Rapid Viral Surveillance Panel v2

Sequenciamento simplificado de genoma completo para vigilância e pesquisa viral de alto risco



O painel expandido fornece cobertura de aproximadamente 200 vírus, incluindo os de interesse da saúde pública.[1–6]



O enriquecimento de captura híbrida acomoda patógenos virais de RNA e DNA



O fluxo de trabalho rápido é compatível com uma variedade de tipos de amostras hospedeiras e ambientais.[7]

Identificação de vírus de alto impacto para vigilância da saúde pública

A vigilância genômica viral desempenha um papel fundamental na segurança da saúde global, fornecendo insights valiosos sobre a evolução, a disseminação e o comportamento de patógenos.[1] A análise da composição genética de vírus usando sequenciamento de última geração permite que os cientistas rastreiem mutações que podem afetar a transmissibilidade, a virulência ou a resistência ao tratamento.[8] Essas informações são cruciais para a criação de testes diagnósticos eficazes, de terapias e vacinas para o combate de doenças infecciosas emergentes.

O Illumina Rapid Viral Surveillance Panel v2 é um painel de NGS que permite a detecção e o sequenciamento do genoma completo (WGS, whole-genome sequencing) de ~200 vírus, incluindo vírus identificados como riscos importantes para a saúde pública (Tabela 1).[1–6] O painel usa um fluxo de trabalho de enriquecimento de alvo de captura híbrida que permite o sequenciamento de vários tipos de amostras em apenas 24 horas sem a alta profundidade de leitura exigida por métodos de metagenômica shotgun. Comparada a outros métodos de ressequenciamento direcionado, como sequenciamento de amplicon, a captura híbrida propicia uma cobertura mais uniforme nos genomas virais e maior capacidade de identificar mutações e sequências divergentes, tornando o Viral Surveillance Panel v2 uma solução ideal para vigilância de surtos e monitoramento de variantes.

Fluxo de trabalho de NGS simplificado

O fluxo de trabalho do Rapid Viral Surveillance Panel v2 enriquece genomas virais de uma variedade de tipos de amostras, incluindo água residual, soro, plasma, lesões cutâneas e swabs nasofaríngeos.[7] As bibliotecas são preparadas com base em RNA ou DNA extraído de amostras hospedeiras ou ambientais, sequenciadas em um sistema de sequenciamento de bancada da Illumina e analisadas usando o aplicativo DRAGEN™ Microbial Enrichment Plus, disponível no BaseSpace™ Sequence Hub. As etapas de preparação e sequenciamento da biblioteca podem ser concluídas em 24 horas com tempo mínimo de manuseio (Figura 1).[7]



Figura 1: Fluxo de trabalho do Rapid Viral Surveillance Panel v2
Em um fluxo de trabalho rápido, simplificado e abrangente, as bibliotecas são preparadas com base em amostras ambientais ou hospedeiras, sequenciadas em um sistema de sequenciamento da Illumina e analisadas com o DRAGEN Microbial Enrichment Plus App quanto à detecção viral, geração de consenso de genoma completo, mapeamento de leitura quanto aos melhores resultados virais e tipagem de cepa. O sequenciamento pode ser concluído em menos de dois dias, mas o tempo exato varia com a profundidade de leitura da amostra e com o sistema de sequenciamento usado.

a. O tempo de sequenciamento para 25 a 100 milhões de fragmentos a 2 × 101 bp é de ~7 a 8 h no MiSeq i100 Series.
b. As etapas de preparação e sequenciamento de amostras podem ser concluídas em menos de um dia usando o MiSeq i100 Series. O tempo de sequenciamento varia com o sequenciamento usado e a profundidade da leitura.

Tabela 1: Principais vírus de alto risco incluídos no Rapid Viral Surveillance Panel v2

Vírus adenoassociado 2	Adenovírus humano A–G	Vírus Mayaro	Vírus Sabiá
Vírus Aichi 1	Bocavírus humano	Vírus do Sarampo	Salivírus A
Vírus Aigai (FHCC)	Coronavírus humano	Vírus Menangle	Vírus siciliano da febre do mosquito-pólvora
Vírus Bombali	Citomegalovírus humano	Coronavírus relacionado à síndrome respiratória do Oriente Médio	Sapovírus
Vírus de Bourbon	Vírus da imunodeficiência humana 1/2	Vírus da Mpox	Coronavírus relacionado à síndrome respiratória aguda grave
Vírus Cache Valley	Metapneumovírus humano	Vírus da Caxumba	Coronavírus relacionado à síndrome respiratória aguda grave 2
Vírus da encefalite da Califórnia	Papilomavírus humano	Vírus da encefalite de Murray Valley	Vírus da Floresta de Semliki
Vírus Chapare	Vírus da parainfluenza humana 1–4	Vírus Nipah	Febre grave com vírus da síndrome da trombocitopenia
Vírus da Chikungunya	Parechovírus humano	Norovírus	Vírus Sindbis
Vírus da febre do carrapato do Colorado	Parvovírus humano B19	Vírus da febre hemorrágica de Omsk	Vírus da lebre Snowshoe
Vírus de Coxsackie A/B	Vírus da Influenza A–C	Vírus O'nyong-nyong	Vírus Sosuga
Vírus da febre hemorrágica da Crimeia-Congo	Vírus Jamestown Canyon	Vírus Oropouche	Vírus da encefalite St. Louis
Vírus da Dengue 1–4	Vírus da encefalite japonesa	Poliovírus	Vírus do carrapato de Tacheng 2
Vírus Ebola	Vírus Junin	Poliomavírus	Vírus Tahyna
Ecovírus	Vírus da doença da Floresta de Kyasanur	Vírus de Powassan	Vírus da encefalite do carrapato
Enterovírus A–D	Vírus La Crosse	Vírus Punta Toro	Vírus Torque teno
Vírus Epstein-Barr	Vírus Lassa	Vírus da raiva	Vírus Toscana
Vírus da encefalite equina	Vírus Lloviu	Vírus Ravn	Vírus Usutu
Vírus Gguanarito	Vírus Lujo	Vírus sincicial respiratório A/B	Vírus varicela-zóster
Hantavírus	Vírus da coriomeningite linfocítica	Rinovírus A–C	Vírus da varíola
Vírus Heartland	Lissavírus	Vírus da febre do Vale Rift	Vírus do Nilo ocidental
Henipavírus	Vírus Machupo	Vírus Ross River	Vírus da febre amarela
Hepatovírus A–E	Mamastrovírus	Rotavírus A/B/C/H	Vírus da Zika
Vírus Herpes simplex 1/2	Vírus de Marburgo	Vírus da rubéola	

Preparação da biblioteca

O fluxo de trabalho de preparação da biblioteca do Rapid Viral Surveillance Panel v2 consiste em etapas de pré-enriquecimento e enriquecimento. A etapa rápida da biblioteca de pré-enriquecimento é muito simplificada e otimizada para ser realizada na metade do tempo, com um número reduzido de etapas, em comparação com o formato não rápido. O pré-enriquecimento gera centenas de milhares de bibliotecas não direcionadas que são enriquecidas com sondas do Viral Surveillance Panel v2, usando uma abordagem de captura híbrida. O enriquecimento com tagmentação em bead fornece um fluxo de trabalho rápido e compatível com automação que pode ser concluído com o mínimo de tempo de manuseio. O protocolo acomoda quantidades de entrada de amostras que variam de 10 ng a 100 ng de ácido nucleico total e é compatível com a multiplexação de até 384 amostras em uma corrida única.

Sequenciamento

Os requisitos de profundidade de leitura menor para bibliotecas enriquecidas pelo Viral Surveillance Panel v2 permitem diversas opções de sistema de sequenciamento, inclusive os MiniSeq™, MiSeq™ i100 Series, NextSeq™ 550, NextSeq 1000 e NextSeq 2000 Systems de bancada. A titulação de vírus, a qualidade da amostra de ácido nucleico, a profundidade de leitura da amostra e o número de leituras por amostra afetam o número de leituras específicas do vírus e a cobertura da sequência obtida. A recomendação geral de profundidade de leitura de sequenciamento para amostras de boa qualidade é de, no mínimo, 1 milhão de fragmentos por amostra e comprimento da leitura de 2 × 150 bp. A profundidade de leitura da amostra recomendada também varia conforme o tipo de amostra. Para amostras mais complexas, como água residual, recomenda-se o mínimo de 4 milhões de fragmentos por amostra. Leituras abundantes fora do alvo são esperadas se outros ácidos nucleicos microbianos estiverem presentes, como de bactérias encontradas em tipos complexos de amostras.

Análise de dados

Os dados gerados pelo Viral Surveillance Panel v2 são analisados com o aplicativo DRAGEN Microbial Enrichment Plus, disponível no BaseSpace Sequence Hub e integrado aos MiSeq i100 Series Systems. O pipeline de análise fácil de usar fornece controle de qualidade da amostra, alinhamento guiado por referência com um amplo banco de dados de genoma viral selecionado, identificação de variantes, geração de sequências de consenso do genoma viral, previsão de resistência antiviral para vírus da influenza A/B, opções flexíveis de geração de relatórios e integração com Pangolin e Nextclade para a atribuição filogenética adicional de vírus compatíveis.

Desempenho

Enriquecimento alvo

Comparada ao sequenciamento metagenômico shotgun, em que todo RNA ou DNA é sequenciado, a captura híbrida direcionada usando o Viral Surveillance Panel v2 minimiza o sequenciamento desnecessário de micróbios hospedeiros e não direcionados, o que reduz os custos e permite um amplo sequenciamento de genomas virais em sistemas de sequenciamento de bancada.[7]

A recuperação do genoma viral pelo enriquecimento com o Viral Surveillance Panel v2 foi comparada com o sequenciamento metagenômico shotgun sem enriquecimento. A análise foi realizada usando amostras de água residual coletadas por meio de colaborações com a Colorado State University (n = 29) e o Wisconsin State Lab of Hygiene (n = 32). O Viral Surveillance Panel v2 demonstrou uma recuperação superior do genoma viral com base em amostras elaboradas de multialvos em comparação com o sequenciamento metagenômico shotgun (Figura 2).

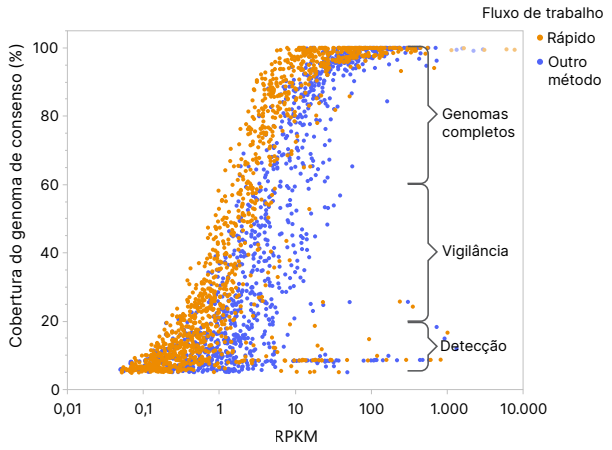


Figura 2: Desempenho do Rapid Viral Surveillance Panel v2 em comparação com o sequenciamento metagenômico shotgun

O Rapid Viral Surveillance Panel v2 (Rapid) produz maior cobertura genômica medida como leituras por quilobase de transcrição por milhão de leituras mapeadas (RPKM) comparado ao sequenciamento de RNA metagenômico shotgun com outro método comercialmente disponível. Uma maior cobertura de genomas direcionados Rapid Viral Surveillance Panel v2 garante que genomas mais completos sejam capturados e oferece um excelente desempenho para detecção e vigilância. A análise foi realizada usando amostras de água residual coletadas por meio de colaborações com a Colorado State University (n = 29) e o Wisconsin State Lab of Hygiene (n = 32).

Vigilância da água residual

A vigilância de sequências virais em águas residuais fornece um indicador regional da disseminação comunitária de patógenos virais, fornecendo aos profissionais de saúde pública informações valiosas para o planejamento da resposta.[8] O Viral Surveillance Panel pode ser usado com essas amostras para viabilizar a detecção e a identificação precoces de genomas virais em águas residuais de concentrações mais baixas do que o sequenciamento shotgun (Tabela 2).

Amostras de água residual de dois locais de coleta foram extraídas por meio de colaborações com o Wisconsin State Lab of Hygiene (WSLH) e a Colorado State University (CSU). Foram avaliadas três amostras de cada local de coleta. As bibliotecas preparadas com base nessas seis amostras de água residual foram sequenciadas e normalizadas para um total de 4 milhões de fragmentos para enriquecimento com o Viral Surveillance Panel v2 ou 4 milhões e 25 milhões de fragmentos para o sequenciamento metagenômico shotgun. Uma profundidade de sequenciamento de 4 milhões de fragmentos foi usada nessa comparação porque as amostras de água residual podem variar muito em complexidade e podem conter dezenas de vírus em baixa abundância. O Viral Surveillance Panel v2 demonstrou aumento da sensibilidade de detecção viral em um tipo de amostra ambiental complexa com baixa carga viral geral em comparação com o sequenciamento metagenômico shotgun, mesmo quando as leituras totais para o sequenciamento metagenômico shotgun foram aumentadas em aproximadamente seis vezes (Tabela 2).

Tabela 2: Principais vírus detectados em água residual usando o Rapid Viral Surveillance Panel v2 ou o sequenciamento metagenômico shotgun

Vírus (cepa)	4 milhões de fragmentos				25 milhões de fragmentos	
	Rapid Viral Surveillance Panel v2		Metagenômica shotgun		Metagenômica shotgun	
	Cobertura genômica (%)	Contagens de leituras	Cobertura genômica (%)	Contagens de leituras	Cobertura genômica (%)	Contagens de leituras
Sapovírus (GII.1)	99,7	219.539	50,0	57	84,2	360
Adenovírus humano F (adenovírus humano 41)	100	104.693	6,4	18	23,6	72
Coronavírus humano OC43 (HCoV_OC43)	98,1	23.857	0	0	10,0	26
Sapovírus (GV)	99,6	10.750	0	0	25,3	19
Adenovírus humano E	88,4	6.733	0	0	0	0
Poliomavírus JC (JCPyV)	99,3	5.834	0	0	0	0
Mamastrovírus 9 (MAstV9)	99,2	4.959	0	0	0	0
Mamastrovírus 1 (MAstV1)	98,6	3.972	7,5	5	22,0	13
Adenovírus humano A (adenovírus humano 31)	81,1	3.449	0	0	0	0
Mamastrovírus 6 (MAstV6) [MLB1]	97,2	3.181	0	0	17,3	9
Norovírus (G1)	96,9	1.972	0	0	0	0
Poliomavírus BK (BKPyV)	100	1.522	0	0	11,1	4
Mamastrovírus 8 (MAstV8) [VA2]	92,1	1.208	0	0	6,1	4
Papilomavírus humano 59 (HPV59; alto risco)	69,3	1.015	0	0	0	0
Enterovírus A (não relacionado ao vírus de Coxsackie) [Enterovírus A71]	70,0	295	5,1	4	9,0	6

Resumo

O Rapid Viral Surveillance Panel v2 faz parte de um fluxo de trabalho otimizado e abrangente de detecção de surtos virais, vigilância zoonótica e rastreamento de mutações. Esse kit usa química atualizada para fornecer os mesmos resultados de alta qualidade que o Viral Surveillance Panel v2 existente com um tempo de resposta mais rápido de apenas 24 horas para aplicações sensíveis ao tempo.[7] O fluxo de trabalho simplificado é compatível com uma variedade de tipos de amostras e aplicações, incluindo amostras de pesquisa biológica e vigilância de águas residuais para a presença regional de vírus.

O kit inclui sondas de captura híbrida para identificar cerca de 200 genomas de vírus de RNA e DNA que foram designados como de alto risco para a saúde pública. O enriquecimento de alvos de captura híbrida minimiza a necessidade de alta profundidade de leitura de amostras ao se concentrar nas sequências de alvos, reduzindo custos e aumentando a produtividade. Os dados gerados por meio do Rapid Viral Surveillance Panel v2 podem ser analisados com o aplicativo fácil de usar DRAGEN Microbial Enrichment Plus integrado ao MiSeq i100 Series ou on-line, por meio do BaseSpace Sequence Hub. Esse fluxo de trabalho consistente de NGS oferece um excelente desempenho na captura viral para identificar DNA e RNA em amostras complexas, fornecendo a organizações de saúde pública e pesquisadores uma alternativa avançada ao sequenciamento shotgun.

Saiba mais →

Rapid Viral Surveillance Panel v2 (link pendente)

DRAGEN Microbial Enrichment Analysis Plus App

Sistemas de sequenciamento da Illumina

Informações para pedidos

Produto	N.º do catálogo
Illumina Rapid Viral Surveillance Panel v2 Kit (96 samples)	20158826

Referências

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. Publicado em 30 de julho de 2024. Acessado em 25 de março de 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. Acessado em 25 de março de 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. Atualizado em 13 de março de 2026. Acessado em 25 de março de 2026.
6. Africa Centers for Disease Control and Prevention. Diseases information. africacdc.org/disease/. Acessado em 25 de março de 2026.
7. Data on file. 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) 809-4566, ligação gratuita (EUA) | tel. +1 (858) 202-4566
techsupport@illumina.com | www.illumina.com

© 2026 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-04127 PTB v1.0