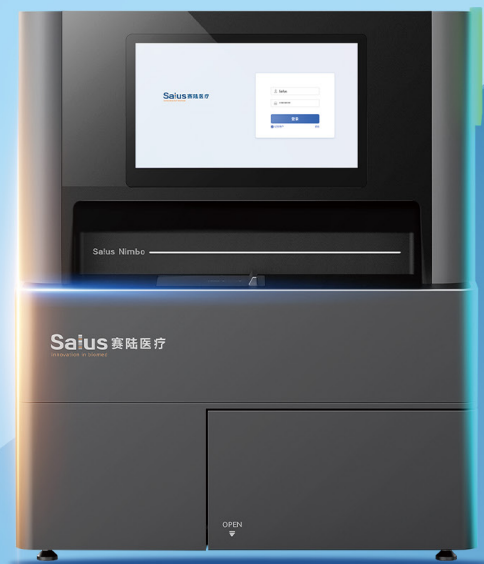


**Saius** 赛陆医疗  
innovation in biomed

# 迅捷精准·靶握先机

Saluseq Nimbo 基因测序仪



# 核心应用优势

## 操作更便捷

- 芯片表面在线扩增,无需配置额外设备,文库仅需15~20min配置;
- 芯片、试剂盒带有RFID自动识别技术,全流程准确可靠。集成式测序卡槽,预装所有测序试剂和清洗试剂,无需手工配置,测序完完成后自动清洗;
- 内置服务器,支持边测序边生信分析

## 测序快全准

- 采用边合成边测序(SBS)的技术原理,兼容主流 NGS 文库。测序芯片表面在线扩增,文库配置仅需 15~20 min;
- 最快3.4 hr 完成 SE50 测序,应用交付更快速;
- 测序数据原始 Q30 高达 90% ,支持 SE400 与 PE300 的长读长测序,测序质量达到或超越市场主流机型

## 全面国产化

- 仪器核心部件、耗材均国产化,可保证生物信息安全;
- 兼容国产操作系统

# Saluseq Nimbo 无需凑样、测序快速

芯片规格	读长	数据产出	测序时间	Q30
20 M	SE400	8.0 Gb	20 hr	≥ 80%
	PE300	12.0 Gb	28 hr	≥ 80%
25 M	SE50	1.2 Gb	3.4 hr	≥ 90%
	SE75	1.8 Gb	4.1 hr	≥ 90%
	SE100	2.5 Gb	4.7 hr	≥ 85%
	PE150	7.5 Gb	10.9 hr	≥ 85%
60 M	SE50	3.0 Gb	3.8 hr	≥ 90%
	SE75	4.5 Gb	4.6 hr	≥ 90%
	SE100	6.0 Gb	5.4 hr	≥ 85%
	PE150	18.0 Gb	12 hr	≥ 85%



20 M ~ 60 M 小通量设备

**无需凑样**



运行时间

**3.4 hr ~ 12 hr**

备注:

\*以上均包含双端 index(8+8) 时间;

\*性能参数基于标准文库运行结果进行统计, 在实际测序中, 受文库自身差异影响, 测序时间和数据质量可能会有波动。

# Saluseq Nimbo 助力病原检测超快速交付

## 病原靶向检测 tNGS

25 M, SE50测序  
24 Samples / Run

核酸提取

3 hr

多重 PCR 建库

4.5 hr

测序

3.4 hr

分析

0.2 hr

TAT 时间 11.1 小时

## 病原宏基因组检测 mNGS

60 M, SE50测序  
3 Samples / Run

核酸提取

2 hr

mNGS 建库

3 hr

测序

3.8 hr

分析

0.5 hr

TAT 时间 9.3 小时

基于Saluseq Nimbo的极速病原检测流程，mNGS平均TAT仅为9.3小时，tNGS平均TAT仅为11.1小时

## 标准品-肿瘤伴随诊断 1% 低频变异检出与预期一致

样本信息: EGFR p.E746\_A750del ELREA Reference Standard;  
 测序策略: 使用 Saluseq Nimbo 进行 PE150 测序, 平行测序 2 个 Run

Sampleid	Total_reads(M)	Q20 (%)	Q30 (%)	Fold 80	Mean_coverage_depth	Coverage_1X(%)	Coverage_1000X(%)	Sampleid	Gene	Hgvs.c	Hgvs.p	Expected_AF%	Alt_depth	Depth	Detected_AF%
1	23.86	98.50	91.17	1.32	4722	100	100	1	EGFR NM_005228	c.2235_2249del GGAATTAAGAGAAGC	p.Glu746_Ala750del	1	82	6102	1.34
2	22.02	98.40	91.41	1.35	4494	100	100	2				1	75	5872	1.28
3	21.42	98.40	91.48	1.31	4338	100	100	3				1	74	5550	1.33
4	20.61	97.81	91.48	1.3	3913	100	100	4				2	112	4946	2.26
5	24.15	98.58	90.87	1.31	4301	100	100	5				2	126	5524	2.28
6	25.39	98.66	90.56	1.28	4393	100	100	6				2	92	5810	1.58

## 标准品-标签跳跃 (Index Hopping) 率小于百万分之4

测序策略: Saluseq Nimbo 平台进行 SE75 测序;  
 验证结果: 下机数据质量优异, Raw Q30 > 93%, Index Hopping 百万分之 3.44 (0.000344%)

Sample_id	Total_reads	DU-6	DU-10	DU-64	DU-12	DU-20	DU-22	DU-32	DU-56	DU-2	DU-28	DU-29	DU-35	DU-43	DU-7
Raw_total_reads(M)	68.87	1.66	2.08	4.57	2.56	1.28	7.05	3.30	4.02	5.24	6.07	4.91	12.67	7.35	6.10
Raw_Q30 (%)	93.83	93.12	95.08	93.64	94.42	95.24	93.50	92.00	93.18	94.49	93.61	94.51	93.34	93.98	93.49
Clean_total_reads(M)	63.38	1.53	2.00	4.18	2.44	1.21	6.64	2.96	3.20	5.01	5.65	4.45	11.79	6.58	5.75
Clean_total_reads_rate(%)	92.04	91.80	95.85	91.46	95.38	94.56	94.13	89.67	79.72	95.64	93.09	90.46	93.07	89.45	94.27
Clean_Q30 (%)	96.01	96.06	96.47	95.61	96.14	96.71	95.78	95.66	96.07	96.16	95.65	96.29	95.62	96.05	95.91

Sample_id	Total_reads	DU-6	DU-10	DU-64	DU-12	DU-20	DU-22	DU-32	DU-56	DU-2	DU-28	DU-29	DU-35	DU-43	DU-7	Hop_reads	Hop_rate (ppm)
All_reads (rm Host reads)	4216904	98880	309881	235272	174180	29882	713633	391077	2201174	8420	7506	10629	14508	15537	6325	-	-
Mapped_reads (MapQ=60; rmdup)	2324250	78025	249	60969	95781	18155	411174	266409	1393480	3	1	0	1	2	1	8	3.44
肺炎克雷伯菌 Klebsiella pneumoniae	85156	77979	241	69	0	0	28	2737	4102	0	0	0	0	0	0	0	0.00
耐药棒状杆菌 Corynebacterium resistens	63386	0	0	59865	15	0	174	3332	0	0	0	0	0	0	0	0	0.00
肺炎球菌 Pneumocystis jirovecii	95775	0	0	1	95751	0	5	3	15	0	0	0	0	0	0	0	0.00
金黄色葡萄球菌 Staphylococcus aureus	18731	0	2	424	10	18155	76	12	52	0	0	0	0	0	0	0	0.00
铜绿假单胞菌 Pseudomonas aeruginosa	397530	0	5	0	4	0	396142	0	1372	2	1	0	1	2	1	7	17.61
纹带棒状杆菌 Corynebacterium striatum	275499	0	0	570	1	0	14615	260313	0	0	0	0	0	0	0	0	0.00
霍乱弧菌 Enterobacter hormaechei	1388173	46	1	40	0	0	134	12	1387939	1	0	0	0	0	0	1	0.72

# 标准品-NA12878 样本 WES 测序准确性表现出色, Dup 比例更低, 有效测序深度更高

测试样本: NA12878 gDNA, 投入量 100ng;  
文库构建: 使用某品牌捕获探针及建库试剂盒构建 WES 文库

Platform	Saluseq Nimbo				N 平台			
Sample	Sample01	Sample02	Sample03	Sample04	Sample01	Sample02	Sample03	Sample04
Clean_total_reads(M)	73.67	73.60	73.62	73.69	72.64	72.25	72.90	72.05
Q30(%)	95.30	95.27	95.28	95.32	96.23	96.14	96.20	96.04
GC_content(%)	46.25	46.37	46.27	46.54	46.56	46.73	46.51	46.80
Duplication_rate(%)	5.09	4.95	5.05	5.30	14.75	13.87	14.46	14.54
All_reads_after_rmDup(M)	68.59	68.74	68.60	68.36	58.90	59.03	59.44	58.22
Mapping_rate(%)	99.98	99.98	99.98	99.98	99.97	99.97	99.97	99.97
Unique_mapping_rate(%)	93.58	93.17	93.81	93.24	93.27	93.84	93.54	92.91
Target_region_reads(M)	47.04	47.99	47.05	47.47	37.89	38.93	38.28	37.79
Capture_rate(%)	68.59	69.81	68.58	69.44	64.34	65.95	64.41	64.92
Fold80_rmDup	1.89	1.89	1.86	1.82	1.84	1.82	1.79	1.79
Mean_coverage_depth	128.17	130.66	128.14	129.19	103.55	106.31	104.48	103.03
Coverage_at_least_4X(%)	98.83	99.01	98.82	99.01	98.83	99.01	98.82	99.01
Coverage_at_least_10X(%)	98.62	98.80	98.61	98.80	98.60	98.78	98.59	98.78
Coverage_at_least_20X(%)	98.06	98.25	98.09	98.34	97.80	98.05	97.86	98.13

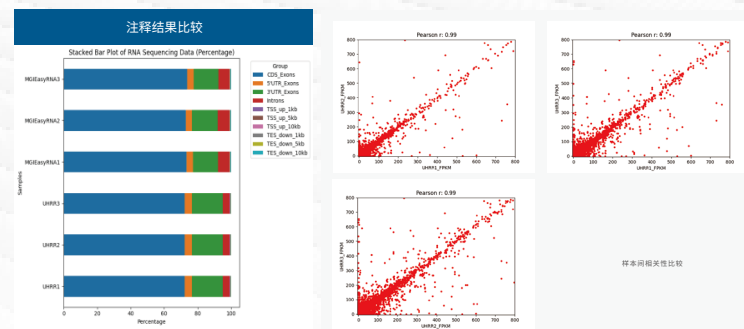
标准品 - NA12878 样本 WES 测序变异检出与主流平台一致



# 标准品-UHRR 样本转录组测序 FPKM 相关性 > 99%

测试样本: 基于 Universal Human Reference RNA (UHRR) 标准品 v1ad 构建的 RNA 文库;  
测序策略: 使用 Saluseq Nimbo 测序平台进行 PE100 测序, 每个样本测一个 Run, 然后抽取 70 M raw reads 进行分析

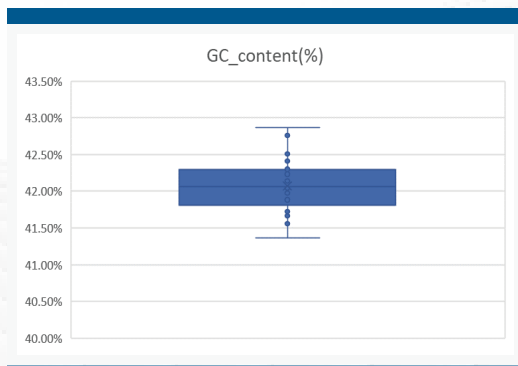
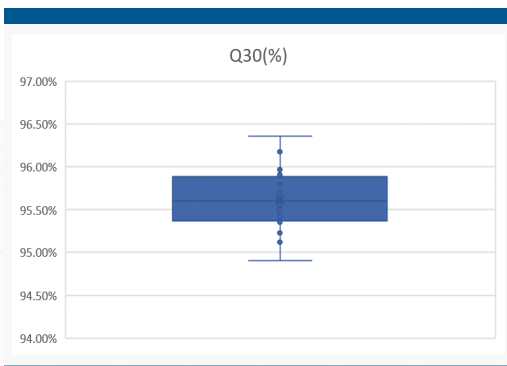
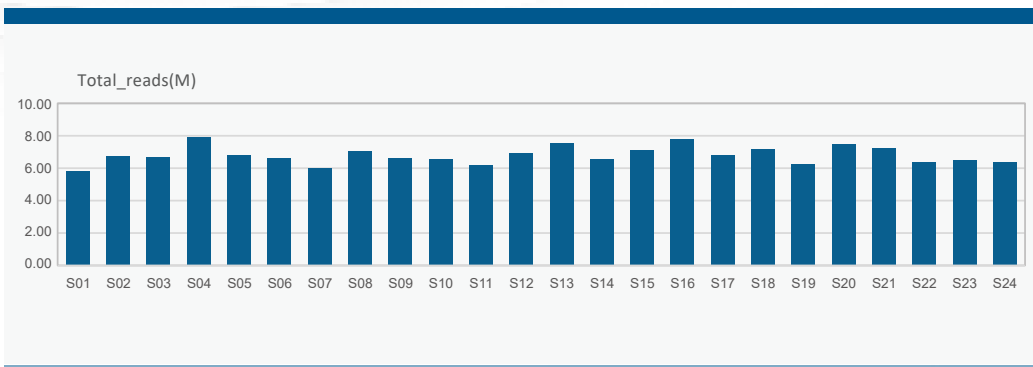
Platform	Saluseq Nimbo			N 平台		
Sample	mRNA1_1	mRNA1_2	mRNA1_3	mRNA1_1	mRNA1_2	mRNA1_3
Raw_total_Reads(M)	70	70	70	70	70	70
Clean_Q30(%)	94.29	93.79	94.15	93.38	93.10	93.63
GC_content(%)	49.97	49.97	50.08	49.84	49.84	50.28
rRNA_Rate(%)	0.68	0.68	0.68	3.05	3.02	3.04
Mapping_Rate_Genome(%)	98.86	98.91	98.97	97.25	97.13	97.62
Mapping_Rate_mRNA(%)	92.78	92.81	92.90	85.27	84.44	84.76
Transcript_Number(K)	49.02	48.81	48.76	48.29	48.37	48.21
Total_Gene_Number(K)	16.23	16.21	16.20	16.28	16.25	16.25



# 标准品-NIPT 国参样本下机数据质量优异, Q30 > 95%;分析结果与预期一致

样本类型: NIPT 国家参考品;

测序策略: 基于 24 个随机参考品样本构建 WGS 文库, 使用 Saluseq Nimbo 进行 SE50 测序, 平行测 2 个 Run



Sample_id	预期结果	赛陆分析结果
S01	T21	T21
S02	T21	T21
S03	T21	T21
S04	T18M70%_T13M30%嵌合	T13,T18
S05	T21	T21
S06	T18M80%_T13M20%嵌合	T13,T18
S07	T21	T21
S08	T18M70%_T21M30%嵌合	T13,T21
S09	T18	T18
S10	T18	T18
S11	T18	T18
S12	T21M80%_T18M20%嵌合	T18,T21
S13	T13	T13
S14	T13	T13
S15	T13	T13
S16	阴性	阴性
S17	阴性	阴性
S18	阴性	阴性
S19	T18	T18
S20	T18	T18
S21	T18	T18
S22	T13	T13
S23	T13	T13
S24	T13	T13

# Saluseq Nimbo 多读长支持丰富的应用需求

技术方法	应用场景	数据量 / 样本	读长	20 M 样本量 / Run	25 M 样本量 / Run	60 M 样本量 / Run
低深度 WGS 测序	NIPT	~ 5 M reads	SE50	/	5 例	12 例
靶向测序 (捕获/多重扩增)	病原体靶向测序 (tNGS)	0.5 M ~ 1 M reads	SE50	/	25 / 50 例	60 / 120 例
	肿瘤伴随诊断 小 panel	~ 1 Gb	PE150	/	7 例	18 例
	遗传病小 panel (耳聋、代谢)	3 ~ 5 Gb	PE150	/	1 / 2 例	3 / 6 例
	16S 测序	~ 0.5 M reads	PE300	40 例	/	/
	法医 DNA 鉴定	~ 0.5 M reads	SE400	40 例	/	/
小型基因组测序 (结核、流感等)	细菌病毒基因组	~ 1 Gb	PE150	/	7 例	18 例
甲基化测序	肿瘤泛癌早筛	~ 1 Gb	PE150	/	2 例	4 例

\*综合考虑 pooling 偏差及其应用场景后估算得出的样本个数, 仅供参考, 用户可根据实际需求调整。



# 优势应用场景

01

## 肿瘤靶向测序

肺癌、乳腺癌、结直肠癌、血液瘤、肿瘤的同源重组及修复缺陷、组织实体瘤等

02

## 病原体靶向测序

病原体靶向测序, 包括呼吸道分泌物、痰液、肺泡灌洗液、脑脊液、外周血、病灶穿刺组织等

03

## 遗传病靶向测序

遗传性耳聋、代谢病、神经肌肉疾病、心血管疾病等相关基因的靶向测序

04

## 小型基因组测序

结核杆菌、HIV 耐药、新冠、流感、猴痘、登革热、琅琊等

05

## 司法鉴定

法医 DNA 鉴定, SE400 长读长测序

06

## 生殖健康

生殖健康相关检测, NIPT、PGT-A、CNV-seq 等

# 产品规格与售后服务

## 规格参数

尺寸	619 mm(W) x 682 mm(D) x 738 mm(H)	
重量	约 115 kg	
电源	电压	100 V - 240 V~
	频率	50 / 60 Hz
	功率	1000 VA
	保险丝	T10AH250V
触摸屏	尺寸	13.3 英寸
	分辨率	1920 x 1080
工作环境	工作温度	15°C ~ 30°C
	工作湿度	20%RH ~ 80%RH(无冷凝)
	海拔	≤ 3000m
服务器参数	CPU (最低配置)	12th Gen Intel(R) Core(TM) i9-12900
	内存(最低配置)	64GB DDR5
	存储(最低配置)	2TB SSD
操作系统	Windows 11 X64	

## 售后服务



快速响应, 为全国客户提供周到的设备维护服务与技术支持, 全国统一售后服务电话: 400-80-72587



对保修范围内因产品质量而产生的故障问题负责



提供免费的安装调试和设备验证服务(含 QC 试剂、耗材)



在保修期内提供 1 次免费的预防性维护保养, 保修期外提供多种延保服务

# 关于赛陆

赛陆医疗创办于2020年，是国家高新技术企业和国家专精特新小巨人企业，专注于开发自主知识产权的上游测序平台，并基于其上构建了全球领先的超分辨率空间组学平台，实现基因组学和空间组学产品的自主开发及科研临床端转化。公司突破了以往测序和组学产品在通量、成本、分辨率、自动化等方面的瓶颈，取得欧盟CE-IVDR等多项关键认证。公司发展迅速，现拥有国际领先的测序和组学平台，可以为中下游应用提供全面的解决方案，产品畅销海内外。





官方公众号



官方网站

## 深圳赛陆医疗科技有限公司

0755-2374 5832

info@salus-bio.com

www.salus-bio.com

深圳市光明区凤凰街道塘尾社区恒泰裕大厦 1 栋 2001、3 栋 3A 7-11 层(一照多址企业)

\*本手册所依据信息截至2024年9月，所有内容仅供参考，不作为本公司的任何承诺与保证，具体以最终签署的合同为准。

\*本手册版权为深圳赛陆医疗科技有限公司所有，未经本公司授权，任何其他个人或组织不得以任何形式将本手册内容进行复制、拷贝、编辑、打印等。

\*版本V2.0，2024年9月版。