



PlexPCR[®] SARS-CoV-2

Multiplex RT-PCR realtidsanalys för detektion av SARS-CoV-2



Produkt		Plattform	Storlek	Katal	ognr.
PlexPCR [®] SARS	S-CoV-2	LC480 II CFX96 [™] Dx CFX96 Touch™	384	REF	1301384
Tillbehör – anal <i>PlexPCR</i> ® SARS	ysprogramvar S-CoV-2 (LC480	a))		REF	99021
PlexPCR [®] SARS	S-CoV-2 (CFX)			REF	99022
EC REP	MedEnvoy Prinses Margrietplar 2595 AM Haag Nederländerna	ntsoen 33 – Svit 123			
	SpeeDx Pty Ltd Suite 102, National 4 Cornwallis Street, NSW 2015, Australi	Innovation Centre Eveleigh en			

ENDAST FÖR PROFESSIONELLT BRUK

Får inte säljas i USA





Innehållsförteckning

1	Produ	ıktbeskrivning	4
2	Avse	dd användning	4
3	Patog	jeninformation	4
4	Kittet	s innehåll	4
5	Trans	sport och förvaring	5
6	Varni	ngar och försiktighetsåtgärder	5
6.1		Allmänt	5
6.2	2	Laboratorium	5
6.3	3	Hantering av testprover	5
6.4	ţ	Analys	5
6.5	5	Säkerhetsföreskrifter	5
6.6	6	Varningar och försiktighetsåtgärder för analys-plugin	5
7	Erfor	derligt material som ej medföljer	6
8	Tekni	sk princip	8
9	Förfa	randeöversikt	9
10	Detal	jerat förfarande	10
10	.1	Insamling, transport och förvaring	10
10	.2	Provbehandling	10
	10.2.1	Reagensvolymer förMGISP-960	10
	10.2.2	Reagensvolymer för KingFisher Flex och PurePrep	11
10	.3	Internkontroll (IC)	11
	10.3.1	Internkontroll för MagNA Pure 96. KingFisher Flex och PurePrep 96	11
10	4	Förberedelse av realtids-PCR	12
	 10 <i>4</i> 1	Förberedelse av masterblandning	12
11	Progr		12
12	Tolkn	ing av resultat	12
13	Beara	inspingar.	13
14	Kvalit	etskontroll	13
15	Instru	ktioner för REDx™ FLOQ SARS-CoV-2 Positive Control	13
15	.1	Bruksanvisning	13
16	Prest	andaegenskaper	14
16	.1	Klinisk prestanda	14
	16.1.1	Klinisk studie 1	14
16	2	Analytisk prestanda	14
10	1621	Papetarbarbat ach reproducarbarbat	11
	10.2.1		14
	10.2	1.1 LightCycle1- 460 Instrument II	14
	16.2	1.2 For CFX96 ¹ ^m Dx realtids-PCR-detekterings- och CFX96 ¹ Jouch ¹ ^m realtids-PCR-detekteringssystem	15
	16.2.2	Analytisk sensitivitet	16
	16.2	2.1 LightCycler® 480 Instrument II	16
	16.2	2.2 Arbetsflöde med MGISP-960 och LightCycler [®] 480 Instrument II	17
	16.2.3	Analytisk specificitet	19
	16.2.4	In silico-analysis	19
	1625	Inklusivitet	20





	16.2.6	Potentiellt interferande substanser	. 20
17	Kund	tjänst och teknisk service	. 20
18	Refe	enser	. 20
19	Bilag	a 1: LightCycler [®] 480 Instrument II	. 21
19	.1	Programmering av LightCycler® 480 Instrument II (LC480 II)	. 21
19	.2	Konfigurera en Macro Template (makromall) för LightCycler® 480 Instrument II	. 26
19	.3	Colour Compensation (Färgkompensation) för LightCycler® 480 Instrument II	. 32
19	.4	Tolkning av resultat	. 32
20	Bilag	a 2: Bio-Rad CFX96™ Dx och CFX96 Touch™ realtids-PCR-system	. 34
20	.1	Programmering av CFX96 [™] Dx och CFX96 Touch [™] realtids-PCR-detekteringssystem (CFX96 Dx, CFX96 Touch)	. 34
20	.2	Tolkning av resultat med inbyggd CFX-programvara	. 36
20	.3	Exportera resultat från inbyggd analys	. 40
20	.4	Tolkning av resultat med analysprogramvaran PlexPCR SARS-CoV-2 (CFX)	. 42
21	Bilag	a A: Tolkning av resultat	. 43
21	.2	Device set up (Installation av enheten) (ny användare eller enhet)	. 44
2	21.2.1	Colour Compensation (Färgkompensation)	. 44
21	.3	Analysinsticksmodul (ny användare)	. 45
21.	.4	Namngivning av prover	. 45
21	.5	Att lägga till blandningens satsnummer	. 46
21	.6	Analys	. 46
21	.7	Resultat	. 47
21	.8	Referenskurva	. 47
21	.9	Resultatöversikt	. 48
21	.10	Exporterar resultat	. 48
22	Ordlis	sta	. 50





1 Produktbeskrivning

PlexPCR[®] SARS-CoV-2-kittet är en 1-brunnars qPCR-multiplex för detektion av allvarligt akut respiratoriskt syndrom, coronavirus 2 (SARS-CoV-2). Analysen ger tre avläsningar: Avläsning 1 indikerar förekomst eller frånvaro av SARS-CoV-2 genom detektion av genen Open Reading Frame (ORF1ab); Avläsning 2 indikerar förekomst eller frånvaro av SARS-CoV-2 genom detektering av genen RdRp (RNA-beroende RNA-polymeras); Avläsning 3 är en RNA-intern kontroll (IC) för att övervaka extraktionseffektivitet och qPCR-hämning. **Plex**PCR[®] SARS-CoV-2 kittet använder **Plex**Zyme[®]-teknik för specificitet och överlägsen multiplex-förmåga.

Denna analys valideras med prover som extraherats med MagNA Pure 96-systemet (Roche), PurePrep 96 (Molgen) och KingFisher [™] Flex Sample Purification System (ThermoFisher), vätskehantering med **Plex**Prep[™] (SpeeDx), och realtidsdetektering med LightCycler[®] 480 II-instrumentet (LC480 II, Roche), CFX96[™] Dx realtids-PCR-detekteringssystem (CFX96 Dx, Bio-Rad), och CFX96 Touch [™] realtids-PCR-detekteringssystem (CFX96 Touch, Bio-Rad).

2 Avsedd användning

PlexPCR[®] SARS-CoV-2-kittet är ett *in vitro*-diagnostiskt PCR med omvänd transkription (RT-qPCR) för kvalitativ detektion av SARS-CoV-2.

PlexPCR[®] SARS-CoV-2-kittet är avsett som hjälpmedel vid diagnos av SARS-CoV-2 och ska användas tillsammans med klinisk och annan laboratorieinformation.

PlexPCR® SARS-CoV-2-kittet kan användas med följande provtyp: endast nasofarynxsvabbar.

PlexPCR[®] SARS-CoV-2-kittet är avsett för användning i professionella miljöer som t.ex. sjukhus och referens- eller statslaboratorier. Det är inte avsett för självtestning, hemmabruk eller patientnära analyser.

Den målpopulation som **Plex**PCR[®] SARS-CoV-2-kittet är avsett för är symtomatiska patienter som, av sin vårdgivare, misstänks ha allvarligt akut respiratoriskt syndrom associerat med en coronavirusinfektion (SARS-CoV2), baserat på klinisk presentation och/eller historik.

3 Patogeninformation

Ett utbrott av en respiratorisk sjukdom med okänd etiologi i Wuhan City, i Hubei-provinsen i Kina, rapporterades ursprungligen till Världshälsoorganisationen (WHO) den 31:a december 2019.¹ Ett nytt coronavirus identifierades därefter och fick namnet SARS-CoV-2 (svår akut respiratorisk sjukdom coronavirus 2), vilket orsakade den smittsamma sjukdomen COVID-19 (coronavirussjukdom 2019).² SARS-CoV-2 har sedan dess lett till en global pandemi som resulterat i över 75 miljoner bekräftade fall och fler än 1,5 miljoner dödsfall, räknat fram till slutet av september 2020.³

Kittets innehåll

Antal test: 384 reaktioner

4

Tabell 1. Kittets innehåll: <i>PlexPCR[®]</i> SARS-CoV-2 (Kat.nr. 1301384)				
Lockets färg	Innehållsförteckning	Beskrivning	Mängd	
Brun	SARS-CoV-2 Mix, 20 x	En blandning innehållande oligonukleotider^ för amplifiering och detektion av SARS-CoV-2 och internkontroll för LC480 II och CFX	2 x 150 µL	
Grön	Plex Mastermix (Plex masterblandning), 2 x	Masterblandning som innehåller de komponenter som behövs för qPCR, inklusive dNTP:er, MgCl ₂ , DNA-polymeras och buffertlösning	2 x 1,2 mL	
Neutral	RTase, 100x	Enzym med omvänt transkriptas för att generera komplementärt DNA (cDNA) från RNA-mall	1 x 90 µL	
Svart	RNase Inhibitor (RNase-hämmare), 50x	RNase-hämmare	1 x 135 µL	
Lila	Internal Control (Internkontroll) RNA [#]	Interna kontrollceller som innehåller RNA-mall för intern kontroll för att kontrollera extraktions-, omvänt transkriptions- och amplifieringseffektivitet	1 x 200 µL	
Blå	Nuclease Free Water (Nukleasfritt vatten)	Vatten av PCR-kvalitet	1 x 1 mL	

Förvara mallrören separat från oligoblandningar, d.v.s. i ett rum för hantering av mallar eller nukleinsyra

^Oligonukleotider är PCR-primerpar, PlexZyme®-enzymer och fluorescerande sond

* Räcker till 384 x 10 µL prover. Extra volym tillhandahålls för kompatibilitet med instrument för hantering av vätskor, verifierad med *PlexPrep™* (SpeeDx).





5 Transport och förvaring

- Komponenterna i *PlexPCR[®]* SARS-CoV-2-kitten transporteras på torris eller kylklampar med gel. Alla komponenter ska förvaras vid mellan -25 °C och -15 °C vid mottagandet. Det rekommenderas att antalet nedfrysnings-/upptiningscykler begränsas till 10.
- När de förvaras under de rekommenderade förhållandena och hanteras korrekt bevaras kittets aktivitet till och med utgångsdatumet som finns på etiketten. Får inte användas efter utgångsdatumet.

6 Varningar och försiktighetsåtgärder

6.1 Allmänt

- Endast för in vitro-diagnostisk användning.
- Läs denna bruksanvisning noga före användning. Följ noga de procedurer som beskrivs för att säkerställa testresultatens tillförlitlighet. Avvikelser från dessa procedurer kan påverka testets prestanda.
- Användare ska få adekvat utbildning i *PlexPCR[®]* SARS-CoV-2-analys.
- Allvarliga incidenter ska rapporteras till tillverkaren och behörig myndighet i användarens och/eller patientens medlemsstat.

6.2 Laboratorium

- Det rekommenderas att provberedning/extraktion, beredning av masterblandning, provtillsats och termocykling utförs i fysiskt separerade utrymmen. PCR-instrumentet ska som minimum placeras i ett rum som är åtskilt från de utrymmen där reaktionerna förbereds.
- Det rekommenderas att följa rutinmässiga försiktighetsåtgärder för laboratorier. Använd lämplig personlig skyddsutrustning såsom handskar, skyddsglasögon och laboratorierock vid hantering av reagens.
- Patogena organismer kan förekomma i kliniska testprover. Behandla alla biologiska testprover som potentiellt smittförande och följ lokala säkerhetsrutiner för hantering av kemikalier och biologiska prover.
- Följ lokala rutiner för hantering av farligt avfall för korrekt bortskaffande av testprover, reagenser och andra potentiellt förorenade material.

6.3 Hantering av testprover

- Testprover ska samlas in, transporteras och förvaras enligt god laboratoriesed samt provtagningskittens instruktioner.

6.4 Analys

- Grundläggande försiktighetsåtgärder för att förhindra kontaminering av PCR-reaktioner omfattar användning av sterila filterpipettspetsar, användning av en ny pipettspets för varje pipettering och separering av arbetsflödet.
- PCR-tester är benägna att kontamineras från tidigare PCR-produkter. Öppna aldrig reaktionskärl efter avslutad PCR.

6.5 Säkerhetsföreskrifter

- Säkerhetsdatablad (SDS) finns tillgängliga på begäran. Kontakta tech@speedx.com.au för mer information.

6.6 Varningar och försiktighetsåtgärder för analys-plugin

- SpeeDx-programvaran kan endast styra rådataanalysen som testkittet genererar när det används med dess respektive PCR-instrument. Den styr inte provförberedelser, reaktioner, utrustningsprogrammering eller behandlingsverkställande.
- Användaren ska ha fullgod kunskap om hur analysprogrammet och åtkomsten bör även begränsas till varje enskild tilldelad användare.
- Vi rekommenderar att användarautentisering och cybersäkerhetslösningar, såsom ett antivirusprogram och en brandvägg, installeras på det IT-system och den infrastruktur där programmet används.
- Om du upptäcker ett cybersäkerhetsproblem, såsom en obehörig inloggning eller ett angrepp med ett utpressningsvirus, kontakta <u>tech@speedx.com.au</u> för ytterligare support.





7 Erforderligt material som ej medföljer

Positivt kontrollmaterial

- REDx[™] FLOQ SARS-CoV-2 Swab Positiv kontroll (Microbix, kat.nr RED-S-19-01)

Allmänna förbrukningsartiklar till laboratoriet

- Handskar och rena laboratorierockar
- Vortexblandare
- Bänkcentrifug för 0,5 mL och 1,5 mL rör
- Mikropipetter
- Multikanalspipetter
- Sterila aerosolresistenta pipettspetsar
- 0,5 mL-behållare och 1,5 mL-behållare (PCR-kvalitet)
- Självhäftande plattätning
- 2,0 mL rör (för förspädning av interna kontrollceller)

För MagNA Pure 96 Instrument

- 1x Phosphate Buffered Saline (PBS) (Fosfatbuffrad koksaltlösning (PBS))
- MagNA Pure 96 Internal Control Tube (Roche, kat.nr 00374905001)
- MagNA Pure 96 DNA och Viral NA Small Volume Kit (Roche, kat.nr 06543588001)
- MagNA Pure 96 systemvätska (externt) (Roche, kat.nr. 06640729001)
- MagNA Pure 96 Processing Cartridge (Roche, kat.nr 06241603001)
- MagNA Pure 96 Pure tip 1000uL (Roche, kat.nr 6241620001)
- MagNA Pure 96 Output Plate (Roche, kat.nr 06241611001)
- MagNA Pure Sealing Foil (Roche, kat.nr 06241638001)

För MGISP-960 Instrument

- Nucleic Acid Extraction Kit 96 prep (MGI, kat. nr. 1000022201(ARTG-IVD)) eller Nucleic Acid Extraction Kit 96 prep (MGI, kat. nr. 1000021042 (CE-IVD))
- 4 x 250 μL automated filter tips (MGI, kat. nr. 1000000723)
- 5 x 1.3 mL U-bottom deep-well plate (MGI, kat. nr. 1000004644)
- 1 x Hard-shell thin-wall 96-well skirted PCR plate, vitt skal/klar brunn (MGI, kat. nr. 1000012059)
- 50 mL rör, DNase-fri, RNase-fri
- Absolut etanol (100 %)
- Plattcentrifug





För PurePrep 96-instrument

- 1x Fosfatbuffrad koksaltlösning (PBS) (Phosphate Buffered Saline (PBS))
- Vatten med molekylärkvalitet
- PurePrep djupbrunnsplatta 2 mL (Molgen kat.nr. MG96020050)
- PurePrep 96 elutionsplatta 200 µL (Molgen kat.nr. MG96010050)
- PurePrep 96 spetskammar (Molgen kat.nr. MG96030050)
- Molgen PurePrep patogener 1x96 kit (Molgen kat.nr. OE00290096) ELLER 10x96 kit (Molgen kat.nr. OE00290960)
- Blandare för mikroplattor (lägsta hastighet 1000 varv/min)
- 50 mL reagensbehållare för 8-kanalspipetter
- 50 mL Falcon tuber

För KingFisher Flex

- 1x Phosphate Buffered Saline (PBS) (Fosfatbuffrad koksaltlösning (PBS))
- Thermofisher MagMAX viral- och patogen-nukleinsyraisoleringskit (Thermofisher kat. nr. A42352)
- KingFisher 96 djupbrunnsplatta, v-botten, polypropen (Thermofisher kat. nr. 95040450)
- KingFisher 96-spetskam för djupbrunnsmagneter (Thermofisher kat. nr. 97002534)
- KingFisher 96 mikroplatta (200 µL) (Thermofisher kat. nr. 97002540)
- 80 % etanol
- 50 mL reagensbehållare för 8-kanalspipetter
- 50 mL Falcon tuber

För SpeeDx **Plex**Prep[™]-instrument för hantering av vätskor

- PlexPrep™ 8-lägesdäck utrustat med 2 oberoende kanaler och ett 8-probshuvud (artikelnr. 6600200-01)
- 4x Framed tip rack modules (kat.nr. HMT-6600533-01)
- 4x 24 position tube module (kat.nr. HMT-6600555-01)
- 1x 24 position small tube module (kat.nr. HMT6600409-01)
- 50uL conductive filtered tips (kat.nr. HMT-235948)
- 300uL conductive filtered tips (kat.nr. HMT-235903)
- 1000 µL konduktiva filtrerade spetsar (kat.nr. HMT-235905)

För LightCycler[®] 480-instrument II

- **Plex**PCR[®] Färgkompensationskit (CC) (SpeeDx, kat. nr. 90001)
- LightCycler[®] 480 Flerbrunsplatta 96 (Roche, kat. nr. 04729692001)
- LightCycler[®] 480 Flerbrunsplatta 384 (Roche, kat. nr. 04729749001)
- LightCycler[®] 480 tätningsfolie (Roche, kat. nr. 04729757001)

För CFX96[™] Dx realtids-PCR-detektions- och CFX96 Touch[™] realtids-PCR-detektions-system

- Hard-Shell® 96-brunnars PCR-plattor, lågprofil, halvfasad, klar skal/klar brunnar (Bio-Rad, kat. nr. HSL9901 eller HSL9601)
- Microseal[®] "B" tätningsfilm för PCR-platta, självhäftande, optisk (Bio-Rad, kat.nr. MSB1001)





8 Teknisk princip

Realtids-PCR (qPCR) kan användas för att amplifiera och detektera specifika målnukleinsyror från patogener. *PlexPCR*[®] är en qPCR-teknik som med hjälp av *PlexZyme*[®] -enzymer detekterar och rapporterar den amplifierade produkten genom generering av en fluorescerande signal (**Figur 1**).

PlexZyme[®]-enzymer är katalytiska DNA-komplex bestående av två DNA-oligos som kallas "partiella enzymer" (partial enzymes). Varje partiellt enzym har ett målspecifikt område, en katalytisk kärna och ett universellt probbindande område. De två partiella enzymerna binder intill varandra vid förekomst av målprodukten och formar då det aktiva **Plex**Zyme[®] som har katalytisk aktivitet för att klyva en märkt probe. Klyvningen separerar fluoroforen och quencherfärgämnena, och ger en fluorescerande signal som kan kontrolleras i realtid. **Plex**Zyme[®]-enzymer har ytterligare specificitet jämfört med alternativa detektionstekniker, eftersom bindning av två partiella enzymer krävs för detektion. **Plex**Zyme[®]-enzymer är även enzymer med multipel omsättning och multipla prober kan klyvas under varje PCR-cykel, vilket resulterar i en stark och känslig signal. **Plex**Zyme[®]-analyser är ytterst sensitiva och specifika och är idealt lämpade för multiplexdetektion av patogener.





Target







9 Förfarandeöversikt







10 Detaljerat förfarande

Obs! Medföljande reagensers namn står skrivna med kursiv text och färgen på behållarens lock står angiven inom parentes.

10.1 Insamling, transport och förvaring

Otillräcklig eller felaktig provinsamling, förvaring och transport kan ge falska testresultat. Korrekt utbildning inom provinsamling rekommenderas för att säkerställa provämnets kvalitet och stabilitet.

Följ instruktionerna från provinsamlingsenhetens tillverkare för korrekta insamlingsmetoder.

Utbildad personal måste säkerställa korrekt förståelse för enheten och metoden innan provinsamlingsmetoden utförs. Granska åtminstone testbeskrivningen för följande: indikation för provtyp, tillräcklig mängd, förfarande(n), nödvändiga insamlingsmaterial, patientförberedelse och anvisningar för korrekt hantering och lagring.

Nasofarynxsvabbar ska samlas in och transporteras enligt instruktionerna i provtagningskittet. Vi rekommenderar att nasofarynxsvabbproverna testas omedelbart eller förvaras vid mellan -25 °C och -15 °C vid mottagandet. De kan frysas/tinas under användning, dock högst 3 gånger.

10.2 Provbehandling

PlexPCR®-kittet har validerats på följande extraktionsinstrument i Tabell 2.

Se avsnitt 10.3 för anvisningar om användning av internkontrollen.

Se avsnitt 15 för anvisningar om användning av REDx™ FLOQ SARS-CoV-2 Swab Positive Control-kittet.

Tabell 2. Validerade extraktionsprotokoll				
Instrument	Extraktionskit	Provvolym	Protokoll	Elueringsvolym
MagNA Pure 96 ^{a b}	MagNA Pure 96 DNA och Viral NA Small Volume Kit	200 µL	Pathogen Universal 200	50 µL
MGISP-960 ^{a b}	Nucleic Acid Extraction Kit	180 µL	MGISP-960 Automated Extraction Standard Workflow	30 µL
KingFisher Flex ^{ab}	MagMAX Viralt/patogent nukleinsyraisolerings-kit	200 µL	MVP_Flex_200uL	50 μL
PurePrep 96 ^{a b}	PurePrep patogen-kit	200 µL	PP v.3	50 µL

^a Se avsnitt 10.3.1 för hur den interna kontrollen på MagNA Pure 96, KingFisher Flex och PurePrep 96 används

^b Prover ska läggas till Masterblandningen inom 30 minuter efter extraktion

10.2.1 Reagensvolymer förMGISP-960

Tabell 3. MGISP-960 reagensvolym per prov			
Reagens	Volym per prov	Platta	
Buffer MLB	160 µL	U-bottnad djupbrunnsplatta (förberedd buffertlösning)	
Absolute Ethanol*	200 µL	U-bottnad djupbrunnsplatta (förberedd buffertlösning)	
Magnetic Beads M	15 μL	U-bottnad djupbrunnsplatta (förberedd buffertlösning)	
Enhancer Buffer	1 µL	U-bottnad djupbrunnsplatta (förberedd buffertlösning)	
RNase Free Water	15 μL	U-bottnad djupbrunnsplatta (förberedd buffertlösning)	
RNase Free Water	50 μL	U-bottnad djupbrunnsplatta	
Buffer MW1	170 µL	U-bottnad djupbrunnsplatta	
Buffer MW2	340 µL	U-bottnad djupbrunnsplatta	

* Medföljer ej





10.2.2 Reagensvolymer för KingFisher Flex och PurePrep

Tabell 4. KingFisher reagensvolymer				
Reagens	Volym per prov	Platta		
MagMax bindande lösning	265 µL	KingFisher 96 djupbrunnsplatta (provplatta)		
MagMax total nukleinsyra, bindande pärlor	10 µL	KingFisher 96 djupbrunnsplatta (provplatta)		
MagMax Proteinase K	5 µL	KingFisher 96 djupbrunnsplatta (provplatta)		
MagMax rengöringsbuffert	500 µL	KingFisher 96 djupbrunnsplatta		
Wash 2* (80 % etanol)	500 μL	KingFisher 96 djupbrunnsplatta		
Wash 3* (80 % etanol)	250 μL	KingFisher 96 djupbrunnsplatta		
MagMax elutionslösning	50 uL	KingFisher 96 mikroplatta 200 µL		

*medföljer ej

Tabell 5. PurePrep 96 reagensvolymer			
Reagens	Volym per prov	Platta	
Molgen lyseringsbuffert PA1	200 µL	PurePrep djupbrunnsplatta 2 mL (provplatta)	
Molgen Poly-A-RNA-lösning 2,5 mg/mL	1 µL	PurePrep djupbrunnsplatta 2 mL (provplatta)	
Molgen Proteinase K-lösning 20 mg/mL	10 μL	PurePrep djupbrunnsplatta 2 mL (provplatta)	
Molgen MagSi-PA VII (magnetiska pärlor)	20 µL	PurePrep djupbrunnsplatta 2 mL (provplatta)	
Molgen bindande buffert U1	400 µL	PurePrep djupbrunnsplatta 2 mL (provplatta)	
Molgen rengöringsbuffert I	800 µL	PurePrep djupbrunnsplatta 2 mL	
Molgen rengöringsbuffert I	800 µL	PurePrep djupbrunnsplatta 2 mL	
Molgen rengöringsbuffert II	800 µL	PurePrep djupbrunnsplatta 2 mL	
Molgen elutionsbuffert	50 μL	PurePrep 96 elutionsplatta 200 uL	

10.3 Internkontroll (IC)

Kittet omfattar en intern kontroll för att kontrollera extraktionseffektivitet och PCR-inhibering i realtid. Internkontrollanalysen tillhandahålls i analysmixen och amplifierar *internkontroll-RNA* (LILA). *Internkontroll-RNA* späds och behandlas enligt nedanstående anvisningar för specifika extraktionsinstrument. Den interna kontrollmallen är därför samextraherad med provet och samamplifierad i reaktionen.

10.3.1 Internkontroll för MagNA Pure 96, KingFisher Flex och PurePrep 96

Späd ut *internkontroll-RNA* (LILA) 1:100 i 1 x PBS (**Tabell 6**). Justera volymen efter behov med hjälp av samma spädningsfaktor (se extraktionskittets handbok för minimivolym för antal prov som behövs). Utspädd intern kontroll-RNA laddas på det interna kontrollröret på MagNA Pure 96 och 20 µL tillsätts automatiskt i varje prov (standard). För extraktioner med PurePrep 96 och KingFisher tillsätts 20 µL av utspätt internkontroll-RNA manuellt till provplattan.

Obs! Spara INTE utspädd internkontroll-RNA

Tabell 6. Spädning av internkontroll-RNA för MagNA Pure 96 (spädning 1:100)			
Internkontroll-RNA (LILA) (μL)	1x PBS (μL)	Totalvolym (μL)	Volym tillsatt i prov (μL)
36	3564	3600	20





10.4 Förberedelse av realtids-PCR

Obs! Före användningen av reagenser, låt tina fullständigt och blanda noggrant genom att vortexa snabbt.

The *PlexPCR*[®] SARS-CoV-2-kittet testas med en slutlig volym på 10 µL i 96-brunnars eller 384-brunnars plattor på LC480 II; en slutlig volym av 10 µL i 96-brunnars plattor på CFX96 Dx och CFX96 Touch. *PlexPCR*[®] SARS-CoV-2-kittet har lämpligt dödutrymme för användning med vätskehanteringssystem och har validerats med SpeeDx *PlexPrep*[™]. Kontakta <u>tech@speedx.com.au</u> för hjälp med protokoll.

Se Tabell 1 - för beskrivning av kittets innehåll.

10.4.1 Förberedelse av masterblandning

- För en reaktionsvolym på 10 μL krävs 7,5 μL masterblandning och 2,5 μL extrakt. Förbered masterblandningen enligt beskrivningen i Tabell 7. Pipettera masterblandningen på PCR-plattan och tillsätt sedan extraherat prov till reaktionen.
- Positiva och negativa kontroller bör köras på varje platta.
- Försegla och centrifugera sedan plattan och överför till termocyklern.

Tabell 7. Masterblandning				
Reagens	Koncentration	Volym per 10 µL reaktion (µL)		
Nukleasfritt vatten (BLÅ)	EJ TILLÄMPLIGT	1,7		
Plex Masterblandning (GRÖN)	2x	5,0		
SARS-CoV-2-blandning (BRUN)	20x	0,5		
RTase (NEUTRAL)	100 x	0,1		
RNase inhibitor (SVART)	50x	0,2		
Totalvolym (µL)		7,5		
Tillsätt 2,5 μL av provet för en slutvolym på 10 μL				

11 Programmering och analys

Detaljer för programmering och analys beskrivs i avsnitt 19 - 21.

PlexPCR[®] SARS-CoV-2-kittet använder tre kanaler för detektion av SARS-CoV-2 via den öppna läsramen (ORF1ab) och RNAberoende RNA-polymeras-gener (RdRp-gener) och internkontroll (**Tabell 8**).

Tabell 8. Kanaler för <i>PlexPCR[®]</i> SARS-CoV-2-mål				
qPCR-instrument	ORF1ab	RdRp-gen	Internal Control (Intern kontroll)	
LC480 II	465-510	533–580	533-610	
CFX96 Dx och CFX96 Touch	FAM	HEX	Texas Red	

12 Tolkning av resultat

Tolkning av data kan utföras med hjälp av de inbyggda analysprogramvarorna LC480 II, CFX96[™] Dx och CFX96[™] Touch, eller analysprogramvaran *PlexPCR*[®] SARS-CoV-2. Analysprogramvaran *PlexPCR*[®] SARS-CoV-2 automatiserar tolkningen av data från amplifieringsresultaten och effektiviserar arbetsflödet. Instruktioner för hur analysprogramvaran används finns i **avsnitt 21**.

Se **Tabell 9** för lämplig analysprogramvara för varje realtids-PCR-instrument. Analysprogramvaran kan erhållas på begäran. Kontakta tech@speedx.com.au för mer information.





Tabell 9. <i>PlexPCR[®]</i> SARS-CoV-2-analysprogramvara		
Kat.nr	Analysprogramvara*	Realtids-PCR-instrument
99021	PlexPCR [®] SARS-CoV-2 (LC480)	LC480 II
99022	PlexPCR [®] SARS-CoV-2 (CFX)	CFX96 Dx och CFX96 Touch

* Se webbplatsen https://plexpcr.com/products/respiratory-infections/plexpcr-sars-cov-2/ för att säkerställa att du använder den senaste versionen av analysprogramvaran.

13 Begränsningar

- **PlexPCR®** SARS-CoV-2-analysen ska endast utföras av personal som utbildats i förfarandet och endast utföras i enlighet med denna bruksanvisning.
- Tillförlitliga resultat är beroende av korrekt insamling, transport, förvaring och behandling av prover. Underlåtenhet att följa lämpliga procedurer för något av dessa steg kan leda till felaktiga resultat.
- *PlexPCR*[®] SARS-CoV-2-analysen är en kvalitativ analys som INTE ger några kvantitativa värden eller information om organismbelastning.
- Resultat från testet måste korreleras med klinisk historik, epidemiologiska data, laboratoriedata och andra data som är tillgängliga för klinikern.
- Prevalens av virusmål påverkar positiva och negativa förväntade värden för analysen.
- Negativa resultat utesluter inte risken för infektion på grund av felaktig provinsamling, tekniska fel, förekomst av inhibitorer, provblandning eller liten mängd organismer i det kliniska provet.
- Falskt positiva resultat kan förekomma på grund av korskontamination av målorganismer, deras nukleinsyror eller amplifierad produkt.

Kliniska prover med Cq-värde < 3 ger eventuellt inte ett giltigt resultat. Dessa prover kommer att flaggas av analysprogramvaran *PlexPCR®* SARS-CoV-2 med följande meddelande "Error: Abnormal change in fluorescence level" (Fel: Onormal förändring av fluorescensnivån). Detta är en indikation på ett SARS-CoV-2-prov med hög koncentration över detektionsgränsen. Sådana prover ska spädas ut och upprepas.

Dessa prover kommer även flaggas vid analys med den inbyggda programvaran LC480 II med följande meddelande "Some samples exceed the noiseband value in the background calculation region" (Vissa prov överskrider brusbandsvärdet i bakgrundsberäkningsområdet). Detta är en indikation på ett SARS-CoV-2-prov med hög koncentration över detektionsgränsen. Sådana prover ska spädas ut och upprepas.

Kliniska prover kan verka ogiltiga om de har en hög viruskoncentration. Detta flaggas inte av den inbyggda CFX-programvaran, vilket innebär att användaren måste kontrollera alla kurvor innan hen fortsätter. När ett SARS-CoV-2-prov med hög koncentration överskrider detektionsgränsen, ska proverna spädas ut och upprepas.

14 Kvalitetskontroll

PlexPCR® SARS-CoV-2-kittet inkluderar en internkontroll för att övervaka extraktionseffektivitet och qPCR-hämning (avsnitt 10.3).

REDx[™] FLOQ SARS-CoV-2 Swab Positive Control (Microbix, kat. nr. RED-S-19-01) rekommenderas som positivt kontrollmaterial för nukleinsyraamplifiering. Se **avsnitt 15** för anvisningar om användning av REDx[™] FLOQ SARS-CoV-2 Swab Positive Control. Ett känt negativt prov rekommenderas för användning som en negativ kontroll.

15 Instruktioner för REDx[™] FLOQ SARS-CoV-2 Positive Control

REDx[™] FLOQ SARS-CoV-2 Swab Positive Control (Microbix, kat. nr. RED-S-19-01) innehåller positivt kontrollmaterial för SARS-CoV-2.

REDx[™] SARS-CoV-2 Positive Controls ska förvaras vid 2–8 °C fram till användning. När REDx[™] SARS-CoV-2 Positive Control har öppnats får det inte återanvändas.

Se bipacksedeln för REDx™ SARS-CoV-2 Positive Control för ytterligare information om förvaring och begränsningar.

15.1 Bruksanvisning

Späd REDx[™] SARS-CoV-2 Positive Control i 3 mL Universal Transport Media (UTM) eller Viral Transport Media (VTM). Förbered qPCR-reaktioner enligt beskrivningen i **avsnitt 10.4** med hjälp av positivt kontrollmaterial som prov.





16 Prestandaegenskaper

16.1 Klinisk prestanda

16.1.1 Klinisk studie 1

En retrospektiv klinisk studie genomfördes vid Queensland Paediatric Infectious Diseases Laboratory (QPID), South Brisbane, QLD i Australien, på arkiverade nasofarynxsvabbprover (n=165) som tidigare testats med hjälp av Abbott m2000 SARS-CoV-2-analysen. Prover extraherades på MagNA Pure 96 (Roche) extraktionsplattform med hjälp av Pathogen Universal 200-protokollet. Prover på 200 µL extraherades och eluerades i 50 µL. Proverna testades med **Plex**PCR[®] SARS-CoV-2-kittet i 10 µL-reaktioner på LightCycler 480 II.

Som referensmetod för **Plex**PCR[®] SARS-CoV-2-analysen användes ett sammansatt referensresultatbaserat tillvägagångssätt. Resultat från två validerade SARS-CoV-2 PCR-analyser (Abbott m2000 SARS-CoV-2-analys och Real-time fluorescent RT-PCR-kitt för detektering av SARS-CoV-2 (BGI)) analyserades och prover som gav samstämmiga resultat i båda analyserna ansågs vara antingen positiva eller negativa för SARS-CoV-2. Status på SARS-COV-2-prover som inte gav samstämmiga resultat mellan de två jämförelseanalyserna (n=22) kunde inte definitivt fastställas och dessa prover uteslöts från den slutgiltiga analysen. Positiv och negativ procentuell överensstämmelse mellan **Plex**PCR[®] SARS-CoV-2 och den sammansatta referensen visas i **Tabell 10**.

Tabell 10. Klinisk utvär	dering av <i>F</i>	PlexPCR [®] SARS-CoV-2-kittet	
		Sammansatt refere	ensresultat (n=142)
		SARS	-CoV-2
		Positiv	Negativ
	Positiv	83	2
FIEXFOR SARS-COV-2	Negativ	6	51
Positiv överensstämn	procentuell nelse (PPA)	93,2 (95 % Cl 85,9	26 % 90 – 97,49 %)
Negativ överensstämn	procentuell nelse (NPA)	96,2 (95 % CI 87,0	23 % 02 – 99,54 %)
Övergripande överensstämm	procentuell else (ORA)	94,3 (95 % Cl 89,2	37 % 20 – 97,54 %)

¹ Ett prov var vid upprepade tillfällen ogiltigt i **Plex**PCR[®] SARS-CoV-2-analysen och kunde inte utvärderas.

16.2 Analytisk prestanda

16.2.1 Repeterbarhet och reproducerbarhet

16.2.1.1 LightCycler[®] 480 Instrument II

En repeterbarhets- och reproducerbarhetsstudie utfördes över partier, operatörer, dagar och LightCycler[®] 480 II-instrument för *PlexPCR*[®] SARS-CoV-2-analysen med hjälp av paneler framställda i poolade negativa kliniska nasofarynxsvabbar insamlade i Viral Transport Media (VTM). Panelmedlemmar bestod av SARS-CoV-2-stam USA-WA1/2020 (ZeptoMetrix, NATtrol[™] SARS-CoV-2-stam, kat. nr. NATSARS (COV2)-ST) referensmaterial som spetsats till negativa nasofarynxsvabbar insamlade i VTM vid 5 x LOD, 50 x LOD och 100 x LOD. Varje panel innehöll sex replikat av dessa panelmedlemmar.

Testning utfördes med två olika partier **Plex**PCR[®] SARS-CoV-2-blandning. Panelerna testades två gånger om dagen under tre ej på varandra följande dagar av två operatörer på plats, totalt 36 observationer per panelmedlem (6 replikat x 2 körningar x 3 dagar x 1 plats = 36 observationer).

Repeterbarhet mellan partier, mellan dagar, mellan instrument, mellan operatörer och total reproducerbarhet bedömdes. Procentuell överensstämmelse beräknades för varje panelmedlem baserat på det förväntade resultatet för analysens SARS-CoV-2- detektionskomponent. Procentuell variationskoefficient (% CV) beräknades från det cykliska kvantifieringsvärdet (C_q) som rapporterats för SARS-CoV-2-detektion. Resultat från repeterbarhets- och reproducerbarhetstest visas i **Tabell 11**.





Tabell 11. Repeterbarhet/reproducerbarhet av SARS-CoV-2-detekteringskomponenten i *PlexPCR*[®] SARS-CoV-2-analysen på LightCycler[®] 480 Instrument II

				SARS-	CoV-2 – ORF	1ab				
			Inom en	körning	Mellan	körning	Mella	n sats	То	talt
Panelmedlem	N	Medel-C _q	SD	% CV	SD	% CV	SD	% CV	SD	% CV
100 x LOD	36	18,6	0,52	2,8	0,31	1,7	0,51	2,7	0,5	2,7
50 x LOD	36	19,4	0,53	2,7	0,28	1,5	0,58	3	0,52	2,7
5 x LOD	36	22,6	0,91	4	0,53	2,3	0,84	3,7	0,98	4,3
				SARS	8-CoV-2 – Rdl	۶p				
			Inom en	körning	Mellan	körning	Mella	n sats	То	talt
Prov-ID	N	Medel-C _q	SD	% CV	SD	% CV	SD	% CV	SD	% CV
100 x LOD	36	19,1	0,4	2,1	0,24	1,3	0,31	1,6	0,36	1,9
50 x LOD	36	19,9	0,41	2,1	0,19	1	0,36	1,8	0,36	1,8
5 x LOD	36	23,2	0,51	2,2	0,31	1,3	0,39	1,7	0,57	2,5
				Internal Co	ontrol (Intern I	controll)				
			Inom en	körning	Mellan	körning	Mella	n sats	То	talt
Prov-ID	N	Medel-C _q	SD	% CV	SD	% CV	SD	% CV	SD	% CV
100 x LOD	36	19,3	0,36	1,9	0,45	2,3	0,3	1,6	0,51	2,6
50 x LOD	36	19,5	0,42	2,2	0,41	2,1	0,4	1,8	0,52	2,7
5 x LOD	36	19,5	0,67	3,4	0,54	2,7	0,5	2,2	0,69	3,4
Negativ	36	20,4	0,35	1,7	0,93	4,6	0,2	0,8	0,89	4,4

16.2.1.2 För CFX96[™] Dx realtids-PCR-detekterings- och CFX96 Touch[™] realtids-PCR-detekteringssystem

En repeterbarhets- och reproducerbarhetsstudie utfördes över partier, operatörer, dagar och omgångar på CFX96[™] Touch realtids-PCR-detekteringssystem för *PlexPCR*[®] SARS-CoV-2-analysen med hjälp av paneler framställda i poolade negativa kliniska nasofarynxsvabbar insamlade i Viral Transport Media (VTM). Panelmedlemmar bestod av SARS-CoV-2-stam USA-WA1/2020 (ZeptoMetrix, NATtrol[™] SARS-CoV-2-stam, kat. nr. NATSARS (COV2)-ST) referensmaterial som spetsats till negativa nasofarynxsvabbar insamlade i VTM vid 5 x LOD, 50 x LOD och 100 x LOD. Varje panel innehöll sex replikat av dessa panelmedlemmar.

Testning utfördes med två olika partier **Plex**PCR[®] SARS-CoV-2-blandning. Panelerna testades två gånger om dagen under tre ej på varandra följande dagar av två operatörer på plats, totalt 108 observationer per panelmedlem.

Reproducerbarheten inom en omgång, mellan omgångar, mellan partier, mellan operatörer, mellan instrument samt totalt bedömdes. Procentuell överensstämmelse beräknades för varje panelmedlem baserat på det förväntade resultatet för analysens SARS-CoV-2detektionskomponent. Procentuell variationskoefficient (% CV) beräknades från det cykliska kvantifieringsvärdet (C_q) som rapporterats för SARS-CoV-2-detektion. Resultat från repeterbarhets- och reproducerbarhetstest visas i **Tabell 12**.





Tabell 12. Repeterbarhet/reproducerbarhet av SARS-CoV-2-detekteringskomponenten i *PlexPCR*[®] SARS-CoV-2-analysen på CFX96 Touch[™] realtids-PCR-detekteringssystem

					SA	RS-CoV-2	2 – ORF1a	ıb						
			lnor köri	n en ning	Mellan	körning	Mella	n sats	Me anvä	llan ndare	Me instru	llan ument	То	talt
Panelmedlem	N	Medel-C _q	SD	% CV	SD	% CV	SD	% CV	SD	% CV	SD	% CV	SD	% CV
100 x LOD	108	19,18	0,27	1,5	0,41	2,2	0,65	3,4	0,85	4,4	0,17	0,9	1,14	5,9
50 x LOD	108	20,20	0,05	0,2	0,42	2,1	0,67	3,3	0,82	4,0	0,13	0,6	1,18	5,9
5 x LOD	108	22,78	0,37	1,7	0,45	2,0	0,41	1,8	0,72	3,2	0,28	1,2	1,19	5,2
					S	ARS-CoV	-2 – RdRp)						
			lnor köri	n en ning	Mellan	körning	Mella	n sats	Me anvä	llan ndare	Me instru	llan ument	То	talt
Prov-ID	N	Medel-C _q	SD	% CV	SD	% CV	SD	% CV	SD	% CV	SD	% CV	SD	% CV
100 x LOD	108	19,80	0,12	0,6	0,35	1,8	0,63	3,2	0,85	4,3	0,16	0,8	1,15	5,8
50 x LOD	ID N Medel-Cq SD LOD 108 19,80 0,12 .OD 108 20,73 0,22 .OD 108 23,18 0,39	1,1	0,22	1,1	0,67	3,2	0,85	4,1	0,18	0,9	1,23	5,9		
5 x LOD	108	23,18	0,39	1,7	0,24	1,0	0,53	2,3	0,61	2,6	0,07	0,3	1,09	4,7
					Interna	I Control	(Intern ko	ntroll)						
			lnor köri	n en ning	Mellan	körning	Mella	n sats	Me anvä	llan ndare	Me instru	llan ument	То	talt
Prov-ID	N	Medel-C _q	SD	% CV	SD	% CV	SD	% CV	SD	% CV	SD	% CV	SD	% CV
100 x LOD	108	20,34	0,24	1,2	0,51	2,5	0,28	1,4	0,23	1,1	0,06	0,3	0,79	3,9
50 x LOD	108	20,75	0,29	1,4	0,75	3,6	0,20	0,9	0,18	0,9	0,01	0,0	0,74	3,6
5 x LOD	108	20,98	0,26	1,2	0,76	3,6	0,11	0,5	0,12	0,6	0,05	0,2	0,69	3,3
Negativ	108	21,32	0,22	1,0	0,80	3,7	0,10	0,4	0,14	0,6	0,04	0,2	1,01	4,8

16.2.2 Analytisk sensitivitet

16.2.2.1 LightCycler® 480 Instrument II

SARS-CoV-2-stammen USA-WA1/2020 (ZeptoMetrix, NATtrol[™] SARS-CoV-2 Stock, kat.nr. NATSARS(COV2)-ST) användes som representativ stam för att bedöma detektionsgränsen (LoD) för *PlexPCR*[®] SARS-CoV-2-analysen med LightCycler[®] 480 Instrument II. Kvantifierade beredningar av positivt referensmaterial för SARS-CoV-2 späddes seriellt ut i negativa nasofarynxsvabbprover i VTM. Totalt 7 koncentrationsnivåer testades under flera dagar med två oberoende satser av *PlexPCR*[®] SARS-CoV-2-analysreagens för totalt 40 replikat per koncentration. LoD bestämdes med hjälp av logistisk regressionsanalys (Probit-modell) såsom den lägsta koncentrationen (uttryckt som kopior/mL) och genererade ett minimum av ≥ 95 % positiva replikat.

LoD-värdet (bestämt utifrån de data som visas i Tabell 13) var 764 kopior/mL (95 % CI: 565.69 - 1193.50 kopior/mL).





Tabell 13. LoD f	ör <i>PlexPCR®</i> SARS	S-CoV-2 analysen [∳]			
Positivt		SARS-CoV-2-	PlexF	PCR® SARS-CoV-2-re	sultat
referensmaterial	Stam	koncentration (genomer per mL)	Positiv	Totalt	% Positivt
		2500	40	40	100,00
		1875	40	40	100,00
		1250	40	40	100,00
SARS-CoV-2	USA-WA1/2020	625	36	40	90,00
		313	27	38*	71,05
		156	22	40	55,00
		78	10	40	25,00

[•] Motsvarande analytisk känslighet erhölls vid användning av CFX96-systemen

* För koncentrationen 312,5 kopior/mL rapporterades 2 replikat som ogiltiga av analysprogramvaran på grund av IC-fel och uteslöts således från analysen.

16.2.2.2 Arbetsflöde med MGISP-960 och LightCycler[®] 480 Instrument II

En studie genomfördes vid Queensland Pediatric Infectious Diseases Laboratory (QPID), South Brisbane, QLD, för att visa att den analytiska prestandan hos *PlexPCR*[®] SARS-CoV-2-analysen när prover extraheras med MGISP-960-instrumentet (MGI) med MGIEasy Nucleic Acid Extraction-kit (PID: 1000020471; MGI) motsvarar analysens analytiska prestanda när prover extraheras med MagNa Pure 96 Instrument (MP96) (Roche) med MagNA Pure 96 DNA och Viral NA Small Volume Kit (PID: 06543588001; Roche). Negativt referensmaterial bestod av poolade negativa nasofarynxsvabbar (NP) i virustransportmedia (VTM) tagna från SARS-CoV-2-negativa individer (FDA Emergency Use Authorization COVID-19 Molecular Diagnostic Template for Commercial Manufacturers). Positivt referensmaterial bestod av SARS-CoV-2 av stam USA-WA1/2020 (ZeptoMetrix, NATtrol[™] SARS-CoV-2-stam, kat. nr. NATSARS(COV2)-ST) som spetsats i negativ matris vid 2x LOD.

För varje MGIEasy Nucleic Acid Extraction-kit som testades, beräknades träffkvoten för korrekt identifierade prover. Resultaten sammanfattas i **Tabell 14**. Medelvärdet för Cq, standardavvikelsen och variationskoefficienten (%) för varje mål (ORF1ab, RdRp och IC) för varje extraktionskit beskrivs i **Tabell 15**. Den interna kontrollen (IC) var giltig för alla prover. Träffkvoten för varje MGIEasy Nucleic Acid Extraction-kit var ≥95 %, vilket bekräftar LOD för *PlexPCR*[®] SARS-CoV-2-analysen när den används med prover extraherade med MGISP-960-instrumentet (MGI).

Tabell 14. Träffkvot (%)) för prover extrahera	ade med MGISP-960			
		Extraktionskit 1		Extraktionskit 2	
Prov	Totalt antal replikat	Antal korrekt identifierade	Träffkvot	Antal korrekt identifierade	Träffkvot
		replikat	(%)	replikat	(%)
SARS-CoV-2 positiva prov (2X LOD)	30	30	100	30	100
SARS-CoV-2 negativa prov	60	60	100	60	100





Tabell 15. Sammanfa	attningstabell n	ned medelv	ärden för C	q, standardav	vikelser och	n %CV för a	lla mål.		
				Extra	aktionssats 1	I			
	ORF	1ab (465-510)	Rdl	Rp (533-580)		IC	C (533-610)	
Provtyp	Medel-Cq	SD	% CV	Medel-Cq	SD	% CV	Medel-Cq	SD	% CV
SARS-positiv	21,06	0,34	1,61	22,19	0,39	1,76	21,38	0,32	1,51
SARS-negativ							21,62	0,44	2,05
				Extra	aktionssats 2	2			
	ORF	1ab (465-510)	Rdl	Rp (533-580)		IC	C (533-610)	
Provtyp	Medel-Cq	SD	% CV	Medel-Cq	SD	% CV	Medel-Cq	SD	% CV
SARS-positiv	22,20	0,38	1,70	23,27	0,41	1,76	21,44	0,34	1,60
SARS-negativ							21,87	0,23	1,03





16.2.3 Analytisk specificitet

En panel med 20 mikroorganismer inklusive organismer som vanligen finns i mänskliga luftvägar, liksom de som är nära besläktade med SARS-CoV-2, utvärderades i syfte att bevisa korsreaktivitet i **PlexPCR®** SARS-CoV-2 -analysen. Denna studie utfördes på LightCycler® 480 Instrument II. En lista över testade organismer återfinns i **Tabell 16**. Organismer testades vid 1 x 10⁶ cfu/mL eller 1 x 10⁵ pfu/mL 10⁵ TCID₅₀ per mL, om inte annat anges, med alla utspädningar framställda i negativa nasofarynxsvabbar i VTM. Testning utfördes i tre omgångar i frånvaro av det positiva referensmaterialet (SARS-CoV-2). Inga positiva signaler genererades i **PlexPCR®** SARS-CoV-2 -analysen för något av dessa experiment i frånvaro av mål och det observerades ingen inverkan på analysens prestanda vid förekomst av höga koncentrationer av testad mikroorganism.

Tabell 16. Mikroorganismer testade för korsrea	aktivitet
Organismer	Testad koncentration
Mänskligt coronavirus 229E	5,00E+06 genomer/mL
Mänskligt coronavirus OC43	5,00E+06 genomer/mL
Adenovirus 1	1,00E+05 TCID₅₀/mL
Parainfluensavirus 3	1,00E+05 TCID₅₀/mL
Influensa A-virus	1,00E+05 PFU/mL
Influensa B-virus	1,00E+05 PFU/mL
Enterovirus A71	1,00E+05 TCID ₅₀ /mL
Respiratoriskt syncytialvirus A	1,00E+05 PFU/mL
Rhinovirus 17	1,00E+05 TCID₅₀/mL
Chlamydophila pneumoniae	1,00E+06 CFU/mL
Haemophilus influenzae	5,00E+06 genomer/mL
Streptococcus pneumoniae	1,00E+06 CFU/mL
Streptococcus pyogenes	1,00E+06 CFU/mL
Bordetella pertussis	1,45E+05 genomer/mL
Mycoplasma pneumoniae	1,00E+06 CFU/mL
Poolad mänsklig nässköljning	outspädd
Candida albicans	1,00E+06 CFU/mL
Pseudomonas aeruginosa	1,00E+06 CFU/mL
Staphylococcus epidermidis	1,00E+06 CFU/mL
Streptococcus salivarius	2,51E+08 genomer/mL

16.2.4 In silico-analysis

In silico-analys utfördes för att utvärdera potentialen för korsreaktivitet hos primrar och prober som ingick i *PlexPCR*[®] SARS-CoV-2analysen med ytterligare humana och icke-humana coronavirus. *PlexPCR*[®] SARS-CoV-2-analysen hade ingen förutsagd korsreaktivitet med icke-coronavirus eller andra humana coronavirussekvenser, baserat på en homologitröskel på >80 %.

Specificitet mot sekvenser som inte är coronavirus





ORF1ab- och RdRp-analysoligosekvenserna användes för att söka efter icke-coronavirussekvenser som nära matchade målområdet för att bedöma potentialen för korsreaktivitet. Ingen signifikant korsreaktivitet med icke-coronavirusorganismer observerades med någon av analysens oligonukleotider.

Specificitet mot andra coronavirus

BLAST-körningen med RdRp-analysamplikonet resulterade i 3 027 coronavirussekvenser. Vid analys med CLC Main Workbench 20.0.4 är de enda sekvenserna där analysoligonukleotider kan binda syntetiska SARS-CoV-2-konstruktioner och två coronavirussekvenser från fladdermöss (MN996532.1 och KP876546.1). Således observerades ingen korsreaktivitet med andra humana coronavirussekvenser.

BLAST-körningen med ORF1ab-analysamplikonet resulterade i 272 coronavirussekvenser. Vid analys med CLC Main Workbench 20.0.4 är de enda sekvenserna där analysoligonukleotider kan binda syntetiska SARS-CoV-2-konstruktioner. Således observerades ingen korsreaktivitet med andra humana coronavirussekvenser.

16.2.5 Inklusivitet

En sökning i databasen GISAID EpiCoV genomfördes 1 juni 2020. Det resulterande datasettet innehöll 24462 SARS-CoV-2-genomsekvenser för ORF1ab-analysen och RdRp-analysen.

För att påvisa inklusiviteten för **Plex**PCR[®] SARS-CoV-2-analysen kontrollerades GISAID EpiCoV oberoende med var och en av oligonukleotidprimrarna och proberna som ingick i analysen. Färre än 0,2 % av SARS-CoV-2-sekvenser i databasen (n >24 000 den 1:a juni 2020) hade fler än 1 icke-överensstämmelse med någon av de primrar och prober som ingår i **Plex**PCR[®] SARS-CoV-2-analysen. Kontinuerlig övervakning säkerställer fortsatt inkludering av nuvarande stammar och rapporterade varianter. Kontakta tech@speedx.com.au för mer information.

16.2.6 Potentiellt interferande substanser

Potentiellt interfererande endogena och exogena substanser som kan finnas i luftvägsprover bedömdes med avseende på deras inverkan på prestandan hos *PlexPCR*[®] SARS-CoV-2-analysen. Denna studie utfördes på LightCycler[®] 480 Instrument II. Alla substanser testades i tre omgångar under användning av negativa nasofarynxsvabbar i VTM vid förekomst och frånvaro av målet. Det framkom inga bevis för en negativ inverkan på analysens prestanda när konstruerade prover innehållande de potentiellt interfererande ämnena vid de angivna koncentrationerna testades. Resultaten sammanfattas i **Tabell 17.**

Tabell 17. Potentiellt interferande sub	ostanser i luftvägsprover
Potentiellt interfererande substans	Testkoncentration
Fenylefrin	15 % w/v
Beklometasondipropionat	5 % v/v
Zanamivir	3,3 mg/mL
Ribavirin	2 % w/v
Mupirocin	6,6 mg/mL
Tobramycin, aminoglykosidantibiotikum	4,4 µg/mL
Mentol	6,9 mg/mL

17 Kundtjänst och teknisk service

Kontakta teknisk service för frågor om reaktionsinställning, cykliska förhållanden och annat.

Tfn: +61 2 9209 4169, E-post: tech@speedx.com.au

18 Referenser

- 1. Novel Coronavirus (2019-nCoV) Situation Report 1, 21:a January 2020. Världshälsoorganisationen. Återfinns på: https://www.who.int/docs/default-source/coronaviruse/situation-reports/20200121-sitrep-1-2019-ncov.pdf.
- Naming the coronavirus disease (COVID-19) and the virus that causes it. Världshälsoorganisationen. Återfinns på: <u>https://www.who.int/emergencies/diseases/novel-coronavirus-2019/technical-guidance/naming-the-coronavirus-disease-</u> (covid-2019)-and-the-virus-that-causes-it.
- COVID-19 Dashboard by the Center for Systems Science and Engineering (CSSE) at Johns Hopkins University. Återfinns på: https://coronavirus.ihu.edu/map.html.





19 Bilaga 1: LightCycler[®] 480 Instrument II

Följande information är baserad på programvaran LightCycler 480 (version 1.5).

PlexPCR[®] SARS-CoV-2-kittet innehåller färgämnen för LightCycler[®] 480 Instrument II. *PlexPCR*[®] Colour Compensation-kit (kat.nr. 90001) måste köras och tillämpas för LC480 II-analys (se **avsnitt 19.3**). Detta kit kan erhållas på begäran.

19.1 Programmering av LightCycler[®] 480 Instrument II (LC480 II)

Detection Format (Detektionsformat)

Skapa ett anpassat Detection Format (Detektionsformat)

Öppna Tools (Verktyg) > Detection Formats (Detektionsformat)

Skapa ett nytt detektionsformat och ge det namnet "SpeeDx Plex PCR" (kan skapas när filen för SpeeDx färgkompensation skapas) (se Figur 2).

För Filter Combination Selection (Val av filterkombination), välj följande (Excitation-Emission):

			Tabell 18. Filter	kombinationer*		
LC480 II	440-488	465-510	533–580	533-610	533–640	618-660

[^]Dessa filterkombinationer är standardnamnen för kanalerna

Ställ in Selected Filter Combination List (Vald filterkombinationslista) för alla kanaler enligt följande:

Melt Factor (Smältfaktor): 1

Quant Factor (Kvantfaktor): 10

Max Integration Time (sec) (Max. integrationstid (s)): 1

Figur 2. Anpassat SpeeDx detektionsformat

Γ	Filt	er Co	mbir	natior	ı Se	lection					
				Em		ion					
	_				133						
	E		488	510	580	610	640	660			
	ĉ	440	M		1						
	i.	465		N	Г	Г	Г	Г			
	t			_	_	_	_	_			
	a t	498									
	i	533			ন	ম	ন	Г			
	0			_				_			
	n	618						<u> </u>			
										Clear	
Ľ									•		_
Г	Sel	lected	Filt	er Co	mbi	nation	List-				
	Ex	citatio	on E	missi	on	Name	M	lelt	Quant	Max Integration	on
		Filter		Filte	r		Fa	ctor	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	
1		618		660		618-660	1		10	1	

Instrument Settings (Instrumentinställningar)

Skapa ett anpassat Detection Format (Detektionsformat)

Öppna Tools (Verktyg) > Instruments (Instrument)

Under Instrument Settings (Instrumentinställningar) > välj Barcode Enabled (Streckkodsaktiverad)





Experiment setup (Konfigurera experiment)

Välj New Experiment (Nytt experiment)

Under fliken Run Protocol (Kör protokoll)

Under Detection Format (Detektionsformat) välj det anpassade formatet "SpeeDx PlexPCR" (Figur 3)

Välj Customize (Anpassa) >

Välj Integration Time Mode (Integrationstidläge) > Dynamic (Dynamiskt)

Välj följande aktiva Filter Combinations (Filterkombinationer) som visas i Tabell 19

Tabell 19. Kanal	er för <i>PlexPCR</i> ® S	ARS-CoV-2-mål	
Kanal	465-510	533–580	533-610
SARS-CoV-2	ORF1ab	RdRp	Internal Control (Intern kontroll)

4	140 499 (440 499)
	(10-100 (110-100)
✓ 4	465-510 (465-510)
✓ 5	33-580 (533-580)
✓ 5	33-610 (533-610)
5	33-640 (533-640)
6	318-660 (618-660)

Figur 3. Anpassa detektionsformat

Tilldela etiketter till brunnarna på plattan för att aktivera automatisk provdetektion i analysprogrammet (se avsnitt 21.4)

Öppna modulen Sample Editor (Provredigerare)

Välj brunn

Redigera **Sample Name (Provnamn)** så att det överensstämmer med etiketten som definierats i analysprogramvarans modul Assays (Analys) (se **avsnitt 21.4**)

Prover märkta *Prefix_Suffix* (såsom visas i **Tabell 20** och **Figur 4**) t.ex. NEG_CoV

OBS! Provetiketterna är skiftlägeskänsliga. Etiketten måste överensstämma exakt med de tilldelade i körfilen.

Tabell 20. Provetiketter för analysprogramvara									
Provtyp	Prefix_ (i analysprogramvaran)	Suffix_ (i analysprogramvaran)	Provnamn (i analysprogramvaran)						
Vanligt prov	Prov	_CoV	Sample_CoV						
Negativ kontroll	N	_CoV	N_CoV						
Positiv kontroll	Pa	_CoV	Pa_CoV						





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

Figur 4. Provredigerare – Tilldela etiketter till brunnar

Ställ in Reaction Volume (Reaktionsvolym) > 10µL

Skapa följande program (visas mer detaljerat i Figur 5 - Figur 9)

Tabell 21. Termocyklingsprogram									
Programnamn	Cycles (cykler)	Mål-°C	Hold (Pausad)	Ramphastighet (°C/s) [‡]	Ramphastighet (°C/s) [§]				
Omvänt transkriptas	1	48 °C	10 min	4,4	4,8				
Polymerase activation (Polymerasaktivering)	1	95 °C	2 min	4,4	4,8				
Touch down cycling		95 °C	5 s	4,4	4,8				
(Nedatgaende cykling) ^o : Step down (Stega ned) - 0,5 °C/cykel	10	61 °C – 56,5 °C ^δ	30 s	2,2	2,5				
Quantification cycling		95 °C	5 s	4,4	4,8				
(Kvantifieringscykling) [*] : Acquisition/Detection (Insamling/detektion)	40	52 °C⁺	50 s	2,2	2,5				
Cooling (Kylning)	1	40 °C	30 s	2,2	2,5				

* Standardramphastighet (96-brunnsplatta)

§ Standardramphastighet (384-brunnsplatta)

⁵ Stegstorlek: -0.5 °C/cykel, sek mål: 56 °C

+ Analysis mode (Analysläge): Quantification (Kvantifiering), Acquisition mode (Insamlingsläge): Enkelt

> Start Run (Starta körning)







Figur 5. Termocyclingsprogram – Omvänd transkription

LightCyc	ler® 480) Software rele	ase 1.5.1.62	2													-		×
Instrument:	Virtu	al LightCyc	ler 480 96	6 System	ll / Not Conn	ected						Database:	My Comp	outer (T	racea	ble)			Racha
Window:	Nev	v Experimer	nt								*	User:	System A	Admin					lioche
Experi-		Run Protocol					Data					Run	Notes					٦D	
ment	- Setup Detec	tion Format	SpeeDa	<pre>c PlexPC</pre>	R			•	Customize	Blo	ck Size 96	Pla	te ID	—	Rea	ction Vo	lume 10	Ð	ĽV
Subset	Color	Comp ID	, -				Lot No				,	Test ID	,					-	6=
									Progr	ams								1	
Sample	\square	Program I	lame											Cyc	les	Ana	lysis Mode		
	Ð	Reverse	Transcr	iption										1	-	lone		-	동공
		Polymera	se Acti	vation										1		None		-	
Analysis	Θ	Ouantifi	cation	ng Cycling										40		wone Duantif	ication	÷	(↔)
	\equiv	Cool Dow	n	-1										1		None		-	
Report	$\mathbf{\Sigma}$														-			_	
Ľ.								Damage	Torontation	•									
	\sim	Target	(°C)	Acqui	eition Mode		Hold (b)	Reverse	Ramp Pate /	°C/e)	Acquisition	e (por °C) S	oc Target (°C1 St	an Siz	P(C)	Stop Dolay		لتت
Sum.		rarger	()	Acqui	sition mode		noid (iii	1.11111.55/	Kamp Kate (Cisj	Acquisition	s (per c) 3	ec larger (C) 30	sp 312	B (C)	(cycles)		
\square	Ð	48	÷1	None		v 00	0:10:00		4.4	÷		÷0		0		÷ 0)	$\overline{\mathbf{v}}$
																			Ë
	$ \ge $																		(\mathbf{X})
	$\mathbf{\sim}$																		

Figur 6. Termocyklingsprogram – Polymerasaktivering

J LightCy	cler® 480	Software relea	ase 1.5.1.6	2											-		×
Instrument	: Virtu	al LightCyc	ler 480 9	6 System I	/ Not Conne	ected					Database:	My Compute	er (Trace	able)			Roche
Window:	New	v Experimen	nt							•	User:	System Adm	in				
Experi-			Run Pro	tocol				Data				Run No	tes				÷)
ment	Detect	tion Format	SpeeD	x PlexPCF	1			Customize	Block	Size 96	Plat	te ID	R	eaction Vo	olume 10	Ð	
Subset Editor	Color	Comp ID				Lot	No				Test ID					_	୲
$ \longrightarrow $								Progra	ams								
Sample		Program M	lame										Cycles	Ana	alysis Mode		~문~
	A	Reverse	Transcr	iption								1	-	None		-	몽몽
		Polymera	se Acti	vation								1	-	None			
Analysis	Θ	Quantifi	n Cycli	Cycling								10		None	ication	÷	(↔)
\equiv	ö	Cool Dow	n	cycring								10	-	None	1000101	-	$\mathbf{\nabla}$
Report	$\mathbf{\nabla}$																
							Data		•	.							
		Target	(°C)	Acquir	ition Mode	Hal	Polyme	Pamp Pate /		ature large	ets	on Target (°C)	Stop Si	70 (%)	Stop Dolou		Ē
Sum.		larget	(-C)	Acquis	ition mode	по	a (nn:mm:ss)	катр кате (C/S) A	Acquisitions	(per C) S	ec larget (°C)	step si	ze (°C)	(cycles)		$\mathbf{\Lambda}$
	(U)	95	÷	None		• 00:02	:00	÷4.4	÷		÷ 0	÷	0	÷ 0		-	
																-	
																	\bigotimes
																	S





Figur 7. Termocyklingsprogram – Nedåtgående cykling

J LightCyc	cler® 480	Software relea	se 1.5.1.6	52								-		×
Instrument	: Virtu	al LightCycl	er 480 9	6 System II / Not Conne	ected			Databas	e: My Compute	er (Trace	able)			(Persta)
Window:	New	Experiment	t				<u>·</u>	User:	System Adm	in				Roche
Experi-		I	Run Pro	otocol		Data			Run No	otes				- <u>5</u>])
ment	- Setup- Detect	ion Format	Speel	x PlexPCR		Customize	Block Size	96 P	late ID	R	eaction Volu	ıme 10 📑	Ξ	Ľ
Subset Editor	Color (Comp ID			Lot No			Test ID						6
\square						Progr	ams							
Sample	\Box	Program N	ame							Cycles	Anal	ysis Mode		~문~
	(\mathbf{A})	Reverse T	ransc	ription					1		None		•	몽몽
		Polymeras	e Act	ivation					1		None		-	
Analysis	ΘĽ	Touchdown	Cycl	ing					10		None		-	(A)
	\cong	Quantific	ation	Cycling					40	:	Quantifi	cation	-	
		COOL DOWN							1		INONE		-	
Report														
\equiv					Tou	ichdown Cycling T	emperature	Targets						
Sum.		Target (°C)	Acquisition Mode	Hold (hh:mm:s	s) Ramp Rate	°C/s) Acqui	sitions (per °C)	Sec Target (°C)	Step Si	ze (°C)	Step Delay (cycles)		$\overline{\mathbf{A}}$
	$(\mathbf{\Phi})$	95	÷	None	▼ 00:00:05	4.4	÷	÷	0 🕂	0	÷ 0		÷	$\overline{\mathbf{v}}$
	$\overline{\frown}$	61	÷	None	00:00:30	2.2	÷		56 🕂	0.5	÷ 0		÷	Ì
														\odot
														\odot
	$\mathbf{}$													



LightCyc	:ler® 480	Software release 1.5.1.	52								-		×
Instrument:	Virtu	al LightCycler 480	96 System II / Not Connec	cted			Database: I	My Computer	(Trace	able)			Racha
Window:	New	Experiment				•	User:	System Admi	n				Inocite
Experi-		Run Pre	otocol		Data			Run Note	B S				٦Ì
ment	- Setup Detect	ion Format Speel	x PlexPCR		Customize	Block Size 96	Plate	ID	Re	action Vol	ume 10 -	3	
Subset Editor	Color (Comp ID		Lot No			Test ID						6
\equiv					Program	ns							
Sample	\frown	Program Name						C	ycles	Ana	lysis Mode		모
Editor	A	Reverse Transc	ription					1	-	None		•	몽공
		Polymerase Act	ivation					1		None		-	
Analysis	Θ	Touchdown Cycl	ing					10	*	None		-	(45)
	S r	Quantification	Cycling					40	-	Vone	lcation	÷	W
	\mathbf{v}	COOL DOWN						1	•	None		-	_
кероп													
\equiv				Quantific	cation Cycling Te	emperature Target	s						
Sum.		Target (°C)	Acquisition Mode	Hold (hh:mm:ss)	Ramp Rate (°C	(/s) Acquisitions	(per °C) Sec	Target (°C)	Step Si	ze (°C)	Step Delay (cycles)		$\overline{}$
	٠Ð	95	None	• 00:00:05	4.4	-	÷ 0	÷0		0	(0)01000	÷	$\langle \rangle$
		52	Single	00:00:50	2.2	÷	0	10		0		Ð	
													3
													S.





Figur 9. Termocyklingsprogram – Kylning

LightCy	480 Software release 1.5.1.62	
Instrument	irtual LightCycler 480 96 System II / Not Connected Database: My Computer (Traceable)	Roche
Window:	Vew Experiment User: System Admin	
Experi-	Run Protocol Data Run Notes	_
	tection Format SpeeDx PlexFCR Customize Block Size 96 Plate ID Reaction Volume 10	3
Subset Editor	lor Comp ID Test ID Test ID	
Sample	Programs	
Editor	Reverse Transcription 1 + None	- 5 ² 3
Analysis	Polymerase Activation 1 None Touchdown Cycling 10 None	÷
	Quantification Cycling 40 Quantification	· 🚱
Report		
\square	Cool Down Temperature Targets	
Sum.	Target (*C) Acquisition Mode Hold (nn:mm:ss) Kamp Kate (*C)s Acquisitions (per *C) Sec Target (*C) Step Delay (cycles)	- E
	• 40 anone ● 00:00:30 a2.2 a ■ 0 • 0 • 0	
		\otimes
		_ L
	Overview	
		55
	403 00	
	0.00:00 0.10:14 0.21:43 0.33:14 0.44:43 0.56:12 1.07:41 1:19:09 1:30:38 1:42:07 Estimated Time (h:mm:ss)	,
	Apply	
<u> </u>		\bigcirc
$\underline{\wedge}$?

När cyklingsprogrammet har avslutats, exportera en .ixo-fil för analys i analysprogramvaran PlexPCR® SARS-CoV-2 (LC480).

Välj Export (Exportera)

Spara på en lätt identifierbar plats

19.2 Konfigurera en Macro Template (makromall) för LightCycler[®] 480 Instrument II

Tolkning av data kan utföras med den inbyggda programvaran i LC480 II genom att använda en Macro Template med nedanstående validerade parametrar. För ytterligare hjälp, kontakta <u>tech@speedx.com.au</u>.

Inställningar för Macro Template

Välj en körfil med cyklingsparametrarna för SpeeDx PlexPCR

Välj Analysis (Analys) > Abs Quant/Fit Points > ändra namnet till Abs Quant/Fit Points_465-510_ORF1ab > Ok





Figur 10. Abs Quant/Fit Points - 465-510 ORF1ab

Experi-	Analyses Overview		
ment	Create New Analysis	Create new analysis	
Subset Editor Sample Editor	Abs Quant/2nd Derivative Max Abs Quant/Fit Forms Revenced Relative Quantification Basic Relative Quantification Color Compensation Endpoint Genotyping	Analysis Type * Abs Quant/Fit Points Subset * All Samples Program * Quantification cycling Name * Abs Quant/Fit Points 465-510 ORFIable	-
Analysis Report Sum.	Melt Curve Genotyping Tm Calling	I I	

Välj Filter Comb 465 - 510 (Filterkomb. 465 - 510)

Tillämpa Colour Compensation (Färgkompensation) för alla kanaler > Ok

Välj fliken Cycle Range (Cykelintervall)> Background settings (Bakgrundsinställningar) > ändra Min Offset och Max Offset > Ok

Figur 11. Bakgrundsinställningar - 465-510 ORF1ab

	Background Settings			
	Min Offset 1	Min Position	2	
	Max Offset 7	Max Position	8	
Välj fliken Analysis (Analys) c	ch se till att följande inställr	ning är vald	Threshold (Auto)	
			Noiseband	

Välj fliken Noise Band (Brusband) och se till att följande inställning är vald

Klicka på Calculate (Beräkna) (om en provkurva har korsat bakgrundsregionen visas följande meddelande (Figur 12); användaren måste späda och testa provet igen) > Ok för att fortsätta analysen

Figur 12.	Varningsmed	delande om	brusband
-----------	-------------	------------	----------

LightCycler® 480 ×	
Some samples exceed the noiseband value in the background calculation region.	
\bigcirc	

Välj Save As Template (Spara som mall) med hjälp av mappen Templates (Mallar) > Analysis Templates (Analysmallar) och inkludera kanalen och målet i namnformatet > Ok





Figur 13. Spara analysmall Abs Quant/Fit Points - 465-510 ORF1ab

	Save Template	
	Root System Admin Experiments Macros Preferences Special Data Templates Report Templates Run Templates Sample Templates Subset Templates Subset Templates	~
	Name Abs Quant/Fit Points_465-510_ORF1ab	08
Klicka på ikonen	för att spara analysparameterinställningarna för kanalen	
Klicka på ikonen	för att skapa en ny analys	

Välj Abs Quant/Fit Points > ändra namnet till Abs Quant/Fit Points_533-580_RdRp > Ok

Create new analysis Analysis Type * Abs Quant/Fit Points • • Subset * All Samples Ŧ * Quantification cycling Program Name * Abs Quant/Fit Points_533-580_RdRp 1 2 3 4 5 6 7 8 9 101112131415161718192021222324 T B ¢ G ĸ M 0 P + 1 \oslash

Figur 14. Abs Quant/Fit Points 533-580 RdRp

Välj Filter Comb 533 – 580

Tillämpa Colour Compensation (Färgkompensation) för alla kanaler > Ok

Välj fliken Cycle Range (Cykelintervall)> Background settings (Bakgrundsinställningar) > ändra Min Offset och Max Offset >

Ok





Figur 15 Bakgrundsinställningar - 533-6580 RdRp

	Background Settings
	Min Offset 1 Min Position 2 Max Offset 7 T Max Position 8
	0
Välj fliken Analysis (Analys) o	ch se till att följande inställning är vald
Välj fliken Noise Band (Brusba	and) och se till att följande inställning är vald

Klicka på Calculate (Beräkna) (om en provkurva har korsat bakgrundsregionen visas följande meddelande (Figur 16); användaren måste späda och testa provet igen) > Ok för att fortsätta analysen

Figur 16. Varningsmeddelande om brusband

LightCycler® 480	×
Some samples exceed the noiseband calculation region.	value in the background

Välj Save As Template (Spara som mall) med hjälp av mappen Templates (Mallar) > Analysis Templates (Analysmallar) och inkludera kanalen och målet i namnformatet > Ok

	Sava Tamplata	
	Save remplate	
	😑 💼 System Admin	^
	Experiments	_
	Macros	
	Templates	
	Analysis Templates	
	- Report Templates	
	Sample Templates	
	Subset Templates	
		~
	Name Abs Quant/Fit Points_533-580_RdRp	
		0
Í		
Klicka på ikonen	för att spara analysparameterinställningarna för kanalen	
Klicka på ikonen	för att skapa en ny analys	
Valj Abs Quant/Fit	it Points > andra namnet till Abs Quant/Fit Points_533-610_IC > Ok	

Figur 17. Spara analysmall Abs Quant/Fit Points - 533-580 RdRp





Figur 18. Abs Quant/Fit Points 533-610 intern kontroll

Create new analysis	
Analysis Type * Abs Quant/Fit Points	•
Subset * All Samples	•
Program * Quantification cycling	•
Name * Abs Quant/Fit Points_533-610_IC	
1 2 3 4 5 6 7 8 9 10 11 12	×
	\odot

Välj Filter Comb 533 – 610

Välj fliken Cycle Range (Cykelintervall)> Background settings (Bakgrundsinställningar) > ändra Min Offset och Max Offset > Ok

Figur 19. Bakgrundsinställningar – 533-610 intern kontroll

	Background Settings
	Min Offset 1 - Min Position 2
	Max Offset 7 - Max Position 8
Välj fliken Analysis (Analys) o	ch se till att följande inställning är vald
Välj fliken Noise Band (Brusba	and) och se till att följande inställning är vald
Klicka på Calculate (Beräkna)	

Välj Save As Template (Spara som mall) med hjälp av mappen Templates (Mallar) > Analysis Templates (Analysmallar) och inkludera kanalen och målet i namnformatet > Ok





Figur 20. Spara Analysmall Abs Quant/Fit Points - 533-610 Intern kontroll

Save Template	
System Admin Experiments Macros Preferences For Special Data For Templates Report Templates Sample Templates Sample Templates Subset Templates	^
Name Abs Quant/Fit Points_533-610_IC	

Välj fliken Summary (Sammanfattning) > Save As Macro (Spara som makro)> Current colour compensation choices (Nuvarande färgkompensationsval)



Figur 21. Välja färgkompensationstyp

Denna Macro template kommer nu att vara tillgänglig att välja när du konfigurerar en körning.

Konfigurera Macro Template

Välj New Experiment from Macro (Nytt experiment från makro)



Figur 22. Välja Nytt experiment från makro





Välj filen i mappen Macros > Ok

Figur 23. Välja Makromall

	Create Experiment from Macro		
	Name	△ Location	Creation date
l	SARS-CoV-2 Run + Analysis Macro	/Speedx/Macros	11/17/2021 1:52:51 PM
	J		
	Plate ID		ଭିଭ
T	,		

Sätt i den förberedda PCR-plattan när följande meddelande visas > Ok och körningen börjar automatiskt

Figur 24. Meddelande om att föra in platta



Fortsätt med att använda **Subset Editor** (Undergruppsredigerare) och **Sample Editor** (Provredigerare) för att säkerställa lämplig märkning av resultatet





19.3 Colour Compensation (Färgkompensation) för LightCycler® 480 Instrument II

OBS! *PlexPCR*[®] Colour Compensation-kit (kat. nr. 90001) måste köras och tillämpas för LC480 II-analys. Detta kit kan erhållas på begäran.

För att gå vidare med analysen måste provnamnet på färgkompensationsreaktionerna märkas, så som visas i **Tabell 22**.

När cyklingsprogrammet har avslutats, exportera en .ixo-fil för analys i analysprogramvaran PlexPCR® SARS-CoV-2 (LC480).

Välj Export (Exportera)

Spara på en lätt identifierbar plats

Tabell 22. Provnamn för färgkompensationsreaktioner för analysprogramvaran							
	Reaktioner						
BLANK 488- (TOM) blandning 510 mix (510- blandning) 580 mix (580- blandning) 610 mix (610- blandning) blandning) blandning) blandning)							660 mix (660- blandning)
Dominant Channel (Dominant kanal)	Water (Vatten)	440-488	465-510	533–580	533-610	533–640	610-660
Sample Name (Provnamn)	BLANK (TOM)	440-488	465-510	533–580	533-610	533–640	610-660

19.4 Tolkning av resultat

Tolkning av data kan utföras med hjälp av den inbyggda programvaran i LC480 II eller analysprogramvaran *PlexPCR***®** SARS-CoV-2 (LC480). Analysprogramvaran *PlexPCR***®** SARS-CoV-2 (LC480) kan erhållas på begäran. Kontakta <u>tech@speedx.com.au</u> för mer information.

För tolkning av data utan analysprogramvaran *PlexPCR***[®]** SARS-CoV-2 (LC480) måste varje prov analyseras individuellt. Se **Tabell 23** för information om hur signalerna från olika filterkombinationer ska tolkas.

Varje Cp som registreras inom Cut-off, med visuell bekräftelse av amplifieringskurvan, är ett positivt resultat (**Tabell 23**). Exempel på amplifieringskurvor visas i **Figur 25**.

Obs! NTC-provet ska inte skapa en signal i någon brunn:

→ Resultatet är OGILTIGT och PCR ska GÖRAS OM.

Internal Control (Intern kontroll)

Den interna kontrollen övervakar extraktion och PCR-hämning. Den interna kontrollen är giltig om 533-610-kanalen registrerar ett Cp inom Cut-off (**Tabell 23**). Det kan dock vara möjligt att ha en positiv signal för vilken målanalys (ORF1ab eller RdRp) som helst när den interna kontrollen är negativ. För sådana prover tolkas förekomsten av målet fortfarande som ett giltigt resultat.

Obs! För prover där målanalyserna är negativa och den interna kontrollanalysen också är negativ:

→ Resultatet är OGILTIGT och extraktionen och PCR ska GÖRAS OM.





Tabell 23. Tolkning av resultat (LC480 II)					
		Mål			
Tolkning	ORF1ab (465-510)	RdRp (533-580)	Intern kontroll (533-610) ^		
SARS-CoV-2 detekterat	< 31	EJ TILLÄMPLIGT	EJ TILLÄMPLIGT		
SARS-CoV-2 detekterat	EJ TILLÄMPLIGT	< 31	EJ TILLÄMPLIGT		
SARS-CoV-2 ej detekterat. IC- giltig.	≥ 31	≥ 31	≤ 26		
IC ogiltig. Återextrahera och testa provet på nytt.	≥ 31	≥ 31	≥ 26		

^Om den interna kontrollen är negativ men en målanalys är positiv så är resultatet fortfarande giltigt.

Figur 25. Exempel på amplifieringskurvor för A) ORF1ab, B) RdRp, C) Intern kontroll. (Positiv (röd) och Negativ (grön)).



Se Bilaga A: Tolkning av resultat för bruksanvisning för analysprogramvaran PlexPCR[®] SARS-CoV-2 (LC480).





20 Bilaga 2: Bio-Rad CFX96[™] Dx och CFX96 Touch[™] realtids-PCR-system

Följande information är baserad på CFX Manager Dx-programvara (version 3.1).

PlexPCR[®] SARS-CoV-2-kittet innehåller färgämnen för CFX96 Dx-systemet. Standardfärgkalibreringar används för alla kanaler. Anpassad kalibrering krävs inte.

20.1 Programmering av CFX96[™] Dx och CFX96 Touch[™] realtids-PCR-detekteringssystem (CFX96 Dx, CFX96 Touch)

Välj View (Vy) > öppna Run Setup (Körkonfiguration)

I Run Setup (Körkonfiguration) > fliken Protocol (Protokoll) > välj Create New (Skapa nytt)

| Protocol Editor (Protokollredigerare) (se Figur 26):

Ställ in Sample Volume (Provvolym) > 10 µL

Skapa följande termocyklingsprogram och spara som "SpeeDx PCR". Detta protokoll kan väljas för framtida körningar.

För Touch down cycling (Nedåtgående cykling) välj Step 3 (Steg 3) och sedan **Step options (Stegval)** > Increment (Inkrement): -0,5 °C/cykel visas mer detaljerat i **Figur 27**).

Tabell 24. Termocyklingsprogram				
Program name (Programnamn)	Cycles (cykler)	Mål-°C	Hold (Pausad)	
Omvänt transkriptas	1	48 °C	10 min	
Polymerase activation (Polymerasaktivering)	1	95 °C	2 min	
Touch down cycling (Nedåtgående		95 °C	5 s	
Step down (Stega ned) -0,5 °C/cykel	10	61 °C – 56,5 °C ^ŏ	30 s	
Quantification cycling	40	95 °C	5 s	
(Kvantifieringscykling)*: Acquisition/Detection (Insamling/detektion)	40	52 °C⁺	50 s	

⁵ Step options (Stegval) > Increment (Inkrement): -0,5 °C/cykel

+ Lägg till plattavläsning till steg





Protocol Editor - New		×
File Settings Tools		
🔠 🚔 Insert Step After	→ Sample Volume 10 µl Est. Run Time 01:42:00 ?	
1 2	3 4 5 6 7 8	
95.0 C 2:00 48.0 C 10:00	95.0 C 0:05 61.0 C 0:30 0:30 0:30 0:05 0:05 52.0 C 0:05 52.0 C 0:05	E N D
Insert Step	1 48.0 C for 10:00	
Insert Gradient	→ 3 95.0 C for 0.05 4 61.0 C for 0.05 Decrement temperature by -0.5 C per cycle	_
Insert GOTO		
Insert Melt Curve	+ Plate Read 8 GOTO 3, 39 more times	_
Add Plate Read to Step	END	
인데 Step Options		
	OK Care	el

Figur 26. Thermocycling Protocol (Termocykelprotokoll) - Graphical view (Grafisk vy)



Step Options			×
Step 4	Dista Daad		Gradient
Temperature		A	
Gradient	°C	C	
Increment	-0.5 °C/c	vde D	
Ramp Rate	°C/s	ec E	
Time	0:30 sec/	cyde F	
Extend	sec/	cycle G	
	Веер	Н	
		OK	Cancel

| Run Setup (Körkonfiguration) > fliken Plate (Platta)

Välj Create New (Skapa ny)

Välj Settings (Inställningar) > Plate Type (Plattyp) > välj BR Clear (BR rensa)

Ställ in **Scan mode (Skanningsläge)** > All channels (Alla kanaler)

Välj Fluorophones > FAM, HEX, Texas Red (se Tabell 25)

Välj brunnar som innehåller prover och tilldela **Sample Type (Provtyp)** och kontrollera **Load (Laddning)** avseende fluoroforer (FAM, HEX, Texas Red)

Save plate (Spara platta)





Tabell 25. Kanaler för <i>PlexPCR[®]</i> SARS-CoV-2-mål									
Kanal FAM HEX Texas Red									
SARS-CoV-2	ORF1ab	RdRp	Internal Control (Intern kontroll)						

| Run Setup (Körkonfiguration) > fliken Start Run (Starta körning)

Välj block

Start Run (Starta körning)

Tilldela etiketter till brunnarna på plattan för att aktivera automatisk provdetektion i analysprogrammet.

Öppna modulen Plate Setup (Plattinställning)

Välj brunn

Redigera Sample Name (Provnamn) så att det överensstämmer med etiketten som definierats i analysprogramvarans modul Assays (Analys) (se avsnitt 21.4)

Prover är märkta Prefix_Suffix (såsom visas i Tabell 26 och Figur 28) t.ex. NEG_CoV

OBS! Provetiketterna är skiftlägeskänsliga. Etiketten måste överensstämma exakt med de tilldelade i körfilen.

Tabell 26. Provetiketter för analysprogramvara								
Provtyp	Prefix_ (i analysprogramvaran)	Suffix_ (i analysprogramvaran)	Provnamn (i analysprogramvaran)					
Vanligt prov	Prov	_CoV	Sample_CoV					
Negativ kontroll	Ν	_CoV	N_CoV					
Positiv kontroll	Pa	_CoV	Pa_CoV					



Figur 28. Provredigerare – Tilldela etiketter till brunnar

20.2 Tolkning av resultat med inbyggd CFX-programvara

Tolkning av data kan göras med den inbyggda CFX-programvaran genom att använda de validerade parametrarna nedan. För ytterligare hjälp, kontakta <u>tech@speedx.com.au</u>.

Välj en körfil med cykelparametrarna för SpeeDx PlexPCR





Se till att inga andra kanaler har valts, förutom de som anges i Tabell 25.

Klicka på Settings (Inställningar) > Cq Determination Mode (Cq-fastställandeläge) och välj Single Threshold (Enkelt tröskelvärde) (Figur 29)



Figur 29. Inställningar för Cq Determination Mode (Cq-fastställandeläge)

Klicka på Settings (Inställningar) > Baseline Setting (Baslinjeinställning) och välj Baseline Subtracted Curve Fit (Kurvanpassning baslinje subtraherad) och aktivera Apply Fluorescence Drift Correction (Tillämpa fluorescensdriftkorrigering) (Figur 30)





Figur 30. Baslinjeinställningar

n Da	ata Analy	sis - 2107	14 PF031	Touch2.p	ocrd																_	[-	×
File	View	Setting	s Expo	ort Too	ls												6	Plat	e Setup	-	Flu	oropho	re 🗸	?
	Quantifica	Co # Ba	q Determ seline Se	ination M tting	lode	•	ession	end End	Point	Allela	c Discrimir	ation 🗧	÷	Custom Da	ata View	Į) QC	ł	Run Inf	formati	ion			
		🛃 Ar	nalysis M	ode		•	В	aseline Su	ubtracted	4														
	f	C)	cles to A	nalyze			✓ B	aseline Su	ubtracted	d Curve Fi	it													
Ι,	2000 ±	Ba	seline Th	reshold			A	pply Fluc	prescence	e Drift Co	rrection			No	wells des	iona	ad as 1	Samo	le Tune et	andar	4			
-	1	🔍 Tra	ace Styles					(_	1.0					Wend Ged	ignu		Jump	ne type au	undure				
1	500 ±	tà Pl	ate Setup			•	17			~														
<u> </u>	Ŧ	In	clude All	Excluded	Wells																			
₩_1	1000 ±	~ M	ouse Hig	blighting			11/			1														
Ш.	Ŧ	Re	store De	fault Wind	dow Lavo	ut	//			1														
	500 ±				1		/			1														
	T I									-														
	۰±				1.4					1														
	۲.						+ +																	
	U		10		Cvcl	es	30			a Scale														
						7.0				y ocuro			_											_
	M M	HEX 🗠] Texas R	ed 📋	Cy5	_ Quasar	705														Step	Number:	7	\sim
	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12		Well 👌	Fluor	Δ	Target	\$	Content	\diamond	Sample	◊ C	• •	
A	Unk	Unk	Unk	Unk	Unk	Unk	Unk	Unk	Unk	Unk	Unk	Unk	L	E01	HEX				Unkn				6.01	
	Link	Unit	Unit	Unit	Units	Units	Units	Units	Units	Unit	Units	Units	1	E02	HEX				Unkn				21.19	
в	Unk	Unk	Unk	UNK	UNK	UNK	UNK	UNK	UNK	UNK	UNK	UNK		E03	HEX				Unkn			-	23.36	
с	Unk	Unk	Unk	Unk	Unk	Unk	Unk	Unk	Unk	Unk	Unk	Unk	L	E04	HEX				Unkn				N/A	
	Link	Link	Link	Link	Link	Link	Link	Unk	Link	Link	Unk	Uak	1	E06	HEX				Unkn				N/A	
	UNK	UNK	UNK	UIIK	UIIK	UIIK	UIIK	UNK	UNK	UNK	UNK	UNK	4	E07	HEX				Unkn				N/A	
E	Unk	Unk	Unk	Unk	Unk	Unk	Unk	Unk	Unk	Unk	Unk	Unk		E08	HEX				Unkn				N/A	
r.	Link	Link	Link	Link	Unk	Link	Unk	Unk	Link	Link	Link	Link	1	E09	HEX				Unkn				N/A	
·	Опк	Опк	Опк	UNK	UNK	UNK	UNK		Опк	Опк	Опк	ОПК		E10	HEX				Unkn				N/A	
G	Unk	Unk	Unk	Unk	Unk	Unk	Unk	Unk	Unk	Unk	Unk	Unk		E11	HEX				Unkn				N/A	
	Link	Unk	Unk	Link	Unk	Link	Link	Unk	Link	Unk	Unk	Unk	1	E12	HEX				Unkn				N/A	
	UNK	Unk	Unk	UNK	Unk	Unk	Unk	OUK	Unk	Unk	UNK	Onk		F01	HEX				Unkn			- L.	6.09	-
Comp	Completed Scan Mode: All Channels Plate Type: BR Clear Baseline Setting: Baseline Subtracted Curve Fit																							

Välj fliken End Point (Slutpunkt) för att se slutpunkternas fluorescensvärden och välj FAM-fluorophore och notera "Highest RFU value" (Högsta RFU-värdet) (Figur 31)

n Da	ita Anal	ysis - 2	10714 P	F031 To	uch2_t	agged_l	Manua	I_Thresh	old.pc	rd								-	0 X
File	View	Setti	ngs	Export	Tool	s										🐏 Plate S	etup 🕶 🧲	Fluoroph	ore 🗸 ?
	Quantific	ation	a 🖓	uantifical	tion Data		Gene	Expressi	on 🖭	🖭 End	Point	🔛 Alle	ic Discrimina	tion 🔐	Custom Data Vie	w 실 QC	Run In	formation	
Setting	as rophore:		-	AM		~						<u> </u>	Well	△ Fluor	🛇 Content 🛇	Sample 👌	End RFU ♦	Call 👌	
End	Cucles	To Aver	- 	7 4 1		-							A01	FAM	Unkn		4.40	_	
		io / wen	190. J			•							A02	FAM	Unkn		1336	(+) Positive	
	RFUS December	(D	۲ ۱	ercent o	of Kange	•							A03	FAM	Unkn		1308	(+) Positive	
	rercent o	or mange	• Ľ	0.0		•							A04	FAM	Neg Ctrl		9.26		
Result	ts ant DEU		1.04										A12	FAM	NTC		-1.04		
High	est RFU	value.	-1.04										B01	FAM	Unkn		6.13		
Neg	ative Co	ntrol Av	1473 arage:	7.65									B02	FAM	Unkn		1422	(+) Positive	
Cut	Off Value	nuor Av	ciaye.	7.00									B03	FAM	Unkn		1365	(+) Positive	
		5. 104											B04	FAM	Neg Ctrl		6.91		
	B12 FAM NTC 0.294																		
	C01 FAM Unkn 5.73										=								
	C02 FAM Unkm 1337 (+) Positive																		
	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	C03	FAM	Unkn		1347	(+) Positive	
													C04	FAM	Neg Ctrl		6.48		
A	Unk	Unk	Unk	Neg								NTC	C12	FAM	NTC		2.52		
												170	D01	FAM	Unkn		6.66		
В	UNK	Unk	UNK	iveg								NIC	D02	FAM	Unkn		1324	(+) Positive	
6	Link	Link	Link	Nee								NTC	D03	FAM	Unkn		3.95		
	UIIK	UIIK	Ulik	Iveg								NIC	D04	FAM	Pos Ctrl		1333	(+) Positive	
D	Link	Link	Link	Pos									E01	FAM	Unkn		7.50		
		Unix.		103									E02	FAM	Unkn		1253	(+) Positive	
E	Unk	Unk	Unk	Pos									E03	FAM	Unkn		1351	(+) Positive	
													E04	FAM	Pos Ctrl		1354	(+) Positive	
F	Unk	Unk	Unk	Pos									F01	FAM	Unkn		9.07		
													F02	FAM	Unkn		1198	(+) Positive	
G	Unk	Unk	Unk										F03	FAM	Unkn		1473	(+) Positive	
													F04	FAM	Pos Ctrl		1419	(+) Positive	
н	Unk	Unk	Unk										G01	FAM	Unkn		1218	(+) Positive	-
	I IIIII FAM HEX Texas Red																		
Compl	Completed Scan Mode: All Channels Plate Type: BR Clear Baseline Setting: Baseline Subtracted Curve Fit																		

Figur 31. Notera det "Högsta RFU-värdet"





Gå tillbaka till fliken Quantification (Kvantifiering) och avmarkera fluoroforerna HEX och Texas Red. Välj sedan Settings (Inställningar) > Baseline Threshold (Baslinjetröskelvärde) (Figur 32)



Figur 32. Kontrollera baslinjetröskelvärdet för varje kanal

Aktivera **Baseline Cycles** (Baslinjecykler) > **Auto Calculated** (Automatiskt beräknade) för alla brunnar och **Single Threshold** (Enkelt tröskelvärde) > **User Defined** (Användardefinierad) > ändra värdet till **10 %** av det **"Högsta RFU-värdet"** för den kanalen enligt vad som fastställts med **Figur 31**. *Detta steg måste utföras med en vald kanal i taget* (**Figur 33**)







Figur 33. Inställningar för baslinjetröskelvärde

Upprepa stegen från Figur 31 till Figur 33 för HEX-kanalen och Texas Red-kanalen. Notera att dessa steg måste utföras med en vald kanal i taget

20.3 Exportera resultat från inbyggd analys

Välj Export > Custom Export (Anpassad export) (Figur 34)

För resultat i form av en fil med kommaavgränsade värden (.csv)

För resultat i form av en tabbavgränsad textfil (.txt)





Figur 34. Exportera resultat

// D	ata Analy	sis - 2107	14 PF031	Touch2.p	ocrd								_								-	[2	×
File	View	Setting	Ехро	rt Too	ls											(P 🔐	late S	Setup ·	-	Flue	oropho	re 🗸	?
	Quantifica	tion		Export A Export R	ll Data Sh DML File	eets) n	ee End	d Point	Li: Alleli	c Discrimir	nation	*	Custom D	ata View	1	QC	e	Run Info	ormation				
			-2	Custom	Export					1 in 1														
	F		6	Export to	LIMS Fo	lder	-		-	. 🔊														
:	2000 I.													No	wells desi	ignated	d as Sa	ample	Type sta	ndard.				
	ŧ						15	/		N														
1	1500 ‡··						11																	
<u>R</u>	ŧ					1/1/1				1														
" 1	1000 [1 - 1																		
	ŧ				1		/ 1			1														
	500 ±···						/			·														
	, †									1														
	° T		+ +	• • •	+ +		+ +	• • •																
			10		Cycl	es	50			.og Scale														
	M 🖂	HFX 🔽	Texas B	ed 🗌	Cv5	Quasar	705			-											Stop	lumbor	7	~
													-								Stop	vuiliber.		
	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12		Well ()	Fluor	ΔΤ	arget	0 C	Content	♦ Si	ample	♦ C	q 🔇	-
A	Unk	Unk	Unk	Unk	Unk	Unk	Unk	Unk	Unk	Unk	Unk	Unk		B02	FAM			Ur	nkn				22.08	
В	Unk	Unk	Unk	Unk	Unk	Unk	Unk	Unk	Unk	Unk	Unk	Unk		B04	FAM			Ur	nkn				N/A	
	Link	Link	Link	Link	Link	Link	Link	Link	Link	Unk	Link	Link	1	B05	FAM			Ur	nkn				N/A	
Ľ		UIK			UIIK		OIIK	UIIK	Olik	OIIK	UIIK			B06	FAM			Ur	nkn				N/A	
D	Unk	Unk	Unk	Unk	Unk	Unk	Unk	Unk	Unk	Unk	Unk	Unk		B07	FAM			Ur	nkn				N/A	
E	Link	Link	Link	Unk	Link	Link	Link	Link	Unk	Unk	Link	Link	1	808	FAM			Ur	nkn				N/A	
<u>-</u>	Onk	Onix			Onk	Onk		Onix		Onk	Onk			B10	FAM			Uk	ako				N/A	
F	Unk	Unk	Unk	Unk	Unk	Unk	Unk	Unk	Unk	Unk	Unk	Unk		B11	FAM			Ur	nkn				N/A	
G	Unk	Link	Link	Unk	Link	Link	Link	Link	Link	Unk	Link	Link	il	B12	FAM			Ur	nkn				N/A	
u u		UIK	UIK	UIK	UIK	UIK	UIK	UIK	Onk	Olik	Olik	Onk		C01	FAM			Ur	nkn				N/A	
н	Unk	Unk	Unk	Unk	Unk	Unk	Unk	Unk	Unk	Unk	Unk	Unk		C02	FAM			Ur	nkn				21.20	
	_													000									~ ~~	
Comp	Completed Scan Mode: All Channels Plate Type: BR Clear Baseline Subtracted Curve Fit																							

Välj önskat exportformat (t.ex. .csv eller .txt), välj de fält du vill exportera och klicka på Export (Figur 35)

Custom Export	×
Export Format: CSV (*.csv) 🗸	
Data to Export	
Include Run Information Header	
Sample Description	Exported Columns
Well Huorophore Target Name Content Replicate Number Sample Name Biological Group Name Well Note	Well Fluorophore Target Name Cortent Sample Name Cq Starting Quantity
Quantification	
Cq Cq CqMean CqMean Cq Mean Q Standard Deviation Quantity Standard Deviation	
Melt Curve	
Melt Temperature Height Heit Peak Height Heit Peak Begin Temperature Heit Peak End Temperature	
End Point	Customize Column Names
End Point Call End RFU	Customice Column Humes
Set as Default Configuration	
C	Export Close

Figur 35. Anpassade exportinställningar





20.4 Tolkning av resultat med analysprogramvaran PlexPCR SARS-CoV-2 (CFX)

Tolkning av data kan utföras med hjälp av analysprogramvaran *PlexPCR***®** SARS-CoV-2 (CFX). Analysprogramvaran kan erhållas på begäran. Kontakta <u>tech@speedx.com.au</u> för mer information.

Se Bilaga A: Tolkning av resultat för bruksanvisning för användning av analysprogramvaran PlexPCR® SARS-CoV-2 (CFX).





21 Bilaga A: Tolkning av resultat

Analysprogrammet **Plex**PCR[®] SARS-CoV-2 krävs för datatolkning. Analysprogrammet SARS-CoV-2 automatiserar datatolkningen av amplifieringsresultat och effektiviserar arbetsflödet.

Mer detaljerade instruktioner gällande plattformen FastFinder finns i bruksanvisningen för FastFinder som nås via menyn Help (Hjälp).

Se **Tabell 27** för lämplig analysprogramvara för varje realtids-PCR-instrument. Analysprogramvaran kan tillhandahållas på begäran. Kontakta <u>tech@speedx.com.au</u> för mer information.

Tabell 27. <i>PlexPCR[®]</i> SARS-CoV-2 analysprogramvara								
Kat.nr	Analysprogramvara	Realtids-PCR-instrument						
99021	PlexPCR [®] SARS-CoV-2 (LC480)	LC480 II						
99022	PlexPCR [®] SARS-CoV-2 (CFX)	CFX96 Dx och CFX96 Touch						

* Se webbplatsen https://plexpcr.com/products/respiratory-infections/plexpcr-sars-cov-2/ för att säkerställa att du använder den senaste versionen av analysprogramvaran.

OBS! Följ standardiserad laboratoriepraxis för överföring, rapportering och förvaring av resultat för att förhindra förlust av provresultat.

21.1 FastFinder-plattform – Minimikrav för IT

Analysprogramvaran är tillgänglig i FastFinder-plattformen (https://www.ugentec.com/fastfinder/analysis). Minimikraven för IT för installation av FastFinder-plattformen listas nedan.

Hårdvarukrav

PC (Mac-datorer stöds ej) Processor: 2 GHz, 2 GB RAM Lagringsutrymme: 10 GB Internetanslutning Kabel eller DSL, proxy stöds inte Minsta skärmupplösning: 1366x768 pixlar

Klientoperativsystem som stöds

Operativsvstem	Versioner som s	stöds
Operativsystem		sious

Windows	10	32-bit och	64-bit

- Windows 8.1 32-bit, 64-bit, och ARM
- Windows 8 32-bit, 64-bit, och ARM
- Windows 7 SP1 32-bit och 64-bit

Windows Vista SP2 32-bit och 64-bit

Webbläsare som stöds

För användare med FastFinder-administratörskonto krävs ett av följande:

- Internet Explorer 11 eller senare
- Microsoft Edge 25 eller senare
- Firefox 45 eller senare
- · Google Chrome 47 eller senare.

Den kan eventuellt köras på äldre versioner, men dessa stöds inte officiellt.

Bruksanvisning





Programvarukrav

För att använda FastFinder-programvaran, krävs minst .NET 4.6.1. För mer information om ramverket .NET, se Microsoft Windows hjälpsidor.

Antivirusinställningar

Din antivirusprogramvara kan placera FastFinder-installationsprogrammet (UgenTec.FastFinder.Installer.exe) i karantän. Lägg till den här filen i antivirusprogrammets lista över godkända program. Exempel: Symantec (Risk: WS.Reputation.1)

Brandväggskrav

https-anslutningar ska tillåtas för *.fastfinderplatform.com:443

Mer detaljerade instruktioner gällande FastFinder-plattformen finns i bruksanvisningen för FastFinder som nås via menyn Help (Hjälp).

För att komma åt hjälpmenyn:

- Öppna startmenyn
- Välj eller avsnittet Help (Hjälp) och sedan Product Documentation (Produktdokumentation) följt av Instructions for Use (Bruksanvisningar)

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
Help section	Terms of use	About	Release notes

21.2 Device set up (Installation av enheten) (ny användare eller enhet)

Se bruksanvisningen för FastFinder, som nås från menyn Help (Hjälp), för detaljerade instruktioner om installation av enheten Öppna FastFinder

+

- Välj Devices (Enheter) från arbetsflödesfältet
- > Välj Add (Lägg till)
- > Välj en fil (körfil) för den nya enheten

- För att ändra Current directory (Aktuell katalog)

> Välj Browse (Bläddra) och välj den mapp som innehåller relevanta filer

> Välj Next (Nästa)

- Lägg till information om enheten
 - > Välj Save (Spara)

21.2.1 Colour Compensation (Färgkompensation)

OBS! Se avsnitt 19.3 för mer information om Colour Compensation (Färgkompensation)

För LC480 II-enheter måste en färgkompensationsfil läggas till på enheten

- Välj LC480 II-enheten
 - > I avsnittet Colour Compensation (Färgkompensation), välj
 - > Välj färgkompensationsfilen för enheten från katalogen
- Ändra Current directory (Aktuell katalog)





- > Välj Browse (Bläddra) och välj den mapp som innehåller relevanta filer
- Välj Next (Nästa)
- Välj PlexPCR SARS-CoV-2 (LC480) från listan för att länka till denna analys
- Välj Save (Spara)

Nya eller ytterligare färgkompensationsfiler kan läggas till i en enhet eller inaktiveras efter behov.

I avsnittet om enhetens färgkompensation

- Välj bredvid filnamnet
- Välj

C Active för att aktivera eller inaktivera en färgkompensationsfil för en analys

- Välj Save (Spara)

21.3 Analysinsticksmodul (ny användare)

Se bruksanvisningen för FastFinder, som nås via menyn Help (Hjälp), för detaljerade instruktioner om konfiguration av analyser

Öppna FastFinder

- Välj Assays (Analyser) från arbetsflödesfältet
- Välj Add (Lägg till)
 - > För LC480 II > välj PlexPCR SARS-CoV-2 (LC480) från listan
 - > För CFX96 Dx och CFX96 Touch > välj PlexPCR SARS-CoV-2 (CFX) från listan
- Välj Add (Lägg till)

För att aktivera eller inaktivera versioner av analysinsticksmodulen

- Under General assay information (Allmän analysinformation)
- > välj Versions (Versioner)
 - Inactive
- > Välj C Active för att aktivera eller inaktivera analysversionen
- > Välj Save (Spara)

21.4 Namngivning av prover

Provetiketter kan tilldelas till en insticksanalysmodul för att automatisera detektion av brunnar och provtyper för analys.

Välj Assays (Analyser) från arbetsflödesfältet

- I etiketterna för provtypen (prefix), välj
 Välj för att lägga till en etikett för att definiera provtypsetiketter (negativ kontroll, positiv kontroll och vanligt prov)
 Lägg till valfritt ord, förkortning eller bokstav i textrutan
 Välj Save (Spara)
 I Mix definition nametags (suffix) (Etiketter blandningsdefinition (suffix)) väljer du
 - > Välj 🔲 för att lägga till en etikett för att definiera blandningens namn





- > Lägg till valfritt ord, förkortning eller bokstav i textrutan
- > Välj Save (Spara)
- Tilldela samma etikett till motsvarade brunnar i instrumentprogrammet (före eller efter körningen slutförts)
 - > För LC480 II se avsnitt 19 för anvisningar om hur man programmerar provetiketter i körfilen
 - > För CFX96 Dx och CFX96 Touch se avsnitt 20 för anvisningar om hur man programmerar provetiketter i körfilen

OBS! Provetiketterna är skiftlägeskänsliga. Etiketten måste överensstämma exakt med de tilldelade i körfilen.

21.5 Att lägga till blandningens satsnummer

- Blandningens satsnummer kan tilldelas till analysen för att möjliggöra spårbarhet av reagenser
- Välj Assays (Analyser) från arbetsflödesfältet
 - > I Assay Lot (Analyssats): Välj 🖿 för att lägga till en ny sats eller välj 📝 för att redigera en befintlig sats
 - När satsen har lagts till blir satsnumren tillgängliga i analysmodulen

Välj Show all lots C Show only active lots för att visa alla satsnummer eller endast aktiva satsnummer

21.6 Analys

>

Välj Analyses (Analyser) från arbetsflödesfältet för att starta en ny analys

Select datafile

Sök efter filen som ska laddas upp för analys från en viss katalog

- Ändra Current directory (Aktuell katalog)
 - > Välj Browse (Bläddra) och välj den mapp som innehåller relevanta filer
- Välj kör (data)-filen från listan
 - > Välj Next step (Nästa steg)

2 Assign assay(s)

Tilldela analysinformation till plattan manuellt om benämning av prov inte har installerats i analysmodulen

- För LC48 II > välj PlexPCR SARS-CoV-2 (LC480)
- För CFX96 Dx och CFX96 Touch > välj PlexPCR SARS-CoV-2 (CFX)
- Välj brunnar och tilldela som:
 - > Vanligt prov (S)
 - > Negativ kontroll (N)
 - > Positiv kontroll (P)
- Välj Next step (Nästa steg)

För att spara plattlayouten som en mall för framtida bruk

- Välj brunnar och tilldela provtyper



Specificera mallnamn för framtida bruk





> Välj Save (Spara)

För att ladda en tidigare sparad plattmall

- Välj för att ladda plattmall
 - > Välj mall från rullgardinsmeny
 - > Markera kryssrutan för att ladda provtyper specificerade inom plattmallen
 - > Välj Load (Ladda)

3 Configure assay(s)

- För LC480 II > välj PlexPCR SARS-CoV-2 (LC480)
 - > Välj Assay Lot (Analyssats) från rullgardinsmenyn
 - > Välj Analyse (Analysera)
- För CFX96 Dx och CFX96 Touch > välj PlexPCR SARS-CoV-2 (CFX)
 - > Välj Assay Lot (Analyssats) från rullgardinsmenyn
 - > Välj Analyse (Analysera)

21.7 Resultat

Se Tabell 28 för en sammanfattning av möjliga rapporterade provresultat.

OBS! Det rekommenderas att amplifieringskurvor bekräftas för alla positiva prover.

Slutföra analys och förhindra ytterligare användarredigeringar

- > Välj Authorise Analysis (Godkänn analys)
- > Välj Yes (Ja) för att bekräfta
- Förkasta analys eller starta om analysen
 - > Välj Restart Analysis (Starta om analys) eller Reject Analysis (Förkasta analys)
 - > Välj ett alternativ för att bekräfta

21.8 Referenskurva

En referenskurva kan sparas och användas för att jämföra med prover på samma platta eller över olika plattor

- Välj det prov som är av intresse i menyn Well Details (Brunninformation) eller Target Details (Målinformation)
- Från amplifieringsdiagrammenyn > välj 🛛 🗖
 - > Markera kryssrutan för intressekanalen och lägg till en etikett
 - > Välj Save (Spara) för att lägga till signal som referenskurva

Denna referenskurva länkas nu till analysen i analysmenyn och kan inaktiveras när som helst.





21.9 Resultatöversikt

Tabell 28.	Tabell 28. Resultattolkning för <i>PlexPCR[®]</i> SARS-CoV-2-analysprogram (fliken Results Overview (Resultatöversikt))											
Brunn	Namn	Analys	Resultat	Cq-värden	Totalresultat							
A1	Prov 1_CoV	PlexPCR SARS-CoV-2	Positiv	RdRp: 25,94 IC:19,17	Prov 1 – Positivt SARS-CoV-2 detekterat.							
A2	Prov 2_CoV	PlexPCR SARS-CoV-2	Negativ	IC: 18,82	Prov 2 – Negativt SARS-CoV-2 ej detekterat. IC giltig							
A3	N_CoV	PlexPCR SARS-CoV-2	Negativ	IC: 18,63	N - Negativt Negativ kontroll giltig.							
A4	Prov 3_CoV	PlexPCR SARS-CoV-2	Ogiltig		Prov 3 – Ogiltigt IC ogiltig. Återextrahera och testa provet på nytt.							
A5	Prov 4_CoV	PlexPCR SARS-CoV-2	Positiv	ORF1ab: 22,75 RdRp: 23,48 IC: 18,79	Prov 4 – Positivt SARS-CoV-2 detekterat.							
A6	Prov 5_CoV	PlexPCR SARS-CoV-2	Positiv	ORF1ab: 22,75 RdRp: 23,48 IC: 18,79	Prov 5 – Positivt SARS-CoV-2 detekterat.							
A7	N_CoV	PlexPCR SARS-CoV-2	Ogiltig		<mark>N – Ogiltig</mark> Negativ kontroll ogiltig.							
A8	Prov 6_CoV	PlexPCR SARS-CoV-2	Positiv	ORF1ab: 23,08 RdRp: 24,34 IC: 19,42	Prov 6 – Positivt SARS-CoV-2 detekterat.							
A9	P_CoV	PlexPCR SARS-CoV-2	Positiv	ORF1ab: 18,98 RdRp: 19,97 IC: 18,39	P – Positivt Positiv kontroll ogiltig.							
A10	P_CoV	PlexPCR SARS-CoV-2	Ogiltig		P – Ogiltig Positiv kontroll ogiltig.							
A11	Prov 7_CoV	PlexPCR SARS-CoV-2	Ogiltig	IC: 18,83	Prov 7_CoV – Ogiltigt Fel: Onormal förändring av fluorescensnivån.							
A12	Prov 8_CoV	PlexPCR SARS-CoV-2	Ogiltig		Prov 8_CoV – Ogiltigt Provet avvisades							

21.10 Exporterar resultat

- Exportera resultat
 - > Välj Exports (Exporter) i arbetsflödesmenyn
 - > Exportera en eller flera av följande rapporttyper: Lista över Cq-värden (CSV), Resultat (CSV), Allmän amplifiering CSV eller lämplig LIS-integrationsfil.
 - > Välj Exports (Exporter)
- Hämta exporter
 - > Välj Reports (Rapporter) i arbetsflödesfältet
 - > Välj filer och spara





- Eller exportera en anpassad rapport
 - > Exportera Amplification Curve Analysis (PDF) (Amplifieringskurvanalys (PDF))
 - > Välj valfri information som ska inkluderas (diagram, verifieringskedja, resultatöversikt)
 - > Välj önskade rapportinställningar för att anpassa provordern
- Välj Exports (Exporter)
 - > Öppna i Report Viewer (Rapportvisare) för att visa, spara och skriva ut





22 Ordlista



Europeisk överensstämmelse För *In Vitro*-diagnostisk användning





REF

Katalognummer

Auktoriserad representant I Europeiska gemenskapen





Satskod



Utgångsdatum

Tillverkningsdatum



Temperaturbegränsning



Innehåller tillräckligt för xxx bestämningar



Europeisk importör



Bedömningsmärke för överensstämmelse i Storbritannien

SpeeDx-produkter kan täckas av en eller flera lokala eller främmande patent. Se <u>www.plexpcr.com/patents</u> för utförlig information om patent.

PlexPCR[®], *PlexZyme*[®] och *PlexPrep*[™] är varumärken som tillhör SpeeDx. Andra copyright och varumärken är respektive ägares egendom.

© Copyright 2023 SpeeDx Pty. Ltd.