

(12) 按照专利合作条约所公布的国际申请

(19) 世界知识产权组织
国际局



(10) 国际公布号
WO 2024/193471 A1

(43) 国际公布日
2024 年 9 月 26 日 (26.09.2024)

(51) 国际专利分类号:

C12Q 1/6869 (2018.01) *C12M 1/34* (2006.01)
C12Q 1/6874 (2018.01) *C12M 1/36* (2006.01)
C12N 15/11 (2006.01)

(21) 国际申请号: PCT/CN2024/081962

(22) 国际申请日: 2024 年 3 月 15 日 (15.03.2024)

(25) 申请语言: 中文

(26) 公布语言: 中文

(30) 优先权:
202310264709.1 2023年3月17日 (17.03.2023) CN

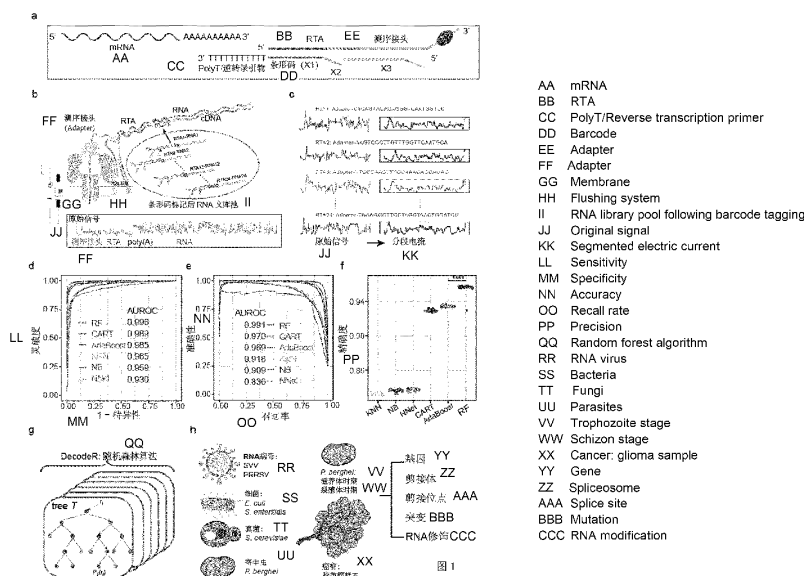
(71) 申请人: 四川大学 (SICHUAN UNIVERSITY) [CN/
CN]; 中国四川省成都市一环路南一段
24号, Sichuan 610065 (CN)。

(72) 发明人: 陈路 (CHEN, Lu); 中国四川省成都市一
环路南一段24号, Sichuan 610065 (CN)。林静
雯 (LIN, Jingwen); 中国四川省成都市一环路南
一段24号, Sichuan 610065 (CN)。宋俊伟 (SONG,
Junwei); 中国四川省成都市一环路南一段24
号, Sichuan 610065 (CN)。唐超 (TANG, Chao); 中
国四川省成都市一环路南一段24号, Sichuan
610065 (CN)。陈钊 (CHEN, Chuan); 中国四川省成
都市一环路南一段24号, Sichuan 610065 (CN)。
耿佳 (GENG, Jia); 中国四川省成都市一环路
南一段24号, Sichuan 610065 (CN)。

(74) 代理人: 重庆恩洲知识产权代理事务所 (特殊普通
合伙) (CHONGQING ENZHOU INTELLECTUAL
PROPERTY AGENCY (SPECIAL GENERAL PART-

(54) Title: MULTIPLE MIXED SAMPLE DIRECT RNA NANOPORE SEQUENCING METHOD AND SYSTEM

(54) 发明名称: 一种多重混样直接RNA纳米孔测序方法及系统



(57) Abstract: The invention relates to the field of sequencing, and particularly to a multiple mixed sample direct RNA nanopore sequencing method and system. The method relates to sequencing n types of test sample RNA polynucleotides ($2 \leq n \leq 24$, and n being an integer), and comprises: performing nanopore sequencing on sequencing structures corresponding to the n test sample RNA polynucleotides, and extracting corresponding electric-current signal data; segmenting the electric-current signal data of a barcode sequence therein, invoking a classification model to perform analysis, obtaining sequence information of the barcode sequence, and

[见续页]

NERSHIP)); 中国重庆市渝中区五一路99号一单元34-1-1#, Chongqing 400010 (CN)。

- (81) 指定国(除另有指明, 要求每一种可提供的国家保护): AE, AG, AL, AM, AO, AT, AU, AZ, BA, BB, BG, BH, BN, BR, BW, BY, BZ, CA, CH, CL, CN, CO, CR, CU, CV, CZ, DE, DJ, DK, DM, DO, DZ, EC, EE, EG, ES, FI, GB, GD, GE, GH, GM, GT, HN, HR, HU, ID, IL, IN, IQ, IR, IS, IT, JM, JO, JP, KE, KG, KH, KN, KP, KR, KW, KZ, LA, LC, LK, LR, LS, LU, LY, MA, MD, MG, MK, MN, MU, MW, MX, MY, MZ, NA, NG, NI, NO, NZ, OM, PA, PE, PG, PH, PL, PT, QA, RO, RS, RU, RW, SA, SC, SD, SE, SG, SK, SL, ST, SV, SY, TH, TJ, TM, TN, TR, TT, TZ, UA, UG, US, UZ, VC, VN, WS, ZA, ZM, ZW。
- (84) 指定国(除另有指明, 要求每一种可提供的地区保护): ARIPO (BW, CV, GH, GM, KE, LR, LS, MW, MZ, NA, RW, SC, SD, SL, ST, SZ, TZ, UG, ZM, ZW), 欧亚 (AM, AZ, BY, KG, KZ, RU, TJ, TM), 欧洲 (AL, AT, BE, BG, CH, CY, CZ, DE, DK, EE, ES, FI, FR, GB, GR, HR, HU, IE, IS, IT, LT, LU, LV, MC, ME, MK, MT, NL, NO, PL, PT, RO, RS, SE, SI, SK, SM, TR), OAPI (BF, BJ, CF, CG, CI, CM, GA, GN, GQ, GW, KM, ML, MR, NE, SN, TD, TG)。

根据细则4.17的声明:

- 关于发明人身份(细则4.17(i))
- 关于申请人有权申请并被授予专利(细则4.17(ii))
- 关于申请人有权要求在先申请的优先权(细则4.17(iii))

本国际公布:

- 包括国际检索报告(条约第21条(3))。
- 包括说明书序列表部分(细则5.2(a))。

further obtaining classification information of the n test sample RNA polynucleotides; wherein a barcode sequence is specific to each test sample RNA polynucleotide, and the barcode sequence is selected from any one of SEQ ID NOs: 1-24. The provided method and system allow for simultaneously sequencing a plurality of biological samples on a single chip, thereby reducing the number of initially inputted biological samples and reducing the cost of multi-sample sequencing.

(57) 摘要: 涉及测序领域, 具体涉及一种多重混样直接RNA纳米孔测序方法及系统。涉及对n种测试样本RNA多核苷酸进行测序($2 \leq n \leq 24$ 且n为整数), 包括: 对所述n种测试样本RNA多核苷酸对应的测序结构进行纳米孔测序并提取对应的电流信号数据; 将其中的条形码序列的电流信号数据进行分割, 并调用分类模型进行分析, 获得所述条形码序列的序列信息, 进而获得所述n种测试样本RNA多核苷酸的分类信息; 其中所述条形码序列对每一种测试样本RNA多核苷酸具有特异性, 所述条形码序列选自SEQ ID NOs:1-24中的任意一种。提供的方法及系统可以实现一张芯片中同时对多种生物样本测序, 降低了生物样本起始投入量和多样本测序成本。