



動植物のバイオロジー：

保全活動や生物多様性への理解、
生物学上の発見に活かせる高精度かつ有用なデータ

あらゆる生物に対応した HiFi シークエンシングは、複雑な動植物生物学に深い理解をもたらします。ゲノムとトランスクリプトームをより正確に知ることは、種や集団についてさらに多くの発見につながります。

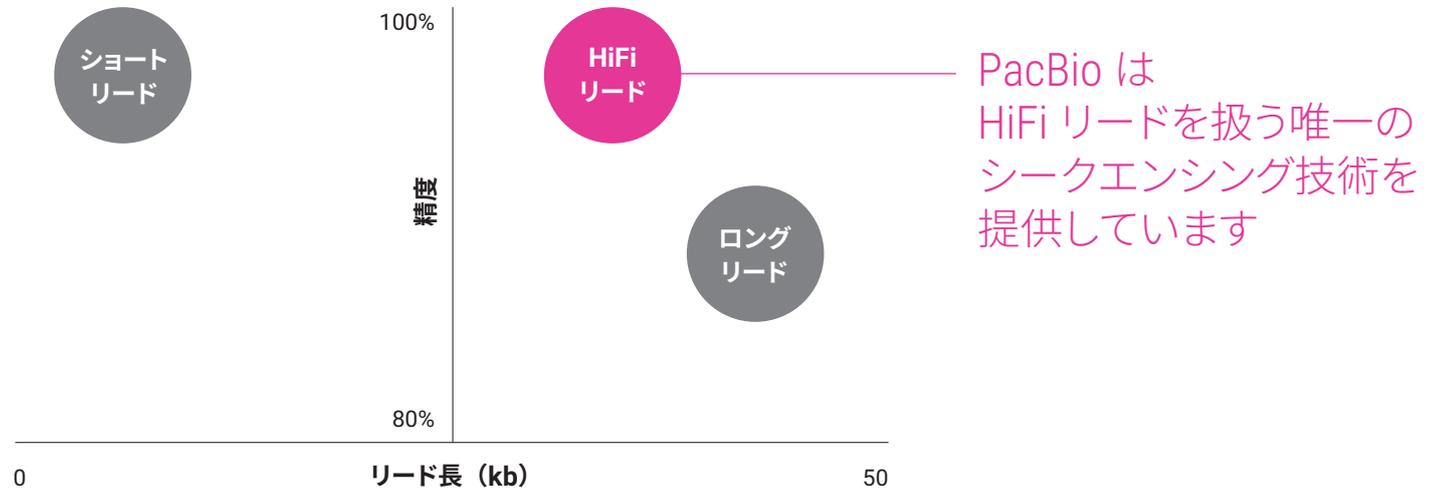
種、集団、生態系を理解し 保護するためのシークエンシング

気候変動や生態系の変化に伴い、科学者たちは最新のゲノミクス技術を用いた取り組みを行うことで、人類がこの世界を共有している生物種や集団をよりよく理解し保護しようとしています。PacBio は、動植物を研究対象としている生物学者が、大小を問わずすべての生物の生物学的情報を発見し、活用できるようにする最先端のシークエンス解析ソリューションをご提供しています。海から空にかけて、その間に存在するあらゆる生物について、研究者は動植物生物学における複雑さをより正確に表現するゲノムデータを利用して保全活動を推進し、生物多様性を捉え、あらゆる生物それぞれにユニークな生物学をより深く掘り下げています。

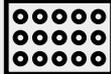
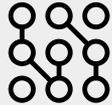


ロングリードとショートリードの利点をあわせ持つ HiFi シークエンシング

PacBio HiFi シークエンシングを用いれば、もはやリード長の長さや精度の高さの間で妥協する必要はありません。



HiFi リードの利点

| | | | | | |
|---|---|---|---|---|---|
|  |  |  |  |  |  |
| 最大 25 kb の長いリード長 | 高精度なリード (99.9%) | 容易なライブラリー調製 | 必要なカバレッジの低さ | 小さなファイルサイズで解析時間を最小化 | さまざまな用途に一つのテクノロジーソリューションで対応 |

典型的な 20,000 bp の HiFi リードに含まれる塩基配列の誤り：約 8 個のみ



燃料植物や動物の生物学への応用



全ゲノムシーケンシング

小型生物からでもリファレンス品質のゲノムを得る（フェージングによりハプロタイプ取得）



RNA シーケンシング

転写産物の全長配列を解析することで新規遺伝子・転写産物を同定、ゲノムアノテーションを改善



構造変異検出（バリエントコール）

偽発見率の低さと高感度なバリエントコールを利用して、集団全体から有用な知見を得る



複雑な集団

高精度かつ長い1分子リード（アセンブリ不要）でメタゲノムを包括的に解析



ターゲットシーケンシング

様々なターゲット領域キャプチャー手法で最も複雑な領域のあらゆるバリエントにアクセス

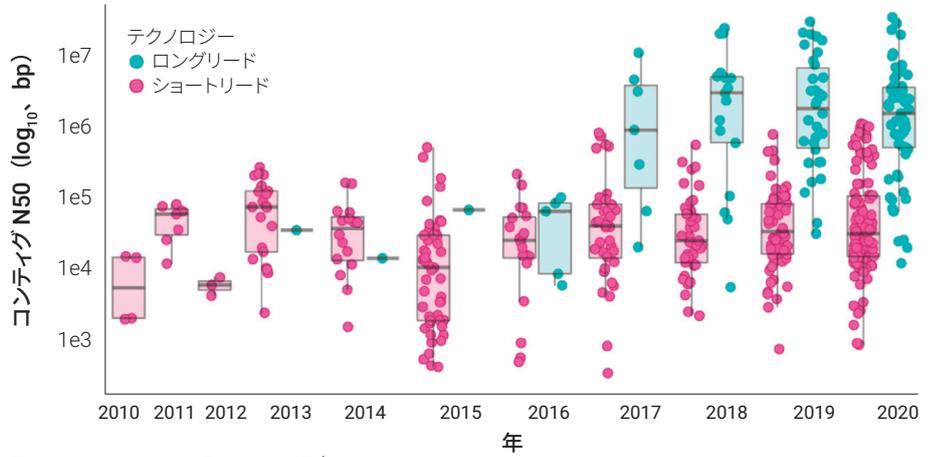


昆虫生物学

集団または単一個体を用いた疾病予防法の開発、基礎生物学の理解、害虫駆除の改善。

昆虫の膨大な多様性を描き出すゲノム

20年以上前、Science誌に、昆虫のゲノムアセンブリについて、キイロショウジョウバエ (*Drosophila melanogaster*) を用いた研究が初めて発表されて以来、昆虫生物学に携わる科学者たちは世界中の昆虫、節足動物、害虫のゲノムを何百も配列決定してきました。これらのゲノムは地球上の数百万種の昆虫の0.06%に過ぎませんが、ロングリードを用いたシーケンス解析により、一塩基多型から複雑な構造変異まで、ゲノムの多様性について効率的なアセンブリ、フェージング、キャプチャを行うことができるため、科学者たちはこれまでにないほど迅速に昆虫ゲノムの配列決定を行っています。

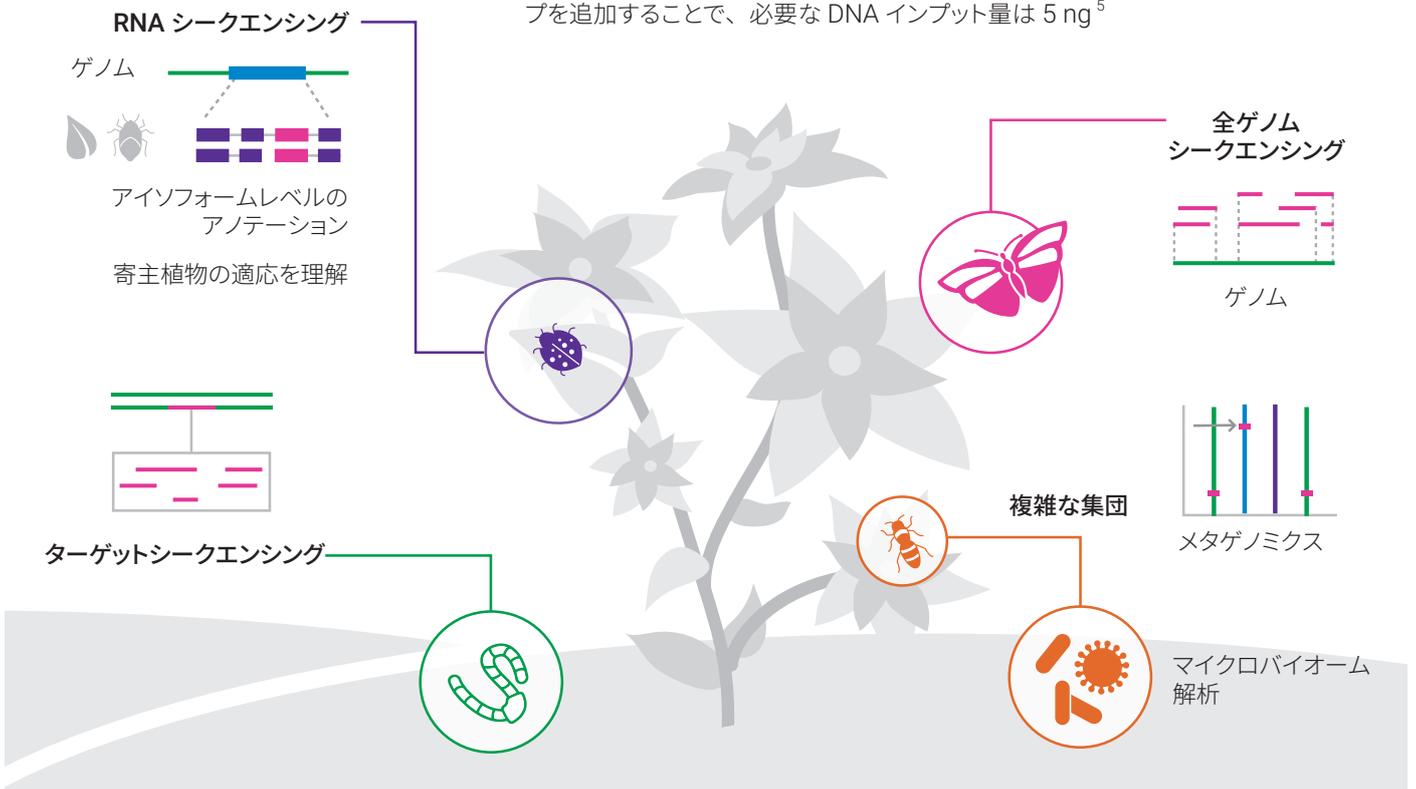


昆虫ゲノムアセンブリの年別コンティグ長⁴
「Long Reads Are Revolutionizing 20 Years of Insect Genome Sequencing」から画像を引用

最小の生物でもシーケンス解析可能

小型生物の塩基配列決定に対するDNAインプット量の障壁を乗り越える

- 標準 HiFi ワークフロー: DNAインプット量が最小300 ngで済むHiFiシーケンシングアプローチ
- Ultra-low DNA input ワークフロー: HiFiシーケンシングアプローチに増幅ステップを追加することで、必要なDNAインプット量は5 ng⁵



海洋生態系の奥深くに飛び込み、進化について研究し、発生生物学への洞察を深め、気候変動の問題に対処する。

海洋の生物多様性を守るためのゲノム

科学は時に、あれこれと探りを入れるようなものに見えるかもしれませんが。しかし 321 兆ガロンという地球上の海のすべてを対象領域として、その深い部分まで調査する人々にとって、遺伝情報を収集する取り組みはとりわけ困難なものです。世界の海洋生物種の多様性は計り知れず、まだ発見・記載されていない種が何千とあります。幸いなことに、海洋生物種の遺伝的特徴を包括的に解明する作業は順調に進んでいます。多くの科学者が HiFi シークエンシングを用いて、多種多様な海洋生物種のゲノム、トランスクリプトーム、そして海洋生態系を調査しています。これらの研究により、海洋生物種がどのように適応し進化しているのかについての理解が深まり、湖や川、海の生命を守るための努力に光が当てられています。

環境ストレス 因子



PH



温度



SMRT® シークエンシングによって影響を検出

DNA シークエンシング
集団に発生する変異

RNA シークエンシング
転写による補完的メカニズム

メタゲノムシークエンシング
微生物群集の変化

- **全ゲノムシークエンシング**：高品質なゲノムアセンブリを行い、生物発光のような複雑な遺伝子型についてより深く理解する⁶
- **RNA シークエンシング**：トランスクリプトームの全長配列解析で魚類の過酷な環境への適応を理解する⁷
- **複雑な集団**：微生物の生態を解き明かし、共生について理解することで、水圏生態系の理解を進める⁸
- **ターゲットシークエンシング**：アンプリコンサイズを変えずに、目的のゲノム領域を同定、シークエンシング、マルチプレックス化

海洋生態系へのシークエンシングの応用⁹

「最も困難な」生物から高分子量 DNA を取得する

軟体動物、サンゴ、その他の海洋生物種から DNA を単離することが困難であることは、よく知られています。しかし、Circulomics 社の Nanobind テクノロジーを用いたソリューションによって、海洋生物試料から高品質 DNA を得ることがこれまで以上に容易になっています。

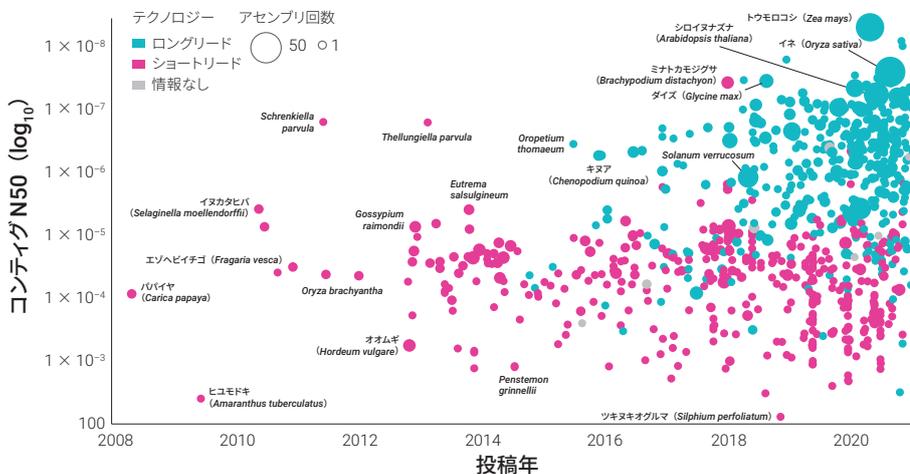


Circulomics Nanobind テクノロジーの概要¹⁰

植物や動物のゲノムの複雑さに隠された答えを見つけて、それらの進化をより深く理解し、複雑な形質を解き明かし、生物多様性を集団規模で捉える。

動植物ゲノミクスで広がる可能性

過去 20 年間、動植物の研究者たちは、サイズ、倍数性、反復配列、GC 含量などさまざまな点で、世界で最も複雑なゲノムに挑んできました。そうした課題にもかかわらず、動植物ゲノミクスは、高精度のロングリードを用いたシーケンシングにより、ショートリードを用いたアセンブリと比較してコンティグの N50 が 32 倍増加し、複雑なハプロタイプを解明できるようになり、新たな高みに到達しています。科学者たちが「生命の樹」をシーケンシングし続ける中、現在公開されているゲノムは地球上の真核生物種のごく一部にすぎませんが、生物多様性に関する私たちの知識は一変し、生物多様性の保全に役立てられています。

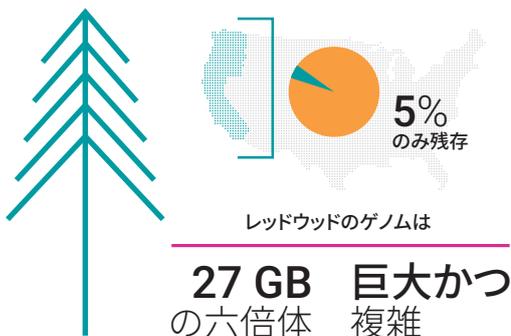


陸上植物に関するゲノムアセンブリの品質と利用可能性の経時変化¹⁵
「Representation and participation across 20 years of plant genome sequencing」から画像を引用

- **全ゲノムシーケンシング**：最大かつ最も複雑なゲノムに対しても、*de novo* アセンブリを構築してハプロタイプを解明¹¹
- **RNA シーケンシング**：個体の、または単一細胞におけるアイソフォームレベルのトランスクリプトームを生成^{12,13}
- **複雑な集団**：高品質なメタゲノムで複雑な集団の全体像を把握¹⁴
- **ターゲットシーケンシング**：アンプリコンサイズを変えずに、目的のゲノム領域を同定、シーケンシング、マルチプレックス

巨大で複雑なゲノム：カリフォルニア・レッドウッド（セコイア）

レッドウッドは、世界で最も成長が早く、数百年も生き続ける針葉樹の一つです。かつては北半球全域に分布していましたが、現在では海岸沿いに原生林のわずか 5% が残っているだけです。



技術面

PacBio HiFi シーケンシングで複雑なゲノムを正しく理解



ショートリード



ロングリード



HiFi リード

効率面

HiFi シーケンシングで迅速かつ低コストで高品質な結果を得る



コンティグ N50



カバレッジ



プロジェクト期間

カリフォルニアレッドウッド・シーケンシングプロジェクトの概要¹⁶

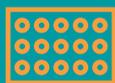
ワークフロー

容易かつハイスループットなシーケンシングで、必要な精度がお手頃なコストで得られます。



サンプル調製

DNA インプット量は
最低 3 ng まで
柔軟に対応可能



ライブラリー調製

調節可能な
マルチプレックス・オプションで
スループットを最大化



SMRT[®] シーケンシング

SMRT[®] Cell 8M を
一度に一つ、または
複数連続して用いることで、
設定するだけで
手間いらずのシーケンシング



データ解析

SMRT[®] Link または
オープンソースの
ツールを使って
HiFi データを解析

このスケーラブルなワークフローは
年間数百～数千ゲノムのシーケンシングを可能にします





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

READY TO GET STARTED WITH HIFI SEQUENCING?



Learn more about HiFi sequencing
pacb.com/hifi

参考文献

1. Main, B.J., et al. (2021) **Whole-genome assembly of *Culex tarsalis*** *G3 Genes/Genomes/Genetics* **11**, 2 jkaa063
2. Yang, H., et al. (2020) **SMRT sequencing of the full-length transcriptome of the *Rhynchophorus ferrugineus* (Coleoptera: Curculionidae)** *PeerJ* **8**:e9133
3. 9PacBio application brief (2019) **Targeted sequencing for amplicons**
4. Hotaling, S. et al. (2021) **Long Reads Are Revolutionizing 20 Years of Insect Genome Sequencing** *Genome Biology and Evolution* **13**, 8, evab138
5. PacBio (2020) **Application note - considerations for using the low and ultra-low DNA input workflows for whole genome sequencing**
6. Gould A., et al. (2021) **Chromosomal-level genome assembly of the bioluminescent cardinalfish *Siphamia tubifer*, an emerging model for symbiosis research** *bioRxiv* 2021.09.03.458932
7. Luo, H., et al. (2020) **Full-length transcript sequencing accelerates the transcriptome research of *Gymnocypris namensis*, an iconic fish of the Tibetan Plateau** *SciRep* **10**, 9668
8. Shumaker, A., et al. (2019) **Genome analysis of the rice coral *Montipora capitata*** *Sci Rep* **9**, 2571
9. PacBio (2019) **Case study: Diving deep – Revealing the mysteries of marine life with SMRT sequencing**
10. Circulomics **Nanobind Technology**, Website
11. Kazuhiro, S., et al. (2021) **Chromosome-scale genome assembly of the transformation-amenable common wheat cultivar 'Fielder'** *DNA Research* **28**, 3, dsab008
12. Ali, A., et al. (2021) **PacBio Iso-Seq Improves the Rainbow Trout Genome Annotation and Identifies Alternative Splicing Associated With Economically Important Phenotypes** *Front. Genet* **12**, 683408
13. Shields, E., et al. (2021) **Genome annotation with long RNA reads reveals new patterns of gene expression and improves single-cell analyses in an ant brain** *BMC Biol* **19**, 254
14. Dirks, A.C., et al. (2020) **Community Structure of Arbuscular Mycorrhizal Fungi in Soils of Switchgrass Harvested for Bioenergy** *Appl Environ Microbiol* **86**, 19, e00880-20
15. Marks, R.A., et al. (2021) **Representation and participation across 20 years of plant genome sequencing** *Nat. Plants*
16. Tseng, L. (2020) **A Genome Fit for a Giant – Sequencing the California Redwood** *Medium*, Blog

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。
Information in this document is subject to change without notice. PacBio assumes no responsibility for any errors or omissions in this document. Certain notices, terms, conditions, and/or use restrictions may pertain to your use of PacBio products and/or third party products. Refer to the applicable PacBio terms and conditions of sale and to the applicable license terms at <http://www.pacb.com/legal-and-trademarks/terms-and-conditions-of-sale/>. PacBio, the PacBio logo, SMRT, SMRTbell, and Sequel are trademarks of PacBio. All other trademarks are the sole property of their respective owners.

