



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

LEARN MORE AND GET STARTED WITH SMRT SEQUENCING



Products and services

pacb.com/products

Documentation

pacb.com/documentation

Application-specific workflows

pacb.com/applications

Publications using SMRT® sequencing

pacb.com/pubs



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。

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

© 2022 Pacific Biosciences of California, Inc. All rights reserved. For research use only. Not for use in diagnostic procedures.
102-193-634 V1 13DEC2021JP



信頼に値するシーケンスデータ

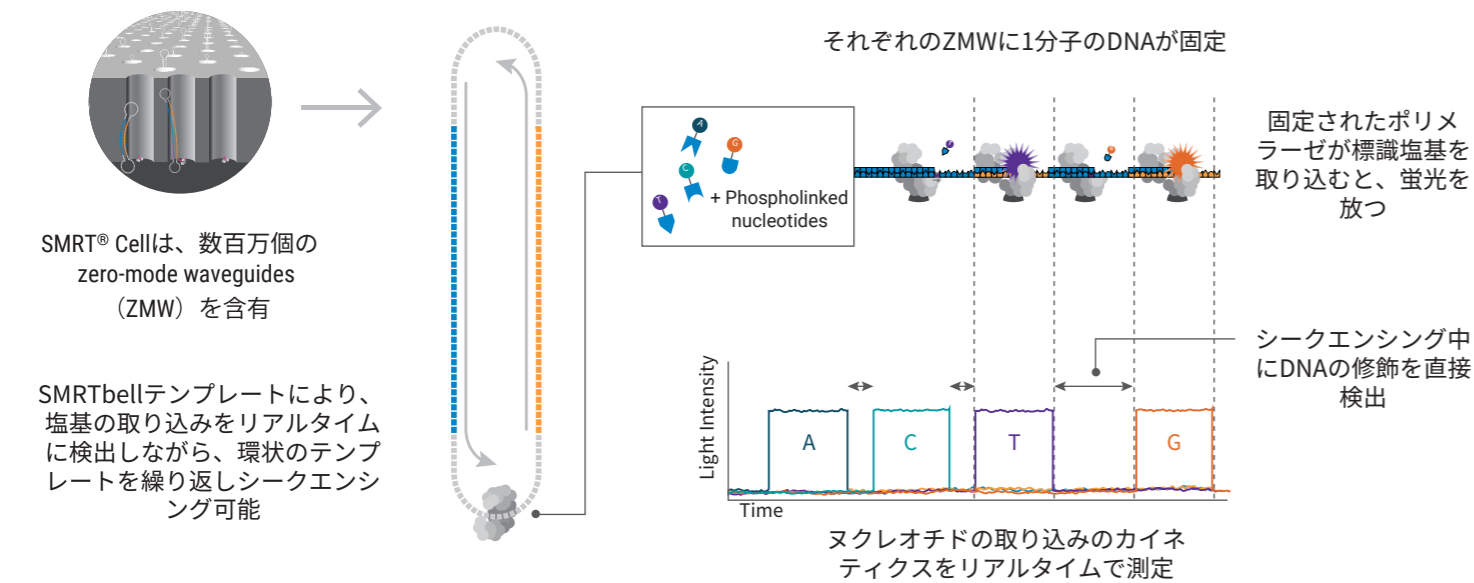
SMRT® シーケンシング - ライフサイエンス研究を加速する、
超高精度なロングリードDNAシーケンス技術








PacBio®のコアテクノロジー

PacBioシステムは、1分子リアルタイム (SMRT®) シークエンシングテクノロジーを基盤としています。この革新的なアプローチは、DNA複製という自然なプロセスを利用して、長い断片のネイティブなDNAをシークエンシングし、何百万ものウェルから同時にデータを取得することを可能にします。

SMRTシークエンシングの仕組み

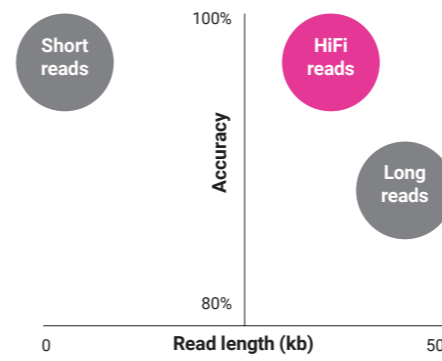


SMRTシークエンシングの強み

				
ロングリード	高い精度	均一なカバレッジ	1分子の解像度	エピジェネティクス
数十キロベースのリードにより、完全なゲノムのアセンブルや全長転写産物の配列決定が容易	システムティックエラーの無いシークエンシングにより、99.999%以上のコンセンサス精度を達成	GC含量によるバイアスがないため、他のテクノロジーではアクセスできない領域でも配列決定が可能	ネイティブなDNAや、RNA由来のcDNA分子から配列データを取得することで、99.9%以上の1分子精度の高精度ロングリードを実現	PCR増幅の過程がないため、シークエンシング時に塩基修飾を直接検出

高精度ロングリードが生物学に新たな発見をもたらす

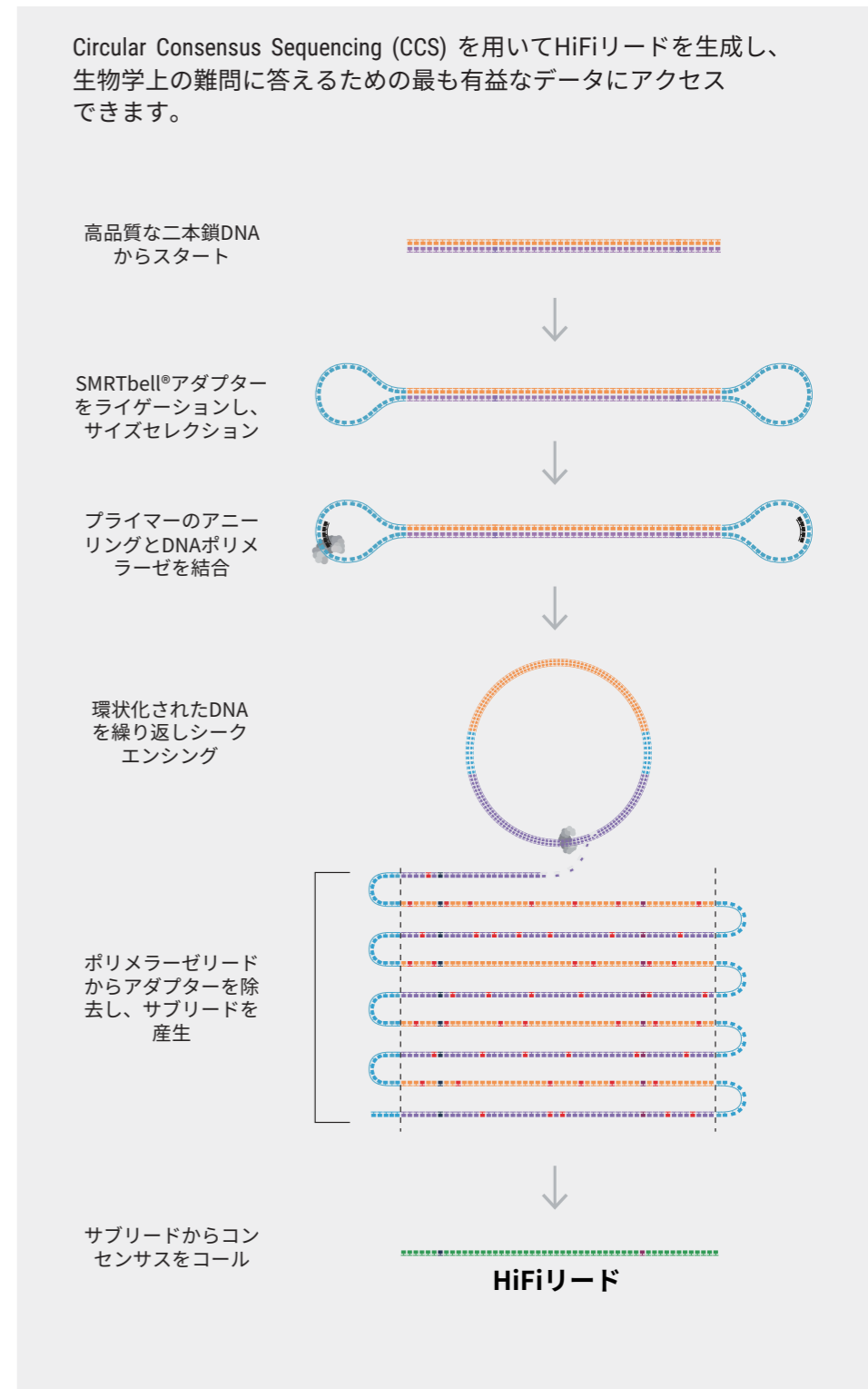
高度な科学的発見の基礎となるシークエンシングデータは、正確かつ完全であることが必要です。高精度ロングリード (HiFiリード) を使用すれば、妥協をすることなく長いリード長と高精度なシークエンシングデータを取得可能です。



PacBioは、HiFiリードを提供する唯一のシークエンシングテクノロジー

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
- 迅速な解釈を可能にする比類なきデータの明瞭性

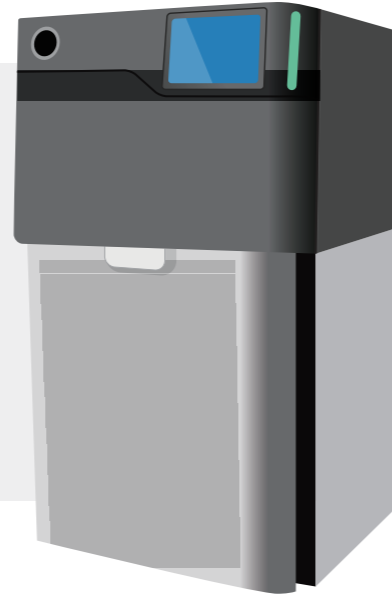


PacBioのソリューション

実績ある技術をベースにしたPacBioシステムは、お客様が期待する優れた結果を提供します。

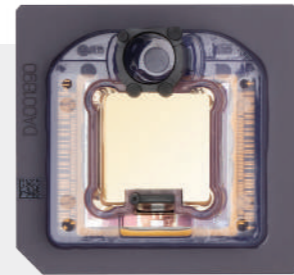
Sequel® IIe システム

- 信頼性の高いハイスループットシーケンシングデータを生成
- HiFiリードへの直接アクセスを提供
- 迅速な成果のために、プロジェクト期間を短縮
- シーケンシングをより安価に提供
- 幅広いSMRTシーケンシングアプリケーションをサポート



SMRT 消耗品

充実した消耗品のセットは、お客様のプロジェクトに合わせてシーケンシングのカスタマイズが可能
SMRT Cell 8Mには800万個のZMWがあり、圧倒的なシーケンシングパワー



SMRT ソフトウェア

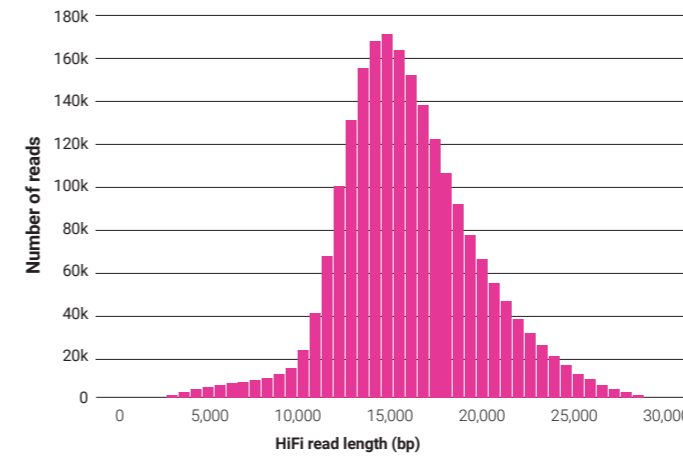
解析ソフトウェアツールは、ランデザインから解析まで、すべてのステップをサポート



信頼できるシーケンシングデータ

長いリード長

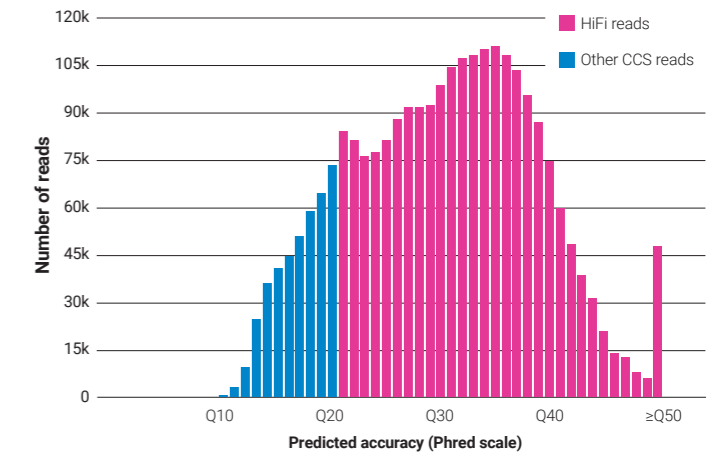
HiFiリードは、最大25kbの長いリード長を提供



SMRTbell® Expressテンプレート調製キット2.0と Sequel IIe システム (2.0ケミストリー, Sequel IIeシステムソフトウェアv10, 30時間ムービー) を用いて15kbサイズセレクションしたヒトライブラリのデータ

高い精度

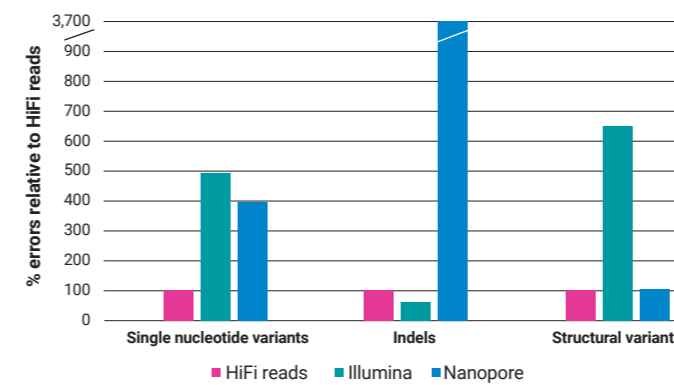
HiFiリードの精度は、中央値で99.9%(Q30)以上と高精度



SMRTbell® Expressテンプレート調製キット2.0と Sequel IIe システム (2.0ケミストリー, Sequel IIeシステムソフトウェアv10, 30時間ムービー) を用いて15kbサイズセレクションしたヒトライブラリのデータ

包括的な変異検出

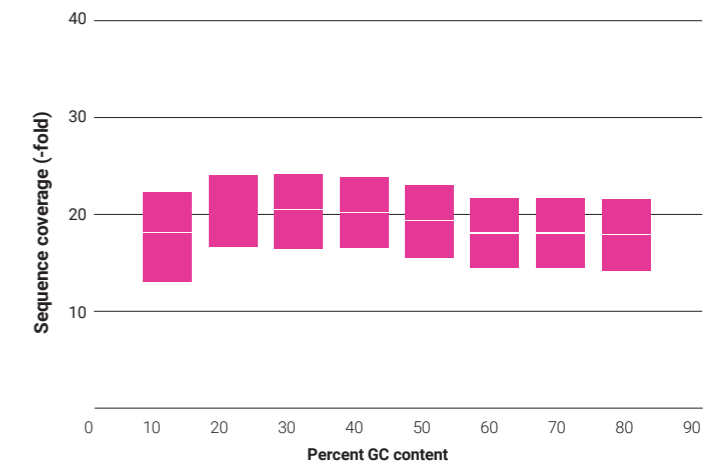
HiFiリードのみが、すべての種類の変異を低いエラー率で検出



Genome in a Bottleベンチマークに対する変異のコールパフォーマンス: PacBio HiFi リード (35カバレッジ、Sequel II システム、2.0ケミストリー)、Illumina (35カバレッジ、NovaSeq)、Oxford Nanopore (60カバレッジ、PromethION R9.4.1)

均一なカバレッジ

HiFiリードは増幅無しで生成され、GC含量に基づくバイアス無し



ヒトのサンプルのGCウィンドウごとの平均カバレッジ。20 kb HiFiライブラリ (2.0ケミストリー、Sequel IIシステム) で作成したデータ

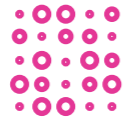
SMRTシーケンシングのアプリケーション

ゲノム、トランスクリプトーム、エピゲノムの包括的な視点を得ることができます。



全ゲノムシーケンシング

完全なリファレンス品質ゲノムの配列の決定とアセンブル、およびハプロタイプのフェージング



変異検出

1塩基変異、インデル、構造変異など、すべての変異を高い精度と再現性でコール



RNAシーケンシング

アセンブル不要の全長転写産物のダイレクトシーケンシングによるアイソフォームの特性の評価



ターゲットシーケンシング

ゲノムの最も困難な領域における変異にも注目



複雑な集団

ヘテロジニアスなミックス中の密接に関連した配列を解明

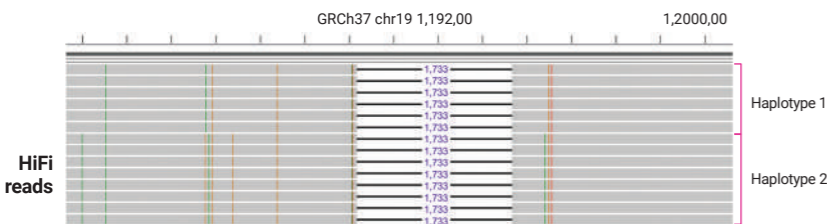


エピジェネティクス

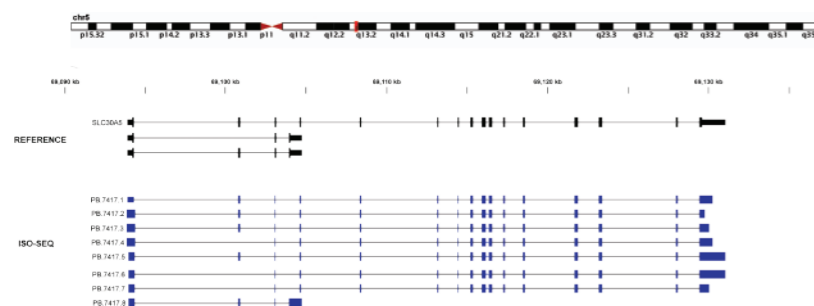
シーケンシング中にDNAの修飾を直接検出



メガベースサイズのコンティグをアセンブルして、ほぼ完全なヒトの1番染色体に



HiFiリードをハプロタイプにフェージングし、ホモ接合の挿入イベントと複数の1塩基変異を確認



Iso-Seq™法で生成した全長転写産物から、複雑な代替スプライシングを確認

柔軟なワークフロー

エンドツーエンドのソリューションを使用し、DNAから発見へ迅速に移行



ライブラリ調製

SMRTbell ライブラリの生成

- 使用しやすいキットで3時間以内にテンプレートを調製
- 長いインサートのためのサイズセレクションオプション
- マルチプレックスおよびバーコードサンプルによるスループットの向上



SMRTシーケンシング

Sequel IIe システムでシーケンシング

SMRT Cell 8M 1セルで、以下の実験が可能:

- 最大2Gbのゲノムのリファレンス品質のアセンブリを作成
- 3Gb程度のゲノム、最大2サンプルの構造変異を検出
- トランスクリプトーム全体の特性解析と代替スプライシングの確認
- 最大96株の単離微生物のリファレンス品質アセンブリを生成
- 最大192サンプルのマイクロバイオームの組成を決定

SMRT Cell 8M 2セルで、以下の実験が可能:

- 3Gb程度のゲノムの1塩基変異、インデル、構造変異の検出
- 3Gb程度の2倍体ゲノムアセンブリのフェージング



データ解析

ラボのすべてのユーザーが解析ポートフォリオを利用可能

- SMRT analysis
直感的なGUIとコマンドラインオプションの探索
- PacBio DevNet
コミュニティで開発されたツールを発見
- SMRTに対応した解析パートナー
信頼できるパートナーが提供するソリューションやサービスを利用

