illumina®

DATENBLATT

Rapid Viral Surveillance Panel v2

Optimierte Genomsequenzierung für die Surveillance und Forschung im Bereich Hochrisikoviren



Erweitertes Panel mit Coverage von ca. 200 Viren, darunter solchen, die für die öffentliche Gesundheit von Bedeutung sind[1–6]



Hybrid-Capture-Anreicherung von viralen RNA- und DNA-Pathogenen



Integrierter, für zahlreiche Wirts- und Umgebungsprobentypen geeigneter Rapid-Workflow[7]

Nachweis von Viren mit wesentlichen Auswirkungen zur Surveillance im Gesundheitswesen

Der viralen Genom-Surveillance kommt eine entscheidende Rolle bei der globalen Gesundheitssicherheit zu, da sie Erkenntnisse von unschätzbarem Wert zur Entwicklung sowie zur Verbreitung und zur Aktivität von Pathogenen liefert.[1] Die Analyse der genetischen Basis von Viren mithilfe von NGS (Next-Generation Sequencing, Sequenzierung der nächsten Generation) ermöglicht Wissenschaftlern die Verfolgung von Mutationen mit möglichen Auswirkungen auf Übertragbarkeit, Virulenz oder Behandlungsresistenz.[8] Diese Informationen sind von höchster Bedeutung für die Entwicklung wirksamer Diagnosetests, Therapeutika und Impfstoffe zur Bekämpfung neuer Infektionskrankheiten.

Beim Illumina Rapid Viral Surveillance Panel v2 handelt es sich um ein NGS-Panel für den Nachweis von ca. 200 Viren sowie die entsprechende Genomsequenzierung (WGS, Whole-Genome Sequencing). Zum Umfang zählen auch Viren, die als wichtige Risiken für die öffentliche Gesundheit gelten (Tabelle 1).[1–6] Der Hybrid-Capture-Target-Anreicherungsworkflow des Panels ermöglicht die Sequenzierung unterschiedlicher Probentypen in nur 24 Stunden ohne die hohe Read-Tiefe, die für die Shotgun-Metagenomsequenzierung erforderlich ist. Im Vergleich zu anderen Verfahren für die gezielte Resequenzierung (wie beispielsweise die Amplikon-Sequenzierung) zeichnet sich das Hybrid-Capture-Verfahren zudem durch eine einheitlichere virengenomübergreifende Coverage und eine höhere Fähigkeit zur Bestimmung von Mutationen und divergenten Sequenzen aus. Damit ist das Viral Surveillance Panel v2 bestens für die Surveillance von Ausbrüchen und die Überwachung von Varianten geeignet.

Optimierter NGS-Workflow

Beim Workflow des Rapid Viral Surveillance Panel v2 können virale Genome aus einer Reihe von Probentypen angereichert werden, darunter Abwasser, Serum, Plasma, Hautläsionen und Nasopharyngealabstriche.[7] Bibliotheken werden anhand von aus Wirts- oder Umgebungsproben extrahierter RNA oder DNA vorbereitet, auf einem Illumina-Tischsequenziersystem sequenziert und mit der DRAGEN™ Microbial Enrichment Plus App analysiert, die in BaseSpace™ Sequence Hub verfügbar ist. Die Bibliotheksvorbereitungs- und Sequenzierungsschritte können in nur 24 Stunden mit minimalem manuellen Aufwand durchgeführt werden (Abbildung 1).[7]



Abbildung 1: Workflow des Rapid Viral Surveillance Panel v2
In einem optimierten, umfassenden Rapid-Workflow werden Bibliotheken aus Umwelt- oder Wirtsproben vorbereitet, auf einem beliebigen Illumina-Sequenziersystem sequenziert und in der DRAGEN Microbial Enrichment Plus App für die Virusbestimmung, die Generierung von Konsensus-Genomsequenzen, das Read-Mapping auf Viren mit der höchsten Übereinstimmung und die Stammtypisierung analysiert. Die Sequenzierung kann in weniger als zwei Tagen durchgeführt werden. Die genaue Dauer hängt jedoch von der Proben-Read-Tiefe und dem verwendeten Sequenziersystem ab.

a. Die Sequenzierungsdauer für 25 Mio. bis 100 Mio. Fragmente bei 2 × 101 bp beträgt auf der MiSeq i100 Series ca. 7 bis 8 h.
b. Die Probenvorbereitungs- und Sequenzierungsschritte können mit der MiSeq i100 Series in weniger als einem Tag erfolgen. Die Dauer der Sequenzierung ist abhängig vom jeweiligen Sequenziersystem und der Read-Tiefe.

Tabelle 1: Wichtige im Rapid Viral Surveillance Panel v2 enthaltene Hochrisikoviren

Adeno-assoziiertes Virus 2	Human Adenovirus A–G	Mayaro-Virus	Sabia-Virus
Aichivirus 1	Humanes Bocavirus	Masernvirus	Salivirus A
Aigai-Virus	Humanes Coronavirus	Menangle-Virus	Sizilianisches Sandmückenfiebervirus
Bombali-Virus	Humanes Zytomegalievirus	MERS-Coronavirus	Sapovirus
Bourbon-Virus	Humanes Immundefizienz-Virus 1/2	Mpox-Virus	SARS-CoV
Cache-Valley-Virus	Humanes Metapneumovirus	Mumpsvirus	SARS-CoV-2
Kalifornisches Enzephalitisvirus	Humanes Papillomavirus	Murray-Valley-Enzephalitis-Virus	Semliki-Forest-Virus
Chapare-Virus	Humanes Parainfluenzavirus 1–4	Nipah-Virus	SFTS-Virus
Chikungunya-Virus	Humanes Parechovirus	Norovirus	Sindbis-Virus
Colorado-Zeckenfieber-Virus	Humanes Parvovirus B19	Omsk-hämorrhagisches-Fieber-Virus	Snowshoe-Hare-Virus
Coxsackie-Virus A/B	Influenza-Virus A–C	O'nyong-nyong-Virus	Sosuga-Virus
Krim-Kongo-Fieber-Virus	Jamestown Canyon-Virus	Oropouche-Virus	St.-Louis-Enzephalitis-Virus
Dengue-Virus 1–4	Japanische-Enzephalitis-Virus	Poliovirus	TcTV-2
Ebolavirus	Junin-Virus	Polyomavirus	Tahyna-Virus
Echovirus	Kyasanur-Wald-Fieber-Virus	Powassan-Virus	FSME-Virus
Enterovirus A–D	La-Crosse-Virus	Punta-Toro-Virus	Torque-Teno-Virus
Epstein-Barr-Virus	Lassavirus	Rabiesvirus	Toscana-Virus
Pferdeenzephalitis-Virus	Lloviu-Virus	Ravn-Virus	Usutu-Virus
Guanarito-Virus	Lujo-Virus	Respiratorisches Synzytial-Virus A/B	Varizella-Zoster-Virus
Hantavirus	Lymphozytäres Choriomeningitis-Virus	Rhinovirus A–C	Variolavirus
Heartland-Virus	Lyssavirus	Rifttal-Fieber-Virus	West-Nil-Virus
Henipavirus	Machupo-Virus	Ross-River-Virus	Gelbfieber-Virus
Hepatovirus A–E	Mamastrovirus	Rotavirus A/B/C/H	Zika-Virus
Herpes-simplex-Virus 1/2	Marburg-Virus	Rötelnvirus	

Bibliotheksvorbereitung

Der Workflow zur Bibliotheksvorbereitung des Rapid Viral Surveillance Panel v2 umfasst Voranreicherungs- und Anreicherungsschritte. Der Rapid-Bibliotheksschritt vor der Anreicherung wurde gegenüber dem Nicht-Rapid-Format erheblich vereinfacht und optimiert, sodass er mit weniger Schritten in der Hälfte der Zeit durchgeführt werden kann. Bei der Voranreicherung werden Hunderttausende unspezifische Bibliotheken generiert, die im Rahmen eines Hybrid-Capture-Verfahrens mit Viral Surveillance Panel v2-Sonden angereichert werden. Die Anreicherung auf Basis von On-Bead-Tagmentierung ermöglicht einen schnellen, für die Automatisierung geeigneten Workflow, der mit minimalem manuellen Aufwand durchgeführt werden kann Das Protokoll ist für Gesamt-Probenzugabemengen zwischen 10 und 100 ng Nukleinsäure sowie das Multiplexing von bis zu 384 Proben in einem einzigen Lauf geeignet.

Sequenzierung

Aufgrund der geringeren Anforderungen an die Read-Tiefe bei mit dem Viral Surveillance Panel v2 angereicherten Bibliotheken können zahlreiche Sequenziersysteme verwendet werden, darunter die Tischsysteme MiniSeq™, MiSeq™ i100 Series, NextSeq™ 550 sowie NextSeq 1000 und NextSeq 2000. Die Anzahl der virusspezifischen Reads und die erzielte Sequenz-Coverage sind abhängig vom Virustiter, der Qualität der Nukleinsäureprobe, der Proben-Read-Tiefe sowie der Anzahl der Reads pro Probe. Die allgemeine Empfehlung für die Read-Tiefe bei der Sequenzierung von Proben guter Qualität beträgt mindestens 1 Mio. Fragmente pro Probe mit einer Read-Länge von 2 × 150 bp. Die empfohlene Read-Tiefe hängt zudem vom jeweiligen Probentyp ab. Für komplexere Proben (z. B. Abwasser) werden mindestens 4 Mio. Fragmente pro Probe empfohlen. Wenn andere mikrobielle Nukleinsäuren vorhanden sind, beispielsweise von in komplexen Probentypen enthaltenen Bakterien, sind zahlreiche Off-Target-Reads zu erwarten.

Datenanalyse

Die mit dem Viral Surveillance Panel v2 generierten Daten werden mit der anwenderfreundlichen DRAGEN Microbial Enrichment Plus App in BaseSpace Sequence Hub oder auf Systemen der MiSeq i100 Series analysiert. Diese einfach zu verwendende Analysepipeline umfasst eine Kontrolle der Probenqualität, ein referenzgesteuertes Alignment auf eine umfassende, kuratierte Virusgenomdatenbank, das Varianten-Calling, die Generierung einer Virusgenom-Konsensussequenz, die Virenresistenzprognose für Influenza-A/B-Viren, flexible Berichtsoptionen und die Pangolin- und Nextclade-Integration zur weiterführenden phylogenetischen Zuordnung unterstützter Viren.

Performance

Target-Anreicherung

Im Vergleich zur Shotgun-Metagenomsequenzierung, bei der die gesamte RNA bzw. DNA sequenziert wird, minimiert das gezielte Hybrid-Capture-Verfahren mit dem Viral Surveillance Panel v2 die unnötige Sequenzierung von RNA/DNA des Wirts bzw. von Mikroorganismen, die nicht von Interesse sind. Das senkt die Kosten und ermöglicht eine umfassende Sequenzierung von Virusgenomen auf Tischsequenziersystemen.[7]

Die Rekonstruktion viraler Genome unter Anreicherung mit dem Viral Surveillance Panel v2 wurde mit jener der Shotgun-Metagenomsequenzierung ohne Anreicherung verglichen. Die Analyse wurde mit Abwasserproben durchgeführt, die in Zusammenarbeit mit der Colorado State University (n = 29) und dem Wisconsin State Lab of Hygiene (n = 32) entnommen wurden. Das Viral Surveillance Panel v2 zeigte im Vergleich zur Shotgun-Metagenomsequenzierung bei künstlich generierten Multitarget-Proben eine überlegene Virusgenomrekonstruktion (Abbildung 2).

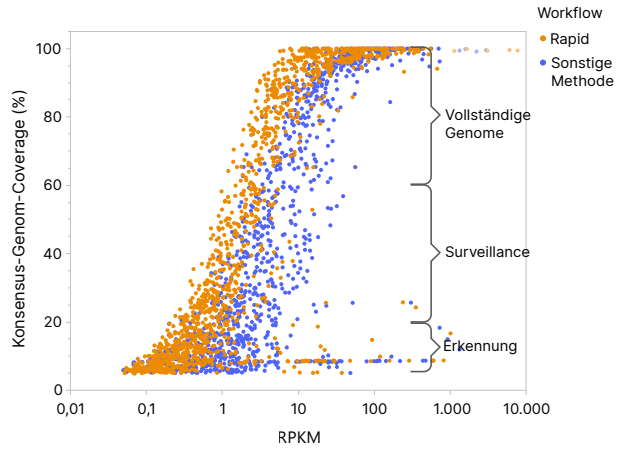


Abbildung 2: Vergleich der Performance des Rapid Viral Surveillance Panel v2 mit der Shotgun-Metagenomik-Sequenzierung

Das Rapid Viral Surveillance Panel v2 (Rapid) erreicht eine höhere Genom-Coverage (gemessen als Reads pro Kilobase des Transkripts pro Million gemappter Reads (RPKM, Reads per Kilobase per Million)) im Vergleich zur Shotgun-Metagenomik-RNA-Sequenzierung mit einer anderen handelsüblichen Methode. Die höhere Coverage anvisierter Genome des Rapid Viral Surveillance Panel v2 sorgt dafür, dass mehr vollständige Genome erfasst werden, und bietet eine herausragende Performance für den Nachweis und die Surveillance. Die Analyse wurde mit Abwasserproben durchgeführt, die in Zusammenarbeit mit der Colorado State University (n = 29) und dem Wisconsin State Lab of Hygiene (n = 32) entnommen wurden.

Abwasser-Surveillance

Die Abwasser-Surveillance in Bezug auf Virensequenzen bietet einen regionalen Indikator für die kommunale Ausbreitung viraler Pathogene und liefert Fachkräften des öffentlichen Gesundheitswesens wertvolle Informationen für die Planung entsprechender Maßnahmen.[8] Das Viral Surveillance Panel ermöglicht bei Anwendung für diese Proben den frühzeitigen Nachweis sowie die entsprechende Bestimmung viraler Genome im Abwasser bei niedrigeren Konzentrationen als bei der Shotgun-Sequenzierung (Tabelle 2).

An zwei Standorten entnommene Abwasserproben wurden in Zusammenarbeit mit dem Wisconsin State Lab of Hygiene (WSLH) und der Colorado State University (CSU) extrahiert. Es wurden drei Proben von jedem Entnahmeort untersucht. Aus diesen sechs Abwasserproben vorbereitete Bibliotheken wurden sequenziert und auf 4 Mio. Fragmente für die Anreicherung mit dem Viral Surveillance Panel v2 bzw. 4 Mio. und 25 Mio. Fragmente für die Shotgun-Metagenomsequenzierung normalisiert. Bei diesem Vergleich wurde eine Sequenzierungstiefe von 4 Mio. Fragmenten verwendet, da die Komplexität von Abwasserproben stark variiert und die Proben Dutzende Viren mit geringer Häufigkeit enthalten können. Das Viral Surveillance Panel v2 zeigte im Vergleich zur Shotgun-Metagenomsequenzierung eine höhere Sensitivität bei der Virusdetektion in komplexen Umgebungsproben mit geringer Gesamtvirenlast, selbst wenn die Gesamt-Reads für die Shotgun-Metagenomsequenzierung um das ca. 6-Fache erhöht wurden (Tabelle 2).

Tabelle 2: Wichtigste mit dem Rapid Viral Surveillance Panel v2 oder der Shotgun-Metagenomsequenzierung in Abwasser nachgewiesene Viren

Virus (Stamm)	4 Mio. Fragmente				25 Mio. Fragmente	
	Rapid Viral Surveillance Panel v2		Shotgun-Metagenomik		Shotgun-Metagenomik	
	Genom-Coverage (%)	Read-Anzahl	Genom-Coverage (%)	Read-Anzahl	Genom-Coverage (%)	Read-Anzahl
Sapovirus (GII.1)	99,7	219.539	50,0	57	84,2	360
Humanes Adenovirus F (humanes Adenovirus 41)	100	104.693	6,4	18	23,6	72
Humanes Coronavirus OC43 (HCoV_OC43)	98,1	23.857	0	0	10,0	26
Sapovirus (GV)	99,6	10.750	0	0	25,3	19
Humanes Adenovirus E	88,4	6.733	0	0	0	0
JC-Virus (JCPyV)	99,3	5.834	0	0	0	0
Mamastrovirus 9 (MAstV9)	99,2	4.959	0	0	0	0
Mamastrovirus 1 (MAstV1)	98,6	3.972	7,5	5	22,0	13
Humanes Adenovirus A (humanes Adenovirus 31)	81,1	3.449	0	0	0	0
Mamastrovirus 6 (MAstV6) [MLB1]	97,2	3.181	0	0	17,3	9
Norovirus (G1)	96,9	1.972	0	0	0	0
BK-Polyomavirus (BKPyV)	100	1.522	0	0	11,1	4
Mamastrovirus 8 (MAstV8) [VA2]	92,1	1.208	0	0	6,1	4
Humanes Papillomvirus 59 (HPV59; hohes Risiko)	69,3	1.015	0	0	0	0
Enterovirus A (nicht Coxsackie-Virus) [Enterovirus A71]	70,0	295	5,1	4	9,0	6

Zusammenfassung

Das Rapid Viral Surveillance Panel v2 gehört zu einem optimierten, umfassenden Workflow zur Erkennung von Virusausbrüchen, für die zoonotische Surveillance und die Verfolgung von Mutationen. Dieses Kit liefert anhand einer aktualisierten Chemie die gleichen hochwertigen Ergebnisse wie das vorhandene Viral Surveillance Panel v2 bei für zeitkritische Anwendungen verkürzter Durchlaufzeit von nur 24 Stunden.[7] Der optimierte Workflow eignet sich für eine Reihe von Probentypen und Anwendungen, darunter Proben aus der biologischen Forschung und Abwasser-Surveillance auf das Vorhandensein von Viren vor Ort.

Das Kit enthält Hybrid-Capture-Sonden zum Nachweis des Genoms von ca. 200 RNA- und DNA-Viren, die als hohe Risiken für die öffentliche Gesundheit eingestuft wurden. Die Hybrid-Capture-Target-Anreicherung minimiert durch die Konzentration auf die Target-Sequenzen die Notwendigkeit einer hohen Proben-Read-Tiefe, wodurch sich eine Kostensenkung bei gleichzeitiger Steigerung des Durchsatzes ergeben. Die mit dem Rapid Viral Surveillance Panel v2 generierten Daten lassen sich mit der anwenderfreundlichen DRAGEN Microbial Enrichment Plus App auf der MiSeq i100 Series oder online in BaseSpace Sequence Hub analysieren. Dieser robuste NGS-Workflow zeichnet sich durch eine hervorragende Performance beim Virennachweis durch die Bestimmung von DNA und RNA in komplexen Proben aus und stellt für Organisationen des öffentlichen Gesundheitswesens sowie für die Forschung eine fortschrittliche Alternative zur Shotgun-Sequenzierung dar.

Weitere Informationen →

Rapid Viral Surveillance Panel v2 (Link fehlt)

DRAGEN Microbial Enrichment Analysis Plus App

Sequenziersysteme von Illumina

Bestellinformationen

Produkt	Katalog-Nr.
Illumina Rapid Viral Surveillance Panel v2 Kit (96 samples)	20158826

Quellen

1. Ling-Hu T, Rios-Guzman E, Lorenzo-Redondo R, Ozer EA, Hultquist JF. Challenges and opportunities for global genomic surveillance strategies in the COVID-19 era. *Viruses*. 2022;14(11):2532. doi:10.3390/v14112532
2. World Health Organization. Pathogens prioritization: a scientific framework for epidemic and pandemic research preparedness. who.int/publications/m/item/pathogens-prioritization-a-scientific-framework-for-epidemic-and-pandemic-research-preparedness. Veröffentlicht am 30. Juli 2024. Aufgerufen am 25. März 2026.
3. World Health Organization. Prioritizing diseases for research and development in emergency contexts. who.int/activities/prioritizing-diseases-for-research-and-development-in-emergency-contexts. Aufgerufen am 25. März 2026.
4. Bloom DE, Cadarette D. Infectious disease threats in the twenty-first century: strengthening the global response. *Front Immunol.* 2019;10:549. doi:10.3389/fimmu.2019.00549.
5. World Health Organization. Disease Outbreak News. who.int/emergencies/disease-outbreak-news. Aktualisiert am 13. März 2026. Aufgerufen am 25. März 2026.
6. Africa Centers for Disease Control and Prevention. Diseases information. africacdc.org/disease/. Aufgerufen am 25. März 2026.
7. Archivdaten. Illumina, Inc. 2026.
8. Diamond MB, Keshaviah A, Bento AI, et al. Wastewater surveillance of pathogens can inform public health responses. *Nat Med.* 2022;28(10):1992-1995. doi:10.1038/s41591-022-01940-x.

illumina®

1 800 8094566 (USA, gebührenfrei) | +1 858 2024566 (Tel. außerhalb der USA)
techsupport@illumina.com | www.illumina.com

© 2026 Illumina, Inc. Alle Rechte vorbehalten. Alle Marken sind Eigentum von Illumina, Inc. bzw. der jeweiligen Inhaber. Spezifische Informationen zu Marken finden Sie unter www.illumina.com/company/legal.html.
M-GL-04127 DEU v1.0