

# 全景洞察，至简体验

## 因美纳邻位映射读取技术

流动槽上文库制备与簇邻位信息相结合，解锁长距离基因组信息与全新研究见解。

- 省去传统文库制备步骤
- 解析难比对区域与大片段结构变异
- 生成定相测序数据，洞察更深层基因组信息

### 测序制备，轻松无匹

使用标准或高分子量方法从样本中提取的DNA模板，可直接加至流动槽表面，流动槽上完成捕获、片段化及簇生成并进行测序。

测序所需制备步骤非常少



向测序仪卡盒中加入稀释的DNA和两种试剂



在流动槽上制备文库并测序

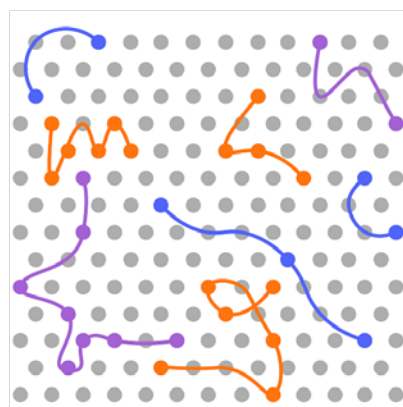


使用新型DRAGEN™算法进行分析

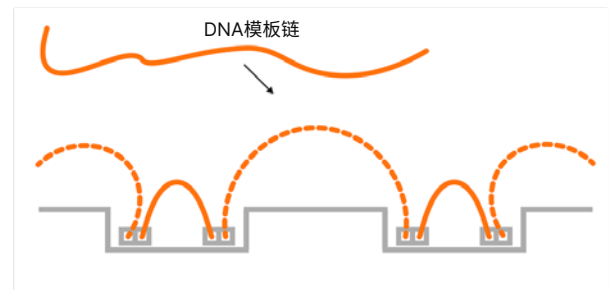
## 邻位映射技术的力量

高度简化的工作流程使得相邻的簇能够以高概率比对到同一DNA模板链，从而可利用邻位信息高准确度地确定基因组位置。

### DNA以星群模式附着在流动槽上



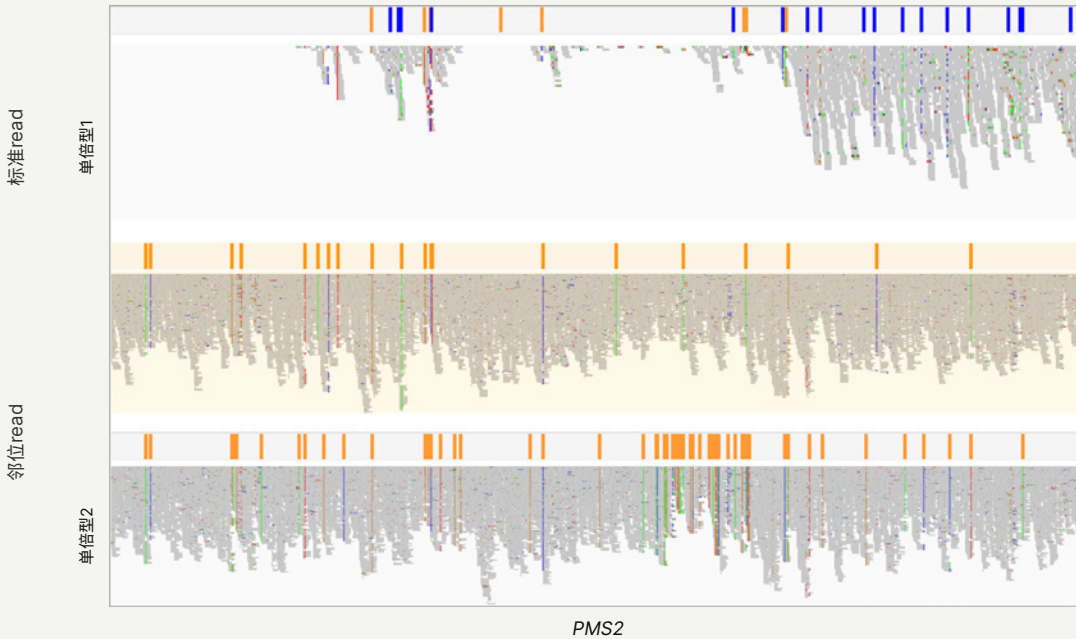
流动槽表面DNA链的俯视图。  
本图像仅展示了该区域的一小部分。



流动槽上模板DNA酶法片段化过程的侧视图。

## 解析难比对区域

PMS2基因存在高度同源的假基因PMS2A，相似度高达99%，导致传统测序技术难以正确识别。邻位信息支持以高可信度对这些模糊区域实现高准确度比对。

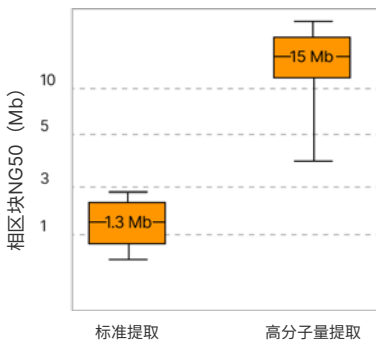


高度同源区域在比对上存在挑战，并可能导致覆盖度出现缺口。

通过添加邻位信息，能够将read准确分配到正确的基因组位置，并实现特异区域的比对。

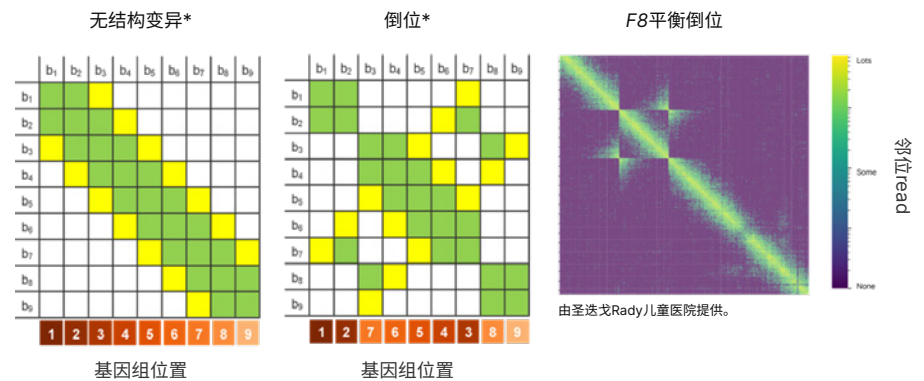
## 生成百万碱基长度的相区块

邻位映射读取技术以原始DNA模板的长度为定义依据，其范围可从数十万碱基延伸至数百万碱基，有助于构建更大的相区块，从而更深入地解析单倍型与复合杂合子。



## 创新的结构变异可视化

通过提取临近簇的read信息，邻位技术可生成高分辨率的“共映射图”，用以解析大片段结构变异。



由圣迭戈Rady儿童医院提供。

共映射图绘制了参考与样本的基因组位置。若无大片段变异，将产生一条笔直的对角线。存在大片段结构变异的样本会呈现独特的图形模式。

\*以上为示例图，并不代表真实数据。

## 基因组测序的新基石

借助邻位映射读取技术以及全新的Illumina TruPath Genome，即使面对传统上具有挑战性的区域，也能大幅简化您的NGS工作流程，并生成全新的基因组见解。

了解更多→

