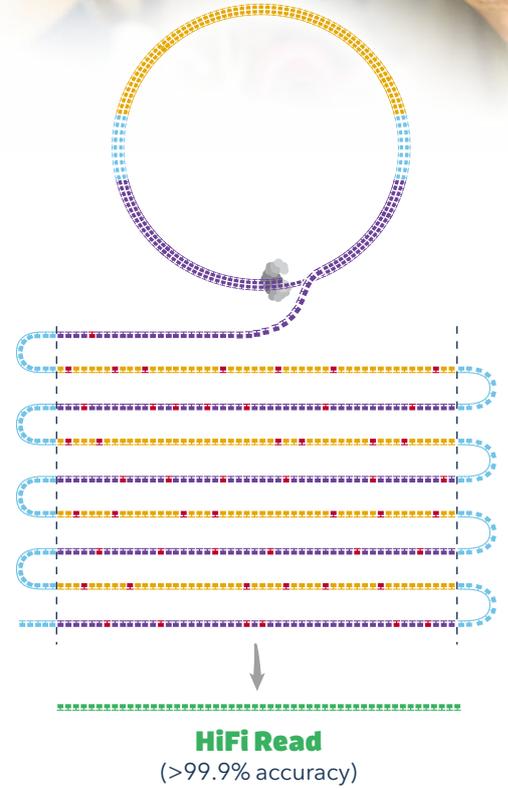


# HiFi Sequencing

## 總體基因體學研究最佳方案

PacBio 公司透過獨家 SMRT 單一分子即時定序技術開發出的高精準度定序技術【HiFi Sequencing】以其特有的**高準確度** (>99.9%) 與**長讀取** (最長可達 25 kb) 雙重優勢為微生物群落結構分析、菌種鑑定與總體基因體定序 (shotgun metagenomic sequencing) 帶來前所未有的靈敏度與精確度！

- HiFi 16S 全長定序提供完整無偏差的菌種鑑定結果，分類解析度甚至可達“株 (strain)”的層級。
- 以 HiFi 進行總體基因體定序，每個 read 平均含有 7-9 個完整微生物基因，不需組裝就能從容地發掘出基因與操縱子 (operon)，讓基因功能註解與代謝路徑重組變得更有效率。
- 僅需 15 倍覆蓋度 (coverage) 的 HiFi 總體基因體數據即可組裝出與參考基因體 (reference genome) 品質相當的基因體資訊。
- HiFi 表觀基因體數據可將片段重疊群 (contig) 與質體 (plasmid) 做關聯，以區別相近菌株。



唯有 16S 全長定序才能提供完整無偏差的菌種鑑定結果 (下圖紅色比例愈多代表分類效果愈差)



以往使用次世代定序技術都只能針對 16S rRNA 的部分區域進行分析，導致有部分的菌種無法被準確鑑別分類 (圖中紅色代表無法被分類的菌種)；唯有進行 16S 的全長定序分析 (V1-V9) 才能完整鑑別所有種類的菌種。IMAGE © Nat Commun. 2019 Nov 6;10(1):5029. PMID: 31695033.

以 HiFi sequencing 進行腸道微生物總體基因體定序  
每個 read 平均含有 7-9 個完整微生物基因

Sample	Avg Read Length (bp)	Mean Genes/Read	QV
Human fecal 1	8,806	7.9	Q39
Human fecal 2	9,247	8.4	Q37
Human fecal 3	8,570	7.6	Q39
Human fecal 4	10,104	9.3	Q36
Human fecal 5	9,746	9.0	Q37
Human fecal 6	8,870	8.1	Q39
Human fecal 7	8,120	7.4	Q40
Human fecal 8	8,612	8.0	Q40
Human fecal 9	8,660	7.7	Q39

HiFi sequencing 平均每個 read 讀取長度約 10 kb，足以包含 7-9 個全長微生物基因，無須組裝運算即可獲取大量基因資訊；HiFi read 同時具備高準確度 (>Q30) 與長讀取特性，因此可以較低覆蓋度完成總體基因體定序與序列組裝工作，讓微生物群落結構分析、基因功能註解與代謝路徑重組變得更有效率！ IMAGE © Pacific Biosciences (PacBio).

