

PacBio

掌握全貌，判斷更可靠

HiFi 長讀定序，讓每一筆數據都更有價值



基因體

完整且高準確度的
基因體分析



轉錄體

解析全長
RNA isoforms



表觀基因體

直接偵測並定相
5mC, 5hmC 訊號



總體生物體

物種層級
解析與組裝



標的定序

針對關鍵區域
進行完整變異偵測





HiFi 核心價值

HiFi 定序的準確度可達 99.9% 以上。HiFi reads 不需要在讀長與準確度之間取捨，能協助解析 short reads 難以處理的複雜基因體區域、結構變異、repeat expansion、全長 RNA isoforms 與 methylation 資訊。

HiFi Reads 的主要優勢



長讀長
跨越重複序列
與複雜區域



文庫製備更簡單
支援手動與
自動化流程



低覆蓋度需求
以較少資料
取得高資訊量



檔案量更精簡
降低運算
與儲存負擔



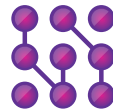
整合分析工具
一鍵流程
完成資料處理



高讀取準確度
可靠的變異偵測

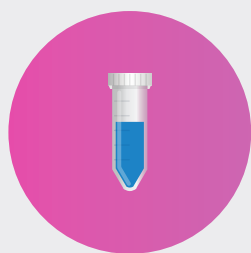


完整生態系
串接端到端
workflow



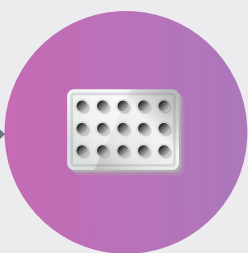
單一技術平台
涵蓋多元應用

從樣本到分析，完整 HiFi 流程



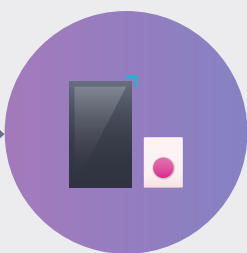
樣本製備

Nanobind® DNA kits
可從多種樣本
萃取高分子量 gDNA。



文庫製備

支援 WGS、
full-length RNA 與
targeted panels。



定序上機

Load-and-go 耗材設計，
讓上機設定更直覺。

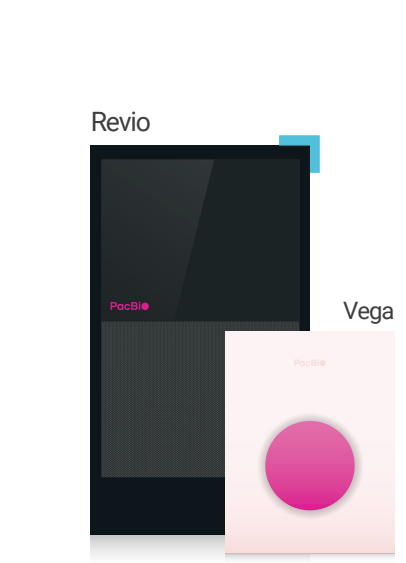


資料分析

結合 Google Research 演
算法與 GPU，機上即時處
理資料，縮小下機檔案。

Vega 與 Revio：依通量需求選擇 HiFi 平台

無論樣本量與研究規模，HiFi 品質始終如一。



VEGA + SPRQ-Nx chemistry* HiFi within reach	Revio + SPRQ-Nx chemistry* HiFi at scale
桌上型 HiFi 系統， 適合院內核心實驗室與 彈性規模的定序需求。	高通量 HiFi 平台，搭配 multi-use SMRT Cell， 適合大型定序中心與大規模研究， 以更低成本進行 WGS 與多元 HiFi 應用。
1 SMRT cell per run	Up to 3 acquisitions per cell and 4 acquisitions per run
90 Gb per run	480 Gb per run (4 acq.)
500 ng DNA input	500 ng DNA input
2/4/12/24hr run times	12/24/30hr run times

各應用 Samples per run

Application	Vega™ system		Revio® system	
	1 acquisition	1 acquisition	4 acquisitions	
	Samples per run			
Whole genome sequencing				
Human genome (20x coverage)	1	2	8	
Human methylation profiling (5x)	4	8	32	
De novo assembly (1 Gb genome)	2	4	16	
Microbial de novo assembly (2 Gb total)	384	384	1,536	
Targeted panels				
PureTarget panels	48	96	384	
Amplicon sequencing	>1,000	>1,000	>4,000	
Hybrid capture				
20 Mb panel	12	16	64	
2 Mb panel	72	96	384	
100 kb panel	288	384	1,536	
RNA sequencing				
Kinnex single-cell RNA sequencing	1 (3,000–6,000 cells)	1 (6,000–10,000 cells)	4 (6,000–10,000 cells)	
Kinnex full-length RNA sequencing				
5M reads	6	12	48	
10M reads	3	6	24	
Microbial				
Shotgun metagenomic profiling	64 communities	128 communities	512 communities	
Shotgun metagenomic assembly	8 communities	16 communities	64 communities	
Kinnex 16S rRNA	1,024 communities	1,536 communities	6,144 communities	

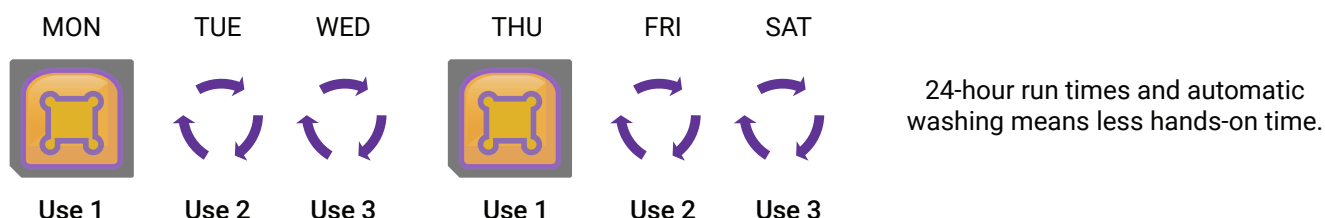
註：實際通量會依樣本品質、library 品質、insert size、目標覆蓋度與應用條件而有所不同。

提升 HiFi 定序流程效率

從自動化上機、儀器端分析到雲端資料串接，Revio 與 Vega 協助實驗室更順暢地完成 HiFi 定序流程。

定序流程簡化

- 降低 DNA 需求：僅需 500 ng DNA input，降低樣本準備門檻。
- 支援 SMRT Cell 多次使用：搭配 Revio SPRQ-Nx，單片 SMRT Cell 可進行多次 acquisition，提升使用效率。



提升實驗室效率

- 快速上機：自動化定序流程，上機操作時間短。
- 預先放置耗材：可先準備下一次定序所需耗材，讓連續上機排程更順暢。
- Run preview：提早掌握定序狀況，協助即時判斷資料品質。
- NFC-tagged 耗材：耗材資訊自動辨識，降低設定錯誤風險。

定序同步自動分析，更快取得可用結果

資料會隨著定序完成於機上自動進行 primary analysis，包括 Google DeepConsensus、methylation calling 與 demultiplexing，並產出標準 BAM 格式、支援雲端資料串接，縮短從上機到取得結果的時間。



產品詳情

PacBio HiFi sequencing systems | Research use only. Not for use in diagnostic procedures.

PacBio

