

illumina COVIDSeq™ Assay (96 samples)

- SARS-CoV-2 시퀀싱 및 특성 규명을 위한 간소화된 통합 워크플로우
- 정확한 시퀀스 변이 검출을 지원하는 SARS-CoV-2 유전체 전체에 걸친 균일한 커버리지
- 벤치탑 기기로 적은 샘플의 시퀀싱 수행 시 낮은 수준 내지는 중간 수준의 처리량을 제공하는 Assay

illumina®

소개

COVID-19 팬데믹이 여전히 전 세계에서 기승을 부리면서,¹ 알파(B.1.1.7), 베타, 델타, 감마, 오미كرون 등 다양한 변이가 연이어 출현하고 있습니다. 이러한 변이들과 다른 새로운 SARS-CoV-2 균주(strain)는 전염성과 심각성이 더 높을 수 있기 때문에 공중 보건 노력, 일부 진단 검사, 팬데믹 대응을 위해 개발된 백신에 대한 우려의 목소리가 커지고 있습니다.² 이러한 우려를 해소하기 위해서는 새로운 SARS-CoV-2 변이를 확인하고 모니터링하는 유전체 감시(genomic surveillance)가 필요합니다. Illumina COVIDSeq Assay(96 samples)는 랩에서 새로운 SARS-CoV-2 변이 및 계통(lineage)의 등장과 확산을 파악하고 추적할 수 있도록 낮은 수준 내지는 중간 수준의 처리량을 제공하는 앰플리콘(amplicon) 기반의 차세대 시퀀싱(next-generation sequencing, NGS) assay입니다.

Illumina COVIDSeq Workflow

Illumina COVIDSeq Assay(96 samples)는 SARS-CoV-2의 검출 및 특성 규명을 위해 유전 물질의 분리부터 시퀀싱과 데이터 분석까지 전 과정을 통합하는 간소화된 워크플로우의 한 구성 요소입니다(그림 1).

라이브러리 준비

Illumina COVIDSeq Assay(96 samples) 키트에는 cDNA 변환(conversion), 증폭(amplification) 그리고 라이브러리 준비(library preparation)에 필요한 모든 시약뿐만 아니라, 공개적으로 사용 가능한 검증된 ARTIC multiplex PCR protocol을 기반으로 SARS-CoV-2 RNA의 검출과 특성 규명을 위해 개발된 ARTIC v3 primer pool이 포함되어 있습니다. 바이러스 유전체 커버리지(viral genome coverage)와 변이 검출(variant calling) 성능의 향상을 위해 변경 및 최적화를 거친 ARTIC v4 primer pool을 액세서리 제품으로 사용할 수도 있습니다.

시퀀싱

이렇게 준비한 라이브러리는 모든 Illumina 시퀀싱 시스템으로 시퀀싱이 가능합니다. 다만 Illumina COVIDSeq Assay(96 samples)는 적은 수의 샘플 처리에 맞게 설계되었으므로 이 경우에는 iSeq™ 100, MiniSeq™, MiSeq™, NextSeq™ 550, NextSeq 1000, NextSeq 2000 시스템과 같은 벤치탑 플랫폼으로 시퀀싱하는 것이 적합합니다. 리드 길이(read length)는 2 x 101 bp 그리고 2 x 151 bp를 권장합니다.

데이터 분석

Illumina DRAGEN™ COVID Lineage App을 BaseSpace™ Sequence Hub에서 무료로 이용할 수 있습니다. 사용이 용이한 Illumina DRAGEN COVID Lineage App은 SARS-CoV-2 검출, 참조 유전체(reference genome)에 리드 정렬(alignment), 변이 검출 및 공통(consensus) 유전체 시퀀스 생성 기능을 지원합니다. Pangolin과 NextClade를 함께 사용하면 Dragen COVID Lineage App으로 대부분의 유전체 감시에 필요한 계통 및 분기군(clade)도 검출할 수 있습니다.

균일한 SARS-CoV-2 유전체 커버리지

Illumina COVIDSeq Assay(96 samples)는 SARS-CoV-2 유전체 전체, 그중에서도 SARS-CoV-2 유전체의 핵심 영역인 스파이크 단백질 유전자좌(spike protein locus)³⁻⁵에 대한 균일한 커버리지를 제공합니다(그림 2). 심층적인 SARS-CoV-2 시퀀싱이 필요한 랩이라면, 새로운 변이의 특성을 상세히 파악하기 위해 스파이크 단백질 유전자좌에 대한 커버리지를 향상한 ARTIC v4 primer pool의 사용을 고려해 볼 수 있습니다(그림 2).

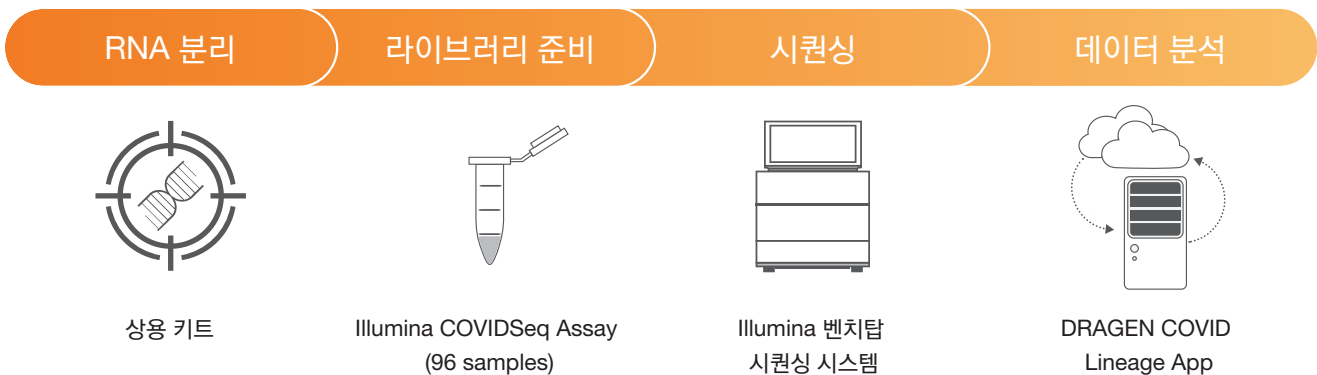


그림 1: Illumina COVIDSeq Workflow — Illumina COVIDSeq Assay(96 samples)를 사용해 SARS-CoV-2 라이브러리를 준비하고 원하는 Illumina의 벤치탑 시퀀싱 시스템에서 시퀀싱을 수행한 후 바이러스 검출, 변이 검출 및 균주 유형 분류(strain typing)를 위해 DRAGEN COVID Lineage App으로 데이터를 분석하는 간소화된 통합 워크플로우

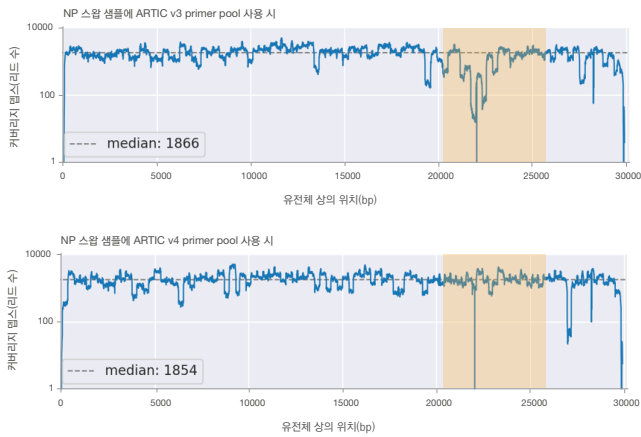


그림 2: SARS-CoV-2 델타(B.1.617.2) 변이에 대한 균일한 유전체 커버리지 — ARTIC v3 primer pool(상)과 ARTIC v4 primer pool(하) 사용 시 스파이크 단백질 유전자좌(주황색 영역) 전체에 걸쳐 균일한 바이러스 유전체 커버리지를 제공하는 Illumina COVIDSeq Assay(96 samples). ARTIC v3 primer pool은 11개의 인간 대조 유전자에 대한 프라이머를 포함하며, ARTIC v4 primer pool은 포함하지 않음. 참고로 ARTIC v3와 ARTIC v4 사용 시 22K bp 근처에서 공통적으로 관찰된 급격한 커버리지 감소는 드롭아웃(drop-out)이 아닌 실제 여섯 개의 염기 결실(six-base deletion)을 나타냄.

요약

COVID-19 팬데믹 상황에 새로운 SARS-CoV-2 변이가 등장하고 전파됨에 따라 시퀀싱 기반의 바이러스 감시의 필요성이 대두되고 있습니다. Illumina COVIDSeq Assay(96 samples)는 새로운 SARS-CoV-2 변이 및 계통의 등장과 확산을 분산적으로 감시할 수 있도록 적은 샘플 배치(batch)의 사용을 지원합니다.

상세 정보

Illumina COVIDSeq Assay(96 samples)에 대한 자세한 내용은 illumina.com/products/by-type/clinical-research-products/covidseq-assay.html을 참조하시기 바랍니다.

Illumina COVIDSeq Assay(96 samples)로 성능을 향상하는 방법은 Technical Note(<https://sapac.illumina.com/content/dam/illumina/gcs/assembled-assets/marketing-literature/illumina-covidseq-tech-note-m-gl-00408/illumina-covidseq-tech-note-m-gl-00408-kor.pdf>)를 통해 확인하실 수 있습니다.

제품 목록

제품	카탈로그 번호
COVIDSeq Assay (96 samples) index 1	20049393
COVIDSeq Assay (96 samples) index 2	20051772
액세서리 제품	카탈로그 번호
COVIDSeq Positive Control (96 reactions)	20051775
Illumina COVIDSeq v4 Primer Pools, 384 Samples RUO	20065135

참고 문헌

- World Health Organization. [WHO Director-General's statement on IHR Emergency Committee on Novel Coronavirus \(2019-nCoV\)](#). 30 January 2020.
- Baric, RS. [Emergence of a highly fit SARS-CoV-2 variant](#). *N Engl J Med*. 2020;383:2684–2686.
- 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.
- 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.
- 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®

무료 전화(한국) | 080-234-5300
techsupport@illumina.com | www.illumina.com

© 2021 Illumina, Inc. All rights reserved.
모든 상표는 Illumina, Inc. 또는 각 소유주의 자산입니다.
특정 상표 정보는 www.illumina.com/company/legal.html을 참조하십시오.
M-GL-00243 v1.0 KOR