Rapid Viral Surveillance Panel v2

Sequenziamento semplificato dell'intero genoma per la ricerca e la sorveglianza virale ad alto rischio

Pannello ampliato che fornisce una copertura di circa 200 virus, inclusi quelli che riguardano la salute pubblica[1-6]

Arricchimento mediante cattura ibrida compatibile con i patogeni virali di RNA e DNA

Flusso di lavoro rapido che supporta vari tipi di campioni host e ambientali[7]

Identificazione di virus ad alto impatto per la sorveglianza della salute pubblica

La sorveglianza genomica virale svolge un ruolo fondamentale nella sicurezza sanitaria globale, poiché fornisce informazioni preziose sull'evoluzione, la diffusione e l'attività dei patogeni.[1] L'analisi del corredo genetico dei virus mediante sequenziamento di nuova generazione (NGS, Next-Generation Sequencing) consente agli scienziati di monitorare le mutazioni che possono influire sulla trasmissibilità, sulla virulenza o sulla resistenza al trattamento.[8] Queste informazioni sono fondamentali per progettare test diagnostici, terapie e vaccini efficaci in grado di combattere le malattie infettive emergenti.

Illumina Rapid Viral Surveillance Panel v2 è un pannello NGS che permette il rilevamento e il sequenziamento dell'intero genoma (WGS, Whole-Genome Sequencing) di circa 200 virus, inclusi quelli identificati come importanti rischi per la salute pubblica (Tabella 1).[1-6] Il pannello utilizza un flusso di lavoro di arricchimento dei target mediante cattura ibrida, che consente il sequenziamento di vari tipi di campione in sole 24 ore senza l'elevata profondità di lettura richiesta dai metodi di metagenomica shotgun. Rispetto ad altri metodi di risequenziamento mirato, come il sequenziamento degli ampliconi, il metodo mediante cattura ibrida consente la copertura più uniforme dei genomi virali ed è maggiormente in grado di identificare le mutazioni e le sequenze divergenti, il che rende Viral Surveillance Panel v2 la soluzione ideale per la sorveglianza delle epidemie e il monitoraggio delle varianti.

Flusso di lavoro NGS ottimizzato

Il flusso di lavoro di Rapid Viral Surveillance Panel v2 si arricchisce di genomi virali provenienti da diversi tipi di campioni, tra cui acque reflue, siero, plasma, lesioni cutanee e tamponi nasofaringei.[7] Le librerie vengono preparate a partire da RNA o DNA estratto da campioni host o ambientali, sequenziate su un sistema di sequenziamento da banco Illumina e analizzate mediante l'app DRAGEN™ Microbial Enrichment Plus, disponibile su BaseSpace™ Sequence Hub. Le fasi di preparazione e sequenziamento delle librerie possono essere completate in sole 24 ore, con interventi manuali minimi (Figura 1).[7]



Figura 1: flusso di lavoro di Rapid Viral Surveillance Panel v2
Grazie a un flusso di lavoro rapido, completo e semplificato, le librerie vengono preparate a partire da campioni host o ambientali, sequenziate su un sistema Illumina e analizzate con l'app DRAGEN Microbial Enrichment Plus per il rilevamento virale, la generazione di sequenze di consenso dell'intero genoma, la mappatura delle letture sulle migliori identificazioni virali e la tipizzazione dei ceppi. Il sequenziamento può essere completato in meno di due giorni, ma le tempistiche esatte variano a seconda della profondità di lettura del campione e del sistema di sequenziamento utilizzato.

a. Il tempo di sequenziamento per 25 milioni-100 milioni di frammenti a 2 × 101 bp è di circa 7-8 ore su MiSeq i100 Series.
b. Le fasi di preparazione e sequenziamento dei campioni possono essere completate in meno di un giorno con MiSeq i100 Series. La durata del sequenziamento varia in base alla profondità di lettura e al sistema di sequenziamento.

Tabella 1: principali virus ad alto rischio inclusi in Rapid Viral Surveillance Panel v2

Virus adeno-associato 2	Adenovirus umano A-G	Virus Mayaro	Virus Sabia
Virus Aichi 1	Bocavirus umano	Virus del morbillo	Salivirus A
Virus Aigai	Coronavirus umano	Virus della meningite	Phlebovirus siciliano
Bombali Virus	Citomegalovirus umano	Coronavirus correlato alla sindrome respiratoria mediorientale	Sapovirus
Bourbon Virus	Virus dell'immunodeficienza umana 1/2	Virus Mpox	Coronavirus correlato alla sindrome respiratoria acuta grave
Virus Cache Valley	Metapneumovirus umano	Virus della parotite	Coronavirus correlato alla sindrome respiratoria acuta grave 2
Virus dell'encefalite della California	Papillomavirus umano	Virus dell'encefalite Murray Valley	Semliki Forest virus
Virus Chapare	Virus parainfluenzale umano 1-4	Virus Nipah	Virus della febbre grave con sindrome da trombocitopenia
Virus chikungunya	Parechovirus umano	Norovirus	Sindbis virus
Virus della febbre da zecca del Colorado	Parvovirus umano B19	Virus della febbre emorragica di Omsk	Snowshoe hare virus
Virus Coxsackie A/B	Virus dell'influenza A-C	O'nyong-nyong virus	Sosuga virus
Virus della febbre emorragica Crimea-Congo	Virus Jamestown Canyon	Virus Oropouche	Virus dell'encefalite di St. Louis
Virus dengue 1-4	Virus dell'encefalite giapponese	Poliovirus	Virus della zecca Tacheng 2
Virus Ebola	Virus Junin	Polyomavirus	Virus Tahyna
Echovirus	Virus della malattia della foresta Kyasanur	Virus Powassan	Virus dell'encefalite trasmessa da zecche
Enterovirus A-D	Virus di La Crosse	Virus Punta Toro	Virus Torque teno
Virus di Epstein-Barr	Virus di Lassa	Virus della rabbia	Virus Toscana
Virus dell'encefalite equina	Lloviu virus	Ravn virus	Virus Usutu
Virus Guanarito	Virus Lujo	Virus respiratorio sinciziale A/B	Virus della varicella-zoster
Hantavirus	Virus della coriomeningite linfocitaria	Rhinovirus A-C	Virus Variola
Heartland virus	Lyssavirus	Virus della febbre della Valle del Rift	Virus West Nile
Henipavirus	Virus Machupo	Virus Ross-River	Virus della febbre gialla
Epatovirus A-E	Mamastrovirus	Rotavirus A/B/C/H	Virus zika
Herpes simplex virus 1/2	Virus di Marburg	Virus della rosolia	

Preparazione delle librerie

Il flusso di lavoro per la preparazione delle librerie di Rapid Viral Surveillance Panel v2 comprende fasi di pre-arricchimento e arricchimento. La fase di pre-arricchimento rapido delle librerie è notevolmente semplificata e ottimizzata, per essere eseguita in metà del tempo e con un numero ridotto di passaggi rispetto al formato non rapido. Il pre-arricchimento genera centinaia di migliaia di librerie non mirate arricchite con sonde Viral Surveillance Panel v2 mediante un approccio basato su cattura ibrida. Grazie all'arricchimento con tagmentazione su microsfere, il flusso di lavoro risulta rapido e compatibile con l'automazione e può essere completato con interventi manuali minimi. Il protocollo supporta quantità di input del campione che vanno da 10 ng a 100 ng di acido nucleico totale e consente il multiplex di un massimo di 384 campioni in un'unica corsa.

Sequenziamento

Poiché richiedono una profondità di lettura inferiore, le librerie arricchite con Viral Surveillance Panel v2 possono essere sequenziate su più sistemi, inclusi i sistemi da banco MiniSeq™, MiSeq™ i100 Series, NextSeq™ 550, NextSeq 1000 e NextSeq 2000. La titolazione virale, la qualità del campione di acido nucleico, la profondità di lettura del campione e il numero di letture per campione influiscono sul numero di letture relative a un virus specifico e sulla copertura della sequenza. Per ottenere campioni di buona qualità, si raccomanda una profondità di lettura complessiva del sequenziamento di almeno 1 milione di frammenti per campione, con lunghezza di lettura di 2 × 150 bp. Anche la profondità di lettura del campione raccomandata varia in base al tipo di campione. Per campioni più complessi, come le acque reflue, si raccomandano almeno 4 milioni di frammenti per campione. In presenza di altri acidi nucleici microbici, come quelli provenienti da batteri che si trovano in tipi di campioni complessi, sono previste numerose letture fuori target.

Analisi dei dati

I dati generati utilizzando Viral Surveillance Panel v2 vengono analizzati con l'app DRAGEN Microbial Enrichment Plus, disponibile su BaseSpace Sequence Hub e integrata nei sistemi MiSeq i100 Series. Questa pipeline di analisi facile da usare consente il controllo qualità del campione, l'allineamento guidato da riferimenti a un ampio database gestito dei genomi virali valutati, l'identificazione di varianti, la generazione di sequenze di consenso dei genomi virali, la previsione della resistenza antivirale per i virus dell'influenza A/B, opzioni di reportistica flessibili e l'integrazione con Pangolin e Nextclade per l'ulteriore assegnazione filogenetica dei virus supportati.

Prestazioni

Arricchimento dei target

Rispetto al sequenziamento metagenomico shotgun, in cui viene sequenziato tutto l'RNA o tutto il DNA, la cattura ibrida mirata mediante Viral Surveillance Panel v2 riduce al minimo il sequenziamento dei microbi host e non target ove non necessario, con conseguente riduzione dei costi e ampio sequenziamento dei genomi virali sui sistemi da banco.[7]

Il recupero dei genomi virali mediante arricchimento con Viral Surveillance Panel v2 è stato confrontato con il sequenziamento metagenomico shotgun senza arricchimento. L'analisi è stata eseguita utilizzando campioni di acque reflue raccolti attraverso collaborazioni con Colorado State University (n = 29) e Wisconsin State Lab of Hygiene (n = 32). Viral Surveillance Panel v2 ha dimostrato un recupero superiore dei genomi virali da campioni artificiali multitarget rispetto al sequenziamento metagenomico shotgun (Figura 2).

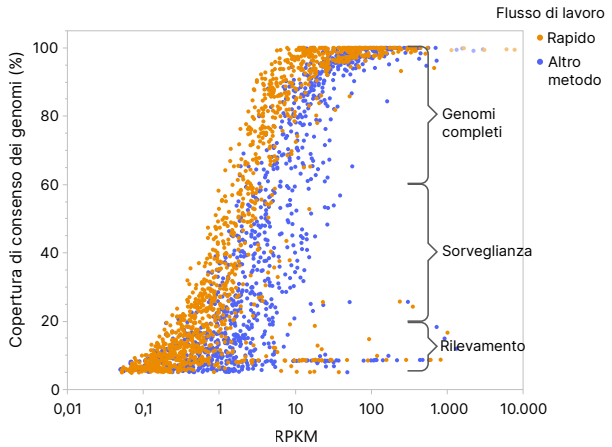


Figura 2: confronto delle prestazioni di Rapid Viral Surveillance Panel v2 con quelle del sequenziamento metagenomico shotgun

Rapid Viral Surveillance Panel v2 (Rapid) produce una copertura genomica più elevata, misurata come letture per kilobase di trascritto per milione di letture mappate (RPKM), rispetto al sequenziamento metagenomico shotgun dell'RNA con un altro metodo disponibile in commercio. Maggiore copertura dei genomi target: Rapid Viral Surveillance Panel v2 assicura la cattura di un numero maggiore di genomi completi e offre prestazioni eccellenti per il rilevamento e la sorveglianza. L'analisi è stata eseguita utilizzando campioni di acque reflue raccolti attraverso collaborazioni con Colorado State University (n = 29) e Wisconsin State Lab of Hygiene (n = 32).

Sorveglianza delle acque reflue

La sorveglianza delle sequenze virali nelle acque reflue consente di ottenere un indicatore regionale della diffusione dei patogeni virali nella comunità, fornendo ai professionisti della sanità pubblica preziose informazioni per la pianificazione degli interventi.[8] Viral Surveillance Panel può essere utilizzato con questi campioni per rilevare e identificare precocemente i genomi virali nelle acque reflue a concentrazioni inferiori rispetto al sequenziamento shotgun (Tabella 2).

I campioni di acque reflue provenienti da due siti di raccolta sono stati estratti attraverso collaborazioni con Wisconsin State Lab of Hygiene (WSLH) e Colorado State University (CSU). Sono stati valutati tre campioni provenienti da ciascun sito di raccolta. Le librerie preparate a partire da questi sei campioni di acque reflue sono state sequenziate e normalizzate a 4 milioni di frammenti per l'arricchimento con Viral Surveillance Panel v2 o a 4 milioni e 25 milioni di frammenti per il sequenziamento metagenomico shotgun. Per questo confronto è stata utilizzata una profondità di sequenziamento di 4 milioni di frammenti, perché i campioni di acque reflue possono variare notevolmente in termini di complessità e possono contenere decine di virus a bassa abbondanza. Viral Surveillance Panel v2 ha dimostrato maggiore sensibilità al rilevamento virale rispetto al sequenziamento metagenomico shotgun in un tipo di campione ambientale complesso con bassa carica virale complessiva, anche con aumento di circa sei volte delle letture totali per il sequenziamento metagenomico shotgun (Tabella 2).

Tabella 2: principali virus rilevati nelle acque reflue utilizzando Rapid Viral Surveillance Panel v2 o il sequenziamento metagenomico shotgun

Virus (ceppo)	4 milioni di frammenti				25 milioni di frammenti	
	Rapid Viral Surveillance Panel v2		Metagenomica shotgun		Metagenomica shotgun	
	Copertura del genoma (%)	Conteggio letture	Copertura del genoma (%)	Conteggio letture	Copertura del genoma (%)	Conteggio letture
Sapovirus (GII.1)	99,7	219.539	50,0	57	84,2	360
Adenovirus umano F (adenovirus umano 41)	100	104.693	6,4	18	23,6	72
Coronavirus umano OC43 (HCoV_OC43)	98,1	23.857	0	0	10,0	26
Sapovirus (GV)	99,6	10.750	0	0	25,3	19
Adenovirus umano E	88,4	6.733	0	0	0	0
Poliomavirus 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
Adenovirus umano A (adenovirus umano 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
Papillomavirus umano 59 (HPV59; ad alto rischio)	69,3	1.015	0	0	0	0
Enterovirus A (non virus Coxsackie) [Enterovirus A71]	70,0	295	5,1	4	9,0	6

Riepilogo

Rapid Viral Surveillance Panel v2 fa parte di un flusso di lavoro ottimizzato e completo per il rilevamento di epidemie virali, la sorveglianza zoonotica e il monitoraggio delle mutazioni. Questo kit utilizza una chimica aggiornata per fornire gli stessi risultati di alta qualità dell'attuale Viral Surveillance Panel v2, ma con tempi di risposta più rapidi, fino a sole 24 ore, per le applicazioni in cui il fattore tempo è cruciale.[7] Il flusso di lavoro semplificato è compatibile con vari tipi di campioni e applicazioni, tra cui campioni di ricerca biologica e sorveglianza delle acque reflue per la presenza regionale di virus.

Il kit include sonde a cattura ibrida per l'identificazione di circa 200 genomi di virus a RNA e DNA considerati ad alto rischio per la salute pubblica. Concentrandosi sulle sequenze target, l'arricchimento dei target mediante cattura ibrida riduce al minimo la necessità di un'elevata profondità di lettura del campione, il che consente di contenere i costi e migliorare la processività. I dati generati con Rapid Viral Surveillance Panel v2 possono essere analizzati con l'app DRAGEN Microbial Enrichment Plus, una soluzione facile da usare disponibile su MiSeq i100 Series o online su BaseSpace Sequence Hub. Grazie alle eccellenti prestazioni di cattura virale per l'identificazione di DNA ed RNA in campioni complessi, questo efficace flusso di lavoro di NGS rappresenta per le organizzazioni di salute pubblica e i ricercatori un'alternativa avanzata al sequenziamento shotgun.

Maggiori informazioni →

Rapid Viral Surveillance Panel v2
(link presto disponibile)

App DRAGEN Microbial Enrichment Analysis Plus

Sistemi di sequenziamento Illumina

Informazioni per gli ordini

Prodotto	N. di catalogo
Illumina Rapid Viral Surveillance Panel v2 Kit (96 samples)	20158826

Bibliografia

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. Pubblicato il 30 luglio 2024. Consultato il 25 marzo 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. Consultato il 25 marzo 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. Aggiornato il 13 marzo 2026. Consultato il 25 marzo 2026.
6. Africa Centers for Disease Control and Prevention. Diseases information. africacdc.org/disease/. Consultato il 25 marzo 2026.
7. Dati in archivio. 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®

Numero verde 1.800.809.4566 (U.S.A.) | Tel. +1.858.202.4566
techsupport@illumina.com | www.illumina.com

© 2026 Illumina, Inc. Tutti i diritti riservati. Tutti i marchi di fabbrica sono di proprietà di Illumina, Inc. o dei rispettivi proprietari. Per informazioni specifiche sui marchi di fabbrica, visitare la pagina web www.illumina.com/company/legal.html.
M-GL-04127 ITA v1.0