

Test Illumina COVIDSeq^{MC} Assay (96 échantillons)

- Flux de travail intégré et rationalisé pour la caractérisation et le séquençage du SARS-CoV-2
- Couverture uniforme à l'échelle du génome du SARS-CoV-2 pour détecter de façon précise les variants de séquence
- Test de débit faible à moyen qui prend en charge un faible nombre d'échantillons séquencés dans les instruments de paillasse

illumina^{MD}

Introduction

Alors que la pandémie de COVID-19 continue de sévir dans le monde¹, l'émergence de variants tels qu'Alpha B117, Beta, Delta, Gamma et Omicron semble sans fin. Ces variants, tout comme les autres nouvelles souches du SARS-CoV-2, ont le potentiel d'être plus contagieux ou plus susceptibles de causer des formes graves de la maladie, ce qui soulève des inquiétudes à propos des efforts de santé publique, de certains tests diagnostiques et des vaccins développés pour combattre la pandémie². Cette situation souligne la nécessité d'effectuer une surveillance génomique afin d'identifier et de surveiller les nouveaux variants du SARS-CoV-2. Illumina COVIDSeq Assay (96 échantillons) est un test de séquençage de nouvelle génération (SNG) basé sur les amplicons de débit faible à moyen qui permet aux laboratoires d'identifier et de suivre l'émergence et la prévalence des nouveaux variants et des nouvelles lignées du SARS-CoV-2.

Flux de travail d'Illumina COVIDSeq

Illumina COVIDSeq Assay (96 échantillons) fait partie d'un flux de travail intégré et rationalisé qui couvre l'isolation du matériel génétique par le biais du séquençage et de l'analyse des données pour la détection et la caractérisation du SARS-CoV-2 (figure 1).

Préparation des bibliothèques

La trousse Illumina COVIDSeq Assay (96 échantillons) comprend tous les réactifs nécessaires pour la conversion de l'ADNc, l'amplification et la préparation des bibliothèques. La trousse comprend le regroupement de primers ARTIC v3, selon le protocole PCR multiplex validé et accessible au public pour détecter et caractériser l'ARN du SARS-CoV-2. Un regroupement de primers ARTIC v4 modifié et optimisé qui améliore la couverture du génome viral et l'appel des variants. Il est disponible en tant que produit complémentaire.

Séquençage

Les bibliothèques préparées peuvent être séquencées dans tout système de séquençage d'Illumina. Cependant, la configuration à faible débit du test Illumina COVIDSeq Assay (96 échantillons) en fait une solution idéale pour les plateformes de paillasse, comme les systèmes iSeq^{MC} 100, MiniSeq^{MC}, MiSeq^{MC}, NextSeq^{MC} 550, NextSeq 1000 et NextSeq 2000. Des longueurs de lecture de 2 × 101 pb et 2 × 151 pb sont recommandées.

Analyse des données

Illumina DRAGEN^{MC} COVID Lineage App est une application disponible gratuitement sur BaseSpace^{MC} Sequence Hub. Cette application facile à utiliser permet de détecter le SARS-CoV-2, d'aligner les lectures sur un génome de référence, de réaliser des appels de variants et de générer une séquence consensus génomique. Utilisée en combinaison avec Pangolin et NextClade, l'application Dragen COVID Lineage App fournit également les appels de lignée et de clade requis pour la plupart des applications de surveillance.

Couverture uniforme du génome du SARS-CoV-2

Illumina COVIDSeq Assay (96 échantillons) offre une couverture uniforme à l'échelle du génome du SARS-CoV-2, en particulier dans le locus de la protéine de Spike, une région clé du génome du SARS-CoV-2³⁻⁵ (figure 2). Pour les laboratoires qui doivent réaliser un séquençage détaillé du SARS-CoV-2, le regroupement de primers ARTIC v4 améliore la couverture dans le locus de la protéine de Spike pour une caractérisation approfondie des nouveaux variants (figure 2).

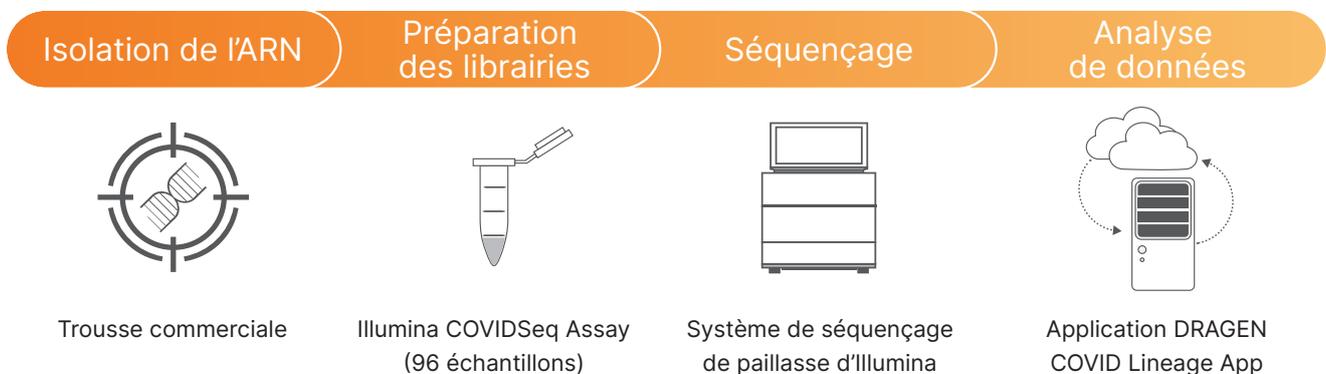


Figure 1 : Flux de travail d'Illumina COVIDSeq : au sein d'un flux de travail complet et simplifié, les bibliothèques de SARS-CoV-2 sont préparées à l'aide du test Illumina COVIDSeq Assay (96 échantillons), séquencées sur n'importe quel système de séquençage de paillasse d'Illumina et analysées dans l'application DRAGEN COVID Lineage App pour la détection du virus, l'appel de variants et le typage des souches.

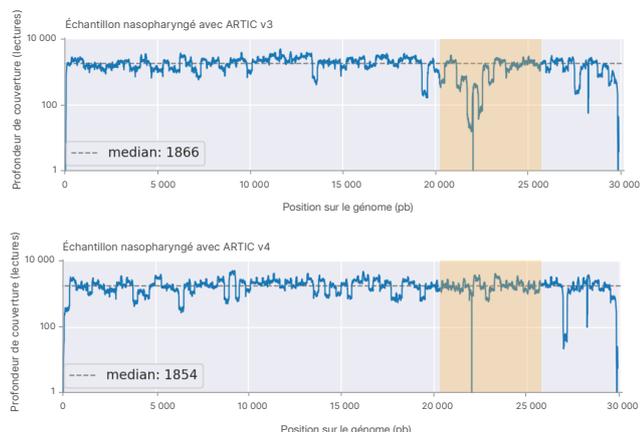


Figure 2 : Couverture uniforme du génome dans le variant (Delta) B.1.617.2 du SARS-CoV-2 : Illumina COVIDSeq Assay (96 échantillons) fournit une couverture uniforme du génome viral à l'échelle du locus de la protéine de Spike (région surlignée) avec les regroupements de primers ARTIC v3 (haut) et ARTIC v4 (bas). Le regroupement ARTIC v3 comprend les primers pour 11 gènes humains de régulation contrairement au regroupement ARTIC v4 qui n'en dispose pas. Il est à noter que la diminution importante observée dans la couverture avec les deux regroupements de primers à environ 22 000 pb ne représente pas une absence mais une véritable suppression à six bases.

Résumé

L'émergence et la propagation de nouveaux variants du SARS-CoV-2 durant la pandémie de COVID-19 mettent en lumière la nécessité de surveiller le virus via le séquençage. Illumina COVIDSeq Assay (96 échantillons) est compatible avec les lots d'échantillons de petite taille pour permettre une surveillance décentralisée de l'émergence et la prévalence des nouveaux variants et des nouvelles lignées du SARS-CoV-2.

En savoir plus

Illumina COVIDSeq Assay (96 échantillons), illumina.com/products/by-type/clinical-research-products/covidseq-assay.html

Note technique : rendement amélioré grâce à Illumina COVIDSeq Assay (96 échantillons), illumina.com/content/dam/illumina/gcs/assembled-assets/marketing-literature/illumina-covidseq-tech-note-m-gl-00408/illumina-covidseq-tech-note-m-gl-00408.pdf

Renseignements relatifs à la commande

Produit	N° de référence
COVIDSeq Assay (96 échantillons) index 1	20049393
COVIDSeq Assay (96 échantillons) index 2	20051772
Produit complémentaire	
COVIDSeq Positive Control (96 réactions)	20051775
Illumina COVIDSeq v4 Primer Pools, 384 échantillons, en mode recherche uniquement	20065135

Références

1. Organisation mondiale de la Santé. [Déclaration du Directeur général de l'OMS relative à la réunion du Comité d'urgence du RSI sur le nouveau coronavirus \(2019-nCoV\)](#). 30 janvier 2020.
2. Baric, RS. [Emergence of a highly fit SARS-CoV-2 variant](#). *N Engl J Med*. 2020;383:2684–2686.
3. McCarthy KR, Rennick LJ, Nambulli S, et al. [Recurrent deletions in the SARS-CoV-2 spike glycoprotein drive antibody escape](#). *Science*. 2021; doi:10.1126/science.abf6950.
4. Addetia A, Xie H, Roychoudhury P, et al. [Identification of multiple large deletions in ORF7a resulting in in-frame gene fusions in clinical SARS-CoV-2 isolates](#). *J Clin Virol*. 2020; 129:104523.
5. Rosenthal SH, Kagan RM, Gerasimova A, et al. [Identification of eight SARS-CoV-2 ORF7a deletion variants in 2,726 clinical specimens](#). *bioRxiv*. 2020; doi.org/10.1101/2020.12.10.418855.

illumina^{MD}

Numéro sans frais aux États-Unis : + (1) 800 809 4566 | Téléphone : + (1) 858 202 4566
techsupport@illumina.com | www.illumina.com

© 2021 Illumina, Inc. Tous droits réservés. Toutes les marques de commerce sont la propriété d'Illumina, Inc. ou de leurs détenteurs respectifs. Pour obtenir des renseignements sur les marques de commerce, consultez le lien www.illumina.com/company/legal.html.

M-GL-00243 FRA v1.0