

Urinary Pathogen ID/AMR Panel

Quantification et
identification très sensibles
et sans culture des
uropathogènes courants
et méconnus

- Identification de plus de 170 pathogènes associés à des infections compliquées et non compliquées
- Couverture de plus de 3 700 gènes et variants géniques associés à une résistance aux antimicrobiens
- Compatible avec certains types d'échantillons prélevés du milieu et humains

illumina^{MD}

Identification génétique des infections urinaires

L'infection urinaire (IU) est une infection qui touche le système urinaire (p. ex. les reins, les uretères, la vessie et l'urètre). Il s'agit de l'infection bactérienne la plus fréquente, mais l'IU peut également être causée par des agents de nature virale, parasitaire ou fongique. Dans la plupart des cas, les infections touchent les voies urinaires inférieures, notamment la vessie et l'urètre. Les infections bactériennes sont traitées le plus souvent par des antibiotiques, mais l'augmentation de la résistance aux antibiotiques constitue une préoccupation majeure dans le domaine de la santé¹.

L'Urinary Pathogen ID/AMR Panel est un panel de recherche qui met à profit la puissance de la métagénomique de précision pour identifier les uropathogènes. Le contenu du panel a été développé sur la base de la corrélation signalée avec les IU compliquées ou non compliquées et les infections multi-résistantes. Le panel peut détecter et quantifier 174 organismes, notamment les uropathogènes courants et moins connus ainsi que certains pathogènes sexuellement transmissibles (Figure 1, Tableau 1). En outre, le panel couvre plus de 3 700 gènes et variants géniques associés à une résistance aux antimicrobiens (RAM).

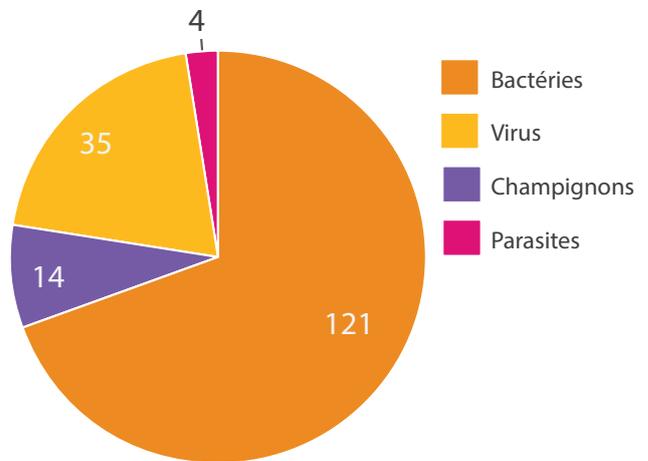


Figure 1 : Catégories des pathogènes urinaires couvertes sur l'Urinary Pathogen ID/AMR Panel.

Flux de travail

L'Urinary Pathogen ID/AMR Panel permet d'enrichir les génomes pathogènes à partir d'une série d'échantillons prélevés de l'hôte et du milieu. Le flux de travail inclut l'isolement de l'ADN, la préparation de la librairie, le séquençage et l'analyse secondaire du séquençage de nouvelle génération (SNG) (Figure 2). Les étapes de la préparation de la librairie et du séquençage peuvent être réalisées en deux jours sur des systèmes de séquençage de paillasse.

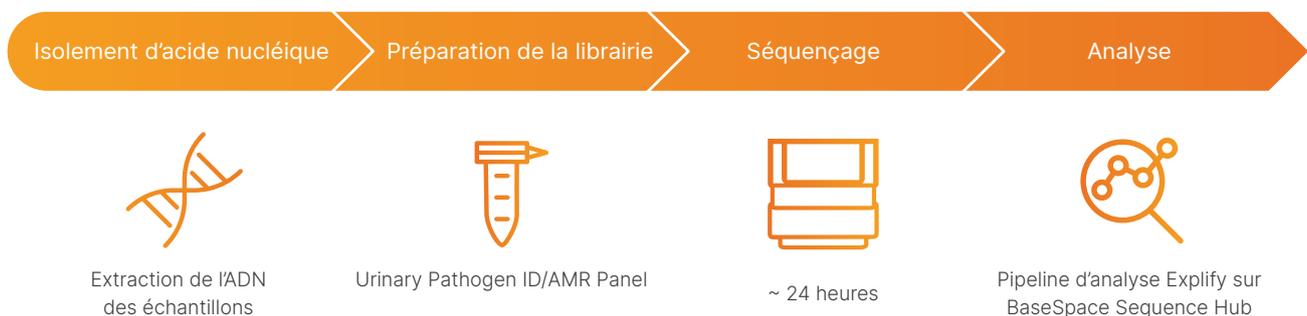


Figure 2 : Flux de travail de l'Urinary Pathogen ID/AMR Panel : dans le cadre d'un flux de travail rationalisé et complet, les librairies sont préparées à partir d'échantillons prélevés de l'hôte ou du milieu, séquençées à l'aide de n'importe quel système de séquençage de paillasse Illumina et analysées avec le pipeline Explify pour la détection des pathogènes, la génération d'une séquence consensus, la cartographie des lectures aux meilleurs résultats de pathogènes et le typage des souches. Le temps de séquençage varie en fonction de la profondeur de lecture de l'échantillon et du système de séquençage utilisé.

Tableau 1 : Micro-organismes couverts sur l'Urinary Pathogen ID/AMR Panel.

Dénomination					
<i>Acidovorax wautersii</i>	<i>Candida lusitanae</i> (<i>Clavispora lusitanae</i>)	<i>Finegoldia magna</i> (<i>Peptostreptococcus magnus</i>)	Virus du papillome humain de type 51	Complexe <i>Mycobacterium simiae</i>	<i>Schistosoma haematobium</i>
<i>Acinetobacter baumannii</i>	<i>Candida parapsilosis</i>	<i>Francisella tularensis</i>	Virus du papillome humain de type 52	<i>Mycobacterium szulgai</i>	<i>Serratia marcescens</i>
<i>Acinetobacter calcoaceticus</i>	<i>Candida tropicalis</i>	<i>Fusobacterium necrophorum</i>	Virus du papillome humain de type 54	Complexe <i>Mycobacterium tuberculosis</i>	Virus simien 40
<i>Acinetobacter pittii</i>	<i>Chlamydia trachomatis</i>	<i>Fusobacterium nucleatum</i>	Virus du papillome humain de type 55/44	<i>Mycobacterium xenopi</i>	<i>Sneathia amnii</i> (<i>Leptotrichia amnionii</i>)
<i>Actinobaculum massiliense</i>	<i>Chromobacterium violaceum</i>	<i>Giardia intestinalis</i>	Virus du papillome humain de type 56	<i>Mycobacteroides chelonae</i> (<i>Mycobacterium chelonae</i>)	<i>Staphylococcus aureus</i>
<i>Actinotignum sanguinis</i>	<i>Chryseobacterium indologenes</i>	<i>Haemophilus ducreyi</i>	Virus du papillome humain de type 58	<i>Mycoplasma genitalium</i>	<i>Staphylococcus epidermidis</i>
<i>Actinotignum schaalii</i> (<i>Actinobaculum schaalii</i>)	Complexe <i>Citrobacter freundii</i>	<i>Haemophilus influenzae</i>	Virus du papillome humain de type 6	<i>Mycoplasma hominis</i>	<i>Staphylococcus haemolyticus</i>
<i>Aerococcus christensenii</i>	<i>Citrobacter koseri</i>	<i>Haemophilus parainfluenzae</i>	Virus du papillome humain de type 66	<i>Neisseria gonorrhoeae</i>	<i>Staphylococcus hominis</i>
<i>Aerococcus sanguinicola</i>	<i>Corynebacterium aurimucosum</i>	<i>Hafnia alvei</i>	Virus du papillome humain de type 68	<i>Neisseria meningitidis</i>	<i>Staphylococcus intermedius</i>
<i>Aerococcus urinae</i>	<i>Corynebacterium coyleae</i>	Virus de l'herpès simplex de type 1	Virus du papillome humain de type 70	<i>Oligella urethralis</i>	<i>Staphylococcus lugdunensis</i>
<i>Aerococcus viridans</i>	<i>Corynebacterium genitalium</i>	Virus de l'herpès simplex de type 2	Polyomavirus JC	<i>Pantoea agglomerans</i>	<i>Staphylococcus saprophyticus</i>
<i>Aeromonas hydrophila</i>	<i>Corynebacterium glucuronolyticum</i>	<i>Histoplasma capsulatum</i>	<i>Klebsiella aerogenes</i> (<i>Enterobacter aerogenes</i>)	<i>Pasteurella multocida</i>	<i>Staphylococcus simulans</i>
<i>Alloscardovia omnicolens</i>	<i>Corynebacterium jeikeium</i>	Adénovirus humain de l'espèce B	<i>Klebsiella oxytoca</i>	<i>Peptostreptococcus anaerobius</i>	<i>Staphylococcus warneri</i>
<i>Anaerococcus lactolyticus</i>	<i>Corynebacterium pseudogenitalium</i>	Adénovirus humain de l'espèce C	<i>Klebsiella pneumoniae</i>	<i>Porphyromonas asaccharolytica</i>	<i>Stenotrophomonas maltophilia</i>
<i>Anaerococcus vaginalis</i> (<i>Peptostreptococcus vaginalis</i>)	<i>Corynebacterium renale vaginalis</i>	Adénovirus humain de l'espèce E	<i>Klebsiella quasipneumoniae</i>	<i>Prevotella timonensis</i>	<i>Streptococcus agalactiae</i>
<i>Aspergillus flavus</i>	<i>Corynebacterium riegelii</i>	Herpèsvirus humain de type 6	<i>Klebsiella variicola</i>	<i>Propionimicrobium lymphophilum</i>	<i>Streptococcus anginosus</i>
<i>Atopobium vaginae</i>	<i>Corynebacterium urealyticum</i>	Herpèsvirus humain de type 7	<i>Kluyvera ascorbata</i>	<i>Proteus mirabilis</i>	<i>Streptococcus constellatus</i>
<i>Bacillus subtilis</i>	<i>Cryptococcus neoformans</i>	Herpèsvirus humain de type 8	<i>Kocuria rosea</i>	<i>Proteus penneri</i>	<i>Streptococcus intermedius</i>
<i>Bacteroides fragilis</i>	CytomégaloVirus	Virus du papillome humain de type 11	<i>Listeria monocytogenes</i>	<i>Proteus vulgaris</i>	<i>Streptococcus pneumoniae</i>
<i>Bifidobacterium breve</i>	<i>Dialister microaerophilus</i>	Virus du papillome humain de type 16	<i>Mobiluncus curtisii</i>	<i>Providencia rettgeri</i>	<i>Streptococcus pyogenes</i>
Polyomavirus BK	<i>Entamoeba histolytica</i>	Virus du papillome humain de type 18	<i>Mobiluncus mulieris</i>	<i>Providencia stuartii</i>	<i>Tréponema pallidum</i>
Complexe <i>Burkholderia cepacia</i>	Complexe <i>Enterobacter cloacae</i>	Virus du papillome humain de type 30	Virus du <i>Molluscum contagiosum</i>	<i>Pseudomonas aeruginosa</i>	<i>Trichomonas vaginalis</i>
<i>Campylobacter jejuni</i>	<i>Enterococcus faecalis</i>	Virus du papillome humain de type 31	<i>Moraxella catarrhalis</i>	<i>Pseudomonas mendocina</i>	<i>Trichosporon asahii</i>
<i>Candida albicans</i>	<i>Enterococcus faecium</i>	Virus du papillome humain de type 33	<i>Morganella morganii</i>	<i>Pseudomonas putida</i>	<i>Trichosporon beigeli</i> (<i>Cutaneotrichosporon cutaneum</i>)
<i>Candida auris</i> (<i>Clavispora auris</i>)	<i>Enterococcus gallinarum</i>	Virus du papillome humain de type 35	Complexe <i>Mycobacterium avium</i>	<i>Rahnella aquatilis</i>	<i>Ureaplasma parvum</i>
<i>Candida dubliniensis</i>	<i>Enterococcus raffinosus</i>	Virus du papillome humain de type 39	<i>Mycobacterium gordonae</i>	<i>Rhodanobacter denitrificans</i>	<i>Ureaplasma urealyticum</i>
<i>Candida fabianii</i> (<i>Cyberlindnera fabianii</i>)	Virus d'Epstein-Barr	Virus du papillome humain de type 42	<i>Mycobacterium kansasii</i>	<i>Riemerella anatipestifer</i>	<i>Veillonella parvula</i>
<i>Candida glabrata</i> (<i>Nakaseomyces glabrata</i>)	<i>Escherichia coli</i>	Virus du papillome humain de type 43	<i>Mycobacterium marinum</i>	<i>Rothia kristinae</i> (<i>Kocuria kristinae</i>)	<i>Vibrio cholerae</i>
<i>Candida krusei</i> (<i>Pichia kudriavzevii</i>)	<i>Facklamia hominis</i>	Virus du papillome humain de type 45	<i>Mycobacterium scrofulaceum</i>	<i>Salmonella enterica</i>	<i>Yersinia enterocolitica</i>

Préparation de bibliothèques

L'Urinary Pathogen ID/AMR Enrichment Kit contient tous les réactifs de préparation de bibliothèques, les index et les sondes de panel pour la tagmentation sur billes suivie d'une seule étape de l'hybridation afin de fournir un flux de travail rapide pour générer des bibliothèques enrichies. L'enrichissement basé sur des sondes offre :

- une sensibilité améliorée lors du séquençage métagénomique aléatoire;
- un flux de travail rapide, compatible avec l'automatisation avec une durée de manipulation minimale; et
- un débit évolutif qui permet le multiplexage des échantillons pouvant aller jusqu'à 384 échantillons en une analyse unique.



Pour en savoir plus sur la tagmentation sur billes, consultez le site illumina.com/techniques/sequencing/ngs-library-prep/tagmentation.html

Séquençage

La sensibilité de l'enrichissement de la cible basé sur des sondes utilisé avec les bibliothèques de l'Urinary Pathogen ID/AMR Panel offre des options de séquençage flexibles. Le panel convient parfaitement aux systèmes de paillasse MiniSeq^{MC}, MiSeq^{MC} et NextSeq^{MC} 550, NextSeq 1000 et NextSeq 2000. La qualité de l'échantillon d'acide nucléique, la profondeur de lecture de l'échantillon et le nombre de lectures par échantillon ont un impact sur le nombre de lectures spécifiques au pathogène et la couverture de la séquence obtenue.

Analyse des données

Afin de prendre en charge divers flux de travail expérimentaux, l'Urinary Pathogen ID/AMR Panel inclut des sondes ciblant 10 options de témoins de type « Spike-In » ([Tableau 2](#)). L'analyse est réalisée avec le pipeline d'analyse secondaire Explify^{MC}, disponible sur BaseSpace^{MC} Sequence Hub.

Le pipeline d'analyse des données fournit un assemblage des contigs, des séquences consensus et des indicateurs de la couverture génomique pour les pathogènes figurant dans le panel. Les utilisateurs peuvent sélectionner des échantillons individuels ou le dossier d'un projet BaseSpace Sequence Hub contenant les échantillons pour l'analyse. L'interface de l'application permet de configurer les options de

l'analyse, notamment les indicateurs du contrôle de la qualité des lectures, la sélection des témoins quantitatifs de type « Spike-In » et les rapports filtrés concernant les micro-organismes et les marqueurs RAM. Les résultats des échantillons peuvent être présentés dans six formats différents : rapport de synthèse au format PDF, feuille de calcul avec les résultats au format XLSX, rapport JSON complet, rapport Web HTML interactif, tableau de variants TSV annoté avec variants des marqueurs RAM bactériens connus et séquences consensus du génome au format FASTA pour certains organismes. En outre, les utilisateurs peuvent télécharger un rapport XLSX agrégé pour tous les échantillons dans un dossier d'analyse BaseSpace Sequence Hub pour simplifier l'analyse en aval des résultats à partir des échantillons associés (p. ex. résultats issus du même essai).

Tableau 2 : Options de témoins de type « Spike-In ».

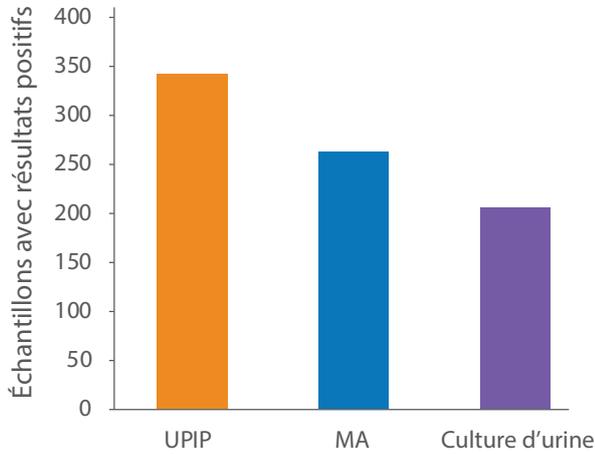
<i>Allobacillus halotolerans</i>
Contrôle du processus interne de quantification de l'ARN blindé
Phage T7 des entérobactéries
<i>Escherichia virus MS2</i>
<i>Escherichia virus Qbeta</i>
<i>Escherichia virus T4</i>
<i>Imtechella halotolerans</i>
<i>Phocid alphaherpesvirus 1</i>
<i>Phocine morbillivirus</i>
<i>Truepera radiovictrix</i>

Performance

Détection sensible des pathogènes

La conception de l'enrichissement de la cible de l'Urinary Pathogen ID/AMR Panel offre une grande sensibilité, surpassant les méthodes de culture d'urine conventionnelles et la métagénomique aléatoire pour l'identification des uropathogènes courants. L'approche de l'enrichissement de la cible permet également d'atteindre une meilleure sensibilité analytique à un nombre total inférieur de lectures par rapport à la métagénomique aléatoire, ~ 1 M contre ~ 10 M de lectures appariées à 1 × 147 pb ([Figure 3](#)).

A.



B.

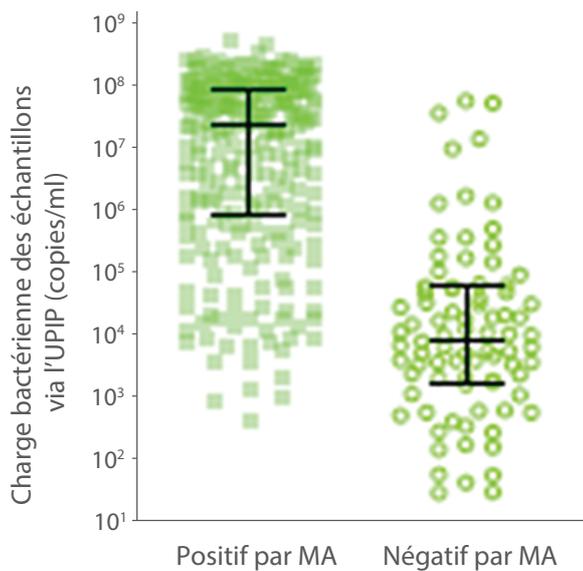


Figure 3 : Sensibilité de l'Urinary Pathogen ID/AMR Panel : l'Urinary Pathogen ID/AMR Panel (UPIP) permet une identification des pathogènes plus sensible que les méthodes de culture et la métagénomique aléatoire (MA). Le séquençage a été réalisé sur un système NextSeq 550. (A) Un ou plusieurs uropathogènes ont été détectés dans 342/399 (86 %) échantillons d'urine par l'UPIP, dans 262/399 échantillons (66 %) par la MA et dans 205/399 échantillons (51 %) par la culture d'urine. (B) La charge bactérienne via l'UPIP a été plus élevée dans les échantillons positifs par la MA que dans les échantillons négatifs par la MA ($p < 0,0001$), ce qui confirme la prédiction de sensibilité analytique améliorée lors du séquençage par enrichissement ciblé par rapport à la MA.

Résumé

L'Urinary Pathogen ID/AMR Panel offre une détection sensible de plus de 170 uropathogènes courants et méconnus. Le panel est également capable d'identifier plus de 3 700 marqueurs de résistance aux antimicrobiens pour les pathogènes inclus, permettant ainsi d'évaluer plus en détail les profils de résistance. L'approche de capture ciblée de l'Urinary Pathogen ID/AMR Panel améliore la sensibilité de détection comparativement aux méthodes de séquençage métagénomique aléatoire, ce qui rend ce panel idéal pour les systèmes de séquençage de paille. Le panel est compatible avec une gamme de types d'échantillons de recherche biologique et du milieu.

En savoir plus

Urinary Pathogen ID/AMR Panel, illumina.com/products/by-type/sequencing-kits/library-prep-kits/urinary-pathogen-id-amr-enrichment-kit.html

Applications BaseSpace, illumina.com/products/by-type/informatics-products/basespace-sequence-hub.html

Plateformes de séquençage Illumina, illumina.com/systems/sequencing-platforms.html

Renseignements relatifs à la commande

Produit	N° de référence
Urinary Pathogen ID/AMR Enrichment Kit Set A (RUO) (96 index, 96 échantillons)	20090308
Urinary Pathogen ID/AMR Enrichment Kit Set B (RUO) (96 index, 96 échantillons)	20090309
Urinary Pathogen ID/AMR Enrichment Kit Set C (RUO) (96 index, 96 échantillons)	20090310
Urinary Pathogen ID/AMR Enrichment Kit Set D (RUO) (96 index, 96 échantillons)	20090311

Références

1. Bono MJ, Leslie SW, Reygaert WC. [Urinary Tract Infection](#). In: *StatPearls*. Treasure Island (FL): StatPearls Publishing; June 15, 2022.

illumina^{MD}

Numéro sans frais aux États-Unis : + (1) 800 809 4566 | Téléphone : + (1) 858 202 4566
techsupport@illumina.com | www.illumina.com

© 2022 Illumina, Inc. Tous droits réservés. Toutes les marques de commerce sont la propriété d'Illumina, Inc. ou de leurs détenteurs respectifs. Pour obtenir des renseignements sur les marques de commerce, consultez la page www.illumina.com/company/legal.html.
M-GL-01333 FRA v1.0