

# VIASURE

## Real Time PCR Detection Kits

by CerTest  
BIOTEC

### SARS-CoV-2, Flu (A+B) & RSV

Handbook for the following references/

Manuale per i seguenti riferimenti:

VIASURE SARS-CoV-2, Flu (A+B) & RSV Real Time PCR Detection Kit for BD MAX™ System

BD REF 444217

to be used with the BD MAX™ System

da utilizzare con il sistema BD MAX™



## ENGLISH

### 1. Intended use

VIASURE SARS-CoV-2, Flu (A+B) & RSV Real Time PCR Detection Kit for BD MAX™ System is an automated real-time RT-PCR test designed for the qualitative detection and differentiation of RNA from the SARS-CoV-2, Influenza A (Flu A), Influenza B (Flu B) and/or Human Respiratory Syncytial Virus A/B (RSV) in respiratory samples from individuals suspected of COVID-19 or other respiratory infection by their healthcare provider. This test is intended to be used as an aid in the identification of the presence of the SARS-CoV-2, Flu A, Flu B and/or RSV viral RNA. The assay uses the BD MAX™ System for automated extraction of RNA and subsequent real-time RT-PCR employing the reagents provided combined with universal reagents and disposables for the BD MAX™ System. RNA is extracted from respiratory specimens, amplified using RT-PCR and detected using fluorescent reporter dye probes specific for SARS-CoV-2, Flu A, Flu B and/or RSV.

### 2. Summary and Explanation

Coronavirus are enveloped non-segmented positive-sense RNA viruses and belong to Coronaviridae family. There are six coronavirus species known to cause human diseases. Four viruses (229E, OC43, NL63 and HKU1) cause common cold symptoms and the other two (severe acute respiratory syndrome coronavirus (SARS-CoV) and Middle East respiratory syndrome coronavirus (MERS-CoV)) are zoonotic and producing more severe complications. SARS-CoV and MERS-CoV have caused more than 10,000 cumulative cases in the past two decades, with mortality rates of 34% MERS-CoV and 10% SARS-CoV.

In December 2019, some people that worked at or lived around the Huanan seafood market in Wuhan, Hubei Province, China, have presented pneumonia of unknown cause. Deep sequencing analysis of the respiratory samples indicated a novel coronavirus, which was named firstly 2019 novel coronavirus (2019-nCoV) and lately SARS-CoV-2.

Human-to-human transmission of the SARS-CoV-2 has been confirmed, even in the incubation period without symptoms, and the virus causes severe respiratory illness like those SARS-CoV produced. Although the pneumonia is the principal illness associated, a few patients have developed severe pneumonia, pulmonary edema, acute respiratory distress syndrome, or multiple organ failure and death. Centers of Disease Control and Prevention (CDC) believes that symptoms of SARS-CoV-2 may appear in as few as 2 days or as long as 14 days after exposure, being the most common fever or chills, cough, fatigue, anorexia, myalgia and dyspnea. Less common symptoms are sore throat, nasal congestion, headache, diarrhea, nausea and vomiting. Loss of smell (anosmia) or loss of taste (ageusia) preceding the onset of respiratory symptoms has also been reported. Older adults and people who have severe underlying medical conditions like heart or lung disease or diabetes seem to be at higher risk for developing more serious complications from COVID-19 illness.

CDC recommends upper respiratory tract specimens (nasopharyngeal (NP) and oropharyngeal (OP) swabs, nasal mid-turbinate swab, nasal swab, nasopharyngeal wash/aspirate or nasal wash/aspirate (NW) specimens collected mainly by a healthcare provider) and/or lower respiratory specimens (sputum, endotracheal aspirate, or



bronchoalveolar lavage in patients with more severe respiratory disease) for the identification of SARS-CoV-2 and other respiratory viruses, such as Influenza and RSV.

Influenza viruses belong to the *Orthomyxoviridae* family and cause the majority of viral lower respiratory tract infections. Influenza A and B are a significant cause of morbidity and mortality worldwide, considering that elderly and compromised individuals are especially at risk of developing severe illness and complications such as pneumonia. People feel some or all of these symptoms: fever or feeling feverish/chills, cough, sore throat, nasal stuffiness and discharge, myalgia, headaches, and anorexia. The influenza viruses can be spread from person to person in two different ways: through the air (large droplets and aerosols from sneezing and coughing), and by direct or indirect contact.

Influenza A and B are an enveloped, single stranded RNA viruses that contain eight segmented strands of genome RNA, which typically encodes 11 or 12 viral proteins. The viral envelope, derived from the host plasma membrane, consists of a lipid bilayer containing transmembrane proteins, like hemagglutinin (HA) and neuraminidase (NA), and matrix proteins M1 and M2. Influenza A viruses are further classified into subtypes based on the antigenicity of their "HA" and "NA" molecules, whereas Influenza B is divided into 2 antigenically and genetically distinct lineages, Victoria and Yamagata.

Human respiratory syncytial viruses A and B (RSV) belong to the *Paramyxoviridae* family and are the most important viral agents of acute respiratory infections. RSV is an enveloped, nonsegmented, negative, single stranded linear RNA genome virus. Respiratory syncytial virus is a common contributor of respiratory infections causing bronchitis, pneumonia, and chronic obstructive pulmonary infections in people of all ages. People often feel some or all of these symptoms: rhinorrhea, low-grade fever, cough, sore throat, headache, and wheezing. RSV is transmitted via large nasopharyngeal secretion droplets from infected individuals, close contact, or self-inoculation after touching contaminated surfaces.

Diagnosis can be problematic, as a wide range of pathogens can cause acute respiratory infections presenting with similar clinical syndromes. Real-time PCR assays have been shown to be a sensitive and specific diagnostic tool for the detection of SARS-CoV-2, Flu A, Flu B and RSV viruses.

### **3. Principle of the procedure**

VIASURE SARS-CoV-2, Flu (A+B) & RSV Real Time PCR Detection Kit for BD MAX™ System is designed for the identification of SARS-CoV-2, Flu A, Flu B and /or RSV in respiratory samples. The detection is done in one step real-time RT-PCR format where the reverse transcription and the subsequent amplification of specific target sequence occur in the same reaction tube. The isolated RNA target is transcribed generating complementary DNA by reverse transcriptase which is followed by the amplification of two conserved regions of N gene (N1 and N2) for SARS-CoV-2, a conserved region of the M1 gene for Flu A and Flu B, and a conserved region of the N gene for RSV using specific primers and fluorescent-labeled probes.

VIASURE SARS-CoV-2, Flu (A+B) & RSV Real Time PCR Detection Kit for BD MAX™ System is based on 5' exonuclease activity of DNA polymerase. During DNA amplification, this enzyme cleaves the probe bound to the complementary DNA sequence, separating the quencher dye from the reporter. This reaction generates an increase in the



fluorescent signal which is proportional to the quantity of the target template. This fluorescence is measured on the BD MAX™ System.

VIASURE SARS-CoV-2, Flu (A+B) & RSV Real Time PCR Detection Kit for BD MAX™ System is composed of two different reaction tubes. One of the tubes detects and differentiates the RNA from Flu A, Flu B and/or RSV (Transparent Red or 1A foil) and the other tube detects specifically the RNA from SARS-CoV-2 (Transparent Green or 1G foil). Each tube contains all the components necessary for real-time PCR assay (specific primers/probes, dNTPS, buffer, polymerase, reverse-transcriptase) in a stabilized format, as well as an internal control (endogenous in the SARS-CoV-2 reaction tube) to monitor the extraction process and/or inhibition of the polymerase activity. The SARS-CoV-2 assay uses a human housekeeping gene as an endogenous Internal Control (human RNase P gene). Human housekeeping genes are involved in basic cell maintenance and, therefore, are expected to be present in all nucleated human cells and maintain relatively constant expression levels. Each RNA targets are amplified and detected in specific channels (475/520, 585/630, and/or 630/665) and the internal control (IC) in channel 530/565. In the Flu A, Flu B and/or RSV assay, Flu A RNA target is amplified and detected in channel 475/520, Influenza B RNA target in channel 585/630, RSV RNA target in channel 630/665 and the internal control (IC) of this assay in channel 530/565. In SARS-CoV-2 assay, N2 target is amplified and detected in channel 475/520, N1 target in channel 630/665 and the endogenous internal control (IC) in channel 530/565.

#### 4. Reagents provided

VIASURE SARS-CoV-2, Flu (A+B) & RSV Real Time PCR Detection Kit for BD MAX™ System includes the following materials and reagents detailed in Table 1:

Reference	Reagent/Material	Description	Color/Barcode	Amount
<b>VS-ABR212R</b>	Flu A, Flu B & RSV reaction tube	A mix of enzymes, primers probes, buffer, dNTPs, stabilizers and internal control in stabilized format	Transparent Red or 1A foil	2 pouches of 12 tubes
<b>VS-NCO312</b>	SARS-CoV-2 (N1 + N2) reaction tube	A mix of enzymes, primers probes, buffer, dNTPs, stabilizers and endogenous internal control in stabilized format	Transparent Green or 1G foil	2 pouches of 12 tubes
<b>VS-RB09</b>	Rehydration Buffer tube	Solution to reconstitute the stabilized product	Transparent Orange or 1I foil	1 pouch of 24 tubes

Table 1. Reagents and materials provided in VIASURE SARS-CoV-2, Flu (A+B) & RSV Real Time PCR Detection Kit for BD MAX™ System with Cat. N°. VS-FNR124 (444217).

#### 5. Reagents and equipment to be supplied by the user

The following list includes the materials and equipment that are required for use but not included in the VIASURE SARS-CoV-2, Flu (A+B) & RSV Real Time PCR Detection Kit for BD MAX™ System.

- Real-time PCR instrument: BD MAX™ System.
- BD MAX™ ExK™ TNA-3 (Ref:442827 or 442828)
- BD MAX™ PCR Cartridges (Ref: 437519)



- Vortex.
- Micropipettes (accurate between 2 and 1000 µL).
- Filter tips.
- Powder-free disposable gloves

## 6. Transport and storage conditions

- The kits can be shipped and stored at 2-40°C until the expiration date which is stated on the label.
- After opening the aluminum pouches which contain the reaction tubes can be used up to 28 days.

## 7. Precautions for users

- The product is intended for use by professional users only, such as laboratory or health professionals and technicians, trained in molecular biological techniques.
- For *in vitro* diagnostic use.
- Do not use expired reagents and/or materials.
- Do not use the kit if the label that seals the outer box is broken.
- Do not use reagents if the protective box is open or broken upon arrival.
- Do not use reagents if the protective pouches are open or broken upon arrival.
- Do not use reagents if desiccant is not present or broken inside reagent pouches.
- Do not remove desiccant from reagent pouches.
- Close protective pouches of reagents promptly with the zip seal after each use. Remove any excess air in the pouches prior to sealing.
- Do not use reagents if the foil has been broken or damaged.
- Do not mix reagents from different pouches and/or kits and/or lots.
- Protect reagents from humidity. Prolonged exposure to humidity may affect product performance.
- Keep components away from light.
- In cases where other PCR tests are conducted in the same general area of the laboratory, care must be taken to ensure that the VIASURE SARS-CoV-2, Flu (A+B) & RSV Real Time PCR Detection Kit for BD MAX™ System, BD MAX™ ExK™ TNA-3 extraction kit, any additional reagents required for testing, and the BD MAX™ System are not contaminated. Avoid microbial and ribonuclease (RNase)/deoxyribonuclease (DNase) contamination of reagents at all times. The use of sterile RNase/DNase-free disposable aerosol resistant or positive displacement pipette tips is recommended. Use a new tip for each specimen. Gloves must be changed before manipulating reagents and cartridges.
- Make sure to use a tube to determine RNA from Influenza A, Influenza B and RSV in Snap-In 2 (green position) and another tube to determine RNA from SARS-CoV-2 in Snap-In 4 (blue position). Be careful not to mix them throughout the entire process.
- To avoid contamination of the environment by amplicons, do not break apart the BD MAX™ PCR Cartridge after use. The seals of the BD MAX™ PCR Cartridge are designed to prevent contamination.
- Design a unidirectional workflow. It should begin in the Extraction Area and then move to the Amplification and Detection Area. Do not return samples, equipment and reagents to the area in which the previous step was performed.



- Follow Good Laboratory Practices. Wear protective clothing, use disposable gloves, goggles and mask. Do not eat, drink or smoke in the working area. Wash your hands after finishing the test.
- Samples must be treated as potentially infectious as well as all the reagents and materials that have been exposed to the samples and they must be handled according to the national safety regulations. Take necessary precautions during the collection, storage, treatment and disposal of samples.
- Regular decontamination of commonly used equipment is recommended, especially micropipettes and work surfaces.
- Consult the BD MAX™ System User's Manual for additional warnings, precautions and procedures.

## 8. Procedure

### 8.1. SAMPLE COLLECTION, STORAGE AND TRANSPORT

The VIASURE SARS-CoV-2, Flu (A+B) & RSV Real Time PCR Detection Kit for BD MAX™ System has been validated on nasopharyngeal/ oropharyngeal swab collected in viral transport media (VTM) Vircell S.L., Spain).

Other types of samples from nasopharyngeal/oropharyngeal swabs in VTM must be validated by the user.

Collection, storage and transport specimens should be maintained per the conditions validated by the user. Overall, respiratory samples should be collected and labelled appropriately in clean containers with or without transport media (depending on sample type) and processed as soon as possible to guarantee the quality of the test. The specimens should be transported at 2 to 8°C for up to 48 hours, following the local and national regulations for the transport of pathogen material. For long term transport (more than 48 hours), we recommend shipping at ≤ -20°C. It is recommended to use fresh specimens for the test. The samples can be stored at 2 to 8°C for up to 48 hours or frozen at -20°C or ideally at -70°C for conservation. Repeated freeze-thaw cycles should be avoided in order to prevent degradation of the sample and nucleic acids.

### 8.2. SAMPLE PREPARATION AND RNA EXTRACTION

Perform the sample preparation according to the recommendations in the instructions for use of extraction kit used, BD MAX™ ExK™ TNA-3. Note that some other samples may require pre-processing. Application-specific extraction preparation procedures should be developed and validated by the user.

1. Pipette 400 µL of nasopharyngeal/ oropharyngeal swab collected in viral transport media (VTM) into a BD MAX™ TNA-3 Sample Buffer Tube and close the tube with a septum cap. Ensure complete mixing by vortexing the sample at high speed for 1 minute. Proceed to BD MAX™ System Operation.

Note: The Flu A, Flu B & RSV reaction tube has been validated with a sample volume of 200-400 µL and the SARS-CoV-2 (N1 + N2) reaction tube with a sample volume of 400-750 µL.

### 8.3. PCR PROTOCOL

Note: Please, refer to the BD MAX™ System User's Manual for detailed instructions.



### 8.3.1. Creating PCR test program for VIASURE SARS-CoV-2, Flu (A+B) & RSV Real Time PCR Detection Kit for BD MAX™ System

Note: If you have already created the VIASURE SARS-CoV-2, Flu (A+B) & RSV Real Time PCR Detection test, you can skip step 8.3.1 and go directly to 8.3.2.

- 1) On the "Run" screen of the BD MAX™ System, select the "Test Editor" tab.
- 2) Click the "Create" button.
- 3) In the Basic Information tab, within the "Test Name" window, name your test: i.e. VIASURE SARS-CoV-2, Flu (A+B) & RSV (VSARSCoV2,FluA+B,RSV).
- 4) In the "Extraction Type" drop down menu, select "ExK TNA-3".
- 5) In the "Master Mix Format" drop down menu, choose "Dual Master Mix Concentrated Lyophilized MM with Rehydration Buffer (Type 5)".
- 6) In the "Sample extraction parameters" select "User defined" and adjust sample volume to 950 µL.
- 7) In the "Ct Calculation" select "Call Ct at Threshold Crossing".
- 8) If running software version 5.00 or higher and have barcoded foil snap-in tubes, in the "Custom Barcodes" select the following configuration:
  - a. Snap-In 2 Barcode: 1A (concerning Flu A, Flu B & RSV reaction tube)
  - b. Snap-In 3 Barcode: 11 (concerning Rehydration Buffer tube)
  - c. Snap-In 4 Barcode: 1G (concerning SARS-CoV-2 (N1 + N2) reaction tube)
- 9) "PCR Settings" and "Test Steps" must be completed for Snap-In 2 (green) and Snap-In 4 (blue) positions.
- 10) Snap-In 2 (green). In "PCR settings" tab enter the following parameters: "Channel Settings", "Gains" and "Threshold" (Table 2).

Channel	Alias	Gain	Threshold	Ct Min	Ct Max
475/520 (FAM)	Flu A	60	100	0	40
530/565 (HEX)	IC	80	300	0	40
585/630 (ROX)	Flu B	60	200	0	40
630/665 (Cy5)	RSV	60	150	0	40
680/715 (Cy5.5)	-	0	0	0	0

Table 2. PCR settings.

Note: It is recommended to set the minimum threshold values listed above for each channel as a starting point, but the final settings must be determined by the end-user during the result interpretation in order to ensure that thresholds fall within the exponential phase of the fluorescence curves and above any background signal. The threshold value for different instruments may vary due to different signal intensities.

- 11) Snap-In 2 (green). In "PCR settings" tab enter the following parameters "Spectral Cross Talk" (Table 3), as well.



	False Receiving Channel				
Channel	475/520	530/565	585/630	630/665	680/715
Excitation Channel	475/520	-	0.0	0.0	0.0
	530/565	0.0	-	2.0	0.0
	585/630	0.0	0.0	-	0.0
	630/665	0.0	0.0	4.0	-
	680/715	0.0	0.0	0.0	-

Table 3. Spectral cross-talk parameters.

12) Snap-In 2 (green). In “Test Steps” tab, enter the PCR protocol (Table 4).

Step Name	Profile Type	Cycles	Time (s)	Temperature	Detect
Reverse transcription	Hold	1	900	45°C	-
Initial denaturation	Hold	1	120	98°C	-
Denaturation and Annealing/Extension (Data collection)	2-Temperature	45	10	95°C	-
			61.1	63°C	✓

Table 4. PCR protocol.

13) Snap-In 4 (blue). In “PCR settings” tab enter the following parameters: “Channel Settings”, “Gains” and “Threshold” (Table 5).

Channel	Alias	Gain	Threshold	Ct Min	Ct Max
475/520 (FAM)	SARS-CoV-2 N2 target	80	150	0	40
530/565 (HEX)	Endogenous IC	80	150	0	35
585/630 (ROX)	-	0	0	0	0
630/665 (Cy5)	SARS-CoV-2 N1 target	80	150	0	40
680/715 (Cy5.5)	-	0	0	0	0

Table 5. PCR settings.

Note: It is recommended to set the minimum threshold values listed above for each channel as a starting point, but the final settings must be determined by the end-user during the result interpretation in order to ensure that thresholds fall within the exponential phase of the fluorescence curves and above any background signal. The threshold value for different instruments may vary due to different signal intensities.

14) Snap-In 4 (blue). In “PCR settings” tab enter the following parameters “Spectral Cross Talk” (Table 6), as well.



		False Receiving Channel				
Channel		475/520	530/565	585/630	630/665	680/715
Excitation Channel	475/520	-	3.0	0.0	0.0	0.0
	530/565	1.0	-	0.0	0.0	0.0
	585/630	0.0	0.0	-	0.0	0.0
	630/665	0.0	0.0	0.0	-	0.0
	680/715	0.0	0.0	0.0	0.0	-

Table 6. Spectral cross-talk parameters.

15) Snap-In 4 (blue). In "Test Steps" tab, enter the PCR protocol (Table 7).

Step Name	Profile Type	Cycles	Time (s)	Temperature	Detect
Reverse transcription	Hold	1	900	45°C	-
Initial denaturation	Hold	1	120	98°C	-
Denaturation and Annealing/Extension (Data collection)	2-Temperature	45	10	95°C	-
			61.1	63°C	✓

Table 7. PCR protocol.

16) Click the "Save Test" button.

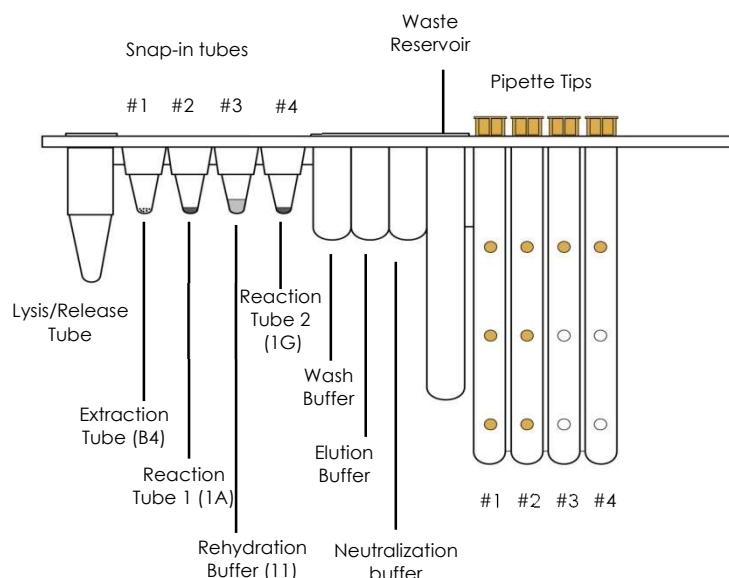
### 8.3.2. BD MAX™ Rack set up

- For each sample to be tested, remove one Unitized Reagent Strips from the BD MAX™ ExK TNA-3 kit. Gently tap each strip onto a hard surface to ensure that all the liquids are at the bottom of the tubes and load on the BD MAX™ System sample racks.
- Remove the required number of BD MAX™ ExK™ TNA Extraction Tubes (B4) (white foil) from their protective pouch. Snap the Extraction Tube(s) (white foil) into its corresponding positions in the TNA strip (Snap position 1, white color coding on the rack. See Figure 1). Remove excess air, and close pouch with the zip seal.
- Determine and separate the appropriate number of Flu A, Flu B & RSV reaction tubes (red or 1A foil) and snap into their corresponding positions in the strip (Snap position 2, green color coding on the rack. See Figure 1).
  - Remove excess air, and close aluminum pouches with the zip seal.
  - In order to carry out a correct rehydration, please make sure that the lyophilized product is in the bottom of the tube and is not adhered to the top area of the tube or to the foil seal. Gently tap each tube on a hard surface to make sure all the product is at the bottom of the tube.
- Remove the required number of Rehydration Buffer tubes (orange or 11 foil) and snap into their corresponding positions in the strip (Snap position 3, non-color coding on the rack. See Figure 1). Remove excess air, and close the pouch with the zip seal.
  - In order to ensure a correct transfer, please make sure that the liquid is in the bottom of the tube and is not adhered to the top area of the tube or to the foil seal. Gently tap each tube on a hard surface to make sure all the product is at the bottom of the tube.



- 5) Determine and separate the appropriate number of SARS-CoV-2 ( $N_1 + N_2$ ) reaction tubes (green or 1G foil) and snap into their corresponding positions in the strip (Snap position 4, blue color coding on the rack). See Figure 1).
- Remove excess air, and close aluminum pouches with the zip seal.
  - In order to carry out a correct rehydration, please make sure that the lyophilized product is in the bottom of the tube and is not adhered to the top area of the tube or to the foil seal. Gently tap each tube on a hard surface to make sure all the product is at the bottom of the tube.

Figure 1. BD MAX™ TNA Reagent Strip (TNA) from the BD MAX™ ExK TNA-3 kit.



### 8.3.3. BD MAX™ Instrument set up

- Select the "Work List" tab on the "Run" screen of the BD MAX™ System software v4.50A or higher.
- In the "Test" drop down menu, select VSARSCoV2, FluA+B, RSV (if not already created see Section 8.3.1).
- Select the appropriate kit lot number (found on the outer box of extraction kit used) from the pull down menu (optional).
- Enter the Sample Buffer Tube identification number into the Sample tube window of the Worklist, either by scanning the barcode with the scanner or by manual entry.
- Fill the Specimen/Patient ID and/or Accession window of the Worklist and click the "Save" button. Continue until all Sample Buffer Tubes are entered. Ensure that the specimen/patient ID and the Sample Buffer Tubes are accurately matched.
- Place the prepared Sample Buffer Tube into the BD MAX™ Rack(s).
- Load the rack(s) into the BD MAX™ System (Rack A is positioned on the left side of the BD MAX™ System and Rack B on the right side).
- Place the required number of BD MAX™ PCR Cartridge(s) into the BD MAX™ System.
- Close the BD MAX™ System door.
- Click "Start Run" to begin the procedure.



### 8.3.4 BD MAX™ report

- 1) In main menu, click the "Results" button.
- 2) Either double click on your run in the list or press the "view button".
- 3) Click on "Print", select: "Run Details, Test Details and Plot..."
- 4) Click on "Print or Export button" on the "Run Reports" screen.

## 9. Result interpretation

For a detailed description on how to analyze data, refer to the BD MAX™ System User's manual.

The analysis of the data is done by the BD MAX™ software according to the manufacturer's instructions. The BD MAX™ software reports Ct values and amplification curves for each detector channel of each sample tested in the following way:

- Ct value of 0 indicates that there was no Ct value calculated by the software with the specified Threshold (see Table 2). Amplification curve of the sample showing a "0" Ct value must be checked manually.
- Ct value of -1 indicates that no amplification process has occurred.
- Any other Ct value should be interpreted in correlation with the amplification curve and according to the sample interpretation guidelines outlined in Tables 8 and 9.

Check Internal Control signal to verify the correct functioning of the amplification mix. In addition, check that there is no report of BD MAX™ System failure.

Results should be read and analyzed using the following tables:

a. Flu A, Flu B & RSV reaction tube: Snap-In 2

Flu A (475/520)	Flu B (585/630)	RSV (630/665)	Internal control (530/565)	Interpretation
+	+	+	+/- <sup>1</sup>	<b>Flu A, Flu B and RSV RNA Detected<sup>1</sup></b>
+	-	-	+/- <sup>1</sup>	<b>Flu A RNA Detected, Flu B and RSV RNA Not Detected<sup>1</sup></b>
+	+	-	+/- <sup>1</sup>	<b>Flu A and Flu B RNA Detected, and RSV RNA Not Detected<sup>1</sup></b>
+	-	+	+/- <sup>1</sup>	<b>Flu A and RSV RNA Detected, and Flu B RNA Not Detected<sup>1</sup></b>
-	+	-	+/- <sup>1</sup>	<b>Flu B RNA Detected, Flu A and RSV RNA Not Detected<sup>1</sup></b>
-	+	+	+/- <sup>1</sup>	<b>Flu B and RSV RNA Detected, Flu A RNA Not Detected<sup>1</sup></b>
-	-	+	+/- <sup>1</sup>	<b>RSV RNA Detected, Flu A and Flu B RNA Not Detected<sup>1</sup></b>
-	-	-	+ <sup>2</sup>	<b>Flu A, Flu B and RSV RNA Not Detected<sup>2</sup></b>
-	-	-	- <sup>2</sup>	<b>Unresolved (UNR) Result obtained in the presence of inhibitors in the PCR reaction or when a general problem (not reported by an error code) with the sample processing and/or amplification steps occurs.<sup>2</sup></b>
IND	IND	IND	IND	<b>Indeterminate assay result (IND). Due to BD MAX™ System failure. Assay result displayed in case of an instrument failure linked to an error code.</b>
INC	INC	INC	INC	<b>Incomplete assay result (INC). Due to BD MAX™ System failure. Assay result displayed in case of failure to complete run.</b>

Table 8. Sample interpretation Flu A, Flu B & RSV reaction tube

+: Amplification occurred

-: No amplification occurred



**1** A sample is considered positive if the Ct value obtained is less than 40. The internal control may or may not show an amplification signal, because a high copy number of target can cause preferential amplification of target-specific nucleic acids instead of the internal control. In these cases, the detection of the IC is not necessary.

**2** A sample is considered negative, if the sample shows no amplification signal in the detection system but the internal control is positive (Ct less than 40). An inhibition of the PCR reaction can be excluded by the amplification of internal control. In case of unresolved results (UNR), absence of internal control signal in negative sample it is recommended to repeat the assay.

b. SARS-CoV-2 (N1 + N2) reaction tube: Snap-In 4

SARS-CoV-2 (N2 target) (475/520)	Endogenous Internal Control (530/565)	SARS-CoV-2 (N1 target) (630/665)	Interpretation
+	+/- <sup>3</sup>	+	<b>SARS-CoV-2 N gene RNA Detected<sup>3</sup></b>
+ <sup>4</sup>	+/- <sup>3</sup>	-	<b>SARS-CoV-2 N gene RNA Detected<sup>3,4</sup></b>
-	+/- <sup>3</sup>	+ <sup>4</sup>	<b>SARS-CoV-2 N gene RNA Detected<sup>3,4</sup></b>
-	+ <sup>5</sup>	-	<b>SARS-CoV-2 N gene RNA Not Detected<sup>5</sup></b>
-	- <sup>5</sup>	-	Unresolved (UNR) Result obtained in the presence of inhibitors in the PCR reaction or when a general problem (not reported by an error code) with the sample processing and/or amplification steps occurs. <sup>5</sup>
IND	IND	IND	Indeterminate assay result (IND). Due to BD MAX™ System failure. Assay result displayed in case of an instrument failure linked to an error code.
INC	INC	INC	Incomplete assay result (INC). Due to BD MAX™ System failure. Assay result displayed in case of failure to complete run.

Table 9. Sample interpretation SARS-CoV-2 (N1 + N2) reaction tube

+: Amplification occurred

-: No amplification occurred

**3** A sample is considered positive if the Ct value obtained is less than 40. The endogenous Internal Control (IC) may or may not show an amplification signal. Sometimes, the IC detection is not necessary because a high copy number of the target can cause preferential amplification of target-specific nucleic acids.

**4** If only one target site of the N gene amplifies, verify the sigmoid shape of the curve and the intensity of fluorescence. In case of a doubtful interpretation, depending on the available material, it is also recommended to:

- a) re-extract and re-test another aliquot of the same specimen (if possible, increase sample volume to 750 µl) or,
- b) obtain a new specimen and re-test.

**5** In the case of SARS-CoV-2 target sites negative, IC must show an amplification signal with Ct less than 35. The Ct value could be very variable due to the Endogenous Internal Control is a human housekeeping gene that should be present



in all human nucleated cells in the original sample. If there is an absence of signal or Ct value  $\geq 35$  of the endogenous Internal Control, the result is considered as 'Unresolved', and retesting is required.

In case of a continued ambiguous result, it is recommended to review the instructions for use, the extraction process used by the user; to verify the correct performance of each RT-qPCR steps and review the parameters; and to check the sigmoid shape of the curve and the intensity of fluorescence.

The results of the test should be evaluated by a health care professional in the context of medical history, clinical symptoms and other diagnostic tests.

## 10. Limitations of the test

- The results of the test should be evaluated by a health care professional in the context of medical history, clinical symptoms and other diagnostic tests.
- Although this assay can be used with other types of samples it has been validated with nasopharyngeal/oropharyngeal swab collected in VTM.
- For good test performance, the lyophilized product should be at the bottom of the tube and not adhered to the top area of the tube or the foil seal. Gently tap each tube on a hard surface to make sure all the product is at the bottom of the tube.
- An appearance of the reaction mixture in stabilized format, normally found at the bottom of the tube, different from the usual one (without conical shape, inhomogeneous, smaller/larger in size and/or color different from whitish) does not alter the functionality of the test.
- The quality of the test depends on the quality of the sample; proper extracted nucleic acid from respiratory samples must be extracted.
- This test is a qualitative test and does not provide quantitative values or indicate the number of organisms present.
- Extremely low levels of target below the limit of detection might be detected, but results may not be reproducible.
- There is a possibility of false positive results due to cross-contamination by SARS-CoV-2, Flu A, Flu B and/or RSV either samples containing high concentrations of target RNA or contamination due to PCR products from previous reactions.
- The specific primer and probe combinations for detection of conserved regions of N gene (SARS-CoV-2) used in VIASURE SARS-CoV-2, Flu (A+B) & RSV Real Time PCR Detection Kit for BD MAX™ System have been designed based on the US CDC assay for specific detection of SARS-CoV-2 by amplifying two unique regions of the N gene. They do not show significant combined homologies with the human genome, human microflora, SARS-CoV or other coronaviruses, which might result in predictable false positive.
- False Negative results may arise from several factors and their combinations, including:
  - Improper specimens' collection, transport, storage, and/or handling methods.
  - Improper processing procedures (including RNA extraction).
  - Degradation of the viral RNA during sample shipping/storage and/or processing.
  - Mutations or polymorphisms in primer or probe binding regions may affect detection of new or unknown SARS-CoV-2, Flu and/or RSV variants.
  - A viral load in the specimen below the limit of detection for the assay.



- The presence of RT-qPCR inhibitors or other types of interfering substances.
- Failure to follow instructions for use and the assay procedure.
- In SARS-CoV-2 (*N1 + N2*) reaction tube, a single-target site amplification or even random positive results is suggestive of slightly different amplification yield of the target site of the *N* gene. Samples with low viral load might result in *N* single target amplification. In case of a doubt, it is recommended referring to a reference laboratory for further testing.
- Some samples (in SARS-CoV-2 (*N1 + N2*) reaction tube) may fail to exhibit RNase P amplification curves due to low human cell numbers in the original clinical sample. A negative IC signal does not preclude the presence of SARS-CoV-2, Flu and/or RSV RNA in a clinical specimen.
- A positive test result does not necessarily indicate the presence of viable viruses and does not imply that these viruses are infectious or are the causative agents for clinical symptoms. However, a positive result is indicative of the presence of targets viral sequences.
- Negative results do not preclude SARS-CoV-2, Flu and/or RSV infection and should not be used as the sole basis for treatment or other patient management decisions. Optimum specimen types and timing for peak viral levels during infections caused by SARS-CoV-2 and novel Influenza A strain have not been determined. The collection of multiple specimens (types and time points) from the same patient may be necessary to detect the virus.
- If diagnostic tests for other respiratory illnesses are negative and the patient's clinical presentation and epidemiological information suggest that SARS-CoV-2, Flu and/or RSV infection is possible, then a false negative result should be considered, and a re-testing of the patient should be discussed.
- In the case of obtaining Unresolved, Indeterminate or Incomplete results using VIASURE SARS-CoV-2, Flu (A+B) & RSV Real Time PCR Detection Kit for BD MAX™ System retesting will be required. Unresolved results may be due to the presence of inhibitors in the sample or an incorrect rehydration of lyophilized reaction mix tube. If there is an instrument failure, Indeterminate or Incomplete results will be obtained.

## 11. Quality control

VIASURE SARS-CoV-2, Flu (A+B) & RSV Real Time PCR Detection Kit for BD MAX™ System contains an internal control in each Flu A, Flu B & RSV reaction tube and an endogenous internal control in each SARS-CoV-2 (*N1 + N2*) reaction tube which confirms the correct performance of the technique.

## 12. Performance characteristics

### 12.1. Clinical sensitivity and specificity

The clinical performance of VIASURE SARS-CoV-2, Flu (A+B) & RSV Real Time PCR Detection Kit for BD MAX™ System was tested individually in each reaction tube.

The clinical performance of Flu A, Flu B & RSV reaction tube was tested using 344 respiratory specimens (oropharyngeal swabs) from symptomatic patients. These results were compared with those obtained with a molecular detection method (cobas® Influenza A/B & RSV (Roche)).

The results were as follows:



<b>Flu A, B &amp; RSV reaction tube</b>	<b>cobas® Influenza A/B &amp; RSV (Roche)</b>			
		<b>+</b>	<b>-</b>	<b>Total</b>
	<b>+</b>	157	2*	159
	<b>-</b>	7*	178	185
	<b>Total</b>	164	180	344

Table 10. Comparative results for Flu A.

**Positive percent agreement is >96% and negative percent agreement is >99%.**

\*The low amount of template RNA in this respiratory sample is below the detection limit of the method used.

<b>Flu A, Flu B &amp; RSV reaction tube</b>	<b>cobas® Influenza A/B &amp; RSV (Roche)</b>			
		<b>+</b>	<b>-</b>	<b>Total</b>
	<b>+</b>	99	4*	103
	<b>-</b>	1*	240	241
	<b>Total</b>	100	244	344

Table 11. Comparative results for Flu B.

**Positive percent agreement is >99% and negative percent agreement is >98%.**

\*The low amount of template RNA in this respiratory sample is below the detection limit of the method used.

<b>Flu A, Flu B &amp; RSV reaction tube</b>	<b>cobas® Influenza A/B &amp; RSV (Roche)</b>			
		<b>+</b>	<b>-</b>	<b>Total</b>
	<b>+</b>	22	4*	26
	<b>-</b>	3*	315	318
	<b>Total</b>	25	319	344

Table 12. Comparative results for RSV.

**Positive percent agreement is >88% and negative percent agreement is >99%.**

\*The low amount of template RNA in this respiratory sample is below the detection limit of the method used.

The clinical performance of SARS-CoV-2 (N1 + N2) reaction tube was tested using 254 respiratory samples (nasopharyngeal swabs in Vircell Transport medium) from patients with clinical suspicion of COVID-19 disease or other similar respiratory diseases. The results were compared with those obtained with the clinical diagnosis performed with Simplexa™ COVID-19 Direct assay with discrepant analysis performed with the Charité protocol.



SARS-CoV-2 (N1 + N2) reaction tube	Alternative RT-PCR assays			
		+	-	Total
	+	63	2*	65
	-	0	189	189
	Total	63	191	254

Table 13. Comparative results for SARS-CoV-2.

\*Initial diagnose of one of the two samples was invalid and reported to the patient as positive for prevention and quarantine period.

SARS-CoV-2 (N1 + N2) reaction tube detected two positive samples that were not detected using Simplexa™ COVID-19 Direct assay and the Charité protocol.

The Positive Percent Agreement (PPA) and the Negative Percent Agreement (NPA) for SARS-CoV-2 (N1 + N2) reaction tube are >99% and 98%, respectively.

Results show high agreement to detect SARS-CoV-2, Flu A, Flu B and/or RSV viruses using VIASURE SARS-CoV-2, Flu (A+B) & RSV Real Time PCR Detection Kit for BD MAX™ System.

## 12.2. Analytical sensitivity

VIASURE SARS-CoV-2, Flu (A+B) & RSV Real Time PCR Detection Kit for BD MAX™ System has a detection limit of  $\geq 10$  genome copies per reaction for Flu A,  $\geq 20$  genome copies per reaction for Flu B,  $\geq 2$  genome copies per reaction for RSV and  $\geq 5$  genome copies per reaction for SARS-CoV-2 with a positive rate of  $\geq 95\%$  (Figures 2, 3, 4, 5 and 6).

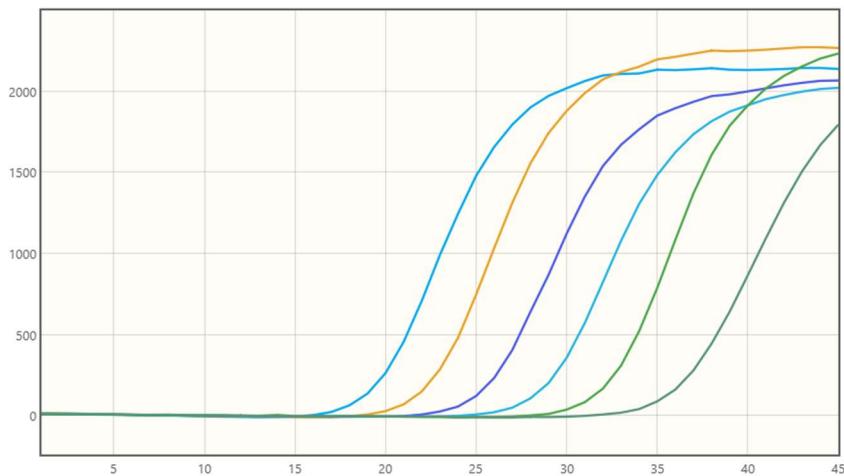
Figure 2. Dilution series of Flu A ( $2 \times 10^6$ - $2 \times 10^1$  copies per reaction) template run on the BD MAX™ System (475/520 (FAM) channel).

Figure 3. Dilution series of Flu B ( $2 \times 10^6$ - $2 \times 10^1$  copies per reaction) template run on the BD MAX™ System (585/630 (ROX) channel).

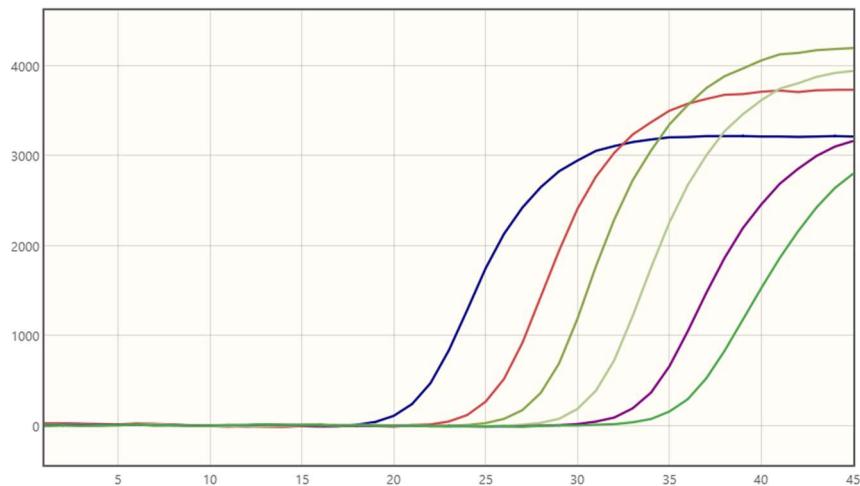


Figure 4. Dilution series of RSV ( $2 \times 10^6$ - $2 \times 10^1$  copies per reaction) template run on the BD MAX™ System (630/665 (Cy5) channel).

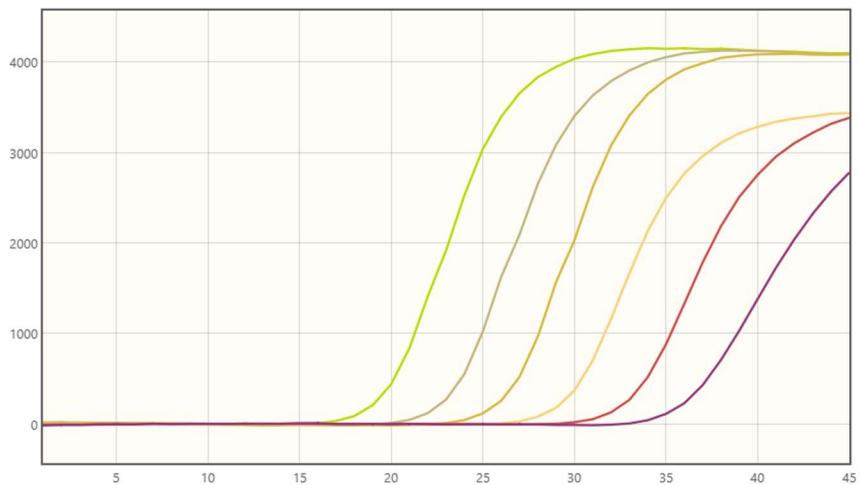


Figure 5. Dilution series of SARS-CoV-2 (N1 + N2) ( $9.9 \times 10^4$ - $9.9 \times 10^0$  and  $5.0 \times 10^0$  genome copies per reaction) template run on the BD MAX™ System (475/520 (FAM) channel).

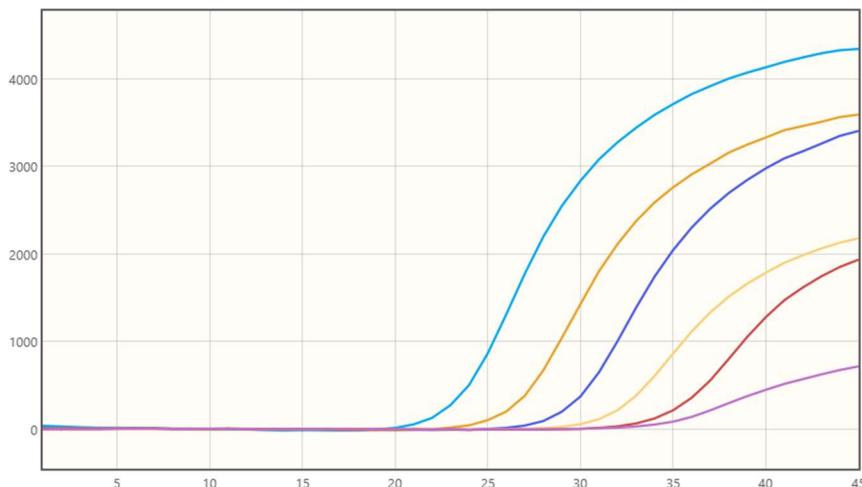
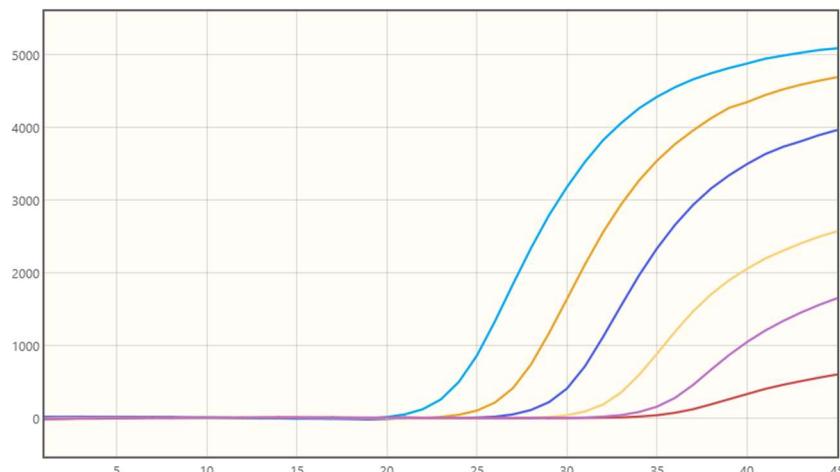


Figure 6. Dilution series of SARS-CoV-2 (N1 + N2) ( $9.9 \times 10^4$ - $9.9 \times 10^0$  and  $5.0 \times 10^0$  genome copies per reaction) template run on the BD MAX™ System (630/665 (Cy5) channel).



### 12.3. Analytical specificity

The specificity of the SARS-CoV-2, Flu (A+B) & RSV assay was confirmed by testing a panel consisting of different microorganisms representing the most common respiratory pathogens. No cross-reactivity was detected between any of the following microorganisms tested, except the targeted pathogens of each assay:

Cross-reactivity testing					
Human Adenovirus types 1-5, 8, 15, 31, 40 and 41	-	Influenza A/Netherlands/398/2014 (H3N2) virus (clade 3C.3a)	-/+	Influenza A/chicken/Hong Kong/G9/1997 x PR8-IBCDC-2 (H9N2) virus	-/+
Bocavirus	-	Influenza A/Netherlands/2393/2015 (H3N2) virus (clade 3C.2a)	-/+	Influenza A/Chicken/Myanmar/433/2016 (H9N2) virus	-/+
<i>Bordetella bronchiseptica</i>	-	Influenza A/Newcastle/607/2019 (H3N2) virus	-/+	Influenza A/Hong Kong/1073/99 (H9N2) virus	-/+
<i>Bordetella holmesii</i>	-	Influenza A/New York/39/2012 (H3N2) virus	-/+	Influenza A/Hong Kong/33982/2009 (H9N2) x PR8-IDCDC-RG26 virus	-/+
<i>Bordetella parapertussis</i>	-	Influenza A/Ohio/2/2012 (H3N2) virus	-/+	Influenza B/Brisbane/60/2008 virus	-/+
<i>Bordetella pertussis</i>	-	Influenza A/Perth/1001/2018 (H3N2) virus	-/+	Influenza B/Colorado/6/2017 virus	-/+
<i>Chlamydia caviae</i>	-	Influenza A/Singapore/INFIMH-16-0019/2016 (H3N2) virus	-/+	Influenza B/Malaysia/2506/2004 virus	-/+
<i>Chlamydia psittaci</i> genotype A and C	-	Influenza A/South Australia/55/2014 (H3N2) virus	-/+	Influenza B/Maryland/15/2016 virus	-/+
<i>Chlamydophila pneumoniae</i> CM-1	-	Influenza A/South Australia/55/2014, IVR-175 (H3N2) virus	-/+	Influenza B/Netherlands/207/06 virus	-/+
Human coronavirus 229E, OC43, NL63 and HKU1	-	Influenza A/Switzerland/9715293/2013 (H3N2) virus	-/+	Influenza B/Netherlands/2518/2016 (clade 1A) virus	-/+



Cross-reactivity testing						
MERS Coronavirus	-	Influenza A/Texas/50/2012 (H3N2) virus	-/+	Influenza B/Nevada/3/2011 virus	-/+	
SARS Coronavirus Strain Frankfurt 1	-	Influenza A/Thüringen/5/2017 (H3N2) virus (Clade 3C2a.1)	-/+	Influenza B/New Jersey/1/2012 virus	-/+	
SARS-CoV-2 strain BetaCoV/Germany/BavPat1/2020 p.1	-/+	Influenza A/Uruguay/716/2007 (H3N2) (NYMC X-175C) virus	-/+	Influenza B/Texas/02/2013 virus	-/+	
SARS-CoV-2 strain 2019-nCoV/Italy-INMI1	-/+	Influenza A/Victoria/210/2009(H3N2) virus	-/+	Influenza B/Townsville/8/2016 virus	-/+	
SARS-CoV-2 isolate Australia/VIC01/2020	-/+	Influenza A/Victoria/361/2011 (H3N2) virus	-/+	Influenza B/Canberra/11/2016 virus	-/+	
SARS-CoV-2 isolate Wuhan-Hu-1	-/+	Influenza A/Victoria/361/2011 IVR-165 (H3N2) virus	-/+	Influenza B/Florida/4/2006 virus	-/+	
SARS-CoV-2 strain 2019nCoV/USAWA1/2020	-/+	Influenza A/Anhui/01/2005 (H5N1) virus	-/+	Influenza B/Florida/07/2004 virus	-/+	
Enterovirus 68 and 71	-	Influenza A/Anhui/01/2005 x PR8-IDCDC-RG6 (H5N1) virus	-/+	Influenza B/Guangdong/120/2000 virus	-/+	
Enterovirus Echovirus 11 and 30	-	Influenza A/chicken/Vietnam/NCVD-016/2008 (H5N1) virus	-/+	Influenza B/Hubei Wujigang/158/2009 (NYMC BX-39) virus	-/+	
Enterovirus Coxsackievirus A24, A9 and B3	-	Influenza A/chicken/Vietnam/NCVD-016/2008 x PR8-IDCDC-RG12 (H5N1) virus	-/+	Influenza B/ Jiangsu/10/2003 virus	-/+	
Haemophilus influenzae MinnA	-	Influenza A/chicken/Vietnam/NCVD-03/08 (H5N1) - PR8-IDCDC-RG25a virus	-/+	Influenza B/Massachusetts/2/2012 virus	-/+	
Influenza A/Brisbane/02/2018, IVR-190 (H1N1)pdm09 virus	-/+	Influenza A/chicken/Yunnan/1251/2003 (H5N1) virus	-/+	Influenza B/Netherlands/365/2016 (clade 3) virus	-/+	
Influenza A/California/7/2009(H1N1)pdm09 virus	-/+	Influenza A/common magpie/Hong Kong/645/2006 (H5N1) virus	-/+	Influenza B/Phuket/3073/2013 virus	-/+	
Influenza A/Dominican Republic/7293/2013 (H1N1)pdm09 virus	-/+	Influenza A/duck/Hunan/795/2002 (H5N1) virus	-/+	Influenza B/Texas/06/2011 virus	-/+	
Influenza A/Massachusetts/15/2013 (H1N1)pdm09 virus	-/+	Influenza A/Egypt/321/2007 (H5N1) virus	-/+	Influenza B/Wisconsin/1/2010 virus	-/+	
Influenza A/Michigan/45/2015 (H1N1)pdm09 virus	-/+	Influenza A/Egypt/321/2007 x PR8-IDCDC-RG11 (H5N1) virus	-/+	Influenza B/Wisconsin/1/2010 BX-41A virus	-/+	
Influenza A/Netherlands/1250/2016 (H1N1)pdm09 virus (clade 6B.1)	-/+	Influenza A/Egypt/3300-NAMRU3/2008 x PR8-IDCDC-RG13 (H5N1) virus	-/+	<i>Legionella bozemani</i>	-	
Influenza A/New Caledonia/20/99(H1N1) virus	-/+	Influenza A/Egypt/N03072/2010 (H5N1) x PR8-IDCDC-RG29 virus	-/+	<i>Legionella dumoffii</i>	-	
Influenza A/New York/18/2009 (H1N1)pdm09 virus	-/+	Influenza A/Hong Kong/213/2003 (H5N1) virus	-/+	<i>Legionella longbeachae</i>	-	



Cross-reactivity testing						
Influenza A/Singapore/GP1908/2015, IVR-180 (H1N1)pdm09 virus	-/+	Influenza A/Hubei/1/2010 (H5N1) x PR8-IDCDCRG30 virus	-/+	Legionella micdadei	-	
Influenza A/Sydney/134/2018 (H1N1)pdm09 virus	-/+	Influenza A/India/NIV/2006 xPR8-IBCDC-RG7 (H5N1) virus	-/+	Legionella pneumophila	-	
Influenza A/Victoria/2040/2018 (H1N1)pdm09 virus	-/+	Influenza A/Japanese white eye/Hong Kong/1038/2006 (H5N1) virus	-/+	Human metapneumovirus A and B	-	
Influenza A/PR/8/34 (H1N1) virus	-/+	Influenza A/Vietnam/1194/2004 (H5N1) virus	-/+	Moraxella catarrhalis	-	
Influenza A/Brisbane/117/2018 (H3N2) virus	-/+	Influenza A/Vietnam/1194/2004 (NIBRG-14) (H5N1) virus	-/+	Mycoplasma pneumoniae	-	
Influenza A/Brisbane/1028/2017 (H3N2) virus	-/+	Influenza A/Vietnam/1203/2004 x PR8-IBCDC-RG (H5N1) virus	-/+	Mycobacterium tuberculosis not rifampin resistant	-	
Influenza A/Fujian/411/2002 (H3N2) virus	-/+	Influenza A/Whooper Swan/R65/2006 (H5N1) virus	-/+	Human parainfluenza 1, 2, 3 and 4 viruses	-	
Influenza A/Hiroshima//52/2005 (IVR-142) (H3N2) virus	-/+	Influenza A/pheasant/New Jersey/1355/1998 (H5N2)-PR8-IBCDC-4 virus	-/+	Pneumocystis jirovecii Type A1 and g885652	-	
Influenza A/Hong Kong/4801/2014 (H3N2) virus	-/+	Influenza A/Duck/Singapore-Q/F119-3/97 (H5N3) virus	-/+	Human rhinovirus type C	-	
Influenza A/Hong Kong/4801/2014, NYMC X-263B (H3N2) virus	-/+	Influenza A/Duck/Lao/XBY004/2014 (H5N6) (Clade 2.3.4.4) virus	-/+	Staphylococcus aureus subsp. aureus	-	
Influenza A/Indiana/8/2011 (H3N2)v virus	-/+	Influenza A/DE-SH/Reiherente/AR8444/2013 (H5N8) virus	-/+	Staphylococcus epidermidis	-	
Influenza A/Indiana/10/2011 (H3N2)v virus	-/+	Influenza A/Turkey/Germany/R2485-86/2014 (H5N8) virus	-/+	Streptococcus pneumoniae Z022	-	
Influenza A/Kansas/14/2017 (H3N2) virus	-/+	Influenza A/turkey/Virginia/2002 x PR8-IBCDC-5 (H7N2) virus	-/+	Streptococcus pyogenes	-	
Influenza A/Kansas/14/2017, NYMC X-327 (H3N2) virus	-/+	Influenza A/Mallard/Netherlands/2/2009 (H7N7) virus	-/+	Streptococcus salivarius	-	
Influenza A/Kumamoto/102/2002 (H3N2) virus	-/+	Influenza A/Mallard/Netherlands/12/2000 (H7N7) - IBCDC-1 virus	-/+	Respiratory syncytial virus (RSV) A and B (strain CH93(18)-18)	-/+	
Influenza A/Minnesota/11/2010 (H3N2)v virus	-/+	Influenza A/Anhui/1/2013 (H7N9) virus	-/+	Human Respiratory Syncytial Virus strain Long	-/+	
Influenza A/Minnesota/11/2010 X203 (H3N2)v virus	-/+	Influenza A/Guangdong/17SF003/2016 (H7N9) virus	-/+			

Table 14. Reference pathogenic microorganisms used in this study.

## 12.4. Analytical reactivity

The reactivity of the VIASURE SARS-CoV-2, Flu (A+B) & RSV Real Time PCR Detection Kit for BD MAX™ System for **SARS-CoV-2** was evaluated against RNA from Human 2019-nCoV strain BetaCoV/Germany/BavPat1/2020 p.1,



Human 2019-nCoV strain 2019-nCoV/Italy-INMI1, SARS-CoV-2 strain 2019nCoV/USA-WA1/2020, synthetic RNA controls for two variants of the SARS-CoV-2 virus: MT007544.1 (SARS-CoV2 isolate Australia/VIC01/2020) and MN908947.3 (SARS-CoV-2 isolate Wuhan-Hu-1), showing positive result.

The reactivity of the VIASURE SARS-CoV-2, Flu (A+B) & RSV Real Time PCR Detection Kit for BD MAX™ System for **Influenza A** was evaluated against RNA extracted from the following strains: Influenza A/Brisbane/02/2018, IVR-190 (H1N1)pdm09 virus, Influenza A/California/7/2009(H1N1)pdm09 virus, Influenza A/Dominican Republic/7293/2013 (H1N1)pdm09 virus, Influenza A/Massachusetts/15/2013 (H1N1)pdm09 virus, Influenza A/Michigan/45/2015 (H1N1)pdm09 virus, Influenza A/Netherlands/1250/2016 (H1N1)pdm09 virus (clade 6B.1), Influenza A/New Caledonia/20/99(H1N1) virus, Influenza A/New York/18/2009 (H1N1)pdm09 virus, Influenza A/Singapore/GP1908/2015 virus, IVR-180 (H1N1)pdm09 virus, Influenza A/Sydney/134/2018 (H1N1)pdm09 virus, Influenza A/Victoria/2040/2018 (H1N1)pdm09 virus, Influenza A/PR/8/34 (H1N1) virus, Influenza A/Brisbane/117/2018 (H3N2) virus, Influenza A/Brisbane/1028/2017 (H3N2) virus, Influenza A/Fujian/411/2002 (H3N2) virus, Influenza A/Hiroshima//52/2005 (IVR-142) (H3N2) virus, Influenza A/Hong Kong/4801/2014 (H3N2) virus, Influenza A/Hong Kong/4801/2014 NYMC X-263B (H3N2) virus, Influenza A/Indiana/8/2011 (H3N2)v virus, Influenza A/Indiana/10/2011 (H3N2)v virus, Influenza A/Kansas/14/2017 (H3N2) virus, Influenza A/Kansas/14/2017, NYMC X-327 (H3N2) virus, Influenza A/Kumamoto/102/2002 (H3N2) virus, Influenza A/Minnesota/11/2010 (H3N2)v virus, Influenza A/Minnesota/11/2010 X203 (H3N2)v virus, Influenza A/Netherlands/398/2014 (H3N2) virus (clade 3C.3a), Influenza A/Netherlands/2393/2015 (H3N2) virus (clade 3C.2a), Influenza A/Newcastle/607/2019 (H3N2) virus, Influenza A/New York/39/2012 (H3N2) virus, Influenza A/Ohio/2/2012 (H3N2) virus, Influenza A/Perth/1001/2018 (H3N2) virus, Influenza A/Singapore/INFIMH-16-0019/2016 (H3N2) virus, Influenza A/South Australia/55/2014 (H3N2) virus, Influenza A/South Australia/55/2014, IVR-175 (H3N2) virus, Influenza A/Switzerland/9715293/2013 (H3N2) virus, Influenza A/Texas/50/2012 (H3N2) virus, Influenza A/Thüringen/5/2017 (H3N2) virus (Clade 3C2a.1), Influenza A/Uruguay/716/2007 (H3N2)(NYMC X-175C) virus, Influenza A/Victoria/210/2009(H3N2) virus, Influenza A/Victoria/361/2011 (H3N2) virus, Influenza A/Victoria/361/2011 IVR-165 (H3N2) virus, Influenza A/Anhui/01/2005 (H5N1) virus, Influenza A/Anhui/01/2005 x PR8-IBCDC-RG6 (H5N1) virus, Influenza A/chicken/Vietnam/NCVD-016/2008 (H5N1) virus, Influenza A/chicken/Vietnam/NCVD-016/2008 x PR8-IDCDC-RG12 (H5N1) virus, Influenza A/chicken/Vietnam/NCVD-03/08 (H5N1) - PR8-IDCDC-RG25a virus, Influenza A/chicken/Yunnan/1251/2003 (H5N1) virus, Influenza A/common magpie/Hong Kong/645/2006 (H5N1) virus, Influenza A/duck/Hunan/795/2002 (H5N1) virus, Influenza A/Egypt/321/2007 (H5N1) virus, Influenza A/Egypt/321/2007 x PR8-IDCDC-RG11 (H5N1) virus, Influenza A/Egypt/3300-NAMRU3/2008 x PR8-IDCDC-RG13 (H5N1) virus, Influenza A/Egypt/N03072/2010 (H5N1) x PR8-IDCDC-RG29 virus, Influenza A/Hong Kong/213/2003 (H5N1) virus, Influenza A/Hubei/1/2010 (H5N1) x PR8-IDCDCRG30 virus, Influenza A/India/NIV/2006 xPR8-IBCDC-RG7 (H5N1) virus, Influenza A/Japanese white eye/Hong Kong/1038/2006 (H5N1) virus, Influenza A/Vietnam/1194/2004 (H5N1) virus, Influenza A/Vietnam/1194/2004 (NIBRG-14) (H5N1) virus, Influenza A/Vietnam/1203/2004 x PR8-IBCDC-RG (H5N1) virus, Influenza A/Whooper Swan/R65/2006 (H5N1) virus, Influenza A/pheasant/New Jersey/1355/1998 (H5N2)-PR8-IBCDC-4 virus, Influenza A/Duck/Singapore-Q/F119-3/97 (H5N3) virus, Influenza A/Duck/Lao/XBY004/2014 (H5N6) virus (Clade 2.3.4.4), Influenza A/DE-SH/Reiherente/AR8444/2016 (H5N8) virus, Influenza A/Turkey/Germany/R2485-86/2014 (H5N8) virus, Influenza A/turkey/Virginia/2002 x PR8-IBCDC-5 (H7N2) virus, Influenza A/Mallard/Netherlands/2/2009 (H7N7) virus, Influenza A/Mallard/Netherlands/12/2000 (H7N7) - IBCDC-1 virus, Influenza A/Anhui/1/2013 (H7N9) virus, Influenza A/Guangdong/17SF003/2016 (H7N9) virus, Influenza A/Chicken/Hong Kong/G9/1997 x PR8-IBCDC-2 (H9N2) virus,



Influenza A/Chicken/Myanmar/433/2016 (H9N2) virus, Influenza A/Hong Kong/1073/99 (H9N2) virus, Influenza A/Hong Kong/33982/2009 (H9N2) x PR8-IDCDC-RG26 virus, showing positive result.

The reactivity of the VIASURE SARS-CoV-2, Flu (A+B) & RSV Real Time PCR Detection Kit for BD MAX™ System for **Influenza B** was evaluated against RNA extracted from the following strains: Influenza B/Brisbane/60/2008 virus, Influenza B/Colorado/6/2017 virus, Influenza B/Malaysia/2506/2004 virus, Influenza B/Maryland/15/2016 virus, Influenza B/Netherlands/207/06 virus, Influenza B/Netherlands/2518/2016 (clade 1A) virus, Influenza B/Nevada/3/2011 virus, Influenza B/New Jersey/1/2012 virus, Influenza B/Texas/02/2013 virus , Influenza B/Townsville/8/2016 virus (**B/Victoria lineage**); Influenza B/Canberra/11/2016 virus, Influenza B/Florida/4/2006 virus, Influenza B/Florida/07/2004 virus, Influenza B/Guangdong/120/2000 virus, Influenza B/Hubei Wujiagang/158/2009 (NYMC BX-39) virus, Influenza B/Jiangsu/10/2003 virus, Influenza B/Massachusetts/2/2012 virus, Influenza B/Netherlands/365/2016 (clade 3) virus, Influenza B/Phuket/3073/2013 virus, Influenza B/Texas/06/2011 virus, Influenza B/Wisconsin/1/2010 virus, Influenza B/Wisconsin/1/2010 BX-41A virus (**B/Yamagata lineage**), showing positive result.

The reactivity of the VIASURE SARS-CoV-2, Flu (A+B) & RSV Real Time PCR Detection Kit for BD MAX™ System for **RSV** was confirmed against RNA extracted from RSV A and B (strain CH93(18)-18) and Human Respiratory Syncytial Virus strain Long, showing positive result.



## ITALIANO

### 1. Uso previsto

VIASURE SARS-CoV-2, Flu (A+B) & RSV Real Time PCR Detection Kit for BD MAX™ System è un test RT-PCR in tempo reale automatico per l'identificazione qualitativa e la differenziazione dell'RNA di SARS-CoV-2, Influenza A, Influenza B e/o virus respiratorio sinciziale umano A/B (RSV) in campioni respiratori di soggetti in cui il loro medico sospetta la presenza della COVID-19 o di un'altra infezione respiratoria. Questo test è indicato come ausilio all'identificazione della presenza di RNA virale di SARS-CoV-2, Influenza A, Influenza B e/o RSV. Questo test utilizza il sistema BD MAX™ per l'estrazione automatica dell'RNA e successivamente del RT-PCR in tempo reale, utilizzando i reagenti forniti insieme ai reagenti universali e monouso del sistema BD MAX™. L'RNA viene estratto da campioni respiratori utilizzando la RT-PCR e viene identificato mediante sonde marcate con un colorante fluorescente specifico per SARS-CoV-2, Influenza A, Influenza B e/o RSV.

### 2. Introduzione e spiegazione

I Coronaviruses sono virus a RNA non segmentato a senso positivo dotati di pericapside che appartengono alla famiglia dei Coronaviridae. Esistono sei specie di coronavirus noti per causare malattie nell'uomo. Quattro virus (229E, OC43, NL63 e HKU1) causano i sintomi della comune influenza e altri due [sindrome respiratoria acuta grave da Coronavirus (SARS-CoV) e sindrome respiratoria mediorientale da Coronavirus (MERS-CoV)] sono zoonosici e causano complicanze più gravi. Il SARS-CoV e il MERS-CoV hanno causato oltre 10.000 casi cumulativi negli ultimi due decenni, con un tasso di mortalità del 34% per il MERS-CoV e del 10% per il SARS-CoV.

Nel dicembre 2019, alcune persone che lavoravano o vivevano nella zona intorno al mercato del pesce Huanan di Wuhan, nella provincia di Hubei, in Cina, hanno riportato una polmonite di origine sconosciuta. Le accurate analisi di sequenziamento dei campioni respiratori indicavano un nuovo coronavirus, denominato inizialmente nuovo Coronavirus 2019 (2019-nCoV) e successivamente SARS-CoV-2.

È stato dimostrato che il SARS-CoV-2 è trasmissibile da uomo a uomo, anche durante il periodo di incubazione in cui non si manifestano i sintomi, e che causa una malattia respiratoria grave simile a quelle prodotte dal SARS-CoV. Nonostante la polmonite sia la principale malattia associata, alcuni pazienti hanno sviluppato polmonite grave, edema polmonare, sindrome da distress respiratorio acuto, insufficienza multiorganica e morte. I Centri per la prevenzione e il controllo delle malattie (Centers of Disease Control and Prevention, CDC) ritengono che i sintomi del SARS-CoV-2 compaiano tra i 2 e i 14 giorni dopo l'esposizione, con febbre o brividi, tosse, spossatezza, anoressia, mialgia e dispnea tra i sintomi più comuni. Sintomi meno comuni sono infiammazione della gola, congestione nasale, cefalea, diarrea, nausea e vomito. È stata inoltre riportata la perdita dell'odorato (anosmia) o la perdita del gusto (ageusia) che precedono l'insorgenza dei sintomi respiratori. I soggetti in età avanzata e le persone con patologie mediche concomitanti, come ad esempio patologie cardiache o polmonari o diabete, sembrano avere un rischio maggiore di sviluppare complicazioni più gravi associate alla COVID-19.

Per l'identificazione del SARS-CoV-2 e di altri virus respiratori, come l'Influenza e l'RSV, il CDC raccomanda di utilizzare campioni delle prime vie respiratorie [tamponi nasofaringei (NP) e orofaringei (OP), tampone dei turbinati centrali nasali, tamponi nasali, lavaggio/aspirato nasofaringeo o lavaggio/aspirato nasale (NW) prelevati



principalmente da un medico) e/o campioni delle vie respiratorie profonde (espettorato, aspirato endotracheale o lavaggio broncoalveolare nei pazienti con patologie respiratorie più gravi).

I virus influenzali appartengono la famiglia degli Orthomyxoviridae e causano la maggioranza delle infezioni delle vie respiratorie inferiori di origine virale. I virus dell'Influenza A e B sono una causa significativa di morbilità e mortalità a livello mondiale, considerando che gli anziani e i soggetti compromessi hanno un rischio particolarmente elevato di sviluppare una forma grave della malattia e complicanze come la polmonite. Le persone possono avere alcuni o tutti i sintomi seguenti: febbre o sentirsi febbricitanti/avere i brividi, tosse, mal di gola, naso pieno e scolo nasale, mialgia, cefalea e anoressia. I virus influenzali possono trasmettere da persona a persona in due modi diversi: attraverso l'aria (goccioline e aerosol da starnuti e tosse) e mediante contatto diretto o indiretto.

I virus dell'Influenza A e B sono virus a singolo filamento di RNA con envelope contenenti otto filamenti segmentati di RNA genomico, che generalmente codifica 11 o 12 proteine virali. L'envelope virale, derivato dalla membrana plasmatica dell'ospite, è formato da un doppio strato lipidico contenente proteine transmembrana, come l'emoagglutinina (HA) e la neuraminidasi (NA) e le proteine della matrice M1 e M2. I virus dell'Influenza A sono ulteriormente classificati in sottotipi in base all'antigenicità delle loro molecole "HA" e "NA", mentre il virus dell'Influenza B è diviso in 2 linee distinte punto di vista antigenico e genetico: Victoria e Yamagata.

I virus sinciziali respiratori umani A e B (RSV) appartengono alla famiglia dei Paramyxoviridae e sono gli agenti virali più importanti delle infezioni respiratorie acute. L'RSV è un virus genomico a singolo filamento lineare di RNA con envelope, negativo e non segmentato. Il virus sinciziale respiratorio è una causa comune delle infezioni respiratorie e causa bronchite, polmoniti e infezioni polmonari ostruttive croniche in persone di tutte le età. Le persone spesso hanno alcuni o tutti i sintomi seguenti: rincorrera, leggera febbre, tosse, mal di gola, cefalea e sibili respiratori. L'RSV si trasmette attraverso grosse goccioline delle secrezioni nasofaringee di soggetti infetti e a stretto contatto o tramite il contatto con superfici contaminate.

La diagnosi può essere problematica, poiché un'ampia gamma di patogeni può causare infezioni respiratorie acute con presentazione di sintomi clinici simili. I dosaggi PCR temporale si sono dimostrati essere uno strumento diagnostico sensibile e specifico per il rilevamento dei virus di SARS-CoV-2, Influenza A, Influenza B e RSV.

### **3. Principi del procedimento**

VIASURE SARS-CoV-2, Flu (A+B) & RSV Real Time PCR Detection Kit for BD MAX™ System è progettato per l'identificazione di SARS-CoV-2, Influenza A, Influenza B e/o RSV in campioni respiratori. Il rilevamento si esegue con un test di RT-PCR in tempo reale in un solo passaggio, in cui la trascrizione inversa e la successiva amplificazione della specifica sequenza target avvengono nella stessa provetta. L'RNA target isolato viene quindi trascritto, generando un DNA complementare tramite la trascrittasi inversa, seguita dall'amplificazione di due regioni conservate del gene N (N1 e N2) di SARS-CoV-2, una regione conservata del gene M1 dell'Influenza A e B e una regione conservata del gene N di RSV utilizzando primer specifici e sonde marcate a fluorescenza.

Il VIASURE SARS-CoV-2, Flu (A+B) & RSV Real Time PCR Detection Kit for BD MAX™ System si basa sull'attività esonucleasica 5' della DNA polimerasi. Durante l'amplificazione del DNA, questo enzima idrolizza la sonda legata alla sequenza complementare di DNA, separando il quencher dal marcitore. Questa reazione genera un



aumento del segnale fluorescente proporzionale alla quantità del DNA bersaglio. Questa fluorescenza può essere misurata sul sistema BD MAX™.

Il VIASURE SARS-CoV-2, Flu (A+B) & RSV Real Time PCR Detection Kit for BD MAX™ System è composto da due diverse provette di reazione. Una provetta rileva e distingue l'RNA dell'Influenza A, dell'Influenza B e/o dell'RSV (sigillo rosso trasparente o 1A) e l'altra provetta identifica specificamente l'RNA di SARS-CoV-2 (sigillo verde trasparente o 1G). Ogni provetta contiene tutti i componenti necessari per il dosaggio PCR in tempo reale (primer/sonde specifici, dNTPS, tampone, polimerasi, trascrittasi inversa) in formato stabilizzato e un controllo interno (endogeno nella SARS-CoV-2 reaction tube) per monitorare il processo di estrazione e/o inibizione dell'attività della polimerasi. Il dosaggio per SARS-CoV-2 utilizza un gene housekeeping umano come controllo interno endogeno (gene P dell'RNAsi umana). I geni housekeeping umani partecipano alla manutenzione di base delle cellule e, di conseguenza, si presume che siano presenti in tutte le cellule nucleate umane e che mantengano livelli di espressione relativamente costanti. Ogni target RNA viene amplificato e identificato in canali specifici (475/520, 585/630 e/o 630/665) e il controllo interno (CI) nel canale 530/565. Nel dosaggio per Influenza A, Influenza B e/o RSV, l'RNA target dell'Influenza A viene amplificato e identificato nel canale 475/520, il target RNA dell'Influenza B nel canale 585/630, il target RNA dell'RSV nel canale 630/665 e il controllo interno (CI) questo dosaggio nel canale 530/565. Nel dosaggio per SARS-CoV-2, il target N2 viene amplificato e identificato nel canale 475/520, il target N1 nel canale 630/665 e il controllo interno (CI) endogeno nel canale 530/565.

#### 4. Reagenti forniti

Il VIASURE SARS-CoV-2, Flu (A+B) & RSV Real Time PCR Detection Kit for BD MAX™ System include i materiali e i reagenti indicati nella Tabella 1:

Riferimento	Reagente/Materiale	Descrizione	Colore/codice a barre	Quantità
<b>VS-ABR212R</b>	Flu A, Flu B & RSV reaction tube	Una miscela di enzimi, sonde primer, tampone, dNTP, stabilizzatori e controllo interno in un formato stabilizzato	Trasparente Sigillo rosso o 1A	2 confezioni da 12 provette
<b>VS-NCO312</b>	SARS-CoV-2 (N1 + N2) reaction tube	Una miscela di enzimi, sonde primer, tampone, dNTP, stabilizzatori e controllo interno endogeno in un formato stabilizzato	Trasparente Sigillo verde o 1G	2 confezioni da 12 provette
<b>VS-RB09</b>	Rehydration Buffer tube	Soluzione per ricostituire il prodotto stabilizzato	Trasparente Sigillo arancione o 11	1 confezione da 24 provette

Tabella 1. Reagenti e materiali forniti con VIASURE SARS-CoV-2, Flu (A+B) & RSV Real Time PCR Detection Kit for BD MAX™ System con N. di cat. VS-FNR124 (444217).

#### 5. Reagenti e strumenti necessari e non inclusi

Il seguente elenco include i materiali e gli strumenti richiesti per l'uso e che non sono inclusi nel VIASURE SARS-CoV-2, Flu (A+B) & RSV Real Time PCR Detection Kit for BD MAX™ System.

- Strumenti per la PCR in tempo reale: BD MAX™ system.



- BD MAX™ ExK™ TNA-3 (Cod:442827 o 442828)
- BD MAX™ PCR Cartridges (Cod.: 437519)
- Vortex.
- Micropipette (tra i 2 e i 1000 µL).
- Punte con filtro.
- Guanti monouso privi di talco.

## 6. Condizioni di trasporto e conservazione

- I kit possono essere spediti e conservati a 2-40 °C fino alla data di scadenza indicata sull'etichetta.
- Dopo la loro apertura, le confezioni che contengono le provette di reazione possono essere utilizzate fino a un massimo di 28 giorni.

## 7. Precauzioni per gli utenti

- Il prodotto è destinato all'uso esclusivamente da parte di utilizzatori professionali, come professionisti e tecnici di laboratorio o sanitari, formati nell'impiego di tecniche di biologia molecolare.
- Per uso diagnostico *in vitro*.
- Non utilizzare reagenti e/o materiali scaduti.
- Non utilizzare il kit se l'etichetta che sigilla la scatola esterna è rossa.
- Non utilizzare i reagenti se all'arrivo la scatola protettiva è aperta o rossa.
- Non utilizzare i reagenti se all'arrivo la confezione protettiva è aperta o rossa.
- Non utilizzare i reagenti se all'interno della loro confezione il materiale essiccante non è presente o è rotto.
- Non rimuovere il materiale essiccante dalla confezione dei reagenti.
- Chiudere la confezione protettiva dei reagenti con la cerniera subito dopo ogni utilizzo. Rimuovere l'aria in eccesso dalle confezioni prima di sigillarle.
- Non utilizzare reagenti se il sigillo metallico è rotto o danneggiato.
- Non mescolare reagenti di diverse confezioni e/o kit e/o lotti.
- Proteggere i reagenti dall'umidità. L'esposizione prolungata all'umidità può influire sulle prestazioni del prodotto.
- Tenere i componenti lontano dalla luce.
- Nel caso in cui vengano eseguiti altri test PCR nella stessa area del laboratorio, assicurarsi che il VIASURE SARS-CoV-2, Flu (A+B) & RSV Real Time PCR Detection Kit for BD MAX™ System, BD MAX™ ExK™ TNA-3 extraction kit, i reagenti aggiuntivi richiesti per il test e il sistema BD MAX™ non siano contaminati. Evitare in ogni momento la contaminazione dei reagenti con microrganismi e ribonucleasi (RNAsi)/desossiribonucleasi (DNAsi). Si consiglia l'uso di puntali per pipette di trasferimento positivi o resistenti agli aerosoli e privi di RNAsi/DNAsi. Usare un nuovo pungente per ogni campione. È necessario cambiarsi i guanti prima di manipolare reagenti e cartucce.
- Assicurati di usare una provetta per identificare l'RNA di Influenza A, Influenza B e RSV in Snap-In 2 (posizione verde) e un'altra provetta per identificare l'RNA di SARS-CoV-2 in Snap-In 4 (posizione blu). Prestare attenzione a non scambiarle durante l'intero processo.



- Per evitare la contaminazione dell'ambiente da parte di amplicon, non disassemblare "BD MAX™ PCR Cartridge" (cartuccia BD MAX™ PCR) dopo l'uso. I sigilli del "BD MAX™ PCR Cartridge"(cartuccia PCR BD MAX™) sono progettati per prevenire la contaminazione.
- Disegnare un flusso unidirezionale. Deve iniziare nell'area di estrazione e poi spostarsi nell'area di amplificazione e rilevamento. Non riportare campioni, strumenti e reagenti nell'area in cui è stato eseguito il passaggio precedente.
- Rispettare le buone pratiche di laboratorio. Indossare abiti protettivi e utilizzare guanti monouso, occhialini e mascherina. Non mangiare, bere o fumare all'interno dell'area di lavoro. Lavarsi le mani al termine del test.
- I campioni devono essere trattati come potenzialmente infettivi, così come i reagenti e i materiali che sono stati esposti ai campioni e devono essere gestiti nel rispetto delle normative di sicurezza nazionali. Prendere le precauzioni necessarie durante la raccolta, la conservazione, il trattamento e lo smaltimento dei campioni.
- Si raccomanda una decontaminazione regolare degli strumenti utilizzati abitualmente, soprattutto le micropipette e le superfici di lavoro.
- Consultare il manuale utente del sistema BD MAX™ per maggiori informazioni su avvertenze, precauzioni e procedure.

## 8. Procedura

### 8.1. RACCOLTA, CONSERVAZIONE E TRASPORTO DEI CAMPIONI

Il VIASURE SARS-CoV-2, Flu (A+B) & RSV Real Time PCR Detection Kit for BD MAX™ System è stato convalidato su tamponi nasofaringei/orofaringei prelevati in terreno di trasporto virale media (VTM) Vircell S.L., Spagna.

Altre tipologie di campioni da tamponi nasofaringei/orofaringei in un VTM devono essere convalidati dall'utente.

La raccolta, la conservazione e il trasporto dei campioni devono rispettare le condizioni convalidate dall'utente. In generale, i tamponi respiratori devono essere raccolti ed etichettati adeguatamente con o senza mezzo di trasporto (in base alla tipologia di campione) ed esaminati il prima possibile per garantire la qualità del test. I campioni devono essere trasportati tra i 2 e gli 8 °C entro le prime 48 ore, nel rispetto delle normative locali e nazionali per il trasporto di materiale patogeno. Per i trasporti di lunga durata (oltre 48 ore), raccomandiamo una spedizione a ≤-20 °C. È consigliato utilizzare campioni appena raccolti per il test. I campioni possono essere conservati da 2 a 8 °C a 48 ore oppure congelati a -20 °C o idealmente a -70 °C. Devono essere evitati cicli ripetuti di congelamento-scongelamento per prevenire il deterioramento dei campioni e degli acidi nucleici.

### 8.2. PREPARAZIONE DEL CAMPIONE ED ESTRAZIONE DELL'RNA

Preparare il campione nel rispetto delle raccomandazioni presenti nelle istruzioni d'uso del kit di estrazione BD MAX™ ExK™ TNA-3. Si prega di notare che altri tipi di campioni possono richiedere un pretrattamento. Le procedure di preparazione dell'estrazione per applicazioni specifiche devono essere sviluppate e convalidate dall'utente.

1. Pipettare 400 µl di campione nasofaringeo/orofaringeo raccolto in un mezzo di trasporto virale (VTM) in una provetta di tampone campione del kit BD MAX™ TNA-3 e chiudere la provetta con un tappo perforabile. Assicurarsi una miscelazione completa utilizzando il vortex ad alta velocità per 1 minuto. Proseguire con il BD MAX™ System Operation.



Nota: la Flu A, Flu B & RSV reaction tube è stata convalidata con un campione avente un volume di 200-400 µl e la SARS-CoV-2 (N1 + N2) reaction tube con un campione avente un volume di 400-750 µl.

### 8.3. PROTOCOLLO PCR

Nota: Consultare il manuale utente del sistema BD MAX™ per istruzioni dettagliate.

#### 8.3.1. Creazione di un programma di test PCR per VIASURE SARS-CoV-2, Flu (A+B) & RSV Real Time PCR Detection Kit for BD MAX™ System

Nota: Se è stato già creato il test VIASURE SARS-CoV-2, Flu (A+B) & RSV Real Time PCR Detection, è possibile saltare il passaggio 8.3.1 e passare direttamente all'8.3.2.

- 1) Sulla schermata "Run" (Esegui) del sistema BD MAX™, selezionare la scheda "Test Editor" (Modifica test).
- 2) Cliccare sul pulsante "Create" (Crea).
- 3) Nella scheda "Basic Information" (Informazioni di base), nella finestra "Test Name" (Nome test), nominare il proprio test: VIASURE SARS-CoV-2, Flu (A+B) & RSV (VSARSCoV2, FluA+B,RSV).
- 4) Nel menu a tendina "Extraction Type" (Tipo di estrazione), selezionare "ExK TNA-3".
- 5) Nel menu a tendina "Master Mix Format" (Formato master mix), scegliere "Dual Master Mix Concentrated Lyophilized MM with Rehydration Buffer (Type 5)" (MM liofilizzato concentrato Master Mix duale con tampone di reidratazione - Tipo 5).
- 6) In "Sample extraction parameters" (Parametri di estrazione campione) selezionare "User defined" (Utente definito) e regolare il volume del campione a 950 µl.
- 7) In "Ct Calculation" (Calcolo Ct) selezionare "Call Ct at Threshold Crossing" (Chiamare Ct al superamento del limite).
- 8) Se si utilizza un software versione 5.00 o superiore e si dispone di provette snap-in di alluminio con codice a barre, in "Custom Barcodes" (Codici a barre personalizzati) scegliere la seguente configurazione:
  - a. Snap-In 2 Barcode: 1A (riguarda la Flu A, Flu B & RSV reaction tube)
  - b. Snap-In 3 Barcode: 11 (riguarda la Rehydration Buffer tube)
  - c. Snap-In 4 Barcode: 1G [riguarda la SARS-CoV-2 (N1 + N2) reaction tube]
- 9) Per le posizioni Snap-In 2 (verde) e Snap-In 4 (blu) è necessario completare "PCR Settings" (Impostazioni PCR) e "Test Steps" (Passaggi test).
- 10) Snap-In 2 (verde). Nella scheda "PCR settings" (Impostazioni PCR) inserire i seguenti parametri: "Channel Settings" (Impostazioni canale), "Gains" (Guadagni) e "Threshold" (Limite) (Tabella 2).



Channel (Canale)	Alias (Alias)	Gain (Guadagno)	Threshold (Soglia)	Ct Min (Ct min)	Ct Max (Ct max)
475/520 (FAM)	Influenza A	60	100	0	40
530/565 (HEX)	Cl	80	300	0	40
585/630 (ROX)	Influenza B	60	200	0	40
630/665 (Cy5)	RSV	60	150	0	40
680/715 (Cy5.5)	-	0	0	0	0

Tabella 2. Impostazioni di PCR.

Nota: si consiglia di impostare i valori minimi della soglia sopraelencati per ciascun canale come punto di partenza; tuttavia, le impostazioni finali devono essere stabilite dall'utilizzatore finale durante l'interpretazione dei risultati in modo da assicurarsi che le soglie rientrino nella fase esponenziale delle curve di fluorescenza e che siano al di sopra di qualsiasi segnale di fondo. Il valore soglia per i diversi strumenti può variare a causa delle diverse intensità del segnale.

- 11) Snap-In 2 (verde). Nella scheda "PCR settings" (Impostazioni di PCR) inserire anche i seguenti parametri "Spectral Cross Talk" (Cross talk spettrale) (Tabella 3):

		False Receiving Channel (Canale di ricezione falso)					
		Channel (Canale)	475/520	530/565	585/630	630/665	680/715
Excitation Channel (Canale di eccitazione)	475/520	-	0,0	0,0	0,0	0,0	
	530/565	0,0	-	2,0	0,0	0,0	
	585/630	0,0	0,0	-	0,0	0,0	
	630/665	0,0	0,0	4,0	-	0,0	
	680/715	0,0	0,0	0,0	0,0	-	

Tabella 3. Parametri "Spectral cross-talk" (Cross-talk spettrale).

- 12) Snap-In 2 (verde). Nella scheda "Test Steps" (Fasi test), inserire il protocollo PCR (Tabella 4).

Step Name (Nome fase)	Profile Type (Tipo profilo)	Cycles (Cicli)	Time (s) (Tempo(i))	Temperature (Temperatura)	Detect (Rilevazione)
Reverse transcription (Trascrizione inversa)	Attendere	1	900	45 °C	-
Initial denaturation (Denaturazione iniziale)	Attendere	1	120	98 °C	-
Denaturation and Annealing/Extension (Data collection) (Denaturazione e allineamento/Estensione (Raccolta dati))	2 Temperatura	45	10	95 °C	-
			61,1	63 °C	✓

Tabella 4. Protocollo PCR.

- 13) Snap-In 4 (verde). Nella scheda "PCR settings" (Impostazioni PCR) inserire i seguenti parametri: "Channel Settings" (Impostazioni canale), "Gains" (Guadagni) e "Threshold" (Limite) (Tabella 5).



Channel (Canale)	Alias (Alias)	Gain (Guadagno)	Threshold (Soglia)	Ct Min (Ct min)	Ct Max (Ct max)
475/520 (FAM)	Target SARS-CoV-2 N2	80	150	0	40
530/565 (HEX)	Cl endogeno	80	150	0	35
585/630 (ROX)	-	0	0	0	0
630/665 (Cy5)	Target SARS-CoV-2 N1	80	150	0	40
680/715 (Cy5.5)	-	0	0	0	0

Tabella 5. Impostazioni di PCR.

Nota: si consiglia di impostare i valori minimi della soglia sopraelencati per ciascun canale come punto di partenza; tuttavia, le impostazioni finali devono essere stabilite dall'utilizzatore finale durante l'interpretazione dei risultati in modo da assicurarsi che le soglie rientrino nella fase esponenziale delle curve di fluorescenza e che siano al di sopra di qualsiasi segnale di fondo. Il valore soglia per i diversi strumenti può variare a causa delle diverse intensità del segnale.

- 14) Snap-In 4 (verde). Nella scheda "PCR settings" (Impostazioni di PCR) inserire anche i seguenti parametri "Spectral Cross Talk" (Cross talk spettrale) (Tabella 6):

		False Receiving Channel (Canale di ricezione falso)				
		475/520	530/565	585/630	630/665	680/715
Excitation Channel (Canale di eccitazione)	475/520	-	3,0	0,0	0,0	0,0
	530/565	1,0	-	0,0	0,0	0,0
	585/630	0,0	0,0	-	0,0	0,0
	630/665	0,0	0,0	0,0	-	0,0
	680/715	0,0	0,0	0,0	0,0	-

Tabella 6. Parametri "Spectral cross-talk" (Cross-talk spettrale).

- 15) Snap-In 4 (verde). Nella scheda "Test Steps" (Fasi test), inserire il protocollo PCR (Tabella 7).

Step Name (Nome fase)	Profile Type (Tipo profilo)	Cycles (Cicli)	Time (s) (Tempo(s))	Temperature (Temperatura)	Detect (Rilevazione)
Reverse transcription (Trascrizione inversa)	Attendere	1	900	45 °C	-
Initial denaturation (Denaturazione iniziale)	Attendere	1	120	98 °C	-
Denaturation and Annealing/Extension (Data collection) (Denaturazione e allineamento/Estensione (Raccolta dati))	2 Temperatura	45	10	95 °C	-
			61,1	63 °C	✓

Tabella 7. Protocollo PCR.

- 16) Cliccare sul tasto "Save Test" (Salva test).

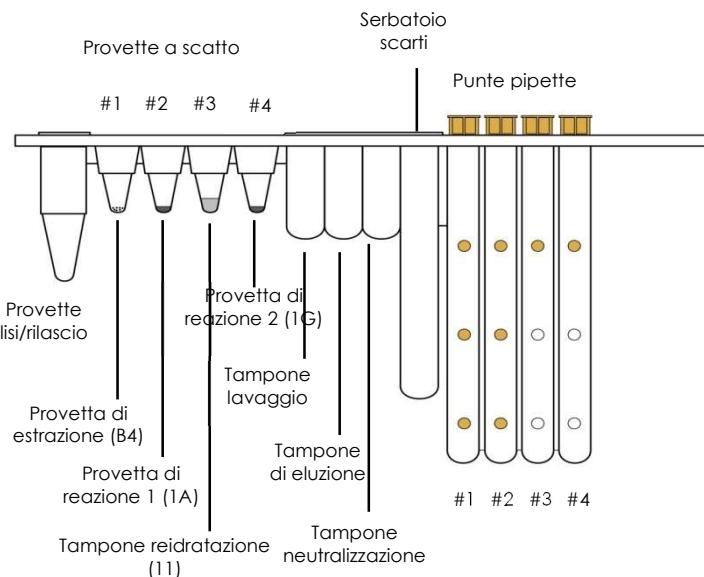


### 8.3.2. Preparazione della griglia BD MAX™

- 1) Per ogni campione da testare, rimuovere una striscia di reagente individuale dal BD MAX™ ExK TNA-3 Kit. Picchettare delicatamente ogni striscia su una superficie dura per assicurarsi che tutti i liquidi si trovino sul fondo della provetta, quindi posizionarle sulla griglia del sistema BD MAX™.
- 2) Rimuovere il numero richiesto di provette di estrazione BD MAX™ ExK™ TNA (B4) (sigillo bianco) dalla loro confezione protettiva. Posizionare la(e) provetta(e) di estrazione (sigillo bianco) nelle posizioni corrispondenti sulla striscia di TNA (posizione 1, codifica di colore bianco sulla griglia. Vedere Figura 1). Rimuovere l'aria in eccesso e chiudere la confezione con la cerniera.
- 3) Determinare e separare il numero appropriato di Flu A, Flu B & RSV reaction tube (sigillo rosso o 1A) e posizionarle nelle posizioni corrispondenti sulla striscia (posizione 2, codifica di colore verde sulla griglia. Vedere Figura 1).
  - a. Rimuovere l'aria in eccesso e chiudere la confezione in alluminio con la cerniera.
  - b. Per effettuare una corretta reidratazione, assicurarsi che il prodotto liofilizzato si trovi nella parte inferiore della provetta e non aderisca alla parte superiore della provetta o alla guarnizione metallica. Picchettare delicatamente ciascuna provetta su una superficie solida per assicurarsi che tutto il prodotto si trovi in fondo la provetta.
- 4) Rimuovere il numero richiesto di Rehydration Buffer tube (sigillo arancione o 11) e posizionarle nelle posizioni corrispondenti sulla striscia (posizione 3, nessuna codifica di colore sulla griglia. Vedere Figura 1). Rimuovere l'aria in eccesso e chiudere la confezione con la cerniera.
  - a. Per effettuare un trasferimento corretto, assicurarsi che il liquido si trovi nella parte inferiore della provetta e non aderisca alla parte superiore della provetta o alla guarnizione metallica. Picchettare delicatamente ciascuna provetta su una superficie solida per assicurarsi che tutto il prodotto si trovi in fondo la provetta.
- 5) Determinare e separare il numero appropriato di SARS-CoV-2 (N1 + N2) reaction tube (sigillo verde o 1G) e posizionarle nelle posizioni corrispondenti sulla striscia (posizione 4, codifica di colore verde sulla griglia. Vedere Figura 1).
  - a. Rimuovere l'aria in eccesso e chiudere la confezione in alluminio con la cerniera.
  - b. Per effettuare una corretta reidratazione, assicurarsi che il prodotto liofilizzato si trovi nella parte inferiore della provetta e non aderisca alla parte superiore della provetta o alla guarnizione metallica. Picchettare delicatamente ciascuna provetta su una superficie solida per assicurarsi che tutto il prodotto si trovi in fondo la provetta.



Figura 1. Striscia di reagente BD MAX™ TNA (TNA) dal BD MAX™ ExK TNA-3 kit.



### 8.3.3. Configurazione dello strumento BD MAX™

- 1) Selezionare la scheda “Work List” (Lista di lavoro) sulla schermata “Run” (Esegui) del software del sistema BD MAX™ nella versione v4.50A o superiore.
- 2) Nel menu a tendina “Test” selezionare VSARSCoV2,FluA+B,RSV (se non è ancora stato creato, vedere paragrafo 8.3.1).
- 3) Selezionare il numero relativo al lotto del kit (si trova sulla confezione esterna del kit di estrazione utilizzato) dal menu a tendina (opzionale).
- 4) Inserire il numero identificativo della provetta di tampone campione nella finestra “Sample tube” (Provetta campione) dalla “Worklist” (Lista di lavoro), manualmente oppure scansionando il codice a barre.
- 5) Compilare il codice campione/paziente e/o la finestra “Accession” (Ingresso) nella “Worklist” (Lista di lavoro) e cliccare sul pulsante “Save” (Salva). Continuare fino all'inserimento di tutte le provette di tampone campione. Assicurarsi che il codice campione/paziente e le provette di tampone campione corrispondano.
- 6) Posizionare la provetta di tampone campione preparata sulla griglia del BD MAX™.
- 7) Caricare la griglia sul sistema BD MAX™ (la griglia A si trova sul lato sinistro del sistema BD MAX™, la griglia B sul lato destro).
- 8) Posizionare il numero richiesto BD MAX™ PCR Cartridge(s) nel sistema BD MAX™.
- 9) Chiudere la porta del sistema BD MAX™.
- 10) Cliccare “Start Run” (Inizia operazione) per iniziare la procedura.

### 8.3.5 Report BD MAX™

- 1) Nel menu principale, cliccare sul pulsante “Results” (Risultati).
- 2) Cliccare due volte sul test in corso nella lista oppure premere il pulsante “View” (Vedi).



- 3) Cliccare su "Print" (Stampa), selezionare: "Run Details, Test Details and Plot..." (Dettagli operazione, dettagli test e grafico...)
- 4) Cliccare su "Print or Export button" (Stampa o esporta) nella schermata "Run Reports" (Esegui report).

## 9. Interpretazione dei risultati

Per una descrizione dettagliata su come analizzare i dati, fare riferimento al manuale utente del sistema BD MAX™.

L'analisi dei dati viene svolta dal software del sistema BD MAX™, sulla base delle istruzioni del produttore. Il software del sistema BD MAX™ riporta i valori di Ct e le curve di amplificazione per tutti i canali di rilevazione di ciascun campione testato nel seguente modo:

- Valore di Ct pari a 0: indica che il software non ha calcolato nessun valore di Ct nei limiti specificati (vedere Tabella 2). La curva di amplificazione del campione che presenta un valore di Ct pari a 0 deve essere controllata manualmente.
- Valore di Ct pari a -1: non si è verificato nessun processo di amplificazione.
- Qualunque altro valore di Ct deve essere interpretato in correlazione con la curva di amplificazione e nel rispetto delle linee guida di interpretazione del campione riportate nelle Tabelle 8 e 9.

Controllare l'emissione del segnale di controllo interno per verificare il corretto funzionamento della miscela di amplificazione. Inoltre, controllare che non sia presente nessun guasto al sistema BD MAX™.

I risultati devono essere letti e analizzati utilizzando la seguente tabella:

a. Flu A, Flu B & RSV reaction tube: Snap-In 2

Influenza A (475/520)	Influenza B (585/630)	RSV (630/665)	Controllo interno (530/565)	Interpretazione
+	+	+	+/-1	RNA di Influenza A, Influenza B e RSV rilevato <sup>1</sup>
+	-	-	+/-1	RNA di Influenza A rilevato, RNA di Influenza B e RSV non rilevato <sup>1</sup>
+	+	-	+/-1	RNA di Influenza A e Influenza B rilevato, RNA di RSV non rilevato <sup>1</sup>
+	-	+	+/-1	RNA di Influenza A e RSV rilevato, RNA di Influenza B non rilevato <sup>1</sup>
-	+	-	+/-1	RNA di Influenza B rilevato, RNA di Influenza A e RSV non rilevato <sup>1</sup>
-	+	+	+/-1	RNA di Influenza B e RSV rilevato, RNA di Influenza A non rilevato <sup>1</sup>
-	-	+	+/-1	RNA di RSV rilevato, RNA di Influenza A e Influenza B non rilevato <sup>1</sup>
-	-	-	+2	RNA di Influenza A, Influenza B e RSV non rilevato <sup>2</sup>
-	-	-	-2	Un risultato non risolto (UNR) ottenuto in presenza di inibitori nella reazione PCR o quando si verifica un problema generale (non segnalato da un codice di errore) con le fasi di elaborazione del campione e/o di amplificazione. <sup>2</sup>
IND	IND	IND	IND	Risultato test indeterminato (IND). Dovuto a guasto nel sistema BD MAX™. Visualizzazione del risultato del test in caso di guasto dello strumento collegato ad un codice di errore.
INC	INC	INC	INC	Risultato test incompleto (INC). Dovuto a guasto nel sistema BD MAX™. Visualizzazione del risultato del test in caso di mancato completamento del test.

Tabella 8. Interpretazione del campione con Flu A, Flu B & RSV reaction tube

+: Curva di amplificazione presente

-: Senza curva di amplificazione



**1** Un campione viene considerato positivo se il valore ottenuto di Ct è inferiore a 40. Il controllo interno a volte può non mostrare un segnale di amplificazione a causa di un elevato numero di copie del bersaglio, che causa un'amplificazione preferenziale degli acidi nucleici specifici al posto del controllo interno. In questi casi, non è necessario il rilevamento del CI.

**2** Un campione viene considerato negativo se non mostra un segnale di amplificazione nel sistema di rilevamento ma il controllo interno è positivo (Ct inferiore a 40). È possibile escludere l'inibizione della reazione di PCR mediante amplificazione del controllo interno. In caso di risultati non risolti (UNR) ossia di assenza del segnale del controllo interno in campioni negativi, si consiglia di ripetere il dosaggio.

b. SARS-CoV-2 (N1 + N2) reaction tube: Snap-In 4

SARS-CoV-2 (target N2) (475/520)	Controllo interno endogeno (530/565)	SARS-CoV-2 (target N1) (630/665)	Interpretazione
+	+/- <sup>3</sup>	+	<b>SARS-CoV-2 gene N RNA rilevato<sup>3</sup></b>
+ <sup>4</sup>	+/- <sup>3</sup>	-	<b>SARS-CoV-2 gene N RNA rilevato<sup>3,4</sup></b>
-	+/- <sup>3</sup>	+ <sup>4</sup>	<b>SARS-CoV-2 gene N RNA rilevato<sup>3,4</sup></b>
-	+ <sup>5</sup>	-	<b>SARS-CoV-2 gene N RNA non rilevato<sup>5</sup></b>
-	- <sup>5</sup>	-	<b>Un risultato non risolto (UNR) ottenuto in presenza di inibitori nella reazione PCR o quando si verifica un problema generale (non segnalato da un codice di errore) con le fasi di elaborazione del campione e/o di amplificazione.<sup>5</sup></b>
IND	IND	IND	<b>Risultato test indeterminato (IND). Dovuto a guasto nel sistema BD MAX™. Visualizzazione del risultato del test in caso di guasto dello strumento collegato ad un codice di errore.</b>
INC	INC	INC	<b>Risultato test incompleto (INC). Dovuto a guasto nel sistema BD MAX™. Visualizzazione del risultato del test in caso di mancato completamento del test.</b>

Tabella 9. Interpretazione del campione con SARS-CoV-2 (N1 + N2) reaction tube

+: Curva di amplificazione presente

-: Senza curva di amplificazione

**3** Un campione viene considerato positivo se il valore ottenuto di Ct è inferiore a 40. Il controllo interno endogeno (CI) a volte può non mostrare un segnale di amplificazione. A volte il rilevamento del CI non è necessario perché la presenza di un elevato numero di copie del target può provocare l'amplificazione preferenziale di acidi nucleici target-specifici.

**4** Se si amplifica un solo sito target del gene N, verificare la forma sigmoide della curva e l'intensità della fluorescenza. In caso di interpretazione dubbia, in base al materiale disponibile si raccomanda inoltre quanto segue:

- a) Estrarre nuovamente e ripetere il test di un'altra aliquota dello stesso campione (se possibile, aumentare il volume del campione a 750 µl) oppure
- b) Ottenere un nuovo campione e ripetere il test.



**5** Qualora i siti target di SARS-CoV-2 fossero negativi, il CI deve mostrare un segnale di amplificazione con un Ct inferiore a 35. Il valore di Ct può essere estremamente variabile poiché il controllo interno endogeno è un gene housekeeping umano che dovrebbe essere presente in tutte le cellule enucleate umane del campione originale. Qualora il segnale fosse assente o vi fosse un valore di Ct  $\geq 35$  del controllo interno endogeno, il risultato viene considerato come "non risolto" ed è necessario ripetere il test.

In caso di un risultato ambiguo continuo, si raccomanda di rileggere le istruzioni per l'uso e la procedura di estrazione usata dall'utente, di verificare corrette prestazioni di ciascun passaggio del test RT-qPCR e di rivedere i parametri. Infine, si raccomanda di verificare la forma sigmoide della curva e l'intensità della fluorescenza.

I risultati del test devono essere valutati da un operatore sanitario nell'ambito di anamnesi, sintomi clinici e altri test diagnostici.

## 10. Limiti del test

- I risultati del test devono essere valutati da un operatore sanitario nell'ambito di anamnesi, sintomi clinici e altri test diagnostici.
- Nonostante questo test possa essere utilizzato con altri tipi di campioni, è stato convalidato con tamponi nasofaringei/orofaringei raccolti in un VTM.
- Per prestazioni del test ottimali, il prodotto liofilizzato deve trovarsi in fondo alla provetta e non deve aderire alla parte superiore della provetta o del sigillo di alluminio. Picchettare delicatamente ciascuna provetta su una superficie solida per assicurarsi che tutto il prodotto si trovi in fondo la provetta.
- Se la miscela di reazione in formato stabilizzato, normalmente presente in fondo la provetta, ha un aspetto diverso da quello solito (senza forma conica, non omogenea, più piccola/più grande e/o di colore differente dal biancastro) non altera la funzionalità del test.
- La qualità del test dipende dalla qualità del campione: gli acidi nucleici devono essere estratti in modo appropriato da campioni respiratori.
- Questo test è un test qualitativo e non fornisce valori quantitativi né indica il numero di microrganismi presenti.
- Possono essere rilevati livelli di target estremamente bassi al di sotto del limite di rilevamento, ma i risultati non possono essere riproducibili.
- Esiste la possibilità di falsi positivi a causa della contaminazione crociata con campioni con SARS-CoV-2, Influenza A, Influenza B e RSV quando entrambi i campioni contengono concentrazioni elevate di RNA target oppure per la contaminazione dovuta ai prodotti della PCR di reazioni precedenti.
- Il primer specifico e le combinazioni di sonde per il rilevamento delle regioni conservative del gene N (SARS-CoV-2) usato nel VIASURE SARS-CoV-2, Flu (A+B) & RSV Real Time PCR Detection Kit for BD MAX™ System sono stati sviluppati in base al dosaggio della CDC statunitense per l'identificazione specifica del SARS-CoV-2 mediante amplificazione di due regioni uniche del gene N. Non mostrano omologie combinate significative con il genoma umano, la microflora umana, il SARS-CoV o altri coronavirus, che potrebbero portare a falsi positivi prevedibili.
- I risultati falsi negativi possono essere dovuti a diversi fattori e a combinazioni di essi; questi includono:
  - Metodi di prelievo, trasporto, considerazione e/o manipolazione dei campioni non appropriati.
  - Procedure di preparazione incorrecte (inclusa l'estrazione di RNA).
  - Degradazione dell'RNA virale durante l'invio/la conservazione e/o la preparazione dei campioni.



- Le mutazioni o il polimorfismo del primer o delle regioni di legame della sonda possono influenzare il rilevamento di nuove varianti o di varianti sconosciute del SARS-CoV-2, Influenza e/o RSV.
- Carica virale del campione al di sotto del limite di rilevamento del dosaggio.
- Presenza di inibitori della RT-qPCR o di altri tipi di sostanze interferenze.
- Mancata aderenza alle istruzioni per l'uso e alla procedura per il test.
- Nella SARS-CoV-2 (N1 + N2) reaction tube, l'amplificazione del sito di un unico target o anche risultati positivi casuali indicano un valore di amplificazione leggermente differente del sito target del gene N. L'utilizzo di campioni con bassa carica virale può portare all'amplificazione di un singolo target N. In caso di dubbio, si raccomanda di consultare un laboratorio di riferimento per ulteriori test.
- Alcuni campioni [nella SARS-CoV-2 (N1 + N2) reaction tube] possono non mostrare curve di amplificazione dell'RNAsi P a causa del basso numero di cellule umane nel campione clinico originale. Un segnale negativo del CI non esclude la presenza dell'RNA virale di SARS-CoV-2 , Influenza e/o RSV in un campione clinico.
- Il risultato positivo di un test non indica necessariamente la presenza di virus vivo e non implica che il virus sia infettivo o che sia l'agente causale dei sintomi clinici. Tuttavia, un risultato positivo è indicativo della presenza di sequenze virali target.
- I risultati negativi non escludono un'infezione da SARS-CoV-2, Influenza e/o RSV e non devono essere usati come unica base per il trattamento o per altre decisioni riguardante la gestione del paziente. Non sono stati definiti i tipi di campioni ottimali e il periodo ottimale dei livelli virali picco durante le infezioni causate dal SARS-CoV-2 e da nuovi ceppi di Influenza A. Per rilevare il virus può essere necessario prelevare più campioni (tipi e periodo di campionamento) nello stesso paziente.
- Se i test diagnostici per altre patologie respiratorie sono negativi e la presentazione clinica e le informazioni epidemiologiche del paziente indicano la possibilità di un'infezione da SARS-CoV-2, Influenza e/o RSV, è necessario prendere in considerazione un risultato falso negativo e discutere la ripetizione del test.
- È richiesto un nuovo test nel caso in cui si ottengano risultati non risolti, indeterminati o incompleti utilizzando il VIASURE SARS-CoV-2, Flu (A+B) & RSV Real Time PCR Detection Kit for BD MAX™ System. I risultati non risolti possono essere dovuti alla presenza di inibitori nel campione o ad una reidratazione incorretta della provetta di miscelazione di reazione liofilizzata. Un danno agli strumenti può comportare risultati indeterminati o incompleti.

## 11. Controllo di qualità

VIASURE SARS-CoV-2, Flu (A+B) & RSV Real Time PCR Detection Kit for BD MAX™ System contiene un controllo interno in ogni Flu A, Flu B & RSV reaction tube e un controllo interno endogeno in ogni SARS-CoV-2 (N1 + N2) reaction tube che conferma le corrette prestazioni della tecnica.

## 12. Caratteristiche del test

### 12.1. Sensibilità e specificità clinica

Le prestazioni cliniche del VIASURE SARS-CoV-2, Flu (A+B) & RSV Real Time PCR Detection Kit for BD MAX™ System sono state testate singolarmente in ogni provetta di reazione.



Le prestazioni cliniche della Flu A, Flu B & RSV reaction tube sono state testate utilizzando 344 campioni respiratori (tamponi orofaringei) di pazienti sintomatici. I risultati sono stati confrontati a quelli ottenuti con un metodo di rilevamento molecolare [cobas® Influenza A/B e RSV (Roche)].

I risultati sono stati i seguenti:

	cobas® Influenza A/B e RSV (Roche)		
	+	-	Totale
Flu A, B & RSV reaction tube	+	157	2*
	-	7*	178
	Totale	164	180
		344	

Tabella 10. Risultati comparativi per Influenza A.

**La percentuale di concordanza positiva è > 96% e la percentuale di concordanza negativa è > 99%.**

\*Il basso numero di modelli di RNA in questo campione respiratorio è inferiore al limite di rilevamento del metodo utilizzato.

	cobas® Influenza A/B e RSV (Roche)		
	+	-	Totale
Flu A, Flu B & RSV reaction tube	+	99	4*
	-	1*	240
	Totale	100	244
		344	

Tabella 11. Risultati comparativi per Influenza B.

**La percentuale di concordanza positiva è > 99% e la percentuale di concordanza negativa è > 98%.**

\*Il basso numero di modelli di RNA in questo campione respiratorio è inferiore al limite di rilevamento del metodo utilizzato.

	cobas® Influenza A/B e RSV (Roche)		
	+	-	Totale
Flu A, Flu B & RSV reaction tube	+	22	4*
	-	3*	315
	Totale	25	319
		344	

Tabella 12. Risultati comparativi per RSV.

**La percentuale di concordanza positiva è > 88% e la percentuale di concordanza negativa è > 99%.**



\*Il basso numero di modelli di RNA in questo campione respiratorio è inferiore al limite di rilevamento del metodo utilizzato.

Le prestazioni cliniche della SARS-CoV-2 (*N1 + N2*) reaction tube sono state testate utilizzando 254 campioni respiratori (tamponi nasofaringe in mezzo di trasporto Vircell) nei pazienti con sospetto clinico di COVID-19 o altre malattie respiratorie simili. I risultati sono stati confrontati a quelli ottenuti con la diagnosi clinica effettuata mediante il dosaggio Simplexa™ COVID-19 Direct con analisi discrete eseguite con il protocollo Charité.

SARS-CoV-2 ( <i>N1 + N2</i> ) reaction tube	Dosaggi RT-PCR alternativi			
		+	-	Totale
	+	63	2*	65
	-	0	189	189
<b>Totale</b>		63	191	254

Tabella 13. Risultati comparativi per SARS-CoV-2.

\*La diagnosi iniziale di uno dei due campioni non era valida ed era stata comunicata al paziente come positiva per la prevenzione e il periodo di quarantena.

La SARS-CoV-2 (*N1 + N2*) reaction tube ha identificato due campioni positivi che non erano stati rilevati con il dosaggio Simplexa™ COVID-19 Direct e il protocollo Charité.

La percentuale di concordanza positiva (PPA) e la percentuale di concordanza negativa (NPA) per la SARS-CoV-2 (*N1 + N2*) reaction tube sono rispettivamente > 99% e 98%.

I risultati mostrano un'elevata concordanza nel rilevare i virus di SARS-CoV-2, Influenza A, Influenza B e/o RSV mediante il VIASURE SARS-CoV-2, Flu (A+B) & RSV Real Time PCR Detection Kit for BD MAX™ System.

## 12.2. Sensibilità analitica

Il VIASURE SARS-CoV-2, Flu (A+B) & RSV Real Time PCR Detection Kit for BD MAX™ System ha un limite di rilevamento  $\geq 10$  copie di genoma per reazione per Influenza A,  $\geq 20$  copie di genoma per reazione per Influenza B,  $\geq 2$  copie di genoma per reazione per RSV e  $\geq 5$  copie di genoma per reazione per SARS-CoV-2 con una percentuale di positività  $\geq 95\%$  (Figure 2, 3, 4, 5 e 6).



Figura 2. Serie di diluizioni dei modelli di Influenza A ( $2 \times 10^6$ - $2 \times 10^1$  copie per reazione) analizzate sul sistema BD MAX™ [canale 475/520 (FAM)].

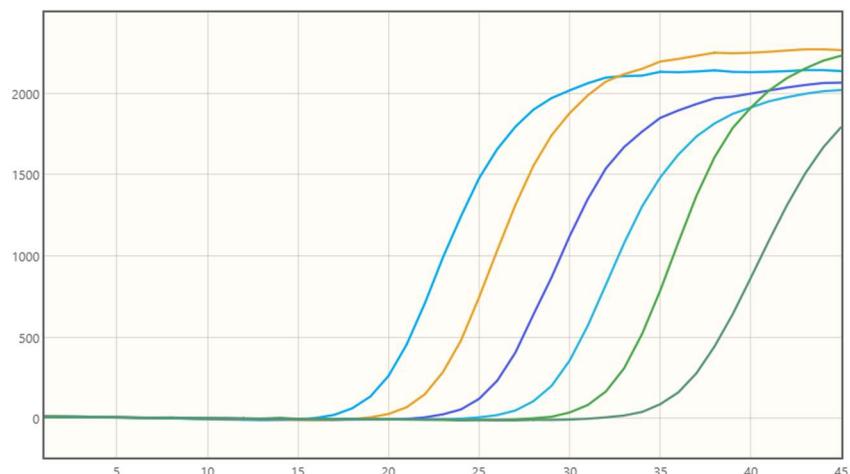


Figura 3. Serie di diluizioni dei modelli di Influenza B ( $2 \times 10^6$ - $2 \times 10^1$  copie per reazione) analizzate sul sistema BD MAX™ [canale 585/630 (ROX)].

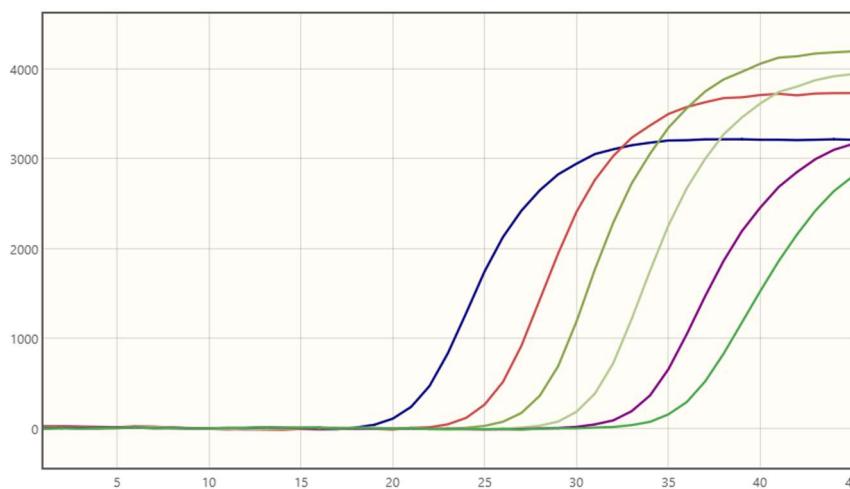


Figura 4. Serie di diluizioni dei modelli di RSV ( $2 \times 10^6$ - $2 \times 10^1$  copie per reazione) analizzate sul sistema BD MAX™ [canale 630/665 (Cy5)].

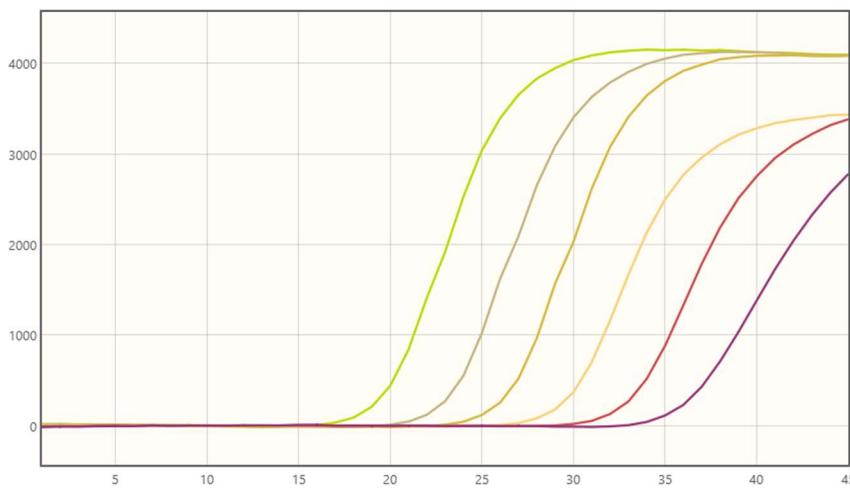


Figura 5. Serie di diluizioni del SARS-CoV-2 (N1 + N2) ( $9,9 \cdot 10^4$ - $9,9 \cdot 10^0$  e  $5,0 \cdot 10^0$  copie di genoma per reazione) realizzata sul sistema BD MAX™ [canale 475/520 (FAM)].

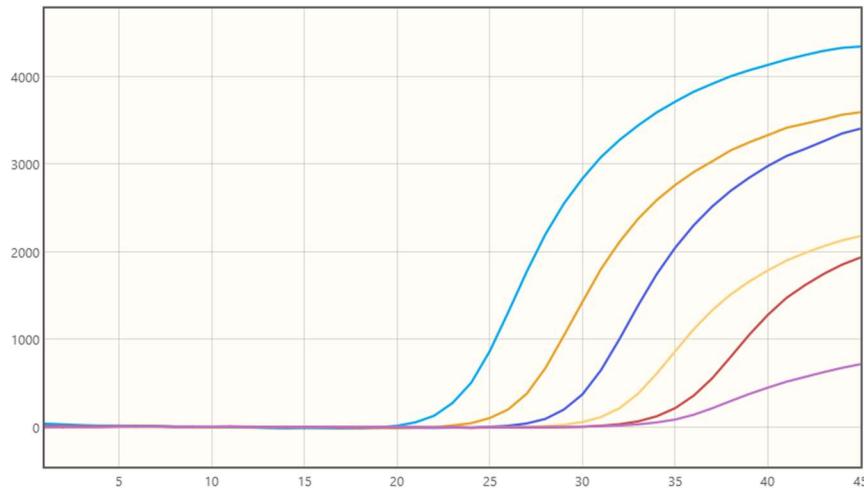
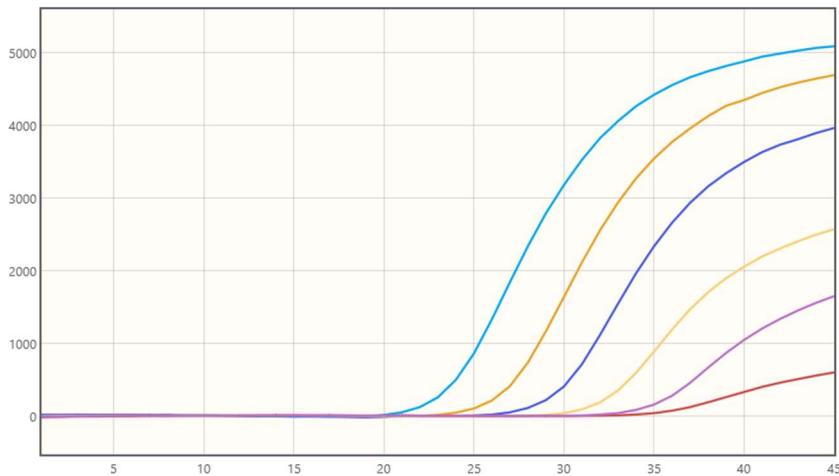


Figura 6. Serie di diluizioni del SARS-CoV-2 (N1 + N2) ( $9,9 \cdot 10^4$ - $9,9 \cdot 10^0$  e  $5,0 \cdot 10^0$  copie di genoma per reazione) realizzata sul sistema BD MAX™ [canale 630/665 (Cy5)].



### 12.3. Specificità analitica

La specificità del test SARS-CoV-2, Influenza (A+B) e RSV è stata confermata testando un pannello formato da diversi microrganismi che rappresentano i più comuni patogeni respiratori. Non è stata rilevata alcuna reattività incrociata tra i seguenti microrganismi testati, a eccezione dei patogeni bersaglio di ciascun test:



Test di reattività incrociata					
Adenovirus umano sierotipi 1-5, 8, 15, 31, 40 e 41	-	Virus Influenza A/Netherlands/398/2014 (H3N2) (clade 3C.3a)	- / +	Virus Influenza A/chicken/Hong Kong/G9/1997 x PR8-IBCDC-2 (H9N2)	- / +
Bocavirus	-	Virus Influenza A/Netherlands/2393/2015 (H3N2) (clade 3C.2a)	- / +	Virus Influenza A/Chicken/Myanmar/433/2016 (H9N2)	- / +
<i>Bordetella bronchiseptica</i>	-	Virus Influenza A/Newcastle/607/2019 (H3N2)	- / +	Virus Influenza A/Hong Kong/1073/99 (H9N2)	- / +
<i>Bordetella holmesii</i>	-	Virus Influenza A/New York/39/2012 (H3N2)	- / +	Virus Influenza A/Hong Kong/33982/2009 (H9N2) x PR8-IDCDC-RG26	- / +
<i>Bordetella parapertussis</i>	-	Virus Influenza A/Ohio/2/2012 (H3N2)	- / +	Virus Influenza B/Brisbane/60/2008	- / +
<i>Bordetella pertussis</i>	-	Virus Influenza A/Perth/1001/2018 (H3N2)	- / +	Virus Influenza B/Colorado/6/2017	- / +
<i>Chlamydia caviae</i>	-	Virus Influenza A/Singapore/INFIMH-16-0019/2016 (H3N2)	- / +	Virus Influenza B/Malaysia/2506/2004	- / +
<i>Chlamydia psittaci</i> genotipo A e C	-	Virus Influenza A/South Australia/55/2014 (H3N2)	- / +	Virus Influenza B/Maryland/15/2016	- / +
<i>Chlamydophila pneumoniae</i> CM-1	-	Virus Influenza A/South Australia/55/2014, IVR-175 (H3N2)	- / +	Virus Influenza B/Netherlands/207/06	- / +
Coronavirus umani 229E, OC43, NL63 e HKU1	-	Virus influenza A/Switzerland/9715293/2013 (H3N2)	- / +	Virus Influenza B/Netherlands/2518/2016 (clade 1A)	- / +
Coronavirus MERS	-	Virus Influenza A/Texas/50/2012 (H3N2)	- / +	Virus Influenza B/Nevada/3/2011	- / +
SARS Coronavirus ceppo Frankfurt 1	-	Virus Influenza A/Thüringen/5/2017 (H3N2) (clade 3C2a.1)	- / +	Virus Influenza B/New Jersey/1/2012	- / +
Virus SARS-CoV-2 ceppo BetaCoV/Germany/BavPat1/2020 p.1	- / +	Virus Influenza A/Uruguay/716/2007 (H3N2) (NYMC X-175C)	- / +	Virus Influenza B/Texas/02/2013	- / +
Virus SARS-CoV-2 ceppo 2019-nCoV/Italy-INMI1	- / +	Virus Influenza A/Victoria/210/2009(H3N2)	- / +	Virus Influenza B/Townsville/8/2016	- / +
Virus SARS-CoV-2 isolato Australia/VIC01/2020	- / +	Virus dell'Influenza A/Victoria/361/2011 (H3N2)	- / +	Virus Influenza B/Canberra/11/2016	- / +
Virus SARS-CoV-2 isolato Wuhan-Hu-1	- / +	Virus Influenza A/Victoria/361/2011 IVR-165 (H3N2)	- / +	Virus Influenza B/Florida/4/2006	- / +
Virus SARS-CoV-2 ceppo 2019nCoV/USAWA1/2020	- / +	Virus Influenza A/Anhui/01/2005 (H5N1)	- / +	Virus Influenza B/Florida/07/2004	- / +
Enterovirus 68 e 71	-	Virus Influenza A/Anhui/01/2005 x PR8-IBCDC-RG6 (H5N1)	- / +	Virus Influenza B/Guangdong/120/2000	- / +
Enterovirus Echovirus 11 e 30	-	Virus Influenza A/chicken/Vietnam/NCVD-016/2008 (H5N1)	- / +	Virus Influenza B/Hubei Wujiagang/158/2009 (NYMC BX-39)	- / +



Test di reattività incrociata					
Enterovirus Coxsackievirus A24, A9 e B3	-	Virus Influenza A/chicken/Vietnam/NCVD-016/2008 x PR8-IDCDC-RG12 (H5N1)	- / +	Virus Influenza B/ Jiangsu/10/2003	- / +
Haemophilus influenzae MinnA	-	Virus Influenza A/chicken/Vietnam/NCVD-03/08 (H5N1) - PR8-IDCDC-RG25a	- / +	Virus Influenza B/Massachusetts/2/2012	- / +
Virus Influenza A/Brisbane/02/2018, IVR-190 (H1N1)pdm09	- / +	Virus Influenza A/chicken/Yunnan/1251/2003 (H5N1)	- / +	Virus Influenza B/Netherlands/365/2016 (clade 3)	- / +
Virus Influenza A/California/7/2009(H1N1)pdm09	- / +	Virus Influenza A/common magpie/Hong Kong/645/2006 (H5N1)	- / +	Virus Influenza B/Phuket/3073/2013	- / +
Virus Influenza A/Dominican Republic/7293/2013 (H1N1)pdm09	- / +	Virus Influenza A/duck/Hunan/795/2002 (H5N1)	- / +	Virus Influenza B/Texas/06/2011	- / +
Virus Influenza A/Massachusetts/15/2013 (H1N1)pdm09	- / +	Virus Influenza A/Egypt/321/2007 (H5N1)	- / +	Virus Influenza B/Wisconsin/1/2010	- / +
Virus Influenza A/Michigan/45/2015 (H1N1)pdm09	- / +	Virus Influenza A/Egypt/321/2007 x PR8-IDCDC-RG11 (H5N1)	- / +	Virus Influenza B/Wisconsin/1/2010 BX-41A	- / +
Virus Influenza A/Netherlands/1250/2016 (H1N1)pdm09 (clade 6B.1)	- / +	Virus Influenza A/Egypt/3300-NAMRU3/2008 x PR8-IDCDC-RG13 (H5N1)	- / +	Legionella bozemanii	-
Virus Influenza A/New Caledonia/20/99(H1N1)	- / +	Virus Influenza A/Egypt/N03072/2010 (H5N1) x PR8-IDCDC-RG29	- / +	Legionella dumoffii	-
Virus Influenza A/New York/18/2009 (H1N1)pdm09	- / +	Virus Influenza A/Hong Kong/213/2003 (H5N1)	- / +	Legionella longbeachae	-
Virus Influenza A/Singapore/GP1908/2015, IVR-180 (H1N1)pdm09	- / +	Virus Influenza A/Hubei/1/2010 (H5N1) x PR8-IDCDCRG30	- / +	Legionella micdadei	-
Virus Influenza A/Sydney/134/2018 (H1N1)pdm09	- / +	Virus Influenza A/India/NIV/2006 xPR8-IBCDC-RG7 (H5N1)	- / +	Legionella pneumophila	-
Virus Influenza A/Victoria/2040/2018 (H1N1)pdm09	- / +	Virus Influenza A/Japanese white eye/Hong Kong/1038/2006 (H5N1)	- / +	Metapneumovirus umano A e B	-
Virus Influenza A/PR/8/34 (H1N1)	- / +	Virus Influenza A/Vietnam/1194/2004 (H5N1)	- / +	Moraxella catarrhalis	-
Virus Influenza A/Brisbane/117/2018 (H3N2)	- / +	Virus influenza A/Vietnam/1194/2004 (NIBRG-14) (H5N1)	- / +	Mycoplasma pneumoniae	-
Virus Influenza A/Brisbane/1028/2017 (H3N2)	- / +	Virus Influenza A/Vietnam/1203/2004 x PR8-IBCDC-RG (H5N1)	- / +	Mycobacterium tuberculosis non resistente alla rifampicina	-
Virus Influenza A/Fujian/411/2002 (H3N2)	- / +	Virus Influenza A/Whooper Swan/R65/2006 (H5N1)	- / +	Virus parainfluenza umani 1, 2, 3 e 4	-
Virus Influenza A/Hiroshima//52/2005 (IVR-142) (H3N2)	- / +	Virus Influenza A/pheasant/New Jersey/1355/1998 (H5N2)-PR8-IBCDC-4	- / +	Pneumocystis jirovecii tipo A1 e g885652	-



Test di reattività incrociata					
Virus Influenza A/Hong Kong/4801/2014 (H3N2)	- / +	Virus Influenza A/Duck/Singapore-Q/F119-3/97 (H5N3)	- / +	Rhinovirus umano di tipo C	-
Virus Influenza A/Hong Kong/4801/2014, NYMC X-263B (H3N2)	- / +	Virus Influenza A/Duck/Lao/XBY004/2014 (H5N6) (clade 2.3.4.4)	- / +	Staphylococcus aureus subsp. aureus	-
Virus Influenza A/Indiana/8/2011 (H3N2)	- / +	Virus Influenza A/DE-SH/Reiherente/AR8444/ 2013 (H5N8)	- / +	Staphylococcus epidermidis	-
Virus Influenza A/Indiana/10/2011 (H3N2)v	- / +	Virus Influenza A/Turkey/Germany/R2485-86/2014 (H5N8)	- / +	Streptococcus pneumoniae Z022	-
Virus Influenza A/Kansas/14/2017 (H3N2)	- / +	Virus Influenza A/turkey/Virginia/2002 x PR8-IBCDC-5 (H7N2)	- / +	Streptococcus pyogenes	-
Virus Influenza A/Kansas/14/2017, NYMC X-327 (H3N2)	- / +	Virus Influenza A/Mallard/Netherlands/2/2009 (H7N7)	- / +	Streptococcus salivarius	-
Virus Influenza A/Kumamoto/102/2002 (H3N2)	- / +	Virus Influenza A/Mallard/Netherlands/12/2000 (H7N7) - IBCDC-1	- / +	Virus respiratorio sinciziale (RSV) A e B [ceppo CH93(18)-18]	- / +
Virus Influenza A/Minnesota/11/2010 (H3N2)v	- / +	Virus Influenza A/Anhui/1/2013 (H7N9)	- / +	Virus respiratorio sinciziale umano ceppo Long	- / +
Virus Influenza A/Minnesota/11/2010 X203 (H3N2)v	- / +	Virus Influenza A/Guangdong/17SF003/2016 (H7N9)	- / +		

Tabella 14. Microrganismi patogeni di riferimento utilizzati in questo studio.

## 12.4. Reattività analitica

La reattività del VIASURE SARS-CoV-2, Flu (A+B) & RSV Real Time PCR Detection Kit for BD MAX™ System per **SARS-CoV-2** è stato valutato utilizzando RNA derivato dal ceppo di 2019-nCoV umano BetaCoV/Germany/BavPat1/2020 p.1, dal ceppo di 2019-nCoV umano 2019-nCoV/Italy-INMI1, dal ceppo di SARS-CoV-2 umano 2019nCoV/USA-WA1/2020, dai controlli di RNA sintetico per due varianti del virus SARS-CoV-2: MT007544.1 (SARS-CoV2 isolato Australia/VIC01/2020) e MN908947.3 (SARS-CoV-2 isolato Wuhan-Hu-1), hanno mostrato un risultato positivo.

La reattività del VIASURE SARS-CoV-2, Flu (A+B) & RSV Real Time PCR Detection Kit for BD MAX™ System per **Influenza A** è stato valutato utilizzando RNA estratto dai seguenti ceppi: Virus Influenza A/Brisbane/02/2018, IVR-190 (H1N1)pdm09, virus Influenza A/California/7/2009(H1N1)pdm09, virus Influenza A/Dominican Republic/7293/2013 (H1N1)pdm09, virus Influenza A/Massachusetts/15/2013 (H1N1)pdm09, virus Influenza A/Michigan/45/2015 (H1N1)pdm09, virus Influenza A/Netherlands/1250/2016 (H1N1)pdm09 (clade 6B.1), virus Influenza A/New Caledonia/20/99(H1N1), virus Influenza A/New York/18/2009 (H1N1)pdm09, virus Influenza A/Singapore/GP1908/2015, virus IVR-180 (H1N1)pdm09, virus Influenza A/Sydney/134/2018 (H1N1)pdm09, virus Influenza A/Victoria/2040/2018 (H1N1)pdm09, virus Influenza A/PR/8/34 (H1N1), virus Influenza A/Brisbane/117/2018 (H3N2), virus Influenza A/Brisbane/1028/2017 (H3N2), virus Influenza A/Fujian/411/2002 (H3N2), virus Influenza A/Hiroshima//52/2005 (IVR-142) (H3N2), virus Influenza A/Hong Kong/4801/2014 (H3N2), virus Influenza A/Hong



Kong/4801/2014 NYMC X-263B (H3N2), virus Influenza A/Indiana/8/2011 (H3N2)v, virus Influenza A/Indiana/10/2011 (H3N2)v, virus Influenza A/Kansas/14/2017 (H3N2), virus virus Influenza A/Kansas/14/2017, NYMC X-327 (H3N2), virus Influenza A/Kumamoto/102/2002 (H3N2)virus, virus Influenza A/Minnesota/11/2010 (H3N2)v, virus Influenza A/Minnesota/11/2010 X203 (H3N2)v, virus Influenza A/Netherlands/398/2014 (H3N2) (clade 3C.3a), virus Influenza A/Netherlands/2393/2015 (H3N2) (clade 3C.2a), virus Influenza A/Newcastle/607/2019 (H3N2), virus Influenza A/New York/39/2012 (H3N2), virus Influenza A/Ohio/2/2012 (H3N2), virus Influenza A/Perth/1001/2018 (H3N2), virus Influenza A/Singapore/INFIMH-16-0019/2016 (H3N2), virus Influenza A/South Australia/55/2014 (H3N2), virus Influenza A/South Australia/55/2014, IVR-175 (H3N2), virus Influenza A/Switzerland/9715293/2013 (H3N2), virus Influenza A/Texas/50/2012 (H3N2), virus Influenza A/Thüringen/5/2017 (H3N2) (clade 3C2a.1), virus Influenza A/Uruguay/716/2007 (H3N2)(NYMC X-175C), virus Influenza A/Victoria/210/2009(H3N2), virus Influenza A/Victoria/361/2011 (H3N2), virus Influenza A/Victoria/361/2011 IVR-165 (H3N2), virus Influenza A/Anhui/01/2005 (H5N1), virus Influenza A/Anhui/01/2005 x PR8-IBCDC-RG6 (H5N1), virus Influenza A/chicken/Vietnam/NCVD-016/2008 (H5N1), virus Influenza A/chicken/Vietnam/NCVD-016/2008 x PR8-IDCDC-RG12 (H5N1), virus Influenza A/chicken/Vietnam/NCVD-03/08 (H5N1) - PR8-IDCDC-RG25a, virus Influenza A/chicken/Yunnan/1251/2003 (H5N1), virus Influenza A/common magpie/Hong Kong/645/2006 (H5N1), virus Influenza A/duck/Hunan/795/2002 (H5N1), virus Influenza A/Egypt/321/2007 (H5N1), virus Influenza A/Egypt/321/2007 x PR8-IDCDC-RG11 (H5N1), virus Influenza A/Egypt/3300-NAMRU3/2008 x PR8-IDCDC-RG13 (H5N1), virus Influenza A/Egypt/N03072/2010 (H5N1) x PR8-IDCDC-RG29, virus Influenza A/Hong Kong/213/2003 (H5N1), virus Influenza A/Hubei/1/2010 (H5N1) x PR8-IDCDCRG30, virus Influenza A/India/NIV/2006 xPR8-IBCDC-RG7 (H5N1), virus Influenza A/Japanese white eye/Hong Kong/1038/2006 (H5N1), virus Influenza A/Vietnam/1194/2004 (H5N1), virus Influenza A/Vietnam/1194/2004 (NIBRG-14) (H5N1), virus Influenza A/Vietnam/1203/2004 x PR8-IBCDC-RG (H5N1), virus Influenza A/Whooper Swan/R65/2006 (H5N1), virus Influenza A/pheasant/New Jersey/1355/1998 (H5N2)-PR8-IBCDC-4, virus Influenza A/Duck/Singapore-Q/F119-3/97 (H5N3), virus Influenza A/Duck/Lao/XBY004/2014 (H5N6) (clade 2.3.4.4), virus Influenza A/DE-SH/Reiherente/AR8444/2016 (H5N8), virus Influenza A/Turkey/Germany/R2485-86/2014 (H5N8), virus Influenza A/turkey/Virginia/2002 x PR8-IBCDC-5 (H7N2), virus Influenza A/Mallard/Netherlands/2/2009 (H7N7), virus Influenza A/Mallard/Netherlands/12/2000 (H7N7) - IBCDC-1, virus Influenza A/Anhui/1/2013 (H7N9), virus Influenza A/Guangdong/17SF003/2016 (H7N9), virus Influenza A/Chicken/Hong Kong/G9/1997 x PR8-IBCDC-2 (H9N2), virus Influenza A/Chicken/Myanmar/433/2016 (H9N2), virus Influenza A/Hong Kong/1073/99 (H9N2), virus Influenza A/Hong Kong/33982/2009 (H9N2) x PR8-IDCDC-RG26 hanno mostrato un risultato positivo.

La reattività del VIASURE SARS-CoV-2, Flu (A+B) & RSV Real Time PCR Detection Kit for BD MAX™ System per **Influenza B** è stato valutato utilizzando RNA estratto dai seguenti ceppi: Virus Influenza B/Brisbane/60/2008, virus Influenza B/Colorado/6/2017, virus Influenza B/Malaysia/2506/2004, virus Influenza B/Maryland/15/2016, virus Influenza B/Netherlands/207/06, virus Influenza B/Netherlands/2518/2016 (clade 1A), virus Influenza B/Nevada/3/2011, virus Influenza B/New Jersey/1/2012, virus Influenza B/Texas/02/2013, virus Influenza B/Townsville/8/2016 (**B/linea Victoria**); virus Influenza B/Canberra/11/2016, virus Influenza B/Florida/4/2006, virus Influenza B/Florida/07/2004, virus Influenza B/Guangdong/120/2000, virus Influenza B/Hubei Wujiagang/158/2009 (NYMC BX-39), virus Influenza B/Jiangsu/10/2003, virus Influenza B/Massachusetts/2/2012, virus Influenza B/Netherlands/365/2016 (clade 3), virus Influenza B/Phuket/3073/2013, virus Influenza B/Texas/06/2011, virus Influenza B/Wisconsin/1/2010, virus Influenza B/Wisconsin/1/2010 BX-41A (**B/linea Yamagata**) hanno mostrato un risultato positivo.



La reattività del VIASURE SARS-CoV-2, Flu (A+B) & RSV Real Time PCR Detection Kit for BD MAX™ System per **RSV** è stata confermata utilizzando RNA estratto da RSV A e B [ceppo CH93 (18)-18] e virus respiratorio sinciziale umano ceppo Long, mostrando un risultato positivo.

## 13. Bibliography/Bibliografia

1. Huang, C. et al. Clinical features of patients infected with 2019 novel coronavirus in Wuhan, China. *The Lancet*, 2020. DOI : 10.1016/S0140-6736(20)30183-5.
2. Zhu N. et al. A novel coronavirus from patients with pneumonia in China, 2019. *New England Journal of Medicine*, 2020. DOI : 10.1056/NEJMoa2001017.
3. World Health Organization. MERS situation update. January 2020. Available from <https://applications.emro.who.int/docs/EMCSR254E.pdf?ua=1> Accessed September 2020.
4. Chen N. et al.. Epidemiological and Clinical Characteristics of 99 Cases of 2019-Novel Coronavirus (2019-nCoV) Pneumonia in Wuhan, China. *The Lancet*, 2020. DOI: 10.1016/S0140-6736(20)30211-7.
5. Lv D.F. et al. Dynamic change process of target genes by RT-PCR testing of SARS-CoV-2 during the course of a Coronavirus Disease 2019 patient. *Clinica Chimica Acta* 2020; 506: 172-175.
6. World Health Organization. Clinical management of COVID-19 disease" Interim guidance 27 May 2020. Available from <https://www.who.int/publications/i/item/clinical-management-of-covid-19> Accessed September 2020.
7. Lu R. et al. Genomic characterisation and epidemiology of 2019 novel coronavirus: implications for virus origins and receptor binding. *The Lancet*, 2020. DOI : 10.1016/S0140-6736(20)30251-8.
8. Rothe C. et al. Transmission of 2019-nCoV Infection from an Asymptomatic Contact in Germany. *New England Journal of Medicine*, 2020. DOI : 10.1056/NEJMc2001468.
9. Centers of Disease Control and Prevention (CDC). Coronavirus Disease 2019 (COVID-19), Symptoms of Coronavirus. Available from <https://www.cdc.gov/coronavirus/2019-ncov/about/symptoms.html> Accessed September 2020.
10. Centers of Disease Control and Prevention (CDC). Coronavirus Disease 2019 (COVID-19), Older Adults. Available from <https://www.cdc.gov/coronavirus/2019-ncov/need-extra-precautions/older-adults.html> Accessed September 2020.
11. World Health Organization. Laboratory testing for 2019 novel coronavirus (2019-nCoV) in suspected human cases. Interim guidance. 19 March 2020. Available from <https://www.who.int/publications-detail/laboratory-testing-for-2019-novel-coronavirus-in-suspected-human-cases-20200117> Accessed September 2020.
12. Yan Y et al. Laboratory testing of SARS-CoV, MERS-CoV, and SARS-CoV-2 (2019-nCoV): Current status, challenges, and countermeasures. *Reviews in Medical Virology* 2020; 30(3):e2106.
13. Centers of Disease Control and Prevention (CDC). 2019-Novel Coronavirus (2019-nCoV) Real-time rRT-PCR Panel Primers and Probes. <https://www.cdc.gov/coronavirus/2019-ncov/downloads/rt-pcr-panel-primer-probes.pdf> Accessed September 2020.
14. Chu D.K.W. et al. Molecular Diagnosis of a Novel Coronavirus (2019-nCoV) Causing an Outbreak of Pneumonia. *Clinical Chemistry* 2020;66(4): 549-555.



15. Corman V.M. et al. Detection of 2019 novel coronavirus (2019-nCoV) by real-time RT-PCR. *European communicable disease bulletin* 2020;25(3).
16. European Centre for Disease Prevention and Control. Novel coronavirus disease 2019 (COVID-19) pandemic: increased transmission in the EU/EEA and the UK – sixth update – 12 March 2020. Stockholm: ECDC; 2020. Available from <https://www.ecdc.europa.eu/sites/default/files/documents/RRA-sixth-update-Outbreak-of-novel-coronavirus-disease-2019-COVID-19.pdf> Accessed September 2020.
17. Lim, Y. X., Ng, Y. L., Tam, J. P., & Liu, D. X. (2016). Human coronaviruses: a review of virus–host interactions. *Diseases*, 4(3), 26.
18. McBride R. et al. The coronavirus nucleocapsid is a multifunctional protein. *Viruses* 2014; 6(8):2991-3018.
19. Sheikh A. et al. Analysis of preferred codon usage in the coronavirus N genes and their implications for genome evolution and vaccine design. *Journal of Virological Methods* 2020; 277:113806.
20. World Health Organization. Laboratory testing strategy recommendations for COVID-19: interim guidance Interim guidance. 21 March 2020. Available from <https://www.who.int/publications/i/item/laboratory-testing-strategy-recommendations-for-covid-19-interim-guidance> Accessed September 2020.
21. G. Neumann et al. Transmission of Influenza A viruses. *Virology* 2015; 234-246.
22. Y. Yang et al. Simultaneous typing and HA/NA subtyping of influenza A and B viruses including the pandemic influenza A/H1N1 2009 by multiplex real-time RT-PCR. *Journal of Virological Methods* 2010; 167(1): 37-44.
23. R.L. Kuo et al. Influenza A/B virus detection and influenza A virus subtyping with emphasis on the novel H7N9 virus by using multiplex real-time RT-PCR. *Journal of Virological Methods* 2014; 208:41-46.
24. World Health Organization. WHO information for molecular diagnosis of influenza virus—update. Available from: [https://www.who.int/influenza/gisrs\\_laboratory/molecular\\_diagnosis/en/](https://www.who.int/influenza/gisrs_laboratory/molecular_diagnosis/en/) . Accessed September 2020.
25. S. Subhash Bawage et al. Recent Advances in Diagnosis, Prevention, and Treatment of Human Respiratory Syncytial Virus. *Advances in Virology* 2013.
26. French, et al. Risk of nosocomial respiratory syncytial virus infection and effectiveness of control measures to prevent transmission events: a systematic review. *Influenza and Other Respiratory Viruses* 2016.
27. X. Yu et al. Human respiratory syncytial virus in children with lower respiratory tract infections or influenza-like illness and its co-infection characteristics with viruses and atypical bacteria in Hangzhou, China. *Journal of Clinical Virology* 2015; 69:1-6.
28. N. Mazur et al. Lower respiratory tract infection caused by respiratory syncytial virus: current management and new therapeutics. *The Lancet Respiratory Medicine* 2015; 3: 888-900.
29. F. de-Paris et al. Optimization of one-step duplex real-time RT-PCR for detection of influenza and respiratory syncytial virus in nasopharyngeal aspirates. *Journal of Virological Methods* 2012; 186(1-2): 189-192.
30. A. Hu et al. Simultaneous detection, subgrouping, and quantitation of respiratory syncytial virus A and B by real-time PCR. *Journal of Clinical Microbiology* 2003; 41(1): 149-154.
31. M. Hindiyeh et al. Evaluation of Simplexa Flu A/B & RSV for direct detection of influenza viruses (A and B) and respiratory syncytial virus in patient respiratory samples. *Journal of Clinical Microbiology* 2013; 51(7): 2421-2424.



## 14. Symbols for IVD components and reagents/Simboli per reagent e component IVD

<b>IVD</b>	<i>In vitro diagnostic device</i> Dispositivo per uso diagnostico <i>in vitro</i> .		<i>Keep dry</i> Mantenere asciutto		<i>Use by</i> Usare entro		<i>Manufacturer</i> Produttore	<b>LOT</b>	<i>Batch code (Lot)</i> Codice lotto
	<i>Consult Instructions for Use</i> Consultare le istruzioni per l'uso		<i>Temperature limitation</i> Limitazione temperatura		<i>Contains sufficient for &lt;n&gt; test</i> Contenuto sufficiente per <n> test	DIL	<i>Sample diluent</i> Diluente	<b>REF</b>	<i>Catalognumber</i> Numero catalogo

BD MAX™ is a registered trademark of Becton, Dickinson and Company.





**CerTest Biotec, S.L.**

Pol. Industrial Rio Gállego II · Calle J, Nº1  
50840, San Mateo de Gállego, Zaragoza (Spain)  
[www.certest.es](http://www.certest.es)



VIASURE online

F-362 rev01

**VIASURE**



Real Time PCR Detection Kits

**CerTest**  
BIOTEC