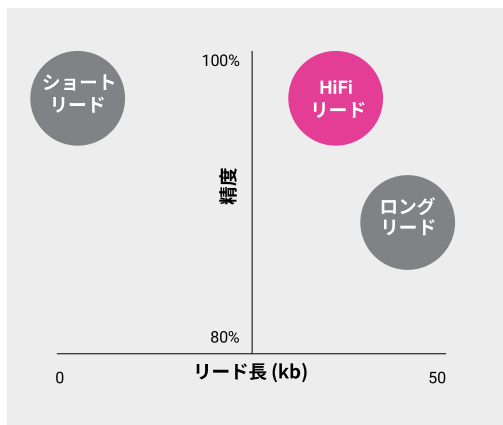




新たなパラダイム:

高精度ロングリードシーケンスを実現するHiFiリード



PacBio® のHiFiリードによって、妥協することなくロングリードかつ高精度なシーケンシングデータを得ることができます。

HiFiリードの利点

- 最大25kbの長いリード長
- 99.9%以上の高い読み取り精度
- 容易なライブラリ調製
- 低いカバレッジ要件
- 小さいファイルサイズにより、計算時間を最小化
- 1つの技術で様々なアプリケーションに対応

PacBioは、高精度ロングリードリードを提供する唯一のシーケンシングテクノロジーです。

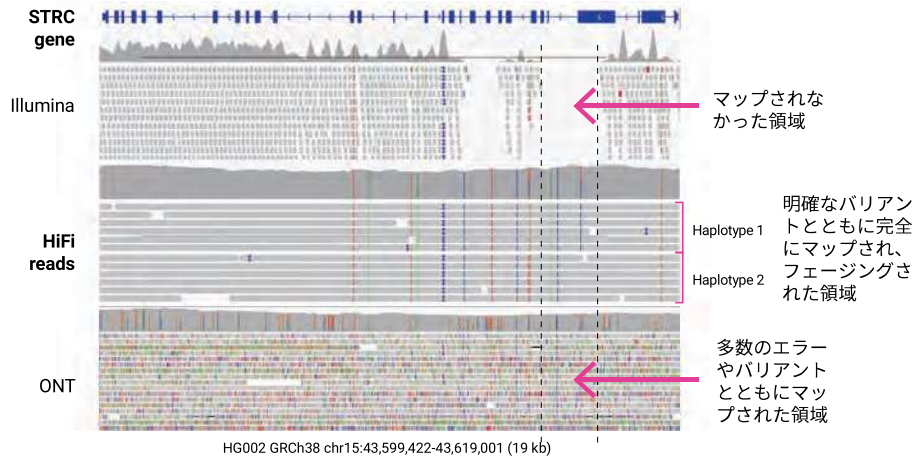
典型的な20,000塩基のHiFiリードの場合、不正確な塩基は8塩基程度

包括的なバリエーション検出を実現

HiFiリードは、他のテクノロジーでは見逃されてしまうゲノムの難解な配列領域においても、すべての型のバリエーションを高い精度と再現性で正確に検出し、ハプロタイプをフェージングすることが可能です。

"HiFiリードにより、ショートリードのシーケンシングでは検出ができない構造多型や、その他の型のバリエーションを正確にコールすることができます。

Jeremy Schmutz, *Faculty Investigator, HudsonAlpha Institute of Biotechnology*



Precision | Recall (%)

	ILLUMINA	ONT	HiFiリード
SNVs	99.8 99.4	99.7 99.5	99.9 99.9
Indels	99.7 99.5	86.6 63.6	99.4 99.4
SVs	94.7 62.4	95.7 95.8	96.1 96.0

HiFiリードはすべてのバリエーション型を高い正確性と再現性で検出

SNVs, indels: *PrecisionFDA Truth Challenge V2* HG003 DeepVariant のコールセットを、hap.py を使用し、GIAB v4.2 ベンチマークに対して評価したものです。SVs: HG002 コールセットを、Truvari を使用し、GIAB v0.6 SV ベンチマークに対して評価したものです。Illumina: DRAGEN 3.5, ONT: Sniffles at 30x, PacBio: pbsv 2.1.0 at 30x

リファレンス品質の de novo アセンブリの作成

HiFiリードは、大きくて非常に複雑な California Redwood を含む、あらゆるゲノムの完全で連続し正確な de novo アセンブリを生成します。

“HiFiを使用していないゲノムは、もはやリファレンスグレードとは言えません。”

Kevin McKernan, *Medicinal Genomics*

California Redwood ゲノム (27 Gb 6倍体)

	ONT 23-fold + short reads 122-fold	HiFi reads 22-fold
Assembly size (Gb)	26.5	47.7
Contig N50 (Mb)	0.11	1.92
Average alignment of <i>A. thaliana</i> genes*	80.80%	87.70%
Assembly time	5-6 months	6 days

— ハプロタイプレベルの解像度

— より連続したアセンブリ

— より完全な遺伝子

— HiFi シーケンシングは、高品質の結果をより早く、簡単に提供

シロイヌナズナ458遺伝子のアラインメントの完全性を、それぞれの遺伝子がアラインメントでどの程度カバーされているか、全遺伝子の平均値で計測しました。詳細は pacb.com/redwood をご覧ください。ONTデータ: Sequencing and assembling mega-genomes of mega-trees.

高解像度でメタゲノムを探索

HiFiリードは、アセンブリにはカバレッジが少なすぎる低存在量の種であっても、ヘテロジニアスなサンプルから直接、エラーの無い遺伝子探索が可能です。

Human fecal sample	Number of predicted genes	Mean length (bp)	Clustered genes (99% id)	Mean predicted genes / read
HF 1	19,639,322	1,005	1,012,982	7.9
HF 2	22,064,417	1,001	1,141,123	8.4
HF 3	18,059,181	1,024	1,154,341	7.6
HF 4	19,844,033	978	1,250,711	9.3
HF 5	18,396,237	970	1,087,015	9

Sequel IIシステムでシーケンスされたヒト糞便サンプル

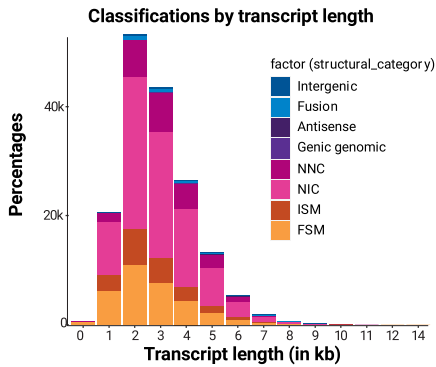
ご存知ですか？

ショートリードデータの30-70%はメタゲノムアセンブリにマッピングされず、遺伝子の同定に有用ではありません

個々のHiFiリードは、低存在量の種についても完全な遺伝子を含みます

全トランスクリプトームの特徴づけとアノテーション

HiFiリードを使用して全長転写産物にアクセスし、新規遺伝子や複雑な選択的スプライシングイベントを特定します。



- 162,290 transcripts
- Min: 80 bp
- Max: 14,288 bp
- Mean: 3,347 bp

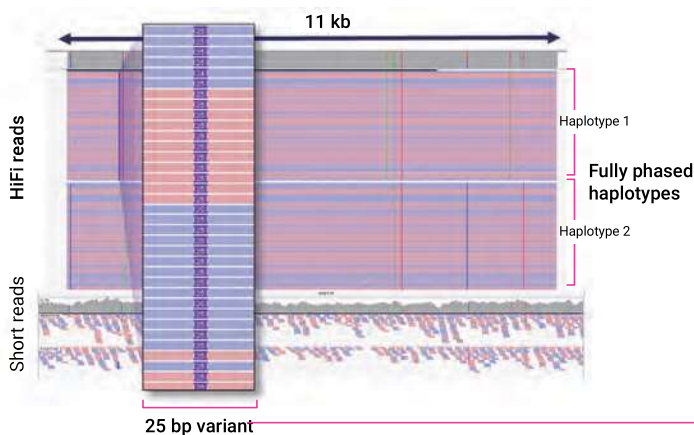
Detect full-length transcripts up to 14 kb

Alzheimer brain sample

	Known	Novel	Total
Genes	17,051	619	17,670
Isoforms	51,660	110,630	162,290

アルツハイマーの脳のサンプルを、Iso-Seq® の手法を使用し、Sequel IIシステムでシーケンス。詳細は pacb.com/alzheimer をご覧ください。

シーケンスが困難な遺伝子や領域をターゲットに



HiFiリードは、サンガー品質の精度を得ることができ、他のテクノロジーでは見逃された新規バリエーションを検出することができます。

Sequelシステムでシーケンスされた臨床的に介入しうる遺伝子の11 kb アンプリコン。詳細は pacb.com/ASHGworkshop をご覧ください。

ショートリードで見逃されていたバリエーションを検出



Headquarters

1305 O'Brien Drive Menlo Park, CA
94025 United States

日本支社

〒220-0012
神奈川県横浜市西区みなとみらい3-7-1
オーシャンゲートみなとみらい8F
パックバイオジャパン合同会社
Info-JP@pacb.com

輸入販売元

トミーデジタルバイオロジー株式会社

〒112-0002

東京都文京区小石川1-1-17

日本生命春日駅前ビル 3階

phone: 03-6240-0843 fax: 03-6240-0461

info_pac@digital-biology.co.jp

SEQUENCE WITH CONFIDENCE

Ready to try HiFi sequencing in your research?



Explore the applications:
pacb.com/applications



Contact a certified
service provider
pacb.com/CSP

研究用のみに使用できます。診断目的およびその手続き上の使用はできません。

PacBio, the PacBio logo, SMRT, SMRTbell, Iso-Seq, and Sequel are trademarks of PacBio. All other trademarks are the sole property of their respective owners.

© 2022 PacBio. All rights reserved. For research use only.

102-193-605 V1 05DEC2012JP

