

# Illumina Microbial Amplicon Prep

Solution de préparation de bibliothèques polyvalente pour la surveillance de la santé publique et la recherche microbiologique

- Prise en charge des primers définis par l'utilisateur pour le séquençage des agents pathogènes représentant une menace pour la santé publique
- Couverture pangénomique de haute qualité de plusieurs espèces microbiennes
- Prise en charge des entrées d'ADN et d'ARN à partir de divers types et sources d'échantillons

## Introduction

La pandémie de COVID-19 a mis en lumière la nécessité de mettre en place des systèmes efficaces de surveillance des agents viraux pour identifier, surveiller et contrôler les épidémies. La surveillance génomique à l'échelle de la population des maladies infectieuses endémiques et émergentes, y compris celles causées par le SARS-CoV-2<sup>1-3</sup>, le virus Zika<sup>4,5</sup>, le virus Ebola<sup>6</sup> et le virus Mpox<sup>7</sup> (anciennement la variole du singe), est désormais possible grâce à la technologie de séquençage de nouvelle génération (SNG).

La trousse Illumina Microbial Amplicon Prep est un test basé sur le séquençage de débit faible à moyen qui augmente le pouvoir de découverte des projets de recherche microbiologique et sur les maladies infectieuses. Grâce à cette trousse, qui tire parti du flux de travail éprouvé Illumina COVIDSeq<sup>MC</sup> Assay, les chercheurs peuvent utiliser des primers définis en laboratoire ou disponibles dans le commerce pour le séquençage ciblé des virus et sélectionner des régions de diverses espèces microbiennes plus grandes, y compris les bactéries ou les parasites. Cette solution de préparation de bibliothèques polyvalente prend en charge un large éventail d'applications de recherche en santé publique, notamment la surveillance des agents pathogènes dans les différentes régions au fil du temps, la détection des variants, la classification des souches pathogènes, l'identification des marqueurs de résistance microbienne et bien plus encore.

## Excellente performance sur les espèces microbiennes

Illumina Microbial Amplicon Prep peut être associé à des primers bien définis pour fournir la couverture de séquence des génomes viraux, y compris les virus à ARN et à ADN (figure 1). Cette trousse permet le séquençage ciblé de génomes entiers ou de certaines régions des virus, selon l'application. Pour les espèces microbiennes ayant des génomes plus grands, il est possible d'utiliser des primers pour certaines régions.

Illumina Microbial Amplicon Prep peut être utilisé avec l'ARN ou l'ADN extrait de diverses sources telles que des cultures microbiennes, des prélèvements nasopharyngés, des prélèvements cutanés, des prélèvements nasaux, des échantillons d'eaux usées et autres. L'utilisation d'ADN ou d'ARN d'entrée de haute qualité, associée à des étapes de nettoyage et de purification supplémentaires après l'extraction, est recommandée pour une préparation réussie des bibliothèques.

## Flux de travail rationalisé

Illumina Microbial Amplicon Prep est une solution de préparation de bibliothèques basée sur la PCR hautement multiplexée et destinée à être utilisée avec des cibles microbiennes. Cette trousse est élaborée à partir du flux de travail de l'Illumina COVIDSeq Assay robuste, comprenant l'isolation du matériel génétique par séquençage et l'analyse des données pour la détection et la caractérisation des espèces microbiennes (figure 2).

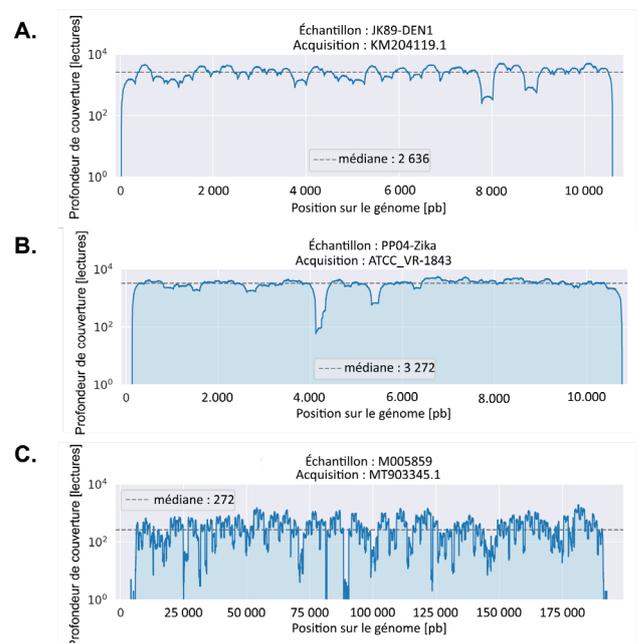


Figure 1 : Couverture pangénomique des virus à ARN et à ADN : Illumina Microbial Amplicon Prep fournit une couverture de génome supérieure à 95 % pour les virus à ARN de la dengue (A) et Zika (B). (C) La courbe de couverture du virus Mpox démontre la compatibilité avec les virus à ADN.

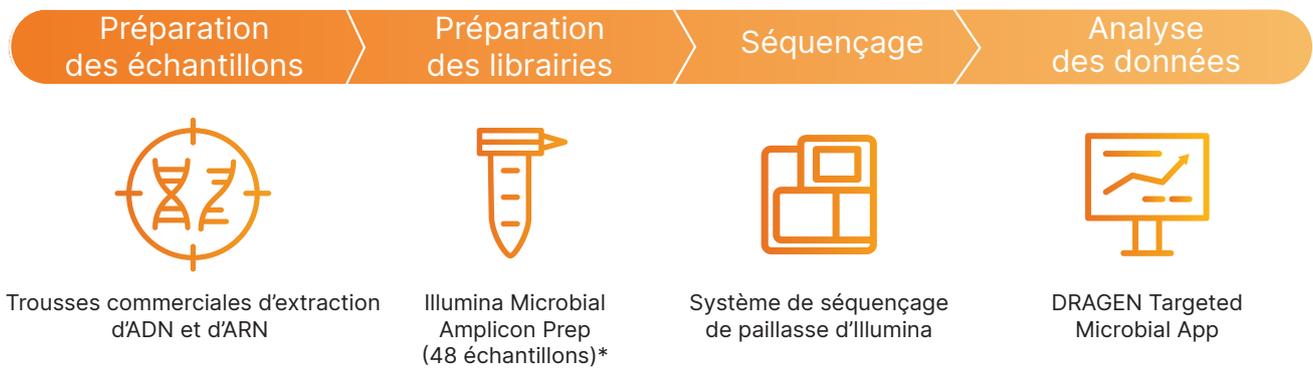


Figure 2 : Flux de travail d'Illumina Microbial Amplicon Prep : dans le cadre d'un flux de travail rationalisé, les bibliothèques sont préparées à l'aide de la trousse Illumina Microbial Amplicon Prep, séquençées sur n'importe quel système de séquençage de paillasse d'Illumina et analysées dans DRAGEN Targeted Microbial App pour la détection du virus, l'appel des variants et le typage des souches.

\* La trousse comprend les index pour la préparation de bibliothèques. Les oligos primers sont vendus séparément.

## Préparation de bibliothèques

La trousse Illumina Microbial Amplicon Prep comprend les réactifs nécessaires pour la conversion de l'ADNc, l'amplification et la préparation des bibliothèques. La trousse est compatible avec les primers définis en laboratoire ou les ensembles de primers disponibles dans le commerce, vendus séparément. La longueur des amplicons recommandée est de 400 paires de bases, mais des amplicons plus longs peuvent être nécessaires avec certaines cibles.

## Séquençage

Les bibliothèques préparées peuvent être séquençées dans tout système de séquençage d'Illumina. Cependant, la configuration à faible débit du test Illumina Microbial Amplicon Prep en fait une solution idéale pour les plateformes de paillasse, comme les systèmes iSeq<sup>MC</sup> 100, MiniSeq<sup>MC</sup>, MiSeq<sup>MC</sup>, NextSeq<sup>MC</sup> 500, NextSeq 550, NextSeq 1000, et NextSeq 2000. Des longueurs de lecture de 2 × 101 pb et 2 × 151 pb sont recommandées.

## Analyse des données

Illumina DRAGEN<sup>MC</sup> Targeted Microbial App est une application disponible gratuitement sur BaseSpace<sup>MC</sup> Sequence Hub. Cette application facile à utiliser permet d'aligner les lectures sur les génomes de référence, de réaliser des appels de variants et de générer une séquence consensus génomique représentant la population des espèces d'acide nucléique dans l'échantillon (figure 3). Lorsqu'elles sont disponibles, les bases de données externes conservées sont accessibles pour d'autres analyses de lignées.

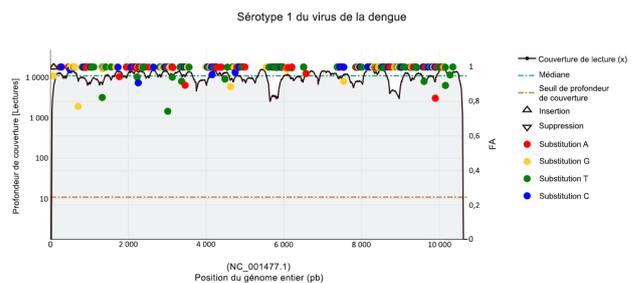


Figure 3 : Courbe de couverture du génome du virus de la dengue générée à l'aide de l'Illumina DRAGEN Targeted Microbial App : la courbe de couverture générée par l'Illumina DRAGEN Targeted Microbial App est interactive. Elle permet de basculer entre les échelles logarithmiques, d'inclure ou d'exclure les lignes de couverture médianes et/ou les données de substitution/suppression. Chaque cercle représente un polymorphisme mononucléotidique (SNP) qui varie du génome de référence. Chaque couleur indique s'il s'agit d'une substitution A, G, T ou C. Les insertions et les suppressions sont également signalées par des triangles. La courbe de couverture montre un consensus génomique unique associé à la meilleure occurrence de la base de données de référence (NC\_001477.1). Les courbes interactives peuvent être téléchargées sous forme de fichiers PNG comme indiqué ci-dessus.

## Résumé

La trousse Illumina Microbial Amplicon Prep permet aux chercheurs en santé publique de protéger la santé de leur communauté en fournissant une solution intégrée pour la préparation de bibliothèques microbiennes. Ce test flexible est compatible avec les primers définis par l'utilisateur et prend en charge les entrées d'ARN ou d'ADN extraites d'une large gamme de sources d'échantillons. L'intégration avec des plateformes innovantes de séquençage de nouvelle génération (SNG) offre une qualité, une flexibilité et une évolutivité exceptionnelles des données pour assurer une surveillance de la santé publique très efficace.

## En savoir plus

[Illumina Microbial Amplicon Prep](#)

[Génomique microbienne](#)

## Renseignements relatifs à la commande

Produit	N° de référence
Illumina Microbial Amplicon Prep (48 échantillons)	20097857

## Références

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



Numéro sans frais aux États-Unis : + (1) 800 809-4566 | Téléphone : + (1) 858 202-4566  
techsupport@illumina.com | www.illumina.com

© 2023 Illumina, Inc. Tous droits réservés. Toutes les marques de commerce sont la propriété d'Illumina, Inc. ou de leurs détenteurs respectifs. Pour obtenir des renseignements sur les marques de commerce, consultez la page [www.illumina.com/company/legal.html](http://www.illumina.com/company/legal.html).  
M-GL-01788 FRA v1.1