



#### 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](http://pacb.com/products)

Documentation

[pacb.com/documentation](http://pacb.com/documentation)

Application-specific workflows

[pacb.com/applications](http://pacb.com/applications)

Publications using SMRT® sequencing

[pacb.com/pubs](http://pacb.com/pubs)



Contact a certified  
service provider

[pacb.com/CSP](http://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

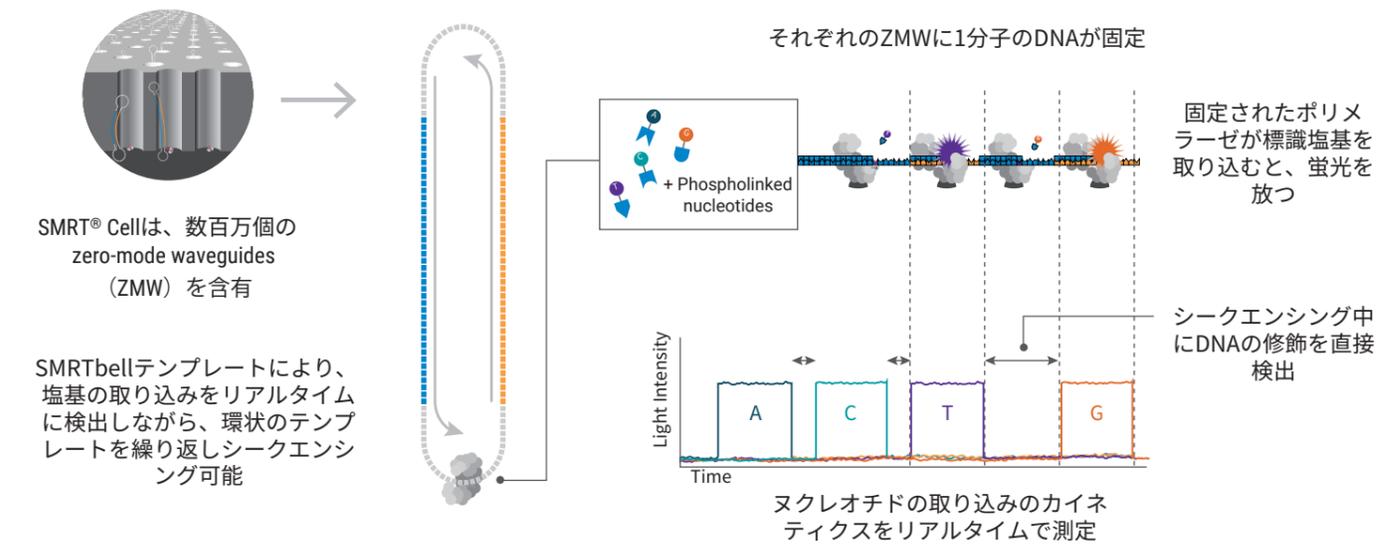
SMRT® シーケンシング - ライフサイエンス研究を加速する、  
超高精度なロングリードDNAシーケンス技術



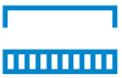
# PacBio®のコアテクノロジー

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

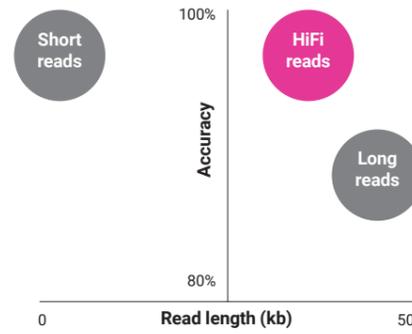


## SMRTシークエンシングの強み

				
<b>ロングリード</b>	<b>高い精度</b>	<b>均一なカバレッジ</b>	<b>1分子の解像度</b>	<b>エピジェネティクス</b>
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

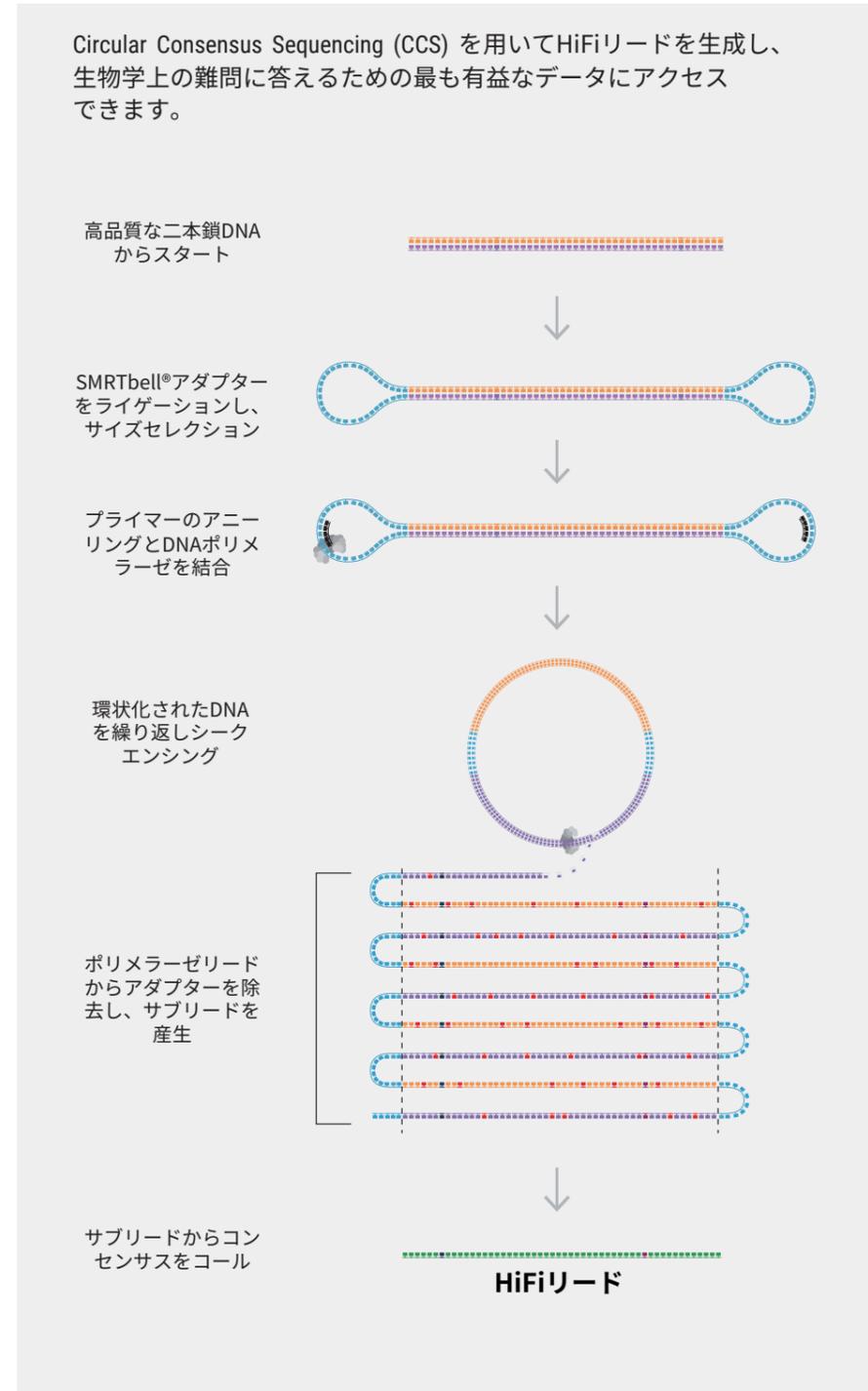
高度な科学的発見の基礎となるシークエンシングデータは、正確かつ完全であることが必要です。高精度ロングリード (HiFiリード) を使用すれば、妥協をすることなく長いリード長と高精度なシークエンシングデータを取得可能です。



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

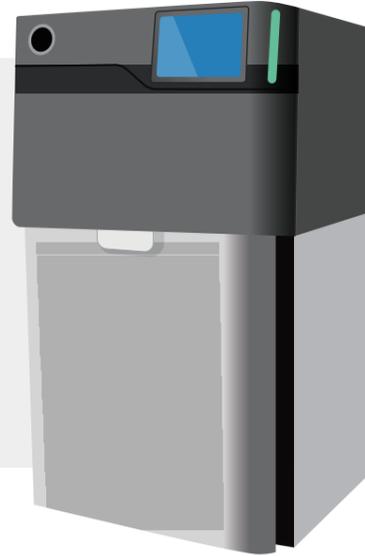


# PacBioのソリューション

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

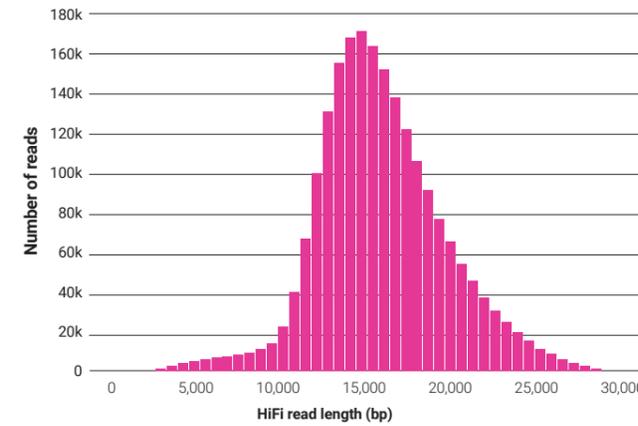
解析ソフトウェアツールは、ランデザインから解析まで、すべてのステップをサポート



# 信頼できるシーケンシングデータ

## 長いリード長

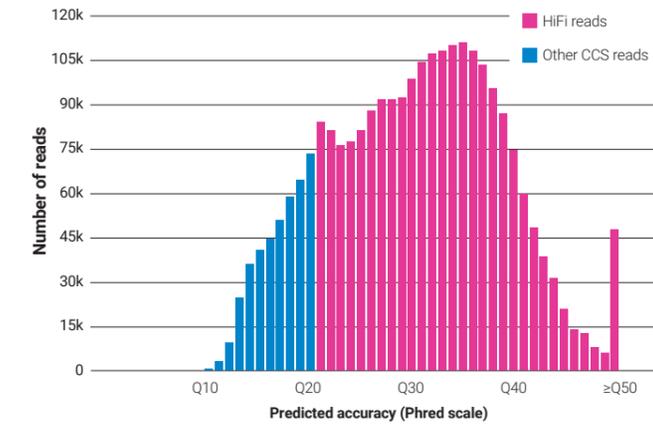
HiFiリードは、最大25kbの長いリード長を提供



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

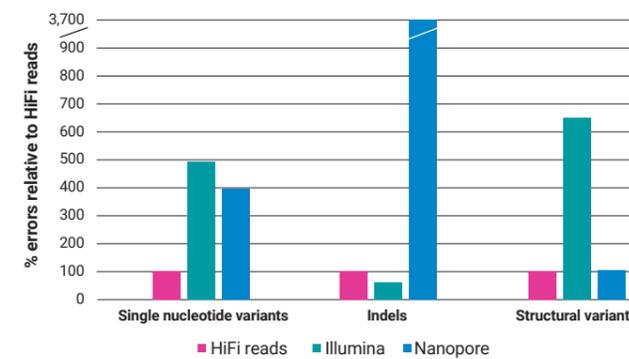
HiFiリードの精度は、中央値で99.9%(Q30)以上と高精度



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

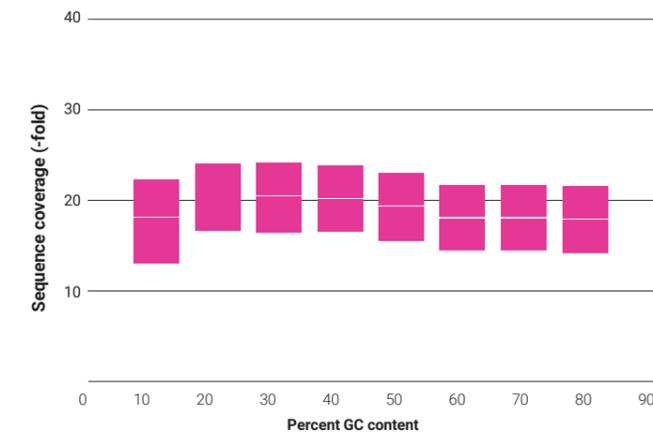
HiFiリードのみが、すべての種類の変異を低いエラー率で検出



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

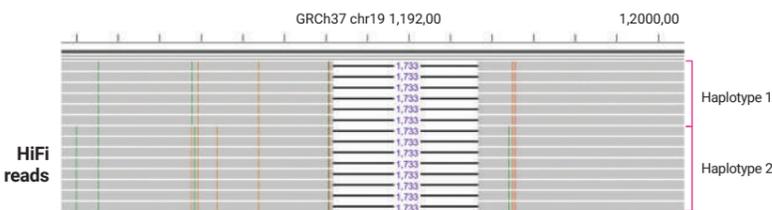


## エピジェネティクス

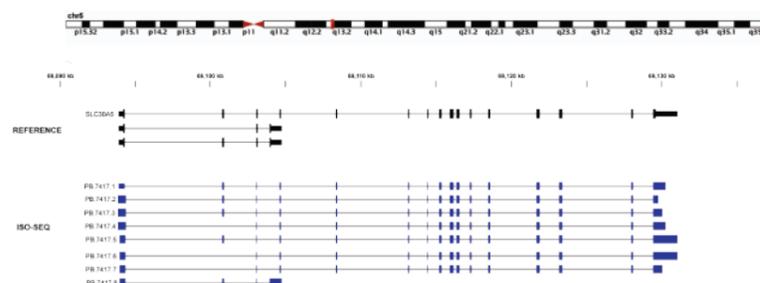
シーケンシング中にDNAの修飾を直接検出



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

