Rapid Viral Surveillance Panel v2

Séquençage rationalisé du génome entier pour la surveillance et la recherche virales à haut risque



Le panel élargi fournit une couverture d'environ 200 virus, notamment ceux qui représentent une menace pour la santé publique[1–6]



L'enrichissement par capture hybride prend en charge les pathogènes viraux à ARN et ADN



Le flux de travail rapide prend en charge une gamme de types d'échantillons prélevés de l'hôte et du milieu[7]

Identification des virus à impact important pour la surveillance de la santé publique

La surveillance génomique virale joue un rôle essentiel dans la sécurité sanitaire mondiale en fournissant des renseignements précieux sur l'évolution, la propagation et l'activité des agents pathogènes[1]. L'analyse de la composition génétique des virus à l'aide du séquençage de nouvelle génération (SNG) permet aux scientifiques de suivre les mutations qui peuvent affecter la transmissibilité, la virulence ou la résistance au traitement[8]. Ces renseignements sont essentiels pour concevoir des tests diagnostiques, des traitements et des vaccins efficaces pour lutter contre les maladies infectieuses émergentes.

Illumina Rapid Viral Surveillance Panel v2 est un panel de SNG qui permet la détection et le séquençage du génome entier (WGS, Whole-Genome Sequencing) d'environ 200 virus, notamment les virus identifiés comme présentant un risque important pour la santé publique (tableau 1)[1–6]. Le panel utilise un flux de travail d'enrichissement des cibles par capture hybride qui permet le séquençage de divers types d'échantillons en seulement 24 heures sans avoir besoin d'une profondeur de lecture élevée qui est nécessaire lors de l'utilisation de méthodes de séquençage métagénomique aléatoire. Par rapport à d'autres méthodes de reséquençage ciblé, comme le séquençage par amplicon, la capture hybride offre une couverture plus uniforme des génomes viraux et une plus grande capacité à identifier les mutations et les séquences divergentes, ce qui rend Viral Surveillance Panel v2 idéal pour la surveillance des épidémies et des variants.

Flux de travail de SNG rationalisé

Le flux de travail de Rapid Viral Surveillance Panel v2 permet d'enrichir les génomes viraux à partir d'une gamme de types d'échantillons, notamment les eaux usées, le sérum, le plasma, les lésions cutanées et les prélèvements nasopharyngés[7]. Les librairies sont préparées à partir d'ARN ou d'ADN extrait d'échantillons prélevés de l'hôte ou du milieu, séquencées sur un système de séquençage de paillasse Illumina et analysées à l'aide de l'application DRAGEN™ Microbial Enrichment Plus disponible sur BaseSpace™ Sequence Hub. Les étapes de préparation de librairies et de séquençage peuvent être réalisées en seulement 24 heures avec une durée de manipulation minimale (figure 1)[7].

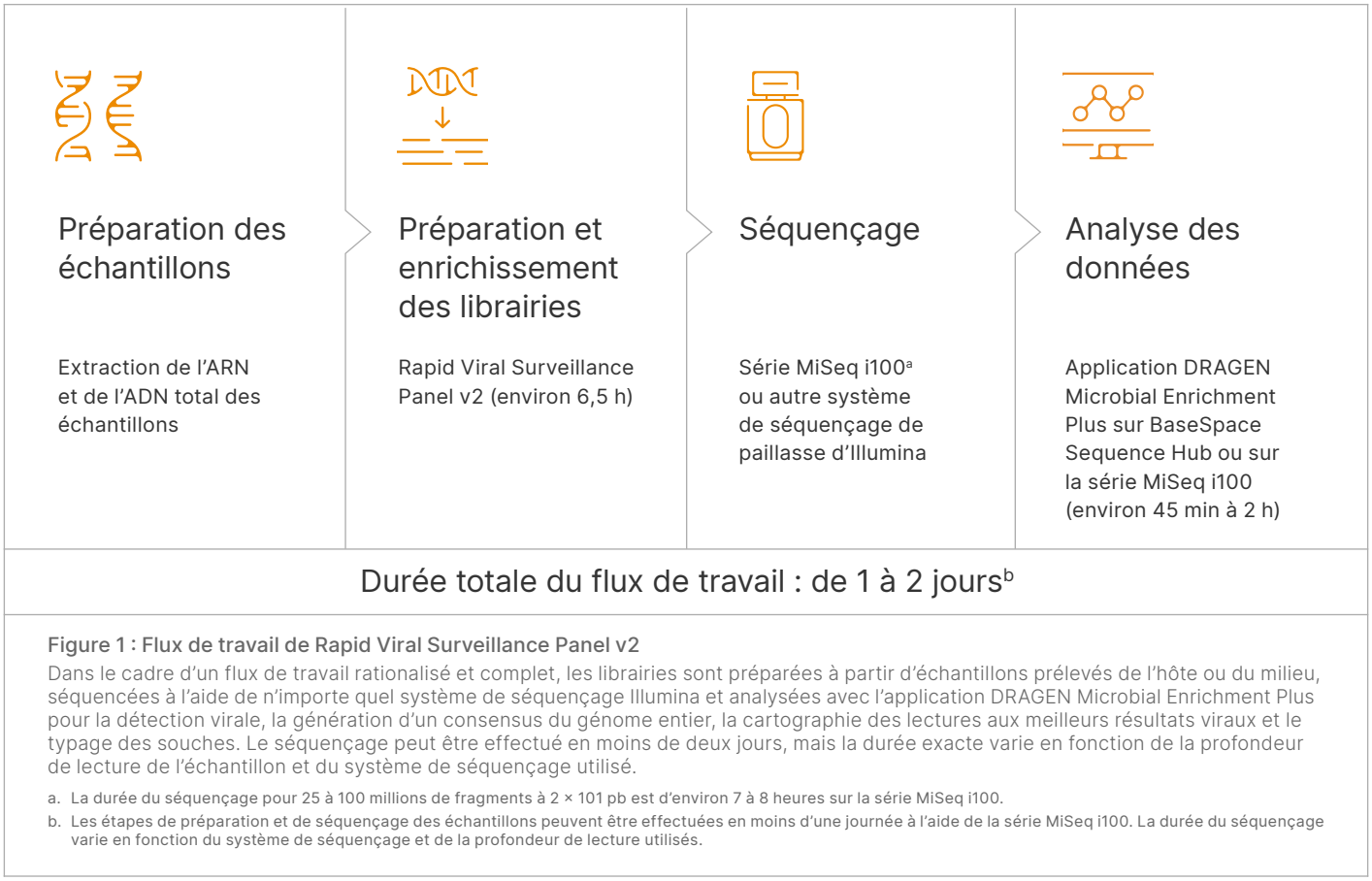


Figure 1 : Flux de travail de Rapid Viral Surveillance Panel v2
Dans le cadre d'un flux de travail rationalisé et complet, les librairies sont préparées à partir d'échantillons prélevés de l'hôte ou du milieu, séquencées à l'aide de n'importe quel système de séquençage Illumina et analysées avec l'application DRAGEN Microbial Enrichment Plus pour la détection virale, la génération d'un consensus du génome entier, la cartographie des lectures aux meilleurs résultats viraux et le typage des souches. Le séquençage peut être effectué en moins de deux jours, mais la durée exacte varie en fonction de la profondeur de lecture de l'échantillon et du système de séquençage utilisé.

a. La durée du séquençage pour 25 à 100 millions de fragments à 2 × 101 pb est d'environ 7 à 8 heures sur la série MiSeq i100.
b. Les étapes de préparation et de séquençage des échantillons peuvent être effectuées en moins d'une journée à l'aide de la série MiSeq i100. La durée du séquençage varie en fonction du système de séquençage et de la profondeur de lecture utilisés.

Tableau 1 : Principaux virus à haut risque inclus dans Rapid Viral Surveillance Panel v2

Virus associé à l'adénovirus 2	Adénovirus humain de l'espèce A–G	Virus Mayaro	Virus Sabia
Virus Aichi 1	Bocavirus humain	Virus de la rougeole	Salivirus A
Virus d'Aigai	Coronavirus humain	Virus de Menangle	Virus sicilien associé à la fièvre à phlébotome
Virus Bombali	Cytomégalovirus humain	Coronavirus lié au syndrome respiratoire du Moyen-Orient	Sapovirus
Virus de Bourbon	Virus de l'immunodéficience humaine 1/2	Virus Mpox	Coronavirus lié au syndrome respiratoire aigu sévère
Virus de Cache Valley	Métapneumovirus humain	Virus des oreillons	Coronavirus lié au syndrome respiratoire aigu sévère 2
Virus de l'encéphalite de Californie	Virus du papillome humain	Virus de l'encéphalite de Murray Valley	Virus de la forêt de Semliki
Virus Chapare	Virus parainfluenza humain 1–4	Virus Nipah	Syndrome de fièvre sévère avec thrombocytopénie
Virus Chikungunya	Parechovirus humain	Norovirus	Virus Sindbis
Virus de la fièvre à tiques du Colorado	Parvovirus humain B19	Virus de la fièvre hémorragique d'Omsk	Virus Snowshoe hare
Coxsackievirus A/B	Virus grippal A–C	Virus O'nyong-nyong	Virus Sosuga
Virus de la fièvre hémorragique de Crimée-Congo	Virus Jamestown Canyon	Virus Oropouche	Virus de l'encéphalite de Saint-Louis
Virus de la dengue 1–4	Virus de l'encéphalite japonaise	Poliovirus	Virus des tiques de Tacheng 2
Virus Ébola	Virus junin	Polyomavirus	Virus Tahyna
Échovirus	Virus de la maladie de la forêt de Kyasanur	Virus Powassan	Virus de l'encéphalite transmis par les tiques
Entérovirus A – D	Virus La Crosse	Virus Punta Toro	Virus Torque Teno
Virus d'Epstein-Barr	Virus Lassa	Virus de la rage	Virus Toscana
Virus de l'encéphalite équine	Virus du Lloviu	Virus Ravn	Virus d'Usutu
Virus Guanarito	Virus Lujo	Virus respiratoire syncytial A/B	Virus varicelle-zone
Hantavirus	Virus de la chorioméningite lymphocytaire	Rhinovirus A–C	Virus de la variole
Virus Heartland	Lyssavirus	Virus de la fièvre de la vallée du Rift	Virus du Nil occidental
Henipavirus	Virus Machupo	Virus de la rivière Ross	Virus de la fièvre jaune
Hepatovirus A–E	Mamastrovirus	Rotavirus A/B/C/H	Virus Zika
Virus de l'herpès simplex 1/2	Virus de Marburg	Virus de la rubéole	

Préparation des librairies

Le flux de travail de préparation de librairies de Rapid Viral Surveillance Panel v2 comprend des étapes de préenrichissement et d'enrichissement. L'étape de préenrichissement rapide des librairies est considérablement simplifiée et rationalisée pour être effectuée en deux fois moins de temps, avec un nombre réduit d'étapes, par rapport au format non rapide. Le préenrichissement génère des centaines de milliers de librairies non ciblées qui sont enrichies avec des sondes de Viral Surveillance Panel v2 à l'aide d'une approche de capture hybride. L'enrichissement avec la tagmentation sur billes fournit un flux de travail rapide, compatible avec l'automatisation, qui peut être réalisé avec une durée de manipulation minimale. Le protocole prend en charge des quantités d'entrées d'échantillons allant de 10 ng à 100 ng d'acide nucléique total et permet le multiplexage de jusqu'à 384 échantillons en une analyse unique.

Séquençage

La faible profondeur de lecture requise pour les librairies enrichies à l'aide de Viral Surveillance Panel v2 permet de choisir parmi plusieurs systèmes de séquençage, dont les systèmes de paillasse MiniSeq[MC], la série MiSeq[MC] i100, NextSeq[MC] 550, NextSeq 1000 et NextSeq 2000. Le titre viral, la qualité de l'échantillon d'acide nucléique, la profondeur de lecture de l'échantillon et le nombre de lectures par échantillon ont un impact sur le nombre de lectures spécifiques au virus et la couverture de la séquence obtenue. La recommandation générale de profondeur de lecture de séquençage pour les échantillons de bonne qualité est un minimum de 1 million de fragments par échantillon avec une longueur de lecture de 2 × 150 pb. La profondeur de lecture recommandée pour les échantillons varie également en fonction du type d'échantillon. Pour des échantillons plus complexes, tels que les eaux usées, un minimum de 4 millions de fragments par échantillon est recommandé. De nombreuses lectures hors cible sont à prévoir si d'autres acides nucléiques microbiens sont présents, comme ceux provenant de bactéries présentes dans des types d'échantillons complexes.

Analyse des données

Les données générées à l'aide de Viral Surveillance Panel v2 sont analysées à l'aide de l'application DRAGEN Microbial Enrichment Plus disponible sur BaseSpace Sequence Hub et intégrée aux systèmes de la série MiSeq i100. Ce pipeline d'analyse facile à utiliser fournit un contrôle de la qualité des échantillons, un alignement guidé par les références à une vaste base de données de génomes viraux conservée, un appel des variants, une génération de séquences consensus de génomes viraux, une prédiction de la résistance antivirale pour les virus de la grippe A/B, des options de signalement flexibles et une intégration à Pangolin et Nextclade pour une attribution phylogénétique supplémentaire des virus pris en charge.

Performance

Enrichissement des cibles

Par rapport au séquençage métagénomique aléatoire, où tout l'ARN ou l'ADN est séquencé, la capture hybride ciblée utilisant le panel Viral Surveillance Panel v2 réduit le séquençage inutile des microbes hôtes et non ciblés, ce qui réduit les coûts et permet le séquençage à grande échelle de génomes viraux sur des systèmes de séquençage de paillasse[7].

La récupération du génome viral avec enrichissement à l'aide de Viral Surveillance Panel v2 a été comparée au séquençage métagénomique aléatoire sans enrichissement. L'analyse a été effectuée à l'aide d'échantillons d'eaux usées recueillis en collaboration avec l'Université du Colorado (CSU, Colorado State University) (n = 29) et le Laboratoire d'hygiène du Wisconsin (WSLH, Wisconsin State Lab of Hygiene) (n = 32). Le panel Viral Surveillance Panel v2 a démontré une récupération supérieure du génome viral à partir d'échantillons artificiels multicibles par rapport au séquençage métagénomique aléatoire (figure 2).

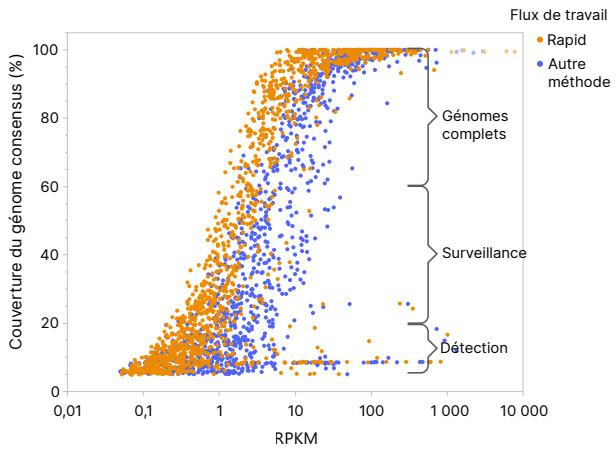


Figure 2 : Performances de Rapid Viral Surveillance Panel v2 par rapport au séquençage métagénomique aléatoire

Rapid Viral Surveillance Panel v2 (Rapid) produit une couverture génomique plus élevée mesurée en lectures par kilobase de transcrit par million de lectures cartographiées (RPKM, Reads per Kilobase per Millon mapped reads) par rapport au séquençage métagénomique aléatoire de l'ARN avec une autre méthode disponible sur le marché. La couverture accrue des génomes ciblés par Rapid Viral Surveillance Panel v2 permet de capturer davantage de génomes complets et offre d'excellentes performances pour la détection et la surveillance. L'analyse a été effectuée à l'aide d'échantillons d'eaux usées recueillis en collaboration avec l'Université du Colorado (n = 29) et le Laboratoire d'hygiène du Wisconsin (n = 32).

Surveillance des eaux usées

La surveillance des séquences virales dans les eaux usées fournit un indicateur régional de la propagation communale des agents pathogènes, donnant aux professionnels de santé publique des renseignements précieux pour la planification des interventions[8]. Viral Surveillance Panel peut être utilisé avec ces échantillons pour permettre la détection précoce et l'identification des génomes viraux dans les eaux usées à des concentrations inférieures à celles du séquençage aléatoire (tableau 2).

Les échantillons d'eaux usées de deux sites de prélèvement ont été recueillis et extraits en collaboration avec le Laboratoire d'hygiène du Wisconsin et l'Université du Colorado. Trois échantillons de chaque site de prélèvement ont été évalués. Les librairies préparées à partir de ces six échantillons d'eaux usées ont été séquencées et normalisées pour atteindre 4 millions de fragments pour l'enrichissement à l'aide de Viral Surveillance Panel v2 ou 4 millions et 25 millions de fragments pour le séquençage métagénomique aléatoire. Une profondeur de séquençage de 4 millions de fragments a été utilisée dans cette comparaison, car les échantillons d'eaux usées peuvent varier considérablement en complexité et peuvent contenir des dizaines de virus à faible abondance. Viral Surveillance Panel v2 a démontré une sensibilité accrue de détection virale dans un type d'échantillon complexe prélevé du milieu avec une faible charge virale globale par rapport au séquençage métagénomique aléatoire, même lorsque le nombre total de lectures pour le séquençage métagénomique aléatoire était multiplié par six environ (tableau 2).

Tableau 2 : Principaux virus détectés dans les eaux usées à l'aide de Rapid Viral Surveillance Panel v2 ou du séquençage métagénomique aléatoire

Virus (souche)	4 millions de fragments				25 millions de fragments	
	Rapid Viral Surveillance Panel v2		Séquençage métagénomique aléatoire		Séquençage métagénomique aléatoire	
	Couverture génomique (%)	Nombre de lectures	Couverture génomique (%)	Nombre de lectures	Couverture génomique (%)	Nombre de lectures
Sapovirus (GII.1)	99,7	219 539	50,0	57	84,2	360
Adénovirus humain de l'espèce F (adénovirus humain 41)	100	104 693	6,4	18	23,6	72
Coronavirus humain OC43 (HCoV_OC43)	98,1	23 857	0	0	10,0	26
Sapovirus (GV)	99,6	10 750	0	0	25,3	19
Adénovirus humain de l'espèce E	88,4	6 733	0	0	0	0
Polyomavirus JC (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
Adénovirus humain de l'espèce A (adénovirus humain 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
Polyomavirus BK (BKPyV)	100	1 522	0	0	11,1	4
Mamastrovirus 8 (MAstV8) [VA2]	92,1	1 208	0	0	6,1	4
Virus du papillome humain 59 (VPH59; risque élevé)	69,3	1 015	0	0	0	0
Entérovirus A (pas Coxsackievirus) [Entérovirus A71]	70,0	295	5,1	4	9,0	6

Résumé

Rapid Viral Surveillance Panel v2 fait partie d'un flux de travail optimisé et complet pour détecter les épidémies virales, la surveillance zoonotique et le suivi des mutations. Cette trousse utilise une chimie actualisée pour fournir les mêmes résultats de haute qualité que ceux produits par le panel Viral Surveillance Panel v2 existant avec un délai d'exécution de seulement 24 heures pour les applications urgentes[7]. Le flux de travail rationalisé est compatible avec une gamme de types d'échantillons et d'applications, notamment les échantillons de recherche biologique et la surveillance des eaux usées pour la présence régionale de virus.

La trousse comprend des sondes de capture hybride pour identifier environ 200 génomes de virus à ARN et à ADN qui ont été désignés comme présentant des risques élevés pour la santé publique. L'enrichissement de la cible par capture hybride réduit la nécessité d'une profondeur de lecture élevée de l'échantillon en se concentrant sur les séquences cibles, diminuant ainsi les coûts tout en augmentant le débit. Les données générées à l'aide de Rapid Viral Surveillance Panel v2 peuvent être analysées à l'aide de l'application conviviale DRAGEN Microbial Enrichment Plus intégrée à la série MiSeq i100 ou disponible en ligne dans BaseSpace Sequence Hub. Ce flux de travail de SNG fiable offre d'excellentes performances de capture virale pour l'identification de l'ADN et de l'ARN dans des échantillons complexes, offrant aux organismes de santé publique et aux chercheurs une alternative avancée au séquençage aléatoire.

En savoir plus →

Rapid Viral Surveillance Panel v2 (lien à venir)

Application DRAGEN Microbial Enrichment Analysis Plus

Systèmes de séquençage d'Illumina

Renseignements relatifs à la commande

Produit	N° de référence
Illumina Rapid Viral Surveillance Panel v2 Kit (96 échantillons)	20158826

Références

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. Publié le 30 juillet 2024. Consulté le 25 mars 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. Consulté le 25 mars 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. Mis à jour le 13 mars 2026. Consulté le 25 mars 2026.
6. Africa Centers for Disease Control and Prevention. Diseases information. africacdc.org/disease/. Consulté le 25 mars 2026.
7. Données internes. 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[MD]

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

© 2026 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.
M-GL-04127 FRA v1.0