

## Nanopore 测序说明

三代测序业务部

2022/11/15

## 1.1 提取

植物样本使用 CTAB 法进行提取；动物样本使用 SDS 法进行提取；提取方法均是公司自研优化后的流程，具体细节不便透漏。对于 Ultra long ONT 样本，需要跑胶判定主带 100K 以上，30K 以下无片段。

(如老师想要自己提取推荐 NEB、Circulomics 的提取试剂盒)

## 1.2 建库

一般情况下，根据片段大小，动植物和人 ONT 及 Q20+ 构建 20-30K 文库，Ultra long ONT 构建 50K 或 100K 文库，微生物构建 10-15K 文库。

## 1.3 测序

ONT : R9.4.1 芯片+LSK110 试剂盒

Ultra long ONT: R9.4.1 芯片+ULK001 试剂盒

Q20+: R10.4.1 芯片+LSK114 试剂盒

## 1.4 Nanopore 数据释放目录结构 (说明)

以项目分期 X\*，样本 Sample1，建库文库 Cell1 为例，  
Release-X\*-data:以项目分期+日期命名的释放文件夹

Data-X\*:释放的数据存放文件夹名

Sample1:样本 Sample1 对应的文件

Cell1:Nanopore 建库文件名

Sample1.fastq\_pass: 质量值>Q7 的碱基文件

Sample1.fastq\_fail: 质量值<Q7 的碱基文件

Sample1.fast5\_pass: 质量值>Q7 的电信号文件

Sample1.fast5\_fail: 质量值 <Q7 的电信号文件

Sample1.sequencing\_summary\_Cell1.txt: 测序数据信息汇总

checkSize.xls:文件大小统计文件

md5.txt :校验文件

Readme.txt: 数据释放说明文档

Report-X\*.zip :释放报告文件

注：Q20+质量值过滤标准会有一定变化，具体过滤标准请咨询运营经理。