



动植物生物学

用于物种保护、生物多样性和生物发现的准确且实用的数据

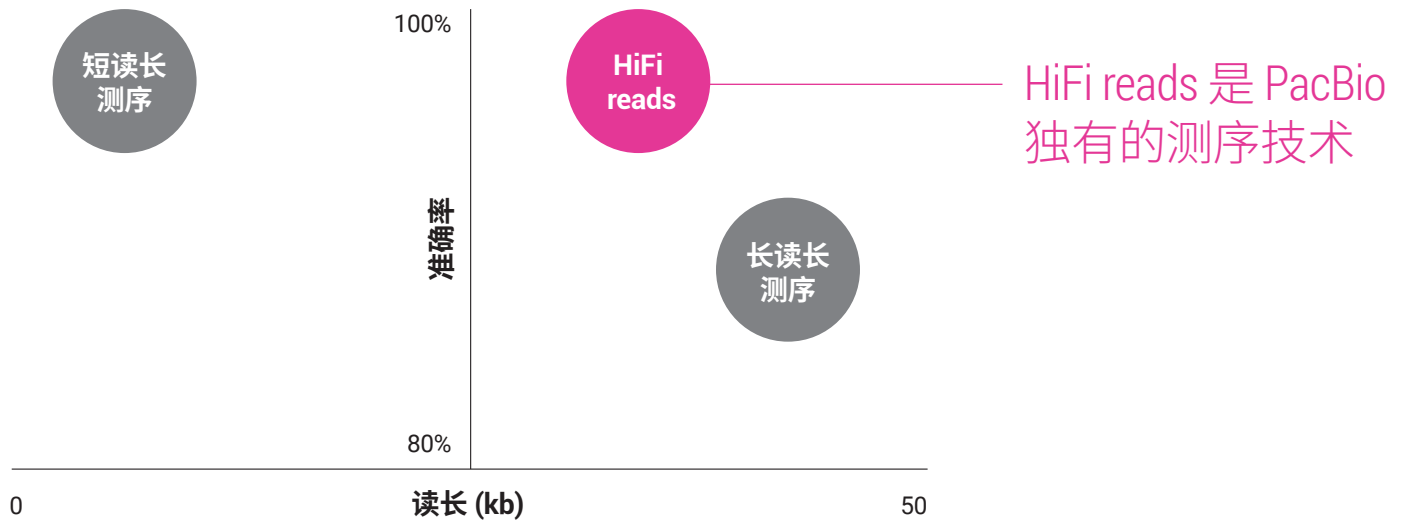
通过对各种生物体进行 HiFi 测序，揭示动植物生物学的复杂性。通过更准确的基因组和转录组信息，了解更多关于物种和种群的信息。

通过测序了解和保护物种、种群和生态系统

随着气候模式的变化和生态系统的转变，科学家们正转向现代基因组学技术，以更好地理解 and 保护与我们共享这个世界的物种和种群。PacBio® 提供前沿的测序解决方案，使动植物生物学家能够发现和利用各种生物体（无论大小）的生物信息。从海洋到天空，以及其间万物，研究人员正在使用能更准确地代表动植物复杂生物学的基因组数据来推动保护工作，捕获生物多样性，并深入研究所有生物体的独特生物学。

HiFi 测序可获得更出色的长读长和短读长

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 技术解决方案 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



推动动植物生物学研究的应用



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

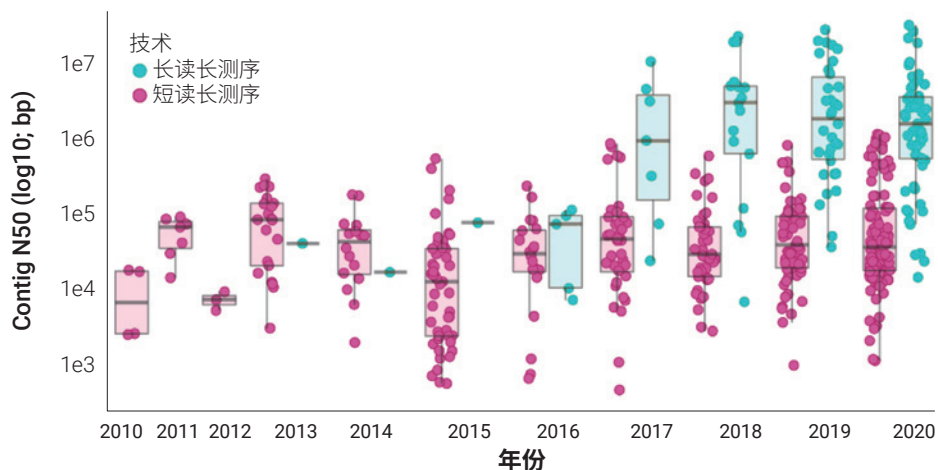
通过长且高精度的单分子 read 全面表征宏基因组，无需组装

昆虫生物学

开发病虫害预防方法，了解基础生物学，利用群体或单一个体改进害虫控制策略。

对基因组进行测序，捕获昆虫的丰富多样性

20 多年前，《科学》杂志上发表了首个昆虫 (*Drosophila melanogaster*) 基因组图谱，从那时起，昆虫生物学科学界已经对全世界昆虫、节肢动物和害虫的数百个基因组进行了测序。尽管这些基因组只占地球上百万余种昆虫的 0.06%，但科学家们正在以前所未有的速度对更多的昆虫基因组进行测序，因为长读长测序使科学家能够有效地组装、定相和捕获从单核苷酸多态性到复杂结构变异的基因组多样性。

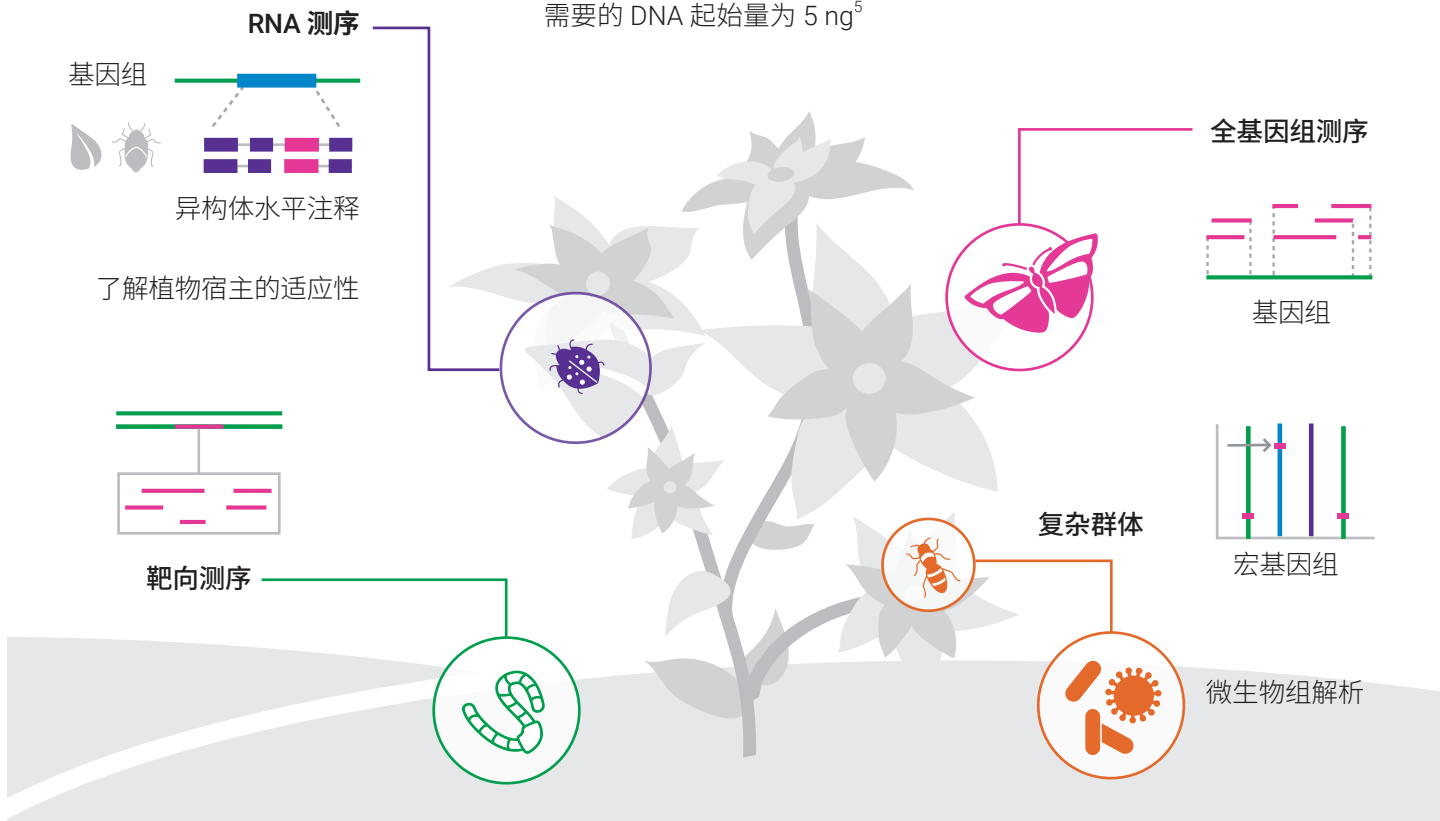


昆虫基因组组装连续性 (按年列出)⁴
图片摘自 *Long Reads Are Revolutionizing 20 Years of Insect Genome Sequencing*

对极小的生物进行测序

克服 DNA 起始量障碍，对微小的昆虫进行测序

- **标准 HiFi 工作流程** — 一种 HiFi 测序方法，需要 > 300 ng 的 DNA 起始量
- **超低 DNA 起始量工作流程** — 一种 HiFi 测序方法，增加了一个扩增步骤，需要的 DNA 起始量为 5 ng⁵



深入了解海洋生态系统，研究进化，揭示关于发育生物学的深层次见解，应对气候变化挑战。

对基因组进行测序，保护海洋生物多样性

科学有时看起来像是一次捕鱼探险。但对于那些正在绘制构成地球海洋的 321 万亿加仑水的深度图的人来说，收集遗传信息的工作尤其困难。全球海洋物种的多样性超乎想象，并且还有成千上万的物种尚待发现和描述。幸运的是，全面表征海洋物种遗传学的工作正在有条不紊地进行。许多科学家正在利用 HiFi 测序技术探索各种海洋物种的基因组和转录组，以及海洋生态系统。这些研究增加了我们对海洋物种如何适应环境以及如何进化的理解，为我们保护湖泊、河流、海洋中的生命提供了重要信息。

- **全基因组测序**
组装高质量基因组，更好地了解复杂基因型，如生物发光⁶
- **RNA 测序**
通过全长转录组测序了解鱼类如何适应恶劣环境⁷
- **复杂群体**
通过解析微生物，理解共生关系，深入了解水生生态系统⁸
- **靶向测序**
对目标基因组区域进行识别、测序和多重分析，而无需考虑扩增子大小

环境
压力源



PH



温度



使用 SMRT®
测序检测效应

DNA 测序
群体变异

RNA 测序
转录补偿机制

宏基因组测序
改变微生物群落

海洋生态系统测序应用⁹

从“最困难”的生物体中获取高分子量 DNA

众所周知，从软体动物、珊瑚和其他海洋物种中分离 DNA 非常困难。但是，利用 Circulomics 的 Nanobind 技术，从海洋标本中获取高质量 DNA 变得比以往任何时候都容易。



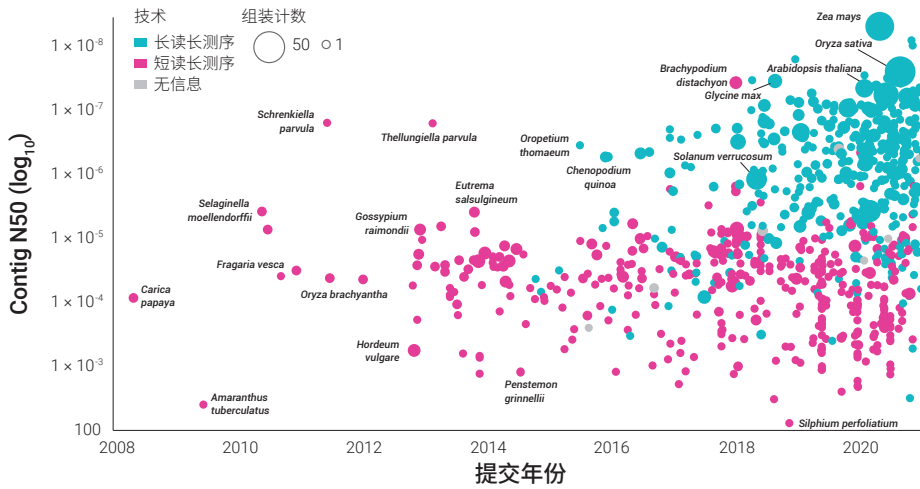
Circulomics Nanobind 技术概览¹⁰

动植物生物学

寻找隐藏在复杂动植物基因组中的答案，以便更好地理解它们的进化，揭示其复杂特征，并在种群规模上捕获生物多样性。

动植物基因组学的发展前景

在过去 20 年里，动植物研究人员研究了世界上最复杂的基因组，这些基因组涉及不同的大小、倍体、重复元件和 GC 含量等等。尽管面临这些挑战，但在高精度长读长测序的帮助下，动植物基因组学研究正攀升到新高度，与短读长组装的基因组相比，contig N50 增至 32 倍，并且能够解析复杂的单倍型。随着科学家们继续对生命之树 (Tree of Life) 进行测序，目前公布的基因组（仅代表地球上真核生物物种的一小部分）改变了我们对生物多样性的总体认识，并被用来更好地保护生物多样性。

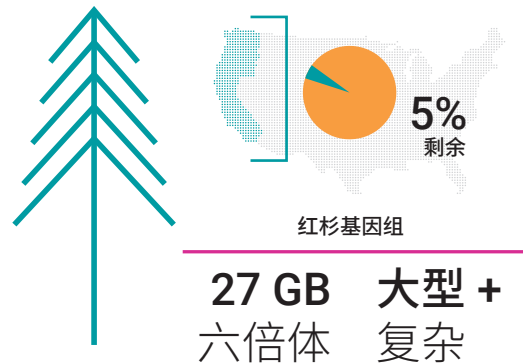


陆地植物基因组组装质量和可用性随时间的变化¹⁵
图片摘自 *Representation and participation across 20 years of plant genome sequencing*

- **全基因组测序**
即便对于极为复杂的大型基因组，也能构建单倍型分辨率的从头组装基因组¹¹
- **RNA 测序**
为个体或以单细胞分辨率生成异构体水平的转录组^{12,13}
- **复杂群体**
通过高质量的宏基因组获取复杂群体的全面信息¹⁴
- **靶向测序**
对目标基因组区域进行识别、测序和多重分析，而无需考虑扩增子大小

巨型基因组：加利福尼亚红杉

加利福尼亚红杉 (*Sequoia sempervirens*) 是世界上生长最快的针叶树之一，可以存活数百年。它曾遍布北半球，而如今原始的古老海岸红杉林只剩下 5%。



加利福尼亚红杉测序项目概览¹⁶

技术重要性

PacBio HiFi 测序确保获得高准确度的复杂基因组



短读长测序



长读长测序



HiFi reads

效率重要性

HiFi 测序可以快速经济地产生高质量的结果



Contig N50



覆盖度



项目时间

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. 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

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。

