

A long road/read to rapid high-resolution HLA typing: The nanopore perspective

Chang Liu

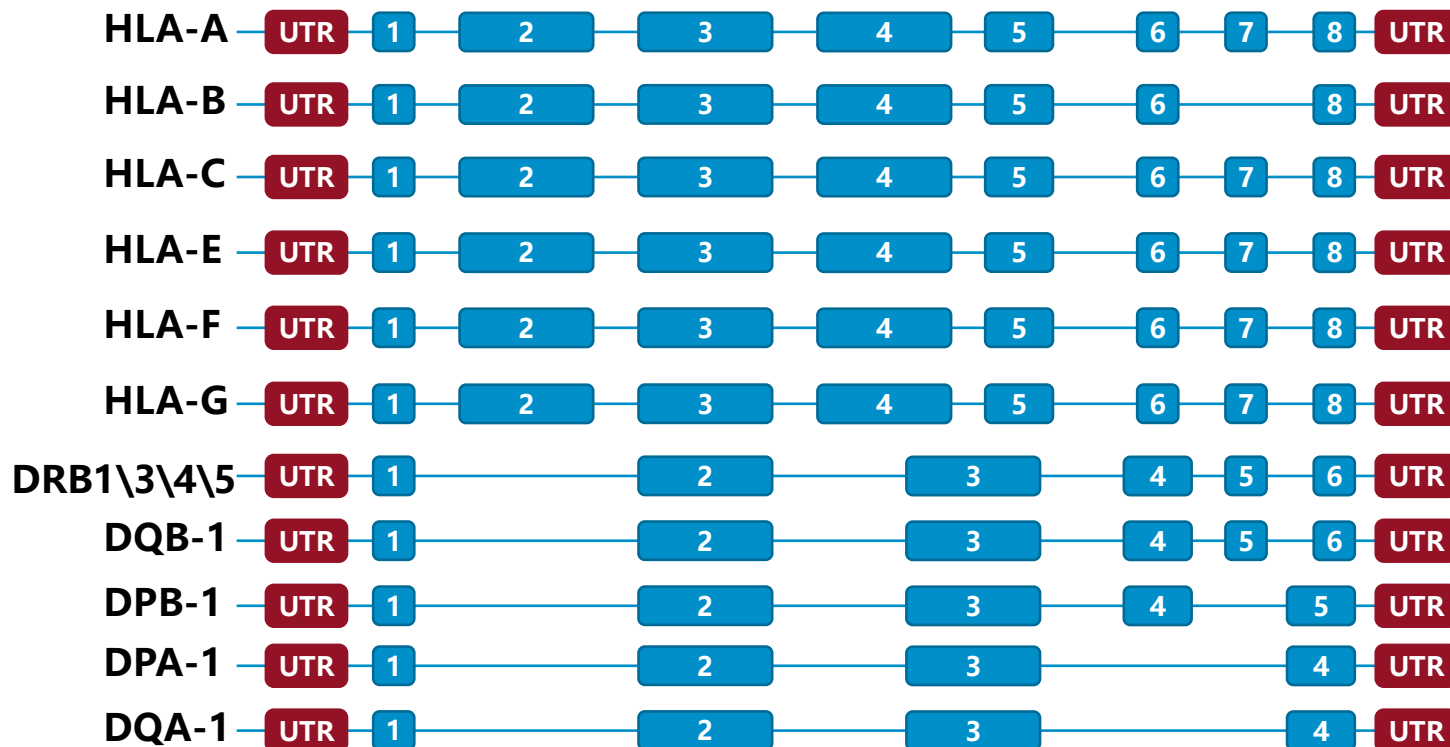
Division of Laboratory and Genomic Medicine, Department of Pathology and Immunology, Washington University in St. Louis School of Medicine, St. Louis, MO 63105, United States



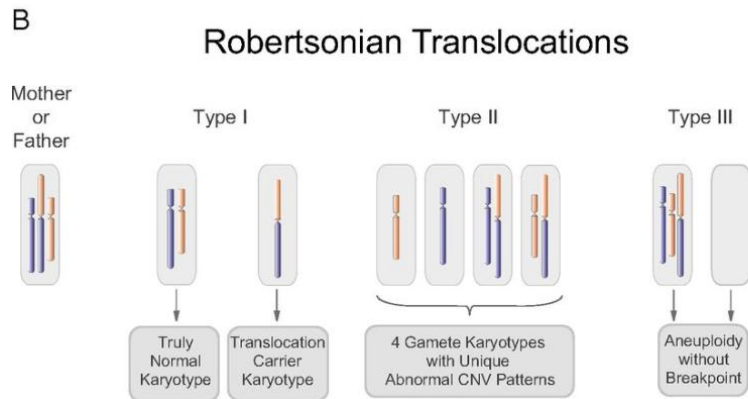
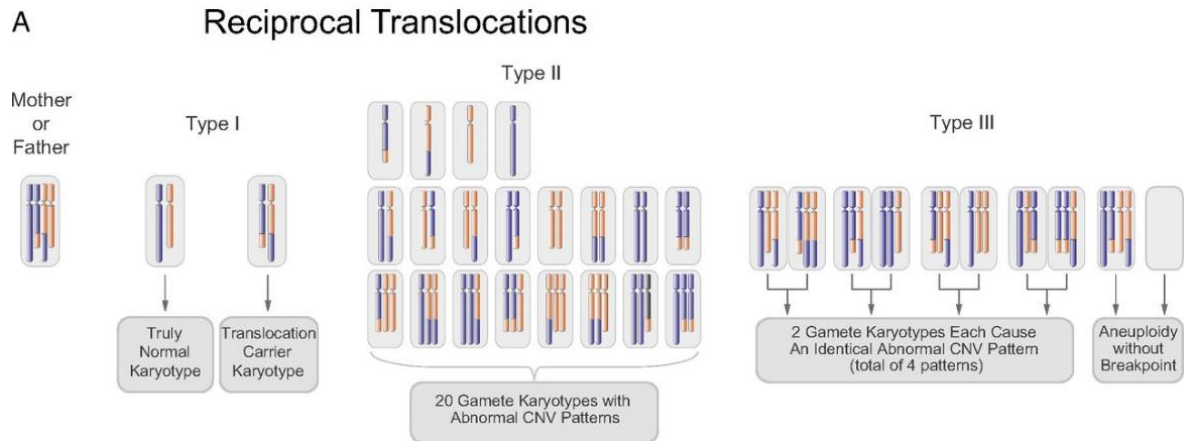
质量控制

1. Call SNP
2. 聚类
3. 单倍型组装

CDS
序列
比对
数据库



纳米孔测序 - 生殖应用 - 大型结构变异\遗传病



PGT-SR需要检测的



Human Reproduction Open, 2025, 2025(4), hoaf069
https://doi.org/10.1093/hropen/hoaf069
Advance Access Publication Date: October 30, 2025
Original article



ORIGINAL RESEARCH
Published: 15 January 2022
doi: 10.3389/fgene.2021.810500



Rapid and minimally invasive preimplantation genetic testing for aneuploidies (PGT-A) based on polar body and nanopore sequencing: a viable alternative to conventional trophoctoderm-based PGT-A?

Di Song^{1†}, Tsoli Ding^{2,3†}, Tuan Li², Peng Zhang², Yangyun Zou², Yuanbo Hu¹, Hong Ye¹, Yajun Xu¹, Shengnan Wang¹, Yanping Zhou¹, Sijia Lu¹, and Hongli Yan^{1*}

¹Reproductive Medicine Center, The First Affiliated Hospital of Nanyang Medical University, Shaoghai, China
²Co-Innovation Center, Yixun Genomics Co., Ltd., Suzhou, China
³Correspondence address: Reproductive Medicine Center, Changhai Hospital, The First Affiliated Hospital of Nanyang Medical University, No. 168, Changhai Road, Yangpu District, Shaoghai 200433, China. E-mail: hongliyan@nsmu.edu.cn <https://orcid.org/0000-0001-6366-0370>

Identifying Balanced Chromosomal Translocations in Human Embryos by Oxford Nanopore Sequencing and Breakpoints Region Analysis

Zhenjie Pei¹, Ke Deng¹, Caixia Lei¹, Danfeng Du¹, Guoliang Yu², Xiaoxi Sun¹, Conglian Xu^{1*} and Shuo Zhang^{1*}

¹Shanghai Ji-Ai Genetics and IVF Institute, Shanghai Key Laboratory of Female Reproductive Endocrine Related Diseases, Obstetrics and Gynecology Hospital of Fudan University, Shanghai, China; ²Chigene Biotech Translational Medical Research Center Co., Ltd., Beijing, China

SPRINGER NATURE Link

Find a journal Publish with us Track your research Search

Home > Reproductive Sciences > Article

Analysis of Preimplantation and Clinical Outcomes of Two Cases by Oxford Nanopore Sequencing

Genetics: Original Article | Published: 12 February 2024
Volume 31, pages 2123–2134, (2024) [Cite this article](#)

medRxiv
THE PREPRINT SERVER FOR HEALTH SCIENCES

H

Follow this preprint

Enriching for Answers in Rare Diseases

Yilei Fu, Adam C. English, Luis F. Paulin, Shalini N. Jhangiani, George Weissenberger, Vanessa Vee, Yi Han, Heer H. Mehta, Donna M. Muzny, Richard A. Gibbs, Jennifer E. Posey, Daniel G. Calame, Fritz J. Sedlitzek
doi: <https://doi.org/10.1101/2025.10.21.25338483>

This article is a preprint and has not been peer-reviewed [what does this mean?]. It reports new medical research that has yet to be evaluated and so should not be used to guide clinical practice.



耳聋



脆骨症



虹膜发育不全

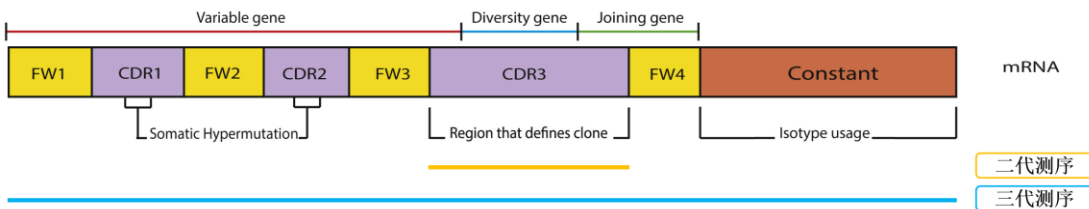


舞蹈症

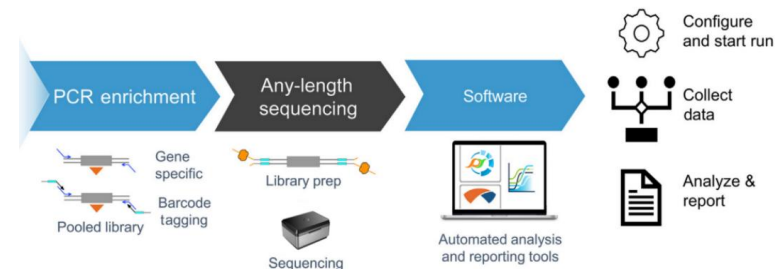
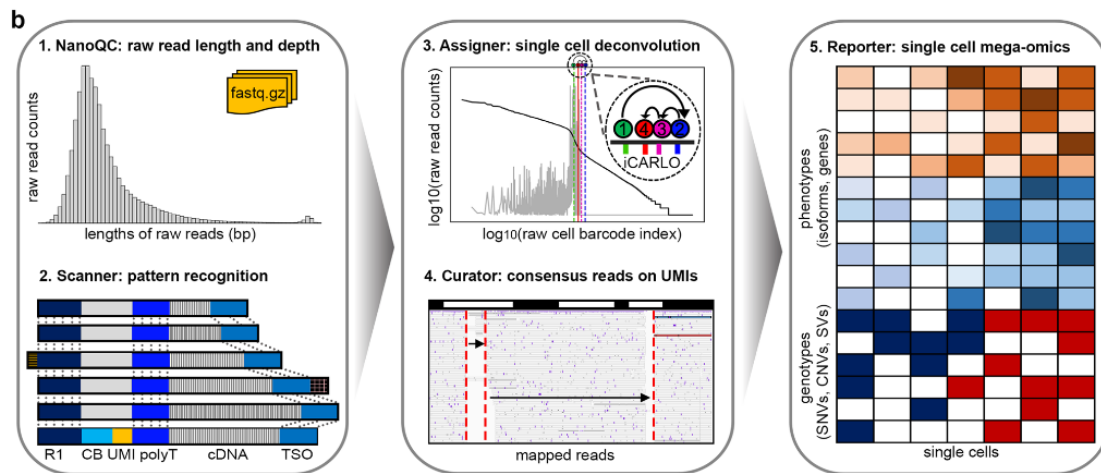
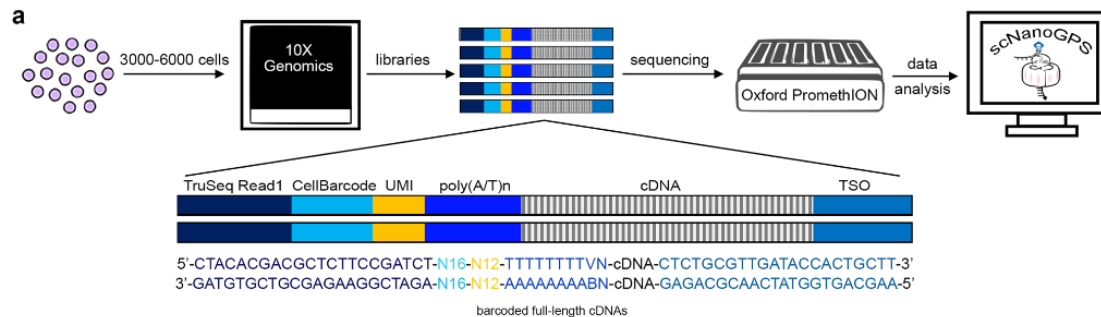
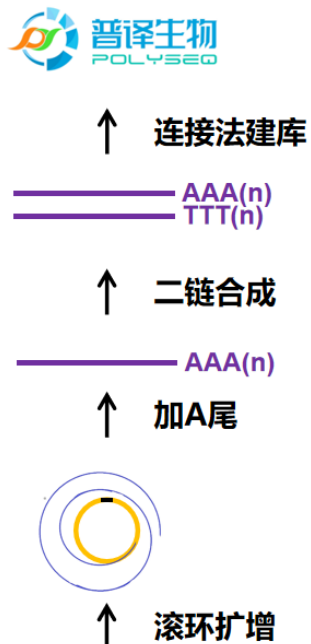
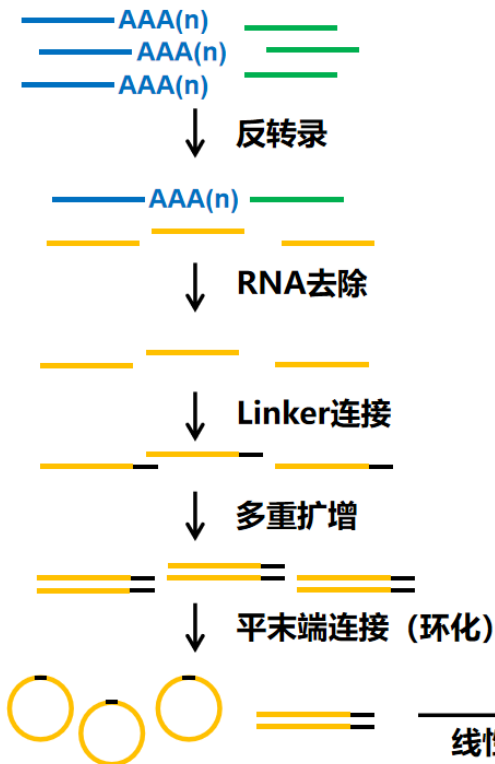


面肩胛

纳米孔测序 - 潜在应用 - BCR\TCR



Total RNA

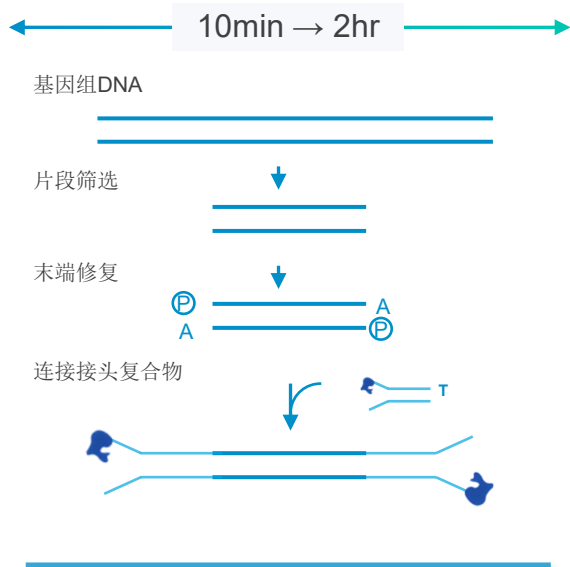


纳米孔测序仪工作流程

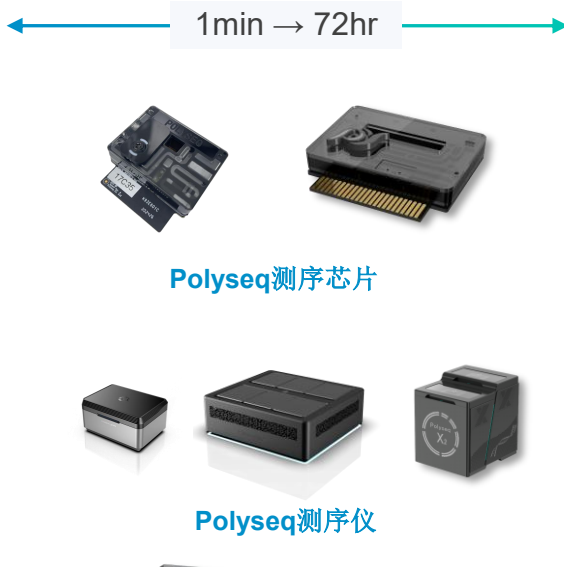


- 血液
- 唾液
- 组织
- 粪便
- 微生物菌体
- 动物组织
- 植物组织

推荐使用
(Qiagen, Circulomics)
提取试剂



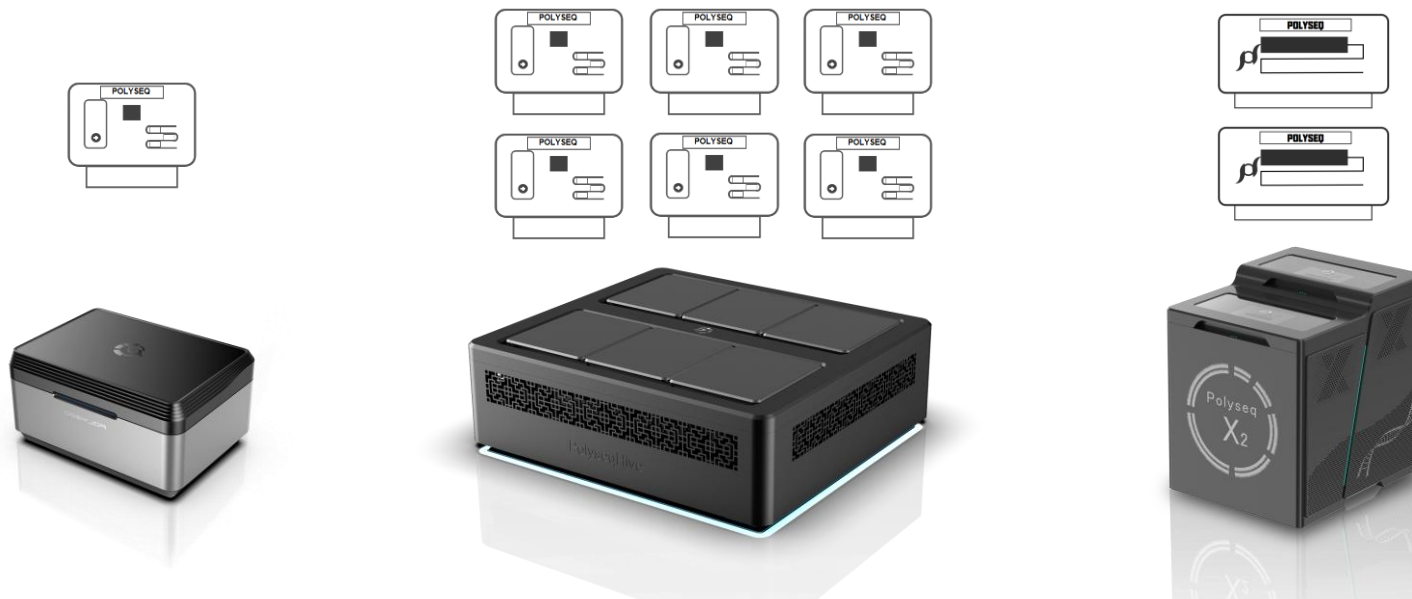
不同系列建库试剂盒



Fastq
Fasta
Bam
等多种文件

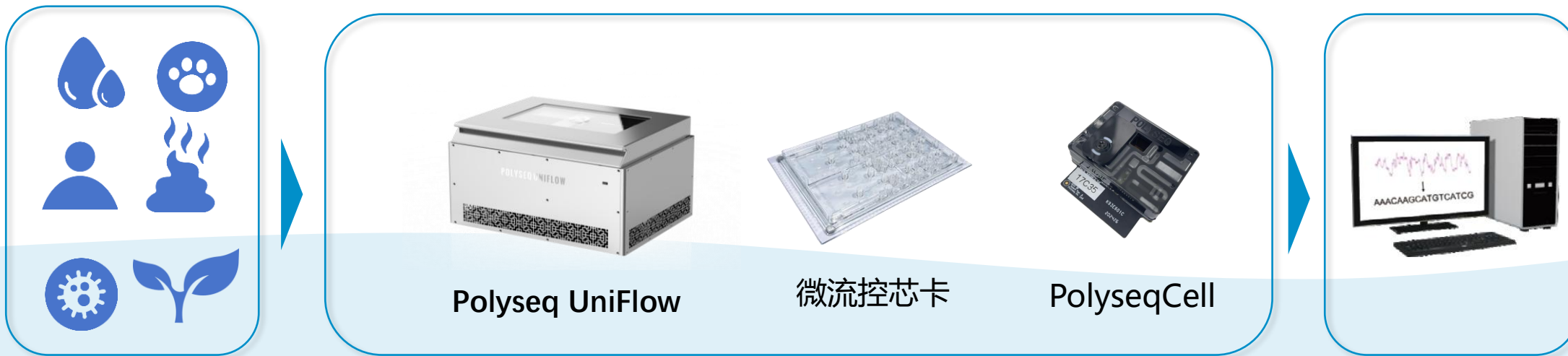
- 长读长对比工具
- 基因突变分析工具
- 病原分析工具
-

普译生物测序仪



	Polyseq One	Polyseq Hive	Polyseq X2
测序通道数	1	6	2
芯片纳米孔数	2560	2560	15000
数据产出	60 Gb	360 Gb (单张60 Gb)	800 Gb (单张400 Gb)
准确率	> 99% (Q20+)	> 99% (Q20+)	> 99% (Q20+)
测序读长	80 bp - Mb	80 bp - Mb	80 bp - Mb
测序时间	1 分钟 - 72 小时	1 分钟 - 72 小时	1 分钟 - 72 小时
测序速度	420 nt/s (单孔)	420 nt/s (单孔)	420 nt/s (单孔)

Polyseq UniFlow自动化建库测序一体机



高效一体化

- 样本适配灵活：支持1-4个样本同步处理，满足小批量检测需求
- 操作效率突出：建库流程快速，实现“样本进、数据出”全流程自动化，无需人工干预关键步骤
- 体系精准微量：采用nL级超微反应体系，检测精度高，减少试剂损耗



便捷易上手

- 人员要求低：无需专业技术人员，新手可快速上手
- 环境适配性强：对使用环境要求低，无需复杂配套设施
- 设备便携性优：体积小巧，便于移动部署



安全无污染

- 全封闭设计：采用一次性芯卡，预置所需试剂，全流程在芯卡内通过微液滴反应完成，无交叉污染风险
- 操作省心安全：实验间隔无需清洗、消毒，可不间断连续运行，降低操作风险
- 生物安全等级高：符合P3级生物安全标准，适用于高风险样本检测

普译生物测序仪 - 通量性能双提升

Polyseq 2025

全新的ASIC芯片设计与测序化学体系

- 更大的传感区域面积，多达15000个传感单元，更高的数据通量
- 全新的C2.0高精度测序化学体系，原始测序质量突破Q20
- 多种降噪技术，更低的检测噪声，更高的采集精度
- 集成模数转换器，全数字信号输出，提升整体抗干扰能力



PolyseqXCell测序芯片 C2.0高精度测序化学体系

公众号·普译生物

Polyseq 2025

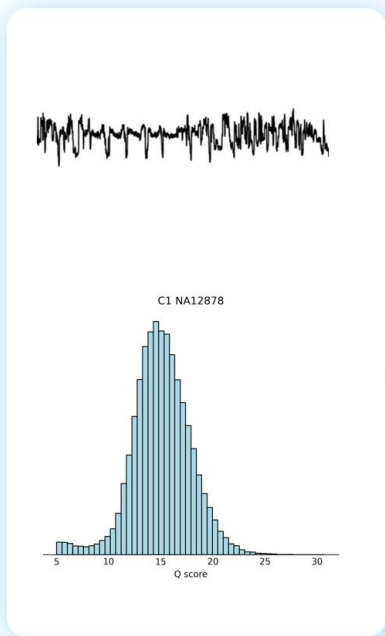
彩蛋



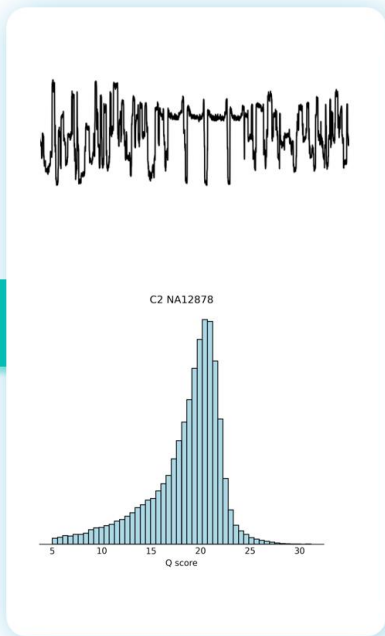
PolyseqX2 1000纳米孔低成本芯片 15000纳米孔高通量芯片

公众号·普译生物

C1.0测序化学体系



C2.0测序化学体系



普译生物 PolyseqX2 高通量纳米孔测序仪新品发布会

芯生代 译未来



设备名称	位置	芯片名称	样品名称	芯片数量/批次	测序数据量	运行时间	运行状态	测序开始	结束	测序开始时间	结束时间	
00000104	0	21440710	467	0	9346	20m 15s	运行中	01:23:36	00	2023-07-06 11:16:16	2023-07-06 11:44:37	
00000105	0	21440710	467	0	3627	20m 47s	运行中	00:34:41	20:36:16	00	2023-07-06 11:16:40	2023-07-06 11:44:37

公众号·普译生物

2560个纳米孔，单芯片设计通量60GB

测序速度 ≥ 400 nt/s，测序时间1min-72h+

支持芯片多次清洗重复利用，测序成本低

适配PolyseqOne和Hive



PolyseqCell

15000个纳米孔，单芯片设计通量400GB

1/30 高灵敏度

革命性底物富集技术，实现pg级超低起始量
通量不减，上样量锐减至原体系 1/30

MB级别超长读长，支持5mC甲基化检测

解码升级，单次测序，多组学数据
文库无化学损伤，长读长覆盖复杂区域

适配PolyseqX2



PolyseqXCell



**静置过夜16h，芯片孔数不衰减，
8次测试，孔保留率101%**

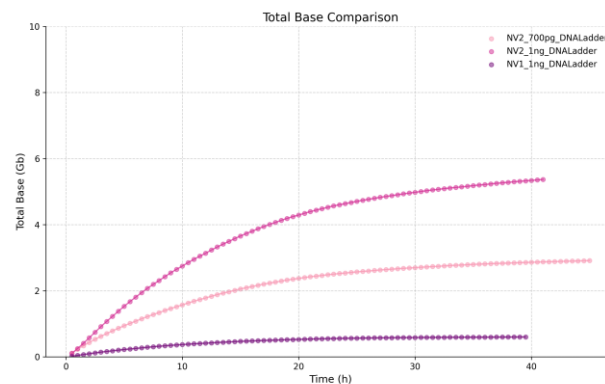
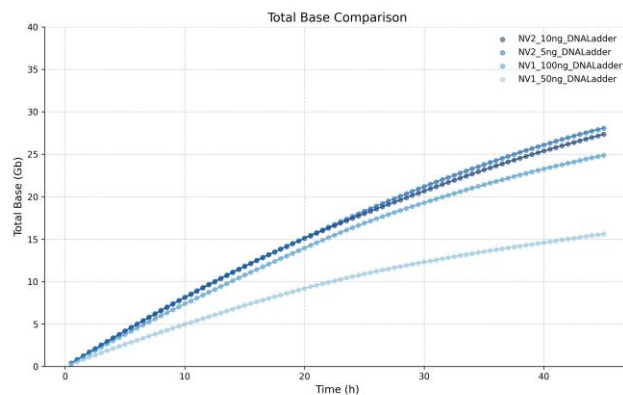
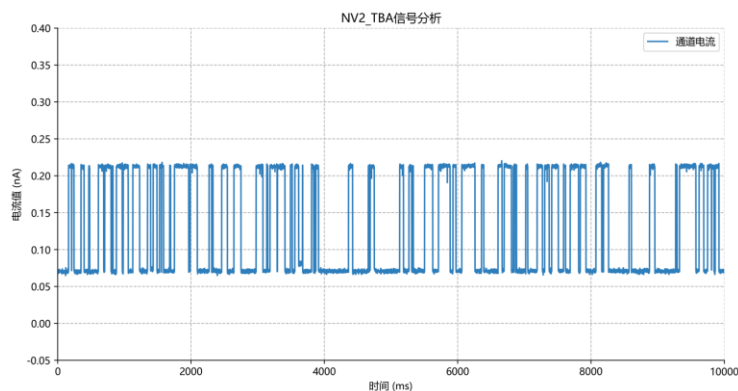
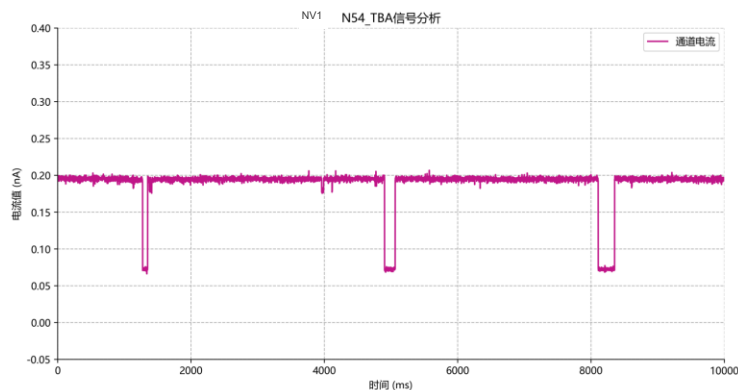
连续清洗次数	起始孔数	2h测序后孔数	测序后~16h室温放置后孔数	芯片清洗后孔数	静置衰减比	清洗后衰减比
1	1335	1278	1211	1165	95%	96%
2	1177	1047	1074	1079	103%	100%
3	1088	1048	1054	1031	101%	98%
4	1054	1004	1016	1025	101%	101%



清洗后，8次测试，孔保留率99%。

连续清洗次数	起始孔数	2h测序后孔数	测序后~16h室温放置后孔数	芯片清洗后孔数	静置衰减比	清洗后衰减比
1	1456	1424	1452	1446	102%	100%
2	1460	1318	1362	1381	103%	101%
3	1388	1331	1325	1318	100%	99%
4	1328	1265	1297	1281	103%	99%

C1.0高灵敏化学体系——pg级超低起始量



- **小个体植物单倍体基因组**
- **低样本量病原宏基因组**
- **低样本量cfDNA测序**
- **单细胞测序 (甲基化)**
- **根际叶际宏基因组**
- **.....**

保持相同测序数据产出，核
酸上样量锐减至原体系 1/30

配套建库测序试剂盒



常规建库试剂盒



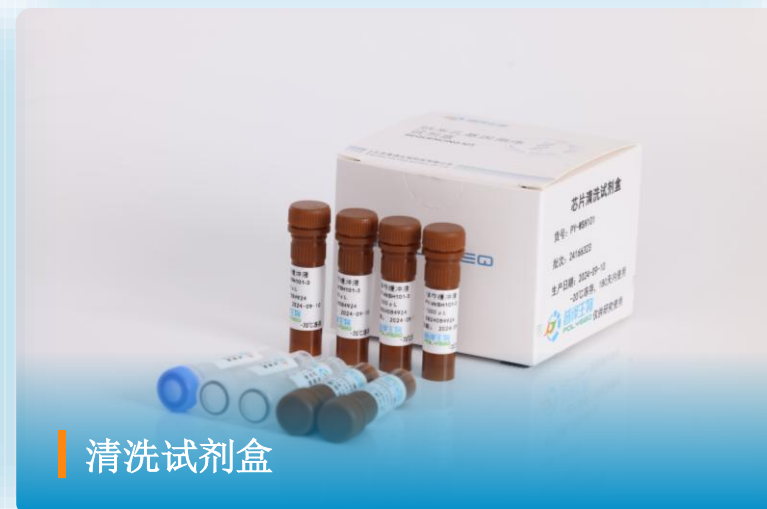
连接法条码试剂盒



快速建库试剂盒



转座酶法条码试剂盒



清洗试剂盒

支持不同系列建库流程和多样本条码测序



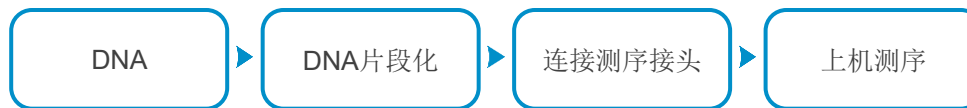
2hr

常规建库测序流程

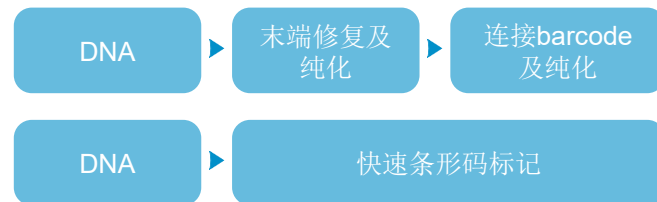


10min

快速建库测序流程

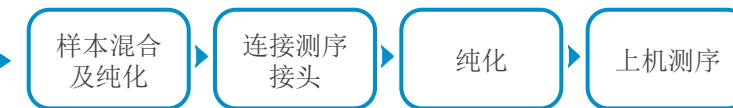


连接酶法条码试剂盒



连接酶法条码建库测序流程

2.5hr



条码 (Barcode) 建库试剂盒

转座酶法条码试剂盒

转座酶法条码建库测序流程

1.5hr

以“基础工具 + 应用流程”为核心架构，内置 50 + 重要分析流程及配套工具。支持用户按需选择流程，高效完成核心处理环节，简化复杂分析、提升研究深度与广度。

平台核心组成

1. 基础数据处理工具 精准高效的核心支撑

- QC 工具：检测筛选合格数据，把控数据源头质量
- mini map2：快速精准完成序列比对，提升核心环节效率
- Flye：专攻三代数据组装，保障长读长数据处理效果
- NanoSV：精准检测长数据结构变异，筑牢后续分析基础

2. 应用分析流程 场景化的专项解决方案

- 人类变异检测、新冠病毒分型
- 法医 STR 分析、质粒组装
- 宏基因组分析等个性化应用



平台核心特点

1. 高度适配 协同高效

深度适配公司测序仪，优化接口与参数设置。

2. 工具完备 层层保障

覆盖质控、比对、组装、变异检测、物种分类全流程。

3. 场景聚焦 精准适配

预设流程参数，一键式操作降低使用门槛，简化复杂分析流程。

4. 多元覆盖 灵活拓展

适配科研、临床等多元场景需求，支持新增工具或优化现有流程。



无限制读长

既可进行短读长测序，也可最长得到序列读长>Mb，在解析基因组复杂结构变异、重复序列和单倍型等方面表现出色。



经济高效

相对于传统测序，设备及试剂耗材价格亲民；开机成本低无需凑样，周转周期短；易与常规筛查和诊断流程整合，应用潜力更大。



直接测序

可直接对目标核酸进行检测，无需PCR扩增，避免引入碱基错配；且可以检测甲基化修饰，为表观遗传学研究奠定基础。



现场测序

设备便携、无需校准、操作简便、无需专人维护，非常适合走出实验室在极端条件和实验条件受限的地区进行实时测序。



测序快速

测序速度>400 nt/s，结合快速建库测序流程，10 min 快速建库，1 min 获得碱基序列；无需凑样，极大缩短测序时间。



自主知识产权

全流程国产化，普译生物拥有纳米孔蛋白、硅基芯片、测序仪、分析软件、解码算法、配套试剂耗材，全部核心专利。



通量灵活

实时测序，随时停止，可根据应用灵活调整序列长度、测序时间、测序通量，如单独控制不同Barcode的序列数据量。



数据安全

普译测序芯片质控、测序全流程检测无需联网，设备更新及运行维护可本地进行，可支持设备全程离线使用。



普译生物科技有限公司

THANKS FOR LISTENING!

WELCOME TO ASK QUESTIONS

