

# illumina COVIDSeq™ Assay (96 samples)

- SARS-CoV-2シーケンシングと特性評価に適した高効率の統合型ワークフロー
- シーケンスバリエーションの精確な検出のためのSARS-CoV-2ゲノムの均一なカバレッジ
- ベンチトップ型の装置でシーケンスされる少数サンプルに対応するロースループレットからミッドスループレット向けのアッセイ

illumina®

## はじめに

COVID-19によるパンデミックが世界中で猛威を振るい続けるなか<sup>1</sup>、B.1.1.7系統のアルファ株、ベータ株、デルタ株、ガンマ株、オミクロン株などの変異株が出現し続けています。これらの変異株や今後出現するかもしれない新しいSARS-CoV-2株は、より感染しやすいか、または重篤化を引き起こしやすくなる可能性があり、公衆衛生の取り組み、信頼できる診断検査、そしてパンデミックと闘うために開発されるワクチンに対する関心が高まっています。<sup>2</sup> このことは、新しいSARS-CoV-2変異株を同定し、監視するためのゲノムサーベイランスの必要性を浮き彫りにしています。Illumina COVIDSeq Assay (96 samples)は、ロースルーブットからミッドルーブット向けの、アンプリコンを用いた次世代シーケンサー (NGS) アッセイであり、新しいSARS-CoV-2の変異株と系統の出現や流行に対するラボによる同定と追跡を可能にします。

## Illumina COVIDSeqワークフロー

Illumina COVIDSeq Assay (96 samples)は、SARS-CoV-2の検出と特性評価を目的とした、遺伝物質の分離からシーケンスとデータ解析に及ぶ効率的な統合型ワークフローの一部です (図1)。

### ライブラリー調製

Illumina COVIDSeq Assay (96 samples)キットには、cDNA変換、増幅およびライブラリー調製に必要なすべての試薬が含まれています。本キットは、有効かつ公開されているARTICマルチプレックスPCR法のプロトコールに基づくARTIC v3プライマープールを含んでおり、SARS-CoV-2 RNAを検出し、特性を評価します。改変型の最適化されたARTIC v4プライマープールは、ウイルスゲノムカバレッジとバリエーションが向上しており、付属製品としてご利用いただけます。

### シーケンス

調製したライブラリーはどのイルミナシーケンスシステムでもシーケンスできますが、Illumina COVIDSeq Assay (96 samples)のロースルーブット設定は、iSeq™ 100システム、MiniSeq™システム、MiSeq™システム、NextSeq™ 550システム、NextSeq 1000およびNextSeq 2000システムなどのベンチトップ型プラットフォームに最適です。リード長は、101 bp × 2および151 bp × 2が推奨されます。

### データ解析

Illumina DRAGEN™ COVID Lineageアプリは、BaseSpace™ Sequence Hubで自由にご利用いただけます。簡単で使いやすいこのアプリは、SARS-CoV-2検出、リファレンスゲノムへのリードアライメント、バリエーションコール、コンセンサスゲノム配列を生成します。PangolinおよびNextCladeと併用することで、Dragen COVID Lineageアプリでもほとんどのサーベイランスアプリケーションに必要な系統や分岐群のコールを提供します。

### 均一なSARS-CoV-2ゲノムカバレッジ

Illumina COVIDSeq Assay (96 samples)は、SARS-CoV-2ゲノム中の均一なカバレッジ、特にSARS-CoV-2ゲノムの重要な領域である、スパイクタンパク質座位での均一なカバレッジを提供します (図2)。<sup>3-5</sup> 詳細なSARS-CoV-2シーケンシングを実施する必要があるラボでは、ARTIC v4プライマープールにより、新しい変異株の徹底した特性評価のためにスパイクタンパク質座位での向上したカバレッジが得られます (図2)。

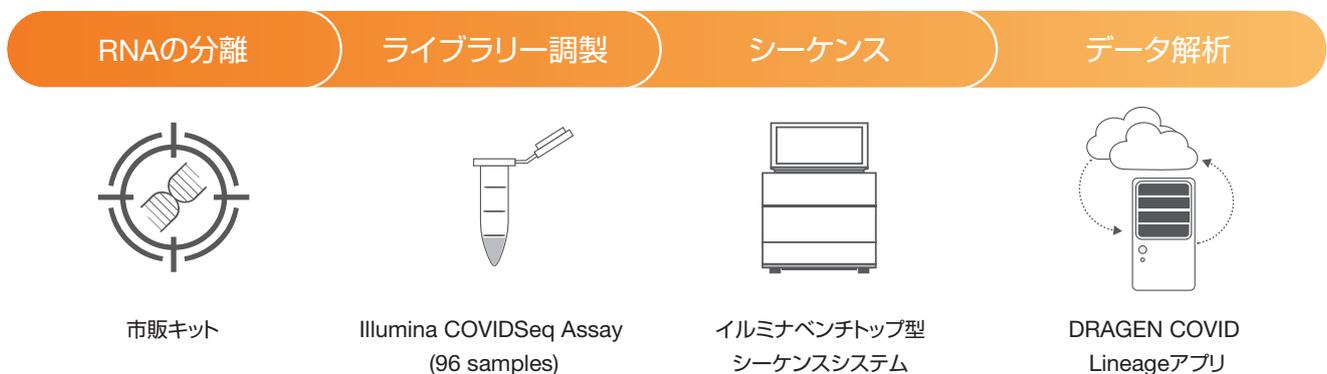


図1: Illumina COVIDSeqワークフロー: 効率的かつ包括的なワークフローでは、Illumina COVIDSeq Assay (96 samples)を用いてSARS-CoV-2ライブラリーを調製し、イルミナベンチトップシーケンスシステムでシーケンスを実施し、ウイルス検出、バリエーションコールおよび株のタイピングにはDRAGEN COVID Lineageアプリで解析します。

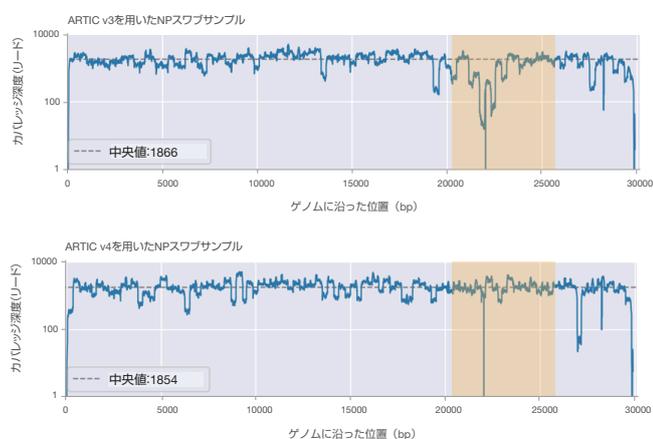


図 2: SARS-CoV-2のB.1.617.2変異株(デルタ株)における均一なゲノムカバレッジ: Illumina COVIDSeq Assay (96 samples)は、ARTIC v3(上段)およびARTIC v4(下段)プライマープールを用いて、スパイクタンパク質座位(ハイライトされた領域)中での均一なウイルスゲノムのカバレッジを提供します。ARTIC v3プールには11のヒトコントロール遺伝子に対するプライマーが含まれますが、ARTIC v4プールには含まれていません。22,000 bp付近での両プライマープールに認められるカバレッジの急降下は、ドロップアウトではなく、実際の6塩基欠損であるにご注意ください。

## まとめ

COVID-19パンデミック下における新しいSARS-CoV-2変異株の出現とまん延から、シーケンシングを用いたウイルスサーベイランスの必要性は明らかです。Illumina COVIDSeq Assay (96 samples)は、少量のサンプルバッチに対応しており、新しいSARS-CoV-2変異株と系統の出現と流行に対する分散型のサーベイランスを可能にします。

## 詳細はこちら

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

Illumina COVIDSeq Assay (96 samples) の使用によるパフォーマンスの向上に関するテクニカルノート: [jp.illumina.com/content/dam/illumina/gcs/assembled-assets/marketing-literature/illumina-covidseq-tech-note-m-gl-00408/illumina-covidseq-tech-note-m-gl-00408-jpn.pdf](https://jp.illumina.com/content/dam/illumina/gcs/assembled-assets/marketing-literature/illumina-covidseq-tech-note-m-gl-00408/illumina-covidseq-tech-note-m-gl-00408-jpn.pdf)

## 製品情報

| 製品名  | カタログ番号   |
|--|----------|
| COVIDSeq Assay (96 samples) index 1                | 20049393 |
| COVIDSeq Assay (96 samples) index 2                | 20051772 |
| 付属品  |          |
| COVIDSeq Positive Control                          | 20051775 |
| Illumina COVIDSeq v4 Primer Pools, 384 Samples RUO | 20065135 |

## 参考文献

- World Health Organization. [WHO Director-General's statement on IHR Emergency Committee on Novel Coronavirus \(2019-nCoV\)](#). 30 January 2020.
- Baric, RS. [Emergence of a highly fit SARS-CoV-2 variant](#). *N Engl J Med*. 2020;383:2684–2686.
- 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.
- 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.
- 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.

## イルミナ株式会社

〒108-0014 東京都港区芝 5-36-7 三田ベルジュビル 22 階  
Tel (03) 4578-2800 Fax (03) 4578-2810  
jp.illumina.com

 [www.facebook.com/illuminakk](https://www.facebook.com/illuminakk)

販売店

本製品の使用目的は研究に限定されます。診断での使用はできません。 販売条件：jp.illumina.com/tc

© 2022 Illumina, Inc. All rights reserved.

すべての商標および登録商標は、Illumina, Inc.または各所有者に帰属します。

商標および登録商標の詳細は [jp.illumina.com/company/legal.html](https://jp.illumina.com/company/legal.html) をご覧ください。

予告なしに仕様および希望販売価格を変更する場合があります。

Pub. No. M-GL-00243 v1.0-JPN 25FEB2022

本製品の使用目的は研究に限定されます。診断での使用はできません。

**illumina**<sup>®</sup>