

# illumina COVIDSeq™ Assay (96 samples)

- Flujo de trabajo integrado y optimizado para la secuenciación y caracterización del SARS-CoV-2.
- Cobertura uniforme del genoma del SARS-CoV-2 para una detección precisa de variantes de secuencia.
- Ensayo de rendimiento bajo a intermedio que permite secuenciar un número reducido de muestras en instrumentos de sobremesa.

illumina®

## Introducción

Debido a la incesante propagación de la pandemia de la covid-19 en todo el mundo,<sup>1</sup> no dejan de surgir nuevas variantes como alfa B117, beta, delta, gamma y ómicron. Estas, y posiblemente otras nuevas cepas del SARS-CoV-2, tienen el potencial de ser más contagiosas y graves, lo que aumenta las preocupaciones por los trabajos de la salud pública, por determinadas pruebas diagnósticas y por las vacunas desarrolladas para combatir la pandemia.<sup>2</sup> Esto pone de manifiesto la necesidad del seguimiento genómico para identificar y supervisar las nuevas variantes del SARS-CoV-2. Illumina COVIDSeq Assay (96 samples) es un ensayo de secuenciación de nueva generación (NGS, next-generation sequencing) de rendimiento bajo a intermedio, basado en amplicones, que permite a los laboratorios identificar y hacer un seguimiento de la aparición y la prevalencia de las nuevas variantes y estirpes del SARS-CoV-2.

## Flujo de trabajo de Illumina COVIDSeq

Illumina COVIDSeq Assay (96 samples) forma parte de un flujo de trabajo integrado y optimizado que abarca el aislamiento del material genético mediante la secuenciación y el análisis de datos para la detección y la caracterización del SARS-CoV-2 (figura 1).

### Preparación de bibliotecas

Illumina COVIDSeq Assay (96 samples) kit incluye todos los reactivos necesarios para la conversión del ADN complementario (ADNc), la amplificación y la preparación de bibliotecas. El kit incluye el grupo de cebadores ARTIC v3 basado en el protocolo de PCR multiplex de la ARTIC, validado y públicamente disponible, para detectar y caracterizar el ARN del SARS-CoV-2. Un grupo de cebadores ARTIC v4 modificado y optimizado que mejora la cobertura del genoma vírico y la llamada de variantes, disponible como producto accesorio.

## Secuenciación

Las bibliotecas preparadas se pueden secuenciar en cualquier sistema de secuenciación de Illumina; no obstante, la configuración de bajo rendimiento de Illumina COVIDSeq Assay (96 samples) hace que sea ideal para su uso en plataformas de sobremesa, como los sistemas iSeq™ 100, MiniSeq™, MiSeq™, NextSeq™ 550, NextSeq 1000 y NextSeq 2000. Se recomiendan longitudes de lectura de 2 × 101 pb y 2 × 151 pb.

## Análisis de datos

La aplicación Illumina DRAGEN™ COVID Lineage está disponible de forma gratuita en BaseSpace™ Sequence Hub. Esta aplicación fácil de usar lleva a cabo la detección del SARS-CoV-2, alinea las lecturas con un genoma de referencia, realiza llamadas de variantes y genera una secuencia genómica por consenso. Junto a Pangolin y NextClade, la aplicación Dragen COVID Lineage también proporciona llamadas de estirpe y de subtipo necesarias para la mayoría de las aplicaciones de vigilancia.

## Cobertura uniforme del genoma del SARS-CoV-2

Illumina COVIDSeq Assay (96 samples) ofrece una cobertura uniforme del genoma del SARS-CoV-2, sobre todo en el locus de la proteína de la espícula, una región crítica del genoma del SARS-CoV-2<sup>3-5</sup> (figura 2). En el caso de los laboratorios que necesitan realizar una secuenciación del SARS-CoV-2 al detalle, el grupo de cebadores ARTIC v4 proporciona una cobertura mejorada en el locus de la proteína de la espícula para una caracterización en profundidad de las nuevas variantes (figura 2).

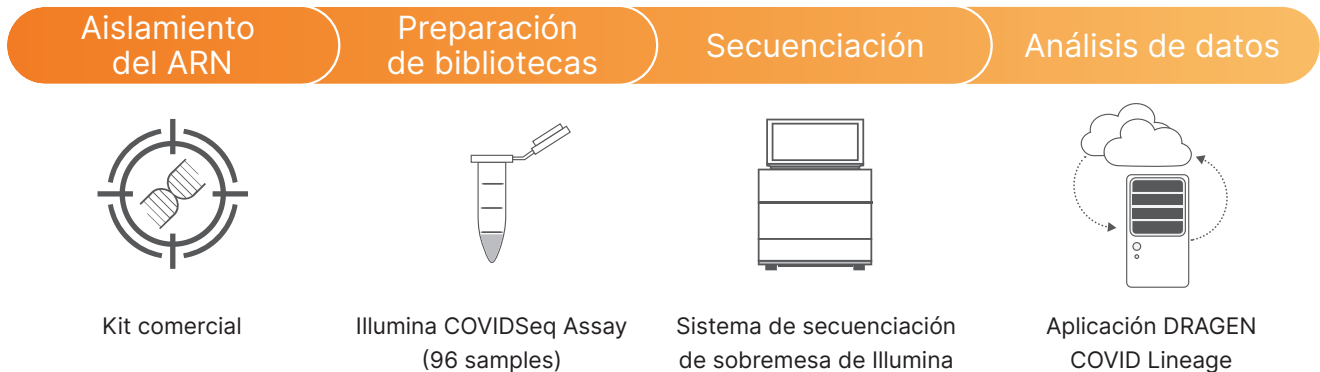


Figura 1: flujo de trabajo de Illumina COVIDSeq. Mediante un flujo de trabajo integral y optimizado, se preparan bibliotecas de SARS-CoV-2 con el uso del Illumina COVIDSeq Assay (96 samples), que se secuencian en cualquiera de los sistemas de secuenciación de sobremesa de Illumina y se analizan en la aplicación DRAGEN COVID Lineage para la detección vírica, la llamada de variantes y la caracterización de las cepas.

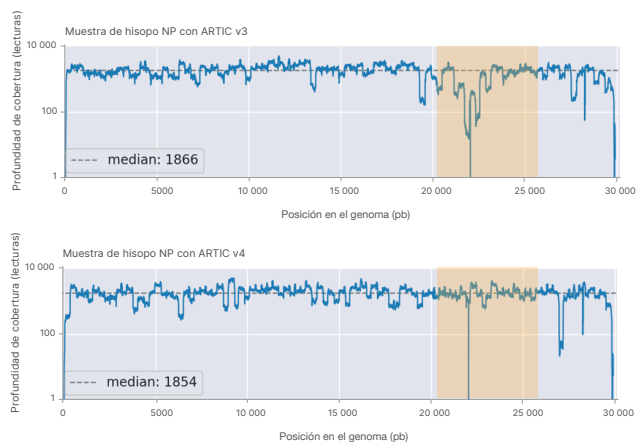


Figura 2: cobertura uniforme del genoma en la variante B.1.617.2 (delta) del SARS-CoV-2. Illumina COVIDSeq Assay (96 samples) proporciona una cobertura uniforme del genoma vírico en el locus de la proteína de la espícula (región resaltada) con los grupos de cebadores ARTIC v3 (arriba) y ARTIC v4 (abajo). El grupo ARTIC v3 incluye cebadores de 11 genes de control humanos, mientras que el grupo ARTIC v4 no incluye estos cebadores. Hay que tener en cuenta que la fuerte caída de la cobertura con ambos grupos de cebadores cerca de la posición correspondiente a ~22 000 pb no es una pérdida de señal, sino una deleción real de seis bases.

## Resumen

La aparición y la propagación de nuevas variantes del SARS-CoV-2 durante la pandemia de covid-19 pone de relieve la necesidad de una vigilancia vírica basada en la secuenciación. Illumina COVIDSeq Assay (96 samples) tiene capacidad para tamaños pequeños de lotes de muestras y permite una vigilancia descentralizada de la aparición y la prevalencia de las nuevas variantes y estirpes del SARS-CoV-2.

## Información adicional

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

Mejora del rendimiento con la nota técnica de 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://www.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)

## Datos para realizar pedidos

Producto	N.º de catálogo
COVIDSeq Assay (96 samples) index 1	20049393
COVIDSeq Assay (96 samples) index 2	20051772
Producto accesorio	
COVIDSeq Positive Control (96 reactions)	20051775
Illumina COVIDSeq v4 Primer Pools, 384 Samples RUO	20065135

## Bibliografía

1. Organización Mundial de la Salud. [Declaración del Director General de la OMS relativa a las recomendaciones del Comité de Emergencia del RSI sobre nuevos coronavirus \(2019-nCoV\)](#). 30 de enero de 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®

1 800 809 4566 (llamada gratuita, EE. UU.) | tel.: +1 858 202 4566  
techsupport@illumina.com | www.illumina.com

© 2021 Illumina, Inc. Todos los derechos reservados. Todas las marcas comerciales pertenecen a Illumina, Inc. o a sus respectivos propietarios. Si desea consultar información específica sobre las marcas comerciales, visite [www.illumina.com/company/legal.html](http://www.illumina.com/company/legal.html).  
M-GL-00243 ESP v1.0