

## Pacbio-Sequel II/IIe 测序说明

三代测序业务部

2022/11/15

## 1.1 提取

植物样本使用 CTAB 法进行提取；动物样本使用 SDS 法进行提取；提取方法均是公司自研优化后的流程，具体细节不便透漏。跑胶合格判定为 DNA 主带 30K，无脱尾、无降解。

(如老师想要自己提取推荐 NEB、Circulomics 的提取试剂盒)

## 1.2 建库

建库试剂盒：SMRTbell Express Template Prep Kit 2.0，一般情况下，根据片段大小，动植物和人 CLR 构建 20-30K 文库，动植物和人 CCS 构建 15-20K 文库，微生物构建 10-15K 文库。

## 1.3 测序

芯片：SMRT Cell 8M Tray

## 1.4 Hifi 数据释放目录结构 (说明)

以项目分期 X\*，样本 Sample1，建库文库 FP\*为例，  
Release-X\*-data:以项目分期+日期命名的释放文件夹

Data-X\*:释放的数据存放文件夹名

Sample1:样本 Sample1 对应的文件

Sequel:PacBio 测序仪平台

FP\*: 建库文库名

Sample1.qc\_stat.xls: 原始数据质控统计表

Sample1.subreads\_distri.png reads 分布统计图

Sample1.hifi\_reads.bam 原始数据 ccs 数据的 bam 格式

Sample1.hifi\_reads.bam.fasta.gz ccs bam 转 fasta 格式

Sample1.hifi\_reads.bam.fastq.gz ccs bam 转 fastq 格式

checkSize.xls:文件大小统计文件

md5.txt :校验文件

Readme.txt: 数据释放说明文档

Report-X\*.zip :释放报告文件

## 1.5 Subreads 数据释放目录结构 (说明)

以项目分期 X\*，样本 Sample1，建库文库 FP\*为例，  
Release-X\*-data:以项目分期+日期命名的释放文件夹

Data-X\*:释放的数据存放文件夹名

Sample1:样本 Sample1 对应的文件

Sequel:PacBio 测序仪平台

FP\*: 建库文库名

Sample1.subreads.bam 原始数据质控后的 bam 格式

Sample1.subreads.bam.pbi bam 格式的索引文件

checkSize.xls:文件大小统计文件

md5.txt :校验文件

Readme.txt: 数据释放说明文档

Report-X\*.zip :释放报告文件