

# 農業基因體學

## 以精準定序數據驅動現代農業研究

運用HiFi定序解析複雜動植物基因體，為育種、作物保護及基因體工程提供可靠數據基礎。

- 讀得更長：跨越複雜變異與重複序列
- 讀得更準：Q30 以上高準確度 HiFi reads
- 看得更多：一次取得序列與甲基化資訊

## 以農業基因體學應對全球糧食挑戰

人口增長與氣候變遷使農業研究對基因體數據的需求日益迫切。PacBio HiFi定序提供完整精準的基因體資訊，協助研究人員深化育種策略、強化作物與畜產健康管理，並加速基因體工程研發，為永續農業生產提供科學基礎。



育種



病蟲害研究



基因工程





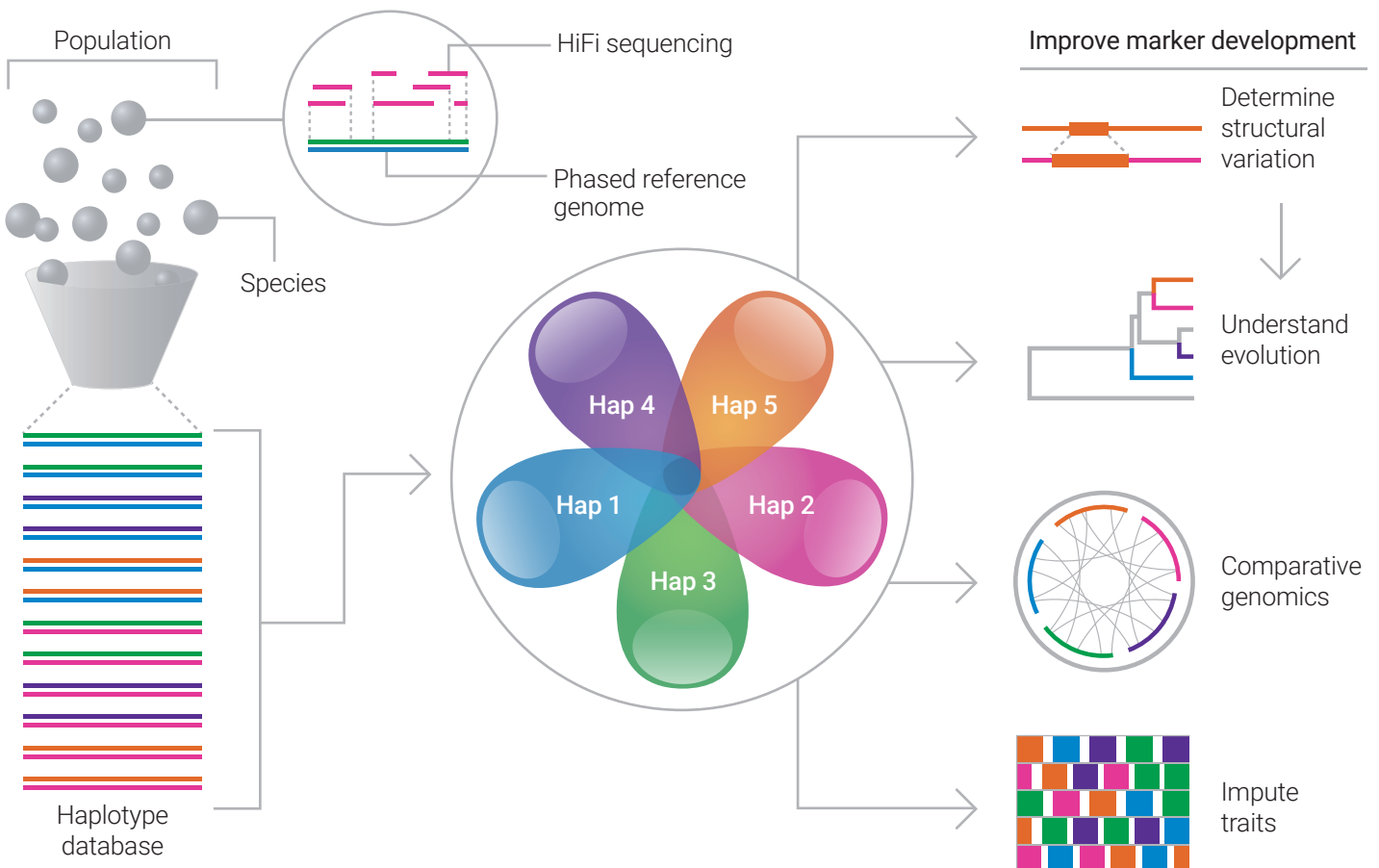
## 以農業基因體學推進育種計畫

建構單倍型解析的泛基因體 (Pangenome) ，加速標記開發、性狀探索，與種原特性分析

- 建構參考等級且具單倍型解析度的育種泛基因體
- 提升 SNP、結構變異與複雜基因型的解析能力
- 捕捉遠交、近交與族群間的全基因體變異

HiFi sequencing 具備單分子定序、高準確度與泛基因體建構能力，可協助研究人員組裝具相位資訊且達參考等級的基因體，即使面對複雜的動植物物種也能深入解析。第三代長讀長定序技術可提供更可靠的性狀相關資訊，協助掌握旱災調適、病蟲害抗性與整體物種健康等關鍵育種指標。

全基因體定序可為育種研究提供資料驅動的策略，解析許多短讀長定序或基因分型晶片難以完整掌握的關鍵結構變異。HiFi reads 足夠長，可跨越複雜結構變異，並準確解析基因體複雜區域中的 SNP 與 indel。這樣的解析能力可讓育種計畫在適當的單倍型尺度上定位與輸入性狀資訊，進而支援更具信心且更有效率的選拔決策。





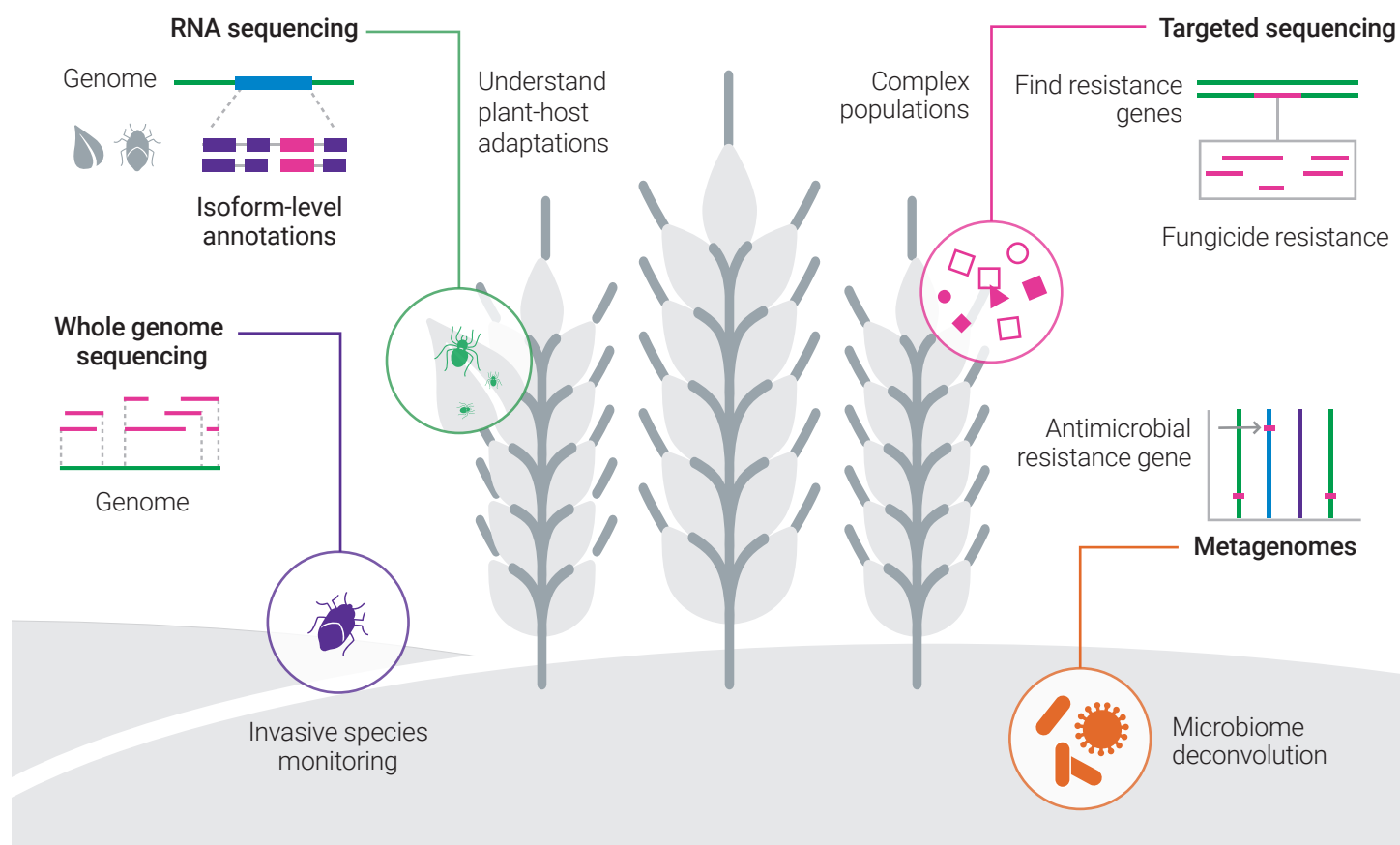
## 以農業基因體學推進病蟲害研究

### 解析基因體策略，守護作物與畜牧健康

- 從分子層級捕捉病蟲害多樣性
- 僅需 1 ng DNA input 即可建立完整基因體組裝
- 建立註解以深入理解基因功能
- 搭配 Nanobind PanDNA kit 進行高效率 DNA 萃取 優化植物與細菌樣本的資料品質

面對真菌、微生物群落等可能對農業產量造成威脅的複雜有害生物，HiFi sequencing 可從分子層級協助研究人員快速深入解析。許多入侵物種生命週期短、繁殖速度快，因此在單一族群內也可能累積高度變異。

HiFi sequencing 提供多體學工具，讓研究人員能以準確長讀長與完整基因體組裝，更精細地分析這些生物與群落。此技術可支援精準單倍型分相，解析與毒力、抗性等性狀相關的基因體結構變異；HiFi 資料也能強化與免疫、代謝解毒、致病性及農藥抗性相關基因的基因體與轉錄體分析。透過完整掌握遺傳多樣性與功能資訊，可協助建立更有效的農業生產力保護策略。





## 以農業基因體學推進基因工程計畫

### 為農業開啟新世代定序工具

- 以準確參考基因體加速設計流程
- 在轉錄體中找出剪接變異
- 驗證基因編輯位點
- 準確偵測跨染色體的結構重排

透過 HiFi sequencing，研究人員可更有信心地探索、設計並驗證基因工程流程，兼具速度、準確度與靈敏度。

為了在 2050 年供應預估 100 億人口的糧食需求，農業科學家需要更多可行且具突破性的分子工具來提升糧食供應。無論是更好的參考基因體來設計編輯實驗，或需要準確的定序資料來驗證構築、確認編輯結果並評估 off-target effect，HiFi sequencing 都能提供快速且可靠的解決方案。



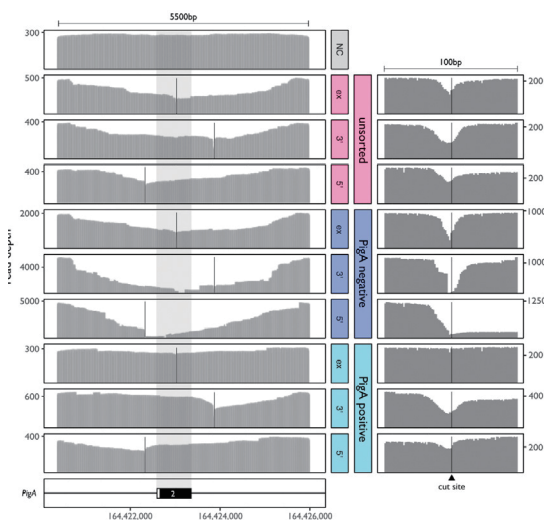
#### Better reference genomes for better editing

Owen et al. (2021) used HiFi whole genome sequencing to assess on-target and off-target integration of donor template effects in a CRISPR edited calf,10 demonstrating the impact of PacBio WGS on the precision and safety of agricultural gene editing programs.

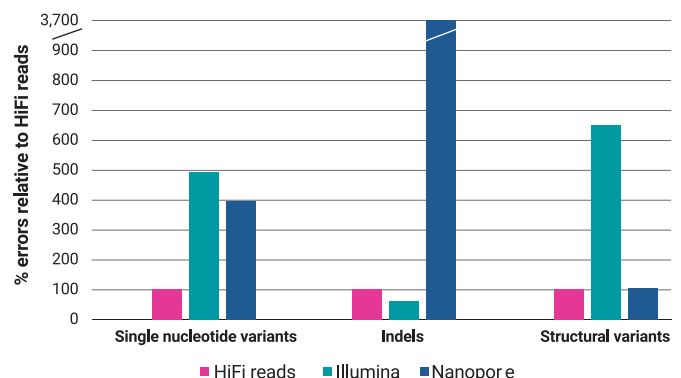
## Sequence beyond your target

Understanding the extent of CRISPR-Cas9 editing requires long read lengths and high accuracy to capture both on- and off-target effects to fully evaluate editing outcomes on a targeted and genome-wide scale.

### Targeted validation



### Comprehensive variant detection



Variant calling performance against *Genome in a Bottle* benchmarks for PacBio HiFi reads (35-fold, Sequel II system, 2.0 chemistry); Illumina (35-fold, NovaSeq); Oxford Nanopore (60-fold, PromethION R9.4.1.)

Analysis of the *PigA* locus edited with the CRISPR-Cas9 method using selected gRNAs. SMRT® sequencing of a 5.5 kb amplicon around gRNA cut sites (vertical lines) enabled detection of large-scale deletions and structural changes missed by other methods<sup>11</sup>