

# Illumina COVIDSeq™ Assay (96 samples)

- Optimierter integrierter Workflow für die SARS-CoV-2-Sequenzierung und -Charakterisierung
- Einheitliche Coverage für das gesamte SARS-CoV-2-Genom zur präzisen Erkennung von Sequenzvarianten
- Assay für niedrigen bis mittleren Durchsatz, der sich für die Sequenzierung von Proben in geringer Anzahl auf Tischgeräten eignet

illumina®

## Einleitung

Während sich die COVID-19-Pandemie weltweit weiter ausbreitet<sup>1</sup>, entstehen immer neue Varianten wie Alpha B117, Beta, Delta, Gamma und Omikron. Diese und möglicherweise weitere neue SARS-CoV-2-Stämme haben das Potenzial, ansteckender oder schwerwiegender zu sein, und wecken so Bedenken hinsichtlich der Belastung des Gesundheitswesens, bestimmter Diagnostiktests sowie der zur Bekämpfung der Pandemie entwickelten Impfstoffe.<sup>2</sup> Dies verdeutlicht die Notwendigkeit einer genomischen Überwachung mit dem Ziel, neue SARS-CoV-2-Varianten zu identifizieren und zu überwachen. Beim Illumina COVIDSeq Assay (96 samples) handelt es sich um einen amplikonbasierten Assay für die Sequenzierungen der nächsten Generation (NGS, Next-Generation Sequencing) mit niedrigem bis mittlerem Durchsatz, mit dem Labore das Aufkommen und die Prävalenz neuer SARS-CoV-2-Varianten und -Linien erkennen und verfolgen können.

## Illumina COVIDSeq-Workflow

Der Illumina COVIDSeq Assay (96 samples) ist Teil eines optimierten integrierten Workflows von der Isolierung des genetischen Materials über die Sequenzierung bis hin zur Datenanalyse für die Erkennung und Charakterisierung von SARS-CoV-2 ([Abbildung 1](#)).

### Bibliotheksvorbereitung

Das Illumina COVIDSeq Assay (96 samples) Kit enthält alle Reagenzien, die für die cDNA-Umwandlung, die Amplifikation und die Bibliotheksvorbereitung notwendig sind. Das Kit umfasst den ARTIC v3-Primer-Pool, der auf dem validierten, öffentlich verfügbaren ARTIC multiplex PCR-Protokoll basiert und zur Erkennung und Charakterisierung von SARS-CoV-2-RNA dient. Ein modifizierter, optimierter ARTIC v4-Primer-Pool, mit dem die virale Genom-Coverage und das Varianten-Calling verbessert werden, ist als Zubehörprodukt verfügbar.

## Sequenzierung

Vorbereitete Bibliotheken können auf einem Illumina-Sequenziersystem sequenziert werden. Aufgrund der Konfiguration für niedrigen Durchsatz ist der Illumina COVIDSeq Assay (96 samples) jedoch ideal für Tischsysteme wie z. B. iSeq™ 100, MiniSeq™, MiSeq™, NextSeq™ 550, NextSeq 1000 und NextSeq 2000. Es werden Read-Längen von 2 × 101 bp und 2 × 151 bp empfohlen.

## Datenanalyse

Die Illumina DRAGEN™ COVID Lineage App ist in BaseSpace™ Sequence Hub kostenlos erhältlich. Die benutzerfreundliche App ermöglicht die SARS-CoV-2-Erkennung, das Alignment von Reads auf ein Referenzgenom, das Varianten-Calling sowie die Erstellung einer Konsensus-Genomsequenz. In Verbindung mit Pangolin und NextClade bietet die Dragen COVID Lineage App außerdem ein Calling für Linie und Monophylum, das für die meisten Überwachungsanwendungen benötigt wird.

## Einheitliche SARS-CoV-2-Genom-Coverage

Der Illumina COVIDSeq Assay (96 samples) bietet eine einheitliche Coverage für das SARS-CoV-2-Genom, besonders im Spike-Protein-Locus, einer wichtigen Region des SARS-CoV-2-Genoms<sup>3-5</sup> ([Abbildung 2](#)). Für Labore, die eine ausführliche SARS-CoV-2-Sequenzierung vornehmen müssen, bietet der ARTIC v4-Primer-Pool eine verbesserte Coverage im Spike-Protein-Locus für eine umfangreiche Charakterisierung neuer Varianten ([Abbildung 2](#)).

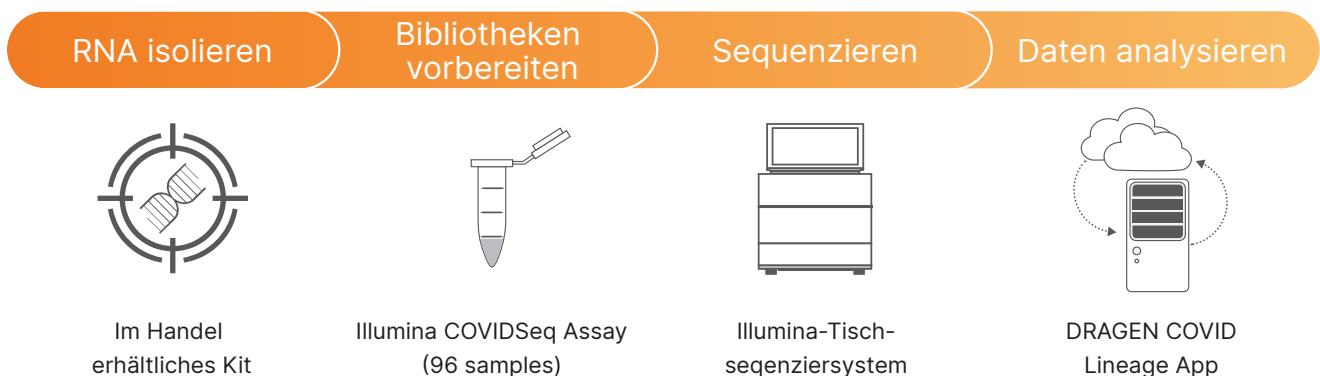


Abbildung 1: Illumina COVIDSeq-Workflow: In einem optimierten, umfassenden Workflow werden SARS-CoV-2-Bibliotheken mithilfe des Illumina COVIDSeq Assay (96 samples) vorbereitet, auf einem beliebigen Illumina-Tischsequenziersystem sequenziert und schließlich mit der DRAGEN COVID Lineage App für Viruserkennung, Varianten-Calling und Stammtypisierung analysiert.

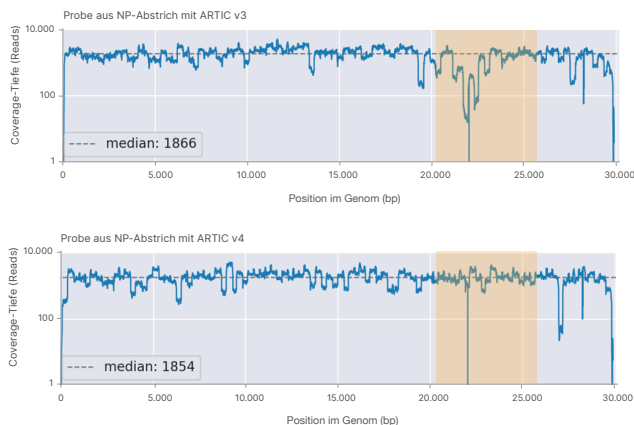


Abbildung 2: Einheitliche Genom-Coverage für die SARS-CoV-2-Variante B.1.617.2 (Delta): Der Illumina COVIDSeq Assay (96 samples) bietet eine einheitliche virale Genom-Coverage für den Spike-Protein-Locus (hervorgehobene Region) mit den Primer-Pools ARTIC v3 (oben) und ARTIC v4 (unten). Der ARTIC v3-Pool umfasst Primer für 11 menschliche Kontrollgene, der ARTIC v4-Pool dagegen nicht. Beim steilen Abfall der Coverage beider Primer-Pools bei ca. 22.000 bp handelt es sich nicht um einen Verlust, sondern tatsächlich um eine 6-Basen-Deletion.

## Zusammenfassung

Die Entstehung und Verbreitung neuer SARS-CoV-2-Varianten im Verlauf der COVID-19-Pandemie verdeutlicht die Notwendigkeit einer auf Sequenzierung basierenden Virusüberwachung. Der Illumina COVIDSeq Assay (96 samples) ist für geringe Probenbatchgrößen ausgelegt und ermöglicht eine dezentrale Überwachung der Entstehung und Prävalenz neuer SARS-CoV-2-Varianten und -Linien.

## Weitere Informationen

Illumina COVIDSeq Assay (96 samples): [illumina.com/products/by-type/clinical-research-products/covidseq-assay.html](https://illumina.com/products/by-type/clinical-research-products/covidseq-assay.html)

Technischer Hinweis zur verbesserten Leistung mit dem Illumina COVIDSeq Assay (96 samples): [illumina.com/content/dam/illumina/gcs/assembled-assets/marketing-literature/illumina-covidseq-tech-note-m-gl-00408/illumina-covidseq-tech-note-m-gl-00408.pdf](https://illumina.com/content/dam/illumina/gcs/assembled-assets/marketing-literature/illumina-covidseq-tech-note-m-gl-00408/illumina-covidseq-tech-note-m-gl-00408.pdf)

## Bestellinformationen

Produkt	Katalog-Nr.
COVIDSeq Assay (96 samples) index 1	20049393
COVIDSeq Assay (96 samples) index 2	20051772
Zubehörprodukt	
COVIDSeq Positive Control (96 reactions)	20051775
Illumina COVIDSeq v4 Primer Pools, 384 Samples RUO	20065135

## Quellen

1. World Health Organization. [WHO Director-General's statement on IHR Emergency Committee on Novel Coronavirus \(2019-nCoV\)](#). 30. Januar 2020.
2. Baric, RS. [Emergence of a highly fit SARS-CoV-2 variant](#). *N Engl J Med*. 2020;383:2684–2686.
3. McCarthy KR, Rennick LJ, Nambulli S, et al. [Recurrent deletions in the SARS-CoV-2 spike glycoprotein drive antibody escape](#). *Science*. 2021; doi:10.1126/science.abf6950.
4. Addetia A, Xie H, Roychoudhury P, et al. [Identification of multiple large deletions in ORF7a resulting in in-frame gene fusions in clinical SARS-CoV-2 isolates](#). *J Clin Virol*. 2020; 129:104523.
5. Rosenthal SH, Kagan RM, Gerasimova A, et al. [Identification of eight SARS-CoV-2 ORF7a deletion variants in 2,726 clinical specimens](#). *bioRxiv*. 2020; doi.org/10.1101/2020.12.10.418855.

**illumina**<sup>®</sup>

+1.800.809.4566 (USA, gebührenfrei) | +1.858.202.4566 (Tel. außerhalb der USA)  
techsupport@illumina.com | [www.illumina.com](http://www.illumina.com)

© 2021 Illumina, Inc. Alle Rechte vorbehalten. Alle Marken sind Eigentum von Illumina, Inc. bzw. der jeweiligen Eigentümer. Spezifische Informationen zu Marken finden Sie unter [www.illumina.com/company/legal.html](http://www.illumina.com/company/legal.html).  
M-GL-00243 DEU v1.0