

VIASURE

Real Time PCR Detection Kits

by CerTest
BIOTEC

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

Handbook for the following references/

Manual para as seguintes referências:

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

para ser utilizado com o 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
VS-ABR212R	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
VS-NCO312	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
VS-RB09	Rehydration Buffer tube	Solution to reconstitute the stabilized product	Transparent Orange or 11 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.

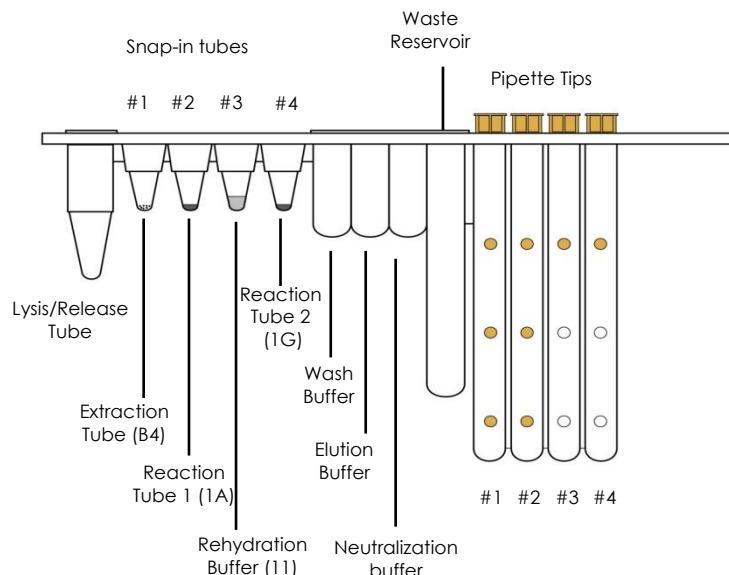
8.3.2. BD MAX™ Rack set up

- 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 ($N1 + N2$) 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
+	+	+	+/- ¹	Flu A, Flu B and RSV RNA Detected¹
+	-	-	+/- ¹	Flu A RNA Detected, Flu B and RSV RNA Not Detected¹
+	+	-	+/- ¹	Flu A and Flu B RNA Detected, and RSV RNA Not Detected¹
+	-	+	+/- ¹	Flu A and RSV RNA Detected, and Flu B RNA Not Detected¹
-	+	-	+/- ¹	Flu B RNA Detected, Flu A and RSV RNA Not Detected¹
-	+	+	+/- ¹	Flu B and RSV RNA Detected, Flu A RNA Not Detected¹
-	-	+	+/- ¹	RSV RNA Detected, Flu A and Flu B RNA Not Detected¹
-	-	-	+ ²	Flu A, Flu B and RSV RNA Not Detected²
-	-	-	- ²	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.²
IND	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	INC	Incomplete assay result (INC). Due to BD MAX™ System failure. Assay result displayed in case of failure to complete run.

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
+	+/- ³	+	SARS-CoV-2 N gene RNA Detected³
+ ⁴	+/- ³	-	SARS-CoV-2 N gene RNA Detected^{3,4}
-	+/- ³	+ ⁴	SARS-CoV-2 N gene RNA Detected^{3,4}
-	+ ⁵	-	SARS-CoV-2 N gene RNA Not Detected⁵
-	- ⁵	-	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. ⁵
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 ≥ 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:



Flu A, B & RSV reaction tube	cobas® Influenza A/B & RSV (Roche)			
		+	-	Total
	+	157	2*	159
	-	7*	178	185
	Total	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.

Flu A, Flu B & RSV reaction tube	cobas® Influenza A/B & RSV (Roche)			
		+	-	Total
	+	99	4*	103
	-	1*	240	241
	Total	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.

Flu A, Flu B & RSV reaction tube	cobas® Influenza A/B & RSV (Roche)			
		+	-	Total
	+	22	4*	26
	-	3*	315	318
	Total	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 ≥ 10 genome copies per reaction for Flu A, ≥ 20 genome copies per reaction for Flu B, ≥ 2 genome copies per reaction for RSV and ≥ 5 genome copies per reaction for SARS-CoV-2 with a positive rate of $\geq 95\%$ (Figures 2, 3, 4, 5 and 6).

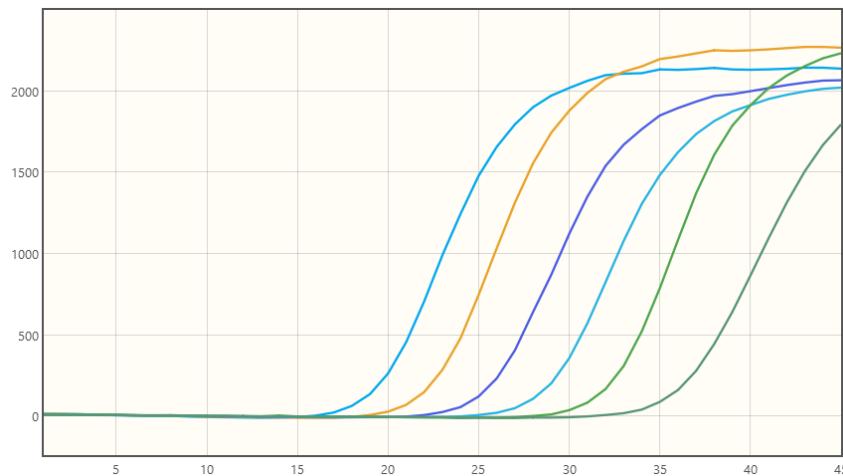
Figure 2. Dilution series of Flu A (2×10^6 - 2×10^1 copies per reaction) template run on the BD MAX™ System (475/520 (FAM) channel).

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

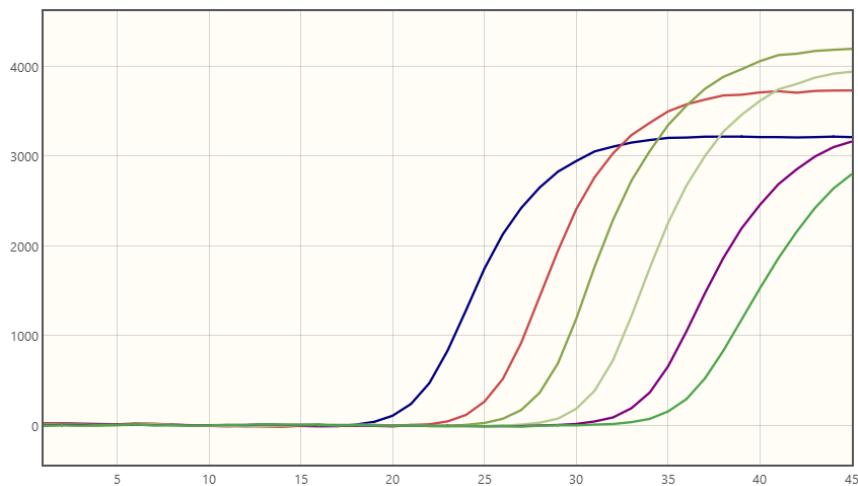


Figure 4. Dilution series of RSV (2×10^6 - 2×10^1 copies per reaction) template run on the BD MAX™ System (630/665 (Cy5) channel).

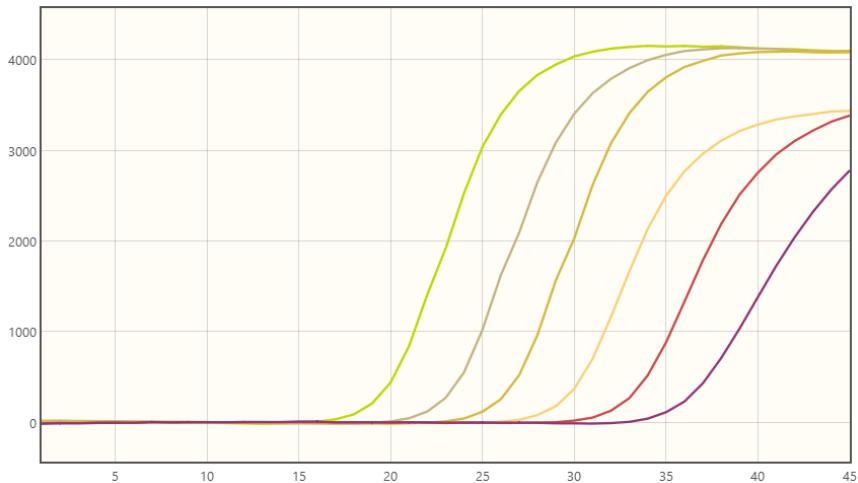


Figure 5. Dilution series of SARS-CoV-2 (N1 + N2) (9.9×10^4 - 9.9×10^0 and 5.0×10^0 genome copies per reaction) template run on the BD MAX™ System (475/520 (FAM) channel).

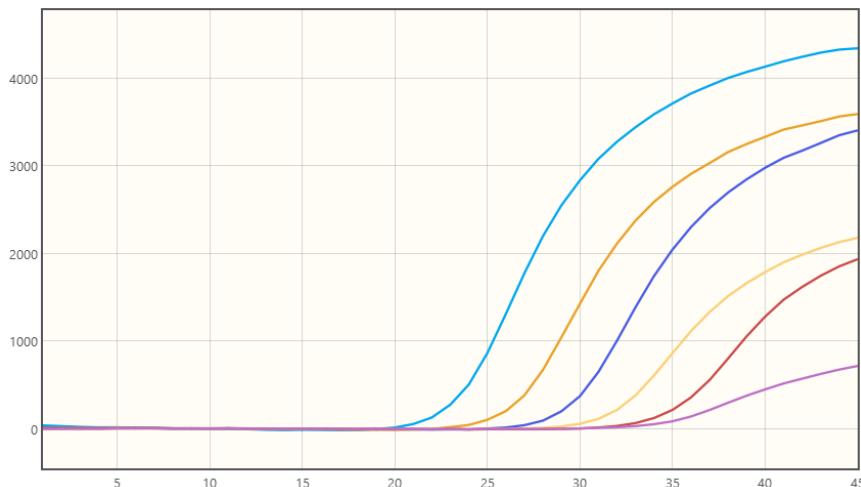
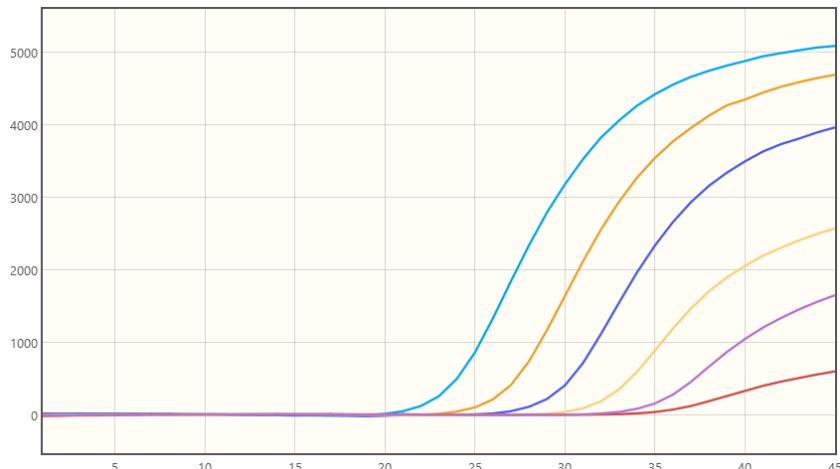


Figure 6. Dilution series of SARS-CoV-2 (N1 + N2) (9.9×10^4 - 9.9×10^0 and 5.0×10^0 genome copies per reaction) template run on the BD MAX™ System (630/665 (Cy5) channel).



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	-/+	Legionella bozemani	-	
Influenza A/New Caledonia/20/99(H1N1) virus	-/+	Influenza A/Egypt/N03072/2010 (H5N1) x PR8-IDCDC-RG29 virus	-/+	Legionella dumoffii	-	
Influenza A/New York/18/2009 (H1N1)pdm09 virus	-/+	Influenza A/Hong Kong/213/2003 (H5N1) virus	-/+	Legionella longbeachae	-	



Cross-reactivity testing						
Influenza A/Singapore/GP1908/2015, IVR-180 (H1N1)pdm09 virus	-/+	Influenza A/Hubei/1/2010 (H5N1) x PR8-IDCDCRG30 virus	-/+	<i>Legionella micdadei</i>	-	
Influenza A/Sydney/134/2018 (H1N1)pdm09 virus	-/+	Influenza A/India/NIV/2006 xPR8-IBCDC-RG7 (H5N1) virus	-/+	<i>Legionella pneumophila</i>	-	
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	-/+	<i>Moraxella catarrhalis</i>	-	
Influenza A/Brisbane/117/2018 (H3N2) virus	-/+	Influenza A/Vietnam/1194/2004 (NIBRG-14) (H5N1) virus	-/+	<i>Mycoplasma pneumoniae</i>	-	
Influenza A/Brisbane/1028/2017 (H3N2) virus	-/+	Influenza A/Vietnam/1203/2004 x PR8-IBCDC-RG (H5N1) virus	-/+	<i>Mycobacterium tuberculosis</i> 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	-/+	<i>Pneumocystis jirovecii</i> 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	-/+	<i>Staphylococcus aureus</i> subsp. <i>aureus</i>	-	
Influenza A/Indiana/8/2011 (H3N2)v virus	-/+	Influenza A/DE-SH/Reiherente/AR8444/2013 (H5N8) virus	-/+	<i>Staphylococcus epidermidis</i>	-	
Influenza A/Indiana/10/2011 (H3N2)v virus	-/+	Influenza A/Turkey/Germany/R2485-86/2014 (H5N8) virus	-/+	<i>Streptococcus pneumoniae</i> Z022	-	
Influenza A/Kansas/14/2017 (H3N2) virus	-/+	Influenza A/turkey/Virginia/2002 x PR8-IBCDC-5 (H7N2) virus	-/+	<i>Streptococcus pyogenes</i>	-	
Influenza A/Kansas/14/2017, NYMC X-327 (H3N2) virus	-/+	Influenza A/Mallard/Netherlands/2/2009 (H7N7) virus	-/+	<i>Streptococcus salivarius</i>	-	
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 Wujigang/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.



PORTUGUÊS

1. Utilização prevista

O VIASURE SARS-CoV-2, Flu (A+B) & RSV Real Time PCR Detection Kit for BD MAX™ System é um teste de RT-PCR em tempo real automatizado concebido para a deteção qualitativa e diferenciação de ARN dos vírus SARS-CoV-2, Influenza A (Gripe A), Influenza B (Gripe B) e/ou vírus sincicial respiratório (VSR) A/B em amostras respiratórias de indivíduos com suspeita de COVID-19 ou outra infecção respiratória pelo respetivo prestador de cuidados de saúde. Este teste destina-se a ser utilizado como um auxiliar na identificação da presença de ARN viral dos vírus SARS-CoV-2, Influenza A, Influenza B e/ou VSR. O ensaio utiliza o sistema BD MAX™ para levar a cabo a extração automática de ARN e subsequente RT-PCR em tempo real utilizando os reagentes fornecidos juntamente com reagentes universais e descartáveis para o sistema BD MAX™. O ARN é extraído de amostras respiratórias, amplificado utilizando RT-PCR e detetado utilizando sondas marcadas com moléculas fluorescentes específicas para os vírus SARS-CoV-2, Influenza A, Influenza B e/ou VSR.

2. Introdução e explicação

Os coronavírus são vírus de ARN de sentido positivo, não segmentados e encapsulados, e pertencem à família Coronaviridae. Existem seis espécies de coronavírus que se sabe causarem doenças em seres humanos. Quatro vírus (229E, OC43, NL63 e HKU1) causam sintomas de constipação comum e os outros dois (coronavírus associado à síndrome respiratória aguda grave (SARS-CoV) e o coronavírus associado a síndrome respiratória do Médio Oriente (MERS-CoV)) são zoonóticos e provocam complicações mais graves. O SARS-CoV e o MERS-CoV causaram mais de 10 000 casos cumulativos nas últimas duas décadas, com taxas de mortalidade de 34% no caso do MERS-CoV e de 10% no caso do SARS-CoV.

Em dezembro de 2019, algumas pessoas que trabalhavam ou residiam nas redondezas do mercado de peixe de Huanan em Wuhan, Província de Hubei, apresentaram pneumonia de causa desconhecida. A análise profunda de sequenciação das amostras respiratórias indicou um novo coronavírus, o qual foi inicialmente designado em 2019 por novo coronavírus (2019-nCoV) e, mais tarde, por SARS-CoV-2.

A transmissão entre humanos do SARS-CoV-2 foi confirmada, mesmo no período de incubação sem sintomas, e o vírus provoca doença respiratória grave, como a causada pelo SARS-CoV. Embora a pneumonia seja a principal doença associada, alguns doentes desenvolveram pneumonia grave, edema pulmonar, síndrome de insuficiência respiratória aguda, ou falência de múltiplos órgãos e morte. Os Centros de Prevenção e Controlo de Doenças (Centers of Disease Control and Prevention, CDC) consideram que os sintomas do SARS-CoV-2 podem surgir logo ao fim de 2 dias ou apenas ao fim de 14 dias após a exposição, sendo os mais frequentes febre ou arrepios, tosse, fadiga, anorexia, mialgia e dispneia. Dores de garganta, congestão nasal, cefaleias, diarreia, náuseas e vômitos constituem sintomas menos frequentes. Também foram relatados sintomas como perda de olfato (anosmia) ou perda de paladar (ageusia) que precedem o início dos sintomas respiratórios. Adultos mais velhos e pessoas com condições médicas preeexistentes graves como doença cardíaca ou pulmonar, ou diabetes, parecem apresentar um risco mais elevado de desenvolver complicações mais graves da doença COVID-19.



O CDC recomenda amostras do trato respiratório superior (amostras de esfregaços nasofaríngeos (NP) e orofaríngeos (OP), esfregaço nasal turbinado médio, esfregaço nasal, lavagem/aspirado nasofaríngeo ou lavagem/aspirado nasal (NW) colhidas sobretudo por um prestador de cuidados de saúde) e/ou amostras do trato respiratório inferior (expetoração, aspirado endotraqueal ou lavagem broncoalveolar em doentes com doença respiratória mais grave) para a identificação do SARS-CoV-2 e outros vírus respiratórios, como o Influenza e o VSR.

O vírus Influenza pertence à família *Orthomyxoviridae* e causam a maior parte das infecções víricas do aparelho respiratório inferior. A Influenza A e B são uma causa importante de morbilidade e mortalidade em todo o mundo, considerando que as pessoas de idade avançada e comprometidas estão especialmente em risco de desenvolver doenças graves e complicadas como a pneumonia. As pessoas com influenza, sentem algum ou todos estes sintomas: febre ou sensação febril/arrepios, tosse, dor de garganta, congestão e secreção nasal, mialgia, dor de cabeça e anorexia. O vírus influenza pode-se transmitir de pessoa para pessoa de duas formas diferentes: através do ar (gotas e aerossóis que ocorrem ao tossir e espirrar), e por contacto direto ou indireto.

O genoma dos vírus de Influenza A e B é um vírus de ARN encapsulado, de cadeia simples, formado por oito segmentos de ARN que codificam 11 ou 12 proteínas virais. O envelope viral, derivado da membrana plasmática da célula hóspede, consiste numa bicamada lipídica que contém proteínas transmembrana, como hemaglutinina (HA) e neuraminidase (NA), e proteínas da matriz M1 e M2. Os vírus Influenza A classificam-se em subtipos baseados na antigenicidade das suas moléculas "HA" e "NA" enquanto que os Influenza B dividem-se em 2 linhagens antigénicas Victoria e Yamagata.

Os vírus sinciciais respiratórios (VSR) A e B humanos pertencem à família *Paramyxoviridae* e são os agentes de causa viral mais importantes de infecções respiratórias agudas. O VSR é um vírus encapsulado cujo genoma consiste num ARN de cadeia simples linear de sentido negativo não segmentado. O Vírus Sincicial Respiratório é o principal agente causador de infecções respiratórias como bronquite, pneumonia e infecções pulmonares obstrutivas crónicas em pessoas de todas as idades. Os doentes afetados frequentemente sentem alguns ou todos estes sintomas: rinorreia, febre baixa, tosse, dor de garganta, dor de cabeça e sibilos. O VSR pode ser transmitido através de gotículas de secreções nasofaríngeas de pessoas infetadas, contacto direto, ou autoinoculação após tocar em superfícies contaminadas.

O diagnóstico clínico pode ser problemático, já que um grande número de agentes patogénicos causadores de infecções respiratórias agudas dão lugar a quadros clínicos semelhantes. Os ensaios de PCR em tempo real demonstraram ser um dos métodos de diagnóstico mais sensíveis e específicos para a deteção dos vírus SARS-CoV-2, Influenza A, Influenza B e VSR.

3. Princípio do procedimento

O VIASURE SARS-CoV-2, Flu (A+B) & RSV Real Time PCR Detection Kit for BD MAX™ System foi concebido para a identificação dos vírus SARS-CoV-2, Influenza A, Influenza B e/ou VSR em amostras respiratórias. A deteção realiza-se através de um formato RT-PCR em tempo real numa única etapa, onde a transcrição reversa e subsequente amplificação da sequência-alvo específica ocorrem no mesmo tubo de reação. O ARN visado isolado é transcrito, gerando-se ADN complementar por transcriptase reversa, seguindo-se a amplificação de duas regiões



conservadas do gene N (N1 e N2) para o SARS-CoV-2, uma região conservada do gene M1 para os vírus Influenza A e Influenza B, e uma região conservada do gene N para o VSR utilizando oligonucleótidos e sondas marcadas com fluorescência específicos.

O VIASURE SARS-CoV-2, Flu (A+B) & RSV Real Time PCR Detection Kit for BD MAX™ System baseia-se na atividade da exonuclease 5' da polimerase do ADN. Durante a amplificação do ADN, esta enzima hidroliza a sonda unida à sequência de ADN complementar, separando o fluoróforo do quencher. Esta reação gera um aumento no sinal fluorescente proporcional à quantidade do modelo alvo. Esta fluorescência é monitorizada no sistema BD MAX™.

O VIASURE SARS-CoV-2, Flu (A+B) & RSV Real Time PCR Detection Kit for BD MAX™ System é composto por dois tubos de reação diferentes. Um dos tubos deteta e diferencia o ARN dos vírus Influenza A, Influenza B e/ou VSR (selo vermelho transparente ou 1A) e o outro tubo deteta especificamente o ARN do SARS-CoV-2 (selo verde transparente ou 1G). Cada tubo contém todos os componentes necessários para ensaio de PCR em tempo real (oligonucleótidos/sondas específicos, dNTPs, tampão, polimerase, transcriptase reversa) num formato estabilizado, bem como um controlo interno (endógeno no SARS-CoV-2 reaction tube) para monitorizar o processo de extração e/ou a inibição da atividade da polimerase. O ensaio SARS-CoV-2 utiliza um gene de manutenção (housekeeping) humano como controlo interno endógeno (gene RNase P humano). Os genes de manutenção humanos estão envolvidos na manutenção celular básica e, por conseguinte, espera-se que estejam presentes em todas as células humanas nucleadas e mantenham níveis de expressão relativamente constantes. Os ARN visados são amplificados e detetados em canais específicos (475/520, 585/630 e/ou 630/665) e o controlo interno (CI) no canal 530/565. No ensaio para os vírus Influenza A, Influenza B e/ou VSR, o ARN-alvo do vírus Influenza A é amplificado e detetado no canal 475/520, o ARN-alvo do vírus Influenza B no canal 585/630, o ARN-alvo do VSR no canal 630/665 e o controlo interno (CI) deste ensaio no canal 530/565. No ensaio para o SARS-CoV-2, o alvo N2 é amplificado e detetado no canal 475/520, o alvo N1 é detetado no canal 630/665 e o controlo interno (CI) endógeno é detetado no canal 530/565.

4. Reagentes fornecidos

O VIASURE SARS-CoV-2, Flu (A+B) & RSV Real Time PCR Detection Kit for BD MAX™ System inclui os seguintes materiais e reagentes detalhados na Tabela 1:

Referência	Reagente/Material	Descrição	Cor/Código de barras	Quantidade
VS-ABR212R	Flu A, Flu B & RSV reaction tube	Uma mistura de enzimas, sondas oligonucleotídicas, tampão, dNTPs, estabilizadores e controlo interno em formato estabilizado.	Selo vermelho transparente ou 1A	2 envelopes de 12 tubos
VS-NCO312	SARS-CoV-2 (N1 + N2) reaction tube	Uma mistura de enzimas, sondas oligonucleotídicas, tampão, dNTPs, estabilizadores e controlo interno endógeno em formato estabilizado.	Selo verde transparente ou 1G	2 envelopes de 12 tubos
VS-RB09	Rehydration Buffer tube	Solução para a reconstituição do produto estabilizado	Selo laranja transparente ou 11	1 envelope de 24 tubos

Tabela 1. Reagentes e materiais fornecidos no VIASURE SARS-CoV-2, Flu (A+B) & RSV Real Time PCR Detection Kit for BD MAX™ System com o N.º de referência VS-FNR124 (444217).



5. Reagentes e equipamentos necessários e não fornecidos

A seguinte lista inclui os materiais e equipamento necessários para a utilização mas que não estão incluídos no VIASURE SARS-CoV-2, Flu (A+B) & RSV Real Time PCR Detection Kit for BD MAX™ System.

- Equipamento de PCR em tempo real: BD MAX™ System.
- BD MAX™ ExK™ TNA-3 (Ref.º:442827 ou 442828)
- BD MAX™ PCR Cartridges (Ref.º: 437519)
- Vórtice.
- Micropipetas (entre 2 e 1000 µL).
- Pontas com filtro.
- Luvas não reutilizáveis sem pó.

6. Condições de transporte e armazenamento

- O transporte e armazenamento do kit pode ser realizado de 2 a 40 °C até à data de validade indicada na etiqueta.
- Após a abertura dos envelopes de alumínio que contém os tubos de reação, estes podem ser utilizados até 28 dias.

7. Precauções para o utilizador

- O produto destina-se a ser utilizado apenas por utilizadores profissionais, como profissionais e técnicos de laboratório ou de saúde, com formação em técnicas de biologia molecular.
- Para utilização em diagnóstico *in vitro*.
- Não é recomendado utilizar o kit após a data de validade.
- Não utilizar o kit se a etiqueta de controlo da caixa exterior estiver rasgada ou danificada.
- Não utilizar os reagentes se o estojo exterior estiver aberto ou danificado aquando da receção.
- Não utilizar os reagentes se os envelopes ou as bolsas que protegem os tubos estiverem abertos ou danificados aquando da receção.
- Não utilizar os tubos de reação se o material dessecante incluído em cada envelope de alumínio não existir ou estiver danificado.
- Não remover o material dessecante dos envelopes de alumínio.
- Fechar os envelopes de alumínio que protegem os tubos de reação com o fecho zip imediatamente depois de casa utilização. Antes de fechar os envelopes, eliminar qualquer excesso de ar.
- Não utilizar os tubos de reagentes se o alumínio protetor estiver rasgado ou danificado.
- Não misturar reagentes de diferentes envelopes e/ou kits e/ou lotes.
- Proteger os reagentes da humidade. Uma exposição prolongada à humidade pode afetar o desempenho do produto.
- Proteger os componentes da luz.
- Em casos em que outros testes de PCR estejam a ser realizados na mesma área geral do laboratório, deve ter-se o cuidado de garantir que o VIASURE SARS-CoV-2, Flu (A+B) & RSV Real Time PCR Detection Kit for BD



MAX™ System, o BD MAX™ ExK™ TNA-3 Extraction Kit, eventuais reagentes adicionais necessários para o ensaio e o sistema BD MAX™ não são contaminados. Evitar sempre a contaminação microbiana e por ribonuclease (RNase)/desoxirribonuclease (DNase) dos reagentes. Recomenda-se a utilização de pontas de pipeta estéreis, descartáveis, sem RNase/DNase, resistentes a aerossóis ou de deslocamento positivo. Utilizar uma ponta nova para cada espécime. É necessário mudar de luvas antes da manipulação dos reagentes e dos cartuchos de PCR.

- Garantir que se utiliza um tubo para determinar a presença de ARN dos vírus Influenza A, Influenza B e VSR na posição de encaixe 2 (posição verde) e outro tubo para determinar a presença de ARN do SARS-CoV-2 na posição de encaixe 4 (posição azul). Ter o cuidado de não misturar estes tubos ao longo de todo o processo.
- De modo a evitar a contaminação do ambiente por amplificações, não quebrar o BD MAX™ PCR Cartridge após a utilização. Os selos do BD MAX™ PCR Cartridge foram concebidos para evitar a contaminação.
- Conceber um fluxo de trabalho unidirecional. Deve-se começar na área de extração e, em seguida, passar para a área de amplificação e de deteção. Não colocar as amostras, os equipamentos e os reagentes utilizados em contacto com a área onde foi realizado o passo anterior.
- Seguir as boas práticas do laboratório. Usar vestuário de proteção, luvas não reutilizáveis, óculos de proteção e máscara. Não comer, beber ou fumar na área de trabalho. Lavar as mãos após terminar o teste.
- As amostras têm de ser tratadas como potencialmente infeciosas, bem como todos os reagentes e materiais que tenham sido expostos às amostras, e têm de ser manuseados de acordo com os regulamentos de segurança nacionais. Tome as precauções necessárias durante a colheita, o armazenamento, o tratamento e a eliminação das amostras.
- Recomenda-se a descontaminação periódica dos equipamentos utilizados habitualmente, em especial de micropipetas e das superfícies de trabalho.
- Consultar o manual do utilizador do sistema BD MAX™ para obter informações sobre advertências, precauções e procedimentos adicionais.

8. Procedimento

8.1. COLHEITA, ARMAZENAMENTO E TRANSPORTE DE AMOSTRAS

O VIASURE SARS-CoV-2, Flu (A+B) & RSV Real Time PCR Detection Kit for BD MAX™ System foi validado em esfregaços nasofaríngeos/orofaríngeos colhidos em meio de transporte viral (MTV) da Vircell S.L., Espanha.

Outros tipos de amostras colhidas a partir de esfregaços nasofaríngeos/orofaríngeos em MTV têm de ser validados pelo utilizador.

Para a colheita, armazenamento e transporte dos espécimes devem ser seguidas as condições validadas pelo utilizador. Em geral, as amostras respiratórias devem ser colhidas e etiquetadas adequadamente em recipientes limpos com ou sem meio de transporte (dependendo do tipo de amostra), e processadas com a maior brevidade possível para garantir a qualidade do teste. As amostras devem ser transportadas entre 2 °C e 8 °C durante um período máximo de 48 horas, em conformidade com os regulamentos locais e nacionais para o transporte de material patogénico. Para transportes de longa duração (com mais de 48 horas), é recomendado o envio a ≤-20 °C. Recomenda-se a utilização de amostras recentes para o teste. As amostras podem ser armazenadas entre 2 °C a 8 °C por um período máximo de 48 horas ou podem ser congeladas a -20 °C ou, idealmente, a -70 °C, para



conservação. Devem ser evitados ciclos de congelação-descongelamento para prevenir a degradação da amostra e dos ácidos nucleicos.

8.2. PREPARAÇÃO DA AMOSTRA E EXTRAÇÃO DE ARN

Realizar a preparação das amostras de acordo com as recomendações nas instruções de utilização do kit de extração utilizado, BD MAX™ ExK™ TNA-3. Ter em conta que outras amostras podem requerer pré-processamento. A utilização de outros procedimentos de preparação e extração específicos deve ser validada pelo utilizador.

1. Pipetar 400 µL de esfregaço nasofaríngeo/orofaríngeo colhido em meio de transporte viral (MTV) para um BD MAX™ TNA-3 Sample Buffer Tube e fechar o tubo com uma tampa com septo. Assegurar uma mistura completa centrifugando a amostra durante 1 minuto a alta velocidade. Prosseguir com o funcionamento do sistema BD MAX™.

Nota: O Flu A, Flu B & RSV reaction tube foi validado com um volume de amostra de 200-400 µL e o SARS-CoV-2 (N1 + N2) reaction tube com um volume de amostra de 400-750 µL.

8.3. FUNCIONAMENTO DO SISTEMA BD MAX™

Nota: Consultar o manual do utilizador do sistema BD MAX™ para obter instruções mais detalhadas.

8.3.1. Programação do teste PCR para o VIASURE SARS-CoV-2, Flu (A+B) & RSV Real Time PCR Detection Kit for BD MAX™ System

Nota: se já tiver sido criado o teste para o VIASURE SARS-CoV-2, Flu (A+B) & RSV Real Time PCR Detection Kit, pode ignorar o passo 8.3.1 e ir diretamente para o passo 8.3.2.

- 1) No ecrã "Run" (Executar) do sistema BD MAX™, selecionar o separador "Test Editor" (Editor de testes).
- 2) Clicar no botão "Create" (Criar).
- 3) No separador "Basic Information" (Informações básicas), na janela "Test Name" (Nome do teste), escrever o nome do teste: ou seja, VIASURE SARS-CoV-2, Flu (A+B) & RSV (VSARSCoV2, FluA+B, RSV).
- 4) No menu de lista pendente "Extraction Type" (Tipo de extração), selecionar "ExK TNA-3".
- 5) No menu de lista pendente "Master Mix Format" (Formato de mistura principal), escolher "Dual Master Mix Concentrated Lyophilized MM with Rehydration Buffer (Type 5)" (Concentrado de mistura principal dupla liofilizado MM com tampão de reidratação (Tipo 5)).
- 6) Em "Sample extraction parameters" (Parâmetros de extração de amostra) selecionar "User defined" (Definidos por utilizador) e ajustar o volume para 950 µL.
- 7) Em "Ct Calculation" (Cálculo Ct) selecionar "Call Ct at Threshold Crossing" (Ativar Ct quando do cruzamento do limite).
- 8) Se estiver a ser utilizada a versão 5.00 do software ou uma versão posterior e estiverem a ser utilizados tubos de encaixe com selo e código de barras, em "Custom Barcodes" (Personalizar códigos de barra) selecionar a configuração seguinte:



- a. Snap-In 2 Barcode: 1A (relativamente ao Flu A, Flu B & RSV reaction tube)
 - b. Snap-In 3 Barcode: 11 (relativamente ao Rehydration Buffer tube)
 - c. Snap-In 4 Barcode: 1G (relativamente ao SARS-CoV-2 (N1 + N2) reaction tube)
- 9) Os parâmetros "PCR Settings" (Definições de PCR) e "Test Steps" (Passos de teste) têm de ser preenchidos para as posições de encaixe Snap-In 2 (verde) e Snap-In 4 (azul).
- 10) Posição de encaixe Snap-In 2 (verde). No separador "PCR settings" (Definições de PCR) introduzir os seguintes parâmetros: "Channel Settings" (Definições de canais), "Gains" (Ganhos) e "Threshold" (Limite) (Tabela 2).

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

Tabela 2. Definições de PCR.

Nota: Recomenda-se o estabelecimento dos valores limite mínimos acima indicados para cada canal como valores de partida, mas os valores finais têm de ser determinados pelo utilizador final durante a interpretação do resultado, de modo a assegurar que os limites estão dentro da fase exponencial das curvas de fluorescência e acima de qualquer sinal de fundo. O valor limite para diferentes instrumentos pode variar devido a diferentes intensidades do sinal.

- 11) Posição de encaixe Snap-In 2 (verde). No separador "PCR settings" (Definições de PCR) introduzir também os parâmetros "Spectral Cross Talk" (Interação espetral) (Tabela 3).

		False Receiving Channel (Canal recetor falso)				
		475/520	530/565	585/630	630/665	680/715
Excitation Channel (Canal de excitação)	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	-

Tabela 3. Parâmetros de interação espetral.

- 12) Posição de encaixe Snap-In 2 (verde). No separador "Test Steps" (Passos de teste), introduzir o protocolo de PCR (Tabela 4).



Step Name (Nome do passo)	Profile Type (Tipo de perfil)	Cycles (Ciclos)	Time (s) (Tempo(s))	Temperature (Temperatura)	Detect (Deteção)
Reverse transcription (Transcrição reversa)	Retenção	1	900	45 °C	-
Initial denaturation (Desnaturação inicial)	Retenção	1	120	98 °C	-
Denaturation and Annealing/Extension (Data collection) (Desnaturação e hibridização/extensão (Recolha de dados))	2-Temperatura	45	10	95 °C	-
			61,1	63 °C	✓

Tabela 4. Protocolo de PCR.

- 13) Posição de encaixe Snap-In 4 (azul). No separador "PCR settings" (Definições de PCR) introduzir os seguintes parâmetros: "Channel Settings" (Definições de canais), "Gains" (Ganhos) e "Threshold" (Limite) (Tabela 5).

Channel (Canal)	Alias (Alias)	Gain (Ganho)	Threshold (Limiar)	Ct Min (Ct Mín.)	Ct Max (Ct Máx.)
475/520 (FAM)	Alvo SARS-CoV-2 N2	80	150	0	40
530/565 (HEX)	Cl endógeno	80	150	0	35
585/630 (ROX)	-	0	0	0	0
630/665 (Cy5)	Alvo SARS-CoV-2 N1	80	150	0	40
680/715 (Cy5.5)	-	0	0	0	0

Tabela 5. Definições de PCR.

Nota: Recomenda-se o estabelecimento dos valores limite mínimos acima indicados para cada canal como valores de partida, mas os valores finais têm de ser determinados pelo utilizador final durante a interpretação do resultado, de modo a assegurar que os limites estão dentro da fase exponencial das curvas de fluorescência e acima de qualquer sinal de fundo. O valor limite para diferentes instrumentos pode variar devido a diferentes intensidades do sinal.

- 14) Posição de encaixe Snap-In 4 (azul). No separador "PCR settings" (Definições de PCR) introduzir também os parâmetros "Spectral Cross Talk" (Interação espetral) (Tabela 6).

	Channel (Canal)	False Receiving Channel (Canal recetor falso)				
		475/520	530/565	585/630	630/665	680/715
Excitation Channel (Canal de excitação)	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	-

Tabela 6. Parâmetros de interação espetral.

- 15) Posição de encaixe Snap-In 4 (azul). No separador "Test Steps" (Passos de teste), introduzir o protocolo de PCR (Tabela 7).



Step Name (Nome do passo)	Profile Type (Tipo de perfil)	Cycles (Ciclos)	Time (s) (Tempo (s))	Temperature (Temperatura)	Detect (Detecção)
Reverse transcription (Transcrição reversa)	Retenção	1	900	45 °C	-
Initial denaturation (Desnaturação inicial)	Retenção	1	120	98 °C	-
Denaturation and Annealing/Extension (Data collection) (Desnaturação e hibridização/extensão (Recolha de dados))	2- Temperatura	45	10	95 °C	-
			61,1	63 °C	✓

Tabela 7. Protocolo de PCR.

- 16) Clicar no botão "Save Test" (Guardar teste).

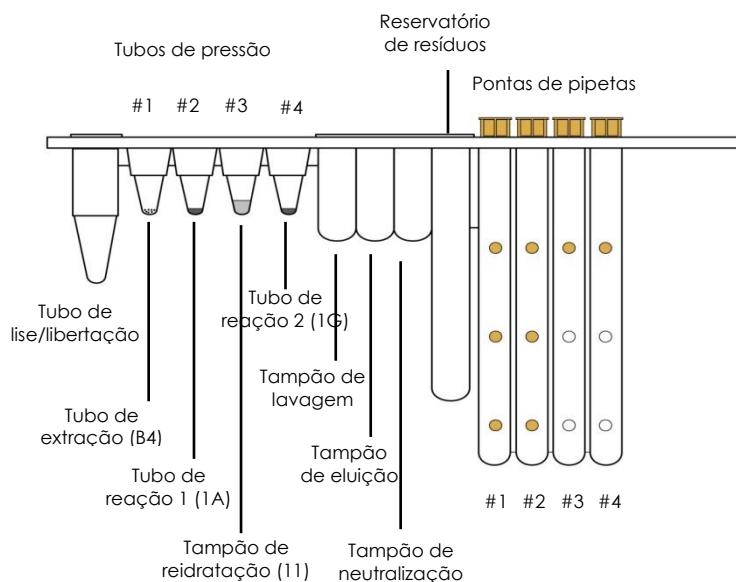
8.3.2. Preparação do suporte para tubos do sistema BD MAX™

- 1) Para cada amostra a testar, retirar uma tira de reagentes individual do BD MAX™ ExK TNA-3 Kit. Bater levemente cada tira sobre uma superfície dura para se certificar de que todos os líquidos se encontram no fundo dos tubos e colocar a tira de reagentes no suporte para tubos do sistema BD MAX™.
- 2) Remover o número de tubos de reagente de extração necessários (BD MAX™ ExK™ TNA Extraction Tubes (B4) (selo branco)) da sua bolsa protetora. Colocar o(s) tubo(s) de reagente de extração (selo branco) na sua posição correspondente dentro da tira de reagentes TNA (Posição 1, código de cor branca no suporte para tubos. Ver Figura 1). Eliminar o excesso de ar e fechar as bolsas protetoras com o fecho hermético.
- 3) Determinar e separar o número adequado de tubos Flu A, Flu B & RSV reaction tube (selo vermelho ou 1A) e colocá-los nas posições correspondentes da tira (posição de encaixe 2, código de cor verde no suporte para tubos. Ver Figura 1).
 - a. Eliminar o excesso de ar e fechar os envelopes de alumínio com o fecho hermético.
 - b. Para uma reidratação correta, deve certificar-se de que o produto liofilizado está no fundo do tubo e não agarrado à área superior do tubo ou à película de alumínio. Bater levemente cada tubo sobre uma superfície dura para se certificar que todo o produto se encontra no fundo do tubo.
- 4) Remover o número necessário de tubos Rehydration Buffer Tube (selo cor de laranja ou 11) e colocá-los nas posições correspondentes na tira (Posição 3, código sem cor no suporte para tubos. Ver Figura 1). Eliminar o excesso de ar e fechar os envelopes com o fecho hermético.
 - a. De modo a assegurar uma transferência correta, deve certificar-se de que o líquido está no fundo do tubo e não agarrado à área superior do tubo ou à película de alumínio. Bater levemente cada tubo sobre uma superfície dura para se certificar que todo o produto se encontra no fundo do tubo.
- 5) Determinar e separar o número adequado de tubos SARS-CoV-2 (N1 + N2) reaction tube (selo verde ou 1G) e colocá-los nas posições correspondentes na tira (posição de encaixe 4, código de cor azul no suporte para tubos. Ver Figura 1).
 - a. Eliminar o excesso de ar e fechar os envelopes de alumínio com o fecho hermético.



- b. Para uma reidratação correta, deve certificar-se de que o produto lyophilizado está no fundo do tubo e não agarrado à área superior do tubo ou à película de alumínio. Bater levemente cada tubo sobre uma superfície dura para se certificar que todo o produto se encontra no fundo do tubo.

Figura 1 Tiras de reagente individuais BD MAX™ TNA Reagent (TNA) do BD MAX™ ExK TNA-3 kit.



8.3.3. Configuração do instrumento BD MAX™

- 1) Selecionar o separador "Work List" (Lista de trabalho) no ecrã "Run" (Executar) utilizando o software v4.50A ou um superior do sistema BD MAX™.
- 2) No menu de lista pendente "Test" (Teste), selecionar VSARSCoV2,FluA+B,RSV (se ainda não tiver sido criado, consultar a secção 8.3.1).
- 3) Selecionar no menu de lista pendente o número de lote do kit de extração utilizado (que se encontra na caixa exterior). Este passo é opcional.
- 4) Introduzir o número de identificação do tubo de tampão de amostra na janela "Sample tube" (Tubo de amostra) no separador "Work List" (Lista de trabalho), através da digitalização do código de barras com o leitor ou através da entrada manual.
- 5) Introduzir a identificação da amostra/doente na janela "Accession" (Acesso) do separador "Work list" (Lista de trabalho) e clicar no botão "Save" (Guardar). Continuar até estarem introduzidos todos os tubos de tampão de amostra. Certificar-se de que a identificação da amostra/doente e os tubos de tampão de amostra estão corretamente equiparados.
- 6) Colocar o tampão de amostra preparado no(s) suporte(s) para tubos do sistema BD MAX™.
- 7) Colocar o(s) suporte(s) para tubos no sistema BD MAX™ (o suporte para tubos A encontra-se no lado esquerdo do sistema BD MAX™ e o suporte para tubos B no lado direito).
- 8) Colocar o número necessário de cartuchos BD MAX™ PCR Cartridge(s) no sistema BD MAX™.
- 9) Fechar a porta do sistema BD MAX™.
- 10) Clicar em "Start Run" (Iniciar execução) para iniciar o procedimento.



8.3.4 Relatório BD MAX™

- 1) No menu principal, clicar no botão "Results" (Resultados).
- 2) Fazer duplo clique no teste incluído na lista de ensaios ou selecionar o teste e premir o botão "view" (Visualizar).
- 3) Clicar no botão "Print" (Imprimir), selecionar: "Run Details, Test Details and Plot..." (Detalhes da execução, detalhes do teste e gráfico...)
- 4) Clicar no botão "Print" (Imprimir) ou "Export" (Exportar) no ecrã "Run Reports" (Relatórios da execução).

9. Interpretação dos resultados

Para uma descrição detalhada de como analisar os dados, consultar o manual do utilizador do sistema BD MAX™.

A análise dos dados é realizada com o software BD MAX™ de acordo com as instruções de utilização do fabricante. O software do sistema BD MAX™ disponibiliza os valores de Ct e mostra as curvas de amplificação para cada um dos canais de deteção de cada amostra analisada da seguinte forma:

- Um valor de Ct de 0 indica que o software não calculou nenhum valor de Ct com o limiar especificado (consultar a Tabela 2). Se a curva de amplificação mostra um "0" como valor de Ct, é necessário analisá-la manualmente.
- Um valor de Ct de -1 indica que não houve processo de amplificação.
- Qualquer outro valor de Ct deve ser interpretado em correlação com a curva de amplificação e segundo as orientações de interpretação descritas na tabelas 8 e 9.

Verificar a emissão do sinal do controlo interno para confirmar o correto funcionamento da mistura de amplificação. Para além disso, verificar que não há nenhuma anomalia do sistema BD MAX™ .

Os resultados devem ser lidos e analisados utilizando as tabelas seguintes:



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

Influenza A (475/520)	Influenza B (585/630)	VSR (630/665)	Controlo interno (530/565)	Interpretação
+	+	+	+/- ¹	ARN de Influenza A, Influenza B e VSR detetado ¹
+	-	-	+/- ¹	ARN de Influenza A detetado, ARN de Influenza B e VSR não detetado ¹
+	+	-	+/- ¹	ARN de Influenza A e Influenza B detetado, e ARN de VSR não detetado ¹
+	-	+	+/- ¹	ARN de Influenza A e VSR detetado, e ARN de Influenza B não detetado ¹
-	+	-	+/- ¹	ARN de Influenza B detetado, ARN de Influenza A e VSR não detetado ¹
-	+	+	+/- ¹	ARN de Influenza B e VSR detetado, ARN de Influenza A não detetado ¹
-	-	+	+/- ¹	ARN de VSR detetado, ARN de Influenza A e Influenza B não detetado ¹
-	-	-	+ ²	ARN de Influenza A, Influenza B e VSR não detetado ²
-	-	-	- ²	Resultado não resolvido (UNR) Resultado obtido na presença de inibidores na reação de PCR ou quando ocorre um problema geral (não indicado por um código de erro) nos passos de processamento e/ou amplificação da amostra. ²
IND	IND	IND	IND	Resultado indeterminado do ensaio (IND). Devido a anomalia do sistema BD MAX™. Resultado do ensaio apresentado no caso de falha do instrumento associado a um código de erro.
INC	INC	INC	INC	Resultado incompleto do ensaio (INC). Devido a anomalia do sistema BD MAX™. Resultado do ensaio apresentado no caso de falha de uma execução completa.

Tabela 8. Interpretação da amostra do Flu A, Flu B & RSV reaction tube

¹: houve amplificação²: não houve amplificação

1 Uma amostra é considerada positiva se o valor Ct obtido for inferior a 40. O controlo interno poderá mostrar ou não um sinal de amplificação, já que a presença de um elevado número de cópias do alvo pode causar uma amplificação preferencial de ácidos nucleicos específicos do alvo em vez do controlo interno. Nestes casos, a deteção do controlo interno não é necessária.

2 Uma amostra é considerada negativa se não for detetado um sinal de amplificação no sistema de deteção mas o controlo interno for positivo (Ct inferior a 40). Uma inibição da reação de PCR pode ser excluída pela amplificação do controlo interno em caso de resultados não resolvidos (UNR); em caso de ausência de sinal do controlo interno numa amostra negativa recomenda-se a repetição do ensaio.



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

SARS-CoV-2 (alvo N2) (475/520)	Controlo interno endógeno (530/565)	SARS-CoV-2 (alvo N1) (630/665)	Interpretação
+	+/- ³	+	ARN do gene N do SARS-CoV-2 detetado ³
+ ⁴	+/- ³	-	ARN do gene N do SARS-CoV-2 detetado ^{3,4}
-	+/- ³	+ ⁴	ARN do gene N do SARS-CoV-2 detetado ^{3,4}
-	+ ⁵	-	ARN do gene N do SARS-CoV-2 não detetado ⁵
-	- ⁵	-	Resultado não resolvido (UNR) Resultado obtido na presença de inibidores na reação de PCR ou quando ocorre um problema geral (não indicado por um código de erro) nos passos de processamento e/ou amplificação da amostra. ⁵
IND	IND	IND	Resultado indeterminado do ensaio (IND). Devido a anomalia do sistema BD MAX™. Resultado do ensaio apresentado no caso de falha do instrumento associado a um código de erro.
INC	INC	INC	Resultado incompleto do ensaio (INC). Devido a anomalia do sistema BD MAX™. Resultado do ensaio apresentado no caso de falha de uma execução completa.

Tabela 9. Interpretação da amostra do SARS-CoV-2 (N1 + N2) reaction tube

+: Houve amplificação

-: Não houve amplificação

3 Uma amostra é considerada positiva, se o valor Ct obtido for inferior a 40. O controlo interno (CI) endógeno poderá mostrar ou não um sinal de amplificação. Por vezes, a deteção do CI não é necessária porque um elevado número de cópias do alvo pode causar uma amplificação preferencial de ácidos nucleicos específicos do alvo.

4 Se ocorrer a amplificação de apenas um local-alvo do gene N, verificar o formato sigmoide da curva e a intensidade da fluorescência. No caso de uma interpretação duvidosa, consoante o material disponível, também se recomenda:

- a) voltar a extraír e testar outra alíquota do mesmo espécime (se possível, aumentar o volume da amostra para 750 µl) ou,
- b) obter um novo espécime e testar novamente.

5 No caso de locais-alvo negativos para o SARS-CoV-2, o CI deve mostrar um sinal de amplificação com Ct inferior a 35. O valor Ct pode ser muito variável devido ao controlo interno endógeno ser um gene de manutenção humano que deve estar presente em todas as células humanas nucleadas na amostra original. Se houver ausência de sinal ou o valor CT for ≥ 35 do controlo interno endógeno, o resultado é considerado "não resolvido" e é necessário repetir o teste.

No caso de um resultado ambíguo contínuo, recomenda-se rever as intruções de utilização e o processo de extração empregue pelo utilizador, verificar o desempenho de todas as etapas do RT-qPCR e rever os parâmetros, e verificar o formato sigmoide da curva e a intensidade da fluorescência.



O resultado do teste deve ser avaliado no contexto da história clínica, dos sintomas clínicos e outros testes de diagnóstico por um profissional de saúde.

10. Limitações do teste

- O resultado do teste deve ser avaliado no contexto da história clínica, dos sintomas clínicos e outros testes de diagnóstico por um profissional de saúde.
- Embora este ensaio possa ser utilizado com outros tipos de amostras, foi validado com esfregaços nasofaríngeos/orofaríngeos colhidos em MTV.
- Para o bom desempenho do teste, o produto liofilizado deve estar no fundo do tubo e não agarrado à área superior do tubo ou ao selo de alumínio. Bater levemente cada tubo sobre uma superfície dura para se certificar que todo o produto se encontra no fundo do tubo.
- O aparecimento da mistura de reação num formato estabilizado, normalmente depositada no fundo do tubo, diferente do habitual (sem um formato cónico, não homogénea, de tamanho menor/maior e/ou uma cor diferente de esbranquiçado) não altera a funcionalidade do teste.
- A qualidade do teste depende da qualidade da amostra; tem de ser extraído ácido nucleico de forma adequada a partir de amostras respiratórias.
- O teste é um teste qualitativo e não fornece valores quantitativos nem indica o número de organismos presentes.
- Pode-se detetar um baixo número de alvos abaixo do limite de deteção, mas os resultados podem não ser reproduzíveis.
- Existe a possibilidade de falsos positivos devido à contaminação cruzada com SARS-CoV-2, Influenza A, Influenza B e/ou VSR, quer pelas amostras que contêm elevadas concentrações de ARN alvo quer pela contaminação devida a produtos de PCR de reações anteriores.
- As combinações de oligonucleótido e sonda específicas para deteção de regiões conservadas do gene N (SARS-CoV-2) usadas no VIASURE SARS-CoV-2, Flu (A+B) & RSV Real Time PCR Detection Kit for BD MAX™ System foram concebidas com base no ensaio do CDC dos EUA para deteção específica do SARS-CoV-2 através da amplificação de duas regiões exclusivas do gene N. Não apresentam homologias combinadas com o genoma humano, a microflora humana, o SARS-CoV ou outros coronavírus, o que pode resultar em falsos positivos previsíveis.
- Resultados falsos negativos podem ser causados por vários fatores e respetivas combinações, incluindo:
 - Métodos incorretos de colheita, transporte, armazenamento e/ou manuseamento de espécimes.
 - Procedimentos de processamento incorretos (incluindo extração de ARN).
 - Degradação do ARN viral durante a expedição/armazenamento e/ou processamento das amostras.
 - Mutações ou polimorfismos em regiões de ligação de oligonucleótidos ou sondas podem afetar a deteção de variantes novas ou desconhecidas dos vírus SARS-CoV-2, Influenza e/ou VSR.
 - Uma carga viral no espécime abaixo do limite de deteção para o ensaio.
 - A presença de inibidores de RT-qPCR ou de outros tipos de substâncias interferentes.
 - A não observância das instruções e do procedimento do ensaio.
- No SARS-CoV-2 (*N1 + N2*) reaction tube, a amplificação de um único local-alvo ou até mesmo resultados positivos aleatórios é sugestivo de amplificação ligeiramente diferente do local-alvo do gene *N*. As amostras



com baixa carga viral podem resultar em amplificação de um único alvo N. Em caso de dúvida, recomenda-se o encaminhamento para um laboratório de referência para a realização de testes adicionais.

- Algumas amostras (no SARS-CoV-2 (N1 + N2) reaction tube) podem não conseguir exibir curvas de amplificação de RNase P devido a um número baixo de células humanas na amostra clínica original. Um sinal de CI negativo não exclui a presença de ARN dos vírus SARS-CoV-2, Influenza e/ou VSR num espécime clínico.
- Um resultado de teste positivo não indica necessariamente a presença de vírus viáveis e não significa que estes vírus são infeciosos ou que são os agentes causadores de sintomas clínicos. Contudo, um resultado positivo é indicador da presença de sequências virais alvos.
- Resultados negativos não excluem a infecção pelo SARS-CoV-2, Influenza e/ou VSR, e não devem ser utilizados como único fundamento para o tratamento ou outras decisões de gestão do doente. Não foram determinados os tipos de espécimes ideais e o momento em que se alcançam os níveis virais máximos durante as infecções causadas pelo SARS-CoV-2 e pela nova estirpe do Influenza A. Pode ser necessária a colheita de vários espécimes (tipos e pontos temporais) do mesmo doente para detetar o vírus.
- Se os testes de diagnóstico de outras doenças respiratórias forem negativos e a apresentação clínica do doente e as informações epidemiológicas sugerirem a possibilidade de infecção por SARS-CoV-2, Influenza e/ou VSR, então deve considerar-se o resultado como um falso negativo e deve discutir-se a possibilidade de testar novamente o doente.
- Em caso de obtenção de resultados não resolvidos, indeterminados ou incompletos, com o VIASURE SARS-CoV-2, Flu (A+B) & RSV Real Time PCR Detection Kit for BD MAX™ System será necessário repetir o teste. Os resultados não resolvidos podem dever-se à presença de inibidores na amostra ou a uma reidratação incorreta do tubo de mistura da reação liofilizada. Se ocorrer uma avaria no instrumento, serão obtidos resultados indeterminados ou incompletos.

11. Controlo de qualidade

O VIASURE SARS-CoV-2, Flu (A+B) & RSV Real Time PCR Detection Kit for BD MAX™ System contém um controlo interno em cada Flu A, Flu B & RSV reaction tube e um controlo interno endógeno em cada SARS-CoV-2 (N1 + N2) reaction tube, os quais confirmam o correto desempenho da técnica.

12. Características do teste

12.1. Sensibilidade e especificidade clínica

O desempenho clínico do VIASURE SARS-CoV-2, Flu (A+B) & RSV Real Time PCR Detection Kit for BD MAX™ System foi testado individualmente em cada tubo de reação.

O desempenho clínico do Flu A, Flu B & RSV reaction tube foi testado utilizando 344 amostras respiratórias (esfregaços orofaríngeos) de doentes sintomáticos. Estes resultados foram comparados com os obtidos por um método de deteção molecular (cobas® Influenza A/B & RSV (Roche)).

Os resultados foram os seguintes:



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

Tabela 10. Resultados comparativos para o Influenza A.

A percentagem de concordância positiva é >96% e a percentagem de concordância negativa é >99%.

*A baixa quantidade do RNA modelo detetado nestas amostras está abaixo do limite de deteção do método utilizado.

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

Tabela 11. Resultados comparativos para o Influenza B.

A percentagem de concordância positiva é >99% e a percentagem de concordância negativa é >98%.

*A baixa quantidade do RNA modelo detetado nestas amostras está abaixo do limite de deteção do método utilizado.

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

Tabela 12. Avaliação comparativa dos resultados para RSV.

A percentagem de concordância positiva é >88% e a percentagem de concordância negativa é >99%.

*A baixa quantidade do RNA modelo detetado nestas amostras está abaixo do limite de deteção do método utilizado.

O desempenho clínico do SARS-CoV-2 (N1 + N2) reaction tube foi testado utilizando 254 amostras respiratórias (esfregaços nasofaríngeos em meio de transporte da Vircell) de doentes com suspeita clínica da doença COVID-19.



19 ou outras doenças respiratórias semelhantes. Os resultados foram comparados com os obtidos com o diagnóstico clínico realizado com o ensaio Simplexa™ COVID-19 Direct, sendo a análise de discrepância realizada com o protocolo Charité.

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

Tabela 13. Resultados comparativos para SARS-CoV-2.

*O diagnóstico inicial de uma das duas amostras foi inválido e comunicado ao doente como sendo positivo para prevenção e período de quarentena.

O SARS-CoV-2 (N1 + N2) reaction tube detetou duas amostras positivas que não foram detetadas utilizando o ensaio Simplexa™ COVID-19 Direct e o protocolo Charité.

A percentagem de concordância positiva (PCP) e a percentagem de concordância negativa (PCN) para o SARS-CoV-2 (N1 + N2) reaction tube são >99% e 98%, respetivamente.

Os resultados mostram uma concordância elevada para detetar os vírus SARS-CoV-2, Influenza A, Influenza B e/ou VSR utilizando o VIASURE SARS-CoV-2, Flu (A+B) & RSV Real Time PCR Detection Kit for BD MAX™ System.

12.2. Sensibilidade analítica

O VIASURE SARS-CoV-2, Flu (A+B) & RSV Real Time PCR Detection Kit for BD MAX™ System tem um limite de deteção ≥ 10 cópias de genoma por reação no caso do Influenza A, ≥ 20 cópias de genoma por reação no caso do Influenza B, ≥ 2 cópias de genoma por reação no caso do VSR e ≥ 5 cópias de genoma por reação no caso do SARS-CoV-2, com uma taxa positiva $\geq 95\%$ (Figuras 2, 3, 4, 5 e 6).

Figura 2 Diluições em série de um modelo de Influenza A (2×10^6 - 2×10^1 cópias por reação) no sistema BD MAX™ (canal 475/520 (FAM)).

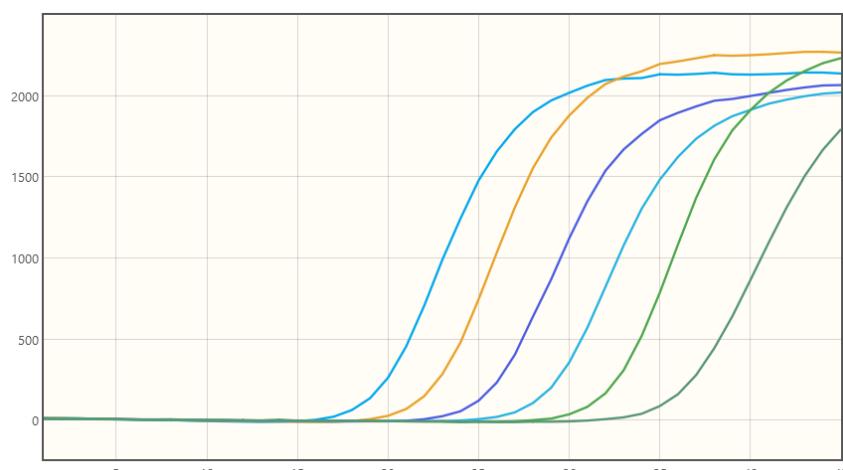


Figura 3 Diluições em série de um modelo de Influenza B (2×10^6 - 2×10^1 cópias por reação) no sistema BD MAX™ (canal 585/630 (ROX)).

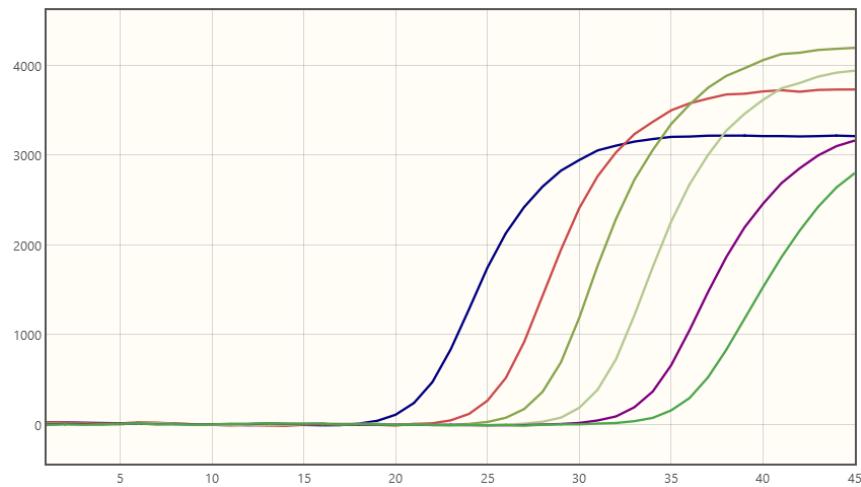


Figura 4 Diluições em série de um modelo de VSR (2×10^6 - 2×10^1 cópias por reação) no sistema BD MAX™ (canal 630/665 (Cy5)).

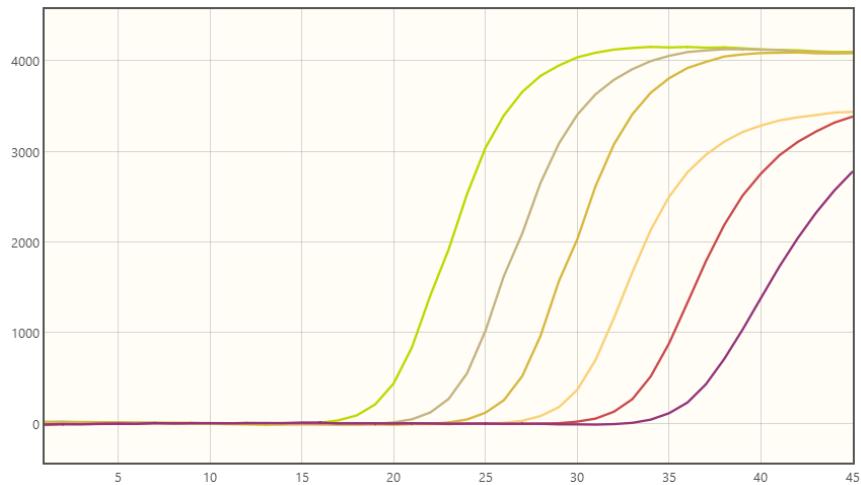


Figura 5 Diluições em série de um modelo de SARS-CoV-2 (N1 + N2) ($9,9 \times 10^4$ - $9,9 \times 10^0$ e $5,0 \times 10^0$ cópias de genoma por reação) executadas no sistema BD MAX™ (canal 475/520 (FAM)).

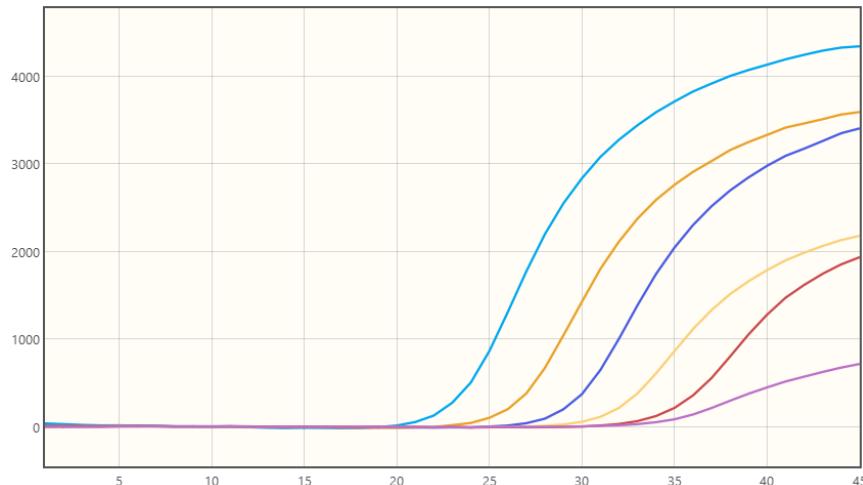
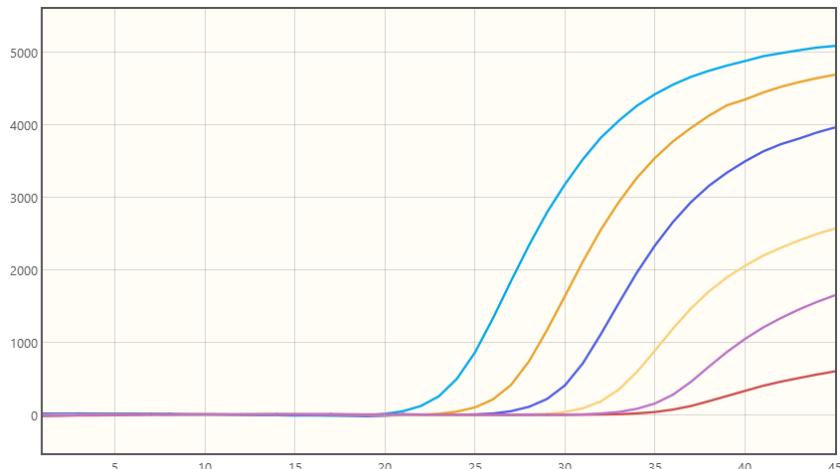


Figura 6 Diluições em série de um modelo de SARS-CoV-2 (N1 + N2) ($9,9 \times 10^4$ - $9,9 \times 10^0$ e $5,0 \times 10^0$ cópias de genoma por reação) executadas no sistema BD MAX™ (canal 630/665 (Cy5)).



12.3. Especificidade analítica

A especificidade do ensaio SARS-CoV-2, Flu (A+B) & RSV foi confirmada testando um painel composto por diferentes microrganismos que representam os agentes patogénicos respiratórios mais comuns. Não foi detetada nenhuma reatividade cruzada entre os seguintes microrganismos testados, exceto os agentes patogénicos visados em cada ensaio:

Teste de reatividade cruzada					
Adenovírus humanos tipos 1-5, 8, 15, 31, 40 e 41	-	Vírus Influenza A/Netherlands/398/2014 (H3N2) (clade 3C.3a)	-/+	Vírus Influenza A/chicken/Hong Kong/G9/1997 x PR8-IDCDC-2 (H9N2)	-/+
Bocavirus	-	Vírus Influenza A/Netherlands/2393/2015 (H3N2) (clade 3C.2a)	-/+	Vírus Influenza A/Chicken/Myanmar/433/2016 (H9N2)	-/+
<i>Bordetella bronchiseptica</i>	-	Vírus Influenza A/Newcastle/607/2019 (H3N2)	-/+	Vírus Influenza A/Hong Kong/1073/99 (H9N2)	-/+
<i>Bordetella holmesii</i>	-	Vírus Influenza A/New York/39/2012 (H3N2)	-/+	Vírus Influenza A/Hong Kong/33982/2009 (H9N2) x PR8-IDCDC-RG26	-/+
<i>Bordetella parapertussis</i>	-	Vírus Influenza A/Ohio/2/2012 (H3N2)	-/+	Vírus Influenza B/Brisbane/60/2008	-/+
<i>Bordetella pertussis</i>	-	Vírus Influenza A/Perth/1001/2018 (H3N2)	-/+	Vírus Influenza B/Colorado/6/2017	-/+
<i>Chlamydia caviae</i>	-	Vírus Influenza A/Singapore/INFIMH-16-0019/2016 (H3N2)	-/+	Vírus Influenza B/Malaysia/2506/2004	-/+
<i>Chlamydia psittaci</i> genótipo A e C	-	Vírus Influenza A/South Australia/55/2014 (H3N2)	-/+	Vírus Influenza B/Maryland/15/2016	-/+
<i>Chlamydophila pneumoniae</i> CM-1	-	Vírus Influenza A/South Australia/55/2014, IVR-175 (H3N2)	-/+	Vírus Influenza B/Netherlands/207/06	-/+



Teste de reatividade cruzada					
Coronavírus humanos 229E, OC43, NL63 e HKU1	-	Vírus Influenza A/Switzerland/9715293/2013 (H3N2)	-/+	Vírus Influenza B/Netherlands/2518/2016 (clade 1A)	-/+
Coronavírus MERS	-	Vírus Influenza A/Texas/50/2012 (H3N2)	-/+	Vírus Influenza B/Nevada/3/2011	-/+
Estirpe Frankfurt 1 do coronavírus SARS	-	Vírus Influenza A/Thüringen/5/2017 (H3N2) (Clade 3C2a.1)	-/+	Vírus Influenza B/New Jersey/1/2012	-/+
Estirpe de SARS-CoV-2 BetaCoV/Germany/BavPat1/2020 p.1	-/+	Vírus Influenza A/Uruguay/716/2007 (H3N2) (NYMC X-175C)	-/+	Vírus Influenza B/Texas/02/2013	-/+
Estirpe de SARS-CoV-2 2019-nCoV/Italy-INMI1	-/+	Vírus Influenza A/Victoria/210/2009(H3N2)	-/+	Vírus Influenza B/Townsville/8/2016	-/+
Isolado de SARS-CoV-2 Australia/VIC01/2020	-/+	Vírus Influenza A/Victoria/361/2011 (H3N2)	-/+	Vírus Influenza B/Canberra/11/2016	-/+
Isolado de SARS-CoV-2 Wuhan-Hu-1	-/+	Vírus Influenza A/Victoria/361/2011 IVR-165 (H3N2)	-/+	Vírus Influenza B/Florida/4/2006	-/+
Estirpe de SARS-CoV-2 2019nCoV/USAWA1/2020	-/+	Vírus Influenza A/Anhui/01/2005 (H5N1)	-/+	Vírus Influenza B/Florida/07/2004	-/+
Enterovírus 68 e 71	-	Vírus Influenza A/chicken/Vietnam/NCVD-016/2008 x PR8-IBCDC-RG6 (H5N1)	-/+	Vírus Influenza B/Guangdong/120/2000	-/+
Enterovírus Echovirus 11 e 30	-	Vírus Influenza A/chicken/Vietnam/NCVD-016/2008 (H5N1)	-/+	Vírus Influenza B/Hubei Wujiagang/158/2009 (NYMC BX-39)	-/+
Enterovírus Coxsackievirus A24, A9 e B3	-	Vírus Influenza A/chicken/Vietnam/NCVD-016/2008 x PR8-IDCDC-RG12 (H5N1)	-/+	Vírus Influenza B/ Jiangsu/10/2003	-/+
Haemophilus influenzae Minna	-	Vírus Influenza A/chicken/Vietnam/NCVD-03/08 (H5N1) - PR8-IDCDC-RG25a	-/+	Vírus Influenza B/Massachusetts/2/2012	-/+
Vírus Influenza A/Brisbane/02/2018, IVR-190 (H1N1)pdm09	-/+	Vírus Influenza A/chicken/Yunnan/1251/2003 (H5N1)	-/+	Vírus Influenza B/Netherlands/365/2016 (clade 3)	-/+
Vírus Influenza A/California/7/2009(H1N1)pdm09	-/+	Vírus Influenza A/common magpie/Hong Kong/645/2006 (H5N1)	-/+	Vírus Influenza B/Phuket/3073/2013	-/+
Vírus Influenza A/Dominican Republic/7293/2013 (H1N1)pdm09	-/+	Vírus Influenza A/duck/Hunan/795/2002 (H5N1)	-/+	Vírus Influenza B/Texas/06/2011	-/+
Vírus Influenza A/Massachusetts/15/2013 (H1N1)pdm09	-/+	Vírus Influenza A/Egypt/321/2007 (H5N1)	-/+	Vírus Influenza B/Wisconsin/1/2010	-/+
Vírus Influenza A/Michigan/45/2015 (H1N1)pdm09	-/+	Vírus Influenza A/Egypt/321/2007 x PR8-IDCDC-RG11 (H5N1)	-/+	Vírus Influenza B/Wisconsin/1/2010 BX-41A	-/+
Vírus Influenza A/Netherlands/1250/2016 (H1N1)pdm09 (clade 6B.1)	-/+	Vírus Influenza A/Egypt/3300-NAMRU3/2008 x PR8-IDCDC-RG13 (H5N1)	-/+	Legionella bozemanii	-
Vírus Influenza A/New Caledonia/20/99(H1N1)	-/+	Vírus Influenza A/Egypt/N03072/2010 (H5N1) x PR8-IDCDC-RG29	-/+	Legionella dumoffii	-



Teste de reatividade cruzada					
Vírus Influenza A/New York/18/2009 (H1N1)pdm09	-/+	Vírus Influenza A/Hong Kong/213/2003 (H5N1)	-/+	<i>Legionella longbeachae</i>	-
Vírus Influenza A/Singapore/GP1908/2015, IVR-180 (H1N1)pdm09	-/+	Vírus Influenza A/Hubei/1/2010 (H5N1) x PR8-IDCDCRG30	-/+	<i>Legionella micdadei</i>	-
Vírus Influenza A/Sydney/134/2018 (H1N1)pdm09	-/+	Vírus Influenza A/India/NIV/2006 xPR8-IBCDC-RG7 (H5N1)	-/+	<i>Legionella pneumophila</i>	-
Vírus Influenza A/Victoria/2040/2018 (H1N1)pdm09	-/+	Vírus Influenza A/Japanese white eye/Hong Kong/1038/2006 (H5N1)	-/+	Metapneumovírus A e B humano	-
Vírus Influenza A/PR/8/34 (H1N1)	-/+	Vírus Influenza A/Vietnam/1194/2004 (H5N1)	-/+	<i>Moraxella catarrhalis</i>	-
Vírus Influenza A/Brisbane/117/2018 (H3N2)	-/+	Vírus Influenza A/Vietnam/1194/2004 (NIBRG-14) (H5N1)	-/+	<i>Mycoplasma pneumoniae</i>	-
Vírus Influenza A/Brisbane/1028/2017 (H3N2)	-/+	Vírus Influenza A/Vietnam/1203/2004 x PR8-IBCDC-RG (H5N1)	-/+	<i>Mycobacterium tuberculosis</i> não resistente a rifampicina	-
Vírus Influenza A/Fujian/411/2002 (H3N2)	-/+	Vírus Influenza A/Whooper Swan/R65/2006 (H5N1)	-/+	Vírus parainfluenza humano 1, 2, 3 e 4	-
Vírus Influenza A/Hiroshima//52/2005 (IVR-142) (H3N2)	-/+	Vírus Influenza A/pheasant/New Jersey/1355/1998 (H5N2)-PR8-IBCDC-4	-/+	<i>Pneumocystis jirovecii</i> Tipo A1 e g885652	-
Vírus Influenza A/Hong Kong/4801/2014 (H3N2)	-/+	Vírus Influenza A/Duck/Singapore-Q/F119-3/97 (H5N3)	-/+	Rinovírus humano tipo C	-
Vírus Influenza A/Hong Kong/4801/2014, NYMC X-263B (H3N2)	-/+	Vírus Influenza A/Duck/Lao/XBY004/2014 (H5N6) (Clade 2.3.4.4)	-/+	<i>Staphylococcus aureus</i> subsp. <i>aureus</i>	-
Vírus Influenza A/Indiana/8/2011 (H3N2)v	-/+	Vírus Influenza A/DE-SH/Reiherente/AR8444/ 2013 (H5N8)	-/+	<i>Staphylococcus epidermidis</i>	-
Vírus Influenza A/Indiana/10/2011 (H3N2)v	-/+	Vírus Influenza A/Turkey/Germany/R2485-86/2014 (H5N8)	-/+	<i>Streptococcus pneumoniae</i> Z22	-
Vírus Influenza A/Kansas/14/2017 (H3N2)	-/+	Vírus Influenza A/turkey/Virginia/2002 x PR8-IBCDC-5 (H7N2)	-/+	<i>Streptococcus pyogenes</i>	-
Vírus Influenza A/Kansas/14/2017, NYMC X-327 (H3N2)	-/+	Vírus Influenza A/Mallard/Netherlands/2/2009 (H7N7)	-/+	<i>Streptococcus salivarius</i>	-
Vírus Influenza A/Kumamoto/102/2002 (H3N2)	-/+	Vírus Influenza A/Mallard/Netherlands/12/2000 (H7N7) - IBCDC-1	-/+	Vírus sincicial respiratório (VSR) A e B (estirpe CH93(18)-18)	-/+
Vírus Influenza A/Minnesota/11/2010 (H3N2)v	-/+	Vírus Influenza A/Anhui/1/2013 (H7N9)	-/+	Vírus Sincicial Respiratório (RSV) humano estirpe Long	-/+
Vírus Influenza A/Minnesota/11/2010 X203 (H3N2)v	-/+	Vírus Influenza A/Guangdong/17SF003/2016 (H7N9)	-/+		

Tabela 14. Microrganismos e agentes patogénicos de referência utilizados neste estudo.



12.4. Reatividade analítica

A reatividade do VIASURE SARS-CoV-2, Flu (A+B) & RSV Real Time PCR Detection Kit for BD MAX™ System no caso do **SARS-CoV-2** foi avaliada comparativamente com ARN da estirpe BetaCoV/Germany/BavPat1/2020 p.1 do 2019-nCoV humano, da estirpe 2019-nCoV/Italy-INMI1 do 2019-nCoV humano, da estirpe 2019nCoV/USA-WA1/2020 do SARS-CoV-2, e controlos de ARN sintéticos para duas variantes do vírus SARS-CoV-2: MT007544.1 (isolado de SARS-CoV2 Australia/VIC01/2020) e MN908947.3 (isolado de SARS-CoV-2 Wuhan-Hu-1), revelando resultado positivo.

A reatividade do VIASURE SARS-CoV-2, Flu (A+B) & RSV Real Time PCR Detection Kit for BD MAX™ System no caso do **Influenza A** foi avaliada comparativamente com ARN extraído das seguintes estirpes: vírus Influenza A/Brisbane/02/2018, IVR-190 (H1N1)pdm09, vírus Influenza A/California/7/2009(H1N1)pdm09,vírus Influenza A/Dominican Republic/7293/2013 (H1N1)pdm09, vírus Influenza A/Massachusetts/15/2013 (H1N1)pdm09, vírus Influenza A/Michigan/45/2015 (H1N1)pdm09, vírus Influenza A/Netherlands/1250/2016 (H1N1)pdm09 (clade 6B.1), vírus Influenza A/New Caledonia/20/99(H1N1), vírus Influenza A/New York/18/2009 (H1N1)pdm09, vírus Influenza A/Singapore/GP1908/2015, vírus IVR-180 (H1N1)pdm09, vírus Influenza A/Sydney/134/2018 (H1N1)pdm09, vírus Influenza A/Victoria/2040/2018 (H1N1)pdm09, vírus Influenza A/PR/8/34 (H1N1), vírus Influenza A/Brisbane/117/2018 (H3N2), vírus Influenza A/Brisbane/1028/2017 (H3N2), vírus Influenza A/Fujian/411/2002 (H3N2), vírus Influenza A/Hiroshima//52/2005 (IVR-142) (H3N2), vírus Influenza A/Hong Kong/4801/2014 (H3N2), vírus Influenza A/Hong Kong/4801/2014 NYMC X-263B (H3N2), vírus Influenza A/Indiana/8/2011 (H3N2)v, vírus Influenza A/Indiana/10/2011 (H3N2)v, vírus Influenza A/Kansas/14/2017 (H3N2), vírus Influenza A/Kansas/14/2017, NYMC X-327 (H3N2), vírus Influenza A/Kumamoto/102/2002 (H3N2), vírus Influenza A/Minnesota/11/2010 (H3N2)v, vírus Influenza A/Minnesota/11/2010 X203 (H3N2)v, vírus Influenza A/Netherlands/398/2014 (H3N2) (clade 3C.3a), vírus Influenza A/Netherlands/2393/2015 (H3N2) (clade 3C.2a), vírus Influenza A/Newcastle/607/2019 (H3N2), vírus Influenza A/New York/39/2012 (H3N2), vírus Influenza A/Ohio/2/2012 (H3N2), vírus Influenza A/Perth/1001/2018 (H3N2), vírus Influenza A/Singapore/INFIMH-16-0019/2016 (H3N2), vírus Influenza A/South Australia/55/2014 (H3N2), vírus Influenza A/South Australia/55/2014, IVR-175 (H3N2), vírus Influenza A/Switzerland/9715293/2013 (H3N2), vírus Influenza A/Texas/50/2012 (H3N2), vírus Influenza A/Thüringen/5/2017 (H3N2) (Clade 3C2a.1), vírus Influenza A/Uruguay/716/2007 (H3N2)(NYMC X-175C), vírus Influenza A/Victoria/210/2009(H3N2), vírus Influenza A/Victoria/361/2011 (H3N2), vírus Influenza A/Victoria/361/2011 IVR-165 (H3N2), vírus Influenza A/Anhui/01/2005 (H5N1), vírus Influenza A/Anhui/01/2005 x PR8-IBCDC-RG6 (H5N1), vírus Influenza A/chicken/Vietnam/NCVD-016/2008 (H5N1), vírus Influenza A/chicken/Vietnam/NCVD-03/08 (H5N1) - PR8-IDCDC-RG25a, vírus Influenza A/chicken/Yunnan/1251/2003 (H5N1), vírus Influenza A/common magpie/Hong Kong/645/2006 (H5N1), vírus Influenza A/duck/Hunan/795/2002 (H5N1), vírus Influenza A/Egypt/321/2007 (H5N1), vírus Influenza A/Egypt/321/2007 x PR8-IDCDC-RG11 (H5N1), vírus Influenza A/Egypt/3300-NAMRU3/2008 x PR8-IDCDC-RG13 (H5N1), vírus Influenza A/Egypt/N03072/2010 (H5N1) x PR8-IDCDC-RG29, vírus Influenza A/Hong Kong/213/2003 (H5N1), vírus Influenza A/Hubei/1/2010 (H5N1) x PR8-IDCDCRG30, vírus Influenza A/India/NIV/2006 xPR8-IBCDC-RG7 (H5N1), vírus Influenza A/Japanese white eye/Hong Kong/1038/2006 (H5N1), vírus Influenza A/Vietnam/1194/2004 (H5N1), vírus Influenza A/Vietnam/1194/2004 (NIBRG-14) (H5N1), vírus Influenza A/Vietnam/1203/2004 x PR8-IBCDC-RG (H5N1), vírus Influenza A/Whooper Swan/R65/2006 (H5N1), vírus Influenza A/pheasant/New Jersey/1355/1998 (H5N2)-PR8-IBCDC-4, vírus Influenza A/Duck/Singapore-Q/F119-3/97 (H5N3), vírus Influenza A/Duck/Lao/XBY004/2014 (H5N6) (Clade 2.3.4.4), vírus Influenza A/DE-SH/Reiherente/AR8444/



2016 (H5N8), vírus Influenza A/Turkey/Germany/R2485-86/2014 (H5N8), vírus Influenza A/turkey/Virginia/2002 x PR8-IBCDC-5 (H7N2), vírus Influenza A/Mallard/Netherlands/2/2009 (H7N7), vírus Influenza A/Mallard/Netherlands/12/2000 (H7N7) - IBCDC-1, vírus Influenza A/Anhui/1/2013 (H7N9), vírus Influenza A/Guangdong/17SF003/2016 (H7N9), vírus Influenza A/Chicken/Hong Kong/G9/1997 x PR8-IBCDC-2 (H9N2), vírus Influenza A/Chicken/Myanmar/433/2016 (H9N2), vírus Influenza A/Hong Kong/1073/99 (H9N2), Influenza A/Hong Kong/33982/2009 (H9N2) x PR8-IDCDC-RG26, revelando resultado positivo.

A reatividade do VIASURE SARS-CoV-2, Flu (A+B) & RSV Real Time PCR Detection Kit for BD MAX™ System no caso do **Influenza B** foi avaliada comparativamente com ARN extraído das seguintes estirpes: vírus Influenza B/Brisbane/60/2008, vírus Influenza B/Colorado/6/2017, vírus Influenza B/Malaysia/2506/2004, vírus Influenza B/Maryland/15/2016, vírus Influenza B/Netherlands/207/06, vírus Influenza B/Netherlands/2518/2016 (clade 1A), vírus Influenza B/Nevada/3/2011, vírus Influenza B/New Jersey/1/2012, vírus Influenza B/Texas/02/2013, vírus Influenza B/Townsville/8/2016 (**B/linhagem Victoria**); vírus Influenza B/Canberra/11/2016, vírus Influenza B/Florida/4/2006, vírus Influenza B/Florida/07/2004, vírus Influenza B/Guangdong/120/2000, vírus Influenza B/Hubei Wujigang/158/2009 (NYMC BX-39), vírus Influenza B/Jiangsu/10/2003, vírus Influenza B/Massachusetts/2/2012, vírus Influenza B/Netherlands/365/2016 (clade 3), vírus Influenza B/Phuket/3073/2013, vírus Influenza B/Texas/06/2011, vírus Influenza B/Wisconsin/1/2010, vírus Influenza B/Wisconsin/1/2010 BX-41A (**B/linhagem Yamagata**), revelando resultado positivo.

A reatividade do VIASURE SARS-CoV-2, Flu (A+B) & RSV Real Time PCR Detection Kit for BD MAX™ System no caso do **VSR** foi confirmada comparativamente com ARN extraído de VSR A e B (estirpe CH93 (18)-18) e vírus sincicial respiratório humano estirpe Long, revelando resultado 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/ . 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/Símbolos para componentes e reagentes

IVD	<i>In vitro diagnostic device</i> Produto para diagnóstico <i>In vitro</i>	 Keep dry Armazenar em local seco	 Use by Data de validade	 Manufacturer Fabricante	LOT Batch code (Lot) Código do lote
	Consult Instructions for Use Consultar as instruções de utilização	 Temperature limitation Limitação de temperatura	 Contains sufficient for <n> test Contém <n> test	DIL	Sample diluent Diluente de amostra REF Catalog number Número de referência

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





CerTest Biotec, S.L.

Pol. Industrial Río Gállego II · Calle J, Nº1
50840, San Mateo de Gállego, Zaragoza (Spain)
www.certest.es



VIASURE online

F-362 rev01

VIASURE



Real Time PCR Detection Kits

CerTest
BIOTEC