

PacBio



Vegaベンチトップシステム HiFiシーケンスを身近に



高精度なHiFiデータを
リーズナブルに

本体3,880万円（税別）
25万円/ラン（税別）



実績あるHiFiテクノロジーを採用

従来と同様のライブラリ調製、解析ワークフローを使用可能



自分たちでシーケンス

データとプロジェクトスケジュールの最適化を管理可能



様々なアプリケーション

全長RNA、全ゲノム、ターゲットパネルなど

高精度なHiFiを手の届く価格とスループットで提供



HiFiシーケンスは、すべてのランで99.9%以上の精度を提供する唯一のロングリードテクノロジーです。HiFiリードはリードの長さとの精度のトレードオフを解消し、最も複雑な生物学上の課題に取り組むことを可能にします。

Vegaは信頼性が確立され、2023年だけで1,000件以上の査読付き論文が発表され、世界中で1,200台以上が使用されているシーケンシングシステムであるPacBioの最新のシーケンサーです。

HiFiリードの利点



長いリード長



シンプルな
ライブラリ調製



低いカバレッジ
要求度



計算時間を短縮可能な
小さなファイルサイズ



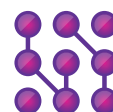
単一パイプラインに
まとめられた解析
ツール



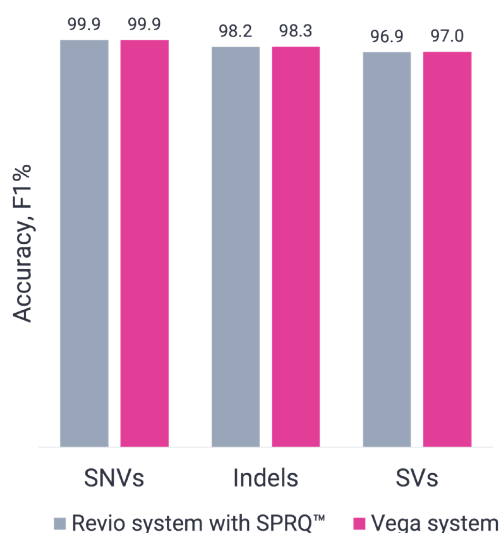
高精度な
リード



認定他社システムを利用可能な
エンド to エンドのワークフロー



単一のテクノロジー
ソリューション



Revioのデータは1個のRevio SMRT Cellから得られたHG002 20xカバレッジのデータです。

1つのシステムから得られる 同水準のゴールドスタン ダードデータ

VegaとRevioシステムは同様に高水準で一貫性のある正確なHiFiシーケンスデータを提供します。HiFiリードはゲノムの全領域をカバーし、最も完全に正確なアセンブリとバリエーションコールを可能とします。複雑な領域を見逃す可能性のあるショートリードとは異なり、HiFiは全長の転写産物や難読領域にも対応します。どちらのHiFiシステムでも、低いカバレッジ要件で最高のゲノムを得ることができます。

HiFiリードでバイオロジーをより完全に理解する



フェージング +メチレーションによる 包括的な変異検出

難読領域を含む
SNV、InDel、構造多型、
タンDEMリピート伸長、
メチル化などの全種類の変異
に高精度でアクセス可能



全長RNA シーケンス

全長アイソフォーム、
複雑な選択的スプライ
シング、融合遺伝子の
解析



特定遺伝子のターゲット シーケンス

PureTarget™、ハイブリッド
キャプチャまたはPCRアンプ
リコンによる関心領域のエン
リッチメントでHiFiバリアン
トコールの威力を発揮させる



微生物 ゲノミクス

マイクロバイオーームと
メタゲノムのキャラクタ
ライズを行い、微生物群の
理解を深める

「HiFiロングリードシーケンスによって、単一技術で得られる最も包括的な変異解析データセットを研究室内で作成できるようになり、塩基置換、InDel、STR、構造変異を正確に検出できるようになった。」

Kucuk et al. Genome Med 2023

1つのSMRT® Cellから60 Gbのデータを取得可能

アプリケーション	カバレッジ 期待値	Vega SMRT Cell 当たりのサンプル数	年間サンプル数
アンプリコン	50×	>1,000	200,000
微生物ゲノム	30×	384	75,000
PureTarget パネル	>100× (ターゲットあたり平均)	48	9,600
Kinnex™ full-length RNA kitによるトランスクリプトーム	10M リード	3	600
ヒトゲノム	20×	1	200
ヒトメチル化プロファイル	5×	4	800

すべてのサンプルスループットは、Vegaシステムで1回あたり1個のSMRT Cellを使用した場合の推定値です。Vegaの年間スループットは、Vega SMRT Cellを200個使用した場合の値です。カバレッジは、サンプルの質、ライブラリの質、フラグメントの長さによって異なる場合があります。現在入手可能な SMRTbell adapter index plates 96A-96Dには、合計384個のSMRTbell バーコード付きアダプターが含まれています。微生物のde novoアセンブリは、2 Gbの総ゲノムサイズの微生物に対しサンプルあたり30x必要という想定で計算しています。全長RNAシーケンスでは、Vegaで合計30Mリード取得することを想定しています。

小さくてパワフル



革新的なHiFiテクノロジーをベンチトップ装置として提供

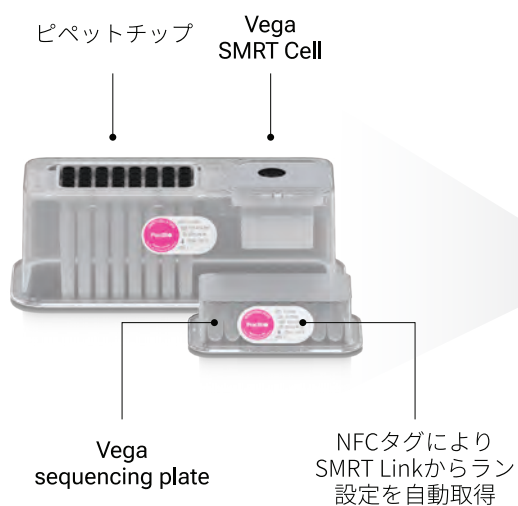


HiFiライブラリ調製ワークフローとSMRT Linkによるラン管理ソフトウェアのシームレスな統合



DeepConsensus、メチル化コール、バーコードデマルチプレックス（選択時）を含む一次解析が装置内で完結

2種類の消耗品による簡単なセットアップ



Vega SMRT CellはHiFiシーケンスの心臓部であり、リアルタイムで1分子の情報を取得する半導体デバイスを搭載しています。

Vega sequencing plateには必要なすべての試薬が含まれており、サンプルを分注し使用します。

Vega sequencing plateとSMRT Linkのラン設定が自動リンクされます。直感的なデザインと知覚による確認機能により、ミスや結果を得るまでのステップを減らすことができます。

SMRT Linkソフトウェアによる実験のデザイン+コントロール

ローカルサーバーもしくはクラウドにインストール可能なエンドtoエンドのワークフロー



Sample setup

すべてのHiFiシステムで使用可能なライブラリ調製のためのバインディング反応とアニーリング反応の計算



Run

シーケンシングラン情報、ラン進捗状況モニタリング、ランデザインの作成



Instruments

シーケンシング状況、残りラン時間、次のランのためのプリロードの可否などの機器の状況の確認



Data management

ProjectやData Setの作成、QCレポートの閲覧、リファレンス配列やバーコード配列の閲覧とインポートや削除





SMRT Analysis

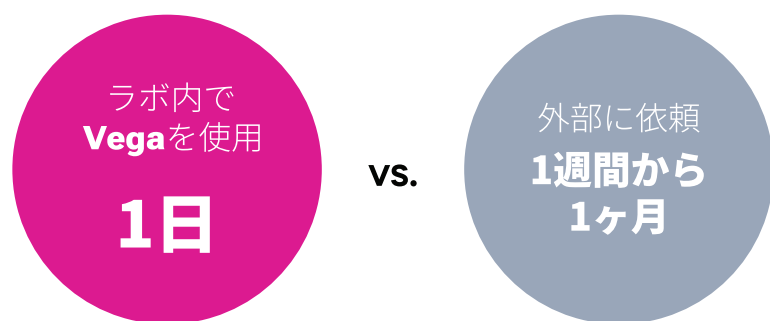
アライメント、変異検出、構造変異検出、RNA解析などの二次解析の実施

計算リソースやストレージコストの節約

Vegaシステムは、塩基配列だけにとどまらず、ディープラーニングアルゴリズムにより算出された**DNA**メチル化状態を自動的に算出します。装置内での一次解析時には、バーコードデマルチプレックスと**BAM**フォーマットへの変換が実行されます。効率的なデータ構造により塩基配列、クオリティ値、メチル化を含む情報を**1塩基あたり約0.5Byte**でエンコードすることで、他のロングリード技術と比べて**20分の1**のファイルサイズを実現し、有意義な洞察を早く得ることができます。

	装置内での処理	装置外での処理	典型的なファイル形式とサイズ
 Vegaシステム	<ul style="list-style-type: none">・ ベースコール・ DeepConcensusによるHiFiリードの生成・ メチル化コール・ バーコードデマルチプレックス・ BAMファイル生成	<ul style="list-style-type: none">・ 変異検出・ ゲノムアセンブリ	hifi_reads.bam Vega: 30 GB
 他社ロングリード技術	<ul style="list-style-type: none">・ シグナル取得・ ベースコール	<ul style="list-style-type: none">・ 追加のベースコール・ メチル化コール・ バーコードデマルチプレックス・ BAMファイル生成・ 変異検出・ ゲノムアセンブリ	Fast5/pod5 1,300 GB

自分たちでシーケンス



1ラン、1SMRT Cellで 完結するため待ち時間不要

シーケンシングをラボ内で行うことで、データ、スケジュール、予算を管理することが、より効果的なプロジェクト管理につながります。

連続運転: Vegaは次のランのための消耗品をあらかじめセットしておくことができ、実験プロセスの効率化が可能です。

サンプル前処理から結果取得までのHiFiワークフローを効率化

PacBioの標準化されたHiFiワークフローにより、サンプル抽出からデータ解析まで、HiFiリードの導入がこれまで以上に簡単になります。

このシームレスな体験は、Vegaシステムの直感的な実験セットアップと完全に自動化されたシーケンスにより1分未満のハンズオン・ローディング時間で、信頼性の高い満足のいくデータを取得できます。



ワークフローの統合 - 実験者のために







世界トップクラスのサービス&サポートチームとPacBio Compatibleプログラムは、HiFiシーケンシングに最適化された業界トップクラスのサードパーティ製品をあらゆるステップで統合することで、お客様の実験を迅速に立ち上げ、実行する手助けをします。

PacBioの科学者により認定された30社以上の信頼できるパートナーがあなたの実験ワークフローを統合する手助けをすることで、必要な答えを効率的に得ることができます。

高精度なHiFiデータを実施可能な価格で

リファレンス品質の微生物ゲノムの作成、リピート伸長領域の解析、全長アイソフォームのキャラクタライズ、包括的でフェージングされたヒトゲノム解析を行うことができ、研究室を新規発見のためのハブに変えることができます。Vegaシステムは、HiFiデータを身近なものにし、従来は手の届かなかった精度とクオリティを提供します。

キーアプリケーション（カバレッジ ¹ ）		SMRT Cell当たりのサンプル数 ¹
	微生物ゲノム ² (30x)	384
	PureTargetパネル ³ (>100x/ターゲット)	48
	Kinnex full-length RNA kit ⁴ を用いたトランスクリプトーム解析(10M リード)	3
	ヒトゲノム ⁵ (20x)	1

- 1. すべてのサンプルスループットは、Vegaシステムで1回のランにつきSMRT Cellを1つ使用し、SMRT Cell1つあたり最大60 Gbした場合の推定値です。カバレッジは、サンプルの質、ライブラリの質、フラグメントの長さによって異なる場合があります。現在入手可能な SMRTbell adapter index plates 96A-96Dには、合計384個のSMRTbell バーコード付きアダプターが含まれています。
- 2. 微生物のゲノムアセンブリは、2 Gbの総ゲノムサイズの微生物を想定しサンプルあたり30x必要という想定で、HiFi plex prep kit 96 (103-381-300)を用いた計算をしています。
- 3. PureTarget 24 kit (103-707-900)を用いた手作業でのライブラリ調製
- 4. Kinnex full-length RNA kit (103-072-000) で合計30M取得することを想定
- 5. ヒトゲノムはSMRTbell prep 3.0 (102-182-700)を用いて20x カバレッジで所得することを想定

Vegaシステム仕様

ライブラリ	ランタイム ¹	Q30+ bases	HiFi収量/Vega SMRT Cell ²	メチル化
0.5–5 kb	12 hours	95%	6–8M リード	CpGサイトの5mC, 6mA (ネイティブDNA)
5–10 kb	24 hours	90%	25–50 Gb	
10–15 kb			50–60 Gb	
15–20 kb			50–60 Gb	

- 1. ランタイムとはデータ収集ステップのことです。
- 2. HiFi収量は、ライブラリの質とシーケンス調製手順に依存します。本仕様の収量は、ベストプラクティスに従って調製した高品質なサンプルに基づいています。

Vegaで何ができますか？

初めてPacBioシーケンサーを購入される方、追加購入される方も、Vegaがお客様のラボに何をもたらすかを営業担当者にお問い合わせください。



Learn more about the Vega system:
pacb.com/vega

装置使用環境

温度	19–25°C
湿度	相対湿度20-80%、結露させないこと
放熱量	4,250 BTU/hr (1,250 W)
騒音	<70 dBA

寸法

W × D × H	55.7 cm × 69.5cm × 76.8cm
重量	125 kg

電源

必要電源	100-120 VAC、50-60 Hz
------	----------------------

計算機

ネットワーク接続	1 GbE
装置オペレーションシステム	Rocky Linux 9.4
出力フォーマット	hifi_reads.bam; ~30 GB / ラン年間; ~6 TB



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