

ILLUMINA COVIDSeq™ Assay (96 campioni)

- Flusso di lavoro integrato e ottimizzato per il sequenziamento e la caratterizzazione della SARS-CoV-2
- Copertura uniforme del genoma della SARS-CoV-2 per un rilevamento accurato delle varianti di sequenza
- Saggio a bassa e media produttività che supporta un basso numero di campioni sequenziati su strumenti da banco

illumina®

Introduzione

Con la pandemia di COVID-19 che imperversa nel mondo,¹ continuano a emergere varianti, come Alpha B117, Beta, Delta, Gamma e Omicron. Questi e forse altri nuovi ceppi di SARS-CoV-2 possono potenzialmente essere più contagiosi o gravi e sollevano dubbi a livello di sforzi di salute pubblica, test diagnostici e vaccini sviluppati per combattere la pandemia.² È quindi necessaria una sorveglianza genomica per identificare e monitorare le nuove varianti della SARS-CoV-2. L'Illumina COVIDSeq Assay (96 campioni) è un saggio di sequenziamento di prossima generazione (NGS) a base di ampliconi a basso e medio rendimento che permette ai laboratori di identificare e tracciare l'emergere e la prevalenza di nuove varianti e lignaggi di SARS-CoV-2.

Flusso di lavoro di Illumina COVIDSeq

Illumina COVIDSeq Assay (96 campioni) è inserito in un flusso di lavoro integrato e ottimizzato che va dall'isolamento del materiale genetico al sequenziamento e all'analisi dei dati per il rilevamento e la caratterizzazione della SARS-CoV-2 (Figura 1).

Preparazione delle librerie

Il kit Illumina COVIDSeq Assay (96 campioni) comprende tutti i reagenti necessari per la conversione del cDNA, l'amplificazione e la preparazione della libreria. Il kit include il pool di primer ARTIC v3, basato sul protocollo ARTIC multiplex PCR validato e pubblicamente disponibile, per rilevare e caratterizzare l'RNA della SARS-CoV-2. Come prodotto accessorio, è disponibile un pool di primer ARTIC v4 modificato e ottimizzato che migliora la copertura del genoma virale e l'identificazione delle varianti.

Sequenziamento

Le librerie preparate possono essere sequenziate su qualsiasi sistema di sequenziamento Illumina; tuttavia, la configurazione a basso rendimento di Illumina COVIDSeq Assay (96 campioni) è perfetta per le piattaforme da banco, come i sistemi iSeq™ 100, MiniSeq™, MiSeq™, NextSeq™ 550, NextSeq 1000 e NextSeq 2000. Si consigliano lunghezze di lettura di 2 × 101 bp e 2 × 151 bp.

Analisi dei dati

L'app Illumina DRAGEN™ COVID Lineage è disponibile gratuitamente in BaseSpace™ Sequence Hub. Questa app è semplice da usare ed esegue il rilevamento della SARS-CoV-2, allinea le letture a un genoma di riferimento, identifica le varianti e genera una sequenza consenso del genoma. Insieme a Pangolin e NextClade, l'app Dragen COVID Lineage esegue anche le identificazioni di lignaggio e clade necessarie per la maggior parte delle applicazioni di sorveglianza.

Copertura uniforme del genoma della SARS-CoV-2

L'Illumina COVIDSeq Assay (96 campioni) assicura una copertura uniforme del genoma della SARS-CoV-2, in particolare nel locus della proteina spike, una regione critica del genoma della SARS-CoV-2³⁻⁵ (Figura 2). Per i laboratori che devono eseguire un sequenziamento dettagliato della SARS-CoV-2, il pool di primer ARTIC v4 offre una copertura migliorata nel locus della proteina spike per una caratterizzazione approfondita delle nuove varianti (Figura 2).



Figura 1. Flusso di lavoro di Illumina COVIDSeq. In un flusso di lavoro ottimizzato e completo, le librerie di SARS-CoV-2 vengono preparate con Illumina COVIDSeq Assay (96 campioni), sequenziate su qualsiasi sistema di sequenziamento da banco Illumina e analizzate nell'app DRAGEN COVID Lineage per il rilevamento virale, l'identificazione delle varianti e la tipizzazione del ceppo.

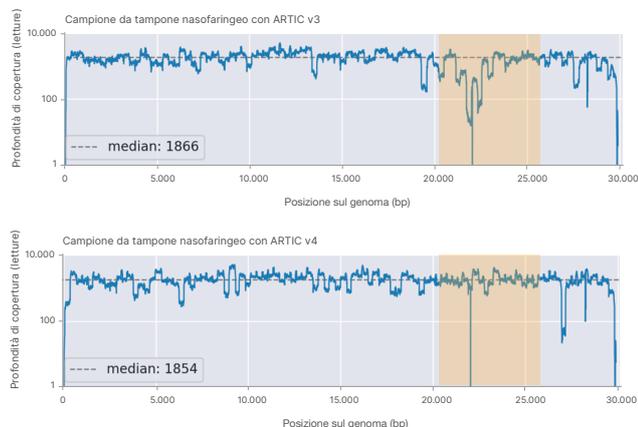


Figura 2. Copertura uniforme del genoma nella variante B.1.617.2 (Delta) della SARS-CoV-2. Illumina COVIDSeq Assay (96 campioni) assicura una copertura uniforme del genoma virale attraverso il locus della proteina spike (regione evidenziata) con i pool di primer ARTIC v3 (sopra) e ARTIC v4 (sotto). Il pool ARTIC v3 include primer per 11 geni di controllo umani, a differenza del pool ARTIC v4. Il brusco calo di copertura osservato con entrambi i pool di primer a ~22.000 bp non è un dropout ma una vera e propria delezione di sei basi.

Riepilogo

L'emergere e la diffusione di nuove varianti della SARS-CoV-2 durante la pandemia di COVID-19 ha messo in luce la necessità di una sorveglianza virale basata sul sequenziamento. Illumina COVIDSeq Assay (96 campioni) si adatta a piccoli lotti di campioni per consentire una sorveglianza decentralizzata per l'emergere e la prevalenza di nuove varianti e lignaggi di SARS-CoV-2.

Maggiori informazioni

Illumina COVIDSeq Assay (96 campioni), [illumina.com/products/by-type/clinical-research-products/covidseq-assay.html](https://www.illumina.com/products/by-type/clinical-research-products/covidseq-assay.html)

Nota tecnica Miglioramento delle prestazioni con Illumina COVIDSeq Assay (96 campioni), [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](https://www.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)

Informazioni per gli ordini

Prodotto	N. di catalogo
COVIDSeq Assay (96 campioni) indice 1	20049393
COVIDSeq Assay (96 campioni) indice 2	20051772
Prodotto accessorio	
COVIDSeq Positive Control (96 reazioni)	20051775
Illumina COVIDSeq v4 Primer Pools, 384 campioni RUO	20065135

Bibliografia

1. Organizzazione Mondiale della Sanità. [WHO Director-General's statement on IHR Emergency Committee on Novel Coronavirus \(2019-nCoV\)](#). 30 gennaio 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[®]

Numero verde 1.800.809.4566 (U.S.A.) | Tel. +1.858.202.4566
techsupport@illumina.com | www.illumina.com

© 2021 Illumina, Inc. Tutti i diritti riservati. Tutti i marchi di fabbrica sono di proprietà di Illumina, Inc. o dei rispettivi proprietari. Per informazioni specifiche sui marchi di fabbrica, consultare la pagina Web www.illumina.com/company/legal.html.
M-GL-00243 ITA v1.0