



ResistancePlus[®] MG

Test de PCR multiplexe en temps réel pour l'identification de Mycoplasma genitalium et la détection des mutations associées à la résistance à l'azithromycine



Produit	Plateforme	Taille	Référe	nce
		(réactions)		
ResistancePlus® MG	LC480 II	100	REF	20001L-01
	z 480			
ResistancePlus® MG	LC480 II	25	REF	2000125
	z 480			
ResistancePlus [®] MG ₍₅₅₀₎	ABI 7500 Fast	100	REF	2000201
	ABI 7500 Fast Dx			
ResistancePlus [®] MG ₍₅₅₀₎	ABI 7500 Fast	25	REF	2000225
	ABI 7500 Fast Dx			
ResistancePlus [®] MG ₍₆₇₅₎	CFX96™ Dx	100	REF	2000301
	CFX96™ Touch			
ResistancePlus [®] MG ₍₆₇₅₎	CFX96™ Dx	25	REF	2000325
	CFX96™ Touch			
Produits accessoires – Logiciel d'analys	se			
ResistancePlus® MG (LC480)			REF	99003
ResistancePlus [®] MG (z480)			REF	99018
ResistancePlus [®] MG (7500)			REF	99002
ResistancePlus® MG (CFX)			REF	99008
REFLEX ResistancePlus® MG (LC480)			REF	99023
REFLEX ResistancePlus® MG (z480)			REF	99024
REFLEX <i>ResistancePlus®</i> MG (7500)			REF	99026

REFLEX ResistancePlus® MG (7500)

REFLEX ResistancePlus® MG (CFX)



MedEnvoy Prinses Margrietplantsoen 33 - Suite 123 2595 AM La Haye Les Pays-Bas



SpeeDx Pty Ltd Suite 102 National Innovation Centre 4 Cornwallis Street, Eveleigh NSW 2015, Australie Tél : +61 2 9209 4170, E-mail : tech@speedx.com.au

REF

99025

RÉSERVÉ À UN USAGE PROFESSIONNEL Non destiné à la vente aux États-Unis





Contenus

1	Desc	ription du produit	. 5
2	Usag	e prévu	. 5
3	Inform	nations sur les pathogènes	. 5
4	Conte	enu du kit	.6
5	Expe	dition et stockage	. /
0	Aven	Avertisesemente et précautions	. 1
6	. I 2	Avenissements et precautions à ordre general	. /
6	2		. /
0	.5		. 0
6	.4		. 8
6	.5	Precautions de securite	. 8
- 6	.6	Plug-ins d'essais : Avertissements/Precautions/Limitations	. 8
7	Produ	uits et consommables associes	. 8
o a	Vue c	l'ensemble de la procédure	11 13
10	Détai	ls de la procédure	14
. 0	0 1	Prélèvement transport et stockage des échantillons	14
	10 1 1	Dispositifs de prélèvement d'échantillons approuvés	14
	10.1.2	Prélèvement, transport et stockage des écouvillons secs	14
	10.1.3	Prélèvement, transport et stockage des écouvillons secs	14
	10.1.4	Prélèvement, transport et stockage du Kit de prélèvement d'échantillons Multi-Collect (Abbott, Cat. n° 9K12-01)	14
	10 1 5	Prélèvement, transport et stockage du lit de prélèvement d'urine Antima [®] (Hologic, Cat. nº 301040)	15
	10.1.6 301041	Prélèvement, transport et stockage du kit de prélèvement d'échantillons de frottis unisexe Aptima [®] (Hologic, Cat.	n°
	10.1.7 304278	Prélèvement, transport et stockage de DeltaSwab ViCUM [®] 2 mL + écouvillon floqué standard (deltalab, Cat. 3) 16	n°
	10.1.8	Prélèvement, transport et stockage de l'urine Vacumed [®] sans conservateur (FL medical, Cat. n° 44950)	16
	10.1.9	Prélèvement, transport et stockage du FLOQSwab™ standard dans 1 mL de milieu UTM™ (Copan Cat. n° 359C)	17
	10.1.10	Prélèvement, transport et stockage des milieux cobas [®] PCR (Roche, Cat. n° 06466281190)	17
	10.1.11	Extraits d'échantillons approuvés	17
1	0.2	Traitement des échantillons	17
	10.2.1	Stockage des échantillons extraits	18
1	03	Internal Control (IC) (Contrôle interne (CI))	18
	1031	Contrôle interne sur le MagNA Pure 96	18
	10.3.2	Internal Control (Contrôle interne) sur le MICROL AB STARIet IV/D	10
	10.3.2		10
	10.3.5	Contrôle interne sur le casyMAG [®]	20
1	0.4	Prénaration de la PCP en temps réal	20
	10 4 1	Préparation du mélange de colution mère	21
	10.4.1		21
,	10.4.2	Stabilité du metange de solution-mere	22
1	U.5	Preparation de la PCK avec des extraits d'acide nucleique (flux de travail reflex)	22
11 12	rrogr Interr	animation des résultats	∠∠ 23
13	Limita	ations	23





14	Contr	ôle de qualité	. 24
15	Cons	ignes d'utilisation des contrôles positifs ResistancePlus [®] MG	. 24
15	.1	Mode d'emploi	. 24
16	Carao	téristiques de performance	. 25
16	.1	Performance clinique	. 25
	16.1.1	Étude clinique 1	. 25
	16.1.2	Étude clinique 2	. 27
	16.1.3	Étude clinique 3	. 27
	16.1.4	Étude clinique 4	. 29
	16.1.5	Étude clinique 5	. 31
	16.1.6	Étude clinique 6	. 32
	16.1.7	Étude clinique 7	. 34
16	.2	Performance analytique	. 35
	16.2.1	Reproductibilité et répétabilité	. 35
	16.2.2	Sensibilité analytique	. 39
	16.2.3	Spécificité analytique	. 40
	16.2.4	Substances potentiellement interférentes	. 41
17	Servi	ce clients et assistance technique	. 43
18	Référ	ences	. 44
19	Anne	xe 1 : LightCycler [®] 480 instrument II	. 45
19	.1	Programmation du LightCycler [®] 480 Instrument II (LC480 II)	. 45
19	.2	Colour Compensation (Compensation de couleur) pour LightCycler® 480 Instrument II	. 49
19	.3	Interprétation des résultats	. 50
20	Anne	xe 2 : analyseur cobas z 480	. 51
20	.1	Programmation de l'analyseur cobas z 480	. 51
20	.2	Colour Compensation (compensation de couleur) pour l'analyseur cobas z 480	. 55
20	.3	Interprétation des résultats	. 56
21	Anne	xe 3 : Applied Biosystems [®] 7500 Fast	. 57
21	.1	Programmation du système Applied Biosystems [®] 7500 Fast	. 57
21	.2	Interprétation des résultats	. 60
22	Anne	xe 4 : Applied Biosystems® 7500 Fast Dx	. 61
22	.1	Programmation du système Applied Biosystems [®] 7500 Fast Dx	. 61
22	.2	Interprétation des résultats	. 65
23	Anne	xe 5 : Systèmes de PCR en temps réel Bio-Rad CFX96™ Dx et CFX96 Touch™	. 66
23	.1	Programmation des systèmes de PCR en temps réel CFX96 ™ Dx et CFX96 Touch ™	. 66
23	.2	Interprétation des résultats	. 69
24	Anne	xe A : interprétation des résultats	. 70
24	.1	Plateforme FastFinder - Configuration minimale requise	. 70
24	.2	Device set up (Configuration du dispositif) (nouvel utilisateur ou nouveau dispositif)	. 71
:	24.2.1	Compensation de couleur	. 71
24	.3	Module de test (nouvel utilisateur)	. 72
24			70
24	.4	Denomination des echantilions	. 73





2	4.6	Analyse	3
2	4.7	Résultats7	5
2	4.8	Courbe de référence	6
2	4.9	Aperçu des résultats7	7
2	4.10	Exporter des résultats	7
2	4.11	Exemple de graphes pour contrôle7	8
	24.11.1	<i>M. genitalium</i> , contrôle pour mutation de l'ARNr 23S (Pa)7	8
	24.11.2	M. genitalium, contrôle ARNr 23S de type sauvage (Pb)7	8
	24.11.3	M. genitalium, contrôle négatif (N) (échantillon négatif)7	9
2	4.12	Exemples	9
	24.12.1	Exemple 1. Échantillon M. genitalium, échantillon ARNr 23S de type sauvage avec un nombre faible de copies7	9
	24.12.2	Exemple 2. Échantillon <i>M. genitalium</i> , échantillon ARNr 23S de type sauvage avec un nombre faible de copies 8	0
	24.12.3	Exemple 3. Échantillon <i>M. genitalium</i> , mutation de l'ARNr 23S 8	0
	24.12.4	Exemple 4. Échantillon <i>M. genitalium</i> , mutation de l'ARNr 23S 8	0
	24.12.5	5 Exemple 5. Échantillon négatif	1
	24.12.6	Exemple 6. Échantillon Non valide	1
	24.12.7	Zexemple 7. Échantillons à corriger – Signal négatif	1
	24.12.8	Exemple 8. Échantillons à corriger – Signal non concluant	2
25	Gloss	aire	4



1 Description du produit

Le kit **Resistance**Plus[®] MG détecte simultanément le *M. genitalium* and 5 mutations aux positions 2058 et 2059 dans le gène ARNr 23S (numérotation pour *E. coli*) qui sont associés à la résistance à l'azithromycine (antibiotique à base de macrolide). Le kit **Resistance**Plus[®] MG est un test par PCR en temps réel multiplexe à 1 puits composé de 3 systèmes de lecture. Le Readout 1 (système de lecture 1) indique la présence ou l'absence de *M. genitalium* par la détection du gène MgPa ; le readout 2 (système de lecture 2) indique la présence d'une mutation A2058G, A2059G, A2058T, A2058C ou A2059C sur le gène de l'ARNr 23S ; et le readout 3 (système de lecture 3) est un contrôle interne qui surveille l'efficacité de l'extraction et l'inhibition de la qPCR. Le kit **Resistance**Plus[®] MG utilise **Plex**Zyme[®] et **Plex**Prime[®] pour la spécificité et pour une capacité de multiplexage supérieure. Le test est validé sur des échantillons extraits en utilisant le système MagNA Pure 96 System (Roche), MICROLAB STARIEt IVD (Hamilton), QIAsymphony[®] SP (QIAGEN), NUCLISENS[®] easyMAG[®] (Biomérieux) et la détection en temps réel sur le Roche LightCycler[®] 480 (z480), le système Applied Biosystems[®] 7500 Fast (7500 Fast Dx) et les systèmes de détection par PCR en temps réel Bio-Rad CFX96TM Dx (CFX96 Dx) etCFX96 TouchTM (CFX96 Touch).

2 Usage prévu

Le kit **Resistance***Plus*[®] MG est un test qualitatif multiplexe de diagnostic *in vitro* par PCR en temps réel pour l'identification de *M. genitalium* et la détection de 5 mutations sur le gène de l'ARNr 23S (A2058G, A2059G, A2058T, A2058C et A2059C, numérotation pour *Escherichia coli*) qui sont associées à la résistance à l'azithromycine (un antibiotique de la famille des macrolides). Il est destiné à aider au diagnostic du *M. genitalium* et il détecte les mutations associées à la résistance à l'azithromycine chez le *M. genitalium*. Il doit être utilisé conjointement avec les informations cliniques et d'autres données de laboratoire.

Le kit *ResistancePlus®* MG peut être utilisé avec les types de prélèvements suivants : urine masculine et féminine et écouvillons anaux, rectaux, cervicaux, endocervicaux, vaginaux, urétraux, péniens, péniens méatiques et pharyngés, provenant de patients symptomatiques et asymptomatiques.

Des résultats négatifs n'excluent pas les infections à *M. genitalium* et ne confirment pas la sensibilité à l'azithromycine car il peut exister d'autres mécanismes d'échec thérapeutique.

Le kit *ResistancePlus*[®] MG doit être utilisé dans des structures professionnelles, telles que des hôpitaux ou des laboratoires de référence ou d'État. Il n'est pas destiné à un auto-test, un usage à domicile ou un usage sur le lieu des soins.

3 Informations sur les pathogènes

Le *M. genitalium* est une petite bactérie présente dans les voies urogénitales humaines. Le *M. genitalium* a été associé à plusieurs infections sexuellement transmissibles (IST) Chez l'homme, la bactérie est la deuxième cause la plus fréquente d'urétrite non gonococcique (UNG) et elle est également associée à la prostatite, à l'épididymite et à la balanoposthite, et à l'inflammation du gland du pénis et du prépuce¹. Chez la femme, elle est associée à la cervicite, à la maladie inflammatoire pelvienne (MIP), notamment l'endométrite (inflammation de la muqueuse de l'endomètre) et la salpingite (inflammation des trompes de Fallope)^{1,2,3}.

L'azithromycine est utilisée couramment pour le traitement de *M. genitalium* et pour la prise en charge des syndromes des IST tels que l'UNG et la cervicite. L'azithromycine appartient à la classe d'antibiotiques des macrolides, et elle agit en se fixant à l'ARNr 23S pour inhiber la synthèse protéique. Des mutations ponctuelles du gène ARNr 23S de *M. genitalium*, aux positions A2058G, A2059G, A2058T, A2058C et A2059C (numérotation pour *E. coli*) ont été associées à l'échec du traitement et/ou une résistance *in vitro* à l'azithromycine^{4.5}. Les mutations les plus fréquentes sont A2058G et A2059G, qui représentent 89 % des mutations de résistance aux macrolides d'après une étude récente⁶.





4 Contenu du kit

Tableau 1. Contenus des kits ResistancePlus [®] MG						
Couleur du capuchon Contenus Description		Réf. 20001L-01 (100 réactions)	Réf. 2000125 (25 réactions)			
Bleu	Plex Mastermix (Mélange de solution mère Plex), 2x	Mélange de solution-mère contenant les composants requis pour la qPCR, notamment des dNTP, du MgCl ₂ , de l'ADN polymérase et du tampon	1 x 1 mL	1 x 250 µL		
Marron	MG+23S Mix (Mélange MG+23S), 20x	Mélange contenant des oligonucléotides^ pour l'amplification et la détection amplification de <i>M. genitalium</i> et les mutations ARNr 23S.	1 x 100 µL	1 x 25 μL		
Blanc	Control Mix 1 (Mélange de contrôle 1), 20x	Mélange contenant des oligonucléotides^ pour l'amplification et la détection du test de contrôle interne pour LC480 II et z 480.	1 x 100 µL	1 x 25 μL		
Rouge	Internal Control cells (Cellules de contrôle interne) [#]	Cellules de contrôle interne contenant la matrice d'ADN de contrôle interne pour surveiller l'efficacité de l'extraction et de l'amplification	1 x 500 µL	1 x 100 µL		
Neutre	Nuclease Free Water (Eau sans nucléase)	Eau de qualité PCR	1 x 1 mL	1 x 1 mL		

Conserver les tubes de matrices dans un endroit différent des mélanges d'oligonucléotides, c.-à-d. une salle de manipulation de matrice ou d'acide nucléique

^ Les oligonucléotides sont des paires d'amorce PCR (notamment les amorces **Plex**Prime®), des enzymes **Plex**Zyme® et des sondes fluorescentes.

Tableau 2. Contenus des kits <i>ResistancePlus[®]</i> MG ₍₅₅₀₎						
Couleur du capuchon Contenus De		Description	Réf. 2000201 (100 réactions)	Réf. 2000225 (25 réactions)		
Bleu	<i>Plex</i> Mastermix (Mélange de solution mère <i>Plex</i>), 2x	Mélange de solution-mère contenant les composants requis pour la qPCR, notamment des dNTP, du MgCl ₂ , de l'ADN polymérase et du tampon	1 x 1 mL	1 x 250 µL		
Marron	MG+23S Mix (Mélange MG+23S), 20x	Mélange contenant des oligonucléotides^ pour l'amplification et la détection amplification de <i>M. genitalium</i> et les mutations ARNr 23S.	1 x 100 µL	1 x 25 µL		
Blanc	Control Mix 2 (Mélange de contrôle 2), 20x	Mélange contenant des oligonucléotides^ pour l'amplification et la détection du test de contrôle interne pour 7500 Fast et 7500 Fast Dx	1 x 100 µL	1 x 25 µL		
Rouge	Internal Control cells (Cellules de contrôle interne)#	Cellules de contrôle interne contenant la matrice d'ADN de contrôle interne pour surveiller l'efficacité de l'extraction et de l'amplification	1 x 500 µL	1 x 100 µL		
Neutre	Nuclease Free Water (Eau sans nucléase)	Eau de qualité PCR	1 x 1 mL	1 x 1 mL		

Conserver les tubes de matrices dans un endroit différent des mélanges d'oligonucléotides, c.-à-d. une salle de manipulation de matrice ou d'acide nucléique

^ Les oligonucléotides sont des paires d'amorce PCR (notamment les amorces *PlexPrime®*), des enzymes *PlexZyme®* et des sondes fluorescentes.





Tableau 3. Contenus des kits <i>ResistancePlus®</i> MG ₍₆₇₅₎						
Couleur du capuchon	Contenus	Description	Réf. 2000301 (100 réactions)	Réf. 2000325 (25 réactions)		
Bleu	Plex Mastermix (Mélange de solution mère Plex), 2x	Mélange de solution-mère contenant les composants requis pour la qPCR, notamment des dNTP, du MgCl ₂ , de l'ADN polymérase et du tampon	1 x 1 mL	1 x 250 µL		
Marron	MG+23S Mix (Mélange MG+23S), 20x	Mélange contenant des oligonucléotides^ pour l'amplification et la détection amplification de <i>M. genitalium</i> et les mutations ARNr 23S.	1 x 100 µL	1 x 25 µL		
Blanc	Control Mix 3 (Mélange de contrôle 3), 20x	Mélange contenant des oligonucléotides^ pour l'amplification et la détection du test de contrôle interne dans le système CFX96 Dx et pour CFX96 Touch	1 x 100 µL	1 x 25 μL		
Rouge	Internal Control cells (Cellules de contrôle interne) [#]	Cellules de contrôle interne contenant la matrice d'ADN de contrôle interne pour surveiller l'efficacité de l'extraction et de l'amplification	1 x 500 µL	1 x 100 µL		
Neutre	Nuclease Free Water (Eau sans nucléase)	Eau de qualité PCR	1 x 1 mL	1 x 1 mL		

Conserver les tubes de matrices dans un endroit différent des mélanges d'oligonucléotides, c.-à-d. une salle de manipulation de matrice ou d'acide nucléique

^ Les oligonucléotides sont des paires d'amorce PCR (notamment les amorces **Plex**Prime®), des enzymes **Plex**Zyme® et des sondes fluorescentes.

5 Expédition et stockage

- La livraison des composants des kits *ResistancePlus[®]* GC se fait sur des blocs de carboglace ou de gel de glace. Après réception, il convient de conserver tous les composants entre -25 °C et -15 °C. Il est recommandé de ne pas dépasser 15 cycles de congélation/décongélation.
- Quand le kit est conservé conformément aux conditions recommandées et qu'il est manipulé correctement, il conserve son activité jusqu'à la date de péremption indiquée sur l'étiquette. Ne pas l'utiliser après la date de péremption.
- Tout incident grave doit être signalé à SpeeDx en contactant tech@speedx.com.au

6 Avertissements et précautions

6.1 Avertissements et précautions d'ordre général

- Destiné exclusivement à un usage de diagnostic in vitro.
- Lire attentivement ce mode d'emploi avant l'utilisation. Respecter rigoureusement les procédures décrites pour garantir la fiabilité des résultats de test. Toute déviation de ces procédures peut affecter la performance du test.
- Les utilisateurs doivent avoir suivi une formation adéquate dans l'utilisation du test ResistancePlus®.
- Tout incident grave doit être signalé au fabricant et à l'autorité compétente de l'État membre dans lequel l'utilisateur et/ou le patient est établi.

6.2 Laboratoire

- Il est recommandé d'effectuer la préparation/l'extraction des échantillons, la préparation du mélange de solution-mère, l'ajout des échantillons et le thermocyclage dans des zones séparées spatialement. Au minimum, l'instrument de PCR doit, idéalement, être situé dans une salle distincte des zones où les réactions sont préparées.
- Il est recommandé de suivre les précautions de laboratoire habituelles. Porter un équipement de protection individuelle approprié, comme des gants, des lunettes de protection et une blouse de laboratoire pour manipuler les réactifs.
- Des organismes pathogènes sont susceptibles d'être présents dans les échantillons cliniques. Traiter tous les échantillons cliniques comme étant potentiellement infectieux et respecter les procédures de sécurité de votre organisation en matière de manipulation des échantillons chimiques et biologiques.
- Respecter les procédures d'élimination des déchets dangereux de votre organisation pour l'élimination correcte des échantillons, des réactifs et d'autres matières potentiellement contaminées.





6.3 Manipulation des échantillons

- Les échantillons doivent être recueillis, transportés et stockés en utilisant les techniques de laboratoire standard ou conformément aux instructions des kits de prélèvement.

6.4 Test

- Les précautions de base pour prévenir la contamination des réactions de PCR comprennent l'utilisation d'embouts de pipette à filtre stériles, l'utilisation d'un nouvel embout de pipette pour chaque action de pipetage et la séparation des flux de travail.
- Les tests de PCR sont sujets à la contamination par les produits de PCR précédents. Ne jamais ouvrir les cuves à réaction après l'achèvement de la PCR.
- Les réactifs de dosage contiennent du tampon IDTE susceptible de provoquer une grave irritation oculaire. Il est recommandé de l'utiliser dans une pièce bien ventilée et de porter l'équipement de protection individuelle adapté, tel que des gants, des lunettes de protection et une blouse de laboratoire lors de la manipulation des réactifs.

6.5 Précautions de sécurité

- Des fiches de données de sécurité (FDS) sont disponibles sur demande. Contacter tech@speedx.com.au pour de plus amples informations.

6.6 Plug-ins d'essais : Avertissements/Précautions/Limitations

- Le logiciel SpeeDx ne peut contrôler que l'analyse des données brutes générées par le kit de test lorsqu'il est utilisé avec l'instrument de PCR correspondant. Il ne contrôle pas la préparation des échantillons, les réactions, la programmation de l'équipement ou l'administration du traitement.
- Les utilisateurs doivent être dûment formés à l'utilisation du logiciel d'analyse *ResistancePlus*® MG et l'accès doit être réservé à chaque utilisateur assigné.
- Il est recommandé de mettre en place des contrôles de cybersécurité et des accès par authentification des utilisateurs, notamment en utilisant un logiciel antivirus ou un pare-feu au sein du système informatique et de l'infrastructure qui utilisent le logiciel.
- En cas d'incident de cybersécurité tel qu'un accès non autorisé ou une attaque par ransomware, veuillez contacter tech@speedx.com.au pour obtenir de l'aide.

7 Produits et consommables associés

Matériel de contrôle positif

- Kit de contrôle positif ResistancePlus® MG (SpeeDx, Cat. nº 95001)

Consommables de laboratoire généraux

- Gants et blouses de laboratoire propres
- Mélangeur vortex
- Centrifugeuse de paillasse pour tubes de 0,5 et 1,5 mL
- Micro-pipeteurs
- Embouts de pipette résistants aux aérosols, stériles
- Tubes de 0,5 mL et 1,5 mL (qualité PCR)
- Tubes de 2,0 mL (pour la prédilution des cellules de contrôle interne)

Pour le MagNA Pure 96 Instrument

- Phosphate Buffered Saline (PBS) (Tampon phosphate salin) 1x
- MagNA Pure 96 Internal Control Tube (Tube de contrôle interne, Roche, réf. 06374905001)
- MagNA Pure 96 DNA et Viral NA Small Volume Kit (kit petit volume, Roche, réf. 06543588001)
- MagNA Pure 96 DNA et Viral NA Large Volume Kit (kit grand volume, Roche réf. 06374891001)





- MagNA Pure 96 System Fluid (external) (Système de fluide externe, Roche, réf. 06640729001)
- MagNA Pure 96 Processing Cartridge (Cartouche de traitement, Roche, réf. 06241603001)
- MagNA Pure 96 Pure tip 1000uL (Embout, Roche, réf. 6241620001)
- MagNA Pure 96 Output Plate (plaque de sortie, Roche, réf. 06241611001)
- MagNA Pure Sealing Foil (feuille d'hermétisation, Roche, réf. 06241638001)

Pour l'instrument MICROLAB STARlet

- Phosphate Buffered Saline (PBS) (Tampon phosphate salin) 1x
- STARMag 96 X 4 Universal Cartridge kit (384T) (Kit de cartouche universelle, Seegene, réf. 744300.4.UC384)
- Tubes de 2,0 mL

Pour l'instrument QIAsymphony® SP

- Phosphate Buffered Saline (PBS) (Tampon phosphate salin) 1x
- Cartouches de préparation d'échantillon, 8 puits (Qiagen, réf. 997002)
- Manchons 8 barreaux (Qiagen, réf. 997004)
- Pointes de filtre, 200 µL et 1500 µL (Qiagen, réf. 990332 et 997024)
- Tubes 2 mL (Sarstedt, réf. 72.639 ou 72.694)
- Tubes en polystyrène 14 mL (Corning, réf. 352051)
- Kit DSP Virus/Pathogen Mini (QIAGEN, Cat no 937036)

Pour le NucliSENS® easyMAG® instrument

- Phosphate Buffered Saline (PBS) (Tampon phosphate salin) 1x
- NucliSENS[®] easyMAG[®] Lys BUffer 4 X 1 I (tampon lyse Biomérieux, réf. 280134)
- NucliSENS® easyMAG® Lysis Buffer 2 mL 48T (tampon lyse Biomérieux, réf. 200292)
- NucliSENS® easyMAG® Magnetic Silica (Silice magnétique, Biomerieux, réf. 280133)
- NucliSENS® easyMAG® Extraction buffer 1 (Tampon d'extraction 1, Biomerieux, réf. 280130)
- NucliSENS® easyMAG® Extraction buffer 2 (Tampon d'extraction 2, Biomerieux, réf. 280131)
- NucliSENS® easyMAG® Extraction buffer 3 (Tampon d'extraction 3, Biomerieux, réf. 280132)
- NucliSENS® easyMAG® Disposables (Jetables, Biomerieux, réf. 280135)

Pour le LightCycler® 480 Instrument II et l'analyseur cobas z 480

- PlexPCR[®] Colour Compensation (CC) kit (Kit de compensation de couleur, SpeeDx, Cat no 90001)
- LightCycler[®] 480 Multiwell Plate 96 (plaque à 96 puits, Roche, réf. 04729692001)
- LightCycler[®] 480 Sealing Foil (feuille d'hermétisation, Roche, réf. 04729757001)

Pour le système Applied Biosystems® 7500 Fast et le système 7500 Fast Dx

- MicroAmp® Optical 96-well reaction plates (plaques de réaction à 96 puits, ThermoFisher Scientific, réf. 4316813)
- MicroAmp® Optical Adhesive Film (film optique adhésif, ThermoFisher Scientific, réf. 4360954)

Pour le Bio-Rad CFX96™ Dx et le CFX96 Touch™ Real-time PCR Detection System

- Multiplate[™] 96-well PCR plates (plaques PCR à 96 puits, Bio-Rad, réf. MLP9601)
- Microseal® 'B' PCR Plate Sealing Film, adhesive, optical (film adhésif et optique d'hermétisation, Bio-Rad, réf. MSB1001)





Dispositifs de prélèvement d'échantillons

Pour le Bio-Rad CFX96™ Dx et le CFX96 Touch™ Real-time PCR Detection System

- Kit de prélèvement d'échantillons Multi-Collect (Abbott, Cat. n° 9K12-01)
- Kit de prélèvement d'urine Aptima® (Hologic, Cat. n° 301040)
- Kit de prélèvement d'échantillon par frottis unisexe Aptima® (Hologic, Cat. n° 301041)
- DeltaSwab ViCUM[®] 2 mL + écouvillon floqué standard (deltalab, Cat. n° 304278)
- Urine Vacumed[®] sans conservateur (FL medical, Cat. n° 44950)
- FLOQSwab[™] standard dans 1 mL de milieu UTM[™] (Copan Cat. n° 359C)
- Milieu cobas[®] PCR (Roche, Cat. n° 06466281190)





8 Principe de la technologie

La PCR en temps réel (qPCR) peut être utilisée pour amplifier et détecter les acides nucléiques cibles spécifiques des pathogènes. **Plex**PCR[®] est une technologie qPCR utilisant les enzymes **Plex**Zyme[®] qui détecte et signale le produit amplifié en produisant un signal fluorescent (**Figure 1**). Les amorces **Plex**Prime[®] sont associées pour l'amplification spécifique de séquences mutantes, associée à la détection **Plex**Zyme[®] spécifique des mutants (**Figure 2**).

Les enzymes **PlexZyme®** sont des complexes d'ADN catalytiques composés de deux oligonucléotides d'ADN désignés par le terme « enzymes partielles ». Chaque enzyme partielle possède une région spécifique à une cible, une âme catalytique et une région universelle de liaison de la sonde. Quand le produit cible est présent, les deux enzymes partielles se lient côte-à-côte pour former l'enzyme **PlexZyme®** active possédant l'activité catalytique pour cliver une sonde marquée. Le clivage sépare les colorants du fluorophore et du désactivateur, produisant un signal fluorescent qui peut être surveillé en temps réel. Les enzymes **PlexZyme®** ont une spécificité supplémentaire par rapport aux autres technologies de détection, car deux enzymes partielles doivent se lier pour la détection. Les enzymes **PlexZyme®** sont également des enzymes à renouvellement multiple, et plusieurs sondes peuvent être clivées au cours de chaque cycle de PCR, produisant un signal puissant et sensible. En raison de la sensibilité et la spécificité élevées des tests **PlexZyme®**, ceux-ci sont parfaits pour la détection multiplexe de pathogènes.

Les amorces *PlexPrime®* possèdent trois régions fonctionnelles. La région 5' longue, qui fixe l'amorce à un emplacement spécifique et la région 3' courte, qui cible de manière sélective l'extension à partir de la base mutante. Une séquence d'insertion se situe entre les régions 5' et 3' et agit comme une structure de liaison qui insère une séquence indépendante de la cible dans l'amplicon résultant et améliore la pression de sélection de la région 3'. Dans la réaction multiplexe, chaque amorce *PlexPrime®* est conçue pour cibler une base mutante spécifique et intègre une séquence d'insertion unique, ce qui produit ainsi des séquences d'amplicon mutant distinctes. Contrairement aux autres technologies de détection basées sur les sondes, l'enzyme *PlexZyme®* peut être superposée avec l'amorce *PlexPrime®* pour cibler l'amplicon mutant spécifique contenant la base mutante et la séquence d'insertion incorporée. L'association unique des amorces *PlexPrime®* couplées aux enzymes *PlexZyme®* permet l'amplification spécifique de séquences mutantes, et la détection sensible et spécifique dans une réaction multiplexe.



Figure 1. Représentation schématique de la détection et de la signalisation universelle de PlexZyme®





Figure 2. Représentation schématique de l'amorce *PlexPrime[®]* couplée à la détection *PlexZyme[®]*. L'amorce *PlexPrime[®]* amplifie spécifiquement la séquence mutante et les enzymes *PlexZyme[®]* détectent spécifiquement l'amplicon.



PlexPrime amplicon





9 Vue d'ensemble de la procédure







10 Détails de la procédure

Remarque : les réactifs fournis sont cités en italiques et la couleur du capuchon du tube est indiquée entre parenthèses.

10.1 Prélèvement, transport et stockage des échantillons

L'urine masculine, l'urine féminine et les écouvillons urétraux, anaux, rectaux, pharyngés, péniens, péniens méatiques, cervicaux, endocervicaux et vaginaux, provenant de patients symptomatiques et asymptomatiques, doivent être prélevés, transportés et stockés en utilisant des techniques de laboratoire standard ou conformément aux instructions des kits de prélèvement.

10.1.1 Dispositifs de prélèvement d'échantillons approuvés

Un prélèvement, un stockage et un transport d'échantillons inadéquats ou inappropriés sont susceptibles de produire des résultats de test erronés. Une formation appropriée au prélèvement d'échantillons est fortement recommandée pour garantir la qualité et la stabilité des échantillons.

Les dispositifs de prélèvement d'échantillons qui ont été approuvés avec le kit **Resistance**Plus[®] MG sont mentionnés ci-après avec de brèves consignes concernant la notice du fabricant du dispositif pour le prélèvement, la manipulation et le transport. Ces consignes ne visent pas à remplacer ou à substituer la notice fournie par le fabricant. Se reporter toujours à la notice d'information du fabricant du dispositif de prélèvement d'échantillons pour connaître les méthodes de prélèvement appropriées.

Avant toute méthode de prélèvement, le personnel qualifié doit s'assurer de la bonne compréhension du dispositif et de la méthodologie. Il faut au moins examiner la description du test pour connaître les éléments suivants : indication du type d'échantillon, volume suffisant, procédure(s), matériel de prélèvement nécessaire, préparation du patient et consignes de manipulation et de stockage appropriées.

10.1.2 <u>Prélèvement, transport et stockage des écouvillons secs</u>

- 1. L'utilisation d'un gobelet à urine stérile et transparent, exempt de tout conservateur ou milieu de transport, est recommandée pour le prélèvement automatique par le patient.
- 2. Le patient doit recueillir de 20 mL à 50 mL de la première miction et refermer hermétiquement le couvercle ou le visser.
- 3. Il est recommandé de mettre l'échantillon d'urine dans un double sac avec des tampons absorbants pour le transport. Les températures de conservation des échantillons d'urine dépendent de la durée de traitement prévue.

10.1.3 <u>Prélèvement, transport et stockage des écouvillons secs</u>

Les écouvillons secs peuvent être utilisés pour le prélèvement de différents types d'échantillons par les professionnels de santé et les patients. Étant donné cette variabilité, se reporter à la notice du fabricant pour connaître les types de spécimens et les méthodes de prélèvement appropriés.

10.1.4 Prélèvement, transport et stockage du Kit de prélèvement d'échantillons Multi-Collect (Abbott, Cat. n° 9K12-01)

Les consignes ci-dessous sont un récapitulatif du prélèvement et du transport de l'urine, des frottis vaginaux et des frottis urétraux masculins avec le kit de prélèvement Multi-Collect (Abbott, Cat. n° 9K12-01).

10.1.4.1 Prélèvement, transport et stockage des échantillons d'urine

- 1. Le patient ne doit pas avoir uriné pendant au moins une heure avant le prélèvement de l'échantillon.
- 2. Jeter l'écouvillon de prélèvement ; il n'est pas nécessaire pour le prélèvement de l'échantillon d'urine.
- 3. À l'aide d'un gobelet à urine, le patient doit prélever les premiers 20 mL à 30 mL d'urine mictionnelle (la première partie du iet).
- 4. Dévisser le bouchon du tube de transport, en veillant à ne pas renverser le tampon de transport à l'intérieur.
- 5. Manipuler le bouchon et le tube avec précaution pour éviter toute contamination.
- 6. Utiliser la pipette de transfert en plastique pour transférer l'urine du gobelet de prélèvement dans le tube de transport jusqu'à ce que le niveau de liquide dans le tube se situe dans la fenêtre de remplissage transparente de l'étiquette du tube de transport, autrement un autre échantillon devra être prélevé. Ne pas remplir excessivement. Pour transférer le volume nécessaire d'échantillon d'urine, il peut être nécessaire d'appuyer un peu plus d'une fois sur la poire de la pipette de transfert.
- 7. Reboucher délicatement le tube de transport. Veiller à ce que le bouchon soit bien fermé.
- 8. Marquer le tube de transport avec les informations d'identification de l'échantillon, y compris la date de prélèvement, à l'aide d'une étiquette adhésive. Veillez à ne pas masquer la fenêtre de remplissage du tube de transport.
- Après le prélèvement, transporter et stocker le tube de transport à une température comprise entre 2 °C et 30 °C pendant 14 jours maximum. Si un stockage plus long est nécessaire, conserver à -10 °C ou à une température plus froide pendant 90 jours maximum.





10.1.4.2 <u>Prélèvement, transport et stockage des échantillons de frottis vaginaux</u>

- 1. Jeter la pipette de transfert jetable ; elle n'est pas nécessaire pour le prélèvement des échantillons de frottis vaginaux.
- Retirer l'écouvillon stérile de son emballage, en prenant soin de ne pas toucher l'extrémité de l'écouvillon et de ne pas le poser sur aucune surface.
- 3. İnsérer l'extrémité blanche de l'écouvillon de prélèvement à 5 cm environ dans l'ouverture du vagin.
- 4. Tourner délicatement l'écouvillon pendant 15 à 30 secondes contre les parois du vagin.
- 5. Retirer l'écouvillon délicatement.
- 6. Manipuler le bouchon et le tube avec précaution pour éviter toute contamination.
- 7. Dévisser le bouchon du tube de transport et placer immédiatement l'écouvillon de prélèvement dans le tube de transport de manière que la pointe blanche soit vers le bas.
- 8. Casser délicatement l'écouvillon au niveau de la ligne rayée sur la tige ; faire attention à ne pas éclabousser le contenu.
- 9. Reboucher le tube de transport. Veiller à ce que le bouchon soit bien fermé.
- 10. Marquer le tube de transport avec les informations d'identification de l'échantillon, y compris la date de prélèvement, à l'aide d'une étiquette adhésive.
- 11. Après le prélèvement, transporter et stocker le tube de transport à une température comprise entre 2 °C et 30 °C pendant 14 jours maximum. Si un stockage plus long est nécessaire, conserver à -10 °C ou à une température plus froide pendant 90 jours maximum.

10.1.4.3 Prélèvement, transport et stockage des échantillons de frottis urétral masculin

- 1. Le patient ne doit pas avoir uriné pendant au moins une heure avant le prélèvement de l'échantillon.
- Jeter la pipette de transfert jetable ; elle n'est pas nécessaire pour le prélèvement d'échantillons de frottis urétral masculin.
 Retirer l'écouvillon stérile de son emballage, en prenant soin de ne pas toucher l'extrémité de l'écouvillon et de ne pas le
- poser sur aucune surface. 4. Insérer l'extrémité blanche de l'écouvillon de prélèvement de 2 cm à 4 cm dans l'urètre.
- Inserer l'extremite blanche de l'écouvillon de prelevement de 2 cm à 4 cm dans l'uretre.
 Tourner délicatement l'écouvillon pendant 2 à 3 secondes pour obtenir un prélèvement adéquat.
- 6. Retirer l'écouvillon délicatement.
- 7. Manipuler le bouchon et le tube avec précaution pour éviter toute contamination.
- Dévisser le bouchon du tube de transport et placer immédiatement l'écouvillon de prélèvement dans le tube de transport de manière que la pointe blanche soit vers le bas.
- 9. Casser délicatement l'écouvillon au niveau de la ligne rayée sur la tige ; faire attention à ne pas éclabousser le contenu.
- 10. Reboucher le tube de transport. Veiller à ce que le bouchon soit bien fermé.
- 11. Marquer le tube de transport avec les informations d'identification de l'échantillon, y compris la date de prélèvement, à l'aide d'une étiquette adhésive.
- 12. Après le prélèvement, transporter et stocker le tube de transport à une température comprise entre 2 °C et 30 °C pendant 14 jours maximum. Si un stockage plus long est nécessaire, conserver à -10 °C ou à une température plus froide pendant 90 jours maximum.

10.1.5 <u>Prélèvement, transport et stockage du kit de prélèvement d'urine Aptima[®] (Hologic, Cat. n° 301040)</u>

Les instructions ci-dessous sont un récapitulatif du prélèvement et du transport des échantillons d'urine masculins et féminins avec le kit de prélèvement d'urine Aptima[®].

- 1. L'utilisation d'un gobelet à urine stérile et transparent, exempt de tout conservateur ou milieu de transport, est recommandée pour le prélèvement automatique par le patient.
- 2. Le patient doit verser de 20 mL à 30 mL de sa première urine dans le gobelet à urine fourni. Les femmes ne doivent pas nettoyer la zone labiale avant de fournir l'échantillon.
- 3. À l'aide de la pipette et du tube de transport inclus dans le kit de prélèvement d'urine Aptima[®], transférer 2 mL d'urine avec la pipette dans le tube de transport d'échantillon sans bouchon. La ligne de volume d'urine doit se situer entre les lignes de remplissage noires du tube de transport d'urine. L'urine doit être transférée du gobelet à urine stérile transparent au tube de transport d'échantillon d'urine Aptima dans les 24 heures suivant le prélèvement.
- 4. Reboucher hermétiquement le tube de transport d'urine.
- 5. Après le prélèvement, les échantillons d'urine traités dans le tube de transport d'échantillons d'urine Aptima doivent être transportés et stockés à une température comprise entre 2 °C et 30°C jusqu'au moment du test. Voir les consignes du fabricant pour une optimisation détaillée du stockage.

10.1.6 Prélèvement, transport et stockage du kit de prélèvement d'échantillons de frottis unisexe Aptima® (Hologic, Cat. n° 301041)

Les consignes ci-dessous sont un récapitulatif du prélèvement et du transport d'un échantillon endocervical et d'un échantillon urétral masculin avec le kit de prélèvement unisexe Aptima[®] (Hologic, Cat. n° 301041).





10.1.6.1 Prélèvement, transport et stockage des échantillons de frottis endocervical

- Retirer l'excès de mucus de l'orifice cervical et de la muqueuse environnante à l'aide de l'écouvillon de nettoyage (écouvillon à tige blanche dans l'emballage avec impression rouge). Jetez cet écouvillon. Note : Pour éliminer l'excès de mucus de l'orifice cervical, on peut utiliser un écouvillon à large embout (non fourni).
- 2. Insérer l'écouvillon de prélèvement (écouvillon à tige bleue dans l'emballage avec l'impression verte) dans le canal endocervical.
- 3. Tourner délicatement l'écouvillon dans le sens des aiguilles d'une montre pendant 10 à 30 secondes dans le canal endocervical pour obtenir un prélèvement adéquat.
- 4. Retirer l'écouvillon avec précaution ; éviter tout contact avec la muqueuse vaginale.
- 5. Retirer le bouchon du tube de transport de l'écouvillon et placer immédiatement l'écouvillon de prélèvement dans le tube de transport.
- 6. Casser délicatement la tige de l'écouvillon contre le côté du tube au niveau de la ligne de démarcation et jeter la partie supérieure de la tige de l'écouvillon ; faire attention à ne pas éclabousser le contenu.
- Reboucher hermétiquement le tube de transport de l'échantillon prélevé sur écouvillon. Après le prélèvement, transporter et conserver l'écouvillon dans le tube de transport d'échantillons à une température comprise entre 2 °C et 30 °C jusqu'au moment du test.

10.1.6.2 Prélèvement, transport et stockage d'un échantillon d'écouvillon urétral masculin

- 1. Le patient ne doit pas avoir uriné pendant au moins une heure avant le prélèvement de l'échantillon.
- 2. Insérer l'écouvillon de prélèvement (tige bleue dans l'emballage avec l'impression verte) de 2 cm à 4 cm dans l'urètre.
- 3. Tourner délicatement l'écouvillon dans le sens des aiguilles d'une montre pendant 2 à 3 secondes dans l'urètre pour obtenir un prélèvement adéquat.
- 4. Retirer l'écouvillon délicatement.
- 5. Retirer le bouchon du tube de transport de l'écouvillon et placer immédiatement l'écouvillon de prélèvement dans le tube de transport.
- 6. Casser délicatement la tige de l'écouvillon contre le côté du tube au niveau de la ligne de démarcation et jeter la partie supérieure de la tige de l'écouvillon ; faire attention à ne pas éclabousser le contenu.
- Reboucher hermétiquement le tube de transport de l'échantillon prélevé sur écouvillon. Après le prélèvement, transporter et conserver l'écouvillon dans le tube de transport d'échantillons à une température comprise entre 2 °C et 30 °C jusqu'au moment du test.

10.1.7 Prélèvement, transport et stockage de DeltaSwab ViCUM[®] 2 mL + écouvillon floqué standard (deltalab, Cat. n° 304278)

Les consignes ci-dessous sont un récapitulatif du prélèvement et du transport des frottis vaginaux, cervicaux, urétraux, pharyngés et rectaux avec l'écouvillon floqué DeltaSwab ViCUM[®] 2 mL + Standard (deltalab, Cat. n° 304278).

- 1. Ouvrir le sachet peel-pack en tirant des deux mains sur les côtés opposés.
- 2. Agiter le tube délicatement.
- 3. Ouvrir le sachet et prélever l'échantillon avec l'écouvillon.
- 4. Ouvrir le tube avec l'autre main et placer l'écouvillon à l'intérieur de façon qu'il soit recouvert par le milieu.
- 5. Aligner le point de rupture de l'écouvillon avec le haut du tube en appuyant légèrement sur l'écouvillon vers le bas. Casser l'écouvillon au niveau du point de rupture en le soutenant sur le le bord intérieur du tube.
- 6. Jeter le morceau de bâtonnet restant, visser le bouchon hermétiquement et agiter l'échantillon pour l'éluer dans le milieu.
- 7. Après le prélèvement, transporter et conserver l'écouvillon dans le tube de transport d'échantillons entre 4 °C et 25 °C jusqu'au test.

10.1.8 Prélèvement, transport et stockage de l'urine Vacumed[®] sans conservateur (FL medical, Cat. n° 44950)

Les consignes ci-dessous sont un récapitulatif du prélèvement et du transport de l'urine masculine et féminine avec le tube de prélèvement d'urine Vacumed[®] sans conservateur (FL medical, Cat. n° 44950).

- 1. Ouvrir le bouchon du récipient de prélèvement d'urine et le placer à l'envers sur une surface propre.
- 2. Ne pas toucher les surfaces internes du récipient ni du bouchon.
- 3. Prélever l'échantillon d'urine. Remplir le récipient jusqu'aux ¾ de sa capacité.
- 4. Replacer le bouchon et tourner fermement dans le sens des aiguilles d'une montre pour fermer hermétiquement.
- 5. Secouer délicatement l'échantillon.
- 6. Soulever partiellement l'étiquette de protection (ne pas la retirer complètement).
- 7. Insérer le tube de prélèvement et exercer une légère pression. Maintenir le tube connecté jusqu'à ce qu'il soit plein (fin de l'écoulement).
- 8. Retirer le tube de prélèvement et recoller complètement l'étiquette de protection.
- 9. Stocker le tube d'échantillon entre 4 °C et 25 °C jusqu'à ce qu'il soit testé.





10.1.9 Prélèvement, transport et stockage du FLOQSwab™ standard dans 1 mL de milieu UTM™ (Copan Cat. n° 359C)

Les consignes ci-dessous sont un récapitulatif du prélèvement et du transport d'échantillons de frottis vaginaux féminins avec le Regular FLOQSwab™ dans 1 mL de milieu UTM™ (Copan Cat. n° 359C).

- 1. Ouvrir l'emballage du kit UTM et retirer l'éprouvette de milieu et le sac interne contenant l'écouvillon stérile.
- 2. Sortir l'écouvillon stérile de son sachet et prélever l'échantillon clinique ; pour éviter tout risque de contamination, veiller à ce que l'extrémité de l'écouvillon soit uniquement en contact avec le site de prélèvement.
- 3. Après avoir prélevé l'échantillon, dévisser et retirer le bouchon de l'éprouvette en veillant à ne pas renverser le milieu.
- 4. Insérer l'écouvillon dans l'éprouvette jusqu'à ce que le point de rupture soit au niveau de l'ouverture de l'éprouvette.
- 5. Plier et casser l'écouvillon au point de rupture en tenant l'éprouvette éloignée de votre visage et jeter l'excédent.
- 6. Revisser le bouchon sur l'éprouvette et la fermer hermétiquement.
- 7. Procéder au traitement de l'échantillon contenu dans l'UTM dans les 48 heures suivant le prélèvement et stocker l'éprouvette à une température comprise entre 2 °C et -25 °C.
- 8. Avant le traitement, agiter au vortex pendant 20 secondes afin de favoriser la libération de l'échantillon de l'écouvillon et d'homogénéiser le milieu.

10.1.10 Prélèvement, transport et stockage des milieux cobas® PCR (Roche, Cat. n° 06466281190)

Les consignes ci-dessous sont un récapitulatif du prélèvement et du transport de l'urine masculine et féminine dans le milieu cobas[®] PCR (Roche, Cat. n° 06466281190).

- Mélanger et transférer l'urine dans le tube cobas[®] PCR Media à l'aide d'une pipette jetable (non fournie). Remarque : L'urine peut être conservée à une température comprise entre 2 °C et 30 °C jusqu'à 24 heures avant d'être transférée dans le tube cobas[®] PCR Media.
- 2. Le volume correct d'urine a été ajouté lorsque le niveau du liquide se trouve entre les deux lignes noires de l'étiquette du tube.
- 3. Reboucher hermétiquement le tube de milieu cobas[®] PCR.
- 4. Retourner le tube 5 fois pour le mélanger. L'échantillon est maintenant prêt à être transporté et testé.
- Transporter et stocker le tube de milieu cobas[®] PCR contenant l'échantillon d'urine stabilisé à une température comprise à une température comprise entre 2 °C et 30 °C.

10.1.11 Extraits d'échantillons approuvés

Les extraits d'échantillons approuvés pour l'utilisation comprennent:

- cobas[®] x480 (à partir du protocole CT/NG)

Voir la Section 10.5 pour les consignes de préparation de la PCR avec des extraits d'acide nucléique (flux de travail reflex).

10.2 Traitement des échantillons

Le kit ResistancePlus® MG a été validé sur les instruments d'extaction suivants, indiqués dans le Tableau 4.

Voir la Section 10.3 pour les consignes d'utilisation de l'Internal Control (Contrôle interne).





Tableau 4. Protocoles d'extraction validés					
Instrument	Kit d'extraction	Volume d'échantillon	Protocole	Volume d'élution	
MagNA Pure 96 ^a	MagNA Pure 96 DNA et Viral NA Small Volume Kit	200 µL	Pathogen Universal 200	50 μL ou 100 μL	
MagNA Pure 96ª	MagNA Pure 96 DNA et Viral NA Large Volume Kit	1000 µL^	Viral NA Universal LV 1000 3.1	100 µL	
MICROLAB STARIet IVD ^b	STARMag 96 x 4 Universal Cartridge kit (Seegene)	300 µL	10 μL de Internal Control cells (cellules de contrôle interne) diluées ajoutées par échantillon Sélectionner « Pause before PCR setup (Pause avant configuration de la PCR) » pour réaliser l'extraction de l'échantillon uniquement	100 µL	
QIAsymphony SP ^c	DSP Virus/Pathogen Mini Kit	200 µL	Complex200_V6_DSP	110 µL	
NucliSENS [®] easyMAG ^{®d}	Réactifs NucliSENS® easyMAG®	Écouvillon 200 μL	Generic 2.01 ; flux de travail « On- board » (Dans l'instrument)	100 µL	
		Urine 1000 µL	Generic 2.01 ; flux de travail « Off- board » (Hors de l'instrument)	100 μL	

^a Voir 10.3.1 pour les consignes d'utilisation du contrôle interne sur le MagNA Pure 96

^b Voir 10.3.2 pour les consignes d'utilisation du contrôle interne sur le STARlet IVD

^c Voir 10.3.3 pour les consignes d'utilisation du contrôle interne sur le QIAsymphony SP

^d Voir10.3.4 pour les consignes d'utilisation du contrôle interne sur le NucliSENS® easyMAG®

^ Augmenter le volume d'échantillon entré pour les échantillons prélevés dans un milieu (p. ex. kits de prélèvement Aptima)

10.2.1 Stockage des échantillons extraits

Stocker les échantillons extraits à -20 °C pendant une durée maximale de 1 mois ou à -70 °C pour un stockage à long terme.

10.3 Internal Control (IC) (Contrôle interne (CI))

Le kit comprend un contrôle interne pour surveiller l'efficacité de l'extraction et l'inhibition de la qPCR. Le test du contrôle interne est fourni sous forme d'un *Control Mix* (mélange de contrôle) (**BLANC**) et de *Internal Control Cells* (cellules de contrôle internes) (**ROUGES**). Le *Control Mix* (mélange de contrôle) est ajouté au PCR Master Mix (mélange de solution mère PCR) (**Tableau 11**). Les *Internal Control cells* (cellules de contrôle interne) contiennent la matrice d'ADN de contrôle interne. Les *Internal Control cells* (cellules et traitées selon les indications ci-dessous pour les instruments d'extraction spécifiques. La matrice d'ADN de contrôle interne est donc co-extraite avec l'échantillon et co-amplifiée dans la réaction.

10.3.1 Contrôle interne sur le MagNA Pure 96

Diluez les *cellules de contrôle interne* (**ROUGE**) dans une proportion de 1 pour 200 dans 1 tampon phosphate salin (PBS) (**Tableau** 5). Ajustez le volume selon les besoins en utilisant le même facteur de dilution (voir le manuel du kit d'extraction afin de connaître le volume minimum pour le nombre d'échantillons requis). Les cellules de contrôle interne diluées sont chargées dans le tube de contrôle interne du MagNA Pure 96 :

- Pour le kit MagNA Pure 96 DNA et le Viral NA Small Volume Kit (protocole Pathogen Universal 200), 20 µL sont automatiquement ajoutés à chaque échantillon (par défaut).
- Pour le kit MagNA Pure 96 DNA et Viral NA Large Volume (protocole Viral NA Universal LV 1000 3.1), le volume de l'échantillon est réparti et traité dans deux puits distincts de la cartouche de traitement MagNA Pure 96. Un volume total de 40 µl de cellules témoins internes diluées est ajouté à chaque échantillon (20 µl par puits de la cartouche de traitement).

Remarque : NE PAS stocker les Internal Control Cells (cellules de contrôle interne) diluées.





Tableau 5. Dilution des cellules de contrôle interne pour le MagNA Pure 96 (dilution au 1/200)						
Internal Control cells (Cellules de contrôle interne) (<mark>ROUGES</mark>) (µL)	PBS 1x (μL)	Volume total (μL)	Volume ajouté à l'échantillon (μL)			
18	3582	3600	20			

10.3.2 Internal Control (Contrôle interne) sur le MICROLAB STARlet IVD

Diluer les Internal Control cells (cellules de contrôle interne) (ROUGES) au 1/20 dans du PBS 1x (Tableau 6). Ajuster le volume selon les besoins en utilisant le même facteur de dilution (consulter le manuel du kit d'extraction pour le volume minimum pour le nombre requis d'échantillons). Les cellules de contrôle interne diluées sont chargées dans un tube de 2 mL et placées sur le portoir à réactifs, et 10 µL sont automatiquement ajoutés à chaque échantillon.

Remarque : NE PAS stocker les Internal Control Cells (cellules de contrôle interne) diluées.

Tableau 6. Dilution des Internal Control cells (cellules de contrôle interne) pour le MICROLAB STARIet IVD (dilution au 1/20)							
Internal Control cells (Cellules de contrôle interne) (ROUGES) (μL) PBS 1x (μL) Volume total (μL) Volume ajouté à l'échantillon (μL)							
50	950	1000	10				

10.3.3 <u>Contrôle interne sur le QIAsymphony[®] SP</u>

Diluer les Internal Control cells (cellules de contrôle interne) (ROUGES) au 1/50 dans du PBS 1x (Tableau 7). Ajuster le volume comme requis en utilisant le même facteur de dilution conformément au nombre d'échantillons requis.

Remarque : NE PAS stocker les Internal Control Cells (cellules de contrôle interne) diluées.

Tableau 7. Dilution des Internal Control cells (cellules de contrôle interne) pour le QIAsymphony [®] SP (dilution au 1/50)							
<i>Internal Control cells</i> (Cellules de contrôle interne) (ROUGES) (μL)	Internal Control cells (Cellules de contrôle interne) (ROUGES) (μL) Volume total (μL)						
40	1950	2000					

Les Internal Control Cells (cellules de contrôle interne) diluées sont ensuite utilisées pour préparer un mélange tampon AVE/vecteur ARN/contrôle interne, comme indiqué dans le **Tableau 8** ci-dessous. Ajuster le volume selon les besoins en utilisant le même facteur de dilution pour le nombre d'échantillons requis (consulter le manuel du kit d'extraction pour le volume minimum pour le nombre d'échantillons requis). Le mélange tampon AVE/vecteur ARN/contrôle interne doit être préparé immédiatement avant de commencer la série.

Le mélange tampon AVE/vecteur ARN/contrôle interne est ajouté dans un tube qui est placé dans un porte-tube et chargé dans la fente A du tiroir d'échantillons dans le QIAsymphony[®] SP. 120 µL (par défaut) du mélange sont ajoutés à chaque échantillon.





Tableau 8. Préparation du mélange tampon AVE/vecteur ARN/contrôle interne pour le QIAsymphony SP						
Type de tube	Nombre d'échantillons	Volume de cellules de CI diluées (µL)	Vecteur ARN du stock (µL)	Tampon AVE (µL)	Volume total (µL)	
-	1	10	3	107	120	
2 mL	1 + volume mort^	40	12	428	480	
14 mL	1 + volume mort#	60	18	642	720	

^ Le tube de 2 mL nécessite 3 échantillons supplémentaires (360 µL) pour tenir compte du volume mort.

[#]Le tube de 14 mL nécessite 5 échantillons supplémentaires (600 μL) pour tenir compte du volume mort.

10.3.4 Contrôle interne sur le easyMAG®

Diluer les Internal Control cells (cellules de contrôle interne) (ROUGES) au 1/200 dans du PBS 1x (**Tableau 9**). Ajuster le volume comme requis en utilisant le même facteur de dilution. Préparer un « pré-mélange » de Internal Control Cells (cellules de contrôle interne) diluées et de silice magnétique NucliSENS[®] easyMAG[®] pour le nombre requis d'échantillons (**Tableau 10**). 100 µL de silice pré-mélangée sont requis par échantillon.

Remarque : NE PAS stocker les Internal Control Cells (cellules de contrôle interne) diluées.

Tableau 9. Dilution (NucliSENS [®] easyMAG [®] (des Internal Control dilution au 1/200)	cells (cellules de cont	rôle interne) pour le
<i>Internal Control cells</i> (Cellules de contrôle interne) (<mark>ROUGES</mark>) (μL)	PBS 1x (μL)	Volume total (μL)	Facteur de dilution
10	1990	2000	200

Tableau 10. Pré-mélange de NucliSENS [®] easyMAG [®] Magnetic Silica and diluted Internal Control Cells (silice magnétique et cellules de contrôle interne diluées)						
Nombre d'échantillons Volume de cellules de CI diluées (μL) Volume de silice magnétique (μL) Volume ajouté à l'échantillon (μL)						
1	50	50	100			

Le flux de travail « On-board » (dans l'instrument) ou celui « Off-board » (hors de l'instrument) sera utilisé en fonction du type d'échantillon. Le flux de travail « Off-board » est utilisé pour la récupération optimale d'acide nucléique des échantillons d'urine. Veuillez consulter le mode d'emploi de NucliSENS[®] easyMAG[®] pour plus de renseignements.

Flux de travail « On-board » (écouvillons)

Transférer les échantillons dans le flacon d'échantillon.

Charger les flacons d'échantillon dans l'easyMAG.

Programmer les demandes d'extraction suivantes :

Protocole : Generic 2.0.1 (pour la version logicielle 2.0)

Matrice : autre

Volume (mL) : 0,200

Éluat (μL) : 100 μL

Type : primaire

Après la lyse « on-board », ajouter 100 µL de silice pré-mélangée à chaque échantillon.



Continuer le processus d'extraction.

Flux de travail « Off-board » (urine)

Effectuer un spin en bas court du tube de tampon lyse NucliSENS et ajouter 1000 μ L d'urine. Vortexer le tube.

Laisser le mélange reposer à température ambiante pendant 10 minutes.

Après la lyse, transférer les lysats dans les flacons d'échantillon et charger dans l'easyMAG.

Ajouter 100 µL de silice pré-mélangée à chaque échantillon.

Programmer les demandes d'extraction suivantes :

Protocole : Generic 2.0.1 (pour la version logicielle 2.0)

Matrice : autre

Volume (mL) : 1,000

Éluat (μL) : 100 μL

Type : lysé

Continuer le processus d'extraction.

10.4 Préparation de la PCR en temps réel

Remarque : avant d'utiliser les réactifs, les décongeler complètement et les mélanger soigneusement par bref passage au vortex.

Consulter les Tableau 1 à Tableau 3 pour la description du contenu du kit.

10.4.1 Préparation du mélange de solution-mère

Préparer le mélange de solution-mère comme décrit dans le Tableau 11.

Pour un volume réactionnel de 20 µL, 15 µL de mélange de solution-mère et 5 µL d'échantillon sont requis. Pipeter le mélange de solution-mère dans la plaque de PCR puis ajouter l'échantillon extrait à la réaction.

Un contrôle sans matrice (CSM) doit être inclus dans chaque série. Pour la réaction CSM, ajouter de la *Nuclease Free Water* (eau exempte de nucléase) (**NEUTRE**) au lieu de l'échantillon.

Sceller la plaque, la centrifuger et la transférer au thermocycleur.

Tableau 11. Mélange de solution-mère							
Réactif	Volume par réaction de 20 μL (μL)						
Nuclease Free Water (Eau exempte de nucléase) (NEUTRE)	S.O.	3,0					
Mélange de solution-mère Plex (BLEU)	2x	10,0					
Mélange MG+23S (MARRON)	20x	1,0					
Control Mix (Mélange de contrôle) [*] (BLANC)	20x	1,0					
Volume total (µL) 15,0							
Ajouter un échantillon de 5 μL pour un volume final de 20 μL							

^{*} Le Control Mix (mélange de contrôle) inclus dans chaque kit est spécifique à l'instrument de PCR utilisé ; consulter les **Tableau 1 à Tableau 3** pour connaître le Control Mix (mélange de contrôle) adapté à utiliser.





10.4.2 <u>Stabilité du mélange de solution-mère</u>

Le mélange de solution-mère peut être préparé en vrac et stocké à -20°C pendant une durée maximale de 4 semaines ou à 4°C pendant une durée maximale de 1 semaine.

10.5 Préparation de la PCR avec des extraits d'acide nucléique (flux de travail reflex)

Les extraits d'acide nucléique obtenus sans l'ajout d'*Internal Control cells* (cellules de contrôle interne) (**ROUGE**) dans les échantillons peuvent être testés avec le kit **Resistance**Plus[®] MG.

Cette procédure ne doit être utilisée que pour les extraits qui :

ont été précédemment testés sur une autre plate-forme de test, conformément aux consignes d'utilisation du fabricant, ledit test ayant généré des résultats valides.

Le mélange de solution mère doit être préparé conformément à la **Section 10.4.1**. Pour un test reflex, le contrôle interne n'est pas présent dans l'extrait d'échantillon. Toutefois le mélange de contrôle doit être inclus comme décrit dans la **Section 10.4.1**.

Consulter les Tableau 1 à Tableau 3 pour la description du contenu du kit.

Préparer le mélange de réaction comme décrit dans le **Tableau 11**. Pour un volume réactionnel de 20 µL, 15 µL de mélange de solution-mère et 5 µL d'échantillon sont requis. Pipeter le mélange de solution-mère dans la plaque de PCR puis ajouter l'échantillon extrait à la réaction.

Un contrôle sans matrice (CSM) doit être inclus dans chaque série. Pour la réaction CSM, ajouter de la *Nuclease Free Water* (eau exempte de nucléase) (**NEUTRE**) au lieu de l'échantillon. Sceller la plaque, la centrifuger et la transférer au thermocycleur.

11 Programmation et analyse

Les Sections 19 à 23 détaillent la programmation et l'analyse.

Le kit *ResistancePlus®* MG utilise trois canaux pour la détection de *M. genitalium*, la mutation de l'ARNr 23S et le contrôle interne (Tableau 12).

Le logiciel **Resistance**Plus[®] MG est limité à l'analyse des résultats correspondant aux extraits d'acide nucléique obtenus avec l'ajout d'*Internal Control Cells* (cellules de contrôle interne) (**ROUGES**) dans les échantillons.

Pour les extraits d'acide nucléique obtenus sans l'ajout d'*Internal Control Cells* (**RED**) dans les échantillons, le logiciel REFLEX **Resistance**Plus[®] MG doit être utilisé. Le logiciel REFLEX **Resistance**Plus[®] MG possède deux canaux de détection de *M. genitalium* de mutation de l'ARNr 23S (**Tableau 13**).

Cette procédure ne doit être utilisée que pour les extraits qui :

ont été précédemment testés sur une autre plate-forme de test, conformément aux consignes d'utilisation du fabricant, ledit test ayant généré des résultats valides.

Tableau 12. Canaux pour les cibles <i>ResistancePlus</i> ®MG							
Instrument Canal A Canal B Canal C							
	Détection de <i>M. genitalium</i> (MgPa)	Mutation de l'ARNr 23S	Contrôle interne				
LC480 II	465-510	533-580	533-640				
z 480	465-510	540-580	540-645				
7500 Fast et 7500 Fast Dx	FAM	JOE	TAMRA				
CFX96 Dx et CFX Touch	FAM	HEX	Quasar 705				





Tableau 13. Canaux pour les cibles de <i>ResistancePlus®</i> MG pour le flux de travail reflex							
Instrument	trument Canal A Canal B						
	Détection de <i>M. genitalium</i> (MgPa)	Mutation de l'ARNr 23S					
LC480 II	465-510	533-580					
z 480	465-510	540-580					
7500 Fast et 7500 Fast Dx	FAM	JOE					
CFX96 Dx et CFX Touch	FAM	HEX					

12 Interprétation des résultats

L"interprétation des données nécessite le logiciel d'analyse **Resistance**Plus[®] MG. Même si les amorces **Plex**Prime[®] offrent une meilleure spécificité que d'autre amorces spécifiques d'allèle, certaines amplifications non spécifiques du test du test de mutant de l'ARNr 23S peuvent être identifiables dans des échantillons à concentrations élevées de l'ARNr 23S de type sauvage de *M. genitalium*. Le logiciel d'analyse **Resistance**Plus[®] MG automatise l'interprétation des données des résultats d'amplification et rationalise le flux de travail. Des instructions sur l'utilisation du logiciel d'analyse sont décrites dans la **Section 24**.

Voir le **Tableau 14** pour le logiciel d'analyse approprié pour chaque instrument de PCR en temps réel. Le logiciel d'analyse peut être fourni sur demande. Veuillez contacter <u>tech@speedx.com.au</u> pour de plus amples informations.

Tableau 14. Logiciel d'analyse <i>ResistancePlus[®]</i> MG						
Réf.	Logiciel d'analyse*	Instrument de PCR en temps réel				
99003	ResistancePlus [®] MG (LC480)	LC480 II				
99018	Resistance Plus [®] MG (z 480)	z 480				
99002	Resistance Plus [®] MG (7500)	7500 Fast et 7500 Fast Dx				
99008	<i>ResistancePlus</i> [®] MG (CFX)	CFX96 Dx et CFX96 Touch				
99023	REFLEX ResistancePlus®MG (LC480)	LC480 II				
99024	REFLEX ResistancePlus® MG (z480)	z 480				
99026	REFLEX ResistancePlus® MG (7500)	7500 Fast et 7500 Fast Dx				
99025	REFLEX ResistancePlus® MG (CFX)	CFX96 Dx et CFX96 Touch				

* Consulter le site Web <u>https://plexpcr.com/products/sexually-transmitted-infections/resistanceplus-mg/#resources</u> pour s'assurer d'utiliser la toute dernière version du logiciel d'analyse.

13 Limitations

- Le test *ResistancePlus[®]* MG cible le gène *MgPa* pour *M. genitalium* et les mutations aux positions 2058 et 2059 dans le gène 23S rRNA (A2058G, A2059G, A2058C, A2059C, numérotation pour *E. coli*) associées à la résistance à l'azithromycine (antibiotique de la famille des macrolides).
- Le test ResistancePlus® ne doit être effectué que par du personnel formé et conformément au présent mode d'emploi.
- La fiabilité des résultats dépend du respect des procédures de prélèvement, de transport, de stockage et de traitement des échantillons. Le non-respect des procédures adéquates à chacune de ces étapes risque d'entraîner des résultats erronés.
- Le test **Resistance**Plus[®]est un test qualitatif et ne fournit aucune valeur quantitative ni aucune information à propos de la charge de l'organisme.
- Les résultats du test doivent être corrélés avec l'historique clinique, les données épidémiologiques, les données de laboratoire et toutes les autres données à la disposition du clinicien.





- La prévalence de M. genitalium et la résistance aux macrolides affectent les valeurs prédictives positives et négatives du test.
- La détection des marqueurs de résistance aux antibiotiques peut ne pas correspondre à l'expression génétique phénotypique.
- L'échec ou la réussite thérapeutique ne peut pas être déterminé sur la base des résultats du test étant donné que l'acide nucléique peut persister suite à un traitement antimicrobien approprié.
- Les résultats négatifs n'excluent pas la possibilité d'infection imputable à un prélèvement incorrect d'échantillons, une erreur technique, la présence d'inhibiteurs, une confusion d'échantillons ou un faible nombre d'organismes dans l'échantillon clinique.
- Les résultats négatifs pour les marqueurs de résistance n'indiquent pas la susceptibilité des microorganismes détectés, étant donné que des marqueurs de résistance mesurés par le test ou d'autres mécanismes potentiels de résistance aux antibiotiques peuvent être présents.
- Les résultats faussement positifs peuvent survenir suite à une contamination croisée par des organismes cibles, leurs acides nucléiques ou un produit amplifié.

14 Contrôle de qualité

Le kit *ResistancePlus®* MG comprend un contrôle interne pour surveiller l'efficacité de l'extraction et l'inhibition de la qPCR (Section 10.3).

Lors de l'exécution du test reflex, les cellules de contrôle du kit **Resistance**Plus[®] MG kit n'ont pas été ajoutées au processus d'extraction. Le test reflex ne peut être exécuté que sur des échantillons dont la validité a été établie précédemment par un autre système, garantissant de l'efficacité de l'extraction et l'inhibition qPCR ont été contrôlées.

Le kit **Resistance**Plus[®] MG Positive Control (réf. 95001) est recommandé comme matériel de contrôle positif de l'amplification de l'acide nucléique. Consulter la **Section 15** pour les consignes d'utilisation des contrôles positifs **Resistance**Plus[®] MG. Il est recommandé d'utiliser un échantillon négatif connu comme contrôle négatif.

15 Consignes d'utilisation des contrôles positifs ResistancePlus[®] MG

Le kit *ResistancePlus®*MG Positive Control contient du matériel de contrôle positif pour les mutants de l'ARNr 23S de *M. genitalium* ainsi qu'un ARNr 23S de type sauvage de *M. genitalium* (**Tableau 15**).

Tableau 15.	Tableau 15. Contenu du kit ResistancePlus [®] MG Positive Control (contrôle positif, réf. 95001)						
Couleur du capuchon	Contenus Description		Quantité (10 réactions)				
Neutre	MG, ARNr 23S de type sauvage	Matrice de contrôle positif pour la détection de l'ARNr 23S de type sauvage de <i>M. genitalium</i>	1 x 50 µL				
Vert	MG, ARNr 23S A2058G	Matrice de contrôle positif pour la détection de la mutation A2059C de l'ARNr 23S de <i>M. genitalium</i> .	1 x 50 µL				
Rouge	MG, 23S ARNr A2059G	Matrice de contrôle positif pour la détection de la mutation A2059C de l'ARNr 23S de <i>M. genitalium</i>	1 x 50 μL				
Bleu	MG, ARNr 23S A2058T	Matrice de contrôle positif pour la détection de la mutation A2059C de l'ARNr 23S de <i>M. genitalium</i>	1 x 50 µL				
Jaune	MG, ARNr 23S A2058C	Matrice de contrôle positif pour la détection de la mutation A2059C de l'ARNr 23S de <i>M. genitalium</i>	1 x 50 µL				
Violet	MG, ARNr 23S A2059C	Matrice de contrôle positif pour la détection de la mutation A2059C de l'ARNr 23S de <i>M. genitalium</i>	1 x 50 μL				

15.1 Mode d'emploi

Préparer les réactions qPCR conformément à la Section 10.4 en utilisant le contrôle positif en guise d'échantillon.

L'analyse des données nécessite le logiciel d'analyse *ResistancePlus*® MG ; consulter la Section 24.11 des exemples de résultats.





16 Caractéristiques de performance

16.1 Performance clinique

16.1.1 <u>Étude clinique 1</u>

Une étude clinique prospective-rétrospective a été réalisée au Royal Women's Hospital (RWH), Melbourne, Australie. Les échantillons ont été recueillis entre mai et juin 2016 et d'après les résultats cliniques de laboratoire, 111 échantillons positifs de M. genitalium et 100 échantillons négatifs consécutifs de M. genitalium ont été sélectionnés pour inclusion dans l'étude. Les 211 échantillons se composaient de 84 échantillons d'urine, 7 écouvillons anaux, 1 écouvillon urogénital (aucun site spécifié (ass)), 1 écouvillon rectal et 1 écouvillon urétral chez les hommes, et de 33 échantillons d'urine, 33 écouvillons cervicaux, 16 écouvillons endocervicaux, 14 écouvillons vaginaux, 13 écouvillons du fond du vagin et 8 écouvillons urogénitaux (ass) chez les femmes. Afin de déterminer la performance du kit ResistancePlus® MG , la détection de M. genitalium a été comparée aux résultats de laboratoire clinique d'un qPCR de l'ARNr bien établi utilisé pour les diagnostics de routine au RWH⁷ et la détection des mutants de l'ARNr 23Sa été comparée au séquençage de Sanger^a. Le kit **Resistance**Plus[®] MG a été réalisé sur le LC480 II, après extraction de l'échantillon sur le MagNA Pure 96 Instrument à l'aide du MagNA Pure 96 DNA et le Viral NA Small Volume Kit en suivant le protocole Universal Pathogen 200. Pour la détection de M. genitalium, une référence composite a été utilisée pour les échantillons discordants, avec une troisième réaction de qPCR ciblant le gène MgPa⁹. Pour la détection des mutants de l'ARNr 23S, le séquençage de Sanger a été considéré comme le résultat exact. Les résultats corrigés, la sensibilité et la spécificité du kit ResistancePlus® MG pour la détection de M. genitalium et pour la détection des mutants de l'ARNr 23S sont indiqués dans le Tableau 16. Deux échantillons ont été exclus car le résultat pour le Internal Control (contrôle interne) n'était pas valide (1 échantillon d'urine féminine et 1 échantillon d'urine masculine). L'analyse de la détection des mutations de l'ARNr 23S inclut uniquement les échantillons où le statut mutant pouvait être déterminé. L'analyse des résultats selon le type de prélèvement est présentée dans le Tableau 17. L'analyse des mutations de l'ARNr 23S est présentée dans le Tableau 18.

Tableau 16. Évaluation clinique du kit <i>ResistancePlus[®]</i> MG (Étude clinique 1)							
	Détection de <i>M. genitalium</i> qPCR de l'ARNr 16S Séquençage		Détection des mutants de l'ARNr 23S Séquençage				
Positif Négatif			Mutant Typ		Type sauvage		
ResistancePlus®	Positif	106	0		Mutant détecté	68	2
MG	Négatif	4	99^		Mutant non détecté	2	31
S	ensibilité	96,4 % (IC à 95 %	91,0-99,0 %)		Sensibilité	bilité 97,1 % (IC à 95 % 90,1-99,7 %)	
S	pécificité	100,0 % (IC à 95 %	96,3-100,0 %)		Spécificité	93,8 % (IC à 95 % 79,2-99,2 %)	

IC à 95 % – intervalle de confiance à 95 % ; Mutant – mutation de l'ARNr 23S aux positions A2058G, A2059G, A2058T, A2058C et A2059C (numérotation pour *E. coli*) ; Type sauvage – absence de mutation à ces positions

^ Le kit **Resistance**Plus[®] MG kit a détecté 1 vrai négatif pour *M. genitalium* en utilisant une référence composite ; le tableau représente les résultats corrigés.





Tableau 17. Analyse des résultats cliniques selon l'échantillon^ (Étude clinique 1)						
Échantillon	<i>M. M. genitalium</i> prévu négatif	<i>M. genitalium</i> prévu de type sauvage sur l'ARNr 23S	<i>M. genitalium</i> prévu mutant sur l'ARNr 23S			
Urine masculine	28/28	8/10 ¹	41/42 ¹			
Urine féminine	12/13	11/11	4/6 ²			
Écouvillon cervical	21/21	5/5	7/7 ³			
Écouvillon endocervical	10/10	3/3	3/3 ⁴			
Écouvillon vaginal	8/8	1/1	2/25			
Écouvillon du fond du vagin	9/9	1/1	4/4 ⁶			
Écouvillon anal masculin	3/3	0/0	5/5 ⁷			
Écouvillon féminin (ass)	5/5	2/2	1/18			
Écouvillon masculin (ass)	0/0	0/0	1/1 ⁹			
Écouvillon rectal masculin	1/1	0/0	0/0			
Écouvillon urétral masculin	1/1	0/0	0/0			

Mutant – mutation de l'ARNr 23S aux positions A2058G, A2059G, A2058T, A2058C et A2059C (numérotation pour *E. coli*); Type sauvage – absence de mutation à ces positions

^ 2 échantillons d'urine féminine, 3 échantillons d'urine masculine, 1 écouvillon vaginal exclus à cause d'un échec de séquençage et de l'impossibilité de déterminer le statut mutant.

¹ Urine masculine : 2 *M. genitalium* avec mauvaise attribution de base : *M. genitalium* mutant détecté, 18 A2058G, 20 A2059G, 3 A2058T détectés correctement ; 1 A2058G avec mauvaise attribution de base : *M. genitalium* non détecté

 2 Urine féminine : 1 A2058G, 3 A2059G détectés correctement ; 2 A2059G avec mauvaise attribution de base : $\it M.$ genitalium détecté, mutant non détecté

³ Écouvillon cervical : 1 A2058G, 6 A2059G correctement détectés

⁴ Écouvillon endocervical : 2 A2059G, 1 A2058T correctement détectés

⁵ Écouvillon vaginal : 3 A2058G, 1 A2059G correctement détectés

⁶ Écouvillon du fond du vagin : 2 A2059G correctement détectés

⁷ Écouvillon anal masculin : 1 A2058G, 3 A2059G, 1 A2058T correctement détectés.

⁸ Écouvillon féminin (aucun site spécifié (ass)) : 1 A2059G correctement détecté

⁹ Écouvillon masculin (aucun site spécifié (ass)) : 1 A2059G correctement détecté

Tableau 18. Analyse des mutations de l'ARNr 23S pour <i>M. genitalium</i> (Étude clinique 1)					
Résultat de référence^ Résultat pour ResistancePlus® MG					
Type sauvage	31/33 ¹				
A2058G	24/25 ²				
A2059G	39/41 ³				
A2058T	5/5				

^ Pour les échantillons positifs de *M. genitalium* uniquement

¹ Type sauvage : 2 échantillons d'urine masculine avec mauvaise attribution : *M. genitalium* mutant détecté

 2 A2058G : 1 échantillon d'urine masculine avec mauvaise attribution : $\it{M}.$ $\it{genitalium}$ non détecté

³ A2059G: 2 échantillons d'urine féminine avec mauvaise attribution : *M. genitalium* mutant non détecté



16.1.2 Étude clinique 2

Un sous-ensemble des échantillons extraits de l'étude 1 ont été traités sur le système 7500 Fast. Les résultats ont été comparés au résultat clinique de la qPCR de l'ARNr 16S (Twin 2011) et au séquençage de Sanger (Twin 2012). Les échantillons non concordants de *M. genitalium* ont été testés de nouveau avec la qPCR de l'ARNr 16S (Twin 2011) en raison d'un soupçon de dégradation des échantillons. Les résultats corrigés, la sensibilité et la spécificité du kit *ResistancePlus*® MG₍₅₅₀₎ pour la détection de *M. genitalium* et pour la détection des mutants de l'ARNr 23S sont indiqués dans le **Tableau 19**. L'analyse de la détection des mutations de l'ARNr 23S inclut uniquement les échantillons où le statut mutant pouvait être déterminé.

Tableau 19. Évaluation clinique du kit <i>ResistancePlus[®]</i> MG ₍₅₅₀₎ kit (Étude clinique 2)							
Détection de <i>M. genitalium</i> qPCR de l'ARNr 16S Séquence		Détection des mutants de l'ARNr 23S Séquençage					
		Positif	Négatif			Mutant	Type sauvage
ResistancePlus®	Positif	99	0^		Mutant détecté	62	0
MG	Négatif	2	81 [#]		Mutant non détecté	5	30
						1	
Sensibilité 98,0 % (IC à 95 % 93,0-99,8 %) Sensibilité 92.5% (IC à 95 % 83,4)		95 % 83,4-97,5 %)					
5	Spécificité	100,0 % (IC à 95 %	95,6-100,0 %)		Spécificité	ité 100,0 % (IC à 95 % 88,4-100,0 %)	

IC à 95 % – intervalle de confiance à 95 % ; Mutant – mutation de l'ARNr 23S aux positions A2058G, A2059G, A2058T, A2058C et A2059C (numérotation pour *E. coll*) ; Type sauvage – absence de mutation à ces positions

^ Le kit **Resistance**Plus[®] MG₍₅₅₀₎ a détecté 1 vrai négatif pour *M. genitalium* en utilisant un test de référence ; le tableau représente les résultats corrigés

[#] Le kit **Resistance**Plus[®] MG₍₅₅₀₎ a détecté 10 vrais négatifs pour *M. genitalium* en utilisant un test de référence ; le tableau représente les résultats corrigés.

16.1.3 <u>Étude clinique 3</u>

Une étude clinique rétrospective a été effectuée par Canterbury Health Laboratories (CHL), Christchurch, Nouvelle-Zélande, sur la base d'échantillons caractérisés, archivés datant de 2010-2016, composés de 103 échantillons positifs pour M. genitalium et 61 échantillons négatifs pour M. genitalium, prélevés avec le multi-Collect Specimen Collection Kit (Abbott). Les 164 échantillons se composaient de 110 échantillons d'urine et de 4 écouvillons rectaux chez les hommes et de 11 échantillons d'urine, 17 écouvillons cervicaux, 15 écouvillons vaginaux, 1 écouvillon urétral, 1 écouvillon urétral/vaginal, 1 écouvillon vaginal/cervical et 4 échantillons prélevés de sites inconnus chez les femmes. Afin de déterminer la performance du kit ResistancePlus® MG, la détection de M. genitalium a été comparée aux résultats de laboratoire clinique d'un qPCR MgPa bien établi utilisé également pour les diagnostics de routine au CHL (Jensen 2004) et la détection des mutants de l'ARNr 23Sa été comparée au séguencage de Sanger (Jensen 2008). Le kit ResistancePlus® MG a été réalisé sur le LC480 II, après extraction de l'échantillon sur le MagNA Pure 96 Instrument à l'aide du MagNA Pure 96 DNA et le Viral NA Small Volume Kit en suivant le protocole Universal Pathogen 200. Pour la détection de M. genitalium, le test MgPa de routine a été répété pour les échantillons non concordants. Pour la détection des mutants de l'ARNr 23S, le séquençage de Sanger a été considéré comme le résultat exact. La sensibilité et la spécificité du kit ResistancePlus® MG pour la détection de M. genitalium et pour la détection des mutants de l'ARNr 23S sont indiquées dans le Tableau 20. Cinq échantillons ont été exclus car le résultat pour le Internal Control (contrôle interne) était non valide. L'analyse de la détection des mutations de l'ARNr 23S inclut uniquement les échantillons où le statut mutant pouvait être déterminé. L'analyse des résultats selon le type de prélèvement est présentée dans le Tableau 21. L'analyse des mutations de l'ARNr 23S est présentée dans le Tableau 22.





Tableau 20. Évaluation clinique du kit <i>ResistancePlus[®]</i> MG (Étude clinique 3)							
		Détection de qPCR de l	M. genitalium 'ARNr 16S Séquençage		es mutants de Nr 23S ençage		
Positif Négatif				Mutant	Type sauvage		
ResistancePlus®	stancePlus® Positif 90 0		Mutant détecté	61	1		
MG	Négatif	7	67^		Mutant non détecté	6	22
		-				-	
Sensibilité 92,8 % (95% Cl 85,7-97,1 %)			Sensibilité	91,0 % (IC à 9	5 % 81,5-96,6 %)		
Spécificité 100,0 % (IC à 95 % 94,6-100,0 %)			Spécificité	95,6 % (IC à 9	5 % 79,7-99,9 %)		

IC à 95 % – intervalle de confiance à 95 % ; Mutant – mutation de l'ARNr 23S aux positions A2058G, A2059G, A2058T, A2058C et A2059C (numérotation pour *E. coll*) ; Type sauvage – absence de mutation à ces positions

^ Le kit ResistancePlus® MG a détecté 7 vrais négatifs pour M. genitalium ; le tableau représente les résultats corrigés.

Tableau 21. Analyse des résultats cliniques selon l'échantillon (Étude clinique 3)						
Échantillon	<i>M. M. genitalium</i> prévu négatif	<i>M. genitalium</i> prévu type sauvage	<i>M. genitalium</i> prévu mutant sur l'ARNr 23S			
Urine masculine	45/45	17/18 ¹	38/47 ¹			
Urine féminine	4/4	1/1	6/6 ²			
Écouvillon cervical	5/5	3/3	8/9 ³			
Écouvillon vaginal	6/6	1/1	8/84			
Écouvillon rectal masculin	3/3	0/0	0/15			
Échantillon féminin (site inconnu)	1/1	1/1	1/26			
Écouvillon urétral féminin	1/1	0/0	0/0			
Écouvillon urétral/vaginal	1/1	0/0	0/0			
Écouvillon vaginal/cervical	1/1	0/0	0/0			

Mutant – mutation de l'ARNr 23S aux positions A2058G, A2059G, A2058T, A2058C et A2059C (numérotation pour *E. coli*) ; Type sauvage – absence de mutation à ces positions

¹ Échantillon d'urine masculine : 1 *M. genitalium* avec mauvaise attribution de base : *M. genitalium* mutant détecté, 4 A2058G, 32 A2059G, 1 A2058T, 1 A2058C, 1 A2059C, correctement détectés ; 1 A2058G, 1 A2059G et 1 A2059C avec mauvaise attribution de base *M. genitalium* non détecté 3 A2058G et 2 A2059G avec mauvaise attribution de base : *M. genitalium* mutant non détecté

² Échantillon d'urine féminine : 2 A2058G, 4 A2059G correctement détectés

³ Écouvillon cervical : 3 A2058G, 4 A2059G, 1 A2058C correctement détectés ; 1 A2059G avec mauvaise attribution de base : *M. genitalium* non détecté

⁴ Écouvillon vaginal : 1 A2058G, 7 A2059G correctement détectés

⁵ Écouvillon rectal masculin : 1 A2059G avec mauvaise attribution de base : *M. genitalium* non détecté

⁶ Échantillon féminin (site inconnu) : 1 A2059G correctement détecté ; 1 A2059G avec mauvaise attribution de base : *M. genitalium* mutant non détecté





Tableau 22. Analyse d	es mutations de l'ARNr 23S pour <i>M.</i>
genitalium (Étude clini	ique 3)
Récultat de référence	Régultat pour Pagistance Rive® MC

Résultat de référence^	Résultat pour <i>ResistancePlus®</i> MG
Type sauvage	22/23 ¹
A2058G	10/13 ²
A2059G	47/50 ³
A2058T	1/1
A2058C	2/2
A2059C	1/1

^ Pour les échantillons positifs de M. genitalium uniquement

¹ Type sauvage : 2 échantillons d'urine masculine avec mauvaise attribution : *M. genitalium* mutant détecté

² A2058G : 1 échantillon d'urine masculine avec mauvaise attribution : *M.*

genitalium mutant non détecté

³ A2059G: 2 échantillons d'urine féminine avec mauvaise attribution : *M. genitalium* mutant non détecté, 1 échantillon féminin (site inconnu) avec mauvaise attribution de base : *M. genitalium* mutant non détecté

16.1.4 <u>Étude clinique 4</u>

Une étude retrospective clinique a été réalisée à l'hôpital universitaire Vall d'Hebron University Hospital (HUVH), de Barcelone, Espagne, pour évaluer la performance du kit *ResistancePlus*[®] MG₍₆₇₅₎ pour la détection de *M. genitalium* et des mutations associées à la résistance à l'azithromycine dans les échantillons rétrospectifs prélevés entre décembre 2017 et avril 2018. Les échantillons comprenaient 92 échantillons positifs pour *M. genitalium* et 108 échantillons consécutifs négatifs pour *M. genitalium* prélevés avec le DeltaSwab ViCUM[®] (Deltalab, Espagne) pour les écouvillons ou Vacumed[®] (FL medical, Italie) pour les échantillons d'urine masculins et féminins. Les 200 échantillons comprenaient 46 échantillons d'urine, 30 écouvillons vaginaux, 30 écouvillons urétraux, 40 écouvillons cervicaux, 8 écouvillons pharyngés et 46 écouvillons rectaux. Des échantillons ont été extraits avec le STARIet IVD (Hamilton) et traités sur l'instrument CFX96 Dx (Bio-Rad). Pour évaluer la performance, la détection de *M. genitalium* a été comparée aux résultats avec Allplex[™] STI Essential (Seegene) ainsi qu'avec le kit *ResistancePlus*[®] MG (GFD) pour la détection de *M. genitalium* et le statut de l'ARNr 23S. La sensibilité et la spécificité du kit *ResistancePlus*[®] MG₍₆₇₅₎ pour la détection de *M. genitalium* étaient de 100,0 % (IC à 95 % 95,9-100,0 %) et 97,4 % (IC à 95 % 92,4-99,5 %), respectivement et, pour la détection des mutants de l'ARNr 23S, elles étaient comme présentées dans le **Tableau 24**. L'analyse des résultats selon le type de prélèvement est présentée dans le **Tableau 25**.

Tableau 23. Comparaison du kit <i>ResistancePlus</i> [®] MG ₍₆₇₅₎ avec l'Allplex™ STI Essential (Étude clinique 4)						
		Détection de <i>M. genitalium</i> Allplex™ STI Essential				
		Positif Négatif				
ResistancePlus®	Positif	89	1			
MG ₍₆₇₅₎	Négatif	3	107			
	Sensibilité 96,7 % (IC à 95 % 90,8-99,3 %)					
	Spécificité	99,1 % (IC à 95 % 94,95-100,0 %)				





Tableau 24. Évaluation clinique du kit <i>ResistancePlus®</i> MG ₍₆₇₅₎ (Étude clinique 4)							
		Détection de <i>M. genitalium</i> <i>ResistancePlus®</i> MG (LC480 II)				Détection des mutants de l'A 23S [#] <i>ResistancePlus®</i> MG (LC480 II)	
		Positif Négatif				Mutant détecté	Mutant non détecté
ResistancePlus®	Positif	87	3		Mutant détecté	42^	0
MG ₍₆₇₅₎	Négatif 0 110		Mutant non détecté	2	42*		
				1		1	
Sensibilité 100,0 °		100,0 % (IC à 95 %	00,0 % (IC à 95 % 95,9-100,0 %)		Sensibilité	95,5 % (IC à 95 % 84,5-99,4 %)	
Spécificité		97,4 % (IC à 95 % 92,4-99,5 %)			Spécificité	100,0 % (IC à 95 % 91,6-100,0 %	

IC à 95 % – intervalle de confiance à 95 % ; Mutant – mutation de l'ARNr 23S aux positions A2058G, A2059G, A2058T, A2058C et A2059C (numérotation pour *E. coli*) ; Type sauvage – absence de mutation à ces positions

^ Le kit **Resistance**Plus[®] MG₍₆₇₅₎ a détecté 1 vrai mutant pour *M. genitalium* en utilisant un test de référence ; le tableau représente les résultats corrigés

* Le kit **Resistance**Plus[®] MG₍₆₇₅₎ a détecté 1 vrai négatif pour *M. genitalium* en utilisant un test de référence ; le tableau représente les résultats corrigés

1 échantillon a été exclu de l'analyse à cause d'un séquençage mixte de type sauvage-mutant

Tableau 25. Analyse des résultats cliniques selon l'échantillon (Étude clinique 4)						
Échantillon	<i>M. genitalium</i> prévu négatif	<i>M. genitalium</i> prévu de type sauvage sur l'ARNr 23S	<i>M. genitalium</i> prévu mutant sur l'ARNr 23S			
Urine masculine	26/26	5/5	15/15			
Écouvillon urétral masculin	15/15	3/3	11/12 ¹			
Écouvillon cervical féminin	16/16	11/11	2/3 ³			
Écouvillon vaginal féminin	20/20	15/15	5/5			
Écouvillon rectal masculin	19/22 ¹	5/5	8/8			
Écouvillon rectal féminin	7/7	3/3	0/0			
Écouvillon pharyngé masculin	5/5	0/0	1/1			
Écouvillon pharyngé féminin	2/2	0/0	0/0			

¹ Écouvillon rectal masculin : 3 *M. genitalium* avec mauvaise attribution de base : positifs pour *M. genitalium*

² Écouvillon urétral masculin : 1 *M. genitalium* mutation de l'ARNr 23S positive avec mauvaise attribution de : *M. genitalium* mutation négative de l'ARNr 23S

³ Écouvillon cervical féminin : 1 *M. genitalium* mutation de l'ARNr positive avec mauvaise attribution de : *M. genitalium* mutation négative de l'ARNr 23S





16.1.5 Étude clinique 5

Une étude clinique rétrospective a été réalisée au Royal Women's Hospital (RWH), Melbourne, Australie en utilisant les échantillons d'urine et d'écouvillons prélevés avec le kit Aptima[®] entre juin 2017 et novembre 2017. Les échantillons appariés comprenaient 98 échantillons positifs pour *M. genitalium* et 87 échantillons consécutifs négatifs pour *M. genitalium* prélevés sous forme d'urine non diluée (échantillon de routine) ou avec le kit Aptima[®] Urine Specimen Collection (Hologic), ou sous forme d'écouvillon sec (échantillon de routine) ou avec le kit Aptima[®] Urine Specimen Collection (Hologic). Les 185 échantillons comprenaient 122 échantillons d'urine, 18 écouvillons rectaux, 15 écouvillons cervicaux et 25 écouvillons vaginaux. Pour déterminer la performance des échantillons prélevés avec le kit **Resistance**Plus[®] MG kit, la détection de *M. genitalium* et des mutants de l'ARNr 23S a été comparée aux résultats de diagnostic clinique obtenus avec le kit **Resistance**Plus[®] MG (SpeeDx) en utilisant l'échantillon à l'aide du MagNA Pure 96 Instrument par le MagNA Pure 96 DNA et du Viral NA Small Volume Kit en suivant le protocole Viral NA Universal LV 1000. Les résultats de diagnostic clinique du RWH, obtenus à partir d'un échantillon diagnostique apparié testé avec le kit **Resistance**Plus[®] MG (SpeeDx), ont été considérés comme le résultat exact pour *M. genitalium*. Pour la détection des mutants de l'ARNr 23S, le résultat a été comparé au résultat diagnostique et au séquençage de Sanger.

La sensibilité et la spécificité du kit **Resistance**Plus[®] MG pour la détection de *M. genitalium* et pour la détection des mutants de l'ARNr 23S sont indiquées dans le **Tableau 26**. L'analyse de la détection des mutations de l'ARNr 23S inclut uniquement les échantillons où le statut mutant pouvait être déterminé. L'analyse des résultats selon le type de prélèvement est présentée dans le **Tableau 27**.

Tableau 26. Évaluation clinique du kit <i>ResistancePlus[®]</i> MG (Étude clinique 5)							
		Détection de <i>I</i> <i>Resistance</i> (échantillon	M. genitalium Plus [®] MG de routine)			Détection des mutants de l'AR 23S <i>ResistancePlus®</i> MG (échantillon de routine)	
		Positif Négatif				Mutant	Type sauvage
ResistancePlus®	Positif	94	3		Mutant détecté	65	0
échantillon Aptima de 1 mL)	hantillon Négatif 4 84 tima de 1 mL)		Mutant non détecté	1*	28		
	-		•			1	
Sensibilité 95,9 % (IC à 95 % 89,9-98,9 %)			Sensibilité	98,5 % (IC à 95 % 91,8-100,0 %)			
	Spécificité	96,6 % (IC à 95 % 90,3-99,3 %)			Spécificité	100,0 % (IC à 95 % 87,7-100,0 %)	

* Impossibilité de séquencer l'échantillon





Tableau 27. Analyse des résultats cliniques selon le type d'échantillon (Étude clinique 5)						
Échantillon	<i>M. genitalium</i> prévu négatif	<i>M. genitalium</i> prévu type sauvage	<i>M. genitalium</i> prévu mutant sur l'ARNr 23S			
Urine	50/52 ¹	21/22 ¹	45/48 ¹			
Écouvillon cervical	11/11	1/1	3/3			
Écouvillon vaginal	14/15 ²	3/4 ²	6/6			
Écouvillon rectal	9/9	3/3	5/6 ³			
Écouvillon anal	0/0	0/0	5/5			

Mutant – mutation de l'ARNr 23S aux positions A2058G, A2059G, A2058T, A2058C et A2059C (numérotation pour *E. coli*); Type sauvage – absence de mutation à ces positions

¹ Urine : 2 échantillons négatifs pour *M. genitalium* avec mauvaise attribution de base : *M. genitalium* de type sauvage et mutant respectivement ; 1 échantillon *M. genitalium* de type sauvage avec mauvaise attribution de base : *M. genitalium* négatifs ; 2 échantillons *M. genitalium* mutants avec mauvaise attribution de base : *M. genitalium* de type sauvage, 1 *M. genitalium* mutant avec mauvaise attribution de base *M. genitalium* négatif

² Écouvillon vaginal : 1 *M. genitalium* négatif avec mauvaise attribution de base : *M. genitalium* de type sauvage ; 1 *M. genitalium* de type sauvage avec mauvaise attribution de base : *M. genitalium* négatif

³ Écouvillon rectal : 1 *M. genitalium* mutant avec mauvaise attribution de base *M. genitalium* négatif

16.1.6 <u>Étude clinique 6</u>

Une étude clinique rétrospective a été effectuée à l'University of Queensland Centre for Clinical Research (UQCCR), Australie, en utilisant des extraits cobas[®] x480 d'urine et d'échantillons d'écouvillon prélevés entre février 2017 et février 2019. Les échantillons comprenaient 85 extraits positifs et 84 extraits négatifs pour *M. genitalium*, originellement prélevés en tant qu'urine non diluée ou avec le cobas[®] PCR media collection kit (Roche) et extraits sur l'instrument cobas[®] x480 (cobas[®] 4800, Roche) en en suivant le protocole « full workflow » et « CT/NG » sans ajouter de SpeeDx Internal Control Cells (cellules de contrôle interne SpeeDx). Les 169 extraits comprenaient 28 écouvillons rectaux, 13 écouvillons vaginaux, 5 écouvillons du fond du vagin, 15 écouvillons cervicaux, 1 écouvillon baryngés, 1 écouvillon pénien, 1 écouvillon pénien méatique, 1 écouvillon buccal ainsi que 83 échantillons d'urine masculine et 11 échantillons d'urine féminine.

Afin de déterminer la performance des extraits cobas[®] avec le kit **Resistance**Plus[®] MG₍₅₅₀₎, la détection de *M. genitalium* a été comparée au résultat de diagnostic de routine (test MgPa PCR (Trembizki *et al.*, 2017)) et la détection des mutants de l'ARNr 23S a été comparée au séquençage de Sanger. Le kit **Resistance**Plus[®] MG₍₅₅₀₎ a été utilisé sur ABI 7500 Fast Dx. La sensibilité et la spécificité du kit **Resistance**Plus[®] MG₍₅₅₀₎ pour la détection de *M. genitalium* et pour la détection des mutants de l'ARNr 23S sont indiquées dans le **Tableau 28**. L'analyse de la détection des mutations de l'ARNr 23S inclut uniquement les échantillons où le statut mutant pouvait être déterminé. L'analyse des résultats selon le type de prélèvement est présentée dans le **Tableau 29**. L'analyse des mutations de l'ARNr 23S est présentée dans le **Tableau 30**.

Tableau 28. Évaluation clinique du kit <i>ResistancePlus[®]MG</i> (550) (Étude clinique 6)							
	Détection de <i>M. genitalium</i> D qPCR MgPa		Détection des mutants de l'ARNr 23S Séquençage de Sanger				
		Positif Négatif Mut		Mutant	Type sauvage		
ResistancePlus®	Positif	80	0		Mutant détecté	49^	0
MG(550)	ⁿ⁾ Négatif 5 84		Mutant non détecté	0	25		
Sensibilité 94,1 % (IC à 95 % 86,8-98,1 %)			Sensibilité	100,0 % (IC à 95 % 92,8-100,0 %)			
Spécificité 100,0 % (IC à 95 % 95,7-100,0 %)			Spécificité	100,0% (IC à 95 % 86,3-100,0 %)			

^ 1 échantillon vaginal a produit un résultat de séquençage mixte type sauvage/A2059G qui a été correctement identifié comme mutant par le test *ResistancePlus*[®] MG₍₅₅₀₎





Tableau 29. Analyse des résultats cliniques selon l'échantillon (Étude clinique 6)						
Échantillon	<i>M. M. genitalium</i> prévu négatif	<i>M. genitalium</i> prévu de type sauvage sur l'ARNr 23S	<i>M. genitalium</i> prévu mutant sur l'ARNr 23S			
Urine masculine	42/42	13/13	26/27 ¹			
Urine féminine	6/6	1/1	3/3 ²			
Écouvillon cervical	5/5	6/6	2/2 ³			
Écouvillon ectocervical	1/1	-	-			
Écouvillon vaginal	1/1	1/2	7/7 ^{4^}			
Écouvillon du fond du vagin	2/2	2/2	1/1 ⁵			
Écouvillon rectal masculin	17/17	1/1	7/8 ⁶			
Écouvillon rectal féminin	1/1	-	-			
Écouvillon urétral masculin	3/3	-	2/27			
Pharyngé masculin	5/5	-	-			
Écouvillon pénien	-	1/1	-			
Écouvillon pénien méatique	-	-	1/1 ⁸			
Écouvillon buccal masculin	1/1	-	-			

[#] 6 échantillons ont été exclus car le séquençage a échoué et le vrai statut 23S n'a pas pu être déterminé, à savoir : 2 échantillons cervicaux, 2 échantillons d'urine, 1 échantillon vaginal et 1 échantillon rectal

¹ Échantillons d'urine masculine : 8 A2058G, 3 A2058T et 15 A2059G correctement identifiés ; 1 A2058T a été incorrectement identifié comme : *M. genitalium* non détecté

² Échantillons d'urine féminine : 2 A2058G, 4 A2059G correctement identifiés

³ Écouvillon cervical : 2 A2058G correctement identifiés

⁴ Écouvillon vaginal : 3 A2058G, 2 A2058T et 1 A2059G correctement identifiés ; [^] 1 écouvillon vaginal a été identifié comme mélange WT/A2059G

⁵ Écouvillon du fond du vagin : 1 A2059G correctement identifié

⁶ Écouvillon rectal masculin : 5 A2059G, 1 A2058T et 1 A2058G correctement identifiés ; 1 A2058G a été incorrectement identifié comme : *M. genitalium* non détecté

⁷ Écouvillon urétral masculin : 2 A2059G correctement identifié

⁸ Écouvillon pénien méatique : 1 A2059G correctement identifié





Tableau 30. Analyse des mutations de l'ARNr 23S pour *M. genitalium* (Étude clinique 6)

Résultat de référence^	Résultat pour <i>ResistancePlus®</i> MG
Type sauvage	25/26 ¹
A2058G	16/17 ²
A2059G	27/27 ³
A2058T	6/7 ⁴
A2058C	-
A2059C	-

^Pour les échantillons positifs de M. genitalium uniquement

¹ Type sauvage : 1 écouvillon vaginal avec mauvaise attribution de base : *M. genitalium* non détecté

 2 A2058G : 1 écouvillon rectal avec mauvaise attribution de base : $\it M.$ genitalium non détecté

³A2059G : 1 écouvillon vaginal mixte type sauvage/A2059G correctement identifié comme *M. M. genitalium*, mutation de 23S détectée

 4 A2058T : 1 échantillon d'urine masculine avec mauvaise attribution : $\it M.$ genitalium non détecté

16.1.7 Étude clinique 7

Une étude clinique rétrospective a été effectuée par la Microbiological Diagnostic Unit de la Public Health Unit (MDU), Victoria, Australie, en utilisant des écouvillons secs et de l'urine non diluée, prélevés entre octobre 2018 et janvier 2019. Les échantillons comprenaient 59 extraits positifs et 31 extraits négatifs pour *M. genitalium* y compris 15 écouvillons anaux, 19 écouvillons vaginaux, 2 écouvillons du fond du vagin, 8 écouvillons cervicaux, 1 écouvillon urétral et 45 échantillons d'urine masculine.

Le kit **Resistance**Plus[®] MG a été utilisé sur le LC480 II, après l'extraction d'échantillon sur l'instrument QIAsymphony SP (QIAGEN) à l'aide du kit DSP Virus/Pathogen Mini et en suivant le protocole Complex200_V6_DSP. Les résultats ont été comparés aux résultats de diagnostic de routine obtenus avec le kit **Resistance**Plus[®] MG (SpeeDx) en utilisant des échantillons extraits sur l'instrument MagNA Pure 96 (MP96). Pour les résultats non concordants, un test 16S rRNA qPCR (Twin 2011) a été effectué pour la détection de *M. genitalium* et un séquençage de Sanger (Twin 2012) a été effectué pour la détection des mutants sur l'ARNr 23S. La sensibilité et la spécificité du kit **Resistance**Plus[®] MG pour la détection de *M. genitalium* et pour la détection des mutants de l'ARNr 23S sont indiquées dans le **Tableau 31**. L'analyse de la détection des mutations de l'ARNr 23S inclut uniquement les échantillons où le statut mutant pouvait être déterminé. L'analyse des résultats selon le type de prélèvement est présentée dans le **Tableau 32**.

Tableau 31. Évaluation clinique du kit <i>ResistancePlus®</i> MG (Étude clinique 7)							
		Détection de <i>M. genitalium</i> <i>ResistancePlus®</i> MG (MP96)				Détection d l'AR <i>ResistanceF</i>	es mutants de Nr 23S Mus® MG (MP96)
		Positif	Négatif			Mutant	Type sauvage
ResistancePlus® MG	Positif	54	0%		Mutant détecté	28	1#
(QIAsymphony SP)	Négatif	1*	34		Mutant non détecté	1#	22
Sensibilité		98,2 % (IC à 95% 90,3-100,0 %)			Sensibilité	96,6 % (IC à 9	5 % 82,2-99,9 %)
Spécificité		100,0 % (IC à 95 % 89,7-100,0 %)			Spécificité	95,7 % (IC à 9	5 % 78,1-99,9 %)

* Le kit **Resistance**Plus[®] MG a détecté 6 vrais négatifs pour *M. genitalium* qui étaient positifs avec le test de référence ; le tableau représente les résultats corrigés.

[%] Le kit **Resistance**Plus[®] a détecté 7 vrais négatifs pour *M. genitalium* qui étaient négatifs avec le test de référence ; le tableau représente les résultats corrigés.

[#]2 échantillons d'urine non concordants n'ont pas pu être corrigés à cause de l'échec du séquençage.





Tableau 32. Analyse des résultats cliniques selon l'échantillon (Étude clinique 7) *								
Échantillon	<i>M. M. genitalium</i> prévu négatif	<i>M. genitalium</i> prévu de type sauvage sur l'ARNr 23S	<i>M. genitalium</i> prévu mutant sur l'ARNr 23S					
Urine masculine	17/17	9/9	12/14 ¹					
Urine féminine	1/1	1/2 ²	1/1					
Écouvillon cervical	3/3	2/2	3/3					
Écouvillon vaginal	8/8#	7/7	3/3					
Écouvillon du fond du vagin	1/1	1/1	-					
Écouvillon anal masculin	4/4	2/2	8/8					
Écouvillon urétral masculin	-	-	1/1					

1 écouvillon vaginal a été exclu car il a produit un résultat non valide avec le kit ResistancePlus® MG

¹ Échantillon d'urine masculine : 1 ARNr 23S de type sauvage de *M. genitalium* a été incorrectement identifié comme : *M. genitalium* non détecté ; 1 mutant de l'ARNr 23S de *M. genitalium* a été incorrectement identifié comme : *M. genitalium* détecté, mutation 23S non détecté

² Échantillons d'urine féminine : 1 incorrectement identifié comme : M. genitalium détecté, mutation de l'ARNr 23S détectée

16.2 Performance analytique

16.2.1 <u>Reproductibilité et répétabilité</u>

La reproductibilité et la répétabilité du kit **Resistance**Plus[®] MG avec le LC480 II ont été évaluées en utilisant des matrices synthétiques quantifiées pour *M. genitalium* MgPa et pour les cibles de l'ARNr 23S (A2058G, A2059G, A2058T, A2058C et A2059C) à 10 000 copies par réaction et à 3x la LDD par réaction en utilisant 6 répliques (sauf indication contraire). Les expériences ont été effectuées avec le LC480 II.

Pour déterminer la variabilité inter-lots, deux lots ont été testés, traités sur un seul instrument par un seul technicien (**Tableau 33**). Les deux lots ont montré une bonne reproductibilité avec un coefficient de variation (% CV) compris entre 0,35 % et 2,37 % pour toutes les cibles.

Tableau 33. Variabilité inter-lots							
	Cq moyen	É-T	% CV	Nbre d'échantillons			
MgPa 10 000 copies	16,9	0,15	0,89	12/12			
MgPa 30 copies	25,5	0,52	2,05	12/12			
A2058G 10 000 copies	20,4	0,48	2,37	12/12			
A2058G 36 copies	27,8	0,43	1,54	12/12			
A2059G 10 000 copies	18,0	0,06	0,35	12/12			
A2059G 30 copies	25,6	0,50	1,94	12/12			
A2058T 10 000 copies	18,7	0,09	0,46	12/12			
A2058T 30 copies	26,2	0,30	1,14	12/12			
A2058C 10 000 copies	17,7	0,13	0,75	12/12			
A2058C 30 copies	25,4	0,29	1,15	12/12			
A2059C 10 000 copies	19,2	0,08	0,42	12/12			
A2059C 45 copies	25,0	0,26	1,03	12/12			





Pour déterminer la variabilité journalière, les tests ont été effectués sur trois jours par un technicien sur le même instrument (**Tableau 34**). Les trois séries ont montré une bonne reproductibilité entre les différents jours, avec un coefficient de variation compris entre 0,44 % et 2,31 % pour toutes les cibles.

Tableau 34. Variabilité journalière							
	Cq moyen	É-T	% CV	Nbre d'échantillons			
MgPa 10 000 copies	17,0	0,18	1,09	18/18			
MgPa 30 copies	25,6	0,59	2,31	18/18			
A2058G 10 000 copies	20,2	0,37	1,83	18/18			
A2058G 36 copies	27,9	0,51	1,84	18/18			
A2059G 10 000 copies	18,1	0,24	1,34	18/18			
A2059G 30 copies	25,7	0,32	1,23	18/18			
A2058T 10 000 copies	18,7	0,23	1,22	18/18			
A2058T 30 copies	26,3	0,31	1,17	18/18			
A2058C 10 000 copies	17,8	0,16	0,88	18/18			
A2058C 30 copies	25,5	0,31	1,22	18/18			
A2059C 10 000 copies	19,2	0,08	0,44	18/18			
A2059C 45 copies	25,0	0,46	1,82	18/18			

Pour déterminer la variabilité inter-séries, trois séries de qPCR ont été comparées, traitées le même jour par le même technicien (**Tableau 35**). Les trois séries ont montré une bonne reproductibilité avec un coefficient de variation compris entre 0,40 % et 3,20 % pour toutes les cibles.




Tableau 35. Variabilité	inter-séries			
	Cq moyen	É-T	% CV	Nbre d'échantillons
MgPa 10 000 copies	17,0	0,07	0,40	18/18
MgPa 30 copies	25,7	0,47	1,83	18/18
A2058G 10 000 copies	19,8	0,63	3,20	18/18
A2058G 36 copies	27,5	0,51	1,85	18/18
A2059G 10 000 copies	18,4	0,11	0,61	18/18
A2059G 30 copies	25,7	0,39	1,52	18/18
A2058T 10 000 copies	18,7	0,22	1,18	18/18
A2058T 30 copies	26,4	0,42	1,59	18/18
A2058C 10 000 copies	17,8	0,08	0,46	18/18
A2058C 30 copies	25,5	0,31	1,22	18/18
A2059C 10 000 copies	19,2	0,15	0,76	18/18
A2059C 45 copies	25,2	0,40	1,57	18/18

Pour déterminer la variabilité liée au technicien, deux séries ont été comparées, traitées par deux techniciens (**Tableau 36**). Les deux séries traitées par des techniciens différents ont montré une bonne reproductibilité avec un coefficient de variation compris entre 0,54 % et 1,86 % pour toutes les cibles.

Tableau 36. Variabilité	liée au technicie	en		
	Cq moyen	É-T	% CV	Nbre d'échantillons
MgPa 10 000 copies	16,8	0,12	0,73	12/12
MgPa 30 copies	25,3	0,41	1,61	12/12
A2058G 10 000 copies	20,2	0,24	1,21	12/12
A2058G 36 copies	27,9	0,45	1,62	12/12
A2059G 10 000 copies	17,9	0,10	0,58	12/12
A2059G 30 copies	25,5	0,39	1,53	12/12
A2058T 10 000 copies	18,6	0,10	0,54	12/12
A2058T 30 copies	26,1	0,31	1,20	12/12
A2058C 10 000 copies	17,7	0,13	0,71	12/12
A2058C 30 copies	25,2	0,27	1,06	12/12
A2059C 10 000 copies	19,1	0,16	0,83	12/12
A2059C 45 copies	24,9	0,46	1,86	12/12





Pour déterminer la variabilité liée à l'instrument, deux séries de deux instruments ont été comparées, traitées par le même technicien (**Tableau 37**). Les séries traitées sur des instruments différents ont montré une bonne reproductibilité avec un coefficient de variation compris entre 0,21 % et 2,62 % pour toutes les cibles.

Tableau 37. Variabilité	liée à l'instrume	nt		
	Cq moyen	É-T	% CV	Nbre d'échantillons
MgPa 10 000 copies	16,7	0,10	0,60	12/12
MgPa 30 copies	25,4	0,67	2,62	12/12
A2058G 10 000 copies	20,0	0,07	0,33	12/12
A2058G 36 copies	27,8	0,51	1,82	12/12
A2059G 10 000 copies	17,8	0,05	0,30	12/12
A2059G 30 copies	25,3	0,36	1,41	12/12
A2058T 10 000 copies	18,5	0,09	0,50	12/12
A2058T 30 copies	25,9	0,30	1,16	12/12
A2058C 10 000 copies	17,6	0,13	0,75	12/12
A2058C 30 copies	25,3	0,36	1,44	12/12
A2059C 10 000 copies	18,9	0,04	0,21	12/12
A2059C 45 copies	24,8	0,46	1,85	12/12





Pour déterminer la variabilité intra-série, trois expériences ont été comparées, configurées séparément par le même technicien traitant chaque cible sur la même plaque (**Tableau 38**). Les trois expériences ont montré une bonne reproductibilité avec un coefficient de variation compris entre 0,57 % et 3,12 % pour toutes les cibles.

Tableau 38. Variabilité	intra-série			
	Cq moyen	É-T	% CV	Nbre d'échantillons
MgPa 10 000 copies	17,3	0,36	2,09	18/18
MgPa 30 copies	25,9	0,81	3,12	18/18
A2058G 10 000 copies	20,2	0,11	0,57	18/18
A2058G 36 copies	28,0	0,65	2,31	18/18
A2059G 10 000 copies	17,9	0,15	0,83	18/18
A2059G 30 copies	25,8	0,38	1,46	18/18
A2058T 10 000 copies	18,8	0,12	0,66	18/18
A2058T 30 copies	26,8	0,38	1,41	18/18
A2058C 10 000 copies	17,8	0,15	0,83	18/18
A2058C 30 copies	25,5	0,36	1,41	18/18
A2059C 10 000 copies	19,0	0,14	0,76	18/18
A2059C 45 copies	25,0	0,42	1,66	18/18

16.2.2 Sensibilité analytique

La sensibilité analytique du kit **Resistance**Plus[®] MG avec le LC480 II a été déterminée en réalisant des dilutions en série limitées à l'aide d'une matrice synthétique quantifiée pour *M. genitalium* MgPa et pour les cibles de l'ARNr 23S (A2058G, A2059G, A2058T, A2058C et A2059C). La sensibilité pour chaque cible a été déterminée comme le nombre de copies par réaction ayant une détection \geq 95 % et est indiquée dans le **Tableau 39**.

Tableau 39. Sens	ibilité analytique
	Sensibilité analytique (copies/réaction)
MgPa	10
A2058G	12
A2059G	10
A2058T	10
A2058C	10
A2059C	15



16.2.3 Spécificité analytique

L'étude a été effectuée pour évaluer le kit **Resistance**Plus[®] lorsque des organismes non cibles sont présents avec des concentrations élevées. Un panneau de 65 microorganismes (4 virus, 2 protozoaires, 4 champignons et 55 bactéries) représentant des pathogènes ou une flore courante dans le système urogénital, ou étroitement liés à M. *genitalium*, a été évalué. Chaque souche bactérienne a été testée à 1 x 10⁶ génomes/mL, sauf indication contraire. Les souches virales ont été testées à 1 x 10⁵ génomes/mL, sauf indication contraire. Tous les autres organismes ont été testés en fonction des concentrations mentionnées. Tous les organismes ont été quantifiés en utilisant qPCR, sauf ceux quantifiés comme étant des unités formant colonies (UFC) ou des unités formatrices de plaque (UFP) (**Tableau 40**). Tous les microorganismes ont été testés en triple. Tous les microorganismes testés ont été dilués dans une matrice clinique négative (urine ou écouvillon vaginal).

Les résultats ont montré qu'aucun de ces organismes ont produit des résultats faux positifs dans les matrices négatives de *M. genitalium* (Tableau 40).

Une analyse *in silico* a également été effectuée pour évaluer si les oligonucléotides dans le test **Resistance**Plus[®] MG pouvaient amplifier et détecter les séquences d'acides nucléiques à partir d'organismes non cibles disponibles dans BLAST. Aucune interaction significative n'a été détectée.





Tableau 40. Microorganism	es testés pour la	spécificité analytique			
Organisme	Concentration (génomes/mL)	Organisme	Concentration (génomes/mL)	Organisme	Concentration (génomes/mL)
Actinomyces israelii	1 x 10 ⁶	HIV-1^	1 x 10 ³	Mycoplasma pirum (2)*	1 x 10 ⁶
Atopobium vaginae	1 x 10 ⁶	HPV type 18 (HeLa cells)^	1 x 10 ⁵	Mycoplasma pneumoniae (6)*	1 x 10 ⁶
Bacterioides fragilis	1 x 10 ⁶	Klebsiella oxytoca	1 x 10 ⁶	Mycoplasma primatum	1 x 10 ⁶
Bifidobacterium adolescentis	1 x 10 ⁶	Lactobacillus acidophilus	1 x 10 ⁶	Mycoplasma salivarium	1 x 10 ⁶
Campylobacter jejuni	1 x 10 ⁶	Lactobacillus crispatus	1 x 10 ⁶	Neisseria gonorrhoeae	1 x 10 ⁶
Candida albicans	1 x 10 ⁵	Lactobacillus jensenii	1 x 10 ⁶	Pentatrichomonas hominis [#]	1 x 10 ⁵
Candida glabrata	1 x 10 ⁶	Lactobacillus vaginalis	1 x 10 ⁶	Peptostreptococcus anaerobius	1 x 10 ⁶
Candida parapsilosis	1 x 10 ⁶	Listeria monocytogenes	1 x 10 ⁶	Prevotella bivia	1 x 10 ⁶
Candida tropicalis	1 x 10 ⁵	Mobiluncus curtisii	1 x 10 ⁶	Propionibacterium acnes	1 x 10 ⁵
Chlamydia trachomatis	1 x 10 ⁶	Mycobacterium smegmatis	1 x 10 ⁵	Proteus mirabilis	1 x 10 ⁶
Clostridium perfringens	1 x 10 ⁶	Mycoplasma alvi	1 x 10 ⁶	Proteus vulgaris	1 x 10 ⁶
Corynebacterium genitalium	1 x 10 ⁶	Mycoplasma amphoriforme (2)*	1 x 10 ⁶	Pseudomonas aeruginosa	1 x 10 ⁶
Enterobacter aerogenes	1 x 10 ⁶	Mycoplasma arginini	1 x 10 ⁶	Staphylococcus aureus	1 x 10 ⁶
Enterobacter cloaceae	1 x 10 ⁶	Mycoplasma buccale	1 x 10 ⁶	Staphylococcus saprophyticus	1 x 10 ⁶
Enterococcus fecalis	1 x 10 ⁶	Mycoplasma fermentans	1 x 10 ⁶	Streptococcus agalactiae	1 x 10 ⁶
Fusobacterium nucleatum	1 x 10 ⁶	Mycoplasma gallisepticum	1 x 10 ⁴	Streptococcus pyogenes	1 x 10 ⁶
Gardnerella vaginalis	1 x 10 ⁶	Mycoplasma hominis	1 x 10 ⁶	Trichomonas vaginalis [#]	1 x 10 ⁵
Haemophilus ducreyi	1 x 10 ⁶	Mycoplasma lipohilum	1 x 10 ⁴	Ureaplasma urealyticum	1 x 10 ⁵
Virus Herpes simplex I	1 x 10 ⁶	Mycoplasma orale	1 x 10 ⁶		
Virus Herpes simplex II	1 x 10 ⁶	Mycoplasma penetrans	1 x 10 ⁶		

* Le numéro entre parenthèses indique le nombre de souches testées.

^ quantifié en UFP/mL

quantifié en UFC/mL

16.2.4 Substances potentiellement interférentes

Une étude sur les substances interférentes a été effectuée pour examiner si des substances ou des pathologies éventuellement présentes dans les échantillons d'urine ou d'écouvillon vaginal soient susceptibles d'affecter la performance du test **Resistance**Plus[®] MG. Le panneau comprenait des substances endogènes telles que le sang, la mucine, les leucocytes et les médicaments (sous ordonnance et en vente libre) pouvant être utilisés pour traiter des pathologies urogénitales. Toutes les substances ont été évaluées à travers la performance du contrôle interne, qui surveille l'extraction et l'inhibition de la qPCR. Tous les échantillons de test ont été testés en triple. Les substances ont été diluées dans une matrice clinique négative (soit urine soit écouvillon vaginal), le cas échéant.

Les résultats ont indiqué qu'aucune des substances ou des pathologies ont gêné la détection du contrôle interne ou produit des résultats faux positifs.

La synthèse des résultats est indiquée dans le Tableau 41 et le Tableau 42.





Tableau 41. Substances poter	ntiellement interférentes dans l	es échantillons d'urine
Classe/substance	Nom du produit	Concentration test
Sang complet		1 % v/v
Sperme		5,0 % v/v
Mucus	Mucine	0,8 % w/v
A 414	Azithromycine	1,8 mg/mL
Antibioliques	Doxycycline	3,6 mg/mL
	Aspirine	40 mg/mL
Anaigesiques	Paracétamol	3,2 mg/mL
Hormones intravaginales		7 mg/mL Progesterone + 0,07 mg/mL Beta Estradiol
Leucocytes		10 ⁵ cellules/mL
Albumine	Albumine de sérum bovin	10 mg/mL
Glucose		10 mg/mL
Urine acide (pH 4,0)	Urine + N-Acétyl-L-Cystéine	pH 4,0
Urine alcaline (pH 9,0)	Urine + citrate d'ammonium	рН 9,0
Bilirubine		1 mg/mL





Tableau 42. Substances pote vaginal	ntiellement interférentes dans	les échantillons d'écouvillon
Classe/substance	Nom du produit	Concentration test
Sang		60 % v/v
Liquide séminal		5,0 % v/v
Mucus	Mucine	0,8 % w/v
	Crème anti-démangeaison Vagisil (1,0 once)	0,25 % (w/v)
	Gel K-Y (4,0 onces)	0,25 % (w/v)
	Gel contraceptif vaginal Options Gynol II	0,25 % (w/v)
	Crème vaginale Clotrimazole Walgreens (1,5 once)	0,25 % (w/v)
Produits vaginaux et contraceptifs en vente libre	Formule peau sensible Vagisil, crème anti-démangeaison force maximale avec de l'avoine (1,0 once)	0,25 % (w/v)
	Gel d'hydratation interne Vagisil ProHydrate Natural Feel (0,2 once x 8 sachets)	0,25 % (w/v)
	Poudre déodorante intime quotidienne Vagisil (8,0 onces)	0,25 % (w/v)
	Douche vaginale médicamenteuse Summer's Eve	0,25 % v/v
Déodorants et talcs	Désodorisant aérosol Summer's Eve (2,0 onces)	0,25 % v/v
Crème pour hémorroïdes	Crème pour hémorroïdes Preparation H (0,9 once)	0,25 % (w/v)
Médicaments sur ordonnance	Gel vaginal Metronidazole, 0,75 %	0,25 % (w/v)
uniquement	Estrace [®] (crème vaginale à l'œstradiol, USP 0,01 %)	0,25 % (w/v)
Leucocytes		10 ⁵ cellules/mL
Hormones intravaginales		7 mg/mL Progesterone + 0,07 mg/mL Beta Estradiol

17 Service clients et assistance technique

Contacter l'assistance technique pour toute question relative à la configuration des réactions, aux conditions pour le cyclage et pour les autres demandes.

Tél. : +61 2 9209 4169, E-mail : tech@speedx.com.au





18 Références

- 1. Taylor-Robinson D, Jensen JS. *Mycoplasma genitalium*: from Chrysalis to multicolored butterfly. Clin Microbiol Rev. 2011;24:498–514.
- 2. Manhart LE, Broad JM, Golden MR. Mycoplasma genitalium: should we treat and how? Clin Infect Dis. 2011 Dec;53 Suppl 3:S129-42.
- 3. Cazanave C, Manhart LE, Bébéar C. Mycoplasma genitalium, an emerging sexually transmitted pathogen. Med Mal Infect. 2012 Sep;42(9):381-92
- Jensen JS, Bradshaw CS, Tabrizi SN, Fairley CK, Hamasuna R. Azithromycin treatment failure in Mycoplasma genitaliumpositive patients with nongonococcal urethritis is associated with induced macrolide resistance. Clin Infect Dis. 2008 Dec 15;47(12):1546-53.
- Jensen JS. Chapter 8: Protocol for the Detection of Mycoplasma genitalium by PCR from Clinical Specimens and Subsequent Detection of Macrolide Resistance-Mediating Mutations in Region V of the 23S rRNA Gene in Diagnosis of Sexually Transmitted Diseases: Methods and Protocols, Methods in Molecular Biology, vol. 903, Science+Business Media New York 2012.
- Bissessor M, Tabrizi SN, Twin J, Abdo H, Fairley CK, Chen MY, Vodstrcil LA, Jensen JS, Hocking JS, Garland SM, Bradshaw CS. Macrolide resistance and azithromycin failure in a Mycoplasma genitalium-infected cohort and response of azithromycin failures to alternative antibiotic regimens. Clin Infect Dis. 2015 Apr 15;60(8):1228-36.
- 7. Twin J, Taylor N, Garland SM, Hocking JS, Walker J, Bradshaw CS, Fairley CK, Tabrizi SN. Comparison of two Mycoplasma genitalium real-time PCR detection methodologies. J Clin Microbiol. 2011 Mar;49(3):1140-2.
- 8. Twin J, Jensen JS, Bradshaw CS, et al. Transmission and selection of macrolide resistant Mycoplasma genitalium infections detected by rapid high resolution melt analysis. PLoS One 2012; 7:e35593.
- 9. Jensen JS, Bjornelius E, Dohn B, Lidbrink P. Use of Taqman 5' nuclease real-time PCR for quantitative detection of Mycoplasma genitalium DNA in males with and without urethritis who were attendees at a sexually transmitted disease clinic. J Clin Microbiol. 2004 42:683-692.





19 Annexe 1 : LightCycler[®] 480 instrument II

Les informations suivantes sont basées sur le logiciel LightCycler[®] 480 (version 1.5).

Le kit *ResistancePlus*[®] MG contient des colorants pour le LightCycler[®] 480 Instrument II. Le kit *PlexPCR*[®] Colour Compensation (réf. 90001) doit être traité et appliqué pour l'analyse LC480 II (voir la **Section 19.2**). Ce kit peut être fourni sur demande.

19.1 Programmation du LightCycler[®] 480 Instrument II (LC480 II)

Format de détection

•

Créer un Format de détection personnalisé

Ouvrir Tools (Outils) > Detection Formats (Formats de détection)

Créer un nouveau format de détection et le nommer « **SpeeDx PlexPCR** » (peut être accompli durant la création du fichier SpeeDx Colour Compensation [Compensation de couleur]) (voir la **Figure 3**).

Pour Filter Combination Selection (Sélection de combinaisons de filtres), sélectionner les plages suivantes (excitation-émission)

		Tab	leau 43. Combi	inaisons de filt	res^	
LC480 II	440-488	465-510	533-580	533-610	533-640	618-660

^ Ces combinaisons de filtres sont les noms par défaut des canaux

Régler Selected Filter Combination List (Liste des combinaisons de filtres sélectionnées) pour tous les canaux comme suit :

Melt Factor (Facteur de fusion) : 1

Quant Factor (Facteur de quantification) : 10

Max Integration Time (sec) (Temps d'intégration max (s)) : 1

I	-Filter Corr	bination S	election-			
		Emis	sion			
	E 4	88 510 58	0 610	640 660		
	× 440					
	i 465			ГГ		
	a 498 t		Γ			
	i 533		ম	ר א		
	0					
	010					Clear
	Coloreto d I		A	1-4		
I	- Selected I	Emission	Name	List Molt	Quant	Max Integration
	Filter	Filter	nume	Factor	Factor	Time (Sec)
	440	488	440-488	1	10	1
	465	510	465-510	1	10	1
	533	580	533-580	1	10	1
	533	610	533-610	1	10	1
	533	640	533-640	1	10	1
I	618	033	618 660	1	10	1

Figure 3. Format de détection SpeeDx personnalisé

Paramètres de l'instrument

Créer un Format de détection personnalisé

Ouvrir Tools (Ouvrir Outils) > Instruments

Sous Instrument Settings (Paramètres de l'instrument) > sélectionner Barcode Enabled(Code-barre activé)





Configuration expérimentale

Sélectionner New Experiment (Nouvelle expérience)

Dans l'onglet Run Protocol (Protocole de la série)

Sous Detection Format (Format de détection), sélectionner le « SpeeDx PlexPCR » personnalisé (Figure 4)

Sélectionner Customize (Personnaliser) >

Sélectionner Integration Time Mode > Dynamic (Mode Temps d'intégration > Dynamique) Sélectionner les Filter Combinations (Combinaisons de filtres) actives, indiquées dans le Tableau 44

Tableau 44. Canaux pou	r les cibles <i>ResistancePlu</i>	s [®] MG
Détection de <i>M.</i> genitalium (MgPa)	Mutation de l'ARNr 23S	Contrôle interne
465-510	533-580	533-640

Figure 4. Format de détection personnalisé

Pour permettre la détection automatisée de l'échantillon dans le logiciel d'analyse, assigner des étiquettes d'identification aux puits sur la plaque

Ouvrir le module Sample Editor (Éditeur d'échantillon)

Sélectionner le puits

Modifier le Sample Name (Nom de l'échantillon) pour qu'il corresponde à l'étiquette d'identification définie dans le module de tests du logiciel d'analyse (voir la Section 24.4)

Les échantillons sont étiquetés sous la forme Préfixe_Suffixe (comme présenté dans le Tableau 45 et la

Figure 5) p. ex. Pa_MG

REMARQUE : les étiquettes d'identification des échantillons sont sensibles à la casse. L'étiquette d'identification doit correspondre exactement à celle assignée dans le fichier de série.





Tableau 45. Étiquettes d'identification d'écha	ntillon pour le logiciel (d'analyse	
Type d'échantillon	Préfixe (dans le logiciel d'analyse)	_Suffixe (dans le logiciel d'analyse)	Dénomination de l'échantillon (dans LC480)
Échantillon classique	S	_MG	S_MG
Contrôle négatif	Ν	_MG	N_MG
Contrôle positif (MG, ARNr 23S de type mutant) (Pa)	Ра	_MG	Pa_MG
Contrôle positif (MG, ARNr 23S de type sauvage) (Pb)	Pb	_MG	Pb_MG

Figure 5. Éditeur d'échantillon - Assignation d'étiquettes d'identification aux puits

Pos	Filter combination	Color	Repl Of	Sample Name
A12	465-510 (465-510)			S_MG
A12	533-580 (533-580)			S_MG
A12	533-640 (533-640)			S_MG
B12	465-510 (465-510)			Pa_MG
B12	533-580 (533-580)			Pa_MG
B12	533-640 (533-640)			Pa_MG
C12	465-510 (465-510)			Pb_MG
C12	533-580 (533-580)			Pb_MG
C12	533-640 (533-640)			Pb_MG
G8	465-510 (465-510)			N_MG
G8	533-580 (533-580)			N_MG
G8	533-640 (533-640)			N_MG

Régler Reaction Volume (Volume réactionnel) > 20 µL

Créer le programme suivant (présenté de manière plus détaillée de la Figure 6 à la Figure 9):

Tableau 46. Thermocycling Progra	am (Progran	nme de thermocycla	ge)	
Program name (Nom du programme)	Cycles	Target °C (Cible °C)	Hold (Temps d'arrêt)	Ramp Rate (Vitesse de rampe) (°C/s) [≠]
Polymerase activation (Activation de la polymérase)	1	95 °C	2 min	4,4
Touch down cycling (Cyclage		95 °C	5 s	4,4
Step down (Cyclage par essais : Incrément) -0,5° C/cycle	10	61°C – 56,5°C ^δ	30 s	2,2
Quantification cycling (Cyclage par	40	95°C	5 s	4,4
(Acquisition/Détection)	40	52°C⁺	40 s	2,2
Cooling (Refroidissement)	1	40°C	30 s	2,2

[#]Vitesse de rampe par défaut (plaque 96 puits)

⁶ Step size (incrément) : -0.5° C/Cycle, Sec Target (Cible s) : 56° C

* Analysis mode (Mode d'analyse) : Quantification, Acquisition mode (Mode d'acquisition) : Single (Simple)





Figure 6. Programme de thermocyclage – Activation de la polymérase

📕 LightCycler	® 480	Software releas	e 1.5.1.62 SF	2										
Instrument: Window:	3023 Nev	81 / Not Conn w Experimen	ected t					<u> </u>	Database: User:	Research Speedx	Database	(Research)		Roche
Experi-	Setur	,	Run Prot	ocol			Data			Run N	otes			5]
=	Detec	tion Format	SpeeDx P	lexPCR			Customize	Block Size 96	Pla	te ID	Re	action Vol	lume 20 🜩	
Subset Editor	Color	Comp ID			Lot No				Test ID					67
		1					Programs							
Sample	\sim	Program N	ame							1	Cycles	Ana	lysis Mode	
Editor	Ð	Polymerase	activation								1	None	•	88
		Touchdown	cycling								10	None	•	
Analysis	Θ	Cooling	on cycling								1	None	tion •	
	~													
Report														
	~					Polymer	ase activation Temp	erature Targets		-				رلصا
Sum.	-	Target	(°C)	Acquisition Mode	Hold (hh:r	nm:ss)	Ramp Rate (°C/s)	Acquisitions (p	er °C) Sec	Target (°C)	Step Size	e (°C) Ste	p Delay (cycles)	
	$\mathbf{\mathbf{\oplus}}$	▶ 95	÷ N	one	• 00:02:00	÷	4.4 🗘		÷0	÷	0	0	÷	$\left \leftrightarrow \right $
6	Θ													
	\leq													(\times)



Instrument	: 3023	1 / Not Conn	ected					Data	base: Researd	h Datab	ase (Rese	arch)	Roche
Window:	Nev	v Experimen	t				*	User	Speedx				_
Experi-			Run Pro	tocol		Data			Run	Notes			5
ment	Detect	tion Format	SpeeDx I	PlexPCR		Customize	Block Size	e 96	Plate ID	_	Reactio	n Volume 20 🛨	
Subset Editor	Color	Comp ID			Lot No			Test ID					
\leq		1				Programs							
Sample		Program N	ame							Cycl	es	Analysis Mode	
Editor	A	Polymerase	activation							1	None		· 22
		Touchdown	cycling							10	None		
Analysis		Quantificatio	on cycling							40	Quar	ntification	
\square		Cooling								1	None		
Report	\sim												
Report						(* ······**)							
\equiv					Τοι	uchdown cycling Tempe	rature Targe	ets					
Sum.		Target	(°C)	Acquisition Mode	Hold (hh:mm:ss)	Ramp Rate (°C/s)	Acquisitio	ns (per °C)	Sec Target (°C) Step	Size (°C)	Step Delay (cycles	
\Box	Ð	95	- 1	lone	• 00:00:05	÷44 ÷		4	0 -	0		0	
		61	1	lone	00:00:30	22			56	0.5	-	0	: 💌
	Θ	100000											
													$\mathbf{\Theta}$

Figure 8. Programme de thermocyclage – Cyclage par quantification

🍠 LightCycle	r® 480 9	Software release 1.5.	1.62 SP2							
Instrument:	3023	1 / Not Connected	d				Database: Rese	arch Database	(Research)	Deaths
Window:	New	v Experiment				*	User: Spee	dx		Hoche
Experi-		Rur	n Protocol		Data		R	un Notes		51
ment	- Setup Detect	tion Format Spe	eDx PlexPCR		Customize	Block Size 96	Plate ID	R	teaction Volume 20	38
Subset Editor	Color	Comp ID		Lot No		1	Test ID			
					Programs					
Sample	\sim	Program Name						Cycles	Analysis Mode	
Editor	A	Polymerase activ	vation					1	None	· 88
	$\underline{\nabla}$	Touchdown cyclin	ng					10	None	-
Analysis	ΘĽ	Quantification cy	cling					40 -	Quantification	(A)
\square	3	County							. None	
Report	~									
(inchori					A	-				
	~	Tarant (%C)	Association Made	Quanti	fication cycling lemp	erature largets	IC) Cas Tasant	ICI Ctan Cin	(IC) Chan Dalay (av	
Sum.		rarger (°C)	Acquisition mode	noid (nn:mm:ss)	Ramp Rate (*C/s)	Acquisitions (per	C) Sec larget	(°C) Step Siz	e (C) Step Delay (cyc	
\square	(+)	95	None	• 00:00:05	: 4.4 🗘		0	÷ 0	÷ 0	
(52	Single	00:00:40	: 2.2 :		0	0	÷ 0	
l										
	V									
l.										

Link Curles @ 490 Selluran release 1 5 1 62 S





📑 LightCycl	er® 480 S	oftware relea	ise 1.5.1.62	SP2									_ 0 <mark>_</mark> ×
Instrument	: 30231	/ Not Coni	nected						Data	base: Researc	h Database	(Research)	Real
Window:	New	Experime	nt					*	User:	Speedx			Linger
Experi-			Run Pre	otocol			Data			Run	Notes		5
ment	Detecti	ion Format	SpeeDx	PlexPCR			Customize	Block Size	96	Plate ID	R	teaction Volume	20 ±
Subset Editor	Color	Comp ID				Lot No			Test ID				0=
\square							Programs						
Sample Editor		Program I	Name								Cycles	Analysis M	ode
\square	Ð	Touchdown	e activation cycling	1							10	None	
Analysis	0	Quantificat	ion cycling	ř.							40	Quantification	· 🐼
		Cooling									1 3	. None	- 0
Report													
							Cooling Temperature	Targets					
Sum.		Targe	t (°C)	Acquisitio	on Mode	Hold (hh:mm:ss)	Ramp Rate (°C/s)	Acquisition	ns (per °C)	Sec Target (°C) Step Siz	e (°C) Step Delay	(cycles)
	Ð	40	÷	None	•	00:00:30	÷2.2 ÷		-	0	0	÷ 0	
	Θ												
													X
	$\mathbf{\nabla}$												
							Overview						
	100		an ar								-		
	90		I I I I					A A A A					51
	Q 80	[]]]]	4441	111111			8888888					88888	
	70 Tri		HHH	MARIAN	1111	հի ի ի ի ի ի	****	14 14 11			111	ի ի ի ի ի ի	
	00 E0	001		ากภากไม่		ԱԱԱԱԱԱ	11111111111	111111				IUUUUU	
	P 50												
	30												
	0:00	.00 0.0	06.13	0:15:06	0:24:0	09 0.33.03	0.41.57	0.50.51	1:00:0	0 1:0	3.54	1:18:18	
	_						Estimated Time (h:mm:s	[]					
	App Temp	ly late								End Program	n + 10	Cycles	t Run
							••••••						
$ \Lambda $													6

Figure 9. Programme de thermocyclage – Refroidissement

> Start Run (Lancer la série)

Une fois le programme de cyclage terminé, exporter un fichier .IXO dans le logiciel d'analyse *ResistancePlus®* MG (LC480) pour analyse.

Sélectionner **Export** (Exporter)

Enregistrer dans un emplacement facilement identifiable.

19.2 Colour Compensation (Compensation de couleur) pour LightCycler[®] 480 Instrument II

REMARQUE : le kit *PlexPCR*[®] Colour Compensation (Compensation de couleur) (réf. 90001) doit être traité et appliqué pour l'analyse de LC480 II. Ce kit peut être fourni sur demande.

Pour une analyse avec le logiciel, le nom de l'échantillon des réactions de compensation de couleur doit être marqué comme indiqué dans le **Tableau 47**.

Une fois le programme de cyclage terminé, exporter un fichier .IXO dans le logiciel d'analyse *ResistancePlus®* MG (LC480) pour analyse.

Sélectionner **Export** (Exporter)

Enregistrer dans un emplacement facilement identifiable sous le nom « SpeeDx PlexPCR »





Tableau 47. Nom de l'échantillon pour les réactions de compensation de couleur pour le logiciel d'analyse									
	Réactions								
	BLANC	488 mix (Mélange 488)	Mélange 510	580 mix (Mélange 580)	610 mix (Mélange 610)	640 mix (Mélange 640)	660 mix (Mélange 660)		
Canal dominant	Eau	440-488	465-510	533-580	533-610	533-640	618-660		
Nom de l'échantillon	BLANC	440-488	465-510	533-580	533-610	533-640	618-660		

19.3 Interprétation des résultats

L'interprétation des données nécessite le logiciel d'analyse *ResistancePlus®* MG (LC480). Le logiciel d'analyse peut être fourni sur demande. Contacter <u>tech@speedx.com.au</u> pour de plus amples informations.

Consulter la Section 24 pour obtenir les instructions d'utilisation du logiciel d'analyse ResistancePlus® MG (LC480).





20 Annexe 2 : analyseur cobas z 480

Les informations suivantes sont basées sur le logiciel de l'analyseur cobas z 480 (LightCycler 480 SW UDF 2.1.0). Adressez-vous à votre représentant Roche pour accéder au logiciel UDF sur votre analyseur cobas z 480.

Le kit *ResistancePlus®* MG contient les colorants pour l'analyseur cobas z 480. Le kit *PlexPCR®* Colour Compensation (réf 90001) doit être traité et appliqué pour l'analyse z 480 (voir la **Section 20.2**). Ce kit peut être fourni sur demande.

20.1 Programmation de l'analyseur cobas z 480

Format de détection

Créer un Format de détection personnalisé

Ouvrir Tools (Outils) > Detection Formats (Formats de détection)

Créer un New Detection Format (nouveau format de détection) et le nommer « **SpeeDx PlexPCR** » [peut être accompli durant la création du fichier SpeeDx Colour Compensation (Compensation de couleur)] (voir la **Figure 10**).

Pour Filter Combination Selection (Sélection de combinaisons de filtres), sélectionner les plages suivantes (excitation-émission)

		Tableau 48	. Combinaison	s de filtres^	
z 480	465-510	540-580	540-610	540-645	610-670

^ Ces combinaisons de filtres sont les noms par défaut des canaux

Régler Selected Filter Combination List (Liste des combinaisons de filtres sélectionnées) pour tous les canaux comme suit :

Melt Factor (Facteur de fusion) : 1

Quant Factor (Facteur de quantification) : 10

Max Integration Time (sec) (Temps d'intégration max (s)) : 1

Figure 10. Format de détection SpeeDx personnalisé

Γ	Filte	er Co	mbi	natior	1 Sel	ectior							
				Em	issi	i o n							
	E x c	465	510 모	580 Г	610 Г	645 Г	670 Г	700 Г					
	ť	498		Г	Г	Г	Г	Г					
	a t	540		ম	ম	ম	Г	Г					
	i	610				Г	N	Г					
	o n	680						Г					
L													
												Clea	r
	Solo	octord	Filt	er Co	mbin	ation	A liet-		······ ▲			Clea	r
	Sele Exc F	ected itatio	Filt	er Co Emissi Filte	mbin ion r	ation N	List- lame		Melt Factor	Quant Factor	Ma	Clea ax Integra Time (Sec	r tion
	Sele Exc F	ected itatio ilter 465	Filt	er Co Emissi Filte 510	mbin ion r	ation N	List- lame		Melt Factor	Quant Factor 10	Ma	Clea ax Integra Time (Sec	r tion :)
	Sele Exc F	ected itatio ilter 465 540	Filt	er Co Emissi Filte 510 580	mbin ion r 4	ation N 65-5 40-5	List- lame		Melt Factor	Quant Factor 10 10	Ma 1 1	Clea ax Integra Time (Sec	r tion :)
	Sele Exc F	ected itatio ilter 465 540 540	Filt	er Co Emissi Filte 510 580 610	mbin ion r 4	ation N 65-5 40-5 40-6	List- lame 10 80 10		Melt Factor 1 1 1	Quant Factor 10 10 10	Ma 1 1	Clea ax Integra Time (Sec	r tion ;)
	Sele Exc F	ected itatio ilter 465 540 540 540	Filt	er Co Filte 510 580 610 645	mbin ion r 5	ation N 65-5 40-5 40-6 40-6	List- lame 10 80 10 45		Melt Factor 1 1 1 1	Quant Factor 10 10 10 10	Ma 1 1 1 1	Clea ax Integra Time (Sec	r tion :)
	Sele	ected itatio ilter 465 540 540 540 610	Filt	er Co Emissi Filte 510 580 610 645 670	mbin ion r 5 5 5	ation N 65-5 40-5 40-6 40-6 10-6	List- lame 10 80 10 45 70		Melt Factor 1 1 1 1 1 1	Quant Factor 10 10 10 10 10	Ma 1 1 1 1	Clea ax Integra Time (Sec	r tion :)





Paramètres de l'instrument

Créer un Format de détection personnalisé

Ouvrir Tools (Ouvrir Outils) > Instruments

Sous Instrument Settings (Paramètres de l'instrument) > sélectionner Barcode Enabled (Code-barre activé)

Configuration expérimentale

Sélectionner New Experiment (Nouvelle expérience)

Dans l'onglet Run Protocol (Protocole de la série)

Sous Detection Format (Format de détection), sélectionner le « SpeeDx PlexPCR » personnalisé (Figure 11)

Sélectionner Customize (Personnaliser) >

Sélectionner Integration Time Mode > Dynamic (Mode Temps d'intégration > Dynamique)

Sélectionner les Filter Combinations (Combinaisons de filtres) actives, indiquées dans le Tableau 49

Tableau 49. Canaux pou	r les cibles <i>ResistancePlu</i>	s [®] MG
Détection de <i>M.</i> genitalium (MgPa)	Mutation de l'ARNr 23S	Contrôle interne
465-510	540-580	540-645

Figure 11. Format de détection personnalisé

De	etection Formats	i							
	Detection Format SpeeDx PlexPCR -Integration Time Mode O Dynamic O Manual								
	Active	Filter Combination							
	•	465-510 (465-510)							
	✓	540-580 (540-580)							
		540-610 (540-610)							
	✓	540-645 (540-645)							
)		610-670 (610-670)							

Pour permettre la détection automatisée de l'échantillon dans le logiciel d'analyse, assigner des étiquettes d'identification aux puits sur la plaque

Ouvrir le module Sample Editor (Éditeur d'échantillon)

Sélectionner le puits

Modifier le **Sample Name** (Nom de l'échantillon) pour qu'il corresponde à l'étiquette d'identification définie dans le module de tests du logiciel d'analyse (voir la **Section 24.4**)

Les échantillons sont étiquettés sous la forme Prefixe_Suffixe (comme présenté dans le Tableau 50 et la

Figure 12) p. ex. Pa_MG





REMARQUE : les étiquettes d'identification des échantillons sont sensibles à la casse. L'étiquette d'identification doit correspondre exactement à celle assignée dans le fichier de série.

Tableau 50. Étiquettes d'identification d'échantillon pour le logiciel d'analyse									
Type d'échantillon	Préfixe (dans le logiciel d'analyse)	_Suffixe (dans le logiciel d'analyse)	Dénomination de l'échantillon (dans z 480)						
Échantillon classique	S	_MG	S_MG						
Contrôle négatif	Ν	_MG	N_MG						
Contrôle positif (MG, ARNr 23S de type mutant) (Pa)	Ра	_MG	Pa_MG						
Contrôle positif (MG, ARNr 23S de type sauvage) (Pb)	Pb	_MG	Pb_MG						

Figure 12. Éditeur d'échantillon - Assignation d'étiquettes d'identification aux puits

Pos	Filter combination	Color	Repl Of	Sample Name	Quantification Sample Type
A12	465-510 (465			S_MG	Unknown
A12	540-580 (540			S_MG	Unknown
A12	540-645 (540			S_MG	Unknown
B12	465-510 (465			Pa_MG	Unknown
B12	540-580 (540			Pa_MG	Unknown
B12	540-645 (540			Pa_MG	Unknown
C12	465-510 (465			Pb_MG	Unknown
C12	540-580 (540			Pb_MG	Unknown
C12	540-645 (540			Pb_MG	Unknown
D12	465-510 (465			N_MG	Unknown
D12	540-580 (540			N_MG	Unknown
D12	540-645 (540			N_MG	Unknown

Régler Reaction Volume (Volume réactionnel) > 20 µL

Créer le programme suivant (présenté de manière plus détaillée de la Figure 13 à la Figure 16) :

Tableau 51. Thermocycling Program (Programme de thermocyclage)										
Program name (Nom du programme)	Cycles	Target °C (Cible °C)	Hold (Temps d'arrêt)	Ramp Rate (Vitesse de rampe) (°C/s) [≭]						
Polymerase activation (Activation de la polymérase)	1	95° C	2 min	4,4						
Touch down cycling (Cyclage		95 °C	5 s	4,4						
Step down (Cyclage par essais : Incrément) -0,5° C/cycle	10	61°C – 56,5°C ^δ	30 s	2,2						
Quantification cycling (Cyclage par	40	95 °C	5 s	4,4						
(Acquisition/Détection)	40	52°C+	40 s	2,2						
Cooling (Refroidissement)	1	40°C	30 s	2,2						

[#]Vitesse de rampe par défaut (plaque 96 puits)

⁵ Step size (incrément) : -0,5°C/Cycle, Sec Target (cyble s): 56°C

* Analysis mode (Mode d'analyse) : Quantification, Acquisition mode (Mode d'acquisition) : Single (Simple)





Figure 13. Programme de thermocyclage – Activation de la polymérase

🗇 Light	Cycle	r® 480 S	W - User Defi	ned Work	flow for cob	as z 480														-		×
Instrum	ent:	54735	i / Not Conn	ected										Databa	ase: June20	20 (Res	earch)				/	Bache
Window	v:	New	Experimen	t								•		User:	Speed	x						
Experi-				Run P	rotocol					Data					R	un Note	s					5 D
ment	ļ	Setup- Detecti	on Format	SpeeD	x PlexPC	R				• Customi		Block Size	96	_	Plate ID		R	eaction	n Volume	20 🔹		Ľ₽
Subset Editor	•	Color C	Comp ID					Lot No			_		_	Test ID			_					\geq
\geq	17									Progra	ms											
Sample Editor			Program N	lame												C	ycles		Analysis	Mode		문
	26	ÐĽ	Polymera:	se act:	ivation											1		None			1	8-8
Analyci		×-	Quantifi	cation	cycling											40	-	Quan	tificati	Lon		A
Analysi][Cooling													1	-	None			-	(3)
Desert	Ĵ [\checkmark																				
Report											•											
\geq	ň ſ.		-						Polyme	rase activation	emp	erature Targ	jets									رلصا
Sum.			Target	(°C)	Acq	uisition Mode		Hold (hh:	:mm:ss)	Ramp Rate (C/s)	Acquisitio	ons (pe	er °C)	Sec Target	(°C) S	tep Siz	e (°C)	Step Del	ay (cycle	" `	~
		€	95	-	None		• (00:02:00	-	4.4	÷			÷	0	0		÷	0		3	\leftarrow
		\exists																				
		\equiv																				\otimes



LightCycl	cler® 480 SW - User Defined Workflow for cobasiz 4	u .	-	U X
strument:	t: 54735 / Not Connected		Database: June2020 (Research)	Rach
Vindow:	New Experiment		✓ User: Speedx	Luocu
Experi-	Run Protocol	Data	Run Notes	Ţ
ment	Detection Format SpeeDx PlexPCR	Customize	Block Size 96 Plate ID Reaction Volume 20 -	
Subset Editor	Color Comp ID	Lot No	Test ID	∥le)≡
$ \rightarrow $		Programs	i de la companya de l	
Sample	Program Name		Cycles Analysis Mode	문
Eultor	Polymerase activation		1 None	
	Touchdown cycling		10 None 40	
Analysis	Cooling		1 None V	(∻
\equiv				
Report				
		Touchdown cycling Tem	verature Targets	
Sum.	Target (°C) Acquisiti	on Mode Hold (hh:mm:ss) Ramp Rate (°C/s) Acquisitions (per °C) Sec Target (°C) Step Size (°C) Step Delay (cycles)	
		v 00:00:05 ÷ 4.4	÷ ÷ 0 ÷ 0 ÷ 0 ÷	IE)
	61 None	00:00:30 2.2	56 + 0.5 + 0	

Figure 15. Programme de thermocyclage – Cyclage par quantification

LightCycle	er® 480	SW - User Defined Work	flow for cobas z 480			_		-		-		×
Instrument:	5473	5 / Not Connected					Databa	se: June2020 (Research)			Racha
Window:	Nev	w Experiment				•	User:	Speedx				nocile
Experi-		Run P	rotocol		Data			Run N	otes			5D
ment	- Setup Detec	tion Format Speed	x PlexPCR		Customize	Block Size	96	Plate ID	Rea	action Volume 20	÷	
Subset Editor	Color	Comp ID		Lot No			Test ID					୲ୖ
					Programs							
Sample		Program Name							Cycles	Analysis Mode		
Editor	Ð	Polymerase act:	ivation						1 +	None	•	83
	¥,	Touchdown cycl:	ing						10	None		
Analysis	Θľ	Quantification	cycling						40	Quantification	- ·	(4)
\square	\cong	cooring							• •	None	I	U
Report	ƳJ											
Kepon												
	~			Quanti	fication cycling Temp	erature Targ	ets					(B)
Sum.		Target (°C)	Acquisition Mode	Hold (hh:mm:ss)	Ramp Rate ("C/s)	Acquisitio	ns (per °C)	Sec Target (°C)	Step Size	(°C) Step Delay (cy	cles)	
\square	Ð	95	None	· 00:00:05	÷4.4 ÷		÷	o ÷	0	÷ 0	÷	$\langle \rangle$
l l	\equiv	52	Single	00:00:40	2.2			0	0	÷ 0	-	
l	Θ											\odot
Í												\odot









> Start Run (Lancer la série)

Une fois le programme de cyclage terminé, exporter un fichier .IXO dans le logiciel d'analyse *ResistancePlus®* MG (z480).

Sélectionner Export (Exporter)

Enregistrer dans un emplacement facilement identifiable.

20.2 Colour Compensation (compensation de couleur) pour l'analyseur cobas z 480

REMARQUE : le kit *PlexPCR*[®] Colour Compensation (Compensation de couleur) (réf. 90001) doit être traité et appliqué pour l'analyse z480. Ce kit peut être fourni sur demande.

Pour une analyse avec le logiciel, le nom de l'échantillon des réactions de compensation de couleur doit être marqué comme indiqué dans le **Tableau 52**.

Une fois le programme de cyclage terminé, exporter un fichier .IXO dans le logiciel d'analyse *ResistancePlus®* MG (z480).

Sélectionner Export (Exporter)

Enregistrer dans un emplacement facilement identifiable sous le nom « SpeeDx PlexPCR »





Tableau 52.	Nom de l'échantillon	pour les réaction	ons de compensation	on de couleur	pour le lo	gicie
d'analyse						

Réactions											
	BLANC	Mélange 510	580 mix (Mélange 580)	610 mix (Mélange 610)	640 mix (Mélange 640)	660 mix (Mélange 660)					
Canal dominant	Eau	465-510	540-580	540-610	540-645	610-670					
Nom de l'échantillon	BLANC	465-510	540-580	540-610	540-645	610-670					

20.3 Interprétation des résultats

L'interprétation des données nécessite le logiciel d'analyse *ResistancePlus*[®] MG (z480). Le logiciel d'analyse peut être fourni sur demande. Contacter <u>tech@speedx.com.au</u> pour de plus amples informations.

Consulter la Section 24 pour obtenir les instructions d'utilisation du logiciel d'analyse ResistancePlus® MG (z480).





21 Annexe 3 : Applied Biosystems[®] 7500 Fast

Les informations suivantes sont basées sur le 7500 Software v2.3.

Le kit *ResistancePlus*[®] MG₍₅₅₀₎ contient les colorants pour le système Applied Biosystems[®] (ABI) 7500 Fast. Les étalonnages de coloration par défaut sont utilisés pour tous les canaux. Aucun étalonnage personnalisé n'est requis.

21.1 Programmation du système Applied Biosystems[®] 7500 Fast

Sélectionner Advanced Setup (Configuration avancée)

Dans Setup (Configuration) > ouvrir Experiment Properties (Propriétés de l'expérience) et sélectionner les options suivantes

Nommer l'expérience

Instrument > 7500 Fast (96 puits)

Type of experiment (Type d'expérience) > Quantitation - Standard Curve (Analyse quantitative - Courbe standard)

Reagents (Réactifs) > Other (Autre)

Ramp Speed (Vitesse de rampe) > Standard

Dans **Setup** (Configuration) > ouvrir **Plate Setup** (Configuration plaque)

Dans l'onglet Define Targets and Samples (Définir cibles et échantillons) >

Define Targets (Définir cibles) tel qu'indiqué ci-dessous (définir les couleurs au besoin)

Tableau 53. Define Targets (Définir cibles)								
Target Name (Nom de la cible)	Reporter (Rapporteur)	Désactiveur						
MgPa	FAM	None (Aucun)						
Mutation de l'ARNr 23S	JOE	None (Aucun)						
CI	TAMRA	None (Aucun)						

Pour permettre la détection automatisée de l'échantillon dans le logiciel d'analyse, assigner des étiquettes d'identification aux puits sur la plaque

Dans **Setup** (Configuration) > ouvrir **Plate Setup** (Configuration plaque)

Dans l'onglet Define Targets and Samples (Définir cibles et échantillons) >

Define Samples (Définir échantillons)

Modifier le **Sample Name** (Nom de l'échantillon) pour qu'il corresponde à l'étiquette d'identification définie dans le module de tests du logiciel d'analyse (voir la **Section 24.4**)

Les échantillons sont étiquetés sous la forme *Préfixe_Suffixe* (comme présenté dans le **Tableau 54** et la **Figure 17**) p. ex. Pa_MG

REMARQUE : les étiquettes d'identification des échantillons sont sensibles à la casse. L'étiquette d'identification doit correspondre exactement à celle assignée dans le fichier de série.





Tableau 54. Étiquettes d'identification d'échantillon pour le logiciel d'analyse									
Type d'échantillon	Préfixe (dans le logiciel d'analyse)	_Suffixe (dans le logiciel d'analyse)	Dénomination de l'échantillon (dans 7500 Fast)						
Échantillon classique	S	_MG	S_MG						
Contrôle négatif	Ν	_MG	N_MG						
Contrôle positif (MG, ARNr 23S de type mutant) (Pa)	Ра	_MG	Pa_MG						
Contrôle positif (MG, ARNr 23S de type sauvage) (Pb)	Pb	_MG	Pb_MG						

Figure 17. Éditeur d'échantillon - Assignation d'étiquettes d'identification aux puits

efine Samples			
Add New Sample	Add Saved Sample	Save Sample	Delete Sample
Sample Name			
Pb_MG			
S_MG			
Pa_MG			
N_MG			

Dans l'onglet Assign Targets and Samples (Assigner cibles et échantillons) >

Sélectionner les puits et assigner les cibles et les échantillons aux puits sélectionnés

Sélectionner Passive reference (Référence passive) > None (Aucune)

Dans Setup (Configuration) > ouvrir Run Method (Méthode de traitement)

Définir Reaction Volume Per Well (Volume de réaction par puits) > 20 μ L

Créer le programme suivant (présenté de manière plus détaillée dans Graphical View (Vue graphique) (Figure 18 et la Figure 19) et Tabular View (Vue tabulaire) (Figure 20) :

Tableau 55. Thermocycling Program (Programme de thermocyclage)										
Program name (Nom du programme)	Cycles	Target °C (Cible °C)	Hold (Temps d'arrêt)	Ramp [#] (Rampe)						
Polymerase activation (Activation de la polymérase)	1	95 °C	2 min	100 %						
Touch down cycling (Cyclage		95 °C	5 s	100 %						
Step down (Cyclage par essais : Incrément) -0,5° C/cycle ^δ	10	61°C – 56,5°C ^δ	30 s	100 %						
Quantification cycling (Cyclage	10	95°C	5 s	100 %						
Acquisition/Détection	40	52°C+	40 s	100 %						

≠ Vitesse de rampe par défaut

⁶ Enable AutoDelta (Activer AutoDelta) : -0,5°C/cycle

+Collect data on hold (Rassembler données en temps d'arrêt)







Figure 18. Méthode de traitement - Graphical View (Vue graphique)



AutoDelta Settings
AutoDelta Settings For Cycling Stage
AutoDelta Temperature: 0.50 🛓
Legal Δ Temperature Range: -6.33 to 4.32
AutoDelta Time: + 💌 00:00 🔦
Starting Cycle: 2
Save Setting Cancel



	Holding Stage	Cycling) Stage	Cycling	Stage
		Number of Cyr I Enable Starting Cyc	cles: 10 🗇 AutoDelta Ie: 2 🌩	Number of Cyc Enable Starting Cyc	des: 40 🗼 AutoDelta le: 2 📩
Ramp Rate (%):	100.0	100.0	100.0	100.0	100.0
Temperature (°C):	95.0	95.0	61.0	95.0	52.0
Time:	02:00	00:05	00:30	00:05	00:40 🜩
AutoDelta Temp:		+ • 0.00			
AutoDelta Time:		+ • 00:00	+ • 00:00		
Collect Data on Ramp:		, ,		щĨ	
Collect Data on Hold:	m.	m.	۳ ۱	Č	
	Step 1	Step 1	Step 2	Step 1	Step 2

Dans Setup (Configuration) > ouvrir Run Method (Méthode de traitement)

Sélectionner Start Run (Lancer la série)





21.2 Interprétation des résultats

L'interprétation des données nécessite le logiciel d'analyse *ResistancePlus*[®]MG (7500) analysis software. Le logiciel d'analyse peut être fourni sur demande. Contacter <u>tech@speedx.com.au</u> pour de plus amples informations.

Consulter la Section 24 pour obtenir les instructions d'utilisation du logiciel d'analyse ResistancePlus® MG (7500).





22 Annexe 4 : Applied Biosystems® 7500 Fast Dx

Les informations suivantes sont basées sur le logiciel SDS v. 1.4.1 pour le 7500 Fast Dx.

Le kit *ResistancePlus®* MG₍₅₅₀₎ contient les colorants pour le système Applied Biosystems® (ABI) 7500 Fast Dx. Les étalonnages de coloration par défaut sont utilisés pour tous les canaux. Aucun étalonnage personnalisé n'est requis.

22.1 Programmation du système Applied Biosystems[®] 7500 Fast Dx

Sélectionner Create New Document (Créer nouveau document)

Dans New Document Wizard (Assistant nouveau document) sélectionner les options suivantes pour renseigner les champs (Figure 21):

Assay (Test) > Standard Curve (Absolute Quantification) (Courbe standard (Quantification absolue))

Container (Contenant) > 96-Well Clear (96 puits vides transparent)

Template (Modèle) > Blank document (document vide)

Run mode (Mode série) > Standard 7500

Operator (Opérateur) > Saisir le nom de l'opérateur

Commenta (Commentaires) > Saisir tous les commentaires ou les notes supplémentaires pour le fichier de série

Plate Name (Nom de la plaque) > Donner un nom unique au fichier de série

Sélectionner Next (Suivant)

Assay:	Standard Curve (Absolute Quantitation))	-		
Container:	96-Well Clear		-		
Template:	Blank Document		•	Browse	
Run Mode:	Standard 7500		•		
Operator	,		_		
operator.	1				
Comments:	SDS v1.4.1				~
					\vee

Figure 21. Fenêtre New Document Wizard (Assistant nouveau document)

Dans Select Detectors (Sélectionner détecteurs) > sélectionner New Detector (Nouveau détecteur)

Définir les détecteurs comme indiqué ci-dessous (définir les couleurs au besoin) (indiqué dans le **Tableau 56** et la **Figure 22**)





Tableau 56. Définir détecteurs							
Détecteurs	Nom du détecteur	Colorant rapporteur	Désactiveur				
Détecteur 1	MgPa	FAM	None (Aucun)				
Détecteur 2	Mutation de l'ARNr 23S	JOE	None (Aucun)				
Détecteur 3	CI	TAMRA	None (Aucun)				

Sélectionner OK

Figure 22. Fenêtre New Detector (nouveau détecteur)

New Detector		×
Name:		
Description:		
Reporter Dye:	FAM	
Quencher Dye:	(none)	
Color:		
Notes:		
Create Ar	other OK Cancel	

Sélectionner les détecteurs (Figure 23)

Sélectionner les détecteurs et Add (Ajouter) au document

Sélectionner Passive reference (Référence passive) > None (Aucune)

New Document Wiza Select Detectors Select the detectors	rd vou will be using	in the docume	ent.			×
Find:			-	Pa	ssive Reference: (none)	-
Detector Name	Description	Reporter	Quencher		Detectors in Document	
MgPa		FAM	(none)		MgPa	
23S rRNA mutation		JOE	(none)	Add ss	235 rRNA mutation	
С		TAMRA	(none)	nuu >>		
				<< Remove		
<			>			
					,	
New Detector						
			<	Back Nex	t > Finish	Cancel

Figure 23. Fenêtre Select Detectors (Sélectionner détecteurs)

Dans Set up sample plate (configuration de la plaque d'échantillons) >

Sélectionner les puits et assigner 4 détecteurs aux puits sélectionnés





- MgPa
- Mutation de l'ARNr 23S
- CI

Sélectionner Next (Suivant)

Pour permettre la détection automatisée de l'échantillon dans le logiciel d'analyse, assigner des étiquettes d'identification aux puits sur la plaque

Dans l'onglet Setup > Plate (Configuration > Plaque)

Faire un clic droit sur le puits et sélectionner Well Inspector (Inspecteur de puits) > Renseigner Sample Name (Nom de l'échantillon)

Modifier le **Sample Name** (Nom de l'échantillon) pour qu'il corresponde à l'étiquette d'identification définie dans le module de tests du logiciel d'analyse (voir la **Section 24.4**)

Les échantillons sont étiquettés sous la forme *Préfixe_Suffixe* (comme présenté dansle **Tableau 57** et la **Figure 24**) p. ex. Pb_MG

REMARQUE : les étiquettes d'identification des échantillons sont sensibles à la casse. L'étiquette d'identification doit correspondre exactement à celle assignée dans le fichier de série.

Tableau 57. Étiquettes d'identification d'échantillon pour le logiciel d'analyse						
Type d'échantillon	Préfixe_ (dans le logiciel d'analyse)	_Suffixe (dans le logiciel d'analyse)	Dénomination de l'échantillon (dans 7500 Fast Dx)			
Échantillon classique	S	_MG	S_MG			
Contrôle négatif	Ν	_MG	N_MG			
Contrôle positif (MG, ARNr 23S de type mutant) (Pa)	Ра	_MG	Pa_MG			
Contrôle positif (MG, ARNr 23S de type sauvage) (Pb)	Pb	_MG	Pb_MG			





Figure 24. Vue Setup plate (Configuration de la plaque) - Assignation des étiquettes d'identification aux puits



Sélectionner Next (Suivant)

Dans l'onglet Instrument

Dans la zone Settings (Paramètres)

Pour Sample Volume (µL) (Volume d'échantillon (µL)) : saisir 20 µL

Créer le protocole suivant de cycleur thermique (Tableau 58 Figure 25 et Figure 26)

Tableau 58. Protocole de cycleur thermique							
Program name (Nom du programme)	Cycles	Target °C (Cible °C)	Hold (Temps d'arrêt)	Ramp (Rampe) [≠]			
Polymerase activation (Activation de la polymérase)	1	95°C	2 min	100 %			
Touch down cycling (Cyclage		95°C	5 s	100 %			
Step down (Cyclage par essais : Incrément) -0,5°C/cycle ⁵	10	61°C – 56,5°C ^ŏ	30 s	100 %			
Quantification cycling (Cyclage par	40	95°C	5 s	100 %			
(Acquisition/Détection)	40	52°C+	40 s	100 %			

≠ Vitesse de rampe par défaut

⁶ Enable AutoDelta (Activer AutoDelta) : -0,5° C/cycle

+Collect data on hold (Rassembler données en temps d'arrêt)





Stage 1 Stage	Increment Ramp Rate	Stage 3		
Reps: 1 Reps: 1	10 35.0 0:05 (61.0 0:30	Reps: [40]	
Add Cycle Add	Hold Add Step	Add Dissociation Stage	Delete	Help
Sample Volume (µl	_): 20			
Bun Mode		· · · · · · · · · · · · · · · · · · ·		

Figure 25. Protocole de cycleur thermique - Profil thermique



Figure 26. Protocole de cycleur thermique - Incrément automatique

22.2 Interprétation des résultats

L'interprétation des données nécessite le logiciel d'analyse *ResistancePlus®* MG (7500) analysis software. Le logiciel d'analyse peut être fourni sur demande. Contacter tech@speedx.com.au pour de plus amples informations.

Consulter la Section 24 pour obtenir les instructions d'utilisation du logiciel d'analyse ResistancePlus® MG (7500).





23 Annexe 5 : Systèmes de PCR en temps réel Bio-Rad CFX96™ Dx et CFX96 Touch™

Les informations suivantes sont basées sur le système Bio-Rad CFX Manager v. 3.1

Le kit *ResistancePlus*[®] MG₍₆₇₅₎ contient les colorants pour le système CFX96 Real-Time PCR System. Les étalonnages de coloration par défaut sont utilisés pour tous les canaux. Aucun étalonnage personnalisé n'est requis.

23.1 Programmation des systèmes de PCR en temps réel CFX96™ Dx et CFX96 Touch™

Sélectionner View (Afficher) > ouvrir Run Setup (Configuration série)

Dans Run Setup (Configuration série) > onglet Protocol (Protocole) > sélectionner Create New (Créer)

Dans Protocol Editor (Éditeur de protocole) (voir la Figure 27):

Régler Sample Volume (Volume d'échantillon) > 20 µL

Créer le programme de thermocyclage suivant et l'enregistrer sous « **SpeeDx PCR** ». Ce protocole peut être sélectionné pour de futures séries.

Pour le Touch down cycling (Cyclage Touchdown), sélectionner l'étape 3 puis **Step options**(Options d'étape) > Increment (Incrément) : -0,5 °C/cycle (présenté plus en détail dans la **Figure 28**).

Tableau 59. Thermocycling Program (Programme de thermocyclage)							
Program name (Nom du programme)	Cycles	Target °C (Cible °C)	Hold (Temps d'arrêt)				
Polymerase activation (Activation de la polymérase)	1	95 °C	2 min				
Touch down cycling (Cyclage		95°C	5 s				
Step down (Cyclage par essais : Incrément) -0,5 °C/cycle	10	61°C – 56,5°C ^δ	30 s				
Quantification cycling (Cyclage	10	95°C	5 s				
par quantification)": Acquisition/Détection	40	52°C ⁺	40 s				

⁶ **Step options** (Options d'étape) > Increment (Incrément) : -0,5° C/cycle

⁺ Add Plate Read to Step (Ajouter lecture de plaque à l'étape)





Figure 27. Thermocycling Protocol (Prototype de thermocyclage) – Graphical view (Vue graphique)

Protocol Editor - New							
File Settings Tools							
📑 🚔 Insert Step After	▼ Sample Volur	ne 20 µl Est. R	un Time 01:26:00 ?				
1 2	3 4	5	6 7				
95.0 C 95.0 C 2.00 0:05	61.0 C G 0:30 O T O	95.0 C 0:05 0	2.0 C G E ^{.40} T D O				
+	2 9 x	<	39 x				
Insert Step Insert Gradient Insert GOTO Insert Melt Curve Insert Melt Curve Insert Melt Curve Insert Step Options Insert Step Options Insert Step	1 95.0 C fo → 2 95.0 C fo 3 610 C fo Decrement 4 GOTO 2 → 5 95.0 C fo 6 52.0 C fo + Plate Reac 7 GOTO 5 END	r 2:00 r 0:05 r 0:30 emperature by -0.5 , 9 more times r 0:40 , 39 more times	C per cycle				
			OK Cancel				

Figure 28. Step Options (Options d'étape)

Step Options				×
Step 3				Gradient
		ead	A	
Temperature	61.0	°C	В	
Gradient		°C	С	
Increment	-0.5	°C/cycle	D	
Ramp Rate		°C/sec	E	
Time	0:30	sec/cycle	F	
Extend		sec/cycle	G	
	Beep	1	Н	
			ОК	Cancel

Dans l'onglet **Run Setup > Plate** (Configuration série > Plaque)

Sélectionner Create New (Créer)

Sélectionner Settings (Paramètres) > Plate Type (Type de plaque) > sélectionner BR Clear (BR transparente)

Régler Scan mode (Mode balayage) > All channels (Tous les canaux)

Select Fluorophores (Sélectionner Fluorophores) > FAM, HEX, Quasar 705 (voir Tableau 60)

Sélectionner les puits contenant des échantillons et assigner le **Sample Type** (Type d'échantillon) puis cocher **Load** (Charger) pour les fluorophores (FAM, HEX, Quasar 705)

Enregistrer la plaque





Tableau 60. Canaux pour les cibles <i>ResistancePlus®</i> MG ₍₆₇₅₎			
Détection de <i>M.</i> genitalium (MgPa)	Mutation de l'ARNr 23S	Internal Control (Contrôle interne)	
FAM	HEX	Quasar 705	

Dans Run Setup (Configuration série) > onglet Start Run (Lancer la série)

Sélectionner le bloc

Start Run (Lancer la série)

Pour permettre la détection automatisée de l'échantillon dans le logiciel d'analyse, assigner des étiquettes d'identification aux puits sur la plaque

Ouvrir le module Plate Setup (Configuration plaque)

Sélectionner le puits

Modifier le **Sample Name** (Nom de l'échantillon) pour qu'il corresponde à l'étiquette d'identification définie dans le module de tests du logiciel d'analyse (voir la **Section 24.4**)

Ls échantillons sont étiquettés sous la forme *Préfixe_Suffixe* (comme présenté dans le **Tableau 61** et la **Figure 29**) p. ex. Pb_MG

REMARQUE : les étiquettes d'identification des échantillons sont sensibles à la casse. L'étiquette d'identification doit correspondre exactement à celle assignée dans le fichier de série.

Tableau 61. Étiquettes d'identification d'échantillon pour le logiciel d'analyse			
Type d'échantillon	Préfixe_ (dans le logiciel d'analyse)	Suffixe (dans le logiciel d'analyse)	Dénomination de l'échantillon (dans CFX96)
Échantillon classique	S	_MG	S_MG
Contrôle négatif	Ν	_MG	N_MG
Contrôle positif (MG, ARNr 23S de type mutant) (Pa)	Ра	_MG	Pa_MG
Contrôle positif (MG, ARNr 23S de type sauvage) (Pb)	Pb	_MG	Pb_MG

Figure 29. Sample Editor (Éditeur d'échantillons) – Assignation d'étiquettes d'identification aux puits

	1	2	3
А	Unk FAM HEX Ouasar 705 S MG		
В	Unk FAM HEX Ouasar 705 Pa MG		
с	Unk FAM HEX Ouasar 705 Pb MG		
D	Unk FAM HEX Ouasar 705 N. MG		





23.2 Interprétation des résultats

L'interprétation des données nécessite le logiciel d'analyse *ResistancePlus®* MG (CFX). Le logiciel d'analyse peut être fourni sur demande. Contacter <u>tech@speedx.com.au</u> pour de plus amples informations.

Consulter la Section 24 pour obtenir les instructions d'utilisation du logiciel d'analyse ResistancePlus® MG (CFX) .





24 Annexe A : interprétation des résultats

L'interprétation des données nécessite le logiciel d'analyse **Resistance**Plus[®] MG. Même si les amorces **Plex**Prime[®] offrent une meilleure spécificité que d'autre amorces spécifiques d'allèle, certaines amplifications non spécifiques du test du test de mutant de l'ARNr 23S peuvent être identifiables dans des échantillons à concentrations élevées de l'ARNr 23S de type sauvage de *M. genitalium*. Le logiciel d'analyse **Resistance**Plus[®] MG automatise l'interprétation des données des résultats d'amplification et rationalise le flux de travail.

Voir le **Tableau 62** pour le logiciel d'analyse approprié pour chaque instrument de PCR en temps réel. Le logiciel d'analyse peut être fourni sur demande. Contacter <u>tech@speedx.com.au</u> pour de plus amples informations.

Tableau 62. Logiciel d'analyse <i>ResistancePlus</i> ® MG			
Réf.	Logiciel d'analyse*	Instrument de PCR en temps réel	
99003	Resistance Plus [®] MG (LC480)	LC480 II	
99018	<i>ResistancePlus[®]</i> MG (z480)	z 480	
99002	Resistance Plus [®] MG (7500)	7500 Fast et 7500 Fast Dx	
99008	<i>ResistancePlus[®]</i> MG (CFX)	CFX96 Dx et CFX96 Touch	
99023	REFLEX ResistancePlus® MG (LC480)	LC480 II	
99024	REFLEX ResistancePlus® MG (z480)	z 480	
99026	REFLEX ResistancePlus® MG (7500)	7500 Fast et 7500 Fast Dx	
99025	REFLEX ResistancePlus® MG (CFX)	CFX96 Dx et CFX96 Touch	

*Consulter le site Web <u>https://plexpcr.com/products/sexually-transmitted-infections/resistanceplus-mg/#resources</u> pour s'assurer d'utiliser la toute dernière version du logiciel d'analyse.

REMARQUE : observer les pratiques de laboratoire standard pour le transfert, le signalement et le stockage des résultats afin de prévenir la perte des informations relatives aux échantillons.

24.1 Plateforme FastFinder - Configuration minimale requise

Le logiciel d'analyse est disponible sur la plateforme FastFinder (https://www.ugentec.com/fastfinder/analysis). La configuration minimale requise pour l'installation de la plateforme FastFinder est mentionnée ci-dessous.

Configuration matérielle

PC (les ordinateurs Mac ne sont pas compatibles)

Processeur : 2 GHz, 2 Go de RAM

Espace disque : 10 Go

Connexion Internet par câble ou DSL, proxy non compatible

Résolution minimale de l'écran : 1366 x 768 pixels

Système d'exploitation client compatible

Système d'exploitation	Éditions compatibles
Windows 10	32 bits et 64 bits
Windows 8.1	32 bits, 64 bits et ARM
Windows 8	32 bits, 64 bits et ARM
Windows 7	SP1 32 bits et 64 bits
Windows Vista SP2	32 bits et 64 bits

Navigateurs compatibles





Les utilisateurs du compte administrateur FastFinder ont besoin de l'un des navigateurs suivants :

- Internet Explorer 11 ou plus récent
- Microsoft Edge 25 ou plus récent
- Firefox 45 ou plus récent
- Google Chrome 47 ou plus récent.

Il peut fonctionner sur des versions plus anciennes, mais celles-ci ne sont pas officiellement compatibles.

Configuration logicielle

Pour utiliser le logiciel FastFinder, il faut au moins disposer de .NET 4.6.1. Pour plus d'informations sur le cadre .NET, veuillez consulter les pages d'aide de Microsoft Windows.

Paramètres de l'antivirus

Votre logiciel antivirus peut mettre le programme d'installation de FastFinder (UgenTec.FastFinder.Installer.exe) en quarantaine. Veuillez inclure ce fichier dans la liste blanche de l'antivirus. Exemple : Symantec (Risque : WS.Reputation.1)

Configuration du pare-feu

Les connexions https doivent être autorisées vers *.fastfinderplatform.com:443

Pour des instructions détaillées supplémentaires sur la plate-forme **FastFinder**, consulter **FastFinder Instructions For Use** (mode d'emploi de FastFinder) disponible dans le menu **Help** (Aide).

Pour accéder au menu Help (Aide)

- Ouvrir le menu Start (Démarrer)
- Sélectionner ou la section Help (Aide) et sélectionner ensuite Product Documentation (Documentation du produit) puis Instructions For Use (Mode d'emploi).

NEED HELP? In the help section you can consult the user manual, go to the admin and contact us on	Product documentation	Help centre	Go to admin
tech@speedx.com.au. Help section	Terms of use	About	

24.2 Device set up (Configuration du dispositif) (nouvel utilisateur ou nouveau dispositif)

Consulter **FastFinder Instructions For Use** (mode d'emploi de FastFinder) pour obtenir des instructions détaillées relatives à la configuration du dispositif, accessible depuis le menu **Help** (Aide)

Ouvrir FastFinder

- Sélectionner Devices (Dispositifs) dans la barre des tâches
 - > Sélectionner **Add** (Ajouter)
 - > Sélectionner un fichier (fichier de série) pour le nouveau dispositif
- Pour changer le Current directory (Répertoire actuel)
 - > Sélectionner Browse (Naviguer) et sélectionner le dossier contenant les fichiers utiles
 - > Sélectionner Next (Suivant)
- Ajouter les informations sur le dispositif
 - Sélectionner Save (Enregistrer)

24.2.1 Compensation de couleur

REMARQUE : consulter la Section 19.2 et Section 20.2 pour plus d'informations sur la Colour Compensation (Compensation de couleur)





Un fichier de compensation de couleur doit être ajouté aux dispositifs LC480 II et z 480

- Sélectionner le dispositif LC480 II ou le dispositif z 480
 - +Dans la section Colour Compensation (Compensation de couleur), sélectionner >
 - Sélectionner le fichier de compensation de couleur pour le dispositif dans le répertoire >
- Pour changer le Current directory (Répertoire actuel)
 - Sélectionner Browse (Naviguer) et sélectionner le dossier contenant les fichiers utiles >
- Sélectionner Next (Suivant)
- Sélectionner ResistancePlus MG (LC480), ResistancePlus MG (z480), REFLEX ResistancePlus MG (LC480), ou REFLEX ResistancePlus MG (z480) dans la liste, pour établir un lien avec ce test
- Sélectionner Save (Enregistrer)

De nouveaux fichiers ou des fichiers complémentaires de compensation de couleur peuvent être ajoutés à un dispositif ou désactivés au besoin.

Dans la section Compensation de couleur du dispositif

- En regard du nom du fichier, sélectionner Active
- Sélectionner

pour activer ou désactiver un fichier de compensation de couleur pour un test

Sélectionner Save (Enregistrer)

24.3 Module de test (nouvel utilisateur)

Consulter FastFinder Instrutions for use (Mode d'emploi de FastFinder) pour obtenir des instructions détaillées relatives à la configuration des tests, accessible à partir du menu Help (Aide)

Ouvrir FastFinder

- Sélectionner Assays (Tests) dans la barre des tâches
- Sélectionner Add (Ajouter)
 - Pour le LC480 II > Sélectionner ResistancePlus MG (LC480) dans la liste >
 - > Pour le z 480 > Sélectionner ResistancePlus MG (z480) dans la liste
 - Pour le 7500 Fast et 7500 Fast Dx > Sélectionner ResistancePlus MG (7500) dans la liste >
 - Pour le CFX96 Dx et CFX96 Touch > Sélectionner ResistancePlus MG (CFX) dans la liste >

Pour l'analyse des échantillons extraits sans CI sur le LC480 (flux de travail reflex) > sélectionner REFLEX ResistancePlus® MG (LC480) dans la liste

Pour l'analyse des échantillons extraits sans CI sur le z 480 (flux de travail reflex) > sélectionner REFLEX ResistancePlus® MG (z480) dans la liste

Pour l'analyse des échantillons extraits sans CI sur le z 480 (flux de travail reflex) > sélectionner REFLEX ResistancePlus® MG (7500) dans la liste

Pour l'analyse des échantillons extraits sans CI sur le LC480 (flux de travail reflex) > sélectionner REFLEX ResistancePlus® MG (CFX) dans la liste

Sélectionner Add (Ajouter)

Pour activer ou désactiver les versions du module de test

- Dans General assay information (Information générale relative au test)






- Sélectionner Versions
- > Sélectionner Active pour activer ou désactiver la version du test
- > Sélectionner **Save** (Enregistrer)

24.4 Dénomination des échantillons

Des étiquettes d'identification d'échantillon peuvent être assignées à un module de test pour automatiser la détection des puits et des types d'échantillon pour l'analyse.

Sélectionner Assays (Tests) dans la barre des tâches

- Dans les étiquettes d'identification du type d'échantillon (préfixe), sélectionner

> Sélectionner ¹ pour ajouter une étiquette d'identification afin de définir les étiquettes d'identification de types d'échantillon (contrôle négatif, contrôle(s) positif(s) et échantillon classique)

- > Ajouter le mot, l'acronyme ou la lettre souhaité dans le champ de texte
- > Sélectionner Save (Enregistrer)

Dans les étiquettes d'identification de la définition du mélange (suffixe), sélectionner

- > Sélectionner pour ajouter une étiquette d'identification et définir le nom du mélange
- > Ajouter le mot, l'acronyme ou la lettre souhaité dans le champ de texte
- > Sélectionner **Save** (Enregistrer)
- Dans le logiciel de l'appareil (avant ou après que la série soit terminée), assigner la même étiquette d'identification aux puits appropriés

> Pour le LC480 II consulter la Section 19 ou pour obtenir des instructions sur la programmation des étiquettes d'identification d'échantillon dans le fichier de série

> Pour le z 480, consulter la Section 20 pour obtenir des instructions sur la programmation des étiquettes d'identification d'échantillon dans le fichier de série

> Pour le **7500 Fast**, consulter la **Section 21** pour obtenir des instructions sur la programmation des étiquettes d'identification d'échantillon dans le fichier de série

> Pour le **7500 Fast Dx** consulter la **Section 22** pour obtenir des instructions sur la programmation des étiquettes d'identification d'échantillon dans le fichier de série

> Pour le CFX96 Dx et CFX96 Touch consulter la Section 23 pour obtenir des instructions sur la programmation des étiquettes d'identification d'échantillon dans le fichier de série

REMARQUE : les étiquettes d'identification des échantillons sont sensibles à la casse. L'étiquette d'identification doit correspondre exactement à celle assignée dans le fichier de série.

24.5 Ajouter des numéros de lot de mélange

Des numéros de lot de mélange peuvent être assignés au test pour permettre la traçabilité des réactifs

- Sélectionner Assays (Tests) dans la barre des tâches

> Dans Assay Lot (Lot de test) : sélectionner pour ajouter un nouveau lot ou sélectionner pour modifier un lot existant

> Une fois ajoutés, les numéros de lot sont disponibles dans le module d'analyse

Show only active lots

Sélectionner Show all lots

pour afficher tous les numéros de lot ou seulement les numéros de lot actifs.

24.6 Analyse

Sélectionner Analyses (Analyses) dans la barre des tâches pour démarrer une nouvelle analyse





1 Select datafile

Rechercher le fichier à télécharger pour l'analyse depuis un répertoire en particulier

- Pour changer le **Current directory** (Répertoire actuel)
 - > Sélectionner Browse (Naviguer) et sélectionner le dossier contenant les fichiers utiles
 - Sélectionner run (data) file (traiter le fichier [de données]) dans la liste
 - > Sélectionner Next step (Étape suivante)

2 Assign assay(s)

Assigner manuellement à la plaque les informations relatives au test si la dénomination des échantillons n'a pas été configurée dans le module de tests

- Pour le LC480 II > Sélectionner ResistancePlus MG (LC480)
- Pour le z 480 > Sélectionner ResistancePlus MG (z480)
- Pour 7500 Fast et 7500 Fast Dx > sélectionner ResistancePlus MG (7500)
- Pour CFX96 Dx et CFX96 Touch > Sélectionner ResistancePlus MG (CFX)
- Pour l'analyse des échantillons extraits sans CI sur le LC480 > sélectionner REFLEX ResistancePlus®MG (LC480)
- Pour l'analyse des échantillons extraits sans CI sur le z 480 > sélectionner REFLEX ResistancePlus®MG (z480)
- Pour l'analyse des échantillons extraits sans CI sur le 7500 Fast et le 7500 Fast Dx > SélectionnerREFLEX ResistancePlus[®] MG (7500)
- Pour l'analyse des échantillons extraits sans CI sur le CFX96 Dx et le CFX96 Touch > Sélectionner REFLEX ResistancePlus[®] MG (CFX)
- Sélectionner les puits et les assigner en tant que :
 - > Échantillon classique (S)
 - > Contrôle négatif (N)

Sélectionner

- > Contrôle positif (MG, ARNr 23S de type mutant) (Pa)
- > Contrôle positif (MG, ARNr 23S de type sauvage) (Pb)
- Sélectionner Next step (Étape suivante)

Pour enregistrer la disposition de la plaque comme modèle pour des utilisations futures

Sélectionner les puits et assigner des types d'échantillons



pour enregistrer le modèle

- Indiquer le nom de modèle pour les utilisations futures
 - > Sélectionner Save (Enregistrer)

Pour charger un modèle de plaque précédemment enregistré

- Sélectionner

>



pour charger un modèle de plaque

- > Sélectionner le modèle dans le menu déroulant
- > Cocher la case pour charger les types d'échantillons spécifiés dans le modèle de plaque
- Sélectionner Load (Charger)







- Pour le LC480 II > Sélectionner ResistancePlus MG (LC480)
 - > Sélectionner le fichier de compensation de couleur approprié dans le menu déroulant
 - > Sélectionner le Assay Lot (Lot de tests) dans le menu déroulant
 - > Sélectionner **Analyse** (Analyser)
- Pour le z 480 > Sélectionner ResistancePlus MG (z480)
 - > Sélectionner le fichier de compensation de couleur approprié dans le menu déroulant
 - > Sélectionner le Assay Lot (Lot de tests) dans le menu déroulant
 - > Sélectionner Analyse (Analyser)
- Pour 7500 Fast et 7500 Fast Dx > sélectionner ResistancePlus MG (7500)
 - > Sélectionner le Assay Lot (Lot de tests) dans le menu déroulant
 - > Sélectionner Analyse (Analyser)
- Pour CFX96 Dx et CFX96 Touch > Sélectionner ResistancePlus MG (CFX)
 - > Sélectionner le Assay Lot (Lot de tests) dans le menu déroulant
 - > Sélectionner Analyse (Analyser)
- Pour les échantillons extraits sans CI (flux de travail reflex) sur le LC480 II > sélectionner REFLEX ResistancePlus MG (LC480)
 - > Sélectionner le fichier de compensation de couleur approprié dans le menu déroulant
 - > Sélectionner le Assay Lot (Lot de tests) dans le menu déroulant
 - > Sélectionner Analyse (Analyser)
- Pour les échantillons extraits sans CI (flux de travail reflex) sur le z 480 > sélectionner REFLEX ResistancePlus MG (z480)
 - > Sélectionner le fichier de compensation de couleur approprié dans le menu déroulant
 - > Sélectionner le Assay Lot (Lot de tests) dans le menu déroulant
 - > Sélectionner Analyse (Analyser)
- Pour les échantillons extraits sans CI (flux de travail reflex) sur le 7500 Fast et le 7500 Fast Dx > Sélectionner REFLEX ResistancePlus MG (7500)
 - > Sélectionner le Assay Lot (Lot de tests) dans le menu déroulant
 - > Sélectionner Analyse (Analyser)
- Pour les échantillons extraits sans CI (flux de travail reflex) sur le CFX96 Dx et le CFX96 Touch > Sélectionner REFLEX ResistancePlus MG (CFX)
 - > Sélectionner le Assay Lot (Lot de tests) dans le menu déroulant
 - > Sélectionner Analyse (Analyser)

24.7 Résultats

Consulter le Tableau 63 pour obtenir un résumé des résultats possibles d'échantillon signalés.

REMARQUE : il est fortement recommandé de confirmer les courbes d'amplification pour tous les échantillons positifs.

Pour corriger tout résultat incertain





- Sélectionner l'onglet Resolve (Corriger)
- Sélectionner un échantillon à corriger
- Inspecter les courbes d'amplification pour les résultats incertains
 - > Sélectionner (Ref) pour tracer une courbe de référence sur le graphe
 - > Sélectionner (P) pour tracer un contrôle positif sur le graphe
 - > Sélectionner N pour tracer un contrôle négatif sur le graphe
 - > Sélectionner 👽 pour confirmer le résultat suggéré ou sélectionner 🔽 une autre option
- Confirmer comme Negative (Négatif) ou Inconclusive (Non concluant) et ajouter des commentaires

REMARQUE : pour les échantillons non concluants, effectuer une nouvelle extraction et un nouveau test unique. Si l'échantillon n'est toujours pas concluant, prélever un nouvel échantillon pour effectuer un nouveau test.

Pour finaliser l'analyse et éviter d'autres modifications par l'utilisateur

- > Sélectionner Authorise Analysis (Autoriser l'analyse)
- > Sélectionner Yes (Oui) pour confirmer
- Pour rejeter l'analyse ou la redémarrer
 - > Sélectionner Restart Analysis (Redémarrer l'analyse) ou Reject Analysis (Rejeter l'analyse)
 - > Sélectionner une des options pour confirmer

24.8 Courbe de référence

Une courbe de référence peut être enregistrée et utilisée pour comparer les échantillons d'une même plaque ou de plaques différentes

- Sélectionner l'échantillon désiré dans le menu Well Details (Détails du puits) ou dans le menu Target Details (Détails de la cible)
- Dans le menu du graphe d'amplification > sélectionner
 - > Sélectionner la case à cocher du canal désiré et ajouter une étiquette
 - > Sélectionner Save (Enregistrer) pour ajouter le signal comme courbe de référence

Cette courbe de référence s'affiche alors en lien avec le test dans le menu Tests et peut être désactivée à tout moment.





24.9 Aperçu des résultats

T d	Tableau 63. Interprétation des résultats par le logiciel d'analyse <i>ResistancePlus®</i> MG (onglet Results Overview (Aperçu des résultats))									
	Puits	Nom	Test	Résultat	Valeurs de Cq^	Résultats généraux				
	A1	Échantillon 1	ResistancePlus MG	Négatif	CANAL C : 25.31	Échantillon 1 - Négatif M. genitalium non détecté, Cl valide				
	A2	Échantillon 2	ResistancePlus MG	Positif	CANAL A : 13.35 CANAL B : 24.22 CANAL C : 24.36	Échantillon 2 - Positif M. genitalium détecté, Mutation de l'ARNr 23S non détectée				
	A3	Échantillon 3	ResistancePlus MG	Positif	CANAL A : 23.32 CANAL B : 31.64	Échantillon 3 - Positif M. genitalium détecté, Mutation de l'ARNr 23S non détectée				
	A4	Échantillon 4	ResistancePlus MG	Positif	CANAL A : 21.32 CANAL B : 23.22 CANAL C : 24.30	Échantillon 4 - Positif M. genitalium, mutation de l'ARNr 23S détectée				
	A5	Échantillon 5	ResistancePlus MG	Positif	CANAL A : 23.16 CANAL C : 24.31	Échantillon 5 - Positif M. genitalium, mutation de l'ARNr 23S détectée				
	A6	Échantillon 6	ResistancePlus MG	Non valide	CANAL C : 35.02	Échantillon 6 - Non valide Cl non valide, refaire le test ¹				
()	A7	Échantillon 7 (Signalé pour correction)	ResistancePlus MG	Positif	CANAL A : 26.27 CANAL B : 28.11 ² CANAL C : 28.92	Échantillon 7 - Positif ² M. genitalium, mutation de l'ARNr 23S détectée				
•	A7	Échantillon 7 (Corriger sur non concluant)	ResistancePlus MG	Non valide	CANAL A : 26.27 CANAL C : 28.92	Échantillon 7 - Non valide ³ Résultat non concluant, refaire le test ¹				
	B2	Pa (Contrôle positif pour type mutant)	ResistancePlus MG	Positif	CANAL A : 25.01 CANAL B : 24.23	Pa - Positif Contrôle positif valide				
	В3	Pb (Contrôle positif pour type sauvage)	ResistancePlus MG	Positif	CANAL A : 25.90	Pb - Positif Contrôle positif valide				
	B4	N (Contrôle négatif)	ResistancePlus MG	Négatif	CANAL C : 26.25	N - Négatif Contrôle négatif valide				

^ Consulter le Tableau 12 pour les noms de canal des différents instruments

¹ Pour les échantillons ayant un CI non valide et ceux non concluants, refaire l'extraction et le test

² Un échantillon avec un Cq incertain est signalé pour correction par ()

³ Un échantillon considéré non concluant est signalé par 📀

24.10 Exporter des résultats

- Pour exporter des résultats

> Sélectionner Exports (Exportations) dans la barre des tâches

> Exporter un ou plusieurs types de rapport suivants : Cq values list (CSV) [Liste de valeurs de Cq (CSV)], Results (CSV) [Résultats (CSV)], Generic Amplification CSV [Amplification générique (CSV)] ou le fichier LIS-integration (Intégration LIS).

- > Sélectionner Exports (Exportations)
- Pour télécharger les exportations
 - > Sélectionner Reports (Rapports) dans la barre des tâches
 - > Sélectionner les fichiers et enregistrer
- Sinon exporter un rapport personnalisé





- > Exporter Amplification Curve Analysis (PDF) (Analyse de la courbe d'amplification [PDF])
- > Sélectionner les informations incluses souhaitées (graphes, piste d'audit, aperçu des résultats)
- > Sélectionner les paramètres de rapport souhaités pour personnaliser l'ordre des échantillons
- Sélectionner Exports (Exportations)
 - > Ouvrir dans Report Viewer (Visionneuse de rapport) pour visualiser, enregistrer et imprimer

24.11 Exemple de graphes pour contrôle

Les exemples suivants montrent les courbes d'amplification (courbes d'amplification corrigées en fonction des valeurs de référence) et l'aperçu des résultats du logiciel d'analyse **ResistancePlus MG (7500)** pour les différents types d'échantillons de contrôle.

24.11.1 M. genitalium, contrôle pour mutation de l'ARNr 23S (Pa)



CANAL A CANAL B CANAL C

Puits	Nom	Test	Résultat	Valeurs de Cq	Résultats généraux
B1	Ра	ResistancePlus MG	Positif	CANAL A : 26.36 CANAL C : 27.38	Pa - Positif Contrôle positif valide

24.11.2 <u>M. genitalium, contrôle ARNr 23S de type sauvage (Pb)</u>



CANAL A CANAL B CANAL C

Puits	Nom	Test	Résultat	Valeurs de Cq	Résultats généraux
D12	Pb	ResistancePlus MG	Positif	CANAL A : 24.30 CANAL B : 34.29	Pb - Positif Contrôle positif valide





24.11.3 <u>M. genitalium, contrôle négatif (N) (échantillon négatif)</u>



CANAL A CANAL B CANAL C

Puits	Nom	Test	Résultat	Valeurs de Cq	Résultats généraux
D12	N	ResistancePlus MG	Négatif	CANAL C : 27.65	N - Négatif Contrôle négatif valide

24.12 Exemples

Les exemples suivants montrent les courbes d'amplification (courbes d'amplification corrigées en fonction des valeurs de référence) et l'aperçu des résultats du logiciel d'analyse **ResistancePlus MG (7500)** pour les différents échantillons.

24.12.1 Exemple 1. Échantillon M. genitalium, échantillon ARNr 23S de type sauvage avec un nombre faible de copies



CANAL A CANAL B CANAL C

Puits	Nom	Test	Résultat	Valeurs de Cq	Résultats généraux
D2	Échantillon 12	ResistancePlus MG	Positif	CANAL A : 16.34 CANAL B : 26.59 CANAL C : 26.00	Échantillon 12 - Positif M. genitalium détecté, Mutation de l'ARNr 23S non détectée





24.12.2 Exemple 2. Échantillon M. genitalium, échantillon ARNr 23S de type sauvage avec un nombre faible de copies



CANAL A CANAL B CANAL C

Puits	Nom	Test	Résultat	Valeurs de Cq	Résultats généraux
F1	Échantillon 6	ResistancePlus MG	Positif	CANAL A : 29.30 CANAL C : 28.11	Échantillon 6 - Positif M. genitalium détecté, Mutation de l'ARNr 23S non détectée

24.12.3 Exemple 3. Échantillon M. genitalium, mutation de l'ARNr 23S



CANAL A CANAL B CANAL C

Puits	Nom	Test	Résultat	Valeurs de Cq	Résultats généraux
G3	Échantillon 9	ResistancePlus MG	Positif	CANAL A : 18.08 CANAL B : 22.31 CANAL C : 28.03	Échantillon 9 positif M. genitalium, mutation de l'ARNr 23S détectée

24.12.4 Exemple 4. Échantillon M. genitalium, mutation de l'ARNr 23S



CANAL A CANAL B CANAL C

Puits	Nom	Test	Résultat	Valeurs de Cq	Résultats généraux
E3	Échantillon 21	ResistancePlus MG	Positif	CANAL A : 29.08 CANAL B : 29.23 CANAL C : 26.13	Échantillon 21 - Positif M. genitalium, mutation de l'ARNr 23S détectée





24.12.5 Exemple 5. Échantillon négatif



CANAL A CANAL B CANAL C

Puits	Nom	Test	Résultat	Valeurs de Cq	Résultats généraux
E3	Échantillon 73	ResistancePlus MG	Négatif	CANAL C : 29.23	Échantillon 73 - Négatif M. genitalium non détecté, CI valide

24.12.6 Exemple 6. Échantillon Non valide



CANAL A CANAL B CANAL C

Puits	Nom	Test	Résultat	Valeurs de Cq	Résultats généraux
E3	Échantillon 35	ResistancePlus MG	Non valide	CANAL C : 31.16	Échantillon 35 - Non valide CI non valide, refaire le test

Dans cet exemple, le signal CI est en dehors des limites de seuil du canal. Pour les échantillons ayant un CI non valide, refaire l'extraction, puis refaire le test.

24.12.7 Exemple 7. Échantillons à corriger – Signal négatif

Dans cet exemple, le CANAL B (JOE) a été marqué pour correction et le logiciel suggère que l'échantillon est négatif (Figure 30).

Figure 30. Échantillons à corriger tels qu'ils sont visualisés dans le menu Resolve (Corriger) du logiciel d'analyse

	Target	Channel	Cq	Curve result	Info	5
	MgPa	FAM	21.32	Positive	M. genitalium detected	
6	23S rRNA mutation	JOE	-	Negative 🗸 💉	Mutant not detected	
	ю	TAMRA	27.31	Positive		

Pour déterminer l'action appropriée à prendre en vue de la correction, tracer un autre échantillon ou contrôle pour une comparaison des signaux.

- Sélectionner Ref pour tracer une courbe de référence positive (précédemment enregistrée) pour le CANAL B (JOE)





- Sélectionner P pour tracer un contrôle positif de la série
- Sélectionner

Ν

pour tracer un contrôle négatif de la série





Après l'inspection des courbes d'amplification (ci-dessus), on peut voir qu'il n'y a aucune amplification dans le canal.

Le résultat est corrigé en sélectionnant l'icône , pour confirmer la suggestion de négatif du logiciel. Le résultat corrigé est affiché dans la Figure 31 ci-dessous.

Figure 31. Résultat corrigé tel qu'il est visualisé dans le menu Resolve (Corriger) du logiciel d'analyse

Target	Channel	Cq	Result	Info	9
MgPa	FAM	21.32	Positive	M. genitalium detected	
23S rRNA mutation	JOE	-	Negative	Mutant not detected	Ş
IC	TAMRA	27.31	Positive		

24.12.8 Exemple 8. Échantillons à corriger – Signal non concluant

Dans cet exemple, le CANAL B (JOE) a été marqué pour correction et le logiciel suggère que l'échantillon est positif (Figure 32).

Figure 32. Échantillons à corriger tels qu'ils sont visualisés dans le menu Resolve (Corriger) du logiciel d'analyse

	Target	Channel	Cq	Curve result	Info	3
	MgPa	FAM	26.27	Positive	M. genitalium detected	
6	23S rRNA mutation	JOE	28.11	Positive 🗸 💉	Mutant detected	
	ю	TAMRA	28.92	Positive		

Pour déterminer l'action appropriée à prendre en vue de la correction, tracer un autre échantillon ou contrôle pour une comparaison des signaux.

- Sélectionner Ref pour tracer une courbe de référence positive (précédemment enregistrée) pour le CANAL B (JOE)
- Sélectionner pour tracer un contrôle positif de la série





- Sélectionner N pour tracer un contrôle négatif de la série

CANAL B



Après l'inspection des courbes d'amplification (ci-dessus), il y a une amplification potentielle dans le canal.

Il est recommandé de corriger en Inconclusive (non concluant), en sélectionnant l'icône et en sélectionnant Inconclusive (Non concluant) dans le menu déroulant. Des commentaires peuvent être ajoutés à la piste d'audit de l'échantillon. Refaire l'extraction et le test sur l'échantillon. Le résultat corrigé est affiché dans la **Figure 33** ci-dessous.

Voir le **Tableau 63**, échantillon 7, pour découvrir comment les résultats sont affichés avant et après la correction dans l'onglet **Results Overview** (Aperçu des résultats).

Figure 33.	Résultat	corrigé te	l qu'il es	t visualisé d	ans le menu	Resolve	(Corriger)	du logiciel	d'analyse
-								•	

Target	Channel	Cq	Result	Info	3
MgPa	FAM	26.27	Positive	M. genitalium detected	
23S rRNA mutation	JOE	28.11	Inconclusive	Mutant detected	Ę
IC	TAMRA	28.92	Positive		





Glossaire 25



Conformité européenne Pour usage de diagnostic in vitro



Référence catalogue



Code de lot



Représentant autorisé Dans la Communauté européenne





Date de fabrication



Limite de température



Quantité suffisante pour xxx déterminations



Importateur européen





Date de péremption

UK CA

Marque d'évaluation de la conformité au Royaume-Uni

Les produits SpeeDx peuvent être couverts par un ou plusieurs brevets locaux ou étrangers. Consulter www.plexpcr.com/patents pour obtenir des informations complètes sur les brevets.

PlexPCR®, ResistancePlus®, PlexPrime® et PlexZyme® sont des marques commerciales appartenant à SpeeDx. Les autres droits d'auteur et marques de commerce appartiennent à leurs détenteurs respectifs.

© Copyright 2022 SpeeDx Pty. Ltd.