



动植物科学： 农业基因组学

准确实用的数据推动农业发展

通过 HiFi 测序揭示动植物基因组的复杂性，从而利用农业基因组学的见解开展育种、保护和基因组工程研究，以满足日益增长的人口需求。

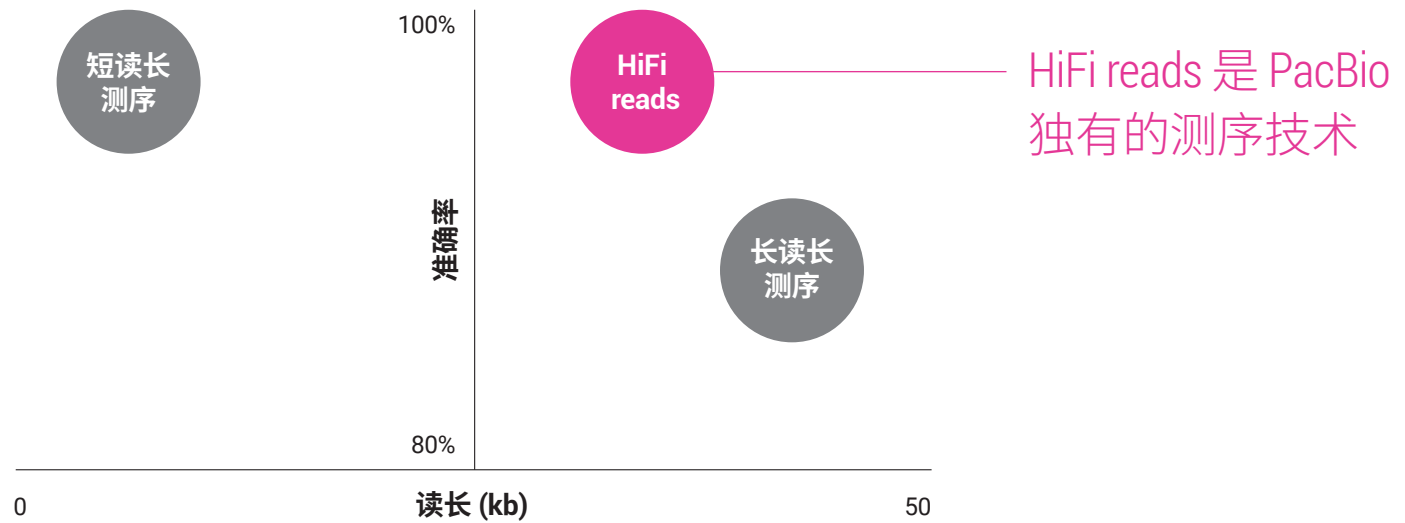
利用农业基因组学应对全球挑战

随着世界人口的增长和气候模式的变化，科学家们正在转向现代基因组技术，以可持续地方式满足日益增长的人口需求。PacBio 提供前沿测序解决方案，使农业科学家能够发现并利用生物信息。科学家可以利用这些生物学见解来加强标志物的开发，有利于生产更有营养的食品，保护作物和牲畜健康，并提高农业产量。



HiFi 测序兼有长读长测序和短读长测序的优点

有了 PacBio HiFi 测序，您无需再在长读长测序和高精度测序之间折衷。



HiFi reads 的优势

读长可长达 25 kb	下机数据准确率 (99.9%)	简单的建库流程	低基因组覆盖度要求	数据文件精简，最大程度缩短计算时间	仅使用一个技术方案即可满足多种应用需求

在一条包含 20,000 个碱基的 HiFi read 中只有 8 个碱基的测序错误



农业基因组学数据如何发挥作用



促进农业基因组学发展的应用



全基因组测序

即使是微小的昆虫，也能产生具有定相单倍型的参考级别质量的基因组



结构变异检出

使用错误率低的高灵敏度变异检出，获得不同种群的实用见解



靶向测序

选择灵活多样，可靶向目标区域以检测所有变异，即使十分复杂的区域也是如此



RNA 测序

获取全长转录本序列，以识别新的基因和转录本，并优化基因组注释



复杂群体

通过长且高精度的单分子 read 全面表征宏基因组，无需组装



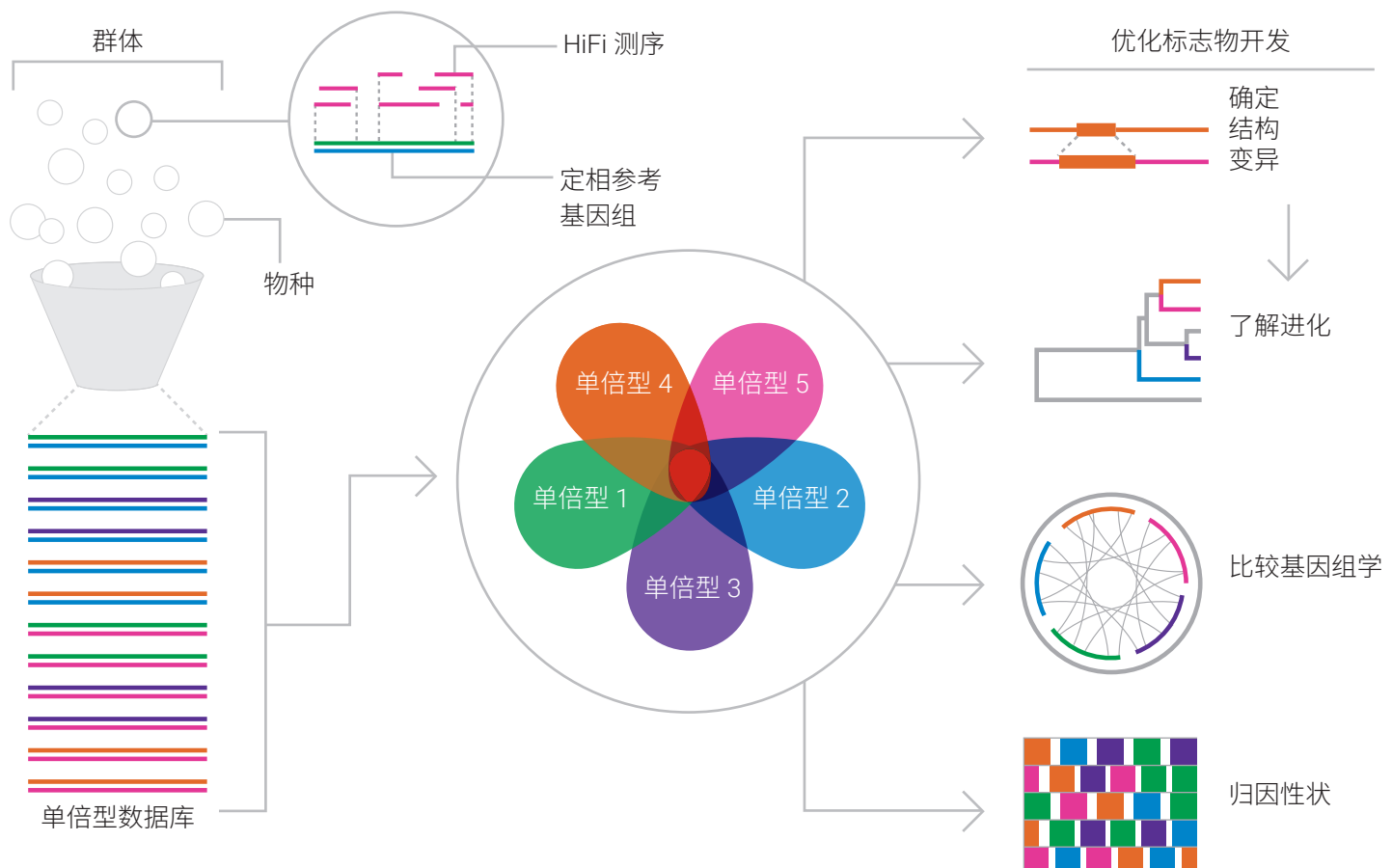
农业基因组学用于育种计划

构建单倍型分辨率的泛基因组，以推动标志物的开发、性状发现和种质表征

- 构建用于育种的单倍型分辨率参考级别质量的泛基因组
- 利用 SNP、结构变异和复杂基因型实现理想性状
- 在全基因组范围内捕获远交系、近交系和种群中的基因组变异

全基因组测序为育种家提供了数据驱动型策略，通过识别理想性状进行分子标记辅助育种。然而，在复杂的动植物生物学中，这些性状往往非常复杂，无法归因为单个 SNP，需要在完整的单倍型中进行理解。

因为 HiFi 测序本质上为单分子测序，准确度高，读长可达数千个碱基，因此即使是十分复杂的动植基因组也可以快速组装定相的参考级别质量的基因组。利用第三代测序工具，研究人员能够更好地理解复杂性状与气候适应、害虫和病原体抗病性以及健康之间的因果关系。





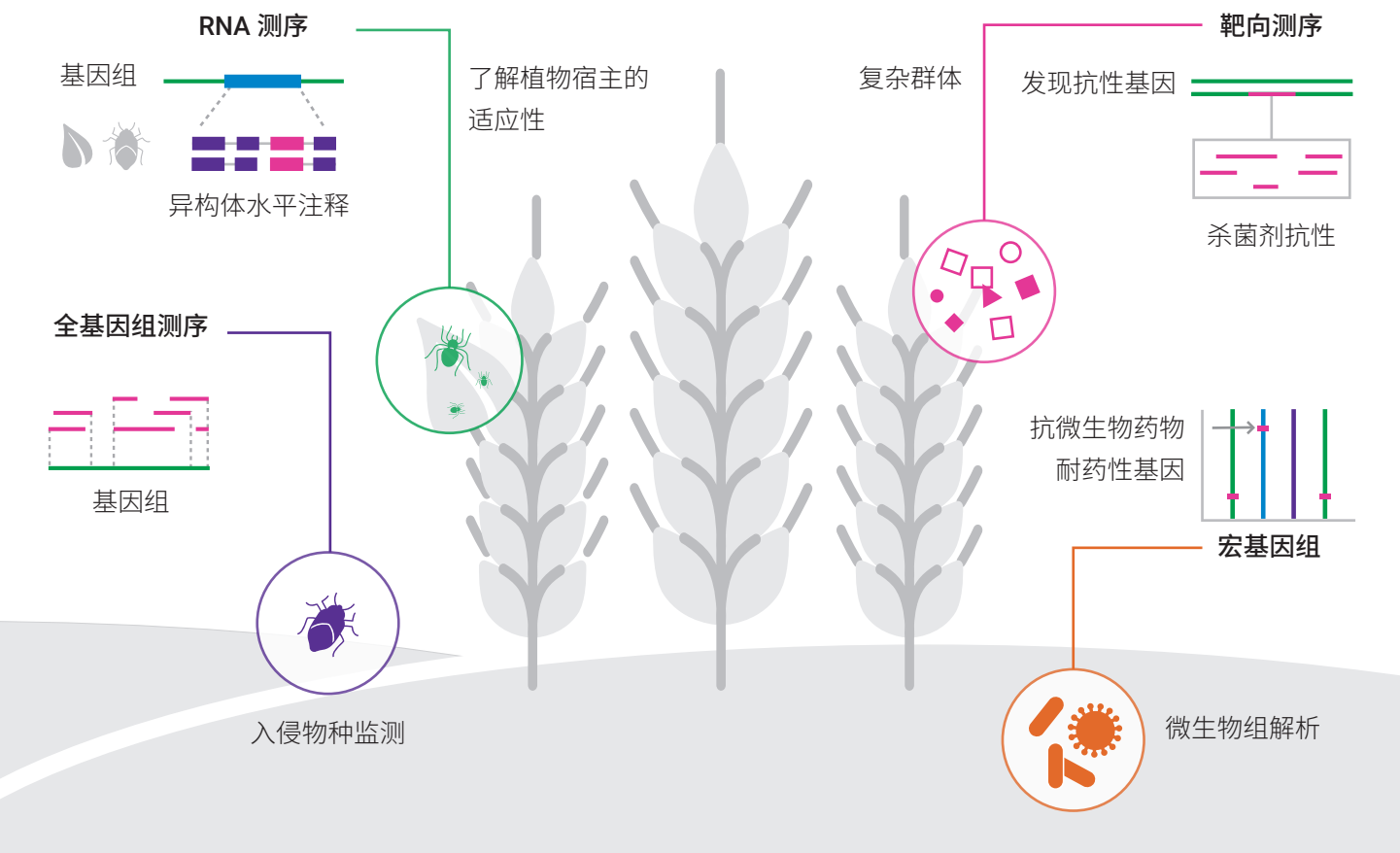
农业基因组学用于病虫害研究

确定保护作物和牲畜健康的基因组策略

- 在分子水平上了解害虫多样性
- 用起始量仅为 5 ng 的 DNA 进行完整的基因组组装
- 构建注释以更好地理解基因功能

寻找昆虫、杂草和真菌等危害农业产量的生物体的高度可变遗传学中隐藏的基因组线索，从而在分子水平上解决害虫问题。

昆虫、真菌、入侵物种和农业害虫的生命周期较短，繁殖迅速，导致单个种群内的基因高度可变。HiFi 测序为研究人员提供了深入研究基因组和转录组的技术，可以发现负责免疫、代谢解毒和抗杀虫剂的新基因。





农业基因组学用于基因组工程项目

用于新型农业模式的测序工具

- 使用准确的参考基因组加快设计工作流程
- 在转录组中寻找剪切变异体
- 验证编辑的位点
- 确定染色体间的结构重排

可靠、轻松、灵敏地发现、设计和验证基因组工程的工作流程。

农业科学家们深知，为了养活 2050 年生活在地球上的约 100 亿人口⁹，需要各种不同的可编程的分子技术来增加我们的粮食供应。无论您需要更好的参考基因组来设计编辑实验，还是需要测序数据来验证构造、确认编辑和评估脱靶效应，HiFi 测序都能提供快速、可靠的解决方案。



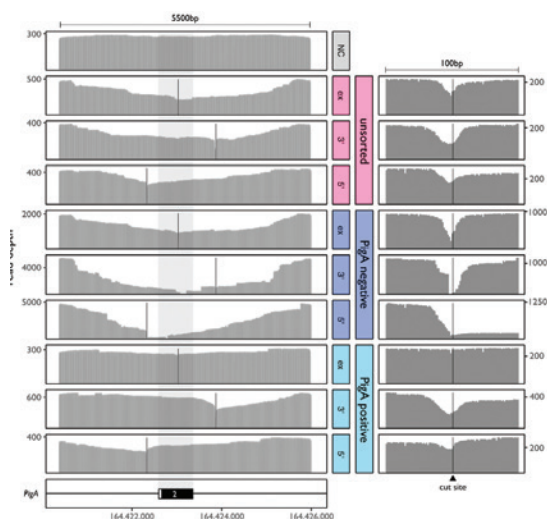
利用出色的参考基因组实现出色的编辑

科学家使用 PacBio 全基因组测序来评估 CRISPR 编辑的小牛体内供体模板的在靶和脱靶情况¹⁰。

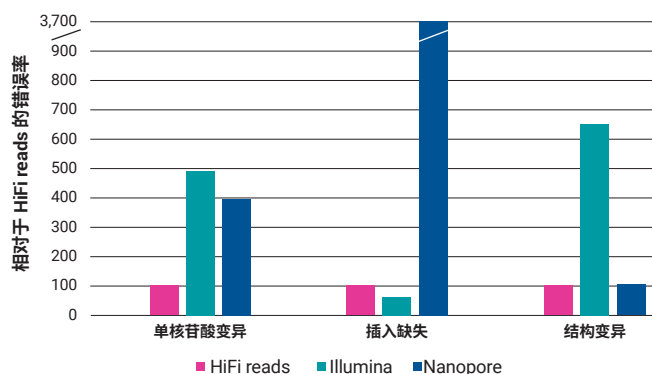
目标区域外的序列

要了解 CRISPR-Cas9 的编辑程度，需要高精度的长读长测序，以捕获在靶和脱靶效应，从而在靶向区域和全基因组范围内全面评估编辑结果。

靶点验证



全面检测各类变异



相对于“瓶中基因组” (Genome in a Bottle) 标准，PacBio HiFi reads (35 倍，Sequel II 系统，2.0 版本测序试剂)；Illumina (35 倍，NovaSeq)；Oxford Nanopore (60 倍，PromethION R9.4.1) 的变异检出性能比较

使用选定的 gRNA，对 CRISPR-Cas9 方法编辑的 PigA 位点进行分析。对 gRNA 切割位点（垂直线）周围的 5.5 kb 扩增子进行 SMRT® 测序，可以检测到其他方法遗漏的大片段缺失和结构变化¹¹



工作流程

通过易于使用的高通量测序流程，您可以以合理的成本获得所需的测序准确度



样本制备

灵活的 DNA 起始量要求，
低至 5 ng



建库

可调整的多重分析选项，
大幅提高通量



SMRT® 测序

一次运行一个 SMRT® Cell
8M，或设置为多个连续运行，
即可自动进行测序



数据分析

使用 SMRT® Link 或开源
工具分析您的 HiFi 数据

这一可扩展的工作流程每年能够对成百上千个基因组进行测序





总部

1305 O' Brien Drive
Menlo Park, CA 94025
United States
电话: 1.650.521.8000

客户服务

电话: 1.877.920.PACB (7222);
分机号 1
传真: 1.650.618.2699
orders@pacb.com

技术支持

电话: 1.877.920.PACB (7222);
分机号 2
support@pacb.com

 PacBio 是一家全球性公司，在世界各地均设有办事处。访问 pacb.com/contact-us 获取联系信息。

准备好开始 HiFi 测序了吗？



如需了解有关 HiFi 测序的更多信息，请访问 pacb.com/hifi



联系 PacBio 了解更多信息：
北美地区: nasales@pacb.com
南美地区: sasales@pacb.com
欧洲、中东和非洲地区: emea@pacb.com
亚太地区: apsales@pacb.com



联系 PacBio 科学家
开启探索之路：
pacb.com/scientist

参考文献

1. Lowell, J.T., et al. (2021) **Four chromosome scale genomes and a pan-genome annotation to accelerate pecan tree breeding** *Nat Commun* 12, 4125. DOI:10.1038/s41467-021-24328-w
2. Hufford, M.B., et al. (2021) **De novo assembly, annotation, and comparative analysis of 26 diverse maize genomes** *Science* 373, 6555. DOI: 10.1126/science.abg5289
3. Sun, X., et al. (2020) **Phased diploid genome assemblies and pan-genomes provide insights into the genetic history of apple domestication** *Nat Genet* 52, 1423–1432. DOI: 10.1038/s41588-020-00723-9
4. Liu, Y., et al. (2020) **Pan-Genome of Wild and Cultivated Soybean Cell** 182, 1 162–176. DOI: 10.1016/J.CELL.2020.05.023
5. Kingan, S.B., et al. (2019) **A high-quality genome assembly from a single, field-collected spotted lanternfly (*Lycorma delicatula*) using the PacBio Sequel II system**, *GigaScience* 8, 10, giz122. DOI: 10.1093/gigascience/giz122
6. Samils, B., et al. (2021) **Development of a PacBio Long-read sequencing assay for high throughput detection of fungicide resistance in zymoseptoria tritici front.** *Microbiol* 12, 1610. DOI:10.3389/fmicb.2021.692845
7. Hou, Z., et al. (2021) **Comparative transcriptome analysis of the newly discovered insect vector of the pine wood nematode in China, revealing putative genes related to host plant adaptation.** *BMC Genomics* 22, 189. DOI: 10.1186/s12864-021-07498-1
8. Bickhart, D.M., et al. (2019) **Assignment of virus and antimicrobial resistance genes to microbial hosts in a complex microbial community by combined long-read assembly and proximity ligation.** *Genome Biol* 20, 153. DOI: 10.1186/s13059-019-1760-x
9. United Nations (2019) **Growing at a slower pace, world population is expected to reach 9.7 billion in 2050 and could peak at nearly 11 billion around 2100**
10. Owen, J.R., et al. (2021) **One-step generation of a targeted knock-in calf using the CRISPR-Cas9 system in bovine zygotes.** *BMC Genomics* 22, 118. DOI: 10.1186/s12864-021-07418-3
11. Kosicki, M. et al. (2018) **Repair of double-strand breaks induced by CRISPR-Cas9 leads to large deletions and complex rearrangements.** *Nature Biotechnology*, 36, 765–771.

本文件中的信息如有更改，恕不另行通知。PacBio 不对本文件中的任何错误或遗漏承担任何责任。某些通知、条款、条件和/或使用限制可能与您使用 PacBio 产品和/或第三方产品有关。适用的 PacBio 销售条款和条件，以及适用的许可条款，请参阅 <http://www.pacb.com/legal-and-trademarks/terms-and-conditions-of-sale/>。PacBio、PacBio 徽标、SMRT、SMRTbell 和 Sequel 为 PacBio 的商标。所有其它商标均为其各自所有者的专有资产。

