

PacBioから新型シーケンサーと新製品が登場

2022年10月25日から10月29日まで開催されたAmerican Society of Human Genetics (ASHG) の2022 Annual Meetingで、PacBio社が発表しました2機種の新機種のシーケンサーと、ロングリード用の新たなライブラリ調製キットについてご紹介いたします。

Sequle IIeの15倍の出力の高精度ロングリードシーケンサー Revio™ System

Specifications

100M
ZMW / run

360 Gb
HiFi yield per run

24 hr
Sequencing time

15-18 kb
Read length

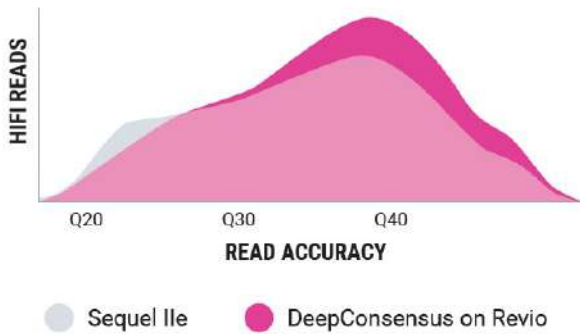
5mC
DNA methylation

90% ≥Q30
Base quality

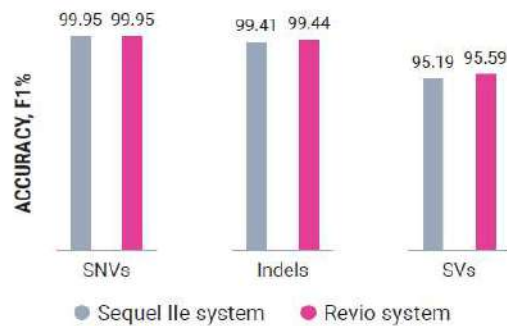
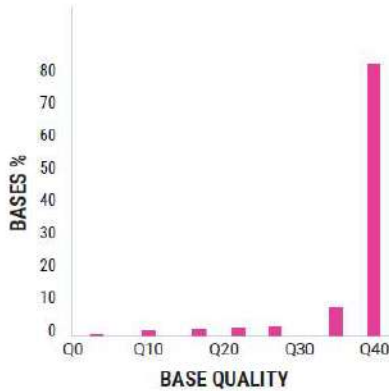
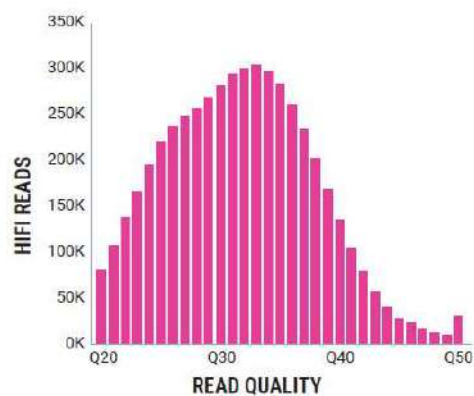
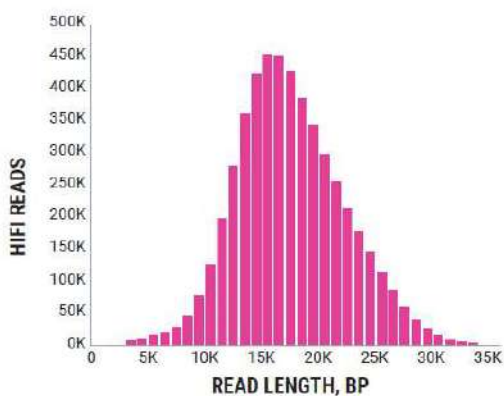


	Sequel® IIe system	Revio system	Increase
Higher density	8 million ZMWs	25 million ZMWs	3×
Independent stages	1	4	4×
Shorter run times	30 hours	24 hours	1.25×
30× HiFi human genomes/year	88	1,300	15× overall

1セルあたりのZMWsを3倍高密度化、並行して解析可能なステージを4台とし、ラン時間を2割削減することにより、15倍のスループットを達成します。



Revio systemは、NVIDIA GPUを搭載し、Sequel IIeの20倍以上の計算能力を持ち、より速いベースコールとHiFi生成が可能となっています。また、Google DeepConsensusを用いたさらに高精度なHiFiリードの出力を装置内で実施できるようになります。



The Revio system produces the same – or better – read length, quality, and variant calling performance that have made HiFi sequencing so celebrated. Data shown is for a single Revio SMRT Cell for HG002/GM24385.³

Revio systemは、これまでと同じかより良いリード長、品質、バリエーションコール性能を達成し、装置内でHiFi生成、メチレーションのコール、バーコードの振り分けが可能です。さらに、消耗品を減らして、ランのセットアップ時間を短縮し、外部からの窒素供給も不要になりました。また出力されるBAMファイルの塩基当たりの容量を半分にしたことで、データ保管にかかるコストも削減していただけます。

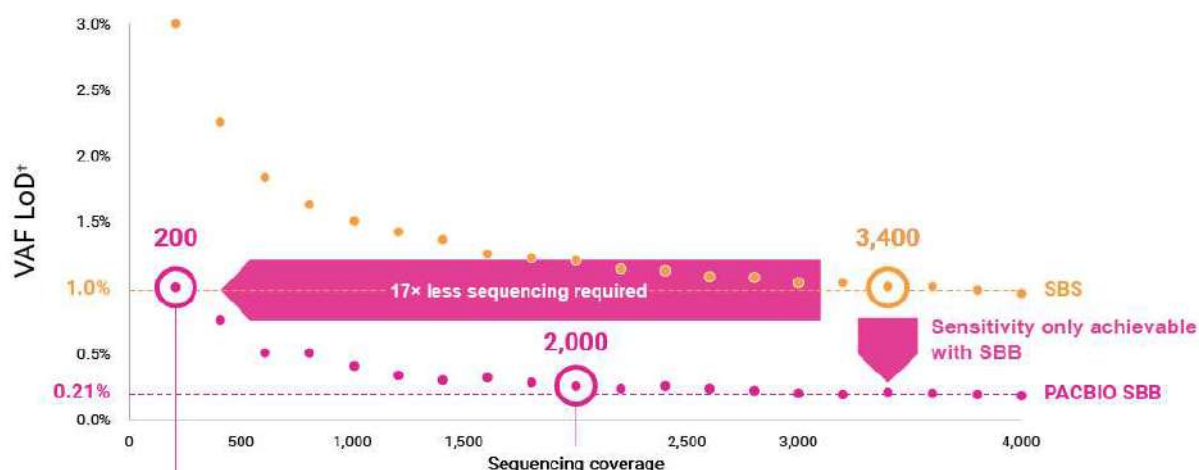
Revio systemのbrochureはこちらからダウンロードいただけます。
 (<https://www.pacb.com/wp-content/uploads/Revio-brochure.pdf>)

Q40リードを達成する高精度ショートリードシーケンサー Onso™ system



革新的なSequencing by Binding (SBB®) 技術により
Onso systemは、これまでにない精度と感度を実現し、
画期的な研究を推進します。

Onso reagents	Read length	Reads	Output (Gb)	Run time	Quality score
200 cycle sequencing kit	2 × 100 bp 1 × 200 bp	400–500 M	100	32 hours	≥90% Q40
300 cycle sequencing kit	2 × 150 bp	400–500 M	150	48 hours	



Q40+ enables you to find variants with less coverage, allowing more samples per run

Ability to drive down your limits of detection to identify extremely rare variants not seen with SBS

INCREASED THROUGHPUT AT LOWER COST PER SAMPLE



Many samples

IMPROVED SENSITIVITY



Single sample

Rare variant

* Analytical validation (TP53 plasmid spike-in) of hybrid capture-based NGS genomic profiling of cell-free circulating tumor DNA
† Variant allele frequency (VAF) limit of detection (LoD) at 99.99% specificity for >90% of the sites

Q40+のリードは、少ないカバレッジでのバリエーションの発見を可能にし、低コストでスループットを向上させます。

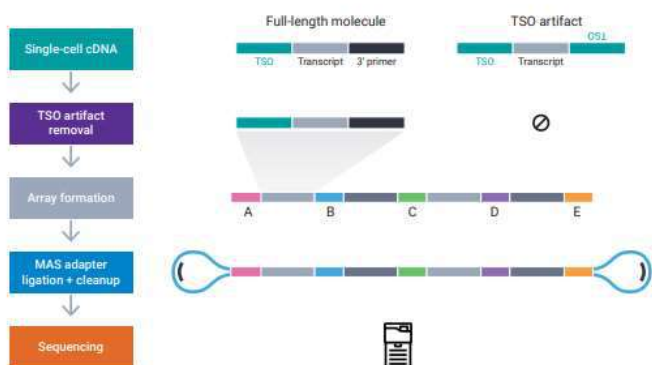
検出限界を引き下げることにより、他の技術では検出できなかった極めてまれなバリエーションを同定できます。

Onso systemのbrochureはこちらからダウンロードいただけます。
(<https://www.pacb.com/wp-content/uploads/Onso-brochure.pdf>)

新試薬：改良されたプロトコルで16倍のスループットを達成 MAS-Seq for 10x Single Cell 3' kit

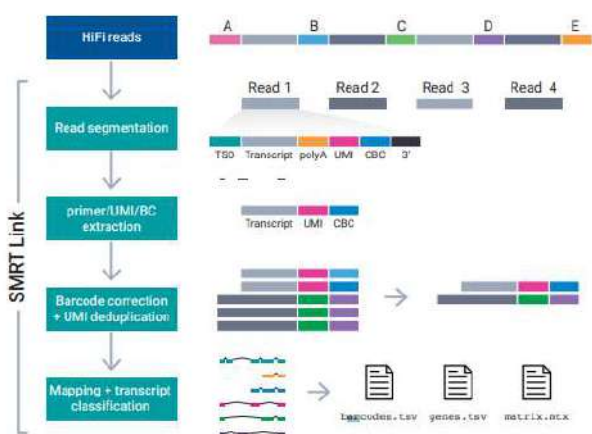


MAS-Seq for 10x Single Cell 3' kitは、10x Chromium Next GEM Single Cell 3' kit (v3.1) で生成されたcDNAに対応しており、3,000から10,000細胞のライブラリを対象とし、cDNAのコンカネーションにより16倍のスループットを達成します。



MAS-Seq library workflow

まずテンプレートスイッチングオリゴのアーティファクトを除去してから、分子を連結し、アレイを形成させます。MASアダプターライゲーションにより、完全なアレイがエンリッチされるようになります。適切なアレイの形成とシーケンシングによりSMRT® Cell 8Mあたり平均250万HiFiリードが期待でき、リードのセグメンテーション後には、有効なシーケンス収量として4000万のcDNA配列が得られます。



MAS-Seq bioinformatics workflow

SMRT Link の Read Segmentation and Single-cell IsoSeq ワークフローは、MAS-Seq ライブラリーから生成された HiFi リードを処理し、シングルセル解析ツールに対応した遺伝子およびアイソフォームレベルのカウントマトリックスを生成します。

MAS-Seq for single-cell isoform sequencingのアプリケーションノートはこちらからダウンロードいただけます。
(<https://www.pacb.com/wp-content/uploads/Application-note-MAS-Seq-for-single-cell-isoform-sequencing.pdf>)