

Illumina Microbial Amplicon Prep

공중 보건 감시 및
미생물학 연구를 위한
다목적 라이브러리 준비 솔루션

- 공중 보건상 우려가 있는 병원체의 시퀀싱에 연구자가 설계한 프라이머 사용 가능
- 여러 미생물 종에 걸쳐 고품질의 전장 유전체 커버리지 지원
- 소스와 종류가 다양한 샘플에서 얻은 DNA 및 RNA 사용 가능

illumina[®]

연구 전용입니다. 진단 절차에는 사용할 수 없습니다.

소개

COVID-19 팬데믹으로 인해 질병의 발발을 식별, 모니터링 및 관리할 수 있는 효과적인 바이러스 감시 시스템(viral surveillance system) 구축의 중요성이 대두되었습니다. 이제 차세대 시퀀싱(next-generation sequencing, NGS) 기술을 활용해 SARS-CoV-2,¹⁻³ 지카(Zika),^{4,5} 에볼라(Ebola),⁶ 엡폭스(Mpox; 옛 명칭 원숭이두창(Monkeypox))⁷ 등의 바이러스로 인한 풍토성 감염병(endemic infectious disease)과 신종 감염병(emerging infectious disease)에 대한 인구집단 규모의 유전체 감사가 가능합니다.

Illumina Microbial Amplicon Prep 키트는 요구되는 처리량(throughput)이 적거나 중간 수준인 미생물학 및 감염병 연구의 발견 역량을 높여 줄 수 있는 시퀀싱 기반의 assay입니다. 연구자는 입증된 Illumina COVIDSeq™ Assay 워크플로우를 활용하는 이 키트를 선택함으로써 바이러스의 표적 시퀀싱(targeted sequencing)에 랩에서 설계한 프라이머나 상용 프라이머를 사용할 수 있고, 세균이나 기생충과 같은 크기가 큰 다양한 미생물 종(species)의 특정 영역을 선택해 연구할 수 있습니다. 이 다목적 라이브러리 준비 솔루션은 시간의 흐름과 지리에 따른 병원체의 추적, 변이의 검출, 병원체 균주(strain)의 분류, 미생물 저항성 표지자(microbial resistance marker)의 식별 등 광범위한 공중 보건 연구를 지원합니다.

다양한 미생물 종에서 확인된 우수한 성능

Illumina Microbial Amplicon Prep은 잘 설계된 프라이머와 함께 사용할 경우 RNA 및 DNA 바이러스를 모두 포함하는 바이러스의 유전체 전체에 대한 시퀀싱 커버리지(coverage)를 제공할 수 있습니다(그림 1). 이 키트를 활용하면 애플리케이션에 따라 바이러스의 전장 유전체(whole genome) 또는 선택 영역에 대한 표적 시퀀싱을 수행할 수 있습니다. 크기가 더 큰 유전체를 가진 미생물 종의 경우에는 선택된 영역에 대해 프라이머를 사용해 볼 수 있습니다.

또한 Illumina Microbial Amplicon Prep은 미생물 배양체(microbial culture), 비인두 도말(nasopharyngeal swab), 피부 도말(skin swab), 비강 도말(nasal swab), 폐수 샘플 등의 다양한 소스에서 추출한 RNA 또는 DNA와 함께 사용할 수 있습니다. 성공적인 라이브러리 준비를 위해서는 고품질의 DNA 또는 RNA를 사용하고 추출 후 추가적인 클린업(cleanup) 및 정제(purification) 단계를 거치는 것이 권장됩니다.

간소화된 워크플로우

Illumina Microbial Amplicon Prep은 미생물 표적과 함께 사용하도록 설계된 고도로 다중화(highly multiplexed)된 PCR 기반의 라이브러리 준비 솔루션입니다. 이 키트는 미생물 종의 검출 및 특성 확인에 필요한 유전 물질(genetic material)의 분리부터 시퀀싱과 데이터 분석까지 모든 단계를 아우르는 강력한 Illumina COVIDSeq Assay 워크플로우를 기반으로 합니다(그림 2).

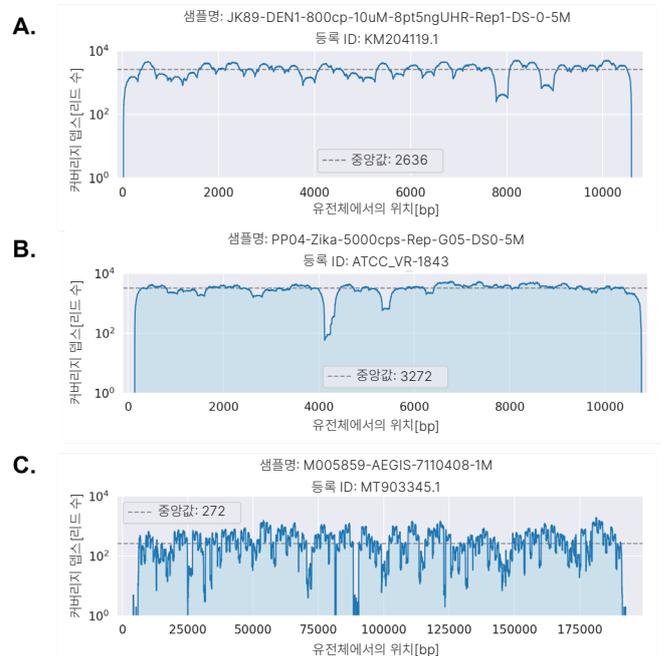


그림 1: RNA 및 DNA 바이러스의 전장 유전체 커버리지 — Illumina Microbial Amplicon Prep은 (A) 뎅기 및 (B) 지카 RNA 바이러스의 경우 800개의 바이러스 카피(viral copy) 사용 시 95%가 넘는 유전체 커버리지를 제공합니다. (C) 엡폭스 바이러스의 커버리지 플롯은 DNA 바이러스와의 호환성을 보여줍니다.



그림 2: Illumina Microbial Amplicon Prep 워크플로우 — 간소화된 워크플로우를 통해 Illumina Microbial Amplicon Prep 키트로 준비한 미생물 라이브러리를 Illumina 벤치탑 시퀀싱 시스템에서 시퀀싱한 후 바이러스 검출, 변이 검출 및 균주 형별 분류(strain typing)를 위해 DRAGEN Targeted Microbial App으로 시퀀싱 데이터를 분석함. *키트에는 라이브러리 준비에 필요한 인덱스(index)가 포함되어 있으며, 프라이머 올리고(primer oligo)는 별도로 구매해야 함.

라이브러리 준비

Illumina Microbial Amplicon Prep 키트에는 cDNA 변환(conversion), 증폭(amplification) 그리고 라이브러리 준비에 필요한 시약이 포함되어 있습니다. 이 키트는 랩에서 설계한 프라이머 또는 별도로 구매해야 하는 상용 프라이머 세트와 호환이 가능합니다. 앰플리콘(Amplicon) 길이는 400 bp가 권장되지만, 일부 표적에는 더 긴 앰플리콘이 필요할 수도 있습니다.

시퀀싱

이렇게 준비한 라이브러리는 모든 Illumina 시퀀싱 시스템에서 시퀀싱할 수 있지만, Illumina Microbial Amplicon Prep은 적은 처리량에 알맞게 설계되었으므로 iSeq™ 100, MiniSeq™, MiSeq™, NextSeq™ 500, NextSeq 550, NextSeq 1000 및 NextSeq 2000 시스템과 같은 벤치탑 플랫폼에서 시퀀싱하는 것이 적합합니다. 리드 길이(Read length)는 2 × 101 bp 그리고 2 × 151 bp를 권장합니다.

데이터 분석

Illumina DRAGEN™ Targeted Microbial App은 BaseSpace™ Sequence Hub에서 무료로 이용할 수 있습니다. 이 응용이 용이한 앱은 참조 유전체(reference genome)에 리드를 정렬(alignment)하고, 변이를 검출하며 샘플 내 핵산 종의 모집단을 나타내는 공통 유전체 시퀀스(consensus genome sequence)를 생성합니다(그림 3). 가능한 경우, 추가적인 계통(lineage) 분석을 위해 큐레이션(curation)을 거친 외부 데이터베이스에 접속합니다.

덴기 바이러스 항원형 1

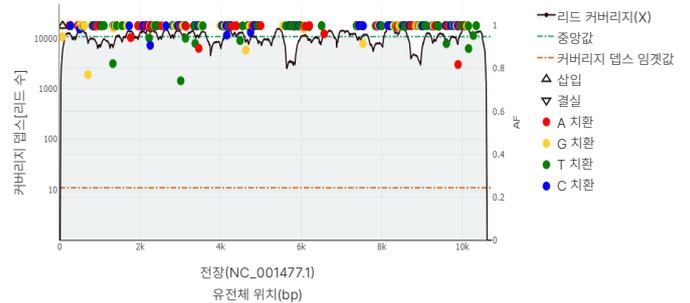


그림 3: Illumina DRAGEN Targeted Microbial App으로 만든 덴기 바이러스 유전체의 커버리지 플롯 — DRAGEN Targeted Microbial App이 생성한 커버리지 플롯은 상호 작용이 가능하며 연구자가 로그 스케일(log-scale) 간에 토클을 하고, 커버리지 선 중앙값 및/또는 치환(substitution)/결실(deletion) 정보를 제외하거나 포함할 수 있는 기능을 제공함. 각각의 등그라미는 참조 유전체와 다른 단일 염기 다형성(single nucleotide polymorphism, SNP)을 나타내며, 치환(염기 A, G, T 또는 C)은 네 가지 색상으로 구분되고, 삽입/결실(insertion/deletion, Indel)은 삼각형으로 표시됨. 커버리지 플롯은 레퍼런스 데이터베이스(NC_001477.1)에서 최대 히트(best hit)에 매핑된 단일 유전체 공통 시퀀스를 보여줌. 상기 예시와 같이 상호 작용 플롯은 PNG 파일로 다운로드 가능함.

요약

Illumina Microbial Amplicon Prep 키트는 공중 보건 연구자들이 지역 주민의 건강을 지킬 수 있도록 통합적인 미생물 라이브러리 준비 솔루션을 제공합니다. 이 유연한 assay는 연구자가 설계한 프라이머와 호환이 가능하며, 다양한 소스의 샘플에서 추출한 RNA 또는 DNA의 사용을 지원합니다. 혁신적인 NGS 플랫폼과 통합 시 효과적인 공중 보건 감시에 요구되는 우수한 데이터 품질, 유연성 및 확장성을 제공할 수 있을 것입니다.

상세 정보

Illumina Microbial Amplicon Prep

미생물 유전체 연구

제품 목록

제품	카탈로그 번호
Illumina Microbial Amplicon Prep (48 samples)	20097857

참고 문헌

1. 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
2. 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
3. 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
4. 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
5. 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
6. 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
7. 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

illumina®

무료 전화(한국) 080-234-5300
techsupport@illumina.com | www.illumina.com

© 2023 Illumina, Inc. All rights reserved.
모든 상표는 Illumina, Inc. 또는 각 소유주의 자산입니다.
특정 상표 정보는 www.illumina.com/company/legal.html을 참조하십시오.
M-KR-00202 KOR