

# Urinary Pathogen ID/AMR Panel

Identificación y  
cuantificación altamente  
sensible y sin cultivos de  
uropatógenos comunes  
y poco reconocidos

- Identificación de más de 170 patógenos asociados a infecciones complicadas y no complicadas
- Cobertura de más de 3700 genes y variantes de genes asociados a la resistencia a los antimicrobianos
- Compatible con determinados tipos de muestras humanas y del entorno

**illumina**<sup>®</sup>

## Identificación genética de las infecciones de las vías urinarias

La infección de las vías urinarias (IVU) es cualquier infección que se produce en el aparato urinario (es decir, riñones, uréteres, vejiga y uretra). Se encuentran entre las infecciones bacterianas más frecuentes, pero las IVU también pueden estar causadas por agentes fúngicos, víricos y parasitarios. La mayoría de las infecciones afectan a las vías urinarias bajas, incluidas la vejiga y la uretra. Las infecciones bacterianas se tratan principalmente con antibióticos, pero el aumento de la resistencia a los antibióticos es un grave problema sanitario.<sup>1</sup>

Urinary Pathogen ID/AMR Panel es un panel de investigación que aporta la capacidad de la metagenómica de precisión a la identificación de uropatógenos. El contenido del panel se desarrolla en función de la correlación notificada con IVU no complicadas o complicadas e infecciones polifarmacorresistentes. El panel puede detectar y cuantificar 174 organismos, incluidos uropatógenos frecuentes y menos frecuentes y algunos patógenos de transmisión sexual (Figura 1, Tabla 1). Además, el panel abarca más de 3700 genes y variantes de genes asociados a la resistencia a los antimicrobianos (RAM).

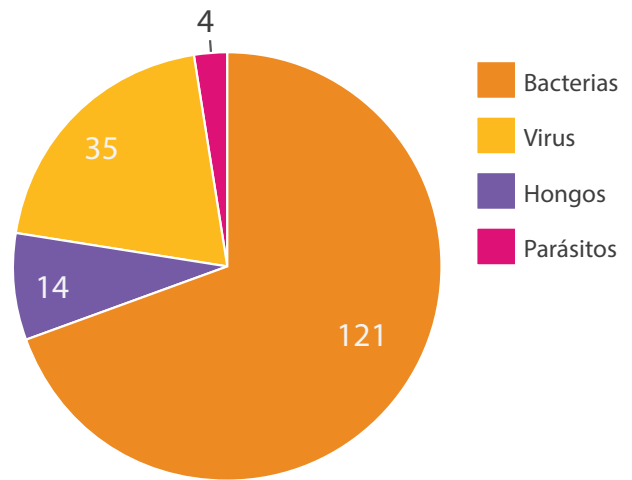


Figura 1: Categorías de patógenos urinarios incluidas en Urinary Pathogen ID/AMR Panel.

## Flujo de trabajo

Urinary Pathogen ID/AMR Panel enriquece los genomas de patógenos a partir de una serie de muestras del huésped y del entorno. El flujo de trabajo incluye el aislamiento del ADN, la preparación de librerías, la secuenciación y el análisis secundario de secuenciación de nueva generación (NGS, Next-Generation Sequencing) (Figura 2). Los pasos de preparación de librerías y secuenciación se pueden completar en dos días en sistemas de secuenciación de referencia.

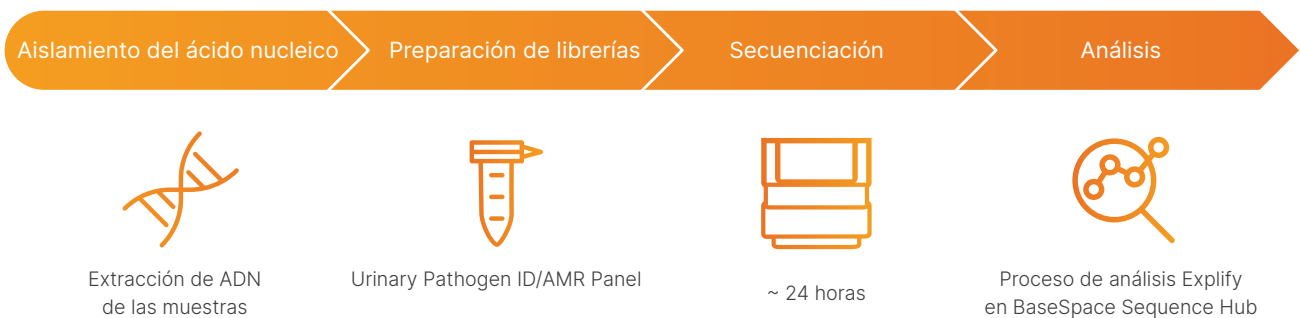


Figura 2: Flujo de trabajo de Urinary Pathogen ID/AMR Panel. En un flujo de trabajo completo y simplificado, las librerías se preparan a partir de muestras del entorno o del huésped, se secuencian en cualquier sistema de secuenciación de referencia de Illumina y se analizan en el proceso Explify para la identificación de patógenos, la generación de secuencias de consenso, la asignación de lecturas a la mejor coincidencia de patógenos y la tipificación de cepas. El tiempo de secuenciación varía según la profundidad de lectura de muestra y el sistema de secuenciación que se use.

Tabla 1: Microorganismos incluidos en Urinary Pathogen ID/AMR Panel.

Nombre que presenta la información					
<i>Acidovorax wautersii</i>	<i>Candida lusitanae</i> ( <i>Clavispora lusitanae</i> )	<i>Finegoldia magna</i> ( <i>Peptostreptococcus magnus</i> )	Virus del papiloma humano tipo 51	Complejo de <i>Mycobacterium simiae</i>	<i>Schistosoma haematobium</i>
<i>Acinetobacter baumannii</i>	<i>Candida parapsilosis</i>	<i>Francisella tularensis</i>	Virus del papiloma humano tipo 52	<i>Mycobacterium szulgai</i>	<i>Serratia marcescens</i>
<i>Acinetobacter calcoaceticus</i>	<i>Candida tropicalis</i>	<i>Fusobacterium necrophorum</i>	Virus del papiloma humano tipo 54	Complejo de <i>Mycobacterium tuberculosis</i>	Virus símico 40
<i>Acinetobacter pittii</i>	<i>Chlamydia trachomatis</i>	<i>Fusobacterium nucleatum</i>	Virus del papiloma humano tipo 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 del papiloma humano tipo 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 del papiloma humano tipo 58	<i>Mycoplasma genitalium</i>	<i>Staphylococcus epidermidis</i>
<i>Actinotignum schaalii</i> ( <i>Actinobaculum schaalii</i> )	Complejo de <i>Citrobacter freundii</i>	<i>Haemophilus influenzae</i>	Virus del papiloma humano tipo 6	<i>Mycoplasma hominis</i>	<i>Staphylococcus haemolyticus</i>
<i>Aerococcus christensenii</i>	<i>Citrobacter koseri</i>	<i>Haemophilus parainfluenzae</i>	Virus del papiloma humano tipo 66	<i>Neisseria gonorrhoeae</i>	<i>Staphylococcus hominis</i>
<i>Aerococcus sanguinicola</i>	<i>Corynebacterium aurimucosum</i>	<i>Hafnia alvei</i>	Virus del papiloma humano tipo 68	<i>Neisseria meningitidis</i>	<i>Staphylococcus intermedius</i>
<i>Aerococcus urinae</i>	<i>Corynebacterium coyleae</i>	Virus del herpes simple 1	Virus del papiloma humano tipo 70	<i>Oligella urethralis</i>	<i>Staphylococcus lugdunensis</i>
<i>Aerococcus viridans</i>	<i>Corynebacterium genitalium</i>	Virus del herpes simple 2	Poliomavirus 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 omnicoles</i>	<i>Corynebacterium jeikeium</i>	Adenovirus humano B	<i>Klebsiella oxytoca</i>	<i>Peptostreptococcus anaerobius</i>	<i>Staphylococcus warneri</i>
<i>Anaerococcus lactolyticus</i>	<i>Corynebacterium pseudogenitalium</i>	Adenovirus humano C	<i>Klebsiella pneumoniae</i>	<i>Porphyromonas asaccharolytica</i>	<i>Stenotrophomonas maltophilia</i>
<i>Anaerococcus vaginalis</i> ( <i>Peptostreptococcus vaginalis</i> )	<i>Corynebacterium renale</i>	Adenovirus humano E	<i>Klebsiella quasipneumoniae</i>	<i>Prevotella timonensis</i>	<i>Streptococcus agalactiae</i>
<i>Aspergillus flavus</i>	<i>Corynebacterium riegelii</i>	Virus del herpes humano 6	<i>Klebsiella variicola</i>	<i>Propionimicrobium lymphophilum</i>	<i>Streptococcus anginosus</i>
<i>Atopobium vaginae</i>	<i>Corynebacterium urealyticum</i>	Virus del herpes humano 7	<i>Kluyvera ascorbata</i>	<i>Proteus mirabilis</i>	<i>Streptococcus constellatus</i>
<i>Bacillus subtilis</i>	<i>Cryptococcus neoformans</i>	Virus del herpes humano 8	<i>Kocuria rosea</i>	<i>Proteus penneri</i>	<i>Streptococcus intermedius</i>
<i>Bacteroides fragilis</i>	Cytomegalovirus	Virus del papiloma humano tipo 11	<i>Listeria monocytogenes</i>	<i>Proteus vulgaris</i>	<i>Streptococcus pneumoniae</i>
<i>Bifidobacterium breve</i>	<i>Dialister micraerophilus</i>	Virus del papiloma humano tipo 16	<i>Mobiluncus curtisii</i>	<i>Providencia rettgeri</i>	<i>Streptococcus pyogenes</i>
Poliomavirus BK	<i>Entamoeba histolytica</i>	Virus del papiloma humano tipo 18	<i>Mobiluncus mulieris</i>	<i>Providencia stuartii</i>	<i>Treponema pallidum</i>
Complejo de <i>Burkholderia cepacia</i>	Complejo de <i>Enterobacter cloacae</i>	Virus del papiloma humano tipo 30	Virus por <i>Molluscum contagiosum</i>	<i>Pseudomonas aeruginosa</i>	<i>Trichomonas vaginalis</i>
<i>Campylobacter jejuni</i>	<i>Enterococcus faecalis</i>	Virus del papiloma humano tipo 31	<i>Moraxella catarrhalis</i>	<i>Pseudomonas mendocina</i>	<i>Trichosporon asahii</i>
<i>Candida albicans</i>	<i>Enterococcus faecium</i>	Virus del papiloma humano tipo 33	<i>Morganella morganii</i>	<i>Pseudomonas putida</i>	<i>Trichosporon beigelii</i> ( <i>Cutaneotrichosporon cutaneum</i> )
<i>Candida auris</i> ( <i>Clavispora auris</i> )	<i>Enterococcus gallinarum</i>	Virus del papiloma humano tipo 35	Complejo de <i>Mycobacterium avium</i>	<i>Rahnella aquatilis</i>	<i>Ureaplasma parvum</i>
<i>Candida dubliniensis</i>	<i>Enterococcus raffinosus</i>	Virus del papiloma humano tipo 39	<i>Mycobacterium gordonae</i>	<i>Rhodanobacter denitrificans</i>	<i>Ureaplasma urealyticum</i>
<i>Candida fabianii</i> ( <i>Cyberlindnera fabianii</i> )	Virus por Epstein-Barr	Virus del papiloma humano tipo 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 del papiloma humano tipo 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 del papiloma humano tipo 45	<i>Mycobacterium scrofulaceum</i>	<i>Salmonella enterica</i>	<i>Yersinia enterocolitica</i>

## Preparación de librerías

Urinary Pathogen ID/AMR Enrichment Kit contiene todos los reactivos de preparación de librerías, índices y sondas de panel para la tagmentación en bolas seguida de un paso de hibridación única con el fin de proporcionar un flujo de trabajo rápido para generar librerías enriquecidas. El proceso de enriquecimiento basado en la sonda proporciona:

- Mayor sensibilidad que la secuenciación metagenómica de escopeta
- Flujo de trabajo rápido y compatible con la automatización con un tiempo de participación activa mínimo
- Productividad flexible que admite la multiplexación de hasta 384 muestras en un experimento único



Para saber más sobre la tagmentación en bolas, consulte [illumina.com/techniques/sequencing/ngs-library-prep/tagmentation.html](https://illumina.com/techniques/sequencing/ngs-library-prep/tagmentation.html)

## Secuenciación

La sensibilidad del enriquecimiento de objetivos basado en sondas que se usa con las librerías de Urinary Pathogen ID/AMR Panel permite opciones de secuenciación flexibles. El panel es ideal para su uso con los sistemas MiniSeq™, MiSeq™, y NextSeq™ 550, NextSeq 1000 y NextSeq 2000 de referencia. La calidad de la muestra de ácido nucleico, la profundidad de lectura de la muestra y el número de lecturas por muestra influyen en el número de lecturas específicas del patógeno y en la cobertura de la secuencia obtenida.

## Análisis de datos

Con el fin de admitir diversos flujos de trabajo experimentales, Urinary Pathogen ID/AMR Panel incluye sondas selectivas para 10 opciones de control de enriquecimiento disponibles en el mercado (Tabla 2). El análisis se realiza con el proceso de análisis secundario Explify™, disponible en BaseSpace™ Sequence Hub.

El proceso de análisis de datos proporciona el ensamblaje de contigs, las secuencias de consenso y los criterios de medición de cobertura del genoma para los patógenos que aparecen en el panel. Los usuarios pueden seleccionar muestras individuales o una carpeta de proyecto de BaseSpace Sequence Hub que contenga muestras para el análisis. La interfaz de la aplicación permite configurar las opciones de análisis, incluidos los criterios de medición de control de calidad de las lecturas, la selección cuantitativa del control de enriquecimiento y la generación de informes filtrados para marcadores AMR y microorganismos. Los resultados de las muestras se pueden obtener en seis formatos diferentes: informe resumido en PDF, hoja

de cálculo de resultados en formato XLSX, informe en JSON exhaustivo, informe en web HTML interactivo, tabla de variantes en TSV con anotaciones con variantes de marcadores AMR bacterianos conocidos y secuencias en FASTA de genoma consenso para algunos organismos. Además, los usuarios pueden descargar un informe en XLSX agregado de todas las muestras de una carpeta de análisis de BaseSpace Sequence Hub para facilitar el análisis sucesivo de los resultados de muestras relacionadas (por ejemplo, resultados del mismo experimento).

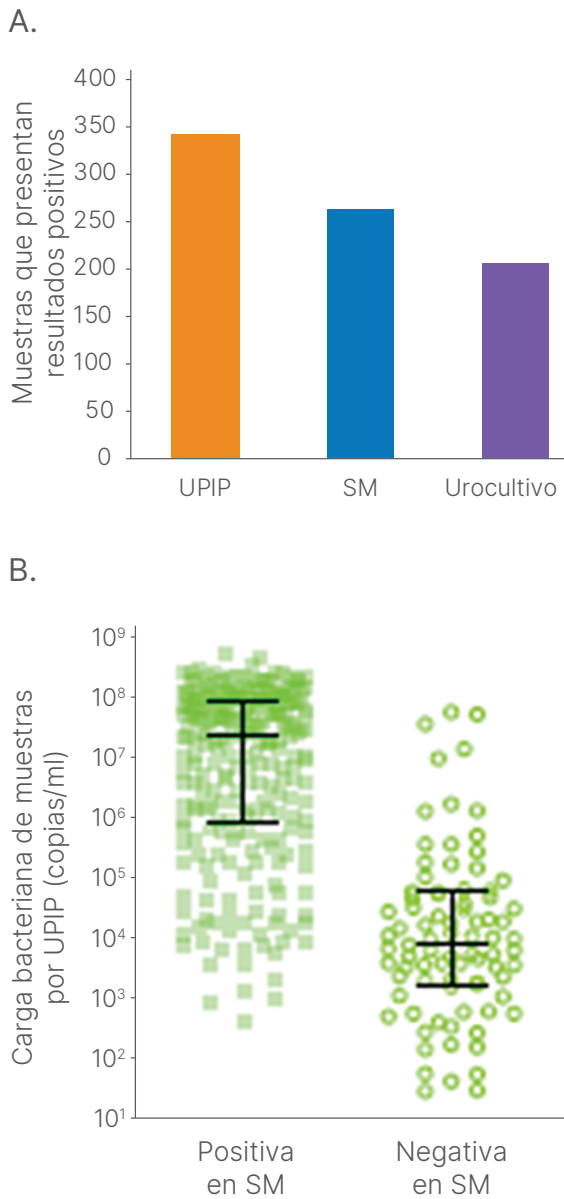
Tabla 2: Opciones de control de enriquecimiento.

<i>Allobacillus halotolerans</i>
Control interno de procesos Armored RNA Quant
Enterobacteriófago T7
Virus por <i>Escherichia</i> MS2
Virus por <i>Escherichia</i> Qbeta
Virus por <i>Escherichia</i> T4
<i>Imtechella halotolerans</i>
<i>Phocid alphaherpesvirus 1</i>
<i>Phocine morbillivirus</i>
<i>Truepera radiovictrix</i>

## Rendimiento

### Detección de patógenos sensible

El diseño de enriquecimiento de objetivos de Urinary Pathogen ID/AMR Panel es altamente sensible, superando a la metagenómica de escopeta y a los métodos convencionales de cultivo de orina para la identificación de uropatógenos frecuentes. El enfoque del enriquecimiento de objetivos también permite una mayor sensibilidad analítica con un menor número de lecturas totales en comparación con los métodos de metagenómica de escopeta, aproximadamente 1 000 000 frente a aproximadamente 10 000 000 de lecturas "paired-end" de 1 × 147 pb (Figura 3).



**Figura 3: Sensibilidad de Urinary Pathogen ID/AMR Panel.** Urinary Pathogen ID/AMR Panel (UIPIP) ofrece una identificación de patógenos más sensible que la metagenómica de escopeta (SM, Shotgun Megatenomics) y los métodos de cultivo. La secuenciación se realizó en un sistema NextSeq 550. (A) Se detectaron uno o más uropatógenos en 342/399 (86 %) muestras de orina mediante UPIP, en 262/399 muestras (66 %) mediante SM y en 205/399 muestras (51 %) mediante urocultivo. (B) La carga bacteriana por UPIP fue mayor en las muestras positivas en SM que en las negativas en SM ( $p < 0,0001$ ), en consonancia con la predicción de una mayor sensibilidad analítica de la secuenciación de enriquecimiento selectivo en comparación con la SM.

## Resumen

Urinary Pathogen ID/AMR Panel ofrece una detección sensible de más de 170 uropatógenos frecuentes y poco reconocidos. El panel también puede identificar más de 3700 marcadores de resistencia a los antimicrobianos para los patógenos incluidos, lo que permite investigar los perfiles de resistencia. El enfoque de captura de objetivos de Urinary Pathogen ID/AMR Panel implica una mayor sensibilidad de detección que los métodos de secuenciación de metagenómica de escopeta y lo hace ideal para los sistemas de secuenciación de referencia. El panel es compatible con una amplia gama de tipos de muestras de investigación del entorno y de tipo biológico.

## Información adicional

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

Aplicaciones de BaseSpace, [illumina.com/products/by-type/informatics-products/basespace-sequence-hub.html](https://illumina.com/products/by-type/informatics-products/basespace-sequence-hub.html)

Plataformas de secuenciación de Illumina, [illumina.com/systems/sequencing-platforms.html](https://illumina.com/systems/sequencing-platforms.html)

## Datos para realizar pedidos

Producto	N.º de catálogo
Urinary Pathogen ID/AMR Enrichment Kit Set A (RUO) (96 indexes, 96 samples)	20090308
Urinary Pathogen ID/AMR Enrichment Kit Set B (RUO) (96 indexes, 96 samples)	20090309
Urinary Pathogen ID/AMR Enrichment Kit Set C (RUO) (96 indexes, 96 samples)	20090310
Urinary Pathogen ID/AMR Enrichment Kit Set D (RUO) (96 indexes, 96 samples)	20090311

## Bibliografía

- Bono MJ, Leslie SW, Reygaert WC. [Urinary Tract Infection](#). En: *StatPearls*. Treasure Island (FL): StatPearls Publishing; 15 de junio de 2022.

illumina®

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

© 2022 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, consulte [www.illumina.com/company/legal.html](http://www.illumina.com/company/legal.html).  
M-GL-01333 ESP v1.0