

# PacBio



## Vega桌面式系统 HiFi测序触手可及



高质量HiFi数据  
合理的价格



基于成熟可靠  
的HiFi技术

与HiFi文库制备和分  
析流程兼容



灵活测序  
自主掌控

掌控您的数据和下游  
项目时间表



多元应用  
覆盖广泛

全长RNA, 全基因组,  
靶向Panel及更多

# 以您所需的价格和通量, 提供您所喜爱的HiFi准确度



HiFi测序是一种在每次运行中都能提供99.9%或更高准确度的长读长技术。HiFi reads消除了读取长度和准确性之间的权衡, 使您能够解决最复杂的生物学问题。

仅在2023年, 就有超过1,000篇同行评审的论文, 全球超过1,200台HiFi 测序仪, 现在Vega™成为PacBio®一系列可靠和成熟的测序系统中的一员。

## HiFi reads的优势



长读长



简单的文库  
制备



低覆盖度  
需求



更小的文件以最大限  
度减少计算时间



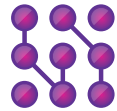
支持的分析工具被整合  
到一个pepline中



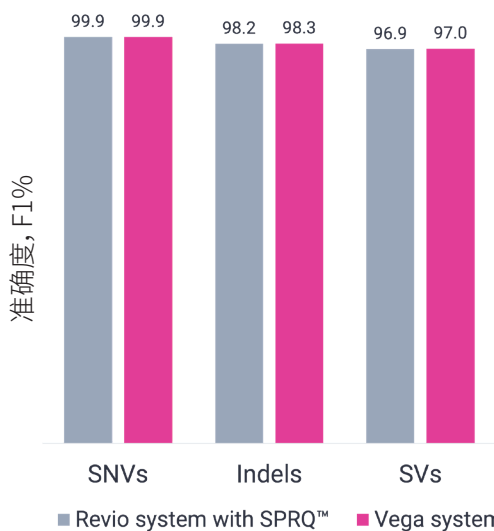
超高reads  
准确度



兼容的生态系统合  
作伙伴, 支持端到端  
的工作流程



同一项技术  
解决方案



所示数据来自HG002样本, 20x覆盖度, 单张Revio SMRT Cell

## 两套系统, 一项金标准

Vega和Revio系统提供同样高质量的HiFi测序, 确保一致和准确的数据。HiFi reads覆盖基因组的所有区域, 提供最完整和精确的组装及变异检测。与可能会遗漏复杂区域的短读长相比, HiFi reads能够捕获全长转录本和困难区域。使用任意的HiFi测序系统, 您都能以低覆盖度需求获得最佳可能的基因组。

# 采用HiFi reads获得更完整的生物学视图



## 全面的变异检测， 同时获得定相+5mC

高度准确的获得所有变异类型——单碱基变异(SNVs)、插入缺失Indels、结构变异(SVs)、串联重复扩增和甲基化——包括在具有挑战性的区域。



## 全长RNA 测序

表征全长异构体，复杂可变剪切事件以及融合转录本。



## 靶向测序 以研究基因

通过使用PureTarget™、杂交捕获或扩增技术富集感兴趣的区域，发挥HiFi变异检测的强大能力。



## 微生物 基因组

表征微生物组和宏基因组以更好的理解微生物群体。

*HiFi长读长测序现在可以产生最全面的变异数据集，能够准确检测替换，Indels，STRs和SVs，而这些在一个实验室里通过一项技术就可以实现*

*Kucuk et al. Genome Med 2023*

## 在一张SMRT® Cell上一次运行产出60Gb数据，可产生...

应用	预期覆盖度	样品/ Vega SMRT Cell	样品/年
扩增子	50×	>1,000	200,000
微生物基因组	30×	384	75,000
PureTarget 重复扩增Panel	200×	48	9,600
转录组，采用Kinnex™ full-length RNA kit	1000万条reads	3	600
人类基因组	20×	1	200
人甲基化分析	5×	4	800

所有样本通量是基于Vega系统每次运行1个SMRT Cell估算。Vega的年通量是基于200个Vega SMRT Cells计算的。覆盖度可能会因样本质量、文库质量和片段长度而异。目前可用的SMRTbell®接头标签板96A-96D共包含384个带有barcoded的SMRTbell接头。微生物的从头组装是假定微生物总基因组大小为2Gb，每个样本30x覆盖度。全长RNA测序是假定Vega共产生3000万条reads。

## 小而强大



创新的Revio技术, 重新构想于台式解决方案

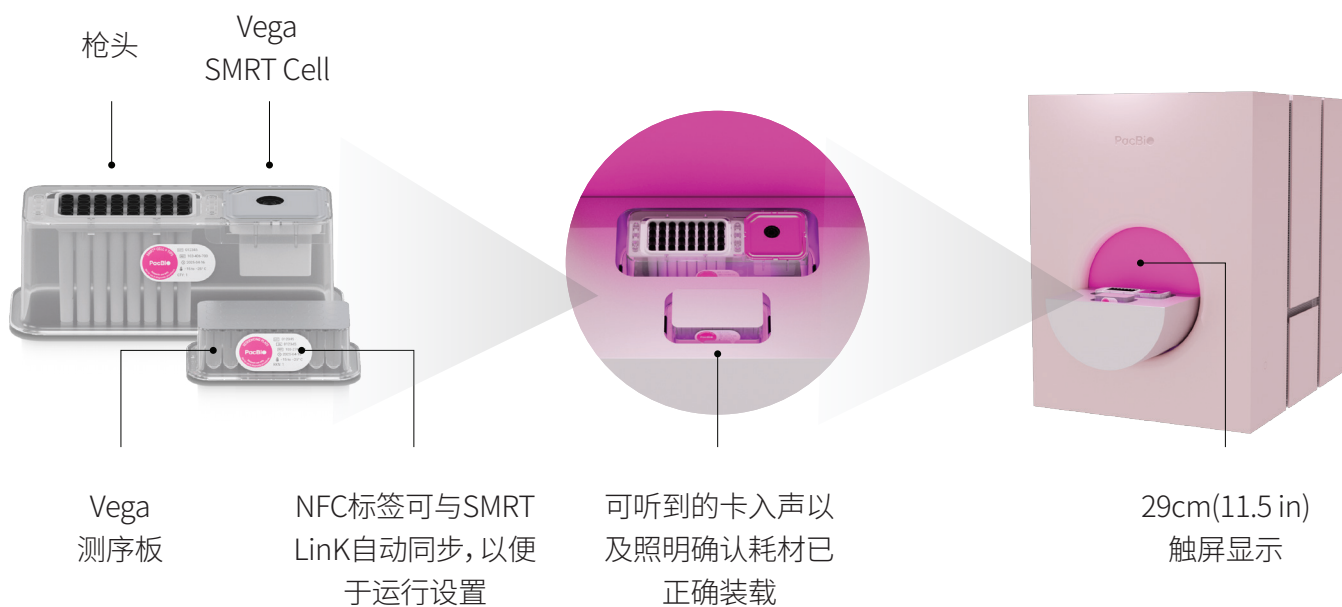


与HiFi文库制备流程和SMRT® Link运行管理软件无缝整合



机载初级分析, 包括DeepConsensus, 甲基化检测以及每次运行可选Barcode拆分

## 两种消耗品, 太简单了



**Vega SMRT Cell** 是 HiFi 测序的核心, 由半导体元件驱动, 能够实时提供单分子测序。

**Vega测序板** 载有您所需的所有——样品和试剂——为您的下一次突破性发现提供支持

**一键式运行设置** 将Vega测序板与SMRT Link运行设计相连接。直观的设计和触觉确认减少了错误并简化了获取结果所需的步骤

# 使用SMRT Link软件进行实验设计+控制

一个端到端的工作流程管理器, 可本地安装或云服务



## 样品设置

计算制备可以用于所有HiFi系统的文库所需的结合和退火反应试剂



## 运行

查看关于测序运行的信息, 监控运行进度, 并创建运行设计



## 仪器

查看仪器信息, 包括测序状态、剩余运行时间以及下一次运行的预加载可用性



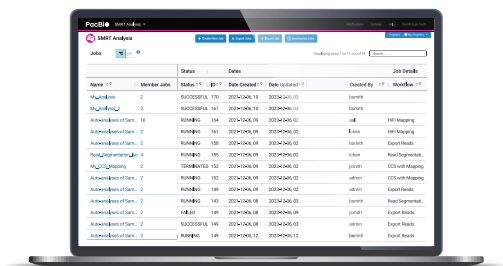
## 数据管理

创建项目和数据集; 生成质控报告; 查看、导入或删除序列、参考和条形码文件



## SMRT分析

执行二级分析, 包括序列比对、变异检测、结构变异识别和RNA分析



## 节省计算和存储成本

Vega系统不仅能进行碱基识别——每次运行还会通过深度学习算法检测DNA甲基化状态。机载初级分析包括Barcode拆分和转换为标准BAM格式——因此您可以更快地获得有意义的见解。高效的数据表示以大约0.5 bits/碱基对序列、质量值和甲基化进行编码——测序文件比其他长读长技术小20倍。

### 机器上

### 下机

### 典型输出文件格式和大小

 <p>Vega系统</p>	<ul style="list-style-type: none"> <li>· 碱基识别</li> <li>· DeepConsensus生成HiFi数据</li> <li>· 甲基化检测</li> <li>· 多重Barcode拆分</li> <li>· 生成BAM文件</li> </ul>	<ul style="list-style-type: none"> <li>· 变异检测</li> <li>· 基因组组装</li> </ul>	<p>hifi_reads.bam Vega: 30 GB</p>
 <p>其他长读长技术</p>	<ul style="list-style-type: none"> <li>· 信号收集</li> <li>· 初始碱基识别</li> </ul>	<ul style="list-style-type: none"> <li>· 额外的碱基识别</li> <li>· 甲基化检测</li> <li>· 多重Barcode拆分</li> <li>· 生成BAM文件</li> <li>· 变异检测</li> <li>· 基因组组装</li> </ul>	<p>Fast5/pod5 1,300 GB</p>

## 以您的方式测序



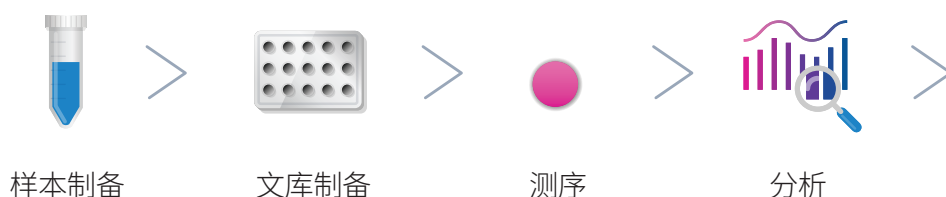
### 每次运行一张 SMRT Cell意味着无需等待

掌控您的数据、时间线和预算, 通过将测序工作引入实验室内部, 实现更有效的项目管理。

**持续生产力:** Vega系统允许您预先准备下一次运行的耗材——让您领先一步, 提高效率。

## 轻松的HiFi工作流程,从样本准备到结果输出

PacBio通用的HiFi工作流程(从提取到数据分析)令采用HiFi reads变的更简单。这种无缝体验, 配上Vega系统直观的、即装即用的设置和完全自动化的测序, 确保仅需不到1分钟的手动装载时间, 并提供可靠的结果。



## 准备, 设置, 测序——我们在这里支持您







我们的世界级服务和支持团队, 以及PacBio兼容计划, 将通过整合业界领先的第三方产品对HiFi测序的每一步进行优化, 让您的实验更快地启动和运行。

Customer Hub是您一站式的在线订购、订单管理和简化支持的平台。它旨在让您的生活更轻松, 将您需要的一切集中在一个位置。

拥有超过30个由PacBio科学家认证的值得信赖的合作伙伴, 你可以自信地简化你的工作流程, 并知道这些步骤可以无缝地提供你需要的答案。

## 优质的HiFi数据

您可以首次直接从工作台上生成参考级微生物基因组,揭示重复扩增区域,表征全长异构体,生成全面和定相的人类基因组,将您的实验室转变为真正的发现的中心。Vega系统使HiFi数据变得可及,提供曾经难以实现的准确性和质量。

主要应用(覆盖度 <sup>1</sup> )	样品 <sup>1</sup> /SMRT Cell
 微生物基因组 <sup>2</sup> (30×)	384
 PureTarget 重复扩增Panel <sup>3</sup> (200×)	48
 转录组,采用Kinnex全长RNA试剂盒 <sup>4</sup> (10M reads)	3
 人类基因组 <sup>5</sup> (20×)	1

1.所有的样本通量是针对Vega系统的估算,每次运行一个SMRT Cell,每个SMRT Cell可产出高达60 Gb数据。覆盖率可能会因样本质量、文库质量和片段长度有所不同。目前可用的SMRTbell®标签接头板96A-96D包含总共384个带有barcode的SMRTbell接头。

2.微生物基因组,假定微生物总基因组大小为2Gb,每个样本30x覆盖度/SMRT Cell,使用HiFi plex prep kit 96建库(103-381-300)

3.PureTarget 重复扩增试剂盒(103-390-400)。

4.Kinnex全长RNA试剂盒(103-072-000),假定总计30M reads。

5.人类基因组,20X覆盖度,使用SMRTbell prep 3.0建库(102-182-700)

## Vega系统参数

文库	运行时间 <sup>1</sup>	Q30+碱基	HiFi产量/Vega SMRT Cell <sup>2</sup>	甲基化检测
1-5 kb	12 hours	95%	6-8M reads	支持检测5mC和6mA
5-10 kb			25-50 Gb	
10-15 kb	24 hours	90%	50-60 Gb	
15-20 kb			50-60 Gb	

1.运行时间指的是数据收集步骤,它决定了处理SMRT Cells之间的时间间隔。

2.HiFi产量依赖于文库质量和测序制备流程。特定产量是基于遵循最佳实践制备的高质量样本得出的。



## Vega能帮助您获得哪些发现?

无论您是购买第一台PacBio测序仪还是扩展您的设备阵容,请联系我们来了解Vega能为您的实验室带来什么。



了解更多关于Vega系统:  
[pacb.com/vega](https://pacb.com/vega)

### 仪器操作环境

温度	19–25°C (66–77°F)
湿度	20-80%相对湿度, 非冷凝
通风	4,250 BTU/hr (1,250 W)
噪音输出	<70 dBA
<b>尺寸</b>	
W×D×H	55.7 cm × 69.5cm × 76.8cm
重量	125 kb (276 lb)
<b>电力</b>	
功率需求	100-120 VAC at 50–60 Hz
<b>计算机</b>	
网络连接	1 GbE
仪器操作环境	Rocky Linux 9.4
输出文件格式	hifi_reads.bam; ~30 GB/次, 约6 TB/年



### PacBio 中国

上海市浦东新区花园石桥路33号  
花旗集团大厦23楼2377室  
联系电话:400 104 5556

### 客户服务

400 104 5556, 分机号 2  
chinasales@pacb.com

### 技术支持

联系热线:400 104 5556, 分机号 1  
chinasupport@pacb.com

PacBio 是一家全球性公司,在世界各地均设有办事处。访问 [pacbio.cn/contact](https://pacbio.cn/contact) 获取联系信息联系 PacBio 了解更多信息:

北美地区: [nasales@pacb.com](mailto:nasales@pacb.com)

南美地区: [sasales@pacb.com](mailto:sasales@pacb.com)

欧洲、中东和非洲: [emea@pacb.com](mailto:emea@pacb.com)

亚太地区: [apsales@pacb.com](mailto:apsales@pacb.com)