

**VIASURE**

Real Time PCR Detection Kit



**SARS-CoV-2 Variant**  
for BD MAX™ System

CE IVD



These instructions for use apply to the following reference / Estas instrucciones de uso aplican para la siguiente referencia:

PRODUCT / PRODUCTO	REFERENCE / REFERENCIA
VIASURE SARS-CoV-2 Variant Real Time PCR Detection Kit for BD MAX™ System	444216 / VS-USB124

Table A 1. Reference for product to be used with the BD MAX™ System. / Referencia del producto para ser utilizado con el Sistema BD MAX™.

## Content

1.	Intended use.....	5
2.	Summary and Explanation .....	5
3.	Principle of the procedure .....	7
4.	Reagents provided .....	7
5.	Reagents and equipment to be supplied by the user .....	8
6.	Transport and storage conditions.....	8
7.	Precautions for users .....	8
8.	Test procedure .....	10
8.1.	Sample collection, storage and transport.....	10
8.2.	Sample preparation and RNA extraction.....	10
8.3.	PCR protocol .....	11
9.	Result interpretation .....	14
10.	Limitations of the test .....	16
11.	Quality control.....	17
12.	Performance characteristics.....	17
12.1.	Clinical sensitivity and specificity.....	17
12.2.	Analytical sensitivity .....	18
12.3.	Analytical specificity .....	20
12.4.	Analytical reactivity .....	21

## Contenido

1.	Uso previsto.....	22
2.	Introducción y explicación .....	22
3.	Procedimiento .....	24
4.	Reactivos suministrados.....	25
5.	Material requerido y no suministrado .....	25
6.	Condiciones de transporte y almacenamiento.....	25
7.	Precauciones para el usuario .....	26
8.	Procedimiento del test .....	27
8.1.	Recolección, transporte y almacenamiento de muestras .....	27
8.2.	Preparación de la muestra y extracción de RNA .....	28
8.3.	Protocolo PCR .....	28

---

9.	Interpretación de resultados.....	32
10.	Limitaciones del test .....	34
11.	Control de calidad .....	35
12.	Características del test .....	36
12.1.	Sensibilidad y especificidad clínica .....	36
12.2.	Sensibilidad analítica .....	36
12.3.	Especificidad analítica .....	38
12.4.	Reactividad analítica .....	39
	Bibliography/Bibliografía .....	40
	Symbols for IVD components and reagents/Símbolos para reactivos y productos para diagnóstico <i>in vitro</i> .....	41
	Trademarks.....	41

---

## ENGLISH

---

### 1. Intended use

VIASURE SARS-CoV-2 Variant Real Time PCR Detection Kit for BD MAX™ System is an automated real-time RT-PCR test designed for the qualitative detection of HV 69/70 deletion, K417N mutation and K417T mutation in the S gene of SARS-CoV-2, associated to SARS-CoV-2 Alpha (lineage B.1.1.7), Beta (lineage B.1.351) and Gamma (lineage P.1) variants, in nasopharyngeal and oropharyngeal swabs and saliva samples.

The assay is intended to be used with SARS-CoV-2 positive samples or, when the test is performed in conjunction with the VIASURE SARS-CoV-2 (N1 + N2) Real Time PCR Detection Kit for BD MAX™ System (Ref: 444215) with samples from patients suspected Coronavirus disease 2019 (COVID-19) by their healthcare professional (HCP).

This test is intended to be used as an aid to monitor the prevalence of variants that carry the HV 69/70 deletion, K417N or K417T mutations in the S gene and to assist in control measures. The assay uses the BD MAX™ System for automated extraction of RNA and subsequent real-time RT-PCR, employing the reagents provided combined with universal reagents and disposables for the BD MAX™ System. RNA is extracted from specimens, and complementary DNA (cDNA) is synthesized and amplified using RT-PCR and detected using fluorescent reporter dye probes specific for HV 69/70 deletion, K417N or K417T mutations.

### 2. Summary and Explanation

Coronavirus are enveloped non-segmented positive-sense RNA viruses and belong to *Coronaviridae* family [1,2]. There are six coronavirus species known to cause human diseases [2]. Four viruses (229E, OC43, NL63 and HKU1) cause common cold symptoms and the other two (severe acute respiratory syndrome coronavirus (SARS-CoV) and Middle East respiratory syndrome coronavirus (MERS-CoV)) are zoonotic and produce more severe complications [2]. SARS-CoV and MERS-CoV have caused more than 10,000 cumulative cases in the past two decades, with mortality rates of 34% MERS-CoV and 10% SARS-CoV [1,3].

In December 2019, some people that worked at or lived around the Huanan seafood market in Wuhan, Hubei Province, China, have presented pneumonia of unknown cause [2,4]. Deep sequencing analysis of the respiratory samples indicated a novel coronavirus, which was named firstly 2019 novel coronavirus (2019-nCoV) and lately SARS-CoV-2 [5].

Human-to-human transmission of the SARS-CoV-2 has been confirmed, even in the incubation period without symptoms, and the virus causes severe respiratory illness like those SARS-CoV produced [1,6,7,8]. Although the pneumonia is the principal illness associated, a few patients have developed severe pneumonia, pulmonary edema, acute respiratory distress syndrome, or multiple organ failure and death [1,4]. Centers of Disease Control and Prevention (CDC) believes that symptoms of SARS-CoV-2 may appear in as few as 2 days or as long as 14 days after exposure, being the most common fever or chills, cough, fatigue, anorexia, myalgia and dyspnea [1,4,6,9]. Less common symptoms are sore throat, nasal congestion, headache, diarrhea, nausea and vomiting [1,4]. Loss of smell (anosmia) or loss of taste (ageusia) preceding the onset of respiratory symptoms has also been reported [9]. Older adults and people who have severe underlying medical conditions like heart or lung disease or diabetes seem to be at higher risk for developing more serious complications from COVID-19 illness [10].

Diagnosis of COVID-19 is performed detecting conventional causes of pneumonia early and detected by next-generation sequencing or real-time RT-PCR methods [1,11]. Several assays that detect the SARS-CoV-2 are currently available, such as China CDC (gene targets, *ORF1ab* and *N*), *Charité* – Germany (gene targets, *RdRP* and *E*) or US CDC (two targets in *N* gene) [12].

CDC recommends upper respiratory tract specimens (nasopharyngeal (NP) and oropharyngeal (OP) swabs, nasal mid-turbinate swab, nasal swab, nasopharyngeal wash/aspirate or nasal wash/aspirate (NW) and saliva specimens collected mainly by a healthcare professional) and/or lower respiratory specimens (sputum, endotracheal aspirate, or bronchoalveolar lavage in patients with more severe respiratory disease) for the identification of SARS-CoV-2 [11]. In addition, other clinical specimens as blood, urine and stool may be collected to monitor the presence of the virus [11,12].

Since the initial genomic characterization of SARS-CoV-2, the virus has been divided into different genetic groups or clusters (S, L, V, G with GH and GR subgroups). The appearance of mutations is a natural and expected event within the evolution process of the virus. In fact, some specific mutations define the viral genetic groups that are currently circulating globally. The mutations identified to date remain within the expected patterns for a coronavirus. Viruses classified in genetic group G are the most frequent worldwide. Thanks to the genetic sequencing of the pathogen worldwide, it has been possible to establish patterns of dispersal and evolution of the virus.

On December 14, 2020, the United Kingdom declared an increase in the incidence of SARS-CoV-2 in some regions of its country associated with a new variant of the virus with a supposed greater transmission capacity. This variant, called Alpha variant (B.1.1.7) presented 23 different mutations: 13 non-synonymous, including a series of mutations in the spike protein (S), 4 deletions and 6 synonymous. By the end of December, this variant had been detected in 31 countries and territories in 5 of the 6 WHO regions. One of the mutations is the deletion at positions 69-70 in the spike protein. Detection of the HV 69/70 deletion is of great importance since it has been related to immune leakage in immunosuppressed patients and to increased viral infectivity. Another cause for concern in relation to the HV 69/70 deletion is that it affects the sensitivity of virus detection using molecular techniques (RT-PCR) that detects the S gene.

The presence of the HV 69/70 deletion is associated with the Alpha variant, lineage B.1.1.7, however, other variants such as B.1.1.298 (Danish lineage) or B.1.258 also have this deletion.

The Beta (B.1.351) variant was first identified in Nelson Mandela Bay, South Africa, in samples dating back to the beginning of October 2020. The variant also was identified in Zambia in late December 2020, at which time it appeared to be the predominant variant in the country. This variant has multiple mutations in the spike protein, including K417N, E484K, N501Y. It has potential reduction in neutralization by some EUA monoclonal antibody treatments.

The SARS-CoV-2 epidemic in Brazil was dominated by two lineages designated as P.1 and P.2, harboring mutations at the receptor-binding domain of the Spike (S) protein. Lineage P.1 (referred as Gamma) is considered a Variant of Concern (VOC) because it has potential reduction in neutralization by some EUA monoclonal antibody treatments. This Lineage presents multiple mutations in the S protein (including K417T, E484K, N501Y) and its emergence was associated with a second COVID-19 epidemic wave in the Amazonas state. Lineage P.2 is

considered a Variant Under Monitoring (VUM) and only harbors the mutation E484K. The P.2 lineage has been detected as the most prevalent variant in several Amazonas states across the country in late 2020 and early 2021.

The appearance of variants that increase the transmissibility of the virus, its virulence or that escape the action of the neutralizing antibodies generated after natural infection or the vaccine, constitute a first-order public health problem that can have an important impact on control of the pandemic. For this reason, VIASURE SARS-CoV-2 Variant Real Time PCR Detection Kit for BD MAX™ System allows the detection of HV 69/70 deletion, K417N or K417T mutations associated with Variants of Concern Alpha, Beta and Gamma.

### 3. Principle of the procedure

VIASURE SARS-CoV-2 Variant Real Time PCR Detection Kit for BD MAX™ System is designed for the qualitative detection of RNA with HV 69/70 deletion, K417N mutation and K417T mutation in the S gene of SARS-CoV-2 from nasopharyngeal and oropharyngeal swabs and saliva samples. The detection is done in one step real-time RT-PCR format where the reverse transcription and the subsequent amplification of specific target sequence occur in the same reaction tube. The isolated RNA target is transcribed generating complementary DNA by reverse transcriptase, which is followed by the amplification of a conserved region of S gene for SARS-CoV-2 for HV 69/70 deletion, K417N mutation and K417T mutation using specific primers and fluorescent-labeled probes.

VIASURE SARS-CoV-2 Variant Real Time PCR Detection Kit for BD MAX™ System is based on 5' exonuclease activity of DNA polymerase. During DNA amplification, this enzyme cleaves the probe bound to the complementary DNA sequence, separating the quencher dye from the reporter. This reaction generates an increase in the fluorescent signal which is proportional to the quantity of the target template. This fluorescence is measured on the BD MAX™ System.

VIASURE SARS-CoV-2 Variant Real Time PCR Detection Kit for BD MAX™ System contains in each tube all the components necessary for real-time PCR assay (specific primers/probes, dNTPs, buffer, polymerase, reverse-transcriptase) in a stabilized format, as well as an endogenous internal control to monitor the extraction process and/or inhibition of the polymerase activity. The assay uses a human housekeeping gene as an Endogenous Internal Control (IC) (human *RNase P* gene). Human housekeeping genes are involved in basic cell maintenance and, therefore, are expected to be present in all nucleated human cells and maintain relatively constant expression levels.

Target	Channel	Gene
HV 69/70 deletion	475/520	S gene
K417N mutation	530/565	S gene
K417T mutation	585/630	S gene
Endogenous Internal Control (IC)	630/665	human <i>RNase P</i> gene

Table 1. Target, channel and genes.

### 4. Reagents provided

VIASURE SARS-CoV-2 Variant Real Time PCR Detection Kit for BD MAX™ System includes the following materials and reagents detailed in Table 2:

Reagent/Material	Description	Color or Barcode	Amount
SARS-CoV-2 Variant reaction tube	A mix of enzymes, primers-probes, buffer, dNTPs, stabilizers and endogenous internal control in stabilized format	Green foil	2 pouches of 12 transparent tubes
Rehydration Buffer tube	Solution to reconstitute the stabilized product	11 foil	1 pouch of 24 transparent tubes

Table 2. Reagents and materials provided in VIASURE SARS-CoV-2 Variant Real Time PCR Detection Kit for BD MAX™ System with Cat. N°. VS-USB124 (444216).

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

The following list includes the materials and equipment that are required for use but not included in the VIASURE SARS-CoV-2 Variant Real Time PCR Detection Kit for BD MAX™ System.

- Real-time PCR instrument: BD MAX™ System (Ref: 441916).
- BD MAX™ ExK™ TNA-3 (Ref:442827 or 442828).
- BD MAX™ PCR Cartridges (Ref: 437519).
- Vortex.
- Micropipettes (accurate between 2 and 1000 µL).
- Filter tips.
- Powder-free disposable gloves.
- Optional: VIASURE SARS-CoV-2 (N1 + N2) Real Time PCR Detection Kit for BD MAX™ System (Ref: 444215)

## 6. Transport and storage conditions

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

## 7. Precautions for users

- The product is intended for use by professional users only, such as laboratory or health care professionals and technicians, trained in molecular biological techniques.
- For *in vitro* diagnostic use.
- Do not use expired reagents and/or materials.
- Do not use the kit if the label that seals the outer box is broken.
- Do not use reagents if the protective box is open or broken upon arrival.
- Do not use reagents if the protective pouches are open or broken upon arrival.
- Do not use reagents if desiccant is not present or broken inside reagent pouches.
- Do not remove desiccant from reagent pouches.



- Close protective pouches of reagents promptly with the zip seal after each use. Remove any excess air in the pouches prior to sealing.
- Do not use reagents if the foil has been broken or damaged.
- Do not mix reagents from different pouches and/or kits and/or lots.
- Protect reagents from humidity. Prolonged exposure to humidity may affect product performance.
- Keep components away from light.
- In cases where other PCR tests are conducted in the same general area of the laboratory, care must be taken to ensure that the VIASURE SARS-CoV-2 *Variant* Real Time PCR Detection Kit for BD MAX™ System, BD MAX™ ExK™ TNA-3 extraction kit, any additional reagents required for testing and the BD MAX™ System are not contaminated. Always avoid microbial and ribonuclease (RNase)/deoxyribonuclease (DNase) contamination of reagents. The use of sterile RNase/DNase-free disposable aerosol resistant or positive displacement pipette tips is recommended. Use a new tip for each specimen. Gloves must be changed before manipulating reagents and cartridges (BD MAX™ PCR Cartridge).
- To avoid contamination of the environment by amplicons, do not break apart the BD MAX™ PCR Cartridge after use. The seals of the BD MAX™ PCR Cartridge are designed to prevent contamination.
- Design a unidirectional workflow. It should begin in the Extraction Area and then move to the Amplification and Detection Area. Do not return samples, equipment and reagents to the area in which the previous step was performed.
- Follow Good Laboratory Practices. Wear protective clothing, use disposable gloves, goggles and mask. Do not eat, drink, smoke or apply cosmetic products in the working area. Wash your hands after finishing the test.
- Samples must be treated as potentially infectious and/or biohazardous, as well as all the reagents and materials that have been exposed to the samples and they must be handled according to the national safety regulations. Take necessary precautions during the collection, transport, storage, handling, and disposal of samples.
- Samples and reagents must be handled in a biological safety cabinet. Use personal protective equipment (PPE) consistent with current guidelines for the handling of potentially infectious samples. Dispose of waste in compliance with local and state regulations.
- Regular decontamination of commonly used equipment is recommended, especially micropipettes and work surfaces.
- In accordance with Regulation (EC) No 1907/2006 (REACH), VIASURE Real Time PCR Detection Kits do not require Material Safety Data Sheets on account of their classification as non-hazardous to health and the environment, because they do not contain substances and/or mixtures which meet the hazard classification criteria available in Regulation (EC) No 1272/2008 (CLP), or which are in concentrations higher than the value established in the mentioned regulation for their declaration.
- If the kit is used in combination with the VIASURE SARS-CoV-2 (N1 + N2) Real Time PCR Detection Kit for BD MAX™ System (Ref: 444215), please refer to the corresponding instructions for use.
- Consult the BD MAX™ System User's Manual for additional warnings, precautions and procedures.

## 8. Test procedure

### 8.1. Sample collection, storage and transport

The VIASURE SARS-CoV-2 Variant Real Time PCR Detection Kit for BD MAX™ System has been tested on nasopharyngeal swabs and saliva samples, both collected in viral transport medium (VTM) – Vircell S.L. -; BD™ Universal Viral Transport (UVT) System media – BD - or IMPROVIRAL™ Viral Preservative Medium (VPM) -Guangzhou Improve Medical Instruments Co. Ltd and oropharyngeal swabs collected in viral transport medium (VTM) - Vircell. Other types of samples must be validated by the user.

Collection, storage and transport of specimens should be maintained per the conditions validated by the user. Overall, respiratory and saliva samples should be collected and labelled appropriately in clean containers with or without transport media (depending on sample type) and processed as soon as possible to guarantee the quality of the test. The specimens should be transported at 2 to 8°C for up to 72 hours, following the local and national regulations for the transport of pathogen material. For long term transport (more than 72 hours), we recommend shipping at  $\leq -20^{\circ}\text{C}$  or lower. It is recommended to use fresh specimens for the test. The samples can be stored at 2 to 8°C for up to 72 hours or frozen at  $-20^{\circ}\text{C}$  or ideally at  $-70^{\circ}\text{C}$  for conservation. Repeated freeze-thaw cycles should be avoided in order to prevent degradation of the sample and nucleic acids.

The nasopharyngeal/oropharyngeal swabs and saliva specimens must be collected, transported and stored according to appropriate laboratory guidelines. For details, refer to the CDC guideline (Specimen collection guidelines. Website <https://www.cdc.gov/urdo/downloads/SpecCollectionGuidelines.pdf> and Interim Guidelines for Collecting, Handling, and Testing Clinical Specimens for COVID-19. Website <https://www.cdc.gov/coronavirus/2019-ncov/lab/guidelines-clinical-specimens.html>) and the IDSA guideline (Miller, J. M., Binnicker, M. J., Campbell, S., ... & Pritt, B. S. (2018). A guide to utilization of the microbiology laboratory for diagnosis of infectious diseases: 2018 update by the Infectious Diseases Society of America and the American Society for Microbiology. *Clinical Infectious Diseases*, 67(6), e1-e94).

### 8.2. Sample preparation and RNA extraction

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

When using nasopharyngeal or oropharyngeal specimens:

1. Pipette between 400 and 750  $\mu\text{L}$  of nasopharyngeal or oropharyngeal swab collected in viral transport media (VTM) or in BD™ Universal Viral Transport (UVT) System media into a BD MAX™ ExK™ TNA-3 Sample Buffer Tube and close the tube with a septum cap. Ensure complete mixing by vortexing the sample at high speed for 1 minute. Proceed to BD MAX™ System Operation.

In case of using saliva samples collected in transport media:

1. Saliva samples may be collected in Viral Transport Medium (VTM), BD™ Universal Viral Transport (UVT), or IMPROVIRAL™ Viral Preservative Medium (VPM) at a ratio of 1:3 (saliva:media). Vortex for 1 minute at high speed. Pipette 750  $\mu\text{L}$  into a BD MAX™ ExK™ TNA-3 Sample Buffer Tube and close the tube with a septum cap.

Ensure complete mixing by vortexing the sample at high speed for 1 minute. Proceed to BD MAX™ System Operation.

In case of using neat saliva samples:

1. Combine saliva with Viral Transport Medium (VTM), BD™ Universal Viral Transport (UVT), or IMPROVIRAL™ Viral Preservative Medium (VPM) so that the final ratio of saliva:media is 1:3. Vortex for 1 minute at high speed. Then pipette 750 µL into a BD MAX™ ExK™ TNA-3 Sample Buffer Tube and close the tube with a septum cap. Ensure complete mixing by vortexing the sample at high speed for 1 minute. Proceed to BD MAX™ System Operation.

## 8.3. PCR protocol

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

### 8.3.1. Creating PCR test program for VIASURE SARS-CoV-2 Variant Real Time PCR Detection Kit for BD MAX™ System

Note: If you have already created the test for the VIASURE SARS-CoV-2 Variant Real Time PCR Detection Kit for BD MAX™ System, you can skip step 8.3.1 and go directly to 8.3.2.

- 1) On the "Run" screen of the BD MAX™ System, select the "Test Editor" tab.
- 2) Click the "Create" button.
- 3) In the Basic Information tab, within the "Test Name" window, name your test: i.e. VIASURE SARS-CoV-2 Variant.
- 4) In the "Extraction Type" drop down menu, select "ExK TNA-3".
- 5) In the "Master Mix Format" drop down menu, choose "Type 5".
  - a. Note: Product may be used in combination with the VIASURE SARS-CoV-2 (N1 + N2) Real Time PCR Detection Kit for BD MAX™ System (Ref: 444215), then select "Dual Master Mix Concentrated Lyophilized MM with Rehydration Buffer (Type 5)".
- 6) In the "Sample extraction parameters" select "User defined" and adjust sample volume to 950 µL.
- 7) In the "Ct Calculation" select "Call Ct at Threshold Crossing".
- 8) If running software version 5.00 or higher, in the "Custom Barcodes" select the following configuration:
  - a. Snap-In 2 Barcode: leave empty (concerning SARS-CoV-2 Variant reaction tube no barcode configuration is needed).
  - b. Snap-In 3 Barcode: 11 (concerning Rehydration Buffer tube).
  - c. Snap-In 4 Barcode: 1G if used in combination with SARS-CoV-2 (N1 + N2) reaction tube and the format "Dual Master mix Concentrated Lyophilized MM with rehydration Buffer (Type 5)" (Section 8.3.1).
- 9) In "PCR settings" tab enter the following parameters: "Channel Settings", "Gains" and "Threshold" (Table 3).

- a. Note: Product may be used in combination with the VIASURE SARS-CoV-2 (N1 + N2) Real Time PCR Detection Kit for BD MAX™ System (Ref: 444215), "PCR Settings" and "Test Steps" should be completed for Snap-In 4 (blue) position (see the corresponding instructions for use).

Channel	Alias	Gain	Threshold	Ct Min	Ct Max
475/520 (FAM)	HV69-70	80	150	0	40
530/565 (HEX)	K417N	80	150	0	40
585/630 (ROX)	K417T	80	150	0	40
630/665 (Cy5)	IC	80	150	0	35
680/715 (Cy5.5)	-	0	0	0	0

Table 3. PCR settings.

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

- 10) In "PCR settings" tab enter the following parameters "Spectral Cross Talk" (Table 4), as well.

		False Receiving Channel				
Channel		475/520	530/565	585/630	630/665	680/715
Excitation Channel	475/520	-	3.0	0.0	0.0	0.0
	530/565	1.0	-	0.0	0.0	0.0
	585/630	0.0	0.0	-	0.0	0.0
	630/665	0.0	0.0	5.0	-	0.0
	680/715	0.0	0.0	0.0	0.0	-

Table 4. Spectral cross-talk parameters.

- 11) In "Test Steps" tab, enter the PCR protocol (Table 5).

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

Table 5. PCR protocol.

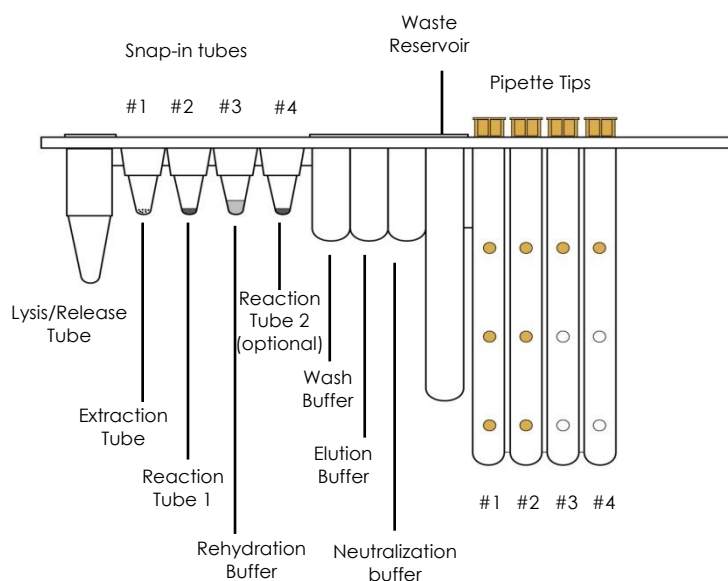
- 12) Click the "Save Test" button.

### 8.3.2. BD MAX™ Rack set up

- For each sample to be tested, remove one Unitized Reagent Strips from the BD MAX™ ExK™ TNA-3 kit. Gently tap each strip onto a hard surface to ensure that all the liquids are at the bottom of the tubes and load on the BD MAX™ System sample racks.
- Remove the required number of BD MAX™ ExK™ TNA Extraction Tubes (B4) (white foil) from their protective pouch. Snap the Extraction Tube(s) (white foil) into its corresponding positions in the TNA strip (Snap position 1, white color coding on the rack. See Figure 1). Remove excess air, and close pouch with the zip seal.

- 3) Determine and separate the appropriate number of SARS-CoV-2 *Variant* reaction tubes (green foil) and snap into their corresponding positions in the strip (Snap position 2, green color coding on the rack. See Figure 1).
  - a. Remove excess air, and close aluminum pouches with the zip seal.
  - b. In order to carry out a correct rehydration, please make sure that the lyophilized product is in the bottom of the tube and is not adhered to the top area of the tube or to the foil seal. Gently tap each tube on a hard surface to make sure all the product is at the bottom of the tube.
    - i. Note: If you choose the format "Dual Master Mix Concentrated Lyophilized MM with Rehydration Buffer (Type 5)" (Section 8.3.1), determine and separate the appropriate number of additional SARS-CoV-2 reaction tubes (1G foil in case of VIASURE SARS-CoV-2 (N1+N2) test) and snap into their corresponding positions in the strip (Snap position 4, blue color coding on the rack. See Figure 1). Remove excess air, and close aluminum pouches with the zip seal.
- 4) Remove the required number of Rehydration Buffer tubes (11 foil) and snap into their corresponding positions in the strip (Snap position 3, non-color coding on the rack. See Figure 1). Remove excess air and close the pouch with the zip seal.
  - a. In order to ensure a correct transfer, please make sure that the liquid is in the bottom of the tube and is not adhered to the top area of the tube or to the foil seal. Gently tap each tube on a hard surface to make sure all the buffer is at the bottom of the tube.

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



### 8.3.3. BD MAX™ Instrument set up

- 1) Select the "Work List" tab on the "Run" screen of the BD MAX™ System software v4.50A or higher.
- 2) In the "Test" drop down menu, select VIASURE SARS-CoV-2 *Variant* (if not already created see Section 8.3.1).
- 3) Select the appropriate kit lot number (found on the outer box of extraction kit used) from the pull-down menu (optional).

- 4) Enter the Sample Buffer Tube identification number into the Sample tube window of the Work List, either by scanning the barcode with the scanner or by manual entry.
- 5) Fill the Specimen/Patient ID and/or Accession window of the Work List and click the "Save" button. Continue until all Sample Buffer Tubes are entered. Ensure that the specimen/patient ID and the Sample Buffer Tubes are accurately matched.
- 6) Place the prepared Sample Buffer Tube into the BD MAX™ Rack(s).
- 7) Load the rack(s) into the BD MAX™ System (Rack A is positioned on the left side of the BD MAX™ System and Rack B on the right side).
- 8) Place the required number of BD MAX™ PCR Cartridge(s) into the BD MAX™ System.
- 9) Close the BD MAX™ System door.
- 10) Click "Start Run" to begin the procedure.

### 8.3.4. BD MAX™ report

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

## 9. Result interpretation

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

Analysis of the VIASURE SARS-CoV-2 *Variant* Real Time PCR Detection Kit for BD MAX™ System is intended to be performed as a reflex on samples with positive result for SARS-CoV-2 RNA. If used in conjunction with VIASURE SARS-CoV-2 (N1 + N2) Real Time PCR Detection Kit for BD MAX™ System on samples of unknown status for presence of SARS-CoV-2 RNA, please refer to those instructions for use for results interpretation for determination of the SARS-CoV-2 RNA result.

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

- Ct value of 0 indicates that there was no Ct value calculated by the software with the specified Threshold (see Table 3). Amplification curve of the sample showing a "0" Ct value must be checked manually.
- Ct value of -1 indicates that no amplification process has occurred.
- Any other Ct value should be interpreted in correlation with the amplification curve and according to the sample interpretation guidelines outlined in Table 6.

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

Results should be read and analyzed using the following table:

HV 69/70 deletion target (475/520)	K417N mutation target (530/565)	K417T mutation target (585/630)	Endogenous Internal Control (630/665)	Interpretation
+	-	-	+/- <sup>1</sup>	HV 69/70 deletion Detected <sup>1</sup>
-	+	-	+/- <sup>1</sup>	K417N mutation Detected <sup>1</sup>
-	-	+	+/- <sup>1</sup>	K417T mutation Detected <sup>1</sup>
+	+	-	+/- <sup>1</sup>	HV 69/70 deletion and K417N mutation Detected <sup>1</sup>
+	-	+	+/- <sup>1</sup>	HV 69/70 deletion and K417T mutation Detected <sup>1</sup>
-	+	+	+/- <sup>1</sup>	K417N and K417T mutation Detected <sup>1</sup>
+	+	+	+/- <sup>1</sup>	HV 69/70 deletion, K417N mutation and K417T mutation Detected <sup>1</sup>
-	-	-	+ <sup>1</sup>	HV 69/70 deletion, K417N mutation and K417T mutation not Detected <sup>1</sup>
-	-	-	- <sup>2</sup>	Unresolved (UNR) Result obtained in the presence of inhibitors in the PCR reaction or when a general problem (not reported by an error code) with the sample processing and/or amplification steps occurs. <sup>2</sup>
IND	IND	IND	IND	Indeterminate assay result (IND). Due to BD MAX™ System failure. Assay result displayed in case of an instrument failure linked to an error code.
INC	INC	INC	INC	Incomplete assay result (INC). Due to BD MAX™ System failure. Assay result displayed in case of failure to complete run.

Table 6. Sample interpretation.

+: Amplification occurred.

-: No amplification occurred.

<sup>1</sup> A sample is considered positive if the Ct value obtained is less than 40. The endogenous Internal Control (IC) may or may not show an amplification signal. Sometimes, the IC detection is not necessary because a high copy number of the target can cause preferential amplification of target-specific nucleic acids.

<sup>2</sup> In the case of HV 69/70 deletion, K417N mutation and K417T mutation targets sites negative, IC must show an amplification signal with Ct less than 35. The Ct value could be very variable due to the Endogenous Internal Control is a human housekeeping gene that should be present in all human nucleated cells in the original sample. If there is an absence of signal or Ct value  $\geq 35$  of the Endogenous Internal Control, the result is considered as 'Unresolved', and retesting is required.

Summary of mutations associated with the following lineages present in the most known Variants of Concern (VOC):

Lineages	WHO label	Mutations in the S gene <sup>1</sup>		
		HV 69/70 deletion	K417N mutation	K417T mutation
B.1.1.7	Alpha	X	-	-
B.1.351	Beta	-	X	-
P.1	Gamma	-	-	X

Table 7. Summary of mutations associated with known Variants of Concern (VOC).

<sup>1</sup><https://www.gov.uk/government/publications/covid-19-variants-genomically-confirmed-case-numbers/variants-distribution-of-cases-data> (data up to 19 May 2021).

Other variants can present the HV 69/70 deletion and mutations K417T and K417N because they are not specific for the variants mentioned.

**Final assignment to a lineage must be done by sequencing.**

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

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

## 10. Limitations of the test

- The results of the test should be evaluated by a health care professional in the context of medical history, clinical symptoms and other diagnostic tests.
- Although this assay can be used with other types of samples it has been validated with nasopharyngeal/oropharyngeal swabs and saliva samples, all collected in Viral Transport Medium (VTM).
- For good test performance, the lyophilized product should be at the bottom of the tube and not adhered to the top area of the tube or the foil seal. Gently tap each tube on a hard surface to make sure all the product is at the bottom of the tube.
- An appearance of the reaction mixture in stabilized format, normally found at the bottom of the tube, different from the usual one (without conical shape, inhomogeneous, smaller/larger in size and/or color different from whitish) does not alter the functionality of the test.
- The quality of the test depends on the quality of the sample; proper extracted nucleic acid from respiratory samples must be extracted.
- This test is a qualitative test and does not provide quantitative values or indicate the number of organisms present.
- Extremely low levels of target below the limit of detection might be detected, but results may not be reproducible.
- There is a possibility of false positive results due to cross-contamination by SARS-CoV-2 RNA with HV 69/70 deletion, K417N mutation or K417T mutation in the S gene, either samples containing high concentrations of target RNA or contamination due to PCR products from previous reactions.
- The specific primer and probe combinations for detection of HV 69/70 deletion, K417N mutation or K417T mutation used in VIASURE SARS-CoV-2 Variant Real Time PCR Detection Kit for BD MAX™ System do not show significant combined homologies with the human genome, human microflora, or other coronaviruses, which might result in predictable false positive.
- False Negative results may arise from several factors and their combinations, including:
  - Improper specimens' collection, transport, storage, and/or handling methods.
  - Improper processing procedures (including RNA extraction).



- Degradation of the viral RNA during sample shipping/storage and/or processing.
  - Mutations or polymorphisms in primer or probe binding regions may affect detection of new or unknown SARS-CoV-2 variant.
  - A viral load in the specimen below the limit of detection for the assay.
  - The presence of RT-qPCR inhibitors or other types of interfering substances. The impacts of vaccines, antiviral therapeutics, antibiotics, chemotherapeutics or immunosuppressant drugs used to prevent COVID-19 or used during the treatment of the infection have not been evaluated.
  - Failure to follow instructions for use and the assay procedure.
- Some samples may fail to exhibit *RNase P* amplification curves due to low human cell numbers in the original clinical sample. A negative IC signal does not preclude the presence of HV 69/70 deletion, K417N mutation or K417T mutation in a clinical specimen.
  - A positive test result does not necessarily indicate the presence of viable viruses and does not imply that these viruses are infectious or are the causative agents for clinical symptoms. However, a positive result is indicative of the presence of targets viral sequences.
  - The presence of the HV 69/70 deletion is associated with the Alpha variant (lineage B.1.1.7), K417N mutation with Beta variant (lineage B.1.351) and K417T mutation with Gamma variant (lineage P.1), however, final assignment to a lineage must be done by sequencing.
  - Negative results do not preclude presence of SARS-CoV-2 RNA due to this assay is intended to be used with positive SARS-CoV-2 samples.
  - In the case of obtaining Unresolved, Indeterminate or Incomplete results using VIASURE SARS-CoV-2 Variant Real Time PCR Detection Kit for BD MAX™ System, retesting will be required. Unresolved results may be due to the presence of inhibitors in the sample or an incorrect rehydration of lyophilized reaction mix tube. If there is an instrument failure, Indeterminate or Incomplete results will be obtained.

## 11. Quality control

VIASURE SARS-CoV-2 Variant Real Time PCR Detection Kit for BD MAX™ System contains an Endogenous Internal Control (IC) in each reaction tube which confirms the correct performance of the technique.

## 12. Performance characteristics

### 12.1. Clinical sensitivity and specificity

The clinical performance of VIASURE SARS-CoV-2 Variant Real Time PCR Detection Kit for BD MAX™ System was tested using respiratory clinical samples (nasopharyngeal swabs) from patients with suspected respiratory infection.

The results were as follows:

	Site	Sample type	Workflow	Target
1	CerTest Biotec S.L (Zaragoza, Spain)	nasopharyngeal swab	BD MAX™ ExK™ TNA-3 kit + BD MAX™ System	HV 69/70 deletion
				Mutation K417T
				Mutation K417N

Table 8. Site, sample type, workflow and target.

True positive and negative values, false positive and negative values, sensitivity, specificity for VIASURE SARS-CoV-2 Variant Real Time PCR Detection Kit for BD MAX™ System were calculated in relation to each comparator assay as shown in the following table:

Site	Comparator assay	Target	TP	TN	FP	FN	Sensitivity	Specificity
1	TaqPath COVID-19 CE-IVD RT-PCR Kit/ VIASURE SARS-CoV-2 Real Time PCR Detection Kit molecular assay + sequencing	HV 69/70 deletion	48	167	0	2	96% (85 – 99)	100% (97 – 100)
		Mutation K417T	50	167	0	0	100% (91 – 100)	100% (97 – 100)
		Mutation K417N	7	209	0	1	88% (46 – 99)	100% (97 – 100)

Table 9. True positive and negative values, false positive and negative values, sensitivity, specificity for VIASURE SARS-CoV-2 Variant Real Time PCR Detection Kit for BD MAX™ System.

Result show agreement to detect the HV 69/70 deletion, K417T and K417N SARS-CoV-2 mutations using VIASURE SARS-CoV-2 Variant Real Time PCR Detection Kit for BD MAX™ System.

In order to evaluate the compatibility of different sample matrices (nasopharyngeal swab, oropharyngeal swab and nasopharyngeal/oropharyngeal swab in Viral Transport Medium (VTM) from Vircell), a compatibility study have been carried out. The obtained results showed that the three different sample matrices were compatible with the VIASURE SARS-CoV-2 Variant Real Time PCR Detection Kit for BD MAX™ System.

## 12.2. Analytical sensitivity

VIASURE SARS-CoV-2 Variant Real Time PCR Detection Kit for BD MAX™ System detection limit (LoD) results with a positive rate of  $\geq 95\%$  are as follows:

- VIASURE SARS-CoV-2 Variant Real Time PCR Detection Kit for BD MAX™ System has a detection limit (LoD) of  $\geq 2$  genome copies/reaction on nasopharyngeal samples and  $\geq 5$  genome copies/reaction on saliva samples for HV 69/70 deletion measured using the SARS-CoV-2 B.1.1.7 lineage.
- VIASURE SARS-CoV-2 Variant Real Time PCR Detection Kit for BD MAX™ System has a detection limit (LoD) of  $\geq 5$  genome copies/reaction on nasopharyngeal samples and  $\geq 5$  genome copies/reaction on saliva samples for K417N mutation measured using the SARS-CoV-2 B.1.351 lineage.
- VIASURE SARS-CoV-2 Variant Real Time PCR Detection Kit for BD MAX™ System has a detection limit (LoD) of  $\geq 10$  genome copies/reaction on nasopharyngeal samples and  $\geq 15$  genome copies/reaction on saliva samples for K417T mutation measured using the SARS-CoV-2 P.1 lineage.

Figure 2. Dilution series of SARS-CoV-2 Variant (HV 69/70 deletion) (synthetic cDNA) ( $5.3 \times 10^5$  -  $5.2 \times 10^1$  genome copies per reaction) template run on the BD MAX™ System (475/520 (FAM) channel).

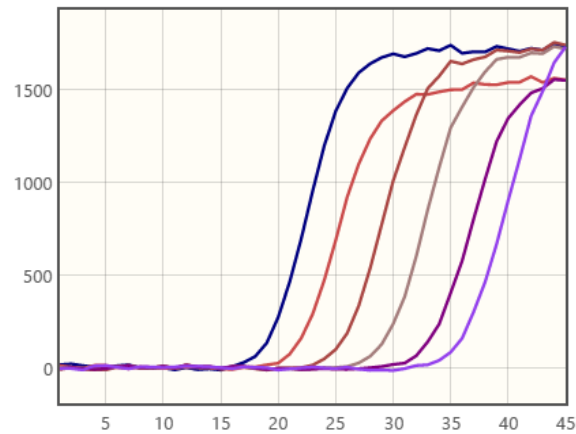


Figure 3. Dilution series of SARS-CoV-2 Variant (K417N mutation) (synthetic cDNA) ( $5.3 \times 10^5$  -  $5.2 \times 10^1$  genome copies per reaction) template run on the BD MAX™ System (530/565 (HEX) channel).

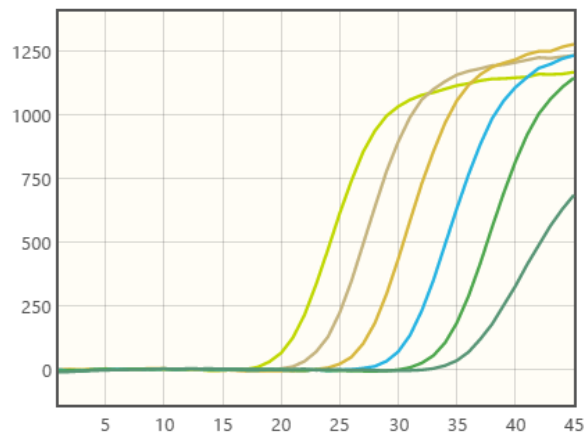
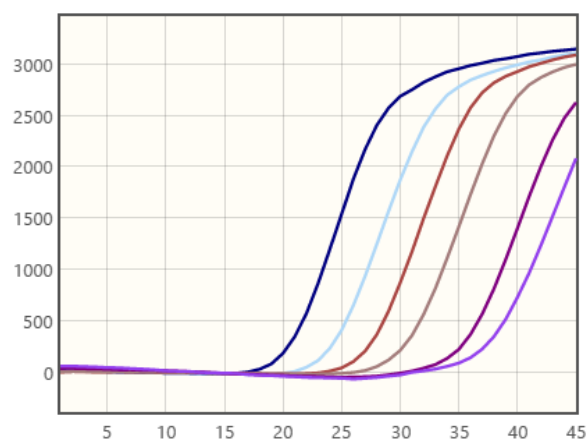


Figure 4. Dilution series of SARS-CoV-2 Variant (K417T mutation) (synthetic cDNA) ( $5.3 \times 10^5$  -  $5.2 \times 10^1$  genome copies per reaction) template run on the BD MAX™ System (585/630 (ROX) channel).



### 12.3. Analytical specificity

The specificity of the SARS-CoV-2 assay was confirmed by testing a panel consisting of different microorganisms representing the most common respiratory pathogens. No cross-reactivity was detected between any of the following microorganisms tested:

Cross-reactivity testing					
Human Adenovirus types 1-5, 8, 15, 31, 40 and 41	-	Influenza A/Michigan/45/2015 (H1N1)pdm09 virus	-	Mycoplasma pneumoniae	-
Bocavirus	-	Influenza A/Singapore/GP1908/2015, IVR-180 (H1N1)pdm09 virus	-	Mycobacterium tuberculosis	-
Bordetella bronchiseptica	-	Influenza A/Thüringen/5/17 (H3N2) virus	-	Human parainfluenza 1, 2, 3 and 4 viruses	-
Bordetella holmesii	-	Influenza A/Switzerland/9715293/2013 (H3N2) virus	-	Pneumocystis jirovecii Type A1 and g885652	-
Bordetella parapertussis	-	Influenza A/Hong Kong/4801/2014, NYMC X-263B (H3N2) virus	-	Human rhinovirus	-
Bordetella pertussis	-	Influenza A/DE-SH/Reiherente/AR8444/ 2016 (H5N8) virus	-	Respiratory syncytial virus (RSV) A/B	-
Chlamydia caviae	-	Influenza A/Anhui/1/2013 (H7N9) virus	-	SARS Coronavirus Strain Frankfurt 1	-
Chlamydia psittaci genotype A and C	-	Influenza B/Brisbane/60/2008 virus	-	Human 2019-nCoV strain BetaCoV/Germany/BavPat1/2020 p.1*	-
Chlamydophila pneumoniae CM-1	-	Influenza A/South Australia/55/2014, IVR-175	-	Human 2019-nCoV strain 2019-nCoV/Italy-INMI1*	-
Human coronavirus 229E, OC43, NL63 and HKU1	-	Influenza B/Phuket/3073/2013 virus	-	MT007544.1 (SARS-CoV-2 isolate Australia/VIC01/2020)*	-
MERS Coronavirus	-	Influenza B/Florida/04/06 virus	-	MN908947.3 (SARS-CoV-2 isolate Wuhan-Hu-1)*	-
Enterovirus Coxsackievirus A24, A9 and B3	-	Legionella bozemanii	-	SARS-CoV-2 strain 2019nCoV/USAWA1/2020*	-
Enterovirus Echovirus 30	-	Legionella dumoffii	-	SARS-CoV-2 BetaCoV/Berlin/ChVir1670/2020_IsolatBER*	-
Enterovirus 68, 71	-	Legionella longbeachae	-	SARS-CoV-2 BetaCoV/Munich/ChVir984/2020*	-
Haemophilus influenzae Minna	-	Legionella micdadei	-	SARS-CoV-2 BetaCoV/Baden-Wuerttemberg/1/ChVir1577/2020_IsolatBER*	-
Influenza A/New Caledonia/20/99(H1N1) virus	-	Legionella pneumophila	-	Staphylococcus aureus	-
Influenza A/Victoria/210/2009 (H3N2)	-	Human metapneumovirus A and B	-	Streptococcus pneumoniae	-
Influenza A/California/7/2009(H1N1) pdm09 virus	-	Moraxella catarrhalis	-	Streptococcus pyogenes	-

Table 10. Reference pathogenic microorganisms used in this study.

\* Please note that the detection of these SARS-CoV-2 strains is not considered in this assay. This test is designed for the qualitative detection of HV 69/70 deletion, K417N mutation and K417T mutation in the S gene present in SARS-CoV-2 Alpha, Beta and Gamma variants (lineages B.1.1.7, B.1.351 and P.1), among others.

## 12.4. Analytical reactivity

The reactivity of VIASURE SARS-CoV-2 Variant Real Time PCR Detection Kit for BD MAX™ System was evaluated against synthetic RNA controls for two different sequences associated to the Alpha variant (B.1.1.7\_710528 UK Variant and B.1.1.7\_601443 UK Variant), one sequence associated to the Beta Variant (Control 16, SARS-CoV-2 lineage B.1.351 South Africa/KRISP-ECK005299/2020) and one sequence associated to the Gamma variant (Control 17, SARS-CoV-2 lineage P.1 Japan/Brasilian variant Japan/IC-0564/2021), showing positive results.

## ESPAÑOL

### 1. Uso previsto

VIASURE SARS-CoV-2 Variant Real Time PCR Detection Kit for BD MAX™ System es una prueba de RT-PCR en tiempo real automatizada diseñada para la detección cualitativa de la delección HV 69/70, la mutación K417N y la mutación K417T del gen S de SARS-CoV-2, asociada a las variantes Alfa (linaje B.1.1.7), Beta (linaje B.1.351) y Gamma (linaje P.1) de SARS-CoV-2, en hisopos nasofaríngeos y orofaríngeos y muestras de saliva.

El ensayo está diseñado para ser utilizado con muestras positivas para SARS-CoV-2 o, cuando el test se realice en conjunción con VIASURE SARS-CoV-2 (N1+N2) Real Time PCR Detection kit for BD MAX™ System (Ref: 444215) con muestras de pacientes con sospecha de enfermedad por Coronavirus-2019 (COVID-19) por su profesional de la salud.

El uso previsto del test es ayudar en la monitorización de la prevalencia de variantes portadoras de la delección HV 69/70, la mutación K417N y la mutación K417T en el gen S y ayudar en las medidas de control. Este test utiliza el sistema BD MAX™ para llevar a cabo la extracción automatizada del RNA y posterior RT-PCR a tiempo real utilizando los reactivos suministrados junto con los reactivos universales y desechables del sistema BD MAX™. El RNA es extraído de los especímenes, y posteriormente, el DNA complementario es sintetizado y amplificado en un solo paso mediante PCR a tiempo real. La detección de la delección HV 69/70, la mutación K417N y la mutación K417T se lleva a cabo utilizando oligonucleótidos específicos y una sonda marcada con una molécula fluorescente y otra apantalladora (*quencher*).

### 2. Introducción y explicación

Los coronavirus son virus envueltos de RNA de cadena positiva no segmentados que pertenecen a la familia *Coronaviridae* [1,2]. Se conocen seis especies de coronavirus que causan enfermedades humanas: cuatro virus (229E, OC43, NL63 y HKU1) que causan síntomas de resfriado común, y otros dos (coronavirus asociado a síndrome respiratorio agudo grave- severe acute respiratory syndrome coronavirus, SARS-CoV-, y el coronavirus causante del síndrome respiratorio de Oriente Medio - Middle East respiratory syndrome coronavirus, MERS-CoV-) que son zoonóticos y producen complicaciones más severas [2]. SARS-CoV y MERS-CoV han causado más de 10.000 casos acumulados en las últimas dos décadas, con unas tasas de mortalidad del 34% para MERS-CoV y 10% para SARS-CoV [1,3].

En diciembre de 2019, algunas personas que trabajaban o vivían alrededor del mercado de mariscos de Huanan en Wuhan, provincia de Hubei, China, presentaron neumonía de causa desconocida [2,4]. El análisis de secuenciación masiva de las muestras respiratorias reveló la existencia de un nuevo coronavirus, que fue llamado inicialmente como 2019 nuevo coronavirus (2019-nCoV) y posteriormente como SARS-CoV-2 [5].

Se ha confirmado la transmisión del SARS-CoV-2 de persona a persona, incluso durante el período de incubación en asintomáticos, y que el virus puede causar enfermedad respiratoria severa como la producida por el SARS-CoV [1,6,7,8]. Aunque la neumonía es la principal enfermedad asociada, algunos pacientes han desarrollado neumonía severa, edema pulmonar, síndrome de dificultad respiratoria aguda o fallo multiorgánico y muerte [1,4]. Los Centros para el Control y la Prevención de Enfermedades (*Centers of Disease Control and Prevention, CDC*)

creen que los síntomas del SARS-CoV-2 pueden aparecer en tan solo dos días o hasta 14 tras la exposición, siendo los más comunes fiebre o escalofríos, tos, fatiga, anorexia, mialgia y disnea [1,4,6,9]. Aquellos síntomas menos comunes son dolor de garganta, congestión nasal, dolor de cabeza, diarrea, náuseas y vómitos [1,4]. También se ha descrito pérdida del olfato (anosmia) o pérdida del gusto (ageusia) antes del inicio de los síntomas respiratorios [9]. Los adultos mayores y las personas con afecciones médicas subyacentes graves, como enfermedad cardíaca o pulmonar o diabetes, parecen tener un mayor riesgo de desarrollar complicaciones más graves de la enfermedad COVID-19 [10].

El diagnóstico de la COVID-19 se realiza mediante la detección precoz de neumonía, por secuenciación masiva, o métodos de RT-PCR a tiempo real [1,11]. Actualmente se encuentran disponibles varios ensayos que detectan el SARS-CoV-2, como China CDC (genes diana *ORF1ab* y *N*), Charité – Alemania (genes diana *RdRP* y *E*) o Estados Unidos CDC (dos dianas en el gen *N*) [12].

Para la identificación de SARS-CoV-2, CDC recomienda muestras del tracto respiratorio superior (hisopos nasofaríngeos (NP) y orofaríngeos (OP), hisopos nasales de la zona media del cornete nasal, hisopos nasales, lavado/aspirado nasofaríngeo o muestras de lavado/aspiración nasal (NW) y muestra de saliva recolectadas principalmente por un profesional de la salud) y/o muestras de las vías respiratorias inferiores (esputos, aspirado endotraqueal o lavado broncoalveolar en pacientes con enfermedad respiratoria más grave) [11]. Además, se pueden recolectar otras muestras clínicas como sangre, orina y heces para monitorizar la presencia del virus [11,12].

Desde la caracterización genómica inicial del SARS-CoV-2, el virus se ha dividido en diferentes grupos genéticos o agrupaciones (S, L, V, G con subgrupos GH y GR). La aparición de mutaciones es un evento natural y esperado dentro del proceso de evolución del virus. De hecho, algunas mutaciones específicas definen los grupos genéticos virales que circulan actualmente a nivel mundial. Las mutaciones identificadas hasta la fecha se mantienen dentro de los patrones esperados para un coronavirus. Los virus clasificados en el grupo genético G son los más frecuentes a nivel mundial. Gracias a la secuenciación genética del patógeno a nivel mundial, ha sido posible establecer patrones de dispersión y evolución del virus.

El 14 de diciembre de 2020, Reino Unido declaró un aumento en la incidencia del SARS-CoV-2 en algunas regiones de su país asociado a una nueva variante del virus con una supuesta mayor capacidad de transmisión. Esta variante, denominada variante Alfa (B.1.1.7) presentó 23 mutaciones diferentes: 13 no sinónimas, incluyendo una serie de mutaciones en la proteína spike (S), 4 deleciones y 6 sinónimas. A finales de diciembre, esta variante se había detectado en 31 países y territorios en 5 de las 6 regiones de la OMS. Una de estas mutaciones es la deleción en las posiciones 69-70 de la proteína spike. La detección de la deleción HV 69/70 es de vital importancia ya que se ha relacionado con la pérdida de inmunidad en pacientes inmunosuprimidos y con una mayor infectividad viral. Otro motivo de preocupación relacionado con la deleción HV 69/70 es que afecta a la sensibilidad de la detección del virus mediante técnicas moleculares (RT-PCR) que detectan el gen S.

La presencia de la deleción HV 69/70 está asociada con el linaje B.1.1.7 de la variante Alfa, sin embargo, otras variantes como B.1.1.298 (linaje danés) o la B.1.258 también presentan esta deleción.

La variante Beta (B.1.351) fue identificada por primera vez en Nelson Mandela Bay, Sudáfrica, en muestras que datan de principios de octubre de 2020. La variante también se identificó en Zambia a fines de diciembre de 2020, momento en el que parecía ser la variante predominante en el país. Esta variante tiene múltiples mutaciones en

la proteína spike, incluidas K417N, E484K, N501Y. Existen evidencias que demuestran que tiene una reducción potencial en la neutralización por algunos tratamientos con anticuerpos monoclonales EUA.

La epidemia de SARS-CoV-2 en Brasil estuvo dominada por dos linajes designados como P1 y P2, los cuales albergan mutaciones en el dominio de unión al receptor de la proteína Spike (S). El linaje P.1 (referido como Gamma) se considera una variante de preocupación (VOC) debido a la presencia de múltiples mutaciones en la proteína S (incluidas K417T, E484K, N501Y). Su aparición se asoció con un segundo pico epidémico de COVID-19 en el estado de Amazonas, mientras que el linaje P.2 solo alberga la mutación E484K y se considera una Variante bajo supervisión (VUM). El linaje P.2 se ha detectado como la variante más prevalente en varios estados de Amazonas en todo el país a finales de 2020 y principios de 2021.

La aparición de variantes que aumentan la transmisibilidad del virus, su virulencia o que escapan a la acción de los anticuerpos neutralizantes generados tras la infección natural o la vacuna, constituyen un problema de salud pública de primer orden que puede tener un impacto importante en el control de la pandemia. Una preocupación con respecto a las nuevas variantes es que su detección por técnicas moleculares (RT-PCR) puede verse afectada. Por esta razón, VIASURE SARS-CoV-2 Variant Real Time PCR Detection Kit for BD MAX™ System permite la detección de la delección HV 69/70, la mutación K417N o la mutación K417T asociadas con las variantes de preocupación Alfa, Beta y Gamma.

### 3. Procedimiento

VIASURE SARS-CoV-2 Variant Real Time PCR Detection Kit for BD MAX™ System está diseñado para la detección cualitativa de RNA con la delección HV 69/70, la mutación K417N y la mutación K417T del gen S en muestras nasofaríngeas, orofaríngeas y de saliva. La detección se realiza a través de la retrotranscripción y posterior amplificación a tiempo real de la secuencia diana, produciéndose ambas reacciones en el mismo tubo. Tras el aislamiento del RNA, se sintetiza el DNA complementario a la secuencia diana gracias a la retrotranscriptasa o transcriptasa inversa. Posteriormente, la identificación de SARS-CoV-2 se lleva a cabo mediante la reacción en cadena de la polimerasa, utilizando oligonucleótidos específicos y sondas marcadas con fluorescencia que hibridan con una región conservada del gen S para la delección HV 69/70, la mutación K417N y la mutación K417T.

VIASURE SARS-CoV-2 Variant Real Time PCR Detection Kit for BD MAX™ System aprovecha la actividad 5' exonucleasa de la DNA polimerasa. Durante la amplificación del DNA, esta enzima hidroliza la sonda unida a la secuencia de DNA complementaria, separando el fluoróforo del quencher. Esta reacción genera un aumento en la señal fluorescente proporcional a la cantidad de RNA diana, la cual se puede monitorizar en el equipo BD MAX™.

VIASURE SARS-CoV-2 Variant Real Time PCR Detection Kit for BD MAX™ System contiene en cada tubo todos los componentes necesarios para llevar a cabo la PCR a tiempo real (cebadores/sondas específicos, dNTPs, tampón, polimerasa, retrotranscriptasa) en formato estabilizado, así como un control interno endógeno para monitorizar el proceso de extracción y/o la inhibición de la actividad polimerasa. El ensayo utiliza un gen humano *housekeeping* como Control Interno Endógeno (CI) (gen *RNasa P* presente en el DNA humano). Los genes humanos *housekeeping* están involucrados en el mantenimiento celular básico y, por lo tanto, se espera que estén presentes en todas las células humanas nucleadas y mantengan niveles de expresión relativamente constantes.



Diana	Canal	Gen
Delección HV 69/70	475/520	gen S
Mutación K417N	530/565	gen S
Mutación K417T	585/630	gen S
Control Interno Endógeno (CI)	630/665	gen RNasa P presente en el DNA humano

Tabla 1. Diana, canal y genes.

## 4. Reactivos suministrados

VIASURE SARS-CoV-2 Variant Real Time PCR Detection Kit for BD MAX™ System incluye los siguientes materiales y reactivos detallados en la Tabla 2:

Reactivo/Material	Descripción	Color o código de barras	Cantidad
SARS-CoV-2 Variant reaction tube	Una mezcla de enzimas, cebadores-sondas, tampón, dNTPs, estabilizadores y control interno endógeno en formato estabilizado	Sellado verde	2 sobres de 12 tubos transparentes
Rehydration Buffer tube	Solución para la reconstitución del producto estabilizado	Sellado 11	1 sobre de 24 tubos transparentes

Tabla 2. Reactivos y materiales proporcionados en VIASURE SARS-CoV-2 Variant Real Time PCR Detection Kit for BD MAX™ System con Cat. N°. VS-USB124 (444216).

## 5. Material requerido y no suministrado

La siguiente lista incluye los materiales que se requieren para el uso pero que no se incluyen en VIASURE SARS-CoV-2 Variant Real Time PCR Detection Kit for BD MAX™ System.

- Equipo de PCR a tiempo real: BD MAX™ System (Ref: 441916).
- BD MAX™ ExK™ TNA-3 (Ref: 442827 or 442828).
- BD MAX™ PCR Cartridges (Ref: 437519).
- Vórtex.
- Micropipetas (entre 2 y 1000 µL).
- Puntas con filtro.
- Guantes desechables sin polvo.
- Opcional: VIASURE SARS-CoV-2 (N1 + N2) Real Time PCR Detection Kit for BD MAX™ System (Ref: 444215).

## 6. Condiciones de transporte y almacenamiento

- El transporte y almacenaje de los kits puede realizarse de 2-40°C hasta la fecha de caducidad indicada en la etiqueta.
- El kit puede usarse hasta 28 días después de abrir las bolsas de aluminio que contienen los tubos de reacción.

## 7. Precauciones para el usuario

- El producto está destinado para uso exclusivo de usuarios profesionales, como profesionales o técnicos de laboratorio y sanitarios, entrenados en técnicas de biología molecular.
- Para diagnóstico *in vitro*.
- No se recomienda usar reactivos y/o materiales caducados.
- No utilizar el kit si la etiqueta de control de la caja exterior está rota o dañada.
- No utilizar los reactivos si el estuche exterior está abierto o dañado en el momento que se recibe.
- No utilizar los reactivos si los sobres o las bolsas que protegen los tubos están abiertos o dañados en el momento que se reciben.
- No utilizar los reactivos si el material desecante que se incluye en cada sobre de aluminio no está o está dañado.
- No retirar el material desecante de los sobres de aluminio que contienen los reactivos.
- Cerrar los sobres de aluminio que protegen los reactivos con el cierre zip inmediatamente después de cada uso. Antes de cerrar los sobres eliminar cualquier exceso de aire.
- No utilizar los reactivos si el aluminio protector está roto o dañado.
- No mezclar reactivos de diferentes sobres y/o kits y/o lotes.
- Proteger los reactivos de la humedad. Una exposición prolongada a la humedad puede afectar al rendimiento del producto.
- Proteger y conservar los componentes alejados de la luz.
- En el caso de que otros ensayos de PCR se estén llevando a cabo dentro de la misma área del laboratorio, asegurarse que el test VIASURE SARS-CoV-2 Variant Real Time PCR Detection Kit for BD MAX™ System, el kit de extracción BD MAX™ ExK™ TNA-3, cualquier otro reactivo adicional que se necesite para realizar el ensayo y el sistema BD MAX™ no estén contaminados. Evite en todo momento la contaminación microbiológica o con ribonucleasas (RNasa)/ desoxirribonucleasas (DNasa) de los reactivos. Se recomienda el uso de puntas de pipeta estériles, desechables, libres de RNasa/DNasa, y de barrera para aerosoles o de desplazamiento positivo. Use una nueva punta para cada muestra. Es necesario cambiarse los guantes antes de la manipulación de los reactivos y las tarjetas de PCR (BD MAX™ PCR Cartridge).
- Para evitar la contaminación del medio ambiente por amplicones, no rompa las tarjetas de PCR (BD MAX™ PCR Cartridge) después de usarlo. Los sellos de las tarjetas de PCR (BD MAX™ PCR Cartridge) están diseñados para evitar la contaminación.
- Diseñar un flujo de trabajo unidireccional. Se debe comenzar en el área de extracción y después pasar al área de amplificación y de detección. No poner en contacto las muestras, equipos y reactivos utilizados en un área con la zona en la que se realizó el paso anterior.
- Seguir las Buenas Prácticas de Laboratorio. Use ropa protectora, guantes de uso desechables, gafas y mascarilla. No comer, beber, fumar o aplicar productos cosméticos en el área de trabajo. Una vez terminada la prueba, lavarse las manos.
- Las muestras deben ser tratadas como potencialmente infecciosas y/o biopeligrosas, así como los reactivos que han estado en contacto con las muestras, y deben ser gestionadas según la legislación sobre residuos sanitarios nacional. Tome las precauciones necesarias durante la recogida, el transporte, almacenamiento, manipulación y eliminación de muestras.

- Las muestras y los reactivos deben ser manejados en una cabina de seguridad biológica. Utilice equipo de protección personal (PPE) de acuerdo con las directrices actuales para la manipulación de muestras potencialmente infecciosas. Deseche los residuos de acuerdo con las regulaciones locales y estatales.
- Se recomienda la descontaminación periódica de los equipos usados habitualmente, especialmente micropipetas, y de las superficies de trabajo.
- De conformidad con el Reglamento (CE) n° 1907/2006 (REACH), VIASURE Real Time PCR Detection Kits no requieren ficha de datos de seguridad, debido a que se clasifican como no peligrosos para la salud y el medio ambiente por no contener sustancias y/o mezclas que reúnan los criterios de clasificación de peligrosidad dispuestos en el Reglamento (CE) n° 1272/2008 (CLP), o que se encuentren en una concentración superior al valor establecido en dicho reglamento para su declaración.
- Si el kit se utiliza en paralelo con VIASURE SARS-CoV-2 (N1 + N2) Real Time PCR Detection Kit for BD MAX™ System (Ref: 444215), consulte las instrucciones de uso correspondientes.
- Consultar el manual de usuario del sistema BD MAX™ para obtener información sobre advertencias, precauciones y procedimientos adicionales.

## 8. Procedimiento del test

### 8.1. Recolección, transporte y almacenamiento de muestras

VIASURE SARS-CoV-2 *Variant* Real Time PCR Detection Kit for BD MAX™ System ha sido testado en hisopos nasofaríngeos y muestras de saliva, ambas recogidas en medio de transporte viral (VTM) - Vircell S.L.; BD™ Universal viral Transport (UVT) System media – BD - and IMPROVIRAL™ Viral Preservative Medium (VPM) - Guangzhou Improve Medical Instruments Co. Ltd; e hisopos orofaríngeos recogidos en medio de transporte viral (VTM). Otros tipos de muestras deben ser validadas por el usuario.

Para la recogida, el almacenaje y el transporte de los especímenes deben seguirse las condiciones validadas por el usuario. En general, las muestras respiratorias se deben recoger y etiquetar adecuadamente en contenedores limpios con o sin medio de transporte (dependiendo del tipo de muestra), y ser procesadas con la mayor brevedad posible para garantizar la calidad de la prueba. Los especímenes pueden ser transportados entre 2-8°C hasta 72 horas, conforme a la normativa local y nacional para el transporte de muestras biológicas. Para transportes largos de duración mayor de 72 horas, se recomienda realizar el envío a  $\leq -20^{\circ}\text{C}$  o menos. Se recomienda utilizar muestras frescas para el ensayo. Las muestras pueden almacenarse entre 2-8°C hasta 72 horas o pueden congelarse a  $-20^{\circ}\text{C}$  o idealmente a  $-70^{\circ}\text{C}$  para su conservación durante un tiempo prolongado. Deben evitarse ciclos de congelación-descongelación para prevenir la degradación de la muestra y los ácidos nucleicos.

Las muestras nasofaríngeas/orofaríngeas y de saliva deben ser recogidas, transportadas y almacenadas de acuerdo con las guías de laboratorio apropiadas. Para más detalle, consulte la guía CDC (Specimen collection guidelines. Sitio web <https://www.cdc.gov/urdo/downloads/SpecCollectionGuidelines.pdf> y Interim Guidelines for Collecting, Handling, and Testing Clinical Specimens for COVID-19. Sitio web <https://www.cdc.gov/coronavirus/2019-ncov/lab/guidelines-clinical-specimens.html>) y la guía IDSA (Miller, J. M., Binnicker, M. J., Campbell, S., ... & Pritt, B. S. (2018)). A guide to utilization of the microbiology laboratory for diagnosis of infectious diseases: 2018 update by the Infectious Diseases Society of America and the American Society for Microbiology. *Clinical Infectious Diseases*, 67(6), e1-e94).

## 8.2. Preparación de la muestra y extracción de RNA

Realizar la preparación de la muestra según las recomendaciones del fabricante, detalladas en el instructivo del kit de extracción BD MAX™ ExK™ TNA-3. Hay que puntualizar que otro tipo de muestras pueden requerir una etapa de tratamiento previo. La aplicación de procedimientos de extracción específicos debe ser desarrollada y validada por el usuario.

Cuando se utilizan muestras nasofaríngeas u orofaríngeas:

1. Pipetear entre 400 y 750 µL de hisopo nasofaríngeo u orofaríngeo recogido en medio de transporte viral (VTM) o en BD™ Universal Viral Transport (UVT) System media, en un tubo de tampón de muestras del sistema BD MAX™ (BD MAX™ ExK™ TNA-3 Sample Buffer Tube) y cerrar el tubo con el tapón perforable. Asegurarse de que se mezcla completamente vortexeando la muestra 1 minuto a alta velocidad. Proceder con BD MAX™ System Operation.

En caso de utilizar muestras de saliva recogidas en medio de transporte:

1. Las muestras de saliva pueden recogerse en Viral Transport Medium (VTM), BD™ Universal Viral Transport (UVT), o IMPROVIRAL™ Viral Preservative Medium (VPM) con un ratio de 1:3 (saliva:medio). Mezclar vortexeando 1 minuto a alta velocidad. Pipetear 750 µL en un tubo de tampón de muestras del sistema BD MAX™ (BD MAX™ ExK™ TNA-3 Sample Buffer Tube) y cerrar el tubo con el tapón perforable. Asegurarse de que se mezcla completamente vortexeando la muestra 1 minuto a alta velocidad. Proceder con BD MAX™ System Operation.

En caso de utilizar muestras limpias de saliva:

1. Combinar la muestra de saliva con Viral Transport Medium (VTM), BD™ Universal Viral Transport (UVT), o IMPROVIRAL™ Viral Preservative Medium (VPM) de forma que el ratio final saliva:medio sea 1:3. Mezclar vortexeando 1 minuto a alta velocidad. Después pipetear 750 µL en un tubo de tampón de muestras del sistema BD MAX™ (BD MAX™ ExK™ TNA-3 Sample Buffer Tube) y cerrar el tubo con el tapón perforable. Asegurarse de que se mezcla completamente vortexeando la muestra 1 minuto a alta velocidad. Proceder con BD MAX™ System Operation.

## 8.3. Protocolo PCR

Nota: Por favor, consultar el manual de usuario del sistema BD MAX™ para obtener instrucciones más detalladas.

### 8.3.1. Programación de la prueba VIASURE SARS-CoV-2 Variant Real Time PCR Detection Kit for BD MAX™ System

Nota: Si ya ha creado el test para VIASURE SARS-CoV-2 Variant Real Time PCR Detection Kit for BD MAX™ System, puede omitir el paso 8.3.1 e ir directamente al 8.3.2.

- 1) En la pantalla "Run" (Correr) del Sistema BD MAX™, seleccionar la pestaña "Test Editor" (Editor de prueba).
- 2) Hacer click en el botón "Create" (Crear).

- 3) En la pantalla de "Basic Information" (Información básica), en la ventana "Test Name" (Nombre del test), escribir el nombre del test: ej. VIASURE SARS-CoV-2 *Variant*.
- 4) En el menú desplegable "Extraction Type" (Tipo de extracción), seleccionar "ExK TNA-3".
- 5) En el menú desplegable "Master Mix Format" (Formato master mix), elegir "Type 5" (Tipo 5).
  - a. Nota: El producto puede ser utilizado en paralelo con VIASURE SARS-CoV-2 (N1 + N2) Real Time PCR Detection Kit for BD MAX™ System (Ref: 444215), en este caso seleccionar "Dual Master Mix Concentrated Lyophilized MM with Rehydration Buffer (Type 5)" (MM liofilizada concentrada Master Mix dual con tampón de rehidratación – Tipo 5).
- 6) En "Sample extraction parameters" (Parámetros de extracción de muestra) seleccionar "User defined" (Definido por usuario) y ajustar el volumen de la muestra a 950 µL.
- 7) En "Ct Calculation" (Cálculo Ct) seleccionar "Call Ct at Threshold Crossing" (Análisis de Ct con cruce del umbral).
- 8) Si se está ejecutando la versión de software 5.00 o superior, en "Custom Barcodes" (Códigos de barra personalizados) seleccionar la siguiente configuración:
  - a. Snap-In 2 "Barcode" (Código de barras): dejar vacío (no se necesita configurar código de barras para SARS-CoV-2 *Variant* reaction tube)
  - b. Snap-In 3 "Barcode" (Código de barras): 11 (en relación a Rehydration Buffer tube).
  - c. Snap-In 4 "Barcode" (Código de barras): 1G si se utiliza junto con SARS-CoV-2 (N1 + N2) reaction tube y se elige el formato "Dual Master Mix Concentrated Lyophilized MM with Rehydration Buffer (Type 5)" (Sección 8.3.1) (MM liofilizada concentrada Master Mix dual con tampón de rehidratación – Tipo 5).
- 9) En la pestaña "PCR settings" (Configuración PCR) introducir los siguientes parámetros: "Channel Settings" (Configuración de los canales), "Gains" (Ganancias) y "Threshold" (Umbral) (Tabla 3).
  - a. Nota: El producto puede ser utilizado en paralelo con VIASURE SARS-CoV-2 (N1 + N2) Real Time PCR Detection Kit for BD MAX™ System (Ref: 444215), en este caso completar "PCR Settings" (Configuración PCR) y "Test Steps" (Pasos de la prueba) para la posición Snap-In 4 (azul) (ver las instrucciones de uso correspondientes).

<b>Channel (Canal)</b>	<b>Alias (Alias)</b>	<b>Gain (Ganancia)</b>	<b>Threshold (Umbral)</b>	<b>Ct Min (Ct Min)</b>	<b>Ct Max (Ct Max)</b>
475/520 (FAM)	HV 69-70	80	150	0	40
530/565 (HEX)	K417N	80	150	0	40
585/630 (ROX)	K417T	80	150	0	40
630/665 (Cy5)	CI	80	150	0	35
680/715 (Cy5.5)	-	0	0	0	0

Tabla 3. PCR settings (Configuración PCR).

Nota: Se recomienda establecer como valor mínimo de partida de *threshold* los indicados anteriormente para cada canal. Sin embargo, el usuario final debe ajustar los valores de *threshold* finales durante la interpretación del resultado para garantizar que el *threshold* se sitúe dentro de la fase exponencial de las curvas de amplificación y por encima de cualquier señal de ruido de fondo. El valor de *threshold* puede variar entre distintos instrumentos debido a las diferentes intensidades de señal.

- 10) En la pestaña "PCR settings" (Configuración PCR) introducir también los parámetros "Spectral Cross Talk" (Cross-talk espectral) (Tabla 4).

		<b>False Receiving Channel (Canal de falsa recepción)</b>					
		<b>Channel (Canal)</b>	475/520	530/565	585/630	630/665	680/715
<b>Excitation Channel (Canal de excitación)</b>	475/520	-	3.0	0.0	0.0	0.0	
	530/565	1.0	-	0.0	0.0	0.0	
	585/630	0.0	0.0	-	0.0	0.0	
	630/665	0.0	0.0	5.0	-	0.0	
	680/715	0.0	0.0	0.0	0.0	-	

Tabla 4. Parámetros "Spectral cross-talk" (Cross-talk espectral).

- 11) En la pestaña "Test Steps" (Pasos de la prueba), introducir el protocolo de PCR (Tabla 5).

<b>Step Name (Nombre de la etapa)</b>	<b>Profile Type (Tipo de perfil)</b>	<b>Cycles (Ciclos)</b>	<b>Time (s) (Tiempo (s))</b>	<b>Temperature (Temperatura)</b>	<b>Detect (Detección)</b>
Reverse transcription (Transcripción inversa)	Choque térmico	1	900	45°C	-
Initial denaturation (Desnaturalización inicial)	Choque térmico	1	120	98°C	-
Denaturation and Annealing/Extension (Data collection) (Desnaturalización y alineamiento/extensión (recogida de datos))	2- Temperaturas	45	10	95°C	-
			61.1	63°C	✓

Tabla 5. Protocolo PCR.

- 12) Hacer click en el botón "Save Test" (Guardar prueba).

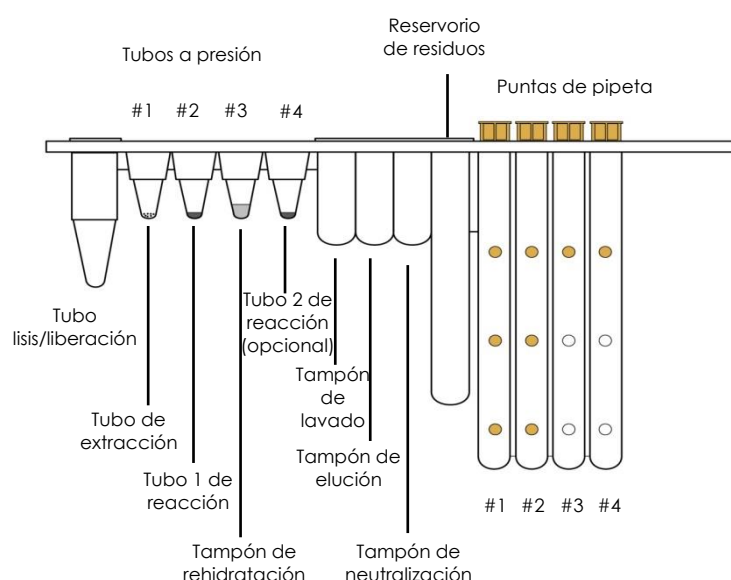
### 8.3.2. Preparación de la gradilla del sistema BD MAX™

- Para cada muestra, coger una tira de reactivos individual del kit de extracción (BD MAX™ ExK™ TNA-3 kit). Golpear suavemente cada tira sobre una superficie dura para asegurarse de que todos los líquidos queden en el fondo de los tubos y colocar la tira de reactivos en la gradilla del sistema BD MAX™.
- Determinar y separar el número de tubos de reactivo de extracción necesarios (BD MAX™ ExK™ TNA Extraction Tubes (B4) (sello blanco)) de su bolsa protectora. Colocar el tubo de reactivo de extracción (sello blanco) en su posición correspondiente dentro de la tira de reactivos TNA (Posición 1. Código de color blanco en la gradilla. Ver Figura 1). Eliminar el exceso de aire, y cerrar las bolsas protectoras con el zip.
- Calcular y separar el número adecuado de SARS-CoV-2 Variant reaction tube (sello verde) y colocarlos en su posición correspondiente de la tira (Posición 2. Código de color verde en la gradilla. Ver Figura 1).
  - Eliminar el exceso de aire, y cerrar los sobres de aluminio con el zip.
  - Para llevar a cabo una rehidratación correcta, asegurarse que el producto liofilizado esté en la parte inferior del tubo y que no esté adherido al área superior del tubo o del sellado del tubo. Golpear suavemente cada tubo sobre una superficie dura para asegurarse de que todo el producto quede en el fondo del tubo.

Nota: Si elige el formato "Dual Master Mix Concentrated Lyophilized MM with Rehydration Buffer (Type 5)" (Sección 8.3.1) (MM liofilizada concentrada Master Mix dual con tampón de rehidratación – Tipo 5), calcular y separar el número adecuado de tubos de reacción (SARS-CoV-2 reaction tube) adicionales (sellado 1G en caso de utilizarse con el test VIASURE SARS-CoV-2 (N1+N2)) y colocarlos en su posición correspondiente dentro de la tira (Posición 4. Código de color azul en la gradilla. Ver Figura 1). Eliminar el exceso de aire, y cerrar los sobres de aluminio con el zip.

- 4) Coger el número necesario de Rehydration Buffer tubes (sello 11) y colocarlos en su posición correspondiente dentro de la tira (Posición 3. Sin código de color en la gradilla. Ver Figura 1). Eliminar el exceso de aire, y cerrar los sobres con el zip.
  - a. Para llevar a cabo una transferencia correcta, asegúrese de que el líquido esté en la parte inferior del tubo y que no esté adherido a la parte superior del tubo o al sello del mismo. Golpear suavemente cada tubo sobre una superficie dura para asegurarse de que todo el producto quede en el fondo del tubo.

Figura 1. Tira de reactivos individuales BD MAX™ TNA Reagent (TNA) del kit de extracción BD MAX™ ExK™ TNA-3 kit.



### 8.3.3. Configuración del instrumento BD MAX™

- 1) Seleccionar la pestaña "Work List" (Lista de trabajo) en la pantalla "Run" (Correr) utilizando el software v4.50A o uno superior del sistema BD MAX™.
- 2) En el menú desplegable "Test" (Test), seleccionar VIASURE SARS-CoV-2 Variant (si todavía no está creado, consultar la sección 8.3.1).
- 3) Seleccionar en el menú desplegable el número de lote del kit de extracción empleado (situado en el estuche exterior). Este paso es opcional.
- 4) Introducir el número de identificación/el código de barras del "Sample Buffer Tube" (Tubo de tampón de muestra) en la ventana de "Sample tube" (Tubo de muestra) dentro de la pestaña "Work List" (Lista de trabajo), ya sea escaneando el código de barras con el lector o mediante entrada manual.

- 5) Introducir "Specimen/Patient ID" (identificación de la muestra/paciente) y/o "Accession" (Acceso) en la pestaña "Work List" (Lista de trabajo) y haga clic en el botón "Save" (Guardar). Continúe hasta que se introduzcan todos los tubos de tampón de muestra. Asegúrese de que la identificación muestra/paciente y los tubos de tampón de muestra estén correctamente colocados.
- 6) Colocar el tampón de muestra preparado en la(s) gradilla(s) del sistema BD MAX™.
- 7) Colocar la(s) gradilla(s) en el sistema BD MAX™ (la gradilla A se encuentra en el lado izquierdo del sistema BD MAX™ y la gradilla B en el lado derecho).
- 8) Colocar el número necesario de BD MAX™ PCR Cartridges en el sistema BD MAX™.
- 9) Cerrar la puerta del sistema BD MAX™.
- 10) Presionar "Start Run" (Empezar a correr) para comenzar con el procedimiento.

### 8.3.4. Informe BD MAX™

- 1) En el menú principal, hacer click en el botón "Results" (Resultados).
- 2) Hacer doble click en la prueba incluida en la lista de ensayos o seleccionar la prueba y presionar el botón "view" (Ver).
- 3) Hacer click en el botón "Print" (Imprimir), seleccionar: "Run Details, Test Details and Plot..." (Detalles de ejecución, detalles de prueba y gráfica ...).
- 4) Hacer click en el botón "Print or Export" (Imprimir o Exportar) de la pantalla "Run Report" (Sacar informe).

## 9. Interpretación de resultados

Para una descripción detallada de cómo analizar los datos, consultar el manual de usuario del sistema BD MAX™.

El ensayo VIASURE SARS-CoV-2 *Variant* Real Time PCR Detection Kit for BD MAX™ System está destinado a utilizarse en muestras con resultado positivo para RNA de SARS-CoV-2. Si se utiliza junto con VIASURE SARS-CoV-2 (N1+N2) Real Time PCR Detection Kit for BD MAX™ System para detectar la presencia de RNA del SARS-CoV-2 en muestras de diagnóstico desconocido, consultar la interpretación de resultados en las instrucciones de uso de dicho producto para llevar a cabo una correcta identificación del RNA de SARS-CoV-2.

El análisis de los datos se realiza con el software del sistema BD MAX™ de acuerdo con las instrucciones de uso del fabricante. El software del sistema BD MAX™ proporciona los valores de Ct y muestra las curvas de amplificación para cada uno de los canales de detección de cada muestra que se analiza de la siguiente manera:

- Un valor de Ct de 0 indica que el software no calculó ningún valor de Ct con el umbral especificado (ver Tabla 3). Si la curva de amplificación muestra un "0" como valor de Ct, es necesario analizarla manualmente.
- Un valor de Ct de -1 indica que no ha habido proceso de amplificación.
- Cualquier otro valor de Ct debería de ser interpretado en correlación con la curva de amplificación y según las pautas de interpretación descritas en la Tabla 6.

Comprobar la emisión de la señal del control interno para verificar el correcto funcionamiento de la mezcla de amplificación. Además, comprobar que no hay ningún fallo del sistema BD MAX™.



Los resultados deben leerse y analizarse utilizando la siguiente tabla:

Delección HV 69/70 (475/520)	Mutación K417N (530/565)	Mutación K417T (585/630)	Control Interno Endógeno (630/665)	Interpretación
+	-	-	+/- <sup>1</sup>	Delección HV 69/70 Detectada <sup>1</sup>
-	+	-	+/- <sup>1</sup>	Mutación K417N Detectada <sup>1</sup>
-	-	+	+/- <sup>1</sup>	Mutación K417T Detectada <sup>1</sup>
+	+	-	+/- <sup>1</sup>	Delección HV 69/70 y Mutación K417N Detectadas <sup>1</sup>
+	-	+	+/- <sup>1</sup>	Delección HV 69/70 y Mutación K417T Detectadas <sup>1</sup>
-	+	+	+/- <sup>1</sup>	Mutación K417N y Mutación K417T Detectadas <sup>1</sup>
+	+	+	+/- <sup>1</sup>	Delección HV 69/70, Mutación K417N y Mutación K417T Detectadas <sup>1</sup>
-	-	-	+ <sup>1</sup>	Delección HV 69/70, Mutación K417N y Mutación K417T no detectadas <sup>1</sup>
-	-	-	- <sup>2</sup>	Resultado no resuelto (UNR) debido a la presencia de inhibidores en la reacción de PCR o a un problema general (no informado por un código de error) durante el procesamiento de la muestra y/o la etapa de amplificación <sup>3</sup>
IND	IND	IND	IND	Resultado indeterminado (IND) debido a un fallo en el sistema BD MAX™. Este resultado se muestra en caso de un fallo del instrumento vinculado a un código de error.
INC	INC	INC	INC	Resultado de ensayo incompleto (INC) debido a un fallo en el sistema BD MAX™. Este resultado se muestra en caso de que no se complete la prueba.

Tabla 6. Interpretación.

+: curva de amplificación  
-: sin curva de amplificación

**1** Una muestra se considera positiva, si el valor Ct obtenido es menor de 40. El Control Interno Endógeno (CI) puede mostrar o no una señal de amplificación. En ocasiones, la detección del control interno no es necesaria, ya que la presencia de un alto número inicial de copias del ácido nucleico diana puede causar una amplificación preferencial de esta última.

**2** En el caso de que las regiones diana de la delección HV 69/70, la mutación K417N y la mutación K417T resulten negativas, el CI debe mostrar una señal de amplificación con Ct menor de 35. El valor de Ct podría ser muy variable debido a que el control interno endógeno es un gen humano *housekeeping* que debería estar presente en todas las células nucleadas humanas en la muestra original. En el caso de ausencia de señal o valor de Ct  $\geq 35$  del control interno endógeno, el resultado se considera "invalido" y se requiere repetir el ensayo.

Resumen de mutaciones asociadas con los siguientes linajes presentes en las variantes de preocupación más conocidas (VOC):

Linajes	Nombre emitido por la WHO	Mutaciones en el gen S <sup>1</sup>		
		Delección HV 69/70	Mutación K417N	Mutación K417T
B.1.1.7	Alfa	X	-	-
B.1.351	Beta	-	X	-
P.1	Gamma	-	-	X

Tabla 7. Resumen de las mutaciones asociadas a las variantes de preocupación conocidas (VOC).

<sup>1</sup><https://www.gov.uk/government/publications/covid-19-variants-genomically-confirmed-case-numbers/variants-distribution-of-cases-data>. (datos actualizados a fecha 19 de Mayo 2021).

Otras variantes pueden presentar la delección HV 69/70 y las mutaciones K417T y K417N debido a que no son específicas de las variantes mencionadas.

**La asignación final a un linaje debe realizarse mediante secuenciación.**

En caso de un resultado ambiguo continuo, se recomienda revisar las instrucciones de uso, el proceso de extracción utilizado por el usuario; verificar el correcto rendimiento de cada etapa de la RT-qPCR y revisar los parámetros; y verificar la forma sigmoidea de la curva y la intensidad de la fluorescencia.

El resultado de la prueba debe ser en el contexto del historial médico, los síntomas clínicos y otras pruebas de diagnóstico por un profesional de la salud.

## 10. Limitaciones del test

- El resultado de la prueba debe ser evaluado en el contexto del historial médico, los síntomas clínicos y otras pruebas de diagnóstico por un profesional de la salud.
- Este ensayo se podría utilizar con diferentes tipos de muestras, aunque sólo ha sido validado con hisopos nasofaríngeos/orofaríngeos y muestras de saliva, ambas recogidas en medio de transporte viral (Viral transport medium, VTM).
- Para obtener un buen rendimiento de la prueba, el producto liofilizado debe encontrarse en la parte inferior del tubo y no adherido a la parte superior del tubo o al sello de aluminio. Golpear suavemente cada tubo sobre una superficie dura para asegurarse de que todo el producto quede en el fondo del tubo.
- Un aspecto de la mezcla de reacción en formato estabilizado, que normalmente se encuentra en el fondo del tubo, diferente al habitual (sin forma cónica, no homogénea, de menor/mayor tamaño y/o color diferente al blanquecino) no altera la funcionalidad de la prueba.
- El correcto funcionamiento de la prueba depende de la calidad de la muestra; el ácido nucleico deber ser extraído de forma adecuada de las muestras respiratorias.
- Esta prueba es un ensayo cualitativo y no proporciona valores cuantitativos ni indica el número de organismos presentes.
- Se puede detectar un bajo número de copias molde diana por debajo del límite de detección, pero los resultados pueden no ser reproducibles.

- Existe la posibilidad de falsos positivos debido a la contaminación cruzada con RNA de SARS-CoV-2 con la delección HV 69/70, la mutación K417N o la mutación K417T en el gen S, ya sea por muestras que contienen altas concentraciones de RNA molde diana, o por contaminación por arrastre a partir de productos de PCR de reacciones anteriores.
- Las combinaciones de cebadores y sondas específicas para la detección de la delección HV 69/70, la mutación K417N o la mutación K417T empleadas en el test VIASURE SARS-CoV-2 Variant Real Time PCR Detection Kit for BD MAX™ System no mostraron homologías combinadas significativas con el genoma humano, microflora humana u otros coronavirus, que pudieran originar falsos positivos predecibles.
- Varios factores y sus combinaciones pueden dar lugar a Falsos Negativos, incluyendo:
  - Métodos inadecuados de recolección, transporte, almacenamiento y/o manipulación de muestras.
  - Procedimientos de procesamiento incorrectos (incluyendo la extracción de RNA).
  - Degradación del RNA viral durante el envío/almacenamiento y/o procesamiento de la muestra.
  - Mutaciones o polimorfismos en regiones de unión de cebadores o sondas que pueden afectar la detección de variantes nuevas o desconocidas de SARS-CoV-2.
  - Una carga viral en la muestra por debajo del límite de detección para el ensayo.
  - La presencia de inhibidores de RT-qPCR u otros tipos de sustancias interferentes. No se ha evaluado el impacto de las vacunas, terapias antivirales, antibióticos, quimioterapéuticos o fármacos inmunosupresores utilizados para prevenir COVID-19 o durante el tratamiento de la infección.
  - No seguir las instrucciones de uso y el procedimiento de ensayo.
- Algunas muestras pueden no presentar curvas de amplificación de *RNasa P* debido al bajo número de células humanas en la muestra clínica original. Una señal del CI negativa no impide la presencia de la delección HV 69/70, la mutación K417N o la mutación K417T en una muestra clínica.
- Un resultado positivo no indica necesariamente la presencia de virus viables y no implica que estos virus sean infecciosos o que sean los agentes causantes de los síntomas clínicos. Sin embargo, un resultado positivo puede ser indicativo de la presencia de las secuencias virales diana.
- La presencia de la delección HV 69/70 está asociada con la variante Alfa (linaje B.1.1.7), la mutación K417N con la variante Beta (linaje B.1.351) y la mutación K417T con la variante Gamma (linaje P.1), sin embargo, la asignación final a un linaje debe realizarse mediante secuenciación.
- Resultados negativos no excluyen la presencia de SARS-CoV-2 debido a que este ensayo está diseñado para su uso en muestras positivas a SARS-CoV-2.
- En el caso de obtener con VIASURE SARS-CoV-2 Variant Real Time PCR Detection Kit for BD MAX™ System resultados no resueltos, indeterminados o incompletos, se requiere volver a testar de nuevo. Los no resueltos pueden deberse a la presencia de inhibidores en la muestra o debido a una rehidratación incorrecta del tubo de mezcla de reacción liofilizada. Si hay un fallo en el instrumento, se podrán obtener resultados indeterminados o incompletos.

## 11. Control de calidad

VIASURE SARS-CoV-2 Variant Real Time PCR Detection Kit for BD MAX™ System contiene un Control Interno Endógeno (CI) en cada tubo de reacción que confirma el correcto funcionamiento de la técnica.

## 12. Características del test

### 12.1. Sensibilidad y especificidad clínica

La sensibilidad y especificidad clínica de VIASURE SARS-CoV-2 Variant Real Time PCR Detection Kit for BD MAX™ System fue evaluada empleando muestras clínicas respiratorias (hisopos nasofaríngeos) procedentes de pacientes con sospecha de infección respiratoria. En la siguiente tabla se incluye un resumen de las localizaciones, tipos de muestra y flujo de trabajo aplicado:

	Centro	Tipo de muestra	Flujo de trabajo	Diana
1	CerTest Biotec S.L (Zaragoza, España)	Hisopo nasofaríngeo	BD MAX™ ExK™ TNA-3 kit + BD MAX™ System	Deleción HV 69/70
				Mutación K417T
				Mutación K417N

Tabla 8. Resumen de los centros, tipos de muestra, flujo de trabajo llevado a cabo durante las evaluaciones clínicas y dianas.

Los valores positivo y negativo, falso positivo y falso negativo, sensibilidad y especificidad para VIASURE SARS-CoV-2 Variant Real Time PCR Detection Kit for BD MAX™ System se calcularon en relación a cada ensayo comparador, tal como se muestra en la siguiente tabla:

Centro	Ensayo comparador	Diana	TP	TN	FP	FN	Sensibilidad	Especificidad
1	TaqPath COVID-19 CE-IVD RT-PCR Kit/ VIASURE SARS-CoV-2 Real Time PCR Detection Kit molecular assay + sequencing	Deleción HV 69/70	48	167	0	2	96% (85 – 99)	100% (97 – 100)
		Mutación K417T	50	167	0	0	100% (91 – 100)	100% (97 – 100)
		Mutación K417N	7	209	0	1	88% (46 – 99)	100% (97 – 100)

Tabla 9. Valores positivo y negativo verdaderos, valores positivo y negativo falsos, sensibilidad y especificidad para VIASURE SARS-CoV-2 Variant Real Time PCR Detection Kit for BD MAX™ System.

Estos resultados muestran una concordancia para detectar la deleción HV 69/70 y las mutaciones de SARS-COV-2 K417T y K417N utilizando VIASURE SARS-CoV-2 Variant Real Time PCR Detection Kit for BD MAX™ System.

Para evaluar la compatibilidad de diferentes matrices de muestras (hisopo nasofaríngeo, hisopo orofaríngeo e hisopo nasofaríngeo / orofaríngeo en VTM de Vircell), se ha llevado a cabo un estudio de compatibilidad. Los resultados obtenidos mostraron que los tres tipos de matrices eran compatibles con VIASURE SARS-CoV-2 Variant Real Time PCR Detection Kit for BD MAX™ System.

### 12.2. Sensibilidad analítica

Los resultados obtenidos al calcular el límite de detección (LoD) de VIASURE SARS-CoV-2 Variant Real Time PCR Detection Kit for BD MAX™ System con una tasa positiva  $\geq 95\%$  son los siguientes:

- VIASURE SARS-CoV-2 Variant Real Time PCR Detection Kit for BD MAX™ System tiene un límite de detección (LoD) de  $\geq 2$  copias/reacción en muestras nasofaríngeas y  $\geq 5$  copias/reacción en muestras de saliva para la deleción HV 69/70 utilizando RNA del linaje SARS-CoV-2 B.1.1.7.

- b) VIASURE SARS-CoV-2 Variant Real Time PCR Detection Kit for BD MAX™ System tiene un límite de detección (LoD) de  $\geq 5$  copias/reacción en muestras nasofaríngeas y  $\geq 5$  copias/reacción en muestras de saliva para la mutación K417N utilizando RNA del linaje SARS-CoV-2 B.1.351.
- c) VIASURE SARS-CoV-2 Variant Real Time PCR Detection Kit for BD MAX™ System tiene un límite de detección (LoD) de  $\geq 10$  copias/reacción en muestras nasofaríngeas y  $\geq 15$  copias/reacción en muestras de saliva para la mutación K417T utilizando RNA del linaje SARS-CoV-2 P.1.

Figura 2. Diluciones seriadas de SARS-CoV-2 Variant (HV 69/70 deletion) (cDNA sintético) ( $5.3 \times 10^5$ - $5.2 \times 10^1$  copias genómicas por reacción). Experimento realizado en el equipo BD MAX™ System (canal 475/520 (FAM)).

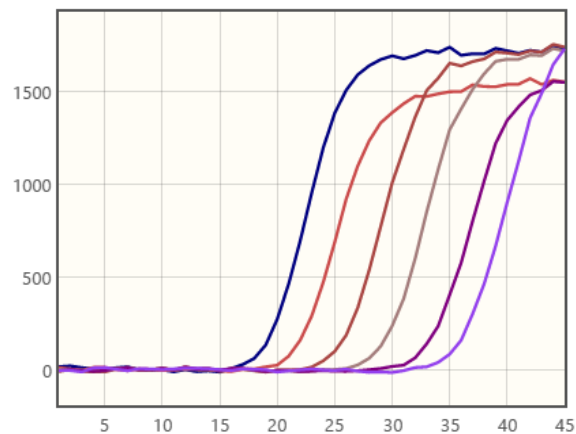


Figura 3. Diluciones seriadas de SARS-CoV-2 Variant (mutación K417N) (cDNA sintético) ( $5.3 \times 10^5$ - $5.2 \times 10^1$  copias genómicas por reacción). Experimento realizado en el equipo BD MAX™ System (canal 530/565 (HEX)).

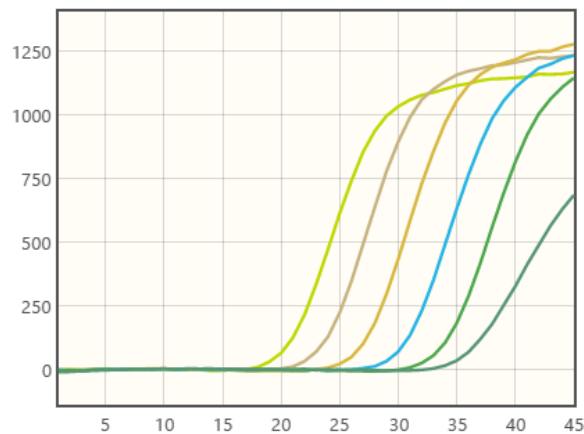
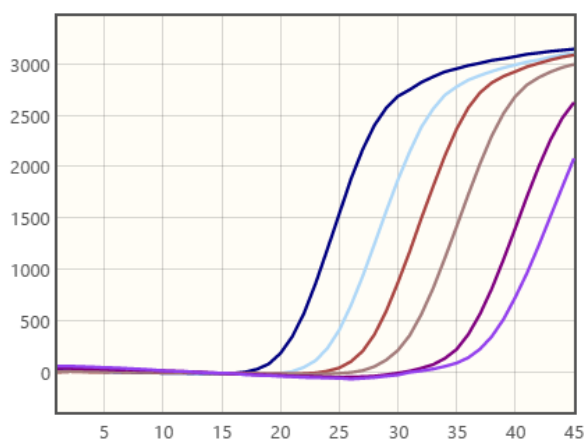


Figura 4. Diluciones seriadas de SARS-CoV-2 Variant (mutación K417T) (cDNA sintético) ( $5.3 \times 10^5$ - $5.2 \times 10^1$  copias genómicas por reacción). Experimento realizado en el equipo BD MAX™ System (canal 585/630 (ROX)).



### 12.3. Especificidad analítica

La especificidad del ensayo de SARS-CoV-2 fue confirmada probando un panel compuesto por diferentes microorganismos que representan los patógenos respiratorios más comunes. No se detectan reacciones cruzadas con ninguno de los siguientes microorganismos testados:

Prueba de reactividad cruzada					
Adenovirus humano tipos 1-5, 8, 15, 31, 40 y 41	-	Virus Influenza A/Singapore/GP1908/2015, IVR-180 (H1N1)pdm09	-	Virus Parainfluenza humano 1, 2, 3 y 4	-
Bocavirus	-	Virus Influenza A/Thüringen/5/2017 (H3N2)	-	<i>Pneumocytis jirovecii</i> Tipo A1 y g885652	-
<i>Bordetella bronchiseptica</i>	-	Virus Influenza A/Switzerland/9715293/2013 (H3N2)	-	Rhinovirus humano tipo C	-
<i>Bordetella holmesii</i>	-	Virus Influenza A/Hong Kong/4801/2014, NYMC X-263B (H3N2)	-	Respiratory syncytial virus (RSV) A/B	-
<i>Bordetella parapertussis</i>	-	Virus Influenza A/DE-SH/Reiherente/AR8444/ 2016 (H5N8)	-	SARS Coronavirus cepa Frankfurt 1	-
<i>Bordetella pertussis</i>	-	Virus Influenza A/Anhui/1/2013 (H7N9)	-	2019-nCoV humano cepa BetaCoV/Germany/BavPat1/2020 p.1*	-
<i>Chlamydia caviae</i>	-	Virus Influenza A/Michigan/45/2015 (H1N1)pdm09	-	<i>Mycoplasma pneumoniae</i>	-
<i>Chlamydia psittaci</i> genotipo A y C	-	Virus Influenza B/Brisbane/60/2008	-	<i>Mycobacterium tuberculosis</i>	-
<i>Chlamydophila pneumoniae</i> CM-1	-	Virus Influenza A/South Australia/55/2014, IVR-175	-	2019-nCoV humano cepa 2019-nCoV/Italy-INMI1*	-
Coronavirus humano 229E, OC43, NL63 y HKU1	-	Virus Influenza B/Phuket/3073/2013	-	MT007544.1 (SARS-CoV-2 isolate Australia/VIC01/2020)*	-
MERS Coronavirus	-	Virus Influenza B/Florida/04/06	-	MN908947.3 (SARS-CoV-2 isolate Wuhan-Hu-1)*	-
Enterovirus Coxsackievirus A24, A9 y B3	-	<i>Legionella bozemanii</i>	-	SARS-CoV-2 cepa 2019nCoV/USAWA1/2020*	-
Enterovirus Echovirus 30	-	<i>Legionella dumoffii</i>	-	SARS-CoV-2 BetaCoV/Berlin/ChVir1670/2020_IsolatBER*	-
Enterovirus 68, 71	-	<i>Legionella longbeachae</i>	-	SARS-CoV-2 BetaCoV/Munich/ChVir984/2020*	-

Prueba de reactividad cruzada					
Haemophilus influenzae MinnA	-	<i>Legionella micdadei</i>	-	SARS-CoV-2 BetaCoV/Baden-Wuerttemberg/1/ChVir1577/2020_IsolatBER*	-
Virus Influenza A/New Caledonia/20/99(H1N1)	-	<i>Legionella pneumophila</i>	-	Staphylococcus aureus	-
Virus Influenza A/Victoria/210/2009 (H3N2)	-	Metapneumovirus humano A y B	-	Streptococcus pneumoniae	-
Virus Influenza A/California/7/2009(H1N1)pdm09	-	<i>Moraxella catarrhalis</i>	-	Streptococcus pyogenes	-

Tabla 10. Microorganismos patógenos de referencia utilizados en este estudio.

\* Tenga en cuenta que la detección de estas cepas de SARS-CoV-2 no se considera en este ensayo. Esta prueba está diseñada para la detección cualitativa de la delección HV 69/70, la mutación K417N y la mutación K417T del gen S presentes en las variantes SARS-CoV-2 Alpha, Beta y Gamma (linajes B.1.1.7, B.1.351 y P.1), entre otras.

## 12.4. Reactividad analítica

La reactividad de VIASURE SARS-CoV-2 Variant Real Time PCR Detection Kit for BD MAX™ System se evaluó frente a los controles de RNA sintéticos de dos secuencias diferentes asociadas a la variante Alfa (Variantes B.1.1.7\_710528 y B.1.1.7\_601443), una secuencia asociada a la variante Beta (Control 16 (SARS-CoV-2 lineage B.1.351) (South Africa/KRISP-EC-K005299/2020)) y una secuencia asociada a la variante Gamma (Control 17 (SARS-CoV-2 lineage P.1) Japan/Brazilian variant (Japan/IC-0564/2021)), mostrando un resultado positivo.











## Bibliography/Bibliografía

1. Huang, C. *et al.* Clinical features of patients infected with 2019 novel coronavirus in Wuhan, China. *The Lancet*, 2020. DOI : 10.1016/S0140-6736(20)30183-5.
2. Zhu N. *et al.* A novel coronavirus from patients with pneumonia in China, 2019. *New England Journal of Medicine.*, 2020. DOI : 10.1056/NEJMod2001017.
3. World Health Organization. MERS situation update. January 2020. Available from <https://applications.emro.who.int/docs/EMCSR254E.pdf?ua=1> Accessed January 2021.
4. Chen N. *et al.* Epidemiological and Clinical Characteristics of 99 Cases of 2019-Novel Coronavirus (2019-nCoV) Pneumonia in Wuhan, China. *The Lancet*, 2020. DOI: 10.1016/S0140-6736(20)30211-7.
5. Lv D.F. *et al.* Dynamic change process of target genes by RT-PCR testing of SARS-Cov-2 during the course of a Coronavirus Disease 2019 patient. *Clinica Chimica Acta* 2020; 506: 172-175.
6. World Health Organization. Clinical management of COVID-19 disease" Interim guidance 27 May 2020. Available from <https://www.who.int/publications/i/item/clinical-management-of-covid-19> Accessed January 2021.
7. Lu R. *et al.* Genomic characterisation and epidemiology of 2019 novel coronavirus: implications for virus origins and receptor binding. *The Lancet*, 2020. DOI : 10.1016/S0140-6736(20)30251-8.
8. Rothe C. *et al.* Transmission of 2019-nCoV Infection from an Asymptomatic Contact in Germany. *New England Journal of Medicine*, 2020. DOI : 10.1056/NEJMc2001468.
9. Centers of Disease Control and Prevention (CDC). Coronavirus Disease 2019 (COVID-19), Symptoms of Coronavirus. Available from <https://www.cdc.gov/coronavirus/2019-ncov/about/symptoms.html> Accessed January 2021.
10. Centers of Disease Control and Prevention (CDC). Coronavirus Disease 2019 (COVID-19), Older Adults. Available from <https://www.cdc.gov/coronavirus/2019-ncov/need-extra-precautions/older-adults.html> Accessed January 2021.
11. World Health Organization. Laboratory testing for 2019 novel coronavirus (2019-nCoV) in suspected human cases. Interim guidance. 19 March 2020. Available from <https://www.who.int/publications-detail/laboratory-testing-for-2019-novel-coronavirus-in-suspected-human-cases-20200117> Accessed January 2021.
12. Yan Y *et al.* Laboratory testing of SARS-CoV, MERS-CoV, and SARS-CoV-2 (2019-nCoV): Current status, challenges, and countermeasures. *Reviews in Medical Virology* 2020; 30(3):e2106.
13. Centers of Disease Control and Prevention (CDC). 2019-Novel Coronavirus (2019-nCoV) Real-time rRT-PCR Panel Primers and Probes. <https://www.cdc.gov/coronavirus/2019-ncov/downloads/rt-pcr-panel-primer-probes.pdf> Accessed January 2021.
14. Chu D.K.W. *et al.* Molecular Diagnosis of a Novel Coronavirus (2019-nCoV) Causing an Outbreak of Pneumonia. *Clinical Chemistry* 2020;66(4): 549-555.
15. Corman V.M. *et al.* Detection of 2019 novel coronavirus (2019-nCoV) by real-time RT-PCR. *European communicable disease bulletin* 2020;25(3).
16. European Centre for Disease Prevention and Control. Novel coronavirus disease 2019 (COVID-19) pandemic: increased transmission in the EU/EEA and the UK – sixth update – 12 March 2020. Stockholm: ECDC; 2020. Available from <https://www.ecdc.europa.eu/sites/default/files/documents/RRA-sixth-update-Outbreak-of-novel-coronavirus-disease-2019-COVID-19.pdf> Accessed January 2021.
17. Lim, Y. X., Ng, Y. L., Tam, J. P., & Liu, D. X. (2016). Human coronaviruses: a review of virus–host interactions. *Diseases*, 4(3), 26.



18. McBride R. *et al.* The coronavirus nucleocapsid is a multifunctional protein. *Viruses* 2014; 6(8):2991-3018.
19. Sheikh A. *et al.* Analysis of preferred codon usage in the coronavirus N genes and their implications for genome evolution and vaccine design. *Journal of Virological Methods* 2020; 277:113806.
20. World Health Organization. Laboratory testing strategy recommendations for COVID-19: interim guidance Interim guidance. 21 March 2020. Available from <https://www.who.int/publications/i/item/laboratory-testing-strategy-recommendations-for-covid-19-interim-guidance>. Accessed January 2021.
21. Enfermedad por coronavirus, COVID-19, Información Científica-técnica. Centro de Coordinación de Alertas y Emergencias Sanitarias. Ministerio de Sanidad, España. 01-2021.
22. Centers of Disease Control and Prevention (CDC). Emerging SARS-CoV-2 Variants. Available from <https://www.cdc.gov/coronavirus/2019-ncov/science/science-briefs/scientific-brief-emerging-variants.html> Accessed May 2021
23. Centers of Disease Control and Prevention (CDC). SARS-CoV-2 Variant Classifications and Definitions. Available from <https://www.cdc.gov/coronavirus/2019-ncov/cases-updates/variant-surveillance/variant-info.html> Accessed May 2021.
24. Brief report: New Variant Strain of SARS-CoV-2 Identified in Travelers from Brazil (NIID, Japan) Available from <https://www.niid.go.jp/niid/en/2019-ncov-e/10108-covid19-33-en.html> Accessed May 2021.
25. Genomic characterisation of an emergent SARS-CoV-2 lineage in Manaus: preliminary findings. Available from <https://virological.org/t/genomic-characterisation-of-an-emergent-sars-cov-2-lineage-in-manaus-preliminary-findings/586> Accessed May 2021.
26. Tegally H *et al.* Emergence and rapid spread of a new severe acute respiratory syndrome-related coronavirus 2 (SARS-CoV-2) lineage with multiple spike mutations in South Africa. medRxiv 2020; doi: 10.1101/2020.12.21.20248640

## Symbols for IVD components and reagents/Símbolos para reactivos y productos para diagnóstico *in vitro*

 <p><i>In vitro</i> diagnostic device Producto para diagnóstico <i>in vitro</i></p>	 <p>Keep dry Almacenar en lugar seco</p>	 <p>Use by Fecha de caducidad</p>	 <p>Manufacturer Fabricante</p>	 <p>Batch code (Lot) Número de lote</p>
 <p>Consult instructions for use Consultar las instrucciones de uso</p>	 <p>Temperature limitation Limitación de temperatura</p>	 <p>Contains sufficient for &lt;n&gt; test Contiene &lt;n&gt; test</p>	 <p>Sample diluent Diluyente de muestra</p>	 <p>Catalog number Número de referencia</p>

## Trademarks

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

<b>Change Control / Control de Cambios</b>		
<b>Version No. / Versión nº</b>	<b>Changes / Cambios</b>	<b>Date / Fecha</b>
00	Original version / Versión original.	11/06/2021
01	New clinical evaluation is added in the clinical sensitivity and specificity section / Se añade una nueva evaluación clínica en la sección de sensibilidad y especificidad clínica.	16/06/2021
02	New targets included in the product design. Change of the variants names to meet the WHO naming SARS-CoV-2 variants criteria. / Nuevas dianas incluidas en el diseño del producto. Cambio del nombre de las variantes para cumplir con los criterios de la OMS para denominar las variantes de SARS-CoV-2.	29/07/2021
03	Typo corrections / Corrección de erratas.	10/08/2021

Table A 2. Control change table/ Tabla de control de cambios.

Revision: 10<sup>th</sup> August 2021



# VIASURE



**CerTest Biotec, S.L.**

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

Tel. (+34) 976 520 354

Fax (+34) 976 106 268

certest@certest.es | viasure@certest.es

[www.certest.es](http://www.certest.es)

*One step ahead*



F-566 rev01

