

illumina Respiratory Pathogen ID/AMR Panel (RPIP)

Detecção abrangente de variantes do SARS-CoV-2, patógenos respiratórios comuns e raros e marcadores de resistência a antimicrobianos associados (AMR)



Uma preocupação com a saúde pública sem precedentes exige novos recursos de testes

- As coinfeções respiratórias são uma preocupação de saúde global acelerada pela COVID-19
- As novas variantes virais altamente transmissíveis podem afetar a eficiência dos testes de diagnóstico e das vacinas¹
- O aumento da resistência a antibióticos é uma ameaça à saúde global

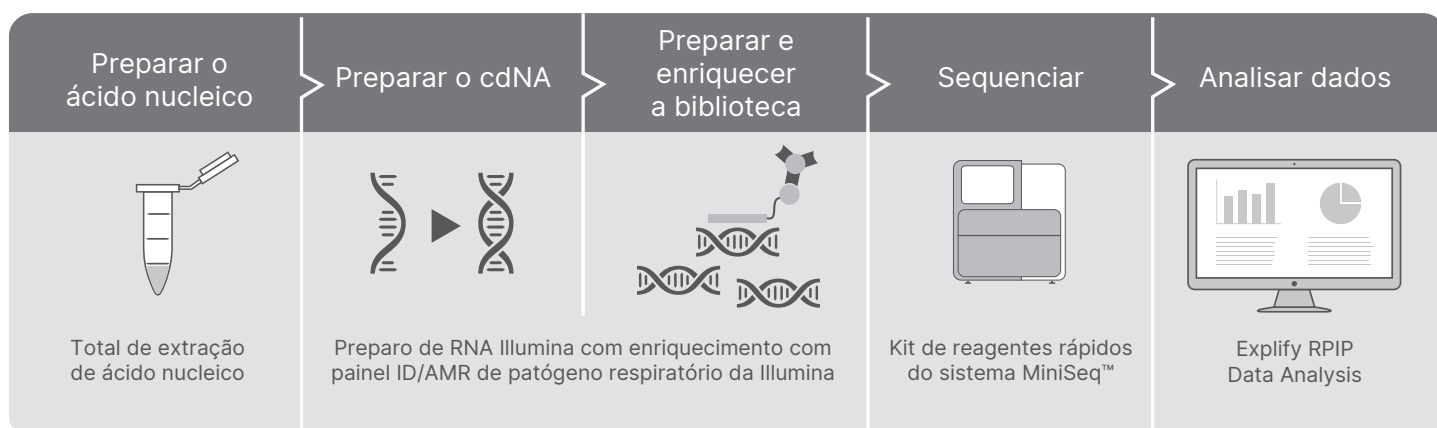
Com o Respiratory Pathogen ID/AMR Panel, os laboratórios de pesquisa podem:

- Identificar a COVID-19 e determinar variantes virais e linhagens
- Detectar coinfeções causadas por vírus, bactérias e fungos, simultaneamente
- Determinar perfil de expressão gênica de AMR para obter insights sobre a resistência de patógenos a antibióticos
- Analisar uma ampla variedade de tipos de amostras, inclusive amostras tradicionalmente complexas
- Relatar cobertura genômica completa dos vírus SARS-CoV-2 e Influenza A/B para monitorar novas variantes e linhagens



O fluxo de trabalho de NGS simplificado, da amostra aos resultados, entrega resultados em menos de 24 horas

- Detecção precisa e econômica de patógenos respiratórios conhecidos e emergentes com sequenciamento de última geração (NGS) combinado com enriquecimento de alvo e análise de dados eficiente e simples com a plataforma Explyfy



Análise desenvolvida pela Illumina

- Acesso na BaseSpace™ Sequence Hub
- Aproveite uma solução fácil de usar para análise aprofundada com interpretação padronizada que usa bancos de dados selecionados
- Emita resultados em quatro formatos diferentes:
 - Resumo do relatório (PDF)
 - Tabela de mutação comentada de SARS-CoV-2 e Influenza A/B (TSV)
 - Genoma de consenso de SARS-CoV-2 (FASTA)
 - Relatório detalhado baseado em texto (JSON)

Patógenos orientados pelo Respiratory Pathogen ID/AMR Panel

- Detecção econômica de patógenos respiratórios e genes associados de resistência a antibióticos em um único ensaio
- Amplo direcionamento de patógenos baseados em DNA e RNA, inclusive + de 180 bactérias, + de 40 vírus, + de 50 fungos e + de 2000 alelos AMR com resistência prevista a 26 classes de medicamentos
- Cobertura genômica abrangente dos vírus SARS-CoV-2 e Influenza A/B para monitorar variantes e linhagens

Principais alvos no Respiratory Pathogen ID/AMR Panel

Principais bactérias ^a	Principais vírus ^a	Principais fungos ^a
<i>Bordetella pertussis</i> (5)	Adenovírus B, C, E	<i>Aspergillus fumigatus</i> (5)
<i>Chlamydia pneumoniae</i> (2)	Coronavírus 229E, HKU1, NL63, OC43	<i>Candida auris</i>
<i>Coxiella burnetii</i>	Citomegalovírus (CMV)	<i>Coccidioides immitis</i> (1)
Complexo <i>Enterobacter cloacae</i> ^b	Enterovírus D68	<i>Fusarium solani</i> (3)
<i>Francisella tularensis</i>	Vírus da influenza A (H1N1, H3N2, gripe aviária)	<i>Histoplasma capsulatum</i>
<i>Klebsiella pneumoniae</i> (4) ^b	Vírus da influenza B	<i>Mucor racemosus</i> (2)
<i>Legionella pneumophila</i> (5)	Metapneumovírus	<i>Paracoccidioides brasiliensis</i>
<i>Mycobacterium tuberculosis</i> (9)	Vírus da parainfluenza 1-4	<i>Pneumocystis jirovecii</i>
<i>Nocardia farcinica</i> (9)	Vírus sincicial respiratório A + B	<i>Rhizopus oryzae</i> (2)
<i>Pseudomonas aeruginosa</i> (2) ^b	Rinovírus A, B, C	<i>Sporothrix schenckii</i>
<i>Staphylococcus aureus</i> ^b	SARS-CoV-2	<i>Talaromyces marneffei</i>
<i>Streptococcus pneumoniae</i> (7) ^b		

O número entre parênteses indica outras espécies visadas do mesmo gênero.

a. Indica as principais causas de infecções respiratórias, sejam elas virais, fúngicas ou bacterianas. Organismos adicionais que são conhecidos por causarem infecções também são visados.

b. Marcadores AMR incluídos.

Marcadores AMR orientados pelo Respiratory Pathogen ID/AMR Panel

- Previsão precisa de resistência de 79 patógenos respiratórios comuns a 26 classes de medicamentos baseada em detecção de > 2000 marcadores AMR associados

Classes de medicamentos no Respiratory Pathogen ID/AMR Panel

Bactérias	<i>A. baumannii</i> <i>E. faecalis</i> <i>E. faecium</i> Complexo <i>E. cloacae</i> <i>E. coli</i> <i>K. pneumoniae</i> <i>P. aeruginosa</i> <i>S. aureus</i> <i>S. maltophilia</i> <i>S. pneumoniae</i>	Antibacteriais	Aminoglicosídeos	Fosfomicina
			Inibidores de beta-lactâmicos e beta-lactamase	Glicopeptídeos
			Carbapenêmicos	Lincosamidas
			Cefalosporinas (1ª geração)	Macrolídeos
			Cefalosporinas (2ª geração)	Oxazolidinonas
			Cefalosporinas (3ª geração)	Penicilinas
			Cefalosporinas (4ª geração)	Polimixinas
			Diaminopirimidina	Sulfonamidas
			Fluoroquinolonas	Tetraciclina
Micobactérias	Complexo <i>M. tuberculosis</i> <i>M. abscessus</i>	Antimicobacterianos	Primeira linha: Isoniazidas Poliaminas antibióticos Pirazinamidas Rifamicina antibióticos	Segunda linha: Etionamidas Ácidos para-aminosalicílicos Aminoglicosídeos Fluoroquinolonas
Vírus	Influenza A (H1N1) Influenza A (H3N2) Influenza A (H5N1) Influenza A (H7N9)	Antivirais	Inibidores da neuraminidase	
			Inibidores da endonuclease	

Saiba mais

[Lista completa de alvos no Respiratory Pathogen ID/AMR Panel](#)
[Illumina Respiratory Pathogen ID/AMR Panel](#)
[Explify RPIP Data Analysis em BaseSpace Sequence Hub](#)

Referências

1. Washington NL, Gangavarapu K, Zeller M, et al. Genomic epidemiology identifies emergence and rapid transmission of SARS-CoV-2 B.1.1.7 in the United States. *medRxiv*. 2021;doi:10.1101/2021.02.06.21251159.