

Illumina Microbial Amplicon Prep

公衆衛生サーベイランスと
微生物研究のための多用途な
ライブラリー調製ソリューション

- ユーザー設計のプライマーに対応し、公衆衛生上懸念のある病原体をシーケンス
- 複数の微生物種に対する高品質のゲノムワイドなカバレッジを実現
- さまざまなサンプルソースと種類からのDNAとRNAインプットに対応

illumina®

はじめに

新型コロナウイルス感染症のパンデミックにより、感染症の感染拡大を同定、モニタリング、制御するために効果的なウイルスサーベイランスシステムを導入することの重要性が浮き彫りになりました。新型コロナウイルス (SARS-CoV-2)¹⁻³、ジカウイルス^{4,5}、エボラウイルス⁶、およびMボックスウイルス⁷ (旧称サル痘) によって引き起こされる感染症など、エンデミックおよび新たに出現した感染症に関する集団規模のゲノムサーベイランスは、次世代シーケンサー (NGS) 技術によって今では可能になっています。

Illumina Microbial Amplicon Prepキットは、微生物学および感染症研究の発見力を拡大する、ロースループットからミッドスループットのシーケンスベースのアッセイです。このキットでは、実証済みのIllumina COVIDSeq™ Assayワークフローを活用し、研究者はウイルス、または細菌や寄生虫などのサイズの大きな微生物種の一部のゲノム領域のターゲットシーケンスのために、ラボで設計したまたは市販で入手できるプライマーを使用することができます。この多用途のライブラリー調製ソリューションは、病原体の経時的かつ地理的な広がり、パリアントの検出、病原体株の分類、微生物耐性マーカーの同定など、幅広い公衆衛生研究のアプリケーションに対応します。

微生物種を問わない優れた性能

Illumina Microbial Amplicon Prepは、綿密に設計されたプライマーと組み合わせることで、RNAウイルスとDNAウイルスの両方を含むウイルスゲノム全体のシーケンスカバレッジを提供できます (図1)。このキットを使用することで、アプリケーションに応じて、ウイルスの全ゲノムまたは選択した領域のターゲットシーケンスが可能になります。より大きなゲノムを持つ微生物種の場合は、選択した領域に対するプライマーを使うことも可能です。

Illumina Microbial Amplicon Prepは、微生物培養物、鼻咽頭スワブ、皮膚スワブ、鼻スワブ、廃水サンプルなどのさまざまなソースから抽出したRNAまたはDNAを使用できます。ライブラリーの調製を成功させるには、高品質のインプットDNAまたはRNAを使用し、抽出後に追加のクリーンアップと精製ステップを行うことが推奨されます。

効率化されたワークフロー

Illumina Microbial Amplicon Prepは、微生物ターゲットに使用する、他検体のマルチプレックスを可能にするPCRベースのライブラリー調製ソリューションです。このキットは、ロバストなIllumina COVIDSeq Assayワークフローを基盤としており、遺伝物質の単離から、微生物種の検出と特性評価のためのシーケンスおよびデータ解析を含みます (図2)。

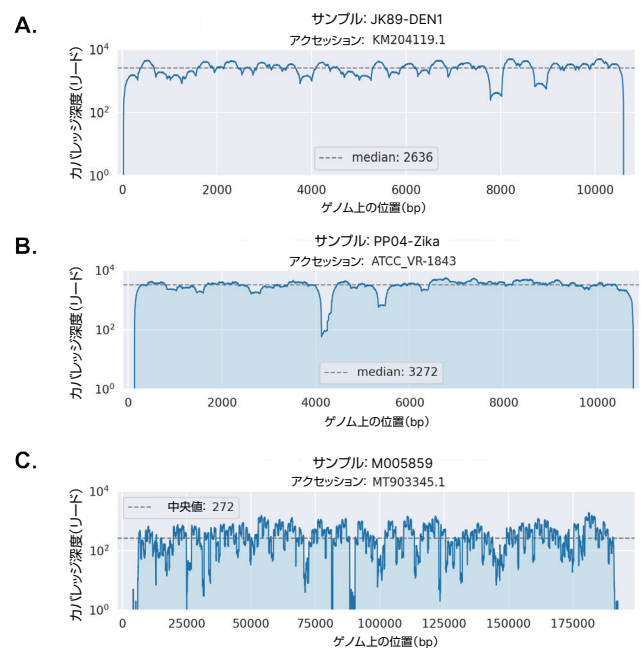


図1: RNAウイルスとDNAウイルスに対するゲノムワイドなカバレッジ: Illumina Microbial Amplicon Prepは (A) デング熱および (B) ジカRNAウイルスに対して、95%を超えるゲノムカバレッジを提供します。

(C) Mボックスウイルスのカバレッジプロットは、DNAウイルスとの互換性を示しています。



図2: Illumina Microbial Amplicon Prepワークフロー: 効率化されたワークフローでは、Illumina Microbial Amplicon Prepキットを使用して微生物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し、DRAGEN Targeted Microbial Appで検出、バリエーションコールおよび系統タイピングを解析します。*キットにはライブラリー調製のインデックスが含まれています。プライマーオリゴは別途購入してください。

ライブラリー調製

Illumina Microbial Amplicon Prepキットには、cDNA変換、増幅、ライブラリーの調製に必要な試薬が含まれています。本キットは、ラボで設計されたプライマーまたは、別途購入できる市販で入手可能なプライマーセットと互換性があります。400塩基対のアンプリコン長が推奨されますが、ターゲットによってはより長いアンプリコンが必要な場合があります。

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 Microbial Amplicon Prepはコースルーブット構成のため、iSeq™ 100システム、MiniSeq™システム、MiSeq™システム、NextSeq™ 500システム、NextSeq 550システム、NextSeq 1000システムおよびNextSeq 2000システムなどのベンチトッププラットフォームに適しています。101 bp × 2および151 bp × 2のリード長が推奨されます。

データ解析

Illumina DRAGEN™ Targeted Microbial AppはBaseSpace™ Sequence Hub上で、無料で使用することができます。使いやすいアプリは、リードをリファレンスゲノムにアライメントし、バリエーションコールを行い、サンプル内の核酸種の集団を表すコンセンサスゲノム配列を生成します(図3)。利用可能な場合は、追加の系統解析のために外部のキュレーションされたデータベースにアクセスします。

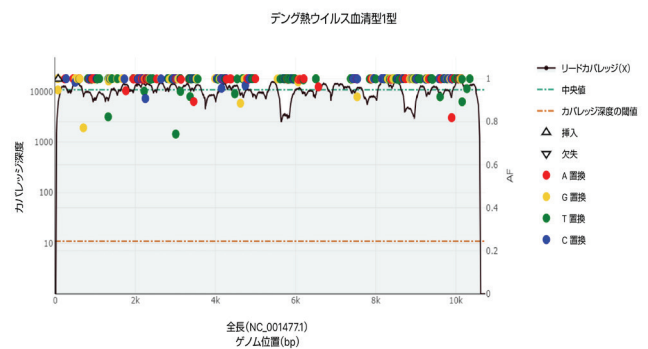


図3: Illumina DRAGEN Targeted Microbial Appを使用して生成されたデング熱ウイルスゲノムのカバレッジプロット: DRAGEN Targeted Microbial Appから出力されるカバレッジプロットはインタラクティブであり、対数スケール間の切り替え、カバレッジラインの中央値、置換、欠失情報を含めるまたは除外する機能があります。各円は、リファレンスゲノムとは異なるSNPを表します。各色は、それがA、G、T、またはCの置換であるかどうかを示します。また、挿入と欠失は三角形で示されます。カバレッジプロットは、リファレンスデータベース (NC_001477.1) に最もよく当てはまる配列にマッピングされた単一のゲノムコンセンサスを示します。インタラクティブプロットは、上に示すようにPNGファイルとしてダウンロードできます。

まとめ

Illumina Microbial Amplicon Prepキットは、微生物ライブラリー調製のための統合型のソリューションを提供することで、公衆衛生研究者が自らの地域の健康を守る力を与えます。この柔軟なアッセイは、ユーザーが設計したプライマーと互換性があり、広範囲のサンプルソースから抽出されたRNAインプットやDNAインプットに対応します。革新的なNGSプラットフォームとの統合により、非常に効果的な公衆衛生サーベイランスのための優れたデータ品質、柔軟性、スケラビリティが実現します。

詳細はこちら

[Illumina Microbial Amplicon Prep](#)

[微生物学ゲノミクス](#)

製品情報

製品名	カタログ番号
Illumina Microbial Amplicon Prep (48 samples)	20097857

参考文献

- Chen Z, Azman AS, Chen X, et al. [Global landscape of SARS-CoV-2 genomic surveillance and data sharing.](#) *Nat Genet.* 2022;54(4):499-507. doi:10.1038/s41588-022-01033-y
- Hodcroft EB, Zuber M, Nadeau S, et al. [Spread of a SARS-CoV-2 variant through Europe in the summer of 2020.](#) *Nature.* 2021;595(7869):707-712. doi:10.1038/s41586-021-03677-y
- Wilkinson E, Giovanetti M, Tegally H, et al. [A year of genomic surveillance reveals how the SARS-CoV-2 pandemic unfolded in Africa.](#) *Science.* 2021;374(6566):423-431. doi:10.1126/science.abj4336
- Faria NR, Sabino EC, Nunes MRT, Alcantara LCJ, Loman NJ, Pybus OG. [Mobile real-time surveillance of Zika virus in Brazil.](#) *Genome Med.* 2016;8(1):97. doi:10.1186/s13073-016-0356-2
- Giovanetti M, Faria NR, Lourenço J, et al. [Genomic and Epidemiological Surveillance of Zika Virus in the Amazon Region.](#) *Cell Rep.* 2020;30(7):2275-2283.e7. doi:10.1016/j.celrep.2020.01.085
- Gire SK, Goba A, Andersen KG, et al. [Genomic surveillance elucidates Ebola virus origin and transmission during the 2014 outbreak.](#) *Science.* 2014;345(6202):1369-1372. doi:10.1126/science.1259657
- Tiwari A, Adhikari S, Kaya D, et al. [Monkeypox outbreak: Wastewater and environmental surveillance perspective.](#) *Sci Total Environ.* 2023;856(Pt 2):159166. doi:10.1016/j.scitotenv.2022.159166

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](#)

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](#)

© 2024 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](#) 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。

illumina®