

Illumina Microbial Amplicon Prep

Solução versátil de preparação de biblioteca para vigilância de saúde pública e pesquisa em microbiologia

- Compatível com primers projetados pelo usuário para sequenciar patógenos de interesse da saúde pública.
- Permite cobertura genômica ampla de alta qualidade em diversas espécies microbianas.
- Adapta entrada de DNA e RNA de uma variedade de fontes e tipos de amostras.

illumina[®]

Introdução

A pandemia da COVID-19 ressaltou a importância de ter sistemas efetivos de vigilância viral em uso para identificar, monitorar e controlar surtos de doenças. A vigilância genômica em escala populacional de doenças infecciosas endêmicas e recém-emergentes, incluindo as causadas pelos vírus SARS-CoV-2,¹⁻³ Zika,^{4,5} Ebola,⁶ e M pox⁷ (antigo Monkeypox, varíola do macaco), agora é possível como resultado da tecnologia de sequenciamento de última geração (NGS, next-generation sequencing).

O Illumina Microbial Amplicon Prep Kit é um ensaio baseado em sequenciamento de baixa a média produtividade que amplia a capacidade de descoberta da pesquisa em doenças infecciosas e microbiologia. Com esse kit, que utiliza o fluxo de trabalho qualificado Illumina COVIDSeq™ Assay, os pesquisadores podem fazer uso de primers projetados por laboratórios ou que estejam disponíveis comercialmente que servem para sequenciamento direcionado de vírus e podem selecionar regiões de várias espécies microbianas maiores, inclusive bactérias ou parasitas. Essa versátil solução para preparação de biblioteca tem suporte para uma ampla variedade de aplicações para pesquisa de saúde pública, inclusive rastreamento de patógenos ao longo do tempo e geografias, detecção de variantes, classificação de cepas de patógenos, identificação de marcadores de resistência microbiana e outros.

Desempenho excelente nas espécies microbianas

O Illumina Microbial Amplicon Prep pode ser combinado com primers bem projetados para fornecer cobertura de sequência em genomas virais, inclusive vírus de RNA e DNA (Figura 1). Esse kit permite sequenciamento direcionado de genomas completos ou selecionar regiões de vírus, dependendo da aplicação. Para espécies microbianas com genomas maiores, podem ser usados primers com regiões selecionadas.

O Illumina Microbial Amplicon Prep pode ser usado com RNA ou DNA extraído de várias fontes, como culturas microbianas, swabs nasofaríngeos, swabs de pele, swabs nasais, amostras de água residual e outros. O uso de DNA ou RNA de entrada de alta qualidade, junto com etapas adicionais de limpeza e purificação após a extração, é recomendado para o preparo bem-sucedido da biblioteca.

Fluxo de trabalho simplificado

O Illumina Microbial Amplicon Prep é uma solução para preparação de biblioteca baseada em PCR altamente multiplexada para uso com alvos microbianos. Esse kit baseia-se no robusto fluxo de trabalho Illumina COVIDSeq Assay, estendendo-se do isolamento do material genético ao sequenciamento e análise de dados para detecção e caracterização de espécies microbianas (Figura 2).

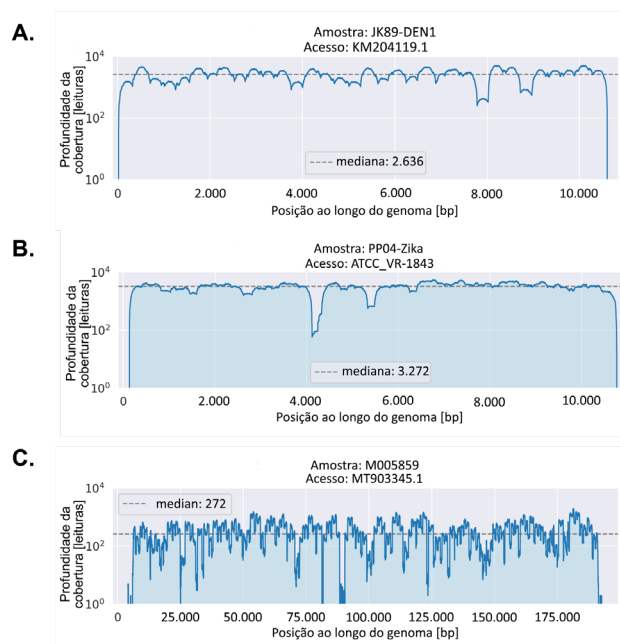


Figura 1: cobertura genômica ampla para vírus de RNA e DNA; o Illumina Microbial Amplicon Prep fornece cobertura genômica que excede 95% para vírus de RNA de (A) Dengue e (B) Zika. (C) Gráfico da cobertura para vírus M pox que demonstra compatibilidade com vírus de DNA.

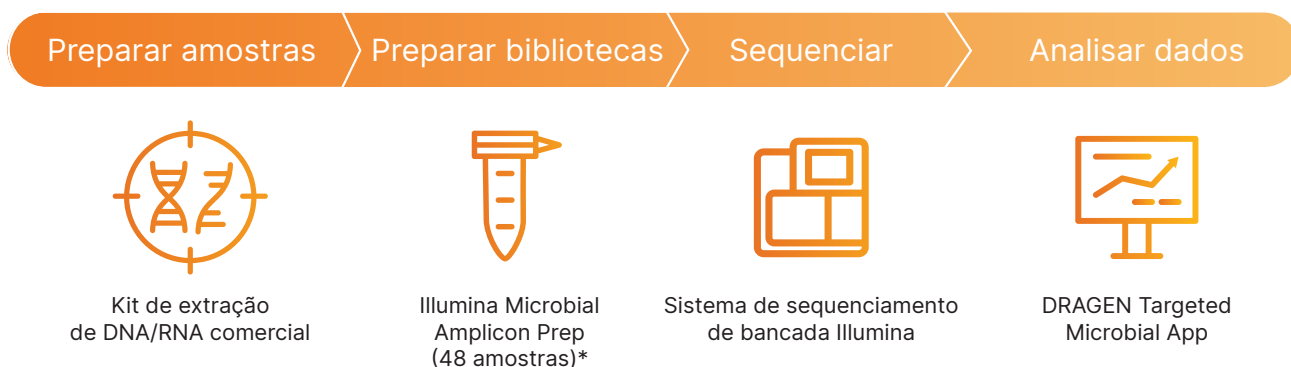


Figura 2: fluxo de trabalho Illumina Microbial Amplicon Prep; em um fluxo de trabalho eficiente, as bibliotecas microbianas são preparadas usando o Illumina Microbial Amplicon Prep Kit, sequenciadas em qualquer sistema de sequenciamento de bancada da Illumina e analisadas no aplicativo DRAGEN Targeted Microbial para detecção, chamada de variante e tipagem de cepas.

*O kit inclui índices para preparação de biblioteca. Oligonucleotídeos de primer devem ser comprados separadamente.

Preparação da biblioteca

O Illumina Microbial Amplicon Prep Kit inclui reagentes necessários para conversão de cDNA, amplificação e preparação de biblioteca. O kit é compatível com primers projetados por laboratórios ou conjuntos de primers disponíveis comercialmente, que devem ser comprados separadamente. Recomendam-se comprimentos de amplicon de 400 pares de base; porém, podem ser necessários amplicons mais longos com determinados alvos.

Sequenciamento

As bibliotecas preparadas podem ser sequenciadas em qualquer sistema de sequenciamento da Illumina; entretanto, a configuração de baixa produtividade do Illumina Microbial Amplicon Prep o torna ideal para plataformas de bancada, inclusive os sistemas iSeq™ 100, MiniSeq™, MiSeq™, NextSeq™ 500, NextSeq 550, NextSeq 1000 e NextSeq 2000. Recomenda-se a duração de leitura de 2×101 bp e 2×151 bp.

Análise de dados

O Illumina DRAGEN™ Targeted Microbial App está disponível gratuitamente no BaseSpace™ Sequence Hub. O aplicativo de fácil uso alinha leituras a genomas de referência, variantes de identificações, e gera uma sequência do genoma em consenso que representa a população de espécies de ácido nucleico na amostra (Figura 3). Quando disponíveis, bancos de dados externos selecionados são acessados para análise de linhagem adicional.

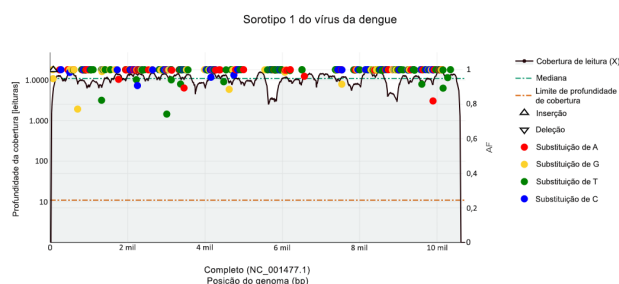


Figura 3: gráfico de cobertura do genoma do vírus da Dengue gerado com o uso do aplicativo Illumina DRAGEN Targeted Microbial; o resultado do gráfico de cobertura do aplicativo DRAGEN Targeted Microbial é interativo, com a funcionalidade de alternar entre log-escala, incluir ou excluir linhas de cobertura medianas e/ou substituir/excluir informações. Cada círculo representa um polimorfismo de nucleotídeo único (SNP, Single nucleotide polymorphism) que varia do genoma de referência. Cada cor indica se é uma substituição de A, G, T ou C. Inserções e exclusões também são indicadas por triângulos. O gráfico de cobertura mostra um consenso genômico único mapeado de acordo com o melhor acerto do banco de dados de referência (NC_001477.1). Os gráficos interativos podem ser baixados como arquivos de extensão PNG, como exibido acima.

Resumo

O Illumina Microbial Amplicon Prep Kit habilita os pesquisadores de saúde pública a protegerem a saúde de suas comunidades com uma solução integrada para preparação de biblioteca microbiana. Este ensaio é flexível e compatível com primers projetados pelo usuário e suporta entradas de RNA ou DNA extraídos de uma ampla gama de fontes de amostras. A integração com inovadoras plataformas de NGS propicia qualidade dos dados excepcional, flexibilidade e escalabilidade para uma vigilância de saúde pública altamente efetiva.

Saiba mais

[Illumina Microbial Amplicon Prep](#)

[Genômica microbiana](#)

Informações para pedido

Produto	N.º do catálogo
Illumina Microbial Amplicon Prep (48 samples)	20097857

Referências

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



+1 800-809-4566, ligação gratuita (EUA) | tel. +1 (858) 202-4566
techsupport@illumina.com | www.illumina.com

© 2023 Illumina, Inc. Todos os direitos reservados. Todas as marcas comerciais pertencem à Illumina, Inc. ou aos respectivos proprietários. Para obter informações específicas sobre marcas comerciais, consulte www.illumina.com/company/legal.html.
M-GL-01788 PTB v1.1