



Circuito interlaboratorio
per l'assicurazione qualità
dei risultati



Circuito di virologia, sierologia e biologia molecolare per
l'influenza aviaria e la malattia di Newcastle

**Report definitivo Schemi IN-V 1-22, IN-SI
1-22, IN-BM 1-22
Anno erogazione 2022**

Responsabile Circuito interlaboratorio AQUA Influenza aviaria e malattia di Newcastle (AQUA IN)
Dr. Calogero Terregino *Tel. 049 8084377*
e-mail cterregino@izsvenezie.it

Responsabile tecnico
Sig.ra Crispina Veggiato *Tel. 049 8084375*
e-mail cveggiato@izsvenezie.it

Responsabile statistico
Dr.ssa Marzia Mancin *Tel. 049 8084431*
e-mail mmancin@izsvenezie.it

Segreteria
Dr.ssa Paola Mozzi *Tel. 049 8084371-369*
e-mail pmozzi@izsvenezie.it

Istituto Zooprofilattico Sperimentale delle Venezie
Centro di Referenza Nazionale per l'influenza aviaria e la malattia di Newcastle
V.le dell'Università 10 – 35020 LEGNARO (PD)
www.izsvenezie.it

Sommario

Introduzione	4
1. Caratteristiche, composizione e controllo dei campioni	4
1.1 Composizione dei campioni prova	4
1.2 Prove di omogeneità e stabilità	5
2. Preparazione e utilizzo dei campioni prova	6
3. Valori assegnati	6
4. Valutazione statistica dei risultati inviati	6
4.1. Valutazione di ogni laboratorio per tipologia di analisi e misurando.....	6
4.2 Valutazione complessiva per tipologia di analisi e misurando.	7
4.3 Valutazione complessiva per laboratorio e tipologia di analisi	7
4.4 Valutazione dei campioni prova per tipologia di analisi e misurando	7
5. Elenco dei laboratori partecipanti	7
6. Analisi dei risultati dello Schema AQUA IN-V.....	9
7. Analisi dei risultati dello Schema AQUA IN-SI.....	20
8. Analisi dei risultati dello Schema AQUA IN-BM.....	34
9. Valutazione complessiva dei risultati.....	48
10. Conclusioni.....	48
11. Informativa sulla privacy.....	48



Report definitivo

Introduzione

Al circuito interlaboratorio AQUA IN 2022 hanno partecipato tutti i laboratori appartenenti alla rete di sorveglianza nazionale per l'influenza aviaria e malattia di Newcastle, facenti capo a differenti Istituti Zooprofilattici, e tre laboratori privati.

Ogni laboratorio viene reso anonimo mediante identificazione alfanumerica il cui codice è conosciuto solo dal laboratorio stesso e dall'organizzatore del circuito.

Per il circuito AQUA IN "Virologia, Sierologia e Biologia molecolare per l'influenza aviaria e la malattia di Newcastle" sono stati organizzati tre schemi:

- IN-V 1-22 "Identificazione di Antigeni emoagglutinanti ottenuti da Virus dell'influenza aviaria (influenza tipo A) e Paramyxovirus aviari/virus della malattia di Newcastle (NDV)";
- IN-SI 1-22 "Identificazione di anticorpi specifici dei Virus influenzali di tipo A, specifici sottotipi del virus dell'influenza aviaria e Paramyxovirus aviari/virus della malattia di Newcastle (NDV)";
- IN-BM 1-22 "Identificazione del genoma di Virus dell'influenza aviaria (influenza tipo A) e Paramyxovirus aviari/virus della malattia di Newcastle (NDV)".

Hanno aderito agli schemi del circuito AQUA IN:

- Virologico (IN-V): 10 laboratori partecipanti;
- Sierologico (IN-SI): 14 laboratori partecipanti;
- Molecolare (IN-BM): 17 laboratori partecipanti.

In data 08/06/2022 è stato pubblicato in AQUAWEB, all'interno dell'area riservata di ciascun laboratorio, un report parziale contenente esclusivamente l'esito atteso.

Tutti gli operatori dell'Organizzazione del circuito interlaboratorio AQUA IN sono tenuti alla riservatezza sia relativamente alla identità dei partecipanti, sia alle informazioni intercorse.

Tutti i partecipanti iscritti hanno inviato i propri risultati.

1. Caratteristiche, composizione e controllo dei campioni

1.1 Composizione dei campioni prova

Schema IN-V: antigeni prodotti a partire da matrici virali fatte crescere in uova embrionate di pollo SPF e inattivati con beta-propiolattone alla diluizione 1:2000 secondo protocollo interno.

Schema IN-SI: sieri ottenuti previa immunizzazione di polli SPF allocati in isolatori BSL3 e inoculati con un'emulsione virale al 12% in adiuvante di Freund completo o equivalente secondo protocollo interno.

Schema IN-BM: virus inattivati prodotti da matrici virali fatte crescere in uova embrionate di pollo SPF e inattivati in PrimeStore MTM® (Longhorn Vaccines and Diagnostics, LLC).

I campioni prova per gli schemi IN-V e IN-SI sono forniti liofilizzati. I campioni per lo schema IN-BM si trovano allo stato liquido.

CIRCUITO AQUA IN			
SCHEMA	AQUA IN-V	AQUA IN-SI	AQUA IN-BM
MATRICE	Liquido allantoideo di pollo SPF	Siero ematico di pollo SPF	Liquido allantoideo di pollo SPF
ID CAMPIONE	Da V1 a V12	Da S1 a S12	Da M1 a M15
MISURANDO	Identificazione di antigeni emoagglutinanti ottenuti da virus dell'influenza aviaria (influenza tipo A) e Paramyxovirus aviari/virus della malattia di Newcastle (NDV)	Identificazione di anticorpi specifici dei virus influenzali di tipo A, di specifici sottotipi del virus dell'influenza aviaria e di Paramyxovirus aviari/virus della malattia di Newcastle (NDV)	Identificazione del genoma di virus dell'influenza aviaria (influenza tipo A) e Paramyxovirus aviari/virus della malattia di Newcastle (NDV)

1.2 Prove di omogeneità e stabilità

Le prove di omogeneità e stabilità sono state eseguite con le seguenti metodiche:

MISURANDO	SCHEMA	MATRICE	TECNICA DI PROVA
Antigene	AQUA IN-V	Liquido allantoideo di pollo SPF	HA/HI
Anticorpi specifici	AQUA IN-SI	Siero ematico di pollo SPF	HI, AGID e ELISA
Genoma virale	AQUA IN-BM	Liquido allantoideo di pollo SPF	RT-PCR e/o real time RT-PCR

Per le prove di omogeneità e stabilità vengono applicate le PDP di riferimento per influenza aviaria e malattia di Newcastle pubblicate sul sito IZSve del centro di riferimento al seguente indirizzo <https://www.izsvenezie.it/temi/malattie-patogeni/influenza-aviaria/procedure-prova/>

I campioni prova risultano omogenei e stabili in quanto concordi con il risultato atteso.

Le informazioni relative alle prove di stabilità e omogeneità sono disponibili, su richiesta, presso l'organizzatore.

2. Preparazione e utilizzo dei campioni prova

I campioni prova del pannello virologico e sierologico sono inviati liofilizzati e ciascuno di essi doveva essere ricostituito, secondo le istruzioni fornite ai partecipanti, in 1 ml di acqua distillata sterile poco prima di eseguire le analisi. I campioni prova del pannello molecolare sono conferiti diluiti in 1 ml Primestore® MTM e sono pronti all'uso.

Per ulteriori specifiche fare riferimento alle indicazioni riportate in Aquaweb, all'interno dell'area riservata di ciascun laboratorio.

Il partecipante poteva applicare un metodo a sua scelta per la ricerca dei misurandi purché questo fosse incluso tra quelli previsti dalla Decisione della Commissione 2006/437/CE (tecnicamente ancora valida come riferimento per le prove diagnostiche per l'influenza aviaria) e nei capitoli del Manuale Diagnostico WOA (ex OIE) sull'influenza aviaria e sulla malattia di Newcastle (Capitolo 3.3.4 e 3.3.14).

Periodo per l'esecuzione delle prove: dal 04/04/2022 al 03/06/2022.

3. Valori assegnati

Per le prove qualitative di identificazione, mediante metodica sierologica, virologica e biomolecolare del circuito AQUA IN, il valore assegnato coincide con il valore atteso che è definito dall'organizzatore del circuito AQUA IN in quanto derivante dalla conoscenza della preparazione dei campioni prova da analizzare o dall'utilizzo di materiale di riferimento.

Per questa tipologia di circuiti interlaboratorio non vengono fornite statistiche di sintesi come media e/o deviazione standard di risultati indicanti proprietà qualitative e informazioni quantitative in merito all'incertezza del valore assegnato in quanto non appropriate. Inoltre, non sono previste procedure statistiche per l'identificazione e gestione di valori anomali ed errori grossolani in quanto non appropriate alla tipologia di risposta richiesta dal circuito interlaboratorio.

4. Valutazione statistica dei risultati inviati

4.1. Valutazione di ogni laboratorio per tipologia di analisi e misurando: per ogni tipologia di analisi (identificazione mediante test sierologici, virologici e biomolecolari) e per ogni misurando (AIV, H5, ...), l'esito di presenza/assenza fornito da ogni partecipante viene confrontato con il valore assegnato che coincide con il valore atteso definito dall'organizzatore del circuito AQUA IN. La performance del partecipante viene quindi valutata in termini di concordanza con il valore assegnato nei seguenti modi:

- 1) Percentuale di risposte corrette attribuendo valore 1 se l'esito trasmesso dal partecipante coincide con il valore assegnato e 0 altrimenti;
- 2) Statistica K di Cohen e relativa significatività per valutare la concordanza con il valore assegnato, depurata dall'effetto casuale. L'indice K di concordanza può assumere valori compresi tra -1 (massimo disaccordo) e +1 (massimo accordo). Se l'accordo osservato è uguale all'accordo atteso per effetto del caso, K assume un valore uguale a 0 (accordo nullo). Ad ogni valore di K è associata la significatività (*p-value*) che indica se l'accordo osservato è

reale o semplicemente dovuto al caso. Per l'interpretazione dei valori del K di Cohen si rimanda alla scala di Landis & Koch riportata di seguito:

K	Concordanza
≤ 0	Scarsissima
0.01-0.20	Scarsa
0.21-0.40	Discreta
0.41-0.60	Moderata
0.61-0.80	Buona
0.81-1.00	Ottima

- 3) Nel caso in cui il laboratorio non abbia analizzato alcuni campioni prova (esito n.e. = analisi non eseguita) percentuale di risposte corrette secondo quanto riportato al punto 1, pesata per la percentuale di prove effettuate su quelle inviate;
- 4) Nel caso in cui il laboratorio non abbia analizzato alcuni campioni prova (esito n.e. = analisi non eseguita), percentuale di risposte corrette attribuendo valore 1 se l'esito trasmesso dal partecipante coincide con l'esito assegnato, 0 se non ha eseguito la prova e -1 se l'esito trasmesso non corrisponde all'esito assegnato.

4.2 Valutazione complessiva per tipologia di analisi e misurando: una valutazione complessiva dello svolgimento della prova è data dal calcolo della statistica K di Fleiss (estensione della K di Cohen per $m > 2$ partecipanti). Tale statistica permette di valutare la concordanza nella tipologia di risposta tra i laboratori che hanno eseguito la prova. Nel caso in cui alcuni laboratori non avessero eseguito l'intero pannello di analisi dei campioni inviati, si valuta l'ipotesi di non considerarli nella valutazione complessiva. Per l'interpretazione della statistica K di Fleiss si rimanda sempre alla scala di Landis & Koch.

4.3 Valutazione complessiva per laboratorio e tipologia di analisi: una valutazione complessiva della performance dei laboratori partecipanti per tipologia di analisi, indipendentemente dal misurando ricercato, è data ripetendo le valutazioni riportate al punto 4.1 considerando tutte le identificazioni di tutti i misurandi richiesti assieme. In questo modo è possibile fornire una valutazione congiunta e riepilogativa della performance del laboratorio per tipologia di analisi.

4.4 Valutazione dei campioni prova per tipologia di analisi e misurando: una valutazione delle possibili difficoltà riscontrate nell'analizzare i campioni prova inviati viene fornita in termini di percentuale di partecipanti che hanno risposto correttamente rispetto al valore assegnato dall'organizzatore del circuito.

5. Elenco dei laboratori partecipanti (in ordine alfabetico)

Agricola Tre Valli - Verona - (Lab. Sierologia)
Agricola Tre Valli - Verona - (Lab. di Biologia Molecolare)
Gesco Consorzio Cooperativo - Brescia

IZSM - Sede centrale di Portici (Napoli)
IZSM - Sezione di Catanzaro (Lab. di classe III)
IZSM - Sezione di Catanzaro (Lab. Sierologia)
IZS Sardegna - Sede centrale di Sassari
IZS Sicilia - Sede centrale di Palermo
IZSAM - Sede centrale di Teramo
IZSLER - Sede centrale di Brescia
IZSLER - Sezione di Forlì
IZSLER - Sezione di Lugo (Ravenna)
IZSLER - Sezione di Mantova
IZSLER - Sezione di Parma
IZSLT - Sede centrale di Roma
IZSPB - Sede centrale di Foggia
IZSPLV - Sede centrale di Torino
IZSUM - Sede centrale di Perugia (Lab. Sierologia)
IZSUM - Sede centrale di Perugia (Lab. Virologia)
IZSVE - Sezione di Verona

6. Analisi dei risultati dello Schema AQUA IN-V

Riepilogo dei risultati trasmessi dai partecipanti al circuito interlaboratorio AQUA IN, schema IN-V.

Tabella 1. Identificazione antigeni emoagglutinanti dell'influenza aviaria specifici per il sottotipo H5.

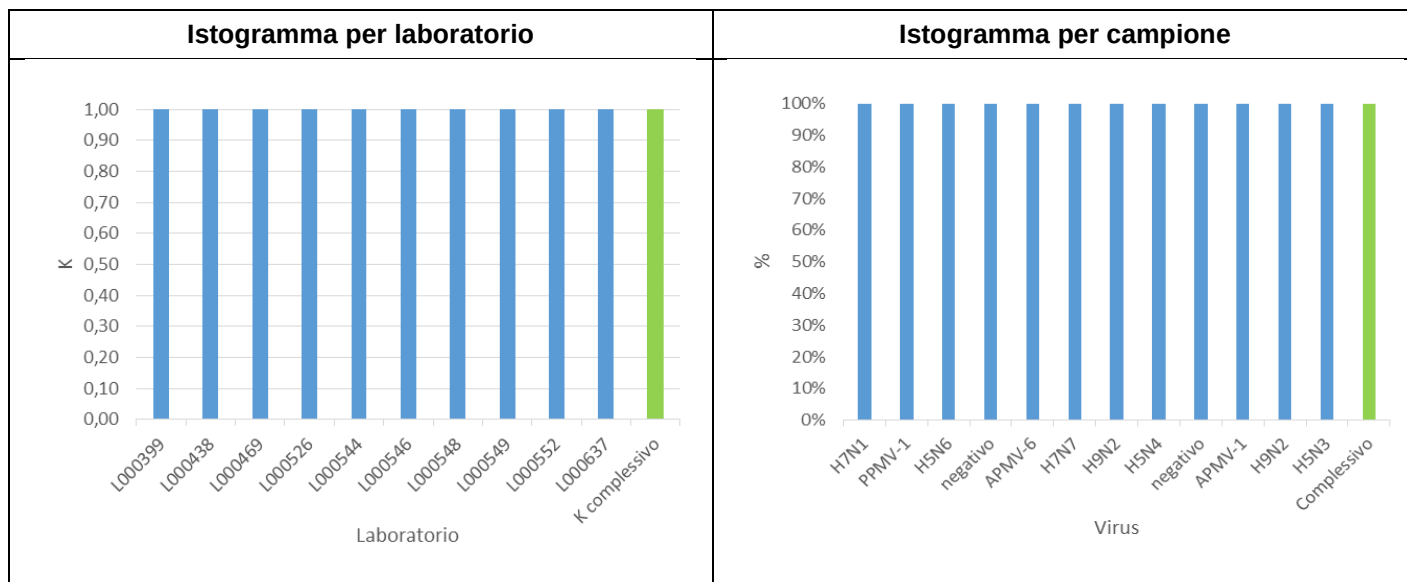
ID Campione	Antigene	Nome dello stipite virale con cui è stato prodotto l'antigene	Titolo in HA*	L000399	L000438	L000469	L000526	L000544
V1	H7N1	A/turkey/Italy/20VIR1969-10/2020	1:128	NO	NO	NO	NO	NO
V2	PPMV-1	PPMV1/collared dove/Cyprus/20VIR3543-12/2020	1:128	NO	NO	NO	NO	NO
V3	H5N6	A/Anas platyrhynchos/Belgium/10811_6_19VIR8799-53/2019	1:128	SI	SI	SI	SI	SI
V4	-	Negativo	-	NO	NO	NO	NO	NO
V5	APMV-6	APMV6/mallard/Italy/18VIR6847-297/2018	1:128	NO	NO	NO	NO	NO
V6	H7N7	A/chicken hen/Italy/13VIR4527-11/2013 (HPAI)	1:256	NO	NO	NO	NO	NO
V7	H9N2	A/swan/Italy/17VIR1205/2017	1:128	NO	NO	NO	NO	NO
V8	H5N4	A/yellow legged gull/Switzerland/15_2021_0039_21VIR3035-9/2021(HPAI)	1:64	SI	SI	SI	SI	SI
V9	-	Negativo	-	NO	NO	NO	NO	NO
V10	APMV-1	NDV/chicken/Rus/Krasnodar/9.1_20VIR6516/19	1:128	NO	NO	NO	NO	NO
V11	H9N2	A/poultry/Niger/ET1_21VIR2131-45/2021	1:256	NO	NO	NO	NO	NO
V12	H5N3	A/knot wader/Ireland/PV21-000472_21VIR2956-11/2021 (HPAI)	1:128	SI	SI	SI	SI	SI
Legenda: SI: Positivo; NO: Negativo; AIV: Virus dell'influenza aviaria; Titolo in HA: Titolo emoagglutinante; APMV: Paramyxovirus aviare; PPMV-1: Paramyxovirus aviare di tipo1, variante "piccione"; HPAI: Virus dell'influenza aviare ad alta patogenicità.								
*Valore della moda dei titoli HA ottenuti durante i test di valutazione della qualità dei campioni e individuato come la più alta diluizione di antigene che provoca la completa agglutinazione degli eritrociti.								
Riepilogo								
N di campioni inviati				12	12	12	12	12
N di campioni analizzati				12	12	12	12	12
N di risposte corrette				12	12	12	12	12
% di risposte corrette				100,00%	100,00%	100,00%	100,00%	100,00%
Kappa				1,0000	1,0000	1,0000	1,0000	1,0000
p-value				0,0003	0,0003	0,0003	0,0003	0,0003

Continuazione tabella 1. Identificazione antigeni emoagglutinanti dell'influenza aviaria specifici per il sottotipo H5.

ID Campione	Antigene	Nome dello stipite virale con cui è stato prodotto l'antigene	Titolo in HA*	L000546	L000548	L000549	L000552	L00637
V1	H7N1	A/turkey/Italy/20VIR1969-10/2020	1:128	NO	NO	NO	NO	NO
V2	PPMV-1	PPMV1/collared dove/Cyprus/20VIR3543-12/2020	1:128	NO	NO	NO	NO	NO
V3	H5N6	A/Anas platyrhynchos/Belgium/10811_6_19VIR8799-53/2019	1:128	SI	SI	SI	SI	SI
V4	-	Negativo	-	NO	NO	NO	NO	NO
V5	APMV-6	APMV6/mallard/Italy/18VIR6847-297/2018	1:128	NO	NO	NO	NO	NO
V6	H7N7	A/chicken hen/Italy/13VIR4527-11/2013 (HPAI)	1:256	NO	NO	NO	NO	NO
V7	H9N2	A/swan/Italy/17VIR1205/2017	1:128	NO	NO	NO	NO	NO
V8	H5N4	A/yellow legged gull/Switzerland/15_2021_0039_21VIR3035-9/2021(HPAI)	1:64	SI	SI	SI	SI	SI
V9	-	Negativo	-	NO	NO	NO	NO	NO
V10	APMV-1	NDV/chicken/Rus/Krasnodar/9.1_20VIR6516/19	1:128	NO	NO	NO	NO	NO
V11	H9N2	A/poultry/Niger/ET1_21VIR2131-45/2021	1:256	NO	NO	NO	NO	NO
V12	H5N3	A/knot wader/Ireland/PV21-000472_21VIR2956-11/2021 (HPAI)	1:128	SI	SI	SI	SI	SI
Legenda: SI: Positivo; NO: Negativo; AIV: Virus dell'influenza aviaria; Titolo in HA: Titolo emoagglutinante; APMV: Paramyxovirus aviare; PPMV-1: Paramyxovirus aviare di tipo1, variante "piccione"; HPAI: Virus dell'influenza aviare ad alta patogenicità.								
*Valore della moda dei titoli HA ottenuti durante i test di valutazione della qualità dei campioni e individuato come la più alta diluizione di antigene che provoca la completa agglutinazione degli eritrociti.								
Riepilogo								
N di campioni inviati				12	12	12	12	12
N di campioni analizzati				12	12	12	12	12
N di risposte corrette				12	12	12	12	12
% di risposte corrette				100,00%	100,00%	100,00%	100,00%	100,00%
Kappa				1,0000	1,0000	1,0000	1,0000	1,0000
p-value				0,0003	0,0003	0,0003	0,0003	0,0003

Schema IN-V Circuito Interlaboratorio AQUA IN: AIV H5

Accuratezza totale	Kappa complessivo	p-value
100,00%	1,00	0,00



Tutti i laboratori che hanno partecipato allo schema hanno risposto correttamente individuando i campioni del pannello contenenti virus influenzali di sottotipo H5.

La statistica K, che fornisce una valutazione della performance di ogni laboratorio in termini di accordo tra l'esito osservato e assegnato depurata dal caso, indica che tutti i laboratori hanno un'ottima concordanza con il valore assegnato nell'identificazione del virus H5.

La concordanza tra tutti i partecipanti allo schema è ottima.

Tutti i valori di K calcolati sono significativi e quindi la concordanza non è dovuta al caso ($p < 0,05$).

Tabella 2. (schema IN-V) Identificazione antigeni emoagglutinanti dell'influenza aviaria specifici per il sottotipo H7.

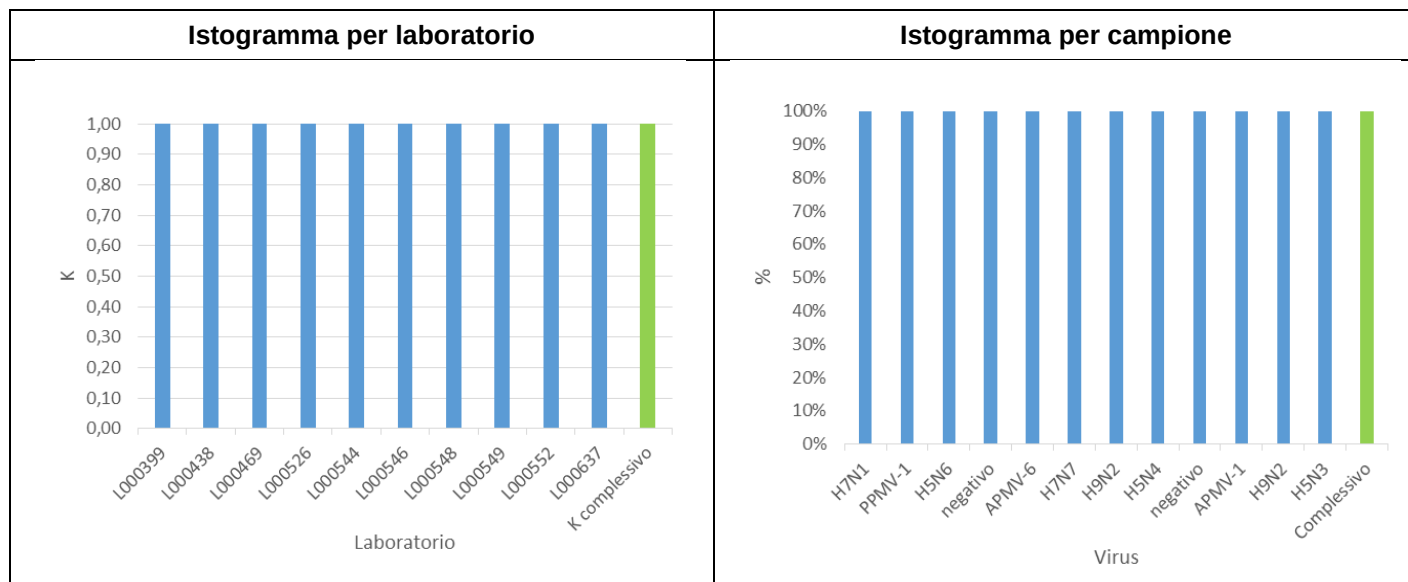
ID Campione	Antigene	Nome dello stipite virale con cui è stato prodotto l'antigene	Titolo in HA*	L000399	L000438	L000469	L000526	L000544
V1	H7N1	A/turkey/Italy/20VIR1969-10/2020	1:128	SI	SI	SI	SI	SI
V2	PPMV-1	PPMV1/collared dove/Cyprus/20VIR3543-12/2020	1:128	NO	NO	NO	NO	NO
V3	H5N6	A/Anas platyrhynchos/Belgium/10811_6_19VIR8799-53/2019	1:128	NO	NO	NO	NO	NO
V4	-	Negativo	-	NO	NO	NO	NO	NO
V5	APMV-6	APMV6/mallard/Italy/18VIR6847-297/2018	1:128	NO	NO	NO	NO	NO
V6	H7N7	A/chicken hen/Italy/13VIR4527-11/2013 (HPAI)	1:256	SI	SI	SI	SI	SI
V7	H9N2	A/swan/Italy/17VIR1205/2017	1:128	NO	NO	NO	NO	NO
V8	H5N4	A/yellow legged gull/Switzerland/15_2021_0039_21VIR3035-9/2021(HPAI)	1:64	NO	NO	NO	NO	NO
V9	-	Negativo	-	NO	NO	NO	NO	NO
V10	APMV-1	NDV/chicken/Rus/Krasnodar/9.1_20VIR6516/19	1:128	NO	NO	NO	NO	NO
V11	H9N2	A/poultry/Niger/ET1_21VIR2131-45/2021	1:256	NO	NO	NO	NO	NO
V12	H5N3	A/knot wader/Ireland/PV21-000472_21VIR2956-11/2021 (HPAI)	1:128	NO	NO	NO	NO	NO
Legenda: SI: Positivo; NO: Negativo; AIV: Virus dell'influenza aviaria; APMV: Paramyxovirus aviare; PPMV-1: Paramyxovirus aviare di tipo1, variante "piccione"; HPAI: Virus dell'influenza aviare ad alta patogenicità.								
*Valore della moda dei titoli HA ottenuti durante i test di valutazione della qualità dei campioni e individuato come la più alta diluizione di antigene che provoca la completa agglutinazione degli eritrociti.								
Riepilogo								
N di campioni inviati				12	12	12	12	12
N di campioni analizzati				12	12	12	12	12
N di risposte corrette				12	12	12	12	12
% di risposte corrette				100,00%	100,00%	100,00%	100,00%	100,00%
Kappa				1,0000	1,0000	1,0000	1,0000	1,0000
p-value				0,0003	0,0003	0,0003	0,0003	0,0003

Continuazione tabella 2. (schema IN-V) Identificazione antigeni emoagglutinanti dell'influenza aviaria specifici per il sottotipo H7.

ID Campione	Antigene	Nome dello stipite virale con cui è stato prodotto l'antigene	Titolo in HA*	L000546	L000548	L000549	L000552	L00637
V1	H7N1	A/turkey/Italy/20VIR1969-10/2020	1:128	SI	SI	SI	SI	SI
V2	PPMV-1	PPMV1/collared dove/Cyprus/20VIR3543-12/2020	1:128	NO	NO	NO	NO	NO
V3	H5N6	A/Anas platyrhynchos/Belgium/10811_6_19VIR8799-53/2019	1:128	NO	NO	NO	NO	NO
V4	-	Negativo	-	NO	NO	NO	NO	NO
V5	APMV-6	APMV6/mallard/Italy/18VIR6847-297/2018	1:128	NO	NO	NO	NO	NO
V6	H7N7	A/chicken hen/Italy/13VIR4527-11/2013 (HPAI)	1:256	SI	SI	SI	SI	SI
V7	H9N2	A/swan/Italy/17VIR1205/2017	1:128	NO	NO	NO	NO	NO
V8	H5N4	A/yellow legged gull/Switzerland/15_2021_0039_21VIR3035-9/2021(HPAI)	1:64	NO	NO	NO	NO	NO
V9	-	Negativo	-	NO	NO	NO	NO	NO
V10	APMV-1	NDV/chicken/Rus/Krasnodar/9.1_20VIR6516/19	1:128	NO	NO	NO	NO	NO
V11	H9N2	A/poultry/Niger/ET1_21VIR2131-45/2021	1:256	NO	NO	NO	NO	NO
V12	H5N3	A/knot wader/Ireland/PV21-000472_21VIR2956-11/2021 (HPAI)	1:128	NO	NO	NO	NO	NO
Legenda: SI: Positivo; NO: Negativo; AIV: Virus dell'influenza aviaria; APMV: Paramyxovirus aviare; PPMV-1: Paramyxovirus aviare di tipo1, variante "piccione"; HPAI: Virus dell'influenza aviare ad alta patogenicità.								
*Valore della moda dei titoli HA ottenuti durante i test di valutazione della qualità dei campioni e individuato come la più alta diluizione di antigene che provoca la completa agglutinazione degli eritrociti.								
Riepilogo								
N di campioni inviati				12	12	12	12	12
N di campioni analizzati				12	12	12	12	12
N di risposte corrette				12	12	12	12	12
% di risposte corrette				100,00%	100,00%	100,00%	100,00%	100,00%
Kappa				1,0000	1,0000	1,0000	1,0000	1,0000
p-value				0,0003	0,0003	0,0003	0,0003	0,0003

Schema IN-V Circuito Interlaboratorio AQUA IN: AIV H7

Accuratezza totale	Kappa complessivo	p-value
100,00%	1,00	0,00



Tutti i laboratori che hanno partecipato allo schema hanno risposto correttamente individuando i campioni del pannello contenenti virus influenzali di sottotipo H7.

La statistica K, che fornisce una valutazione della performance di ogni laboratorio in termini di accordo tra l'esito osservato e assegnato depurata dal caso, indica che tutti i laboratori hanno un'ottima concordanza con il valore assegnato nell'identificazione del virus H7.

La concordanza tra tutti i partecipanti allo schema è ottima.

Tutti i valori di K calcolati sono significativi e quindi la concordanza non è dovuta al caso ($p < 0,05$).

Tabella 3. (schema IN-V) Identificazione antigeni emoagglutinanti di Paramyxovirus aviari di tipo 1 (APMV-1).

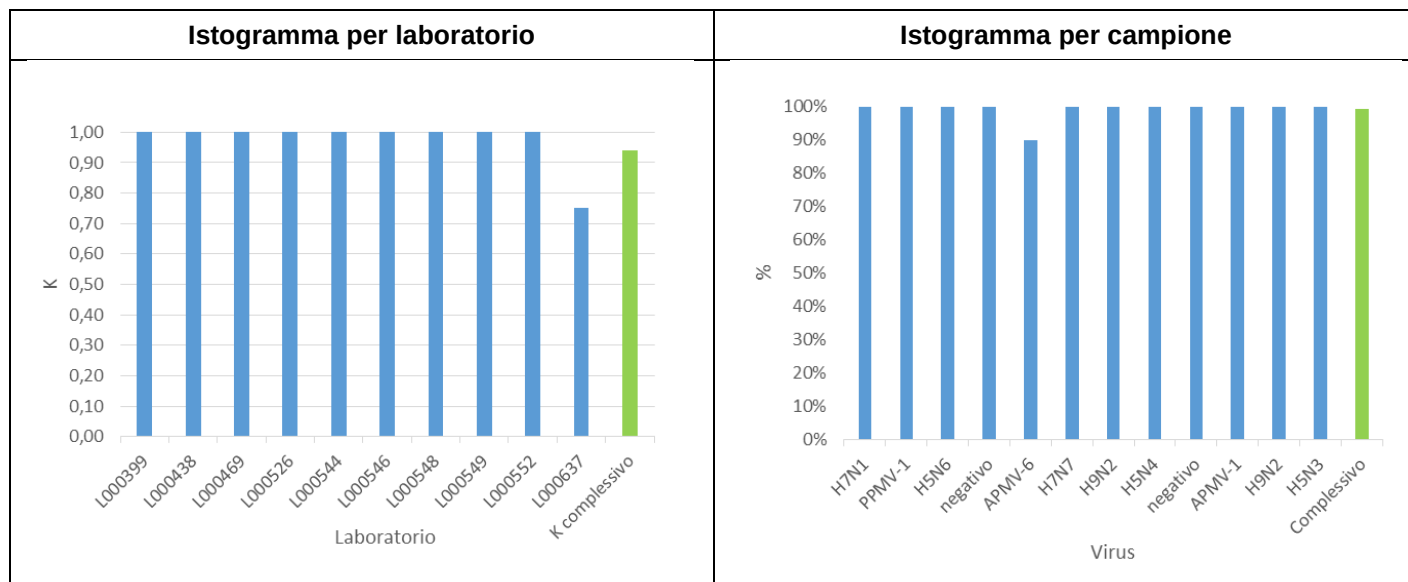
ID Campione	Antigene	Nome dello stipite virale con cui è stato prodotto l'antigene	Titolo in HA*	L000399	L000438	L000469	L000526	L000544
V1	H7N1	A/turkey/Italy/20VIR1969-10/2020	1:128	NO	NO	NO	NO	NO
V2	PPMV-1	PPMV1/collared dove/Cyprus/20VIR3543-12/2020	1:128	SI	SI	SI	SI	SI
V3	H5N6	A/Anas platyrhynchos/Belgium/10811_6_19VIR8799-53/2019	1:128	NO	NO	NO	NO	NO
V4	-	Negativo	-	NO	NO	NO	NO	NO
V5	APMV-6	APMV6/mallard/Italy/18VIR6847-297/2018	1:128	NO	NO	NO	NO	NO
V6	H7N7	A/chicken hen/Italy/13VIR4527-11/2013 (HPAI)	1:256	NO	NO	NO	NO	NO
V7	H9N2	A/swan/Italy/17VIR1205/2017	1:128	NO	NO	NO	NO	NO
V8	H5N4	A/yellow legged gull/Switzerland/15_2021_0039_21VIR3035-9/2021(HPAI)	1:64	NO	NO	NO	NO	NO
V9	-	Negativo	-	NO	NO	NO	NO	NO
V10	APMV-1	NDV/chicken/Rus/Krasnodar/9.1_20VIR6516/19	1:128	SI	SI	SI	SI	SI
V11	H9N2	A/poultry/Niger/ET1_21VIR2131-45/2021	1:256	NO	NO	NO	NO	NO
V12	H5N3	A/knot wader/Ireland/PV21-000472_21VIR2956-11/2021 (HPAI)	1:128	NO	NO	NO	NO	NO
Legenda: SI: Positivo; NO: Negativo; AIV: Virus dell'influenza aviaria; APMV: Paramyxovirus aviare; PPMV-1: Paramyxovirus aviare di tipo1, variante "piccione"; HPAI: Virus dell'influenza aviare ad alta patogenicità.								
*Valore della moda dei titoli HA ottenuti durante i test di valutazione della qualità dei campioni e individuato come la più alta diluizione di antigene che provoca la completa agglutinazione degli eritrociti.								
Riepilogo								
N di campioni inviati				12	12	12	12	12
N di campioni analizzati				12	12	12	12	12
N di risposte corrette				12	12	12	12	12
% di risposte corrette				100,00%	100,00%	100,00%	100,00%	100,00%
Kappa				1,0000	1,0000	1,0000	1,0000	1,0000
p-value				0,0003	0,0003	0,0003	0,0003	0,0003

Continuazione tabella 3. (schema IN-V) Identificazione antigeni emoagglutinanti di Paramyxovirus aviari di tipo 1 (APMV-1).

ID Campione	Antigene	Nome dello stipite virale con cui è stato prodotto l'antigene	Titolo in HA*	L000546	L000548	L000549	L000552	L00637
V1	H7N1	A/turkey/Italy/20VIR1969-10/2020	1:128	NO	NO	NO	NO	NO
V2	PPMV-1	PPMV1/collared dove/Cyprus/20VIR3543-12/2020	1:128	SI	SI	SI	SI	SI
V3	H5N6	A/Anas platyrhynchos/Belgium/10811_6_19VIR8799-53/2019	1:128	NO	NO	NO	NO	NO
V4	-	Negativo	-	NO	NO	NO	NO	NO
V5	APMV-6	APMV6/mallard/Italy/18VIR6847-297/2018	1:128	NO	NO	NO	NO	SI
V6	H7N7	A/chicken hen/Italy/13VIR4527-11/2013 (HPAI)	1:256	NO	NO	NO	NO	NO
V7	H9N2	A/swan/Italy/17VIR1205/2017	1:128	NO	NO	NO	NO	NO
V8	H5N4	A/yellow legged gull/Switzerland/15_2021_0039_21VIR3035-9/2021(HPAI)	1:64	NO	NO	NO	NO	NO
V9	-	Negativo	-	NO	NO	NO	NO	NO
V10	APMV-1	NDV/chicken/Rus/Krasnodar/9.1_20VIR6516/19	1:128	SI	SI	SI	SI	SI
V11	H9N2	A/poultry/Niger/ET1_21VIR2131-45/2021	1:256	NO	NO	NO	NO	NO
V12	H5N3	A/knot wader/Ireland/PV21-000472_21VIR2956-11/2021 (HPAI)	1:128	NO	NO	NO	NO	NO
Legenda: SI: Positivo; NO: Negativo; AIV: Virus dell'influenza aviaria; APMV: Paramyxovirus aviare; PPMV-1: Paramyxovirus aviare di tipo1, variante "piccione"; HPAI: Virus dell'influenza aviare ad alta patogenicità.								
*Valore della moda dei titoli HA ottenuti durante i test di valutazione della qualità dei campioni e individuato come la più alta diluizione di antigene che provoca la completa agglutinazione degli eritrociti.								
Riepilogo								
N di campioni inviati				12	12	12	12	12
N di campioni analizzati				12	12	12	12	12
N di risposte corrette				12	12	12	12	11
% di risposte corrette				100,00%	100,00%	100,00%	100,00%	91,67%
Kappa				1,0000	1,0000	1,0000	1,0000	0,7500
p-value				0,0003	0,0003	0,0003	0,0003	0,0036

Schema IN-V Circuito Interlaboratorio AQUA IN: APMV-1

Accuratezza totale	Kappa complessivo	p-value
99,17%	0,94	0,00



Quasi tutti i laboratori (n=9/10) che hanno partecipato allo schema hanno risposto correttamente individuando i campioni del pannello contenenti APMV-1 (NDV). Il laboratorio L000637 invece ha erroneamente identificato il campione V5 (APMV-6) come un APMV-1.

La statistica K, che fornisce una valutazione della performance di ogni laboratorio in termini di accordo tra l'esito osservato e assegnato depurata dal caso, indica che tutti i laboratori hanno un'ottima concordanza con il valore assegnato nell'identificazione del virus NDV ad eccezione del laboratorio L000637 che ha una concordanza buona.

La concordanza tra tutti i partecipanti allo schema è ottima.

Tutti i valori di K calcolati sono significativi e quindi la concordanza non è dovuta al caso ($p < 0,05$).

Schema IN-V Circuito Interlaboratorio AQUA IN: RIEPILOGO COMPLESSIVO

Riepilogo	L000399	L000438	L000469	L000526	L000544
N di risultati trasmessi	36	36	36	36	36
N di risposte corrette	36	36	36	36	36
% di risposte corrette	100,00%	100,00%	100,00%	100,00%	100,00%
Kappa	1,0000	1,0000	1,0000	1,0000	1,0000
p-value	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000

Riepilogo	L000546	L000548	L000549	L000552	L000637
N di analisi effettuate	36	36	36	36	36
N di risposte corrette	36	36	36	36	35
% di risposte corrette	100,00%	100,00%	100,00%	100,00%	97,22%
Kappa	1,0000	1,0000	1,0000	1,0000	0,9159
p-value	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000

Tutti i laboratori che hanno partecipato allo schema hanno risposto correttamente al test di identificazione virologica per i virus di competenza ad eccezione del laboratorio L000637 che ha erroneamente identificato il campione V5 (APMV-6) come un APMV-1.

La statistica K, che fornisce una valutazione della performance di ogni laboratorio in termini di accordo tra l'esito osservato e assegnato depurata dal caso, indica che tutti i laboratori hanno un'ottima concordanza con il valore assegnato nell'identificazione dei virus in metodica virologica. Tutti i valori di K calcolati sono significativi e quindi la concordanza non è dovuta al caso ($p < 0,05$).

7. Analisi dei risultati dello Schema AQUA IN-SI

Riepilogo dei risultati trasmessi dai partecipanti al circuito interlaboratorio AQUA IN, schema **IN-SI**.

Tabella 4. Identificazione di anticorpi specifici per il virus dell'influenza aviaria (AIV) mediante test ELISA.

ID Campione	Sierotipo	Nome dello stipite virale con cui è stato prodotto il siero	Titolo in HI***	L000342	L000399	L000438	L000526	L000544	L000546	L000548
S1	H5N2	A/duck/Italy/15VIR6558/2015	1:512	SI	SI	SI	SI	SI	SI	SI
S2	-	Negativo	-	NO	NO	NO	NO	NO	NO	NO
S3*	H5N3	A/mallard/Italy/20VIR4911-52/2020	1:512	SI	SI	SI	SI	SI	SI	SI
S4	H9N2	A/turkey/Italy/16VIR8643-60/2016	1:512	SI	SI	SI	SI	SI	SI	SI
S5	H7N1	A/turkey/Italy/20VIR1969-10/2020	1:512	SI	SI	SI	SI	SI	SI	SI
S6	APMV-1	NDV Ulster	1:512	NO	NO	NO	NO	NO	NO	NO
S7**	H7N3	A/chicken/Italy/19VIR5895-21/2019	1:512	SI	SI	SI	SI	SI	SI	SI
S8*	H5N3	A/mallard/Italy/20VIR4911-52/2020	1:64	SI	SI	SI	SI	SI	SI	SI
S9	-	Negativo	-	NO	NO	NO	NO	NO	NO	NO
S10**	H7N3	A/chicken/Italy/19VIR5895-21/2019	1:64	SI	SI	SI	SI	SI	SI	SI
S11	H5N6	A/Anas platyrhynchos/Belgium/10811_6_19VIR8799-53/2019	1:512	SI	SI	SI	SI	SI	SI	SI
S12	PPMV-1	PPMV-1/pigeon/Cyprus/20VIR3543-9/2020	1:512	NO	NO	NO	NO	NO	NO	NO
Legenda: SI: Positivo; NO: Negativo; AIV: Virus dell'influenza aviaria; APMV: Paramyxovirus aviare; PPMV-1: Paramyxovirus aviare di tipo1, variante "piccione"; HPAI: Virus dell'influenza aviare ad alta patogenicità. * I campioni S3 e S8 e ** i campioni S7 e S10 sono costituiti da differenti diluizioni dello stesso siero. *** Valore della moda dei titoli anticorpali ottenuti durante i test di valutazione della qualità dei campioni e individuato come la più alta diluizione del siero che provoca la completa inibizione dell'attività emoagglutinante dell'antigene omologo.										
Riepilogo										
N di campioni inviati				12	12	12	12	12	12	12
N di campioni analizzati				12	12	12	12	12	12	12
N di risposte corrette				12	12	12	12	12	12	12
% di risposte corrette				100,00%	100,00%	100,00%	100,00%	100,00%	100,00%	100,00%
Kappa				1,0000	1,0000	1,0000	1,0000	1,0000	1,0000	1,0000
p-value				0,0003	0,0003	0,0003	0,0003	0,0003	0,0003	0,0003

Continuazione tabella 4. (schema IN-SI) Identificazione di anticorpi specifici per il virus dell'influenza aviaria (AIV) mediante test ELISA.

ID Campione	Sierotipo	Nome dello stipite virale con cui è stato prodotto il siero	Titolo in HI***	L000549	L000550	L000551	L000552	L000637	L000685	L000732
S1	H5N2	A/duck/Italy/15VIR6558/2015	1:512	SI	SI	SI	SI	SI	SI	SI
S2	-	Negativo	-	NO	NO	NO	NO	NO	NO	NO
S3*	H5N3	A/mallard/Italy/20VIR4911-52/2020	1:512	SI	SI	SI	SI	SI	SI	SI
S4	H9N2	A/turkey/Italy/16VIR8643-60/2016	1:512	SI	SI	SI	SI	SI	SI	SI
S5	H7N1	A/turkey/Italy/20VIR1969-10/2020	1:512	SI	SI	SI	SI	SI	SI	SI
S6	APMV-1	NDV Ulster	1:512	NO	NO	NO	NO	NO	NO	NO
S7**	H7N3	A/chicken/Italy/19VIR5895-21/2019	1:512	SI	SI	SI	SI	SI	SI	SI
S8*	H5N3	A/mallard/Italy/20VIR4911-52/2020	1:64	SI	SI	SI	SI	SI	SI	SI
S9	-	Negativo	-	NO	NO	NO	NO	NO	NO	NO
S10**	H7N3	A/chicken/Italy/19VIR5895-21/2019	1:64	SI	SI	SI	SI	SI	SI	SI
S11	H5N6	A/Anas platyrhynchos/Belgium/10811_6_19VIR8799-53/2019	1:512	SI	SI	SI	SI	SI	SI	SI
S12	PPMV-1	PPMV-1/pigeon/Cyprus/20VIR3543-9/2020	1:512	NO	NO	NO	NO	NO	NO	NO

Legenda: SI: Positivo; NO: Negativo; AIV: Virus dell'influenza aviaria; Titolo in HI: titolo del siero in grado di inibire l'emoagglutinazione; APMV: Paramyxovirus aviare; PPMV-1: Paramyxovirus aviare di tipo1, variante "piccione"; HPAI: Virus dell'influenza aviare ad alta patogenicità.

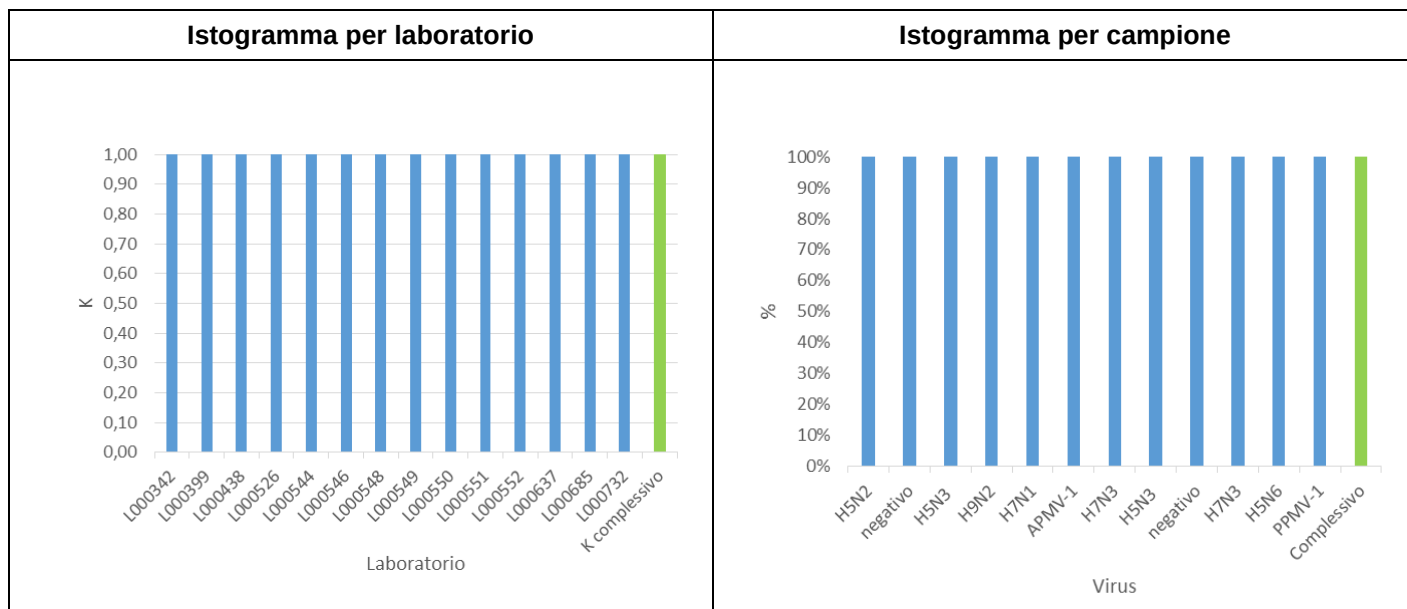
* I campioni S3 e S8 e ** i campioni S7 e S10 sono costituiti da differenti diluizioni dello stesso siero.

*** Valore della moda dei titoli anticorpali ottenuti durante i test di valutazione della qualità dei campioni e individuato come la più alta diluizione del siero che provoca la completa inibizione dell'attività emoagglutinante dell'antigene omologo.

Riepilogo										
N di campioni inviati				12	12	12	12	12	12	12
N di campioni analizzati				12	12	12	12	12	12	12
N di risposte corrette				12	12	12	12	12	12	12
% di risposte corrette				100,00%	100,00%	100,00%	100,00%	100,00%	100,00%	100,00%
Kappa				1,0000	1,0000	1,0000	1,0000	1,0000	1,0000	1,0000
p-value				0,0003	0,0003	0,0003	0,0003	0,0003	0,0003	0,0003

Schema IN-SI Circuito Interlaboratorio AQUA IN: AIV

Accuratezza totale	Kappa complessivo	p-value
100,00%	1,00	0,00



Tutti i laboratori che hanno partecipato allo schema hanno risposto correttamente al test di identificazione sierologica Elisa individuando i campioni del pannello contenenti anticorpi verso AIV. La statistica K, che fornisce una valutazione della performance di ogni laboratorio in termini di accordo tra l'esito osservato e assegnato depurata dal caso, indica che tutti i laboratori hanno un'ottima concordanza con il valore assegnato nell'identificazione della presenza di anticorpi verso AIV. La concordanza tra tutti i partecipanti allo schema è ottima. Tutti i valori di K calcolati sono significativi e quindi la concordanza non è dovuta al caso ($p < 0,05$)

Tabella 5. Identificazione anticorpi specifici per il sottotipo **H5** del virus dell'influenza aviaria mediate test d'inibizione dell'emoagglutinazione (HI).

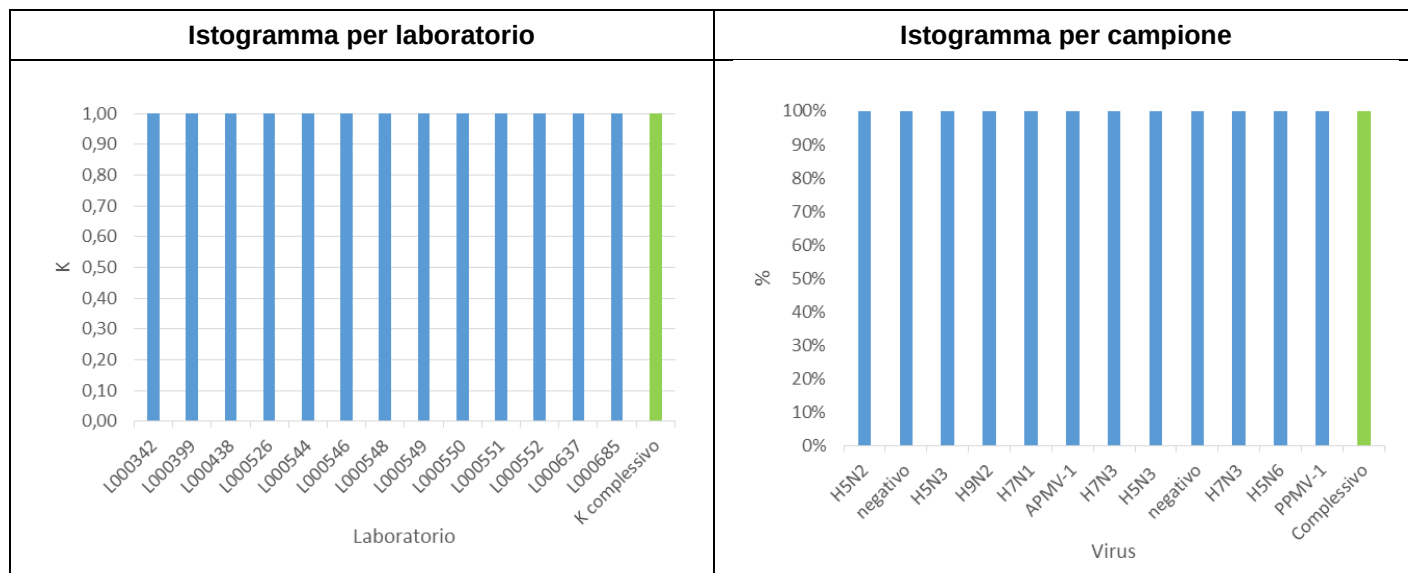
ID Campione	Sierotipo	Nome dello stipite virale con cui è stato prodotto il siero	Titolo in HI***	L000342	L000399	L000438	L000526	L000544	L000546	L000548
S1	H5N2	A/duck/Italy/15VIR6558/2015	1:512	SI	SI	SI	SI	SI	SI	SI
S2	-	Negativo	-	NO	NO	NO	NO	NO	NO	NO
S3*	H5N3	A/mallard/Italy/20VIR4911-52/2020	1:512	SI	SI	SI	SI	SI	SI	SI
S4	H9N2	A/turkey/Italy/16VIR8643-60/2016	1:512	NO	NO	NO	NO	NO	NO	NO
S5	H7N1	A/turkey/Italy/20VIR1969-10/2020	1:512	NO	NO	NO	NO	NO	NO	NO
S6	APMV-1	NDV Ulster	1:512	NO	NO	NO	NO	NO	NO	NO
S7**	H7N3	A/chicken/Italy/19VIR5895-21/2019	1:512	NO	NO	NO	NO	NO	NO	NO
S8*	H5N3	A/mallard/Italy/20VIR4911-52/2020	1:64	SI	SI	SI	SI	SI	SI	SI
S9	-	Negativo	-	NO	NO	NO	NO	NO	NO	NO
S10**	H7N3	A/chicken/Italy/19VIR5895-21/2019	1:64	NO	NO	NO	NO	NO	NO	NO
S11	H5N6	A/Anas platyrhynchos/Belgium/10811_6_19VIR8799-53/2019	1:512	SI	SI	SI	SI	SI	SI	SI
S12	PPMV-1	PPMV-1/pigeon/Cyprus/20VIR3543-9/2020	1:512	NO	NO	NO	NO	NO	NO	NO
Legenda: SI: Positivo; NO: Negativo; NE: Non eseguito; AIV: Virus dell'influenza aviaria; Titolo in HI: titolo del siero in grado di inibire l'emoagglutinazione; APMV: Paramyxovirus aviare; PPMV-1: Paramyxovirus aviare di tipo1, variante "piccione"; HPAI: Virus dell'influenza aviare ad alta patogenicità.										
* I campioni S3 e S8 e ** i campioni S7 e S10 sono costituiti da differenti diluizioni dello stesso siero.										
*** Valore della moda dei titoli anticorpali ottenuti durante i test di valutazione della qualità dei campioni e individuato come la più alta diluizione del siero che provoca la completa inibizione dell'attività emoagglutinante dell'antigene omologo.										
Riepilogo										
N di campioni inviati				12	12	12	12	12	12	12
N di campioni analizzati				12	12	12	12	12	12	12
N di risposte corrette				12	12	12	12	12	12	12
% di risposte corrette				100,00%	100,00%	100,00%	100,00%	100,00%	100,00%	100,00%
Kappa				1,0000	1,0000	1,0000	1,0000	1,0000	1,0000	1,0000
p-value				0,0003	0,0003	0,0003	0,0003	0,0003	0,0003	0,0003

Continuazione tabella 5. (schema IN-SI) Identificazione anticorpi specifici per il sottotipo **H5** del virus dell'influenza aviaria mediante test d'inibizione dell'emoagglutinazione (HI).

ID Campione	Sierotipo	Nome dello stipite virale con cui è stato prodotto il siero	Titolo in HI***	L000549	L000550	L000551	L000552	L000637	L000685	L000732
S1	H5N2	A/duck/Italy/15VIR6558/2015	1:512	SI	SI	SI	SI	SI	SI	NE
S2	-	Negativo	-	NO	NO	NO	NO	NO	NO	NE
S3*	H5N3	A/mallard/Italy/20VIR4911-52/2020	1:512	SI	SI	SI	SI	SI	SI	NE
S4	H9N2	A/turkey/Italy/16VIR8643-60/2016	1:512	NO	NO	NO	NO	NO	NO	NE
S5	H7N1	A/turkey/Italy/20VIR1969-10/2020	1:512	NO	NO	NO	NO	NO	NO	NE
S6	APMV-1	NDV Ulster	1:512	NO	NO	NO	NO	NO	NO	NE
S7**	H7N3	A/chicken/Italy/19VIR5895-21/2019	1:512	NO	NO	NO	NO	NO	NO	NE
S8*	H5N3	A/mallard/Italy/20VIR4911-52/2020	1:64	SI	SI	SI	SI	SI	SI	NE
S9	-	Negativo	-	NO	NO	NO	NO	NO	NO	NE
S10**	H7N3	A/chicken/Italy/19VIR5895-21/2019	1:64	NO	NO	NO	NO	NO	NO	NE
S11	H5N6	A/Anas platyrhynchos/Belgium/10811_6_19VIR8799-53/2019	1:512	SI	SI	SI	SI	SI	SI	NE
S12	PPMV-1	PPMV-1/pigeon/Cyprus/20VIR3543-9/2020	1:512	NO	NO	NO	NO	NO	NO	NE
Legenda: SI: Positivo; NO: Negativo; NE: Non eseguito; AIV: Virus dell'influenza aviaria; Titolo in HI: titolo del siero in grado di inibire l'emoagglutinazione; APMV: Paramyxovirus aviare; PPMV-1: Paramyxovirus aviare di tipo1, variante "piccione"; HPAI: Virus dell'influenza aviare ad alta patogenicità.										
* I campioni S3 e S8 e ** i campioni S7 e S10 sono costituiti da differenti diluizioni dello stesso siero.										
*** Valore della moda dei titoli anticorpali ottenuti durante i test di valutazione della qualità dei campioni e individuato come la più alta diluizione del siero che provoca la completa inibizione dell'attività emoagglutinante dell'antigene omologo.										
Riepilogo										
N di campioni inviati				12	12	12	12	12	12	12
N di campioni analizzati				12	12	12	12	12	12	/
N di risposte corrette				12	12	12	12	12	12	/
% di risposte corrette				100,00%	100,00%	100,00%	100,00%	100,00%	100,00%	/
Kappa				1,0000	1,0000	1,0000	1,0000	1,0000	1,0000	/
p-value				0,0003	0,0003	0,0003	0,0003	0,0003	0,0003	/

Schema IN-SI Circuito Interlaboratorio AQUA IN: AIV H5

Accuratezza totale	Kappa complessivo	p-value
100,00%	1,00	0,00



Tutti i laboratori che hanno partecipato allo schema hanno risposto correttamente al test di identificazione sierologica mediante test d'inibizione dell'emoagglutinazione individuando i campioni del pannello contenenti anticorpi verso virus influenzali di sottotipo H5.

La statistica K, che fornisce una valutazione della performance di ogni laboratorio in termini di accordo tra l'esito osservato e assegnato depurata dal caso, indica che tutti i laboratori hanno un'ottima concordanza con il valore assegnato nell'identificazione della presenza di anticorpi verso virus H5.

Per il laboratorio L000732 non è stato possibile calcolare la statistica K in quanto non effettua il test HI e non ha quindi contribuito alla determinazione della statistica K di questo schema. La concordanza tra tutti gli altri partecipanti allo schema è ottima.

Tutti i valori di K calcolati sono significativi e quindi la concordanza non è dovuta al caso ($p < 0,05$).

Tabella 6. (schema IN-SI) Identificazione anticorpi specifici per il sottotipo **H7** del virus dell'influenza aviaria mediate test d'inibizione dell'emoagglutinazione (HI).

ID Campione	Sierotipo	Nome dello stipite virale con cui è stato prodotto il siero	Titolo in HI***	L000342	L000399	L000438	L000526	L000544	L000546	L000548
S1	H5N2	A/duck/Italy/15VIR6558/2015	1:512	NO	NO	NO	NO	NO	NO	NO
S2	-	Negativo	-	NO	NO	NO	NO	NO	NO	NO
S3*	H5N3	A/mallard/Italy/20VIR4911-52/2020	1:512	NO	NO	NO	NO	NO	NO	NO
S4	H9N2	A/turkey/Italy/16VIR8643-60/2016	1:512	NO	NO	NO	NO	NO	NO	NO
S5	H7N1	A/turkey/Italy/20VIR1969-10/2020	1:512	SI	SI	SI	SI	SI	SI	SI
S6	APMV-1	NDV Ulster	1:512	NO	NO	NO	NO	NO	NO	NO
S7**	H7N3	A/chicken/Italy/19VIR5895-21/2019	1:512	SI	SI	SI	SI	SI	SI	SI
S8*	H5N3	A/mallard/Italy/20VIR4911-52/2020	1:64	NO	NO	NO	NO	NO	NO	NO
S9	-	Negativo	-	NO	NO	NO	NO	NO	NO	NO
S10**	H7N3	A/chicken/Italy/19VIR5895-21/2019	1:64	SI	SI	SI	SI	SI	SI	SI
S11	H5N6	A/Anas platyrhynchos/Belgium/10811_6_19VIR8799-53/2019	1:512	NO	NO	NO	NO	NO	NO	NO
S12	PPMV-1	PPMV-1/pigeon/Cyprus/20VIR3543-9/2020	1:512	NO	NO	NO	NO	NO	NO	NO

Legenda: SI: Positivo; NO: Negativo; NE: Non eseguito; AIV: Virus dell'influenza aviaria; Titolo in HI: titolo del siero in grado di inibire l'emoagglutinazione; APMV: Paramyxovirus aviare; PPMV-1: Paramyxovirus aviare di tipo1, variante "piccione"; HPAI: Virus dell'influenza aviare ad alta patogenicità.

* I campioni S3 e S8 e ** i campioni S7 e S10 sono costituiti da differenti diluizioni dello stesso siero.

*** Valore della moda dei titoli anticorpali ottenuti durante i test di valutazione della qualità dei campioni e individuato come la più alta diluizione del siero che provoca la completa inibizione dell'attività emoagglutinante dell'antigene omologo.

Riepilogo										
N di campioni inviati				12	12	12	12	12	12	12
N di campioni analizzati				12	12	12	12	12	12	12
N di risposte corrette				12	12	12	12	12	12	12
% di risposte corrette				100,00%	100,00%	100,00%	100,00%	100,00%	100,00%	100,00%
Kappa				1,0000	1,0000	1,0000	1,0000	1,0000	1,0000	1,0000
p-value				0,0003	0,0003	0,0003	0,0003	0,0003	0,0003	0,0003

IZSve – Centro di Referenza Nazionale per l'influenza aviaria e la malattia di Newcastle
Report definitivo emesso il 31/08/2022

Continuazione tabella 6. (schema IN-SI) Identificazione anticorpi specifici per il sottotipo **H7** del virus dell'influenza aviaria mediante test d'inibizione dell'emoagglutinazione (HI) .

ID Campione	Sierotipo	Nome dello stipite virale con cui è stato prodotto il siero	Titolo in HI***	L000549	L000550	L000551	L000552	L000637	L000685	L000732
S1	H5N2	A/duck/Italy/15VIR6558/2015	1:512	NO	NO	NO	NO	NO	NO	NE
S2	-	Negativo	-	NO	NO	NO	NO	NO	NO	NE
S3*	H5N3	A/mallard/Italy/20VIR4911-52/2020	1:512	NO	NO	NO	NO	NO	NO	NE
S4	H9N2	A/turkey/Italy/16VIR8643-60/2016	1:512	NO	NO	NO	NO	NO	NO	NE
S5	H7N1	A/turkey/Italy/20VIR1969-10/2020	1:512	SI	SI	SI	SI	SI	SI	NE
S6	APMV-1	NDV Ulster	1:512	NO	NO	NO	NO	NO	NO	NE
S7**	H7N3	A/chicken/Italy/19VIR5895-21/2019	1:512	SI	SI	SI	SI	SI	SI	NE
S8*	H5N3	A/mallard/Italy/20VIR4911-52/2020	1:64	NO	NO	NO	NO	NO	NO	NE
S9	-	Negativo	-	NO	NO	NO	NO	NO	NO	NE
S10**	H7N3	A/chicken/Italy/19VIR5895-21/2019	1:64	SI	SI	SI	SI	SI	SI	NE
S11	H5N6	A/Anas platyrhynchos/Belgium/10811_6_19VIR8799-53/2019	1:512	NO	NO	NO	NO	NO	NO	NE
S12	PPMV-1	PPMV-1/pigeon/Cyprus/20VIR3543-9/2020	1:512	NO	NO	NO	NO	NO	NO	NE

Legenda: SI: Positivo; NO: Negativo; NE: Non eseguito; AIV: Virus dell'influenza aviaria; Titolo in HI: titolo del siero in grado di inibire l'emoagglutinazione; APMV: Paramyxovirus aviare; PPMV-1: Paramyxovirus aviare di tipo1, variante "piccione"; HPAI: Virus dell'influenza aviare ad alta patogenicità.

* I campioni S3 e S8 e ** i campioni S7 e S10 sono costituiti da differenti diluizioni dello stesso siero.

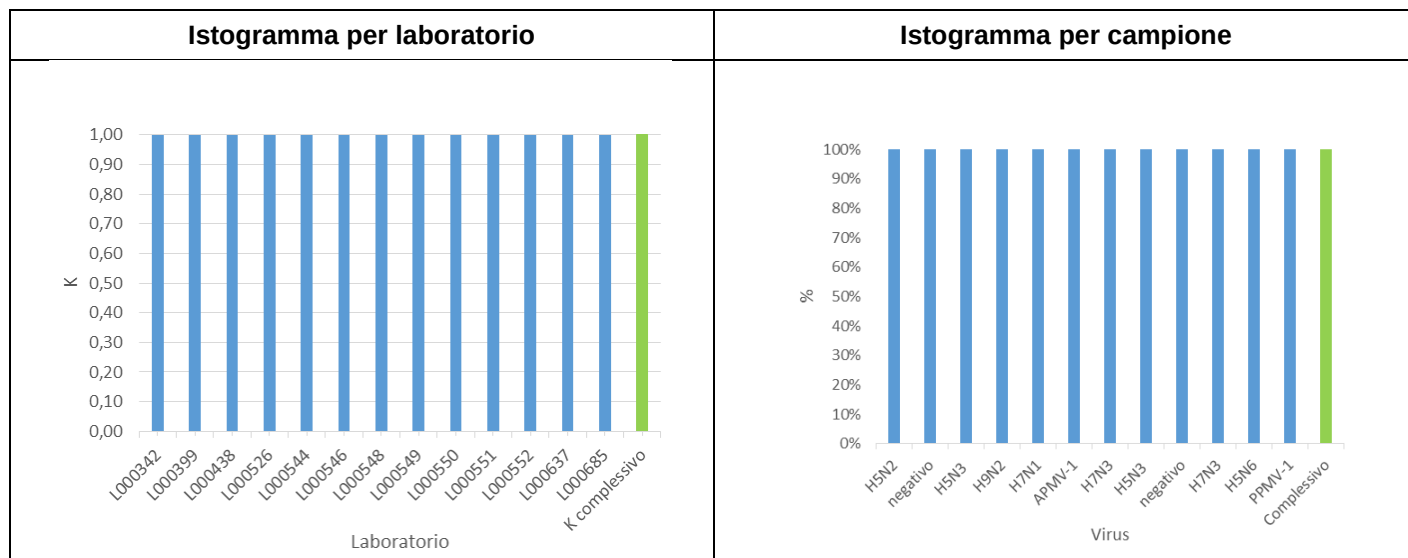
*** Valore della moda dei titoli anticorpali ottenuti durante i test di valutazione della qualità dei campioni e individuato come la più alta diluizione del siero che provoca la completa inibizione dell'attività emoagglutinante dell'antigene omologo.

Riepilogo										
N di campioni inviati				12	12	12	12	12	12	12
N di campioni analizzati				12	12	12	12	12	12	/
N di risposte corrette				12	12	12	12	12	12	/
% di risposte corrette				100,00%	100,00%	100,00%	100,00%	100,00%	100,00%	/
Kappa				1,0000	1,0000	1,0000	1,0000	1,0000	1,0000	/
p-value				0,0003	0,0003	0,0003	0,0003	0,0003	0,0003	/

IZSve – Centro di Referenza Nazionale per l'influenza aviaria e la malattia di Newcastle
Report definitivo emesso il 31/08/2022

Schema IN-SI Circuito Interlaboratorio AQUA IN: AIV H7

Accuratezza totale	Kappa complessivo	p-value
100,00%	1,00	0,00



Tutti i laboratori che hanno partecipato allo schema hanno risposto correttamente al test di identificazione sierologica mediante test d'inibizione dell'emoagglutinazione individuando i campioni del pannello contenenti anticorpi verso virus influenzali di sottotipo H7.

La statistica K, che fornisce una valutazione della performance di ogni laboratorio in termini di accordo tra l'esito osservato e assegnato depurata dal caso, indica che tutti i laboratori hanno un'ottima concordanza con il valore assegnato nell'identificazione della presenza di anticorpi verso il virus H7.

Per il laboratorio L000732 non è stato possibile calcolare la statistica K in quanto non effettua il test HI e non ha quindi contribuito alla determinazione della statistica K di questo schema.

La concordanza tra tutti gli altri partecipanti allo schema è ottima.

Tutti i valori di K calcolati sono significativi e quindi la concordanza non è dovuta al caso ($p < 0,05$).

Tabella 7. (schema IN-SI) Identificazione di anticorpi specifici per il virus della malattia di Newcastle (**APMV-1**) mediante test d'inibizione dell'emoagglutinazione.

ID Campione	Sierotipo	Nome dello stipite virale con cui è stato prodotto il siero	Titolo in HI***	L000342	L000399	L000438	L000526	L000544	L000546	L000548
S1	H5N2	A/duck/Italy/15VIR6558/2015	1:512	NE	NO	NO	NO	NO	NO	NO
S2	-	Negativo	-	NE	NO	NO	NO	NO	NO	NO
S3*	H5N3	A/mallard/Italy/20VIR4911-52/2020	1:512	NE	NO	NO	NO	NO	NO	NO
S4	H9N2	A/turkey/Italy/16VIR8643-60/2016	1:512	NE	NO	NO	NO	NO	NO	NO
S5	H7N1	A/turkey/Italy/20VIR1969-10/2020	1:512	NE	NO	NO	NO	NO	NO	NO
S6	APMV-1	NDV Ulster	1:512	NE	SI	SI	SI	SI	SI	SI
S7**	H7N3	A/chicken/Italy/19VIR5895-21/2019	1:512	NE	NO	NO	NO	NO	NO	NO
S8*	H5N3	A/mallard/Italy/20VIR4911-52/2020	1:64	NE	NO	NO	NO	NO	NO	NO
S9	-	Negativo	-	NE	NO	NO	NO	NO	NO	NO
S10**	H7N3	A/chicken/Italy/19VIR5895-21/2019	1:64	NE	NO	NO	NO	NO	NO	NO
S11	H5N6	A/Anas platyrhynchos/Belgium/10811_6_19VIR8799-53/2019	1:512	NE	NO	NO	NO	NO	NO	NO
S12	PPMV-1	PPMV-1/pigeon/Cyprus/20VIR3543-9/2020	1:512	NE	SI	SI	SI	SI	SI	SI

Legenda: SI: Positivo; NO: Negativo; NE: Non eseguito; AIV: Virus dell'influenza aviaria; Titolo in HI: titolo del siero in grado di inibire l'emoagglutinazione; APMV: Paramyxovirus aviare; PPMV-1: Paramyxovirus aviare di tipo1, variante "piccione"; HPAI: Virus dell'influenza aviare ad alta patogenicità.

* I campioni S3 e S8 e ** i campioni S7 e S10 sono costituiti da differenti diluizioni dello stesso siero.

*** Valore della moda dei titoli anticorpali ottenuti durante i test di valutazione della qualità dei campioni e individuato come la più alta diluizione del siero che provoca la completa inibizione dell'attività emoagglutinante dell'antigene omologo.

Riepilogo										
N di campioni inviati			12	12	12	12	12	12	12	12
N di campioni analizzati			/	12	12	12	12	12	12	12
N di risposte corrette			/	12	12	12	12	12	12	12
% di risposte corrette			/	100,00%	100,00%	100,00%	100,00%	100,00%	100,00%	100,00%
Kappa			/	1,0000	1,0000	1,0000	1,0000	1,0000	1,0000	1,0000
p-value			/	0,0003	0,0003	0,0003	0,0003	0,0003	0,0003	0,0003

IZSVe – Centro di Referenza Nazionale per l'influenza aviaria e la malattia di Newcastle
Report definitivo emesso il 31/08/2022

Continuazione tabella 7. (schema IN-SI) Identificazione di anticorpi specifici per il virus della malattia di Newcastle (APMV-1) mediante test d'inibizione dell'emoagglutinazione (HI).

ID Campione	Sierotipo	Nome dello stipite virale con cui è stato prodotto il siero	Titolo in HI***	L000549	L000550	L000551	L000552	L000637	L000685	L000732
S1	H5N2	A/duck/Italy/15VIR6558/2015	1:512	NO	NO	NE	NO	NO	NO	NE
S2	-	Negativo	-	NO	NO	NE	NO	NO	NO	NE
S3*	H5N3	A/mallard/Italy/20VIR4911-52/2020	1:512	NO	NO	NE	NO	NO	NO	NE
S4	H9N2	A/turkey/Italy/16VIR8643-60/2016	1:512	NO	NO	NE	NO	NO	NO	NE
S5	H7N1	A/turkey/Italy/20VIR1969-10/2020	1:512	NO	NO	NE	NO	NO	NO	NE
S6	APMV-1	NDV Ulster	1:512	SI	SI	NE	SI	SI	SI	NE
S7**	H7N3	A/chicken/Italy/19VIR5895-21/2019	1:512	NO	NO	NE	NO	NO	NO	NE
S8*	H5N3	A/mallard/Italy/20VIR4911-52/2020	1:64	NO	NO	NE	NO	NO	NO	NE
S9	-	Negativo	-	NO	NO	NE	NO	NO	NO	NE
S10**	H7N3	A/chicken/Italy/19VIR5895-21/2019	1:64	NO	NO	NE	NO	NO	NO	NE
S11	H5N6	A/Anas platyrhynchos/Belgium/10811_6_19VIR8799-53/2019	1:512	NO	NO	NE	NO	NO	NO	NE
S12	PPMV-1	PPMV-1/pigeon/Cyprus/20VIR3543-9/2020	1:512	SI	SI	NE	SI	SI	SI	NE

Legenda: SI: Positivo; NO: Negativo; NE: Non eseguito; AIV: Virus dell'influenza aviaria; Titolo in HI: titolo del siero in grado di inibire l'emoagglutinazione; APMV: Paramyxovirus aviare; PPMV-1: Paramyxovirus aviare di tipo1, variante "piccione"; HPAI: Virus dell'influenza aviare ad alta patogenicità.

* I campioni S3 e S8 e ** i campioni S7 e S10 sono costituiti da differenti diluizioni dello stesso siero.

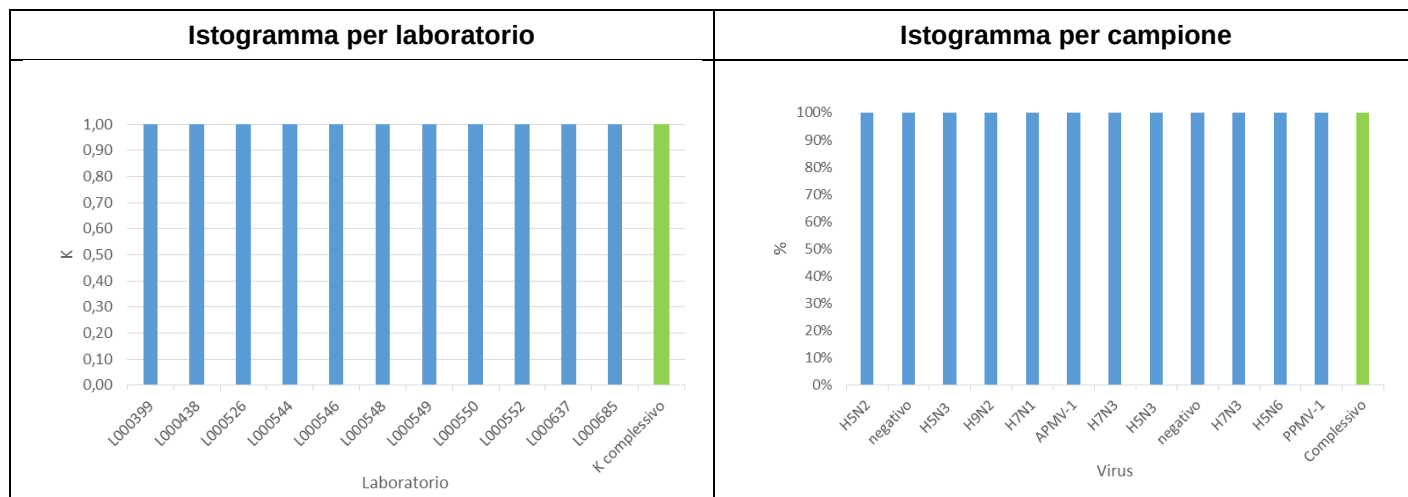
*** Valore della moda dei titoli anticorpali ottenuti durante i test di valutazione della qualità dei campioni e individuato come la più alta diluizione del siero che provoca la completa inibizione dell'attività emoagglutinante dell'antigene omologo.

Riepilogo										
N di campioni inviati				12	12	12	12	12	12	12
N di campioni analizzati				12	12	/	12	12	12	/
N di risposte corrette				12	12	/	12	12	12	/
% di risposte corrette				100,00%	100,00%	/	100,00%	100,00%	100,00%	/
Kappa				1,0000	1,0000	/	1,0000	1,0000	1,0000	/
p-value				0,0003	0,0003	/	0,0003	0,0003	0,0003	/

IZSVe – Centro di Referenza Nazionale per l'influenza aviaria e la malattia di Newcastle
Report definitivo emesso il 31/08/2022

Schema IN-SI Circuito Interlaboratorio AQUA IN: APMV-1

Accuratezza totale	Kappa complessivo	p-value
100,00%	1,00	0,00



Tutti i laboratori che hanno partecipato allo schema hanno risposto correttamente al test di identificazione sierologica mediante test d'inibizione dell'emoagglutinazione individuando i campioni del pannello contenenti anticorpi verso virus APMV-1 (NDV).

La statistica K, che fornisce una valutazione della performance di ogni laboratorio in termini di accordo tra l'esito osservato e assegnato depurata dal caso, indica che tutti i laboratori hanno un'ottima concordanza con il valore assegnato nell'identificazione della presenza di anticorpi verso il virus NDV.

Per i laboratori L000342, L000551 e L000732 non è stato possibile calcolare la statistica K in quanto non effettuano il test HI e non hanno quindi contribuito alla determinazione della statistica K di questo schema.

La concordanza tra tutti gli altri partecipanti allo schema è ottima.

Tutti i valori di K calcolati sono significativi e quindi la concordanza non è dovuta al caso ($p < 0,05$).

Schema IN-SI Circuito interlaboratorio AQUA IN: RIEPILOGO COMPLESSIVO

Riepilogo	L000342	L000399	L000438	L000526	L000544	L000546	L000548
N di risultati	36	48	48	48	48	48	48
N di risposte	36	48	48	48	48	48	48
% di risposte	100,00%	100,00%	100,00%	100,00%	100,00%	100,00%	100,00%
Kappa	1,0000	1,0000	1,0000	1,0000	1,0000	1,0000	1,0000
p-value	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000

Riepilogo	L000549	L000550	L000551	L000552	L000637	L000685	L000732
N di risultati	48	48	36	48	48	48	12
N di risposte	48	48	36	48	48	48	12
% di risposte	100,00%	100,00%	100,00%	100,00%	100,00%	100,00%	100,00%
Kappa	1,0000	1,0000	1,0000	1,0000	1,0000	1,0000	1,0000
p-value	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0003

Tutti i laboratori che hanno partecipato allo schema hanno risposto correttamente al test di identificazione sierologica con i test in uso presso le loro strutture.

La statistica K, che fornisce una valutazione della performance di ogni laboratorio in termini di accordo tra l'esito osservato e assegnato depurata dal caso, indica che tutti i laboratori hanno un'ottima concordanza con il valore assegnato nell'identificazione di anticorpi specifici tramite metodica sierologica. Si fa presente che in tale valutazione vengono considerate solo le prove per le quali il laboratorio è stato in grado di fornire un risultato.

Tutti i valori di K calcolati sono significativi e quindi la concordanza non è dovuta al caso ($p < 0,05$).

8. Analisi dei risultati dello Schema AQUA IN-BM

Riepilogo dei risultati trasmessi dai partecipanti al circuito interlaboratorio AQUA IN, schema **IN-BM**.

Tabella 8. Identificazione del genoma del virus dell'influenza aviaria (AIV).

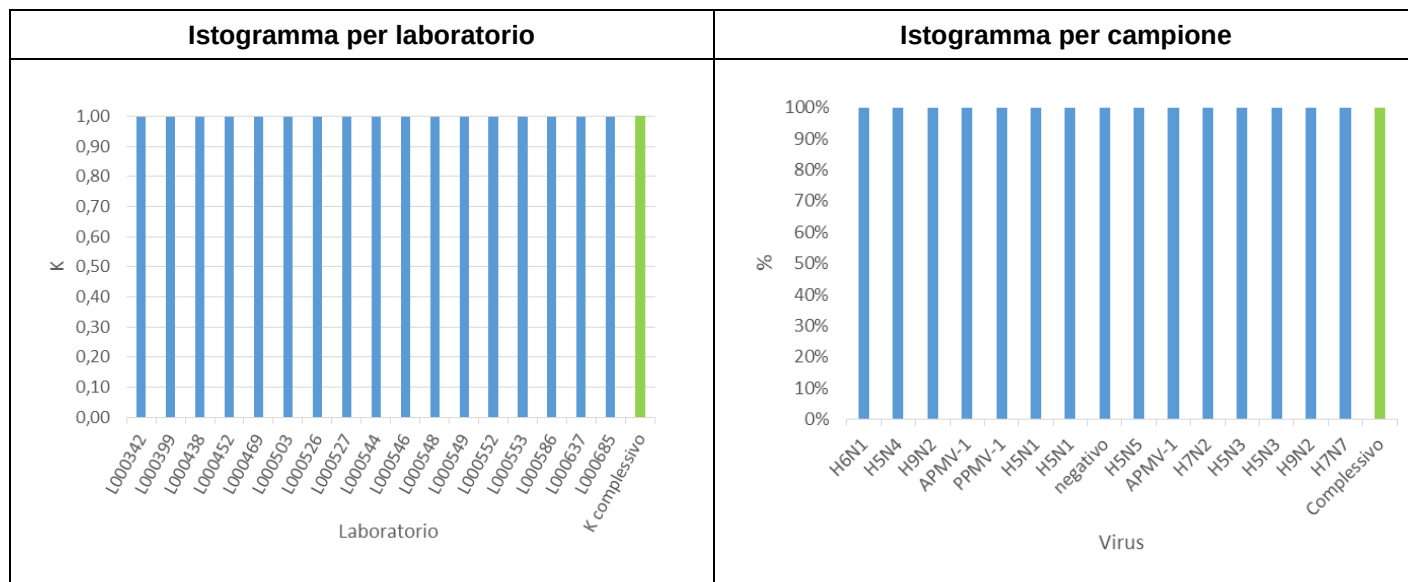
ID Campione	Sottotipo	Nome dello stipite virale	Patotipo	L000342	L000399	L000438	L000452	L000469	L000503	L000526	L000527	L000544
M1	H6N1	A/chicken/Ireland/005930_20VIR5487-1/2020	-	SI	SI	SI	SI	SI	SI	SI	SI	SI
M2	H5N4	A/yellow legged gull/Switzerland/15_2021_0039_21VIR3035-9/2021	HPAI	SI	SI	SI	SI	SI	SI	SI	SI	SI
M3	H9N2	A/poultry/Niger/ET1_21VIR2131-45/2021	-	SI	SI	SI	SI	SI	SI	SI	SI	SI
M4	APMV-1	NDV/chicken/Vushtrri-Kosovo/94_21VIR5162-29/2021	Velogeno	NO	NO	NO	NO	NO	NO	NO	NO	NO
M5	PPMV-1	PPMV1/feral pigeon/Slovenia/PER1406_20_21VIR959-6/2020	Velogeno	NO	NO	NO	NO	NO	NO	NO	NO	NO
M6	H5N1	A/chicken/Senegal/21VIR1084-21/2021	HPAI	SI	SI	SI	SI	SI	SI	SI	SI	SI
M7	H5N1	A/poultry/Niger/ET1_HALAL_21VIR2131-43/2021	HPAI	SI	SI	SI	SI	SI	SI	SI	SI	SI
M8	-	Negativo	-	NO	NO	NO	NO	NO	NO	NO	NO	NO
M9	H5N5	A/laying hen/Slovakia/Pah10_21VIR1086-7/2021	HPAI	SI	SI	SI	SI	SI	SI	SI	SI	SI
M10	APMV-1	NDV vaccine B1	Lentogeno	NO	NO	NO	NO	NO	NO	NO	NO	NO
M11	H7N2	A/chicken hen/Italy/15VIR1670-21/2015	LPAI	SI	SI	SI	SI	SI	SI	SI	SI	SI
M12	H5N3	A/knot wader/Ireland/PV21-000472_21VIR2956-11/2021	HPAI	SI	SI	SI	SI	SI	SI	SI	SI	SI
M13	H5N3	A/duck/Italy/21VIR8024-20/2021	LPAI	SI	SI	SI	SI	SI	SI	SI	SI	SI
M14	H9N2	A/duck/Italy/21VIR8691-13/2021	-	SI	SI	SI	SI	SI	SI	SI	SI	SI
M15	H7N7	A/chicken hen/Italy/13VIR4527-11/2013	HPAI	SI	SI	SI	SI	SI	SI	SI	SI	SI
Legenda: SI: Positivo; NO: Negativo; AIV: Virus dell'influenza aviaria; HPAI: Virus dell'influenza aviare ad alta patogenicità; LPAI: Virus dell'influenza aviare a bassa patogenicità; APMV: Paramyxovirus aviare; PPMV-1: Paramyxovirus aviare di tipo1, variante "piccione".												
Riepilogo												
N di campioni inviati				15	15	15	15	15	15	15	15	15
N di campioni analizzati				15	15	15	15	15	15	15	15	15
N di risposte corrette				15	15	15	15	15	15	15	15	15
% di risposte corrette				100,00%	100,00%	100,00%	100,00%	100,00%	100,00%	100,00%	100,00%	100,00%
Kappa				1,0000	1,0000	1,0000	1,0000	1,0000	1,0000	1,0000	1,0000	1,0000
p-value				0,0001	0,0001	0,0001	0,0001	0,0001	0,0001	0,0001	0,0001	0,0001

Continuazione tabella 8. (schema IN-BM) Identificazione del genoma del virus dell'influenza aviaria (AIV).

ID Campione	Sottotipo	Nome dello stipite virale	Patotipo	L000546	L000548	L000549	L000552	L000553	L000586	L000637	L000685
M1	H6N1	A/chicken/Ireland/005930_20VIR5487-1/2020	-	SI	SI	SI	SI	SI	SI	SI	SI
M2	H5N4	A/yellow legged gull/Switzerland/15_2021_0039_21VIR3035-9/2021	HPAI	SI	SI	SI	SI	SI	SI	SI	SI
M3	H9N2	A/poultry/Niger/ET1_21VIR2131-45/2021	-	SI	SI	SI	SI	SI	SI	SI	SI
M4	APMV-1	NDV/chicken/Vushtri-Kosovo/94_21VIR5162-29/2021	Velogeno	NO	NO	NO	NO	NO	NO	NO	NO
M5	PPMV-1	PPMV1/feral pigeon/Slovenia/PER1406_20_21VIR959-6/2020	Velogeno	NO	NO	NO	NO	NO	NO	NO	NO
M6	H5N1	A/chicken/Senegal/21VIR1084-21/2021	HPAI	SI	SI	SI	SI	SI	SI	SI	SI
M7	H5N1	A/poultry/Niger/ET1_HALAL_21VIR2131-43/2021	HPAI	SI	SI	SI	SI	SI	SI	SI	SI
M8	-	Negativo	-	NO	NO	NO	NO	NO	NO	NO	NO
M9	H5N5	A/laying hen/Slovakia/Pah10_21VIR1086-7/2021	HPAI	SI	SI	SI	SI	SI	SI	SI	SI
M10	APMV-1	NDV vaccine B1	Lentogeno	NO	NO	NO	NO	NO	NO	NO	NO
M11	H7N2	A/chicken hen/Italy/15VIR1670-21/2015	LPAI	SI	SI	SI	SI	SI	SI	SI	SI
M12	H5N3	A/knot wader/Ireland/PV21-000472_21VIR2956-11/2021	HPAI	SI	SI	SI	SI	SI	SI	SI	SI
M13	H5N3	A/duck/Italy/21VIR8024-20/2021	LPAI	SI	SI	SI	SI	SI	SI	SI	SI
M14	H9N2	A/duck/Italy/21VIR8691-13/2021	-	SI	SI	SI	SI	SI	SI	SI	SI
M15	H7N7	A/chicken hen/Italy/13VIR4527-11/2013	HPAI	SI	SI	SI	SI	SI	SI	SI	SI
Legenda: SI: Positivo; NO: Negativo; AIV: Virus dell'influenza aviaria; HPAI: Virus dell'influenza aviaria ad alta patogenicità; LPAI: Virus dell'influenza aviaria a bassa patogenicità; APMV: Paramyxovirus aviare; PPMV-1: Paramyxovirus aviare di tipo1, variante "piccione".											
Riepilogo											
N di campioni inviati				15	15	15	15	15	15	15	15
N di campioni analizzati				15	15	15	15	15	15	15	15
N di risposte corrette				15	15	15	15	15	15	15	15
% di risposte corrette				100,00%	100,00%	100,00%	100,00%	100,00%	100,00%	100,00%	100,00%
Kappa				1,0000	1,0000	1,0000	1,0000	1,0000	1,0000	1,0000	1,0000
p-value				0,0001	0,0001	0,0001	0,0001	0,0001	0,0001	0,0001	0,0001

Schema IN-BM Circuito Interlaboratorio AQUA IN: AIV

Accuratezza totale	Kappa complessivo	p-value
100,00%	1,00	0,00



Tutti i laboratori che hanno partecipato allo schema hanno risposto correttamente al test di identificazione biomolecolare per AIV individuando tutti i campioni del pannello contenenti virus dell'influenza aviaria.

La statistica K, che fornisce una valutazione della performance di ogni laboratorio in termini di accordo tra l'esito osservato e assegnato depurata dal caso, indica che tutti i laboratori hanno un'ottima concordanza con il valore assegnato nell'identificazione del virus AIV.

La concordanza tra tutti i partecipanti allo schema è ottima.

Tutti i valori di K calcolati sono significativi e quindi la concordanza non è dovuta al caso ($p < 0,05$).

Tabella 9. Identificazione del genoma dell'influenza aviaria sottotipo H5.

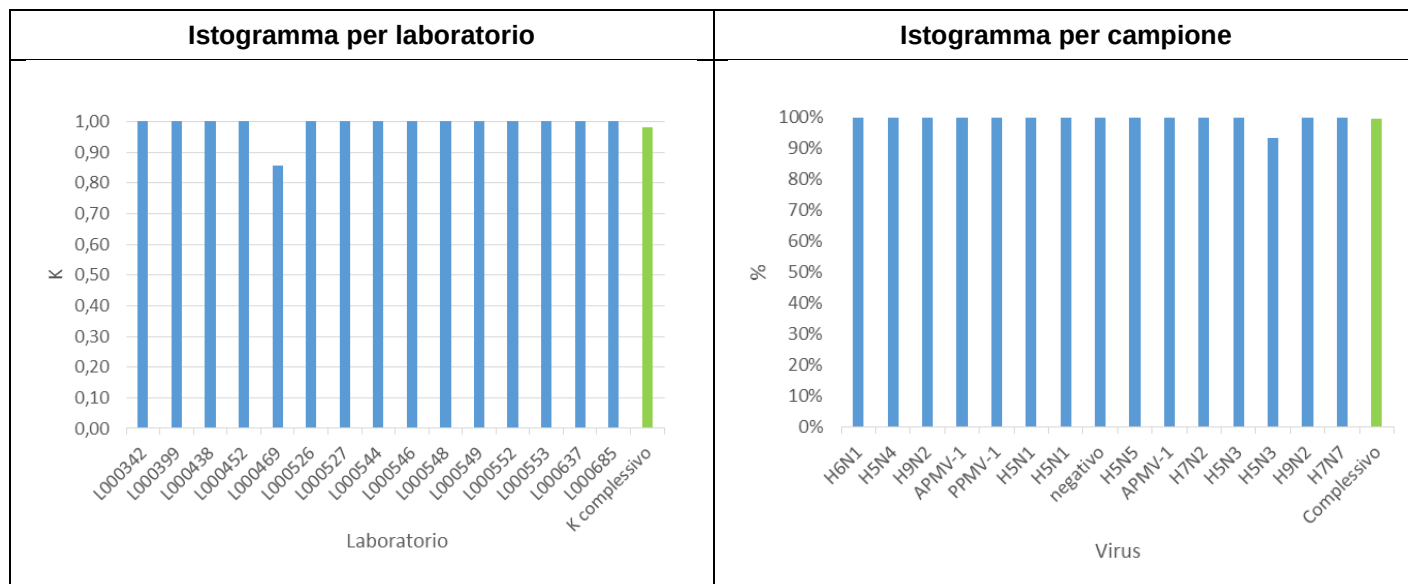
ID Campione	Sottotipo	Nome dello stipite virale	Patotipo	L000342	L000399	L000438	L000452	L000469	L000503	L000526	L000527	L000544
M1	H6N1	A/chicken/Ireland/005930_20VIR5487-1/2020	-	NO	NO	NO	NO	NO	NE	NO	NO	NO
M2	H5N4	A/yellow legged gull/Switzerland/15_2021_0039_21VIR3035-9/2021	HPAI	SI	SI	SI	SI	SI	NE	SI	SI	SI
M3	H9N2	A/poultry/Niger/ET1_21VIR2131-45/2021	-	NO	NO	NO	NO	NO	NE	NO	NO	NO
M4	APMV-1	NDV/chicken/Vushtri-Kosovo/94_21VIR5162-29/2021	Velogeno	NO	NO	NO	NO	NO	NE	NO	NO	NO
M5	PPMV-1	PPMV1/feral pigeon/Slovenia/PER1406_20_21VIR959-6/2020	Velogeno	NO	NO	NO	NO	NO	NE	NO	NO	NO
M6	H5N1	A/chicken/Senegal/21VIR1084-21/2021	HPAI	SI	SI	SI	SI	SI	NE	SI	SI	SI
M7	H5N1	A/poultry/Niger/ET1_HALAL_21VIR2131-43/2021	HPAI	SI	SI	SI	SI	SI	NE	SI	SI	SI
M8	-	Negativo	-	NO	NO	NO	NO	NO	NE	NO	NO	NO
M9	H5N5	A/laying hen/Slovakia/Pah10_21VIR1086-7/2021	HPAI	SI	SI	SI	SI	SI	NE	SI	SI	SI
M10	APMV-1	NDV vaccine B1	Lentogeno	NO	NO	NO	NO	NO	NE	NO	NO	NO
M11	H7N2	A/chicken hen/Italy/15VIR1670-21/2015	LPAI	NO	NO	NO	NO	NO	NE	NO	NO	NO
M12	H5N3	A/knot wader/Ireland/PV21-000472_21VIR2956-11/2021	HPAI	SI	SI	SI	SI	SI	NE	SI	SI	SI
M13	H5N3	A/duck/Italy/21VIR8024-20/2021	LPAI	SI	SI	SI	SI	NO	NE	SI	SI	SI
M14	H9N2	A/duck/Italy/21VIR8691-13/2021	-	NO	NO	NO	NO	NO	NE	NO	NO	NO
M15	H7N7	A/chicken hen/Italy/13VIR4527-11/2013	HPAI	NO	NO	NO	NO	NO	NE	NO	NO	NO
Legenda: SI: Positivo; NO: Negativo; NE: Non eseguito; AIV: Virus dell'influenza aviaria; HPAI: Virus dell'influenza aviare ad alta patogenicità; LPAI: Virus dell'influenza aviare a bassa patogenicità; APMV: Paramyxovirus aviare; PPMV-1: Paramyxovirus aviare di tipo1, variante "piccione".												
Riepilogo												
N di campioni inviati				15	15	15	15	15	15	15	15	15
N di campioni analizzati				15	15	15	15	15	/	15	15	15
N di risposte corrette				15	15	15	15	14	/	15	15	15
% di risposte corrette				100,00%	100,00%	100,00%	100,00%	93,33%	/	100,00%	100,00%	100,00%
Kappa				1,0000	1,0000	1,0000	1,0000	0,8571	/	1,0000	1,0000	1,0000
p-value				0,0001	0,0001	0,0001	0,0001	0,0004	/	0,0001	0,0001	0,0001

Continuazione tabella 9. (schema IN-BM) Identificazione del genoma dell'influenza aviaria sottotipo H5.

ID Campione	Sottotipo	Nome dello stipite virale	Patotipo	L000546	L000548	L000549	L000552	L000553	L000586	L000637	L000685
M1	H6N1	A/chicken/Ireland/005930_20VIR5487-1/2020	-	NO	NO	NO	NO	NO	NE	NO	NO
M2	H5N4	A/yellow legged gull/Switzerland/15_2021_0039_21VIR3035-9/2021	HPAI	SI	SI	SI	SI	SI	NE	SI	SI
M3	H9N2	A/poultry/Niger/ET1_21VIR2131-45/2021	-	NO	NO	NO	NO	NO	NE	NO	NO
M4	APMV-1	NDV/chicken/Vushtri-Kosovo/94_21VIR5162-29/2021	Velogeno	NO	NO	NO	NO	NO	NE	NO	NO
M5	PPMV-1	PPMV1/feral pigeon/Slovenia/PER1406_20_21VIR959-6/2020	Velogeno	NO	NO	NO	NO	NO	NE	NO	NO
M6	H5N1	A/chicken/Senegal/21VIR1084-21/2021	HPAI	SI	SI	SI	SI	SI	NE	SI	SI
M7	H5N1	A/poultry/Niger/ET1_HALAL_21VIR2131-43/2021	HPAI	SI	SI	SI	SI	SI	NE	SI	SI
M8	-	Negativo	-	NO	NO	NO	NO	NO	NE	NO	NO
M9	H5N5	A/laying hen/Slovakia/Pah10_21VIR1086-7/2021	HPAI	SI	SI	SI	SI	SI	NE	SI	SI
M10	APMV-1	NDV vaccine B1	Lentogeno	NO	NO	NO	NO	NO	NE	NO	NO
M11	H7N2	A/chicken hen/Italy/15VIR1670-21/2015	LPAI	NO	NO	NO	NO	NO	NE	NO	NO
M12	H5N3	A/knot wader/Ireland/PV21-000472_21VIR2956-11/2021	HPAI	SI	SI	SI	SI	SI	NE	SI	SI
M13	H5N3	A/duck/Italy/21VIR8024-20/2021	LPAI	SI	SI	SI	SI	SI	NE	SI	SI
M14	H9N2	A/duck/Italy/21VIR8691-13/2021	-	NO	NO	NO	NO	NO	NE	NO	NO
M15	H7N7	A/chicken hen/Italy/13VIR4527-11/2013	HPAI	NO	NO	NO	NO	NO	NE	NO	NO
Legenda: SI: Positivo; NO: Negativo; NE: Non eseguito; AIV: Virus dell'influenza aviaria; HPAI: Virus dell'influenza aviaria ad alta patogenicità; LPAI: Virus dell'influenza aviaria a bassa patogenicità; APMV: Paramyxovirus aviare; PPMV-1: Paramyxovirus aviare di tipo1, variante "piccione".											
Riepilogo											
N di campioni inviati				15	15	15	15	15	15	15	15
N di campioni analizzati				15	15	15	15	15	/	15	15
N di risposte corrette				15	15	15	15	15	/	15	15
% di risposte corrette				100,00%	100,00%	100,00%	100,00%	100,00%	/	100,00%	100,00%
Kappa				1,0000	1,0000	1,0000	1,0000	1,0000	/	1,0000	1,0000
p-value				0,0001	0,0001	0,0001	0,0001	0,0001	/	0,0001	0,0001

Schema IN-BM Circuito Interlaboratorio AQUA IN: AIV H5

Accuratezza totale	Kappa complessivo	p-value
99,56%	0,98	0,00



Quasi tutti i laboratori (n=14/15) che hanno partecipato allo schema hanno risposto correttamente al test di identificazione biomolecolare individuando tutti i campioni contenenti virus influenzali di sottotipo H5. Il laboratorio L000469 non ha rilevato il virus sottotipo H5 nel campione M13 (H5N3). Per i laboratori L000503, L000586 non è stato possibile calcolare la statistica K in quanto non effettuano il test molecolare per i virus influenzali del sottotipo H5. Tali laboratori non contribuiscono quindi alla determinazione della statistica K di questo schema.

La statistica K, che fornisce una valutazione della performance di ogni laboratorio in termini di accordo tra l'esito osservato e assegnato depurata dal caso, indica che i laboratori hanno ottima concordanza con il valore assegnato nell'identificazione del misurando.

La concordanza tra tutti i partecipanti allo schema è ottima.

Tabella 10. Identificazione del genoma dell'influenza aviaria sottotipo H7.

ID Campione	Sottotipo	Nome dello stipite virale	Patotipo	L000342	L000399	L000438	L000452	L000469	L000503	L000526	L000527	L000544
M1	H6N1	A/chicken/Ireland/005930_20VIR5487-1/2020	-	NO	NO	NO	NO	NO	NE	NO	NO	NO
M2	H5N4	A/yellow legged gull/Switzerland/15_2021_0039_21VIR3035-9/2021	HPAI	NO	NO	NO	NO	NO	NE	NO	NO	NO
M3	H9N2	A/poultry/Niger/ET1_21VIR2131-45/2021	-	NO	NO	NO	NO	NO	NE	NO	NO	NO
M4	APMV-1	NDV/chicken/Vushtrri-Kosovo/94_21VIR5162-29/2021	Velogeno	NO	NO	NO	NO	NO	NE	NO	NO	NO
M5	PPMV-1	PPMV1/feral pigeon/Slovenia/PER1406_20_21VIR959-6/2020	Velogeno	NO	NO	NO	NO	NO	NE	NO	NO	NO
M6	H5N1	A/chicken/Senegal/21VIR1084-21/2021	HPAI	NO	NO	NO	NO	NO	NE	NO	NO	NO
M7	H5N1	A/poultry/Niger/ET1_HALAL_21VIR2131-43/2021	HPAI	NO	NO	NO	NO	NO	NE	NO	NO	NO
M8	-	Negativo	-	NO	NO	NO	NO	NO	NE	NO	NO	NO
M9	H5N5	A/laying hen/Slovakia/Pah10_21VIR1086-7/2021	HPAI	NO	NO	NO	NO	NO	NE	NO	NO	NO
M10	APMV-1	NDV vaccine B1	Lentogeno	NO	NO	NO	NO	NO	NE	NO	NO	NO
M11	H7N2	A/chicken hen/Italy/15VIR1670-21/2015	LPAI	SI	SI	SI	SI	SI	NE	SI	SI	SI
M12	H5N3	A/knot wader/Ireland/PV21-000472_21VIR2956-11/2021	HPAI	NO	NO	NO	NO	NO	NE	NO	NO	NO
M13	H5N3	A/duck/Italy/21VIR8024-20/2021	LPAI	NO	NO	NO	NO	NO	NE	NO	NO	NO
M14	H9N2	A/duck/Italy/21VIR8691-13/2021	-	NO	NO	NO	NO	NO	NE	NO	NO	NO
M15	H7N7	A/chicken hen/Italy/13VIR4527-11/2013	HPAI	SI	SI	SI	SI	SI	NE	SI	SI	SI
Legenda: SI: Positivo; NO: Negativo; NE: Non eseguito; AIV: Virus dell'influenza aviaria; HPAI: Virus dell'influenza aviare ad alta patogenicità; LPAI: Virus dell'influenza aviare a bassa patogenicità; APMV: Paramyxovirus aviare; PPMV-1: Paramyxovirus aviare di tipo1, variante "piccione".												
Riepilogo												
N di campioni inviati				15	15	15	15	15	15	15	15	15
N di campioni analizzati				15	15	15	15	15	/	15	15	15
N di risposte corrette				15	15	15	15	15	/	15	15	15
% di risposte corrette				100,00%	100,00%	100,00%	100,00%	100,00%	/	100,00%	100,00%	100,00%
Kappa				1,0000	1,0000	1,0000	1,0000	1,0000	/	1,0000	1,0000	1,0000
p-value				0,0001	0,0001	0,0001	0,0001	0,0001	/	0,0001	0,0001	0,0001

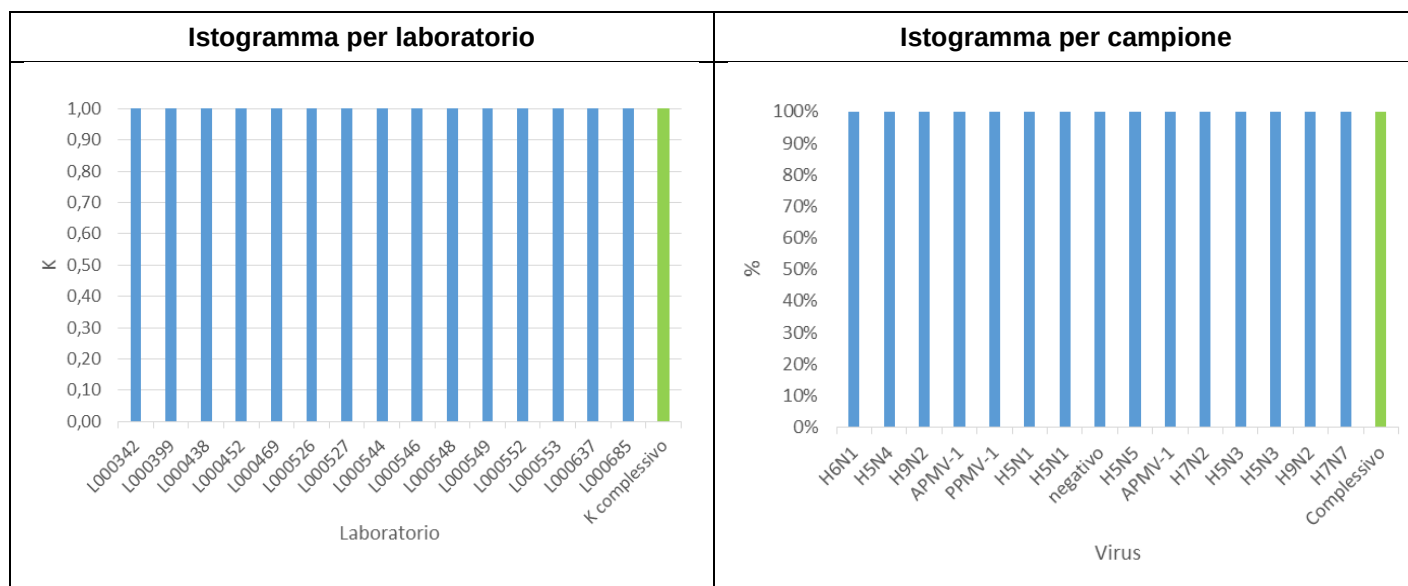
IZSve – Centro di Referenza Nazionale per l'influenza aviaria e la malattia di Newcastle
Report definitivo emesso il 31/08/2022

Continuazione tabella 10. (schema IN-BM) Identificazione del genoma dell'influenza aviaria sottotipo H7.

ID Campione	Sottotipo	Nome dello stipite virale	Patotipo	L000546	L000548	L000549	L000552	L000553	L000586	L000637	L000685
M1	H6N1	A/chicken/Ireland/005930_20VIR5487-1/2020	-	NO	NO	NO	NO	NO	NE	NO	NO
M2	H5N4	A/yellow legged gull/Switzerland/15_2021_0039_21VIR3035-9/2021	HPAI	NO	NO	NO	NO	NO	NE	NO	NO
M3	H9N2	A/poultry/Niger/ET1_21VIR2131-45/2021	-	NO	NO	NO	NO	NO	NE	NO	NO
M4	APMV-1	NDV/chicken/Vushtri-Kosovo/94_21VIR5162-29/2021	Velogeno	NO	NO	NO	NO	NO	NE	NO	NO
M5	PPMV-1	PPMV1/feral pigeon/Slovenia/PER1406_20_21VIR959-6/2020	Velogeno	NO	NO	NO	NO	NO	NE	NO	NO
M6	H5N1	A/chicken/Senegal/21VIR1084-21/2021	HPAI	NO	NO	NO	NO	NO	NE	NO	NO
M7	H5N1	A/poultry/Niger/ET1_HALAL_21VIR2131-43/2021	HPAI	NO	NO	NO	NO	NO	NE	NO	NO
M8	-	Negativo	-	NO	NO	NO	NO	NO	NE	NO	NO
M9	H5N5	A/laying hen/Slovakia/Pah10_21VIR1086-7/2021	HPAI	NO	NO	NO	NO	NO	NE	NO	NO
M10	APMV-1	NDV vaccine B1	Lentogeno	NO	NO	NO	NO	NO	NE	NO	NO
M11	H7N2	A/chicken hen/Italy/15VIR1670-21/2015	LPAI	SI	SI	SI	SI	SI	NE	SI	SI
M12	H5N3	A/knot wader/Ireland/PV21-000472_21VIR2956-11/2021	HPAI	NO	NO	NO	NO	NO	NE	NO	NO
M13	H5N3	A/duck/Italy/21VIR8024-20/2021	LPAI	NO	NO	NO	NO	NO	NE	NO	NO
M14	H9N2	A/duck/Italy/21VIR8691-13/2021	-	NO	NO	NO	NO	NO	NE	NO	NO
M15	H7N7	A/chicken hen/Italy/13VIR4527-11/2013	HPAI	SI	SI	SI	SI	SI	NE	SI	SI
Legenda: SI: Positivo; NO: Negativo; NE: Non eseguito; AIV: Virus dell'influenza aviaria; HPAI: Virus dell'influenza aviaria ad alta patogenicità; LPAI: Virus dell'influenza aviaria a bassa patogenicità; APMV: Paramyxovirus aviare; PPMV-1: Paramyxovirus aviare di tipo1, variante "piccione".											
Riepilogo											
N di campioni inviati				15	15	15	15	15	15	15	15
N di campioni analizzati				15	15	15	15	15	/	15	15
N di risposte corrette				15	15	15	15	15	/	15	15
% di risposte corrette				100,00%	100,00%	100,00%	100,00%	100,00%	/	100,00%	100,00%
Kappa				1,0000	1,0000	1,0000	1,0000	1,0000	/	1,0000	1,0000
p-value				0,0001	0,0001	0,0001	0,0001	0,0001	/	0,0001	0,0001

Schema IN-BM Circuito Interlaboratorio AQUA IN: AIV H7

Accuratezza totale	Kappa complessivo	p-value
100,00%	1,00	0,00



Tutti i laboratori che hanno partecipato allo schema hanno risposto correttamente al test di identificazione biomolecolare individuando tutti i campioni del pannello contenenti virus influenzali di sottotipo H7.

La statistica K, che fornisce una valutazione della performance di ogni laboratorio in termini di accordo tra l'esito osservato e assegnato depurata dal caso, indica che i laboratori hanno ottima concordanza con il valore assegnato nell'identificazione del virus H7.

Per i laboratori L000503, L000586 non è stato possibile calcolare la statistica K in quanto non effettuano il tipo di test molecolare per i virus influenzali del sottotipo H7. Tali laboratori non contribuiscono quindi alla determinazione della statistica K di questo schema.

La concordanza tra tutti gli altri partecipanti allo schema è risultata ottima.

Tutti i valori di K calcolati sono significativi e quindi la concordanza non è dovuta al caso ($p < 0,05$).

Tabella 11. Identificazione del genoma di Paramyxovirus aviari/virus della malattia di Newcastle (**APMV-1**).

ID Campione	Sottotipo	Nome dello stipite virale	Patotipo	L000342	L000399	L000438	L000452	L000469	L000503	L000526	L000527	L000544
M1	H6N1	A/chicken/Ireland/005930_20VIR5487-1/2020	-	NE	NO	NO	NO	NO	NE	NE	NO	NO
M2	H5N4	A/yellow legged gull/Switzerland/15_2021_0039_21VIR3035-9/2021	HPAI	NE	NO	NO	NO	NO	NE	NE	NO	NO
M3	H9N2	A/poultry/Niger/ET1_21VIR2131-45/2021	-	NE	NO	NO	NO	NO	NE	NE	NO	NO
M4	APMV-1	NDV/chicken/Vushtri-Kosovo/94_21VIR5162-29/2021	Velogeno	NE	SI	SI	SI	SI	NE	NE	SI	SI
M5	PPMV-1	PPMV1/feral pigeon/Slovenia/PER1406_20_21VIR959-6/2020	Velogeno	NE	SI	SI	SI	SI	NE	NE	SI	SI
M6	H5N1	A/chicken/Senegal/21VIR1084-21/2021	HPAI	NE	NO	NO	NO	NO	NE	NE	NO	NO
M7	H5N1	A/poultry/Niger/ET1_HALAL_21VIR2131-43/2021	HPAI	NE	NO	NO	NO	NO	NE	NE	NO	NO
M8	-	Negativo	-	NE	NO	NO	NO	NO	NE	NE	NO	NO
M9	H5N5	A/laying hen/Slovakia/Pah10_21VIR1086-7/2021	HPAI	NE	NO	NO	NO	NO	NE	NE	NO	NO
M10	APMV-1	NDV vaccine B1	Lentogeno	NE	SI	SI	SI	SI	NE	NE	SI	SI
M11	H7N2	A/chicken hen/Italy/15VIR1670-21/2015	LPAI	NE	NO	NO	NO	NO	NE	NE	NO	NO
M12	H5N3	A/knot wader/Ireland/PV21-000472_21VIR2956-11/2021	HPAI	NE	NO	NO	NO	NO	NE	NE	NO	NO
M13	H5N3	A/duck/Italy/21VIR8024-20/2021	LPAI	NE	NO	NO	NO	NO	NE	NE	NO	NO
M14	H9N2	A/duck/Italy/21VIR8691-13/2021	-	NE	NO	NO	NO	NO	NE	NE	NO	NO
M15	H7N7	A/chicken hen/Italy/13VIR4527-11/2013	HPAI	NE	NO	NO	NO	NO	NE	NE	NO	NO
Legenda: SI: Positivo; NO: Negativo; NE: Non eseguito; AIV: Virus dell'influenza aviaria; HPAI: Virus dell'influenza aviare ad alta patogenicità; LPAI: Virus dell'influenza aviare a bassa patogenicità; APMV: Paramyxovirus aviare; PPMV-1: Paramyxovirus aviare di tipo1, variante "piccione".												
Riepilogo												
N di campioni inviati				15	15	15	15	15	15	15	15	15
N di campioni analizzati				/	15	15	15	15	/	/	15	15
N di risposte corrette				/	15	15	15	15	/	/	15	15
% di risposte corrette				/	100,00%	100,00%	100,00%	100,00%	/	/	100,00%	100,00%
Kappa				/	1,0000	1,0000	1,0000	1,0000	/	/	1,0000	1,0000
p-value				/	0,0001	0,0001	0,0001	0,0001	/	/	0,0001	0,0001

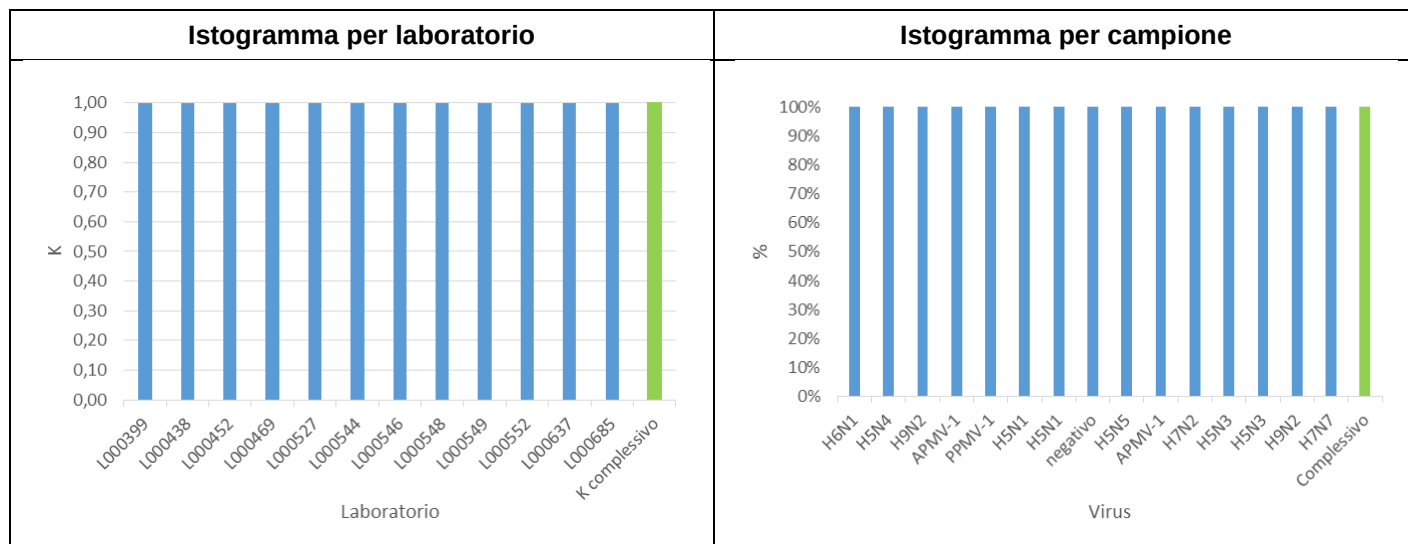
Continuazione tabella 11. (schema IN-BM) Identificazione del genoma di Paramyxovirus aviari/virus della malattia di Newcastle (APMV-1).

ID Campione	Sottotipo	Nome dello stipite virale	Patotipo	L000546	L000548	L000549	L000552	L000553	L000586	L000637	L000685
M1	H6N1	A/chicken/Ireland/005930_20VIR5487-1/2020	-	NO	NO	NO	NO	NE	NE	NO	NO
M2	H5N4	A/yellow legged gull/Switzerland/15_2021_0039_21VIR3035-9/2021	HPAI	NO	NO	NO	NO	NE	NE	NO	NO
M3	H9N2	A/poultry/Niger/ET1_21VIR2131-45/2021	-	NO	NO	NO	NO	NE	NE	NO	NO
M4	APMV-1	NDV/chicken/Vushtrri-Kosovo/94_21VIR5162-29/2021	Velogeno	SI	SI	SI	SI	NE	NE	SI	SI
M5	PPMV-1	PPMV1/feral pigeon/Slovenia/PER1406_20_21VIR959-6/2020	Velogeno	SI	SI	SI	SI	NE	NE	SI	SI
M6	H5N1	A/chicken/Senegal/21VIR1084-21/2021	HPAI	NO	NO	NO	NO	NE	NE	NO	NO
M7	H5N1	A/poultry/Niger/ET1_HALAL_21VIR2131-43/2021	HPAI	NO	NO	NO	NO	NE	NE	NO	NO
M8	-	Negativo	-	NO	NO	NO	NO	NE	NE	NO	NO
M9	H5N5	A/laying hen/Slovakia/Pah10_21VIR1086-7/2021	HPAI	NO	NO	NO	NO	NE	NE	NO	NO
M10	APMV-1	NDV vaccine B1	Lentogeno	SI	SI	SI	SI	NE	NE	SI	SI
M11	H7N2	A/chicken hen/Italy/15VIR1670-21/2015	LPAI	NO	NO	NO	NO	NE	NE	NO	NO
M12	H5N3	A/knot wader/Ireland/PV21-000472_21VIR2956-11/2021	HPAI	NO	NO	NO	NO	NE	NE	NO	NO
M13	H5N3	A/duck/Italy/21VIR8024-20/2021	LPAI	NO	NO	NO	NO	NE	NE	NO	NO
M14	H9N2	A/duck/Italy/21VIR8691-13/2021	-	NO	NO	NO	NO	NE	NE	NO	NO
M15	H7N7	A/chicken hen/Italy/13VIR4527-11/2013	HPAI	NO	NO	NO	NO	NE	NE	NO	NO
Legenda: SI: Positivo; NO: Negativo; NE: Non eseguito; AIV: Virus dell'influenza aviaria; HPAI: Virus dell'influenza aviare ad alta patogenicità; LPAI: Virus dell'influenza aviare a bassa patogenicità; APMV: Paramyxovirus aviare; PPMV-1: Paramyxovirus aviare di tipo1, variante "piccione".											
Riepilogo											
N di campioni inviati				15	15	15	15	15	15	15	15
N di campioni analizzati				15	15	15	15	/	/	15	15
N di risposte corrette				15	15	15	15	/	/	15	15
% di risposte corrette				100,00%	100,00%	100,00%	100,00%	/	/	100,00%	100,00%
Kappa				1,0000	1,0000	1,0000	1,0000	/	/	1,0000	1,0000
p-value				0,0001	0,0001	0,0001	0,0001	/	/	0,0001	0,0001

IZSve – Centro di Referenza Nazionale per l'influenza aviaria e la malattia di Newcastle
Report definitivo emesso il 31/08/2022

Schema IN-BM Circuito Interlaboratorio AQUA IN: APMV-1

Accuratezza totale	Kappa complessivo	p-value
100,00%	1,00	0,00



Tutti i laboratori che hanno partecipato allo schema hanno risposto correttamente al test di identificazione biomolecolare per NDV individuando i campioni del pannello contenenti virus APMV-1.

Per i laboratori L000342, L000503, L000526, L000553, L000586 non è stato possibile calcolare la statistica K in quanto non effettuano il test molecolare per APMV-1. Tali laboratori non contribuiscono quindi alla determinazione della statistica K di questo schema.

La concordanza tra tutti gli altri partecipanti allo schema è risultata ottima.

Tutti i valori di K calcolati sono significativi e quindi la concordanza non è dovuta al caso ($p < 0,05$).

Schema IN-BM Circuito interlaboratorio AQUA IN: RIEPILOGO COMPLESSIVO

Riepilogo	L000342	L000399	L000438	L000452	L000469	L000503
N di risultati trasmessi	45	60	60	60	60	15
N di risposte corrette	45	60	60	60	59	15
% di risposte corrette	100,00%	100,00%	100,00%	100,00%	98,33%	100,00%
Kappa	1,0000	1,0000	1,0000	1,0000	0,9638	1,0000
p-value	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0001

Riepilogo	L000526	L000527	L000544	L000546	L000548	L000549
N di analisi effettuate	45	60	60	60	60	60
N di risposte corrette	45	60	60	60	60	60
% di risposte corrette	100,00%	100,00%	100,00%	100,00%	100,00%	100,00%
Kappa	1,0000	1,0000	1,0000	1,0000	1,0000	1,0000
p-value	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000

Riepilogo	L000552	L000553	L000586	L000637	L000685
N di analisi effettuate	60	45	15	60	60
N di risposte corrette	60	45	15	60	60
% di risposte corrette	100,00%	100,00%	100,00%	100,00%	100,00%
Kappa	1,0000	1,0000	1,0000	1,0000	1,0000
p-value	0,0000	0,0000	0,0001	0,0000	0,0000

Tutti i laboratori che hanno partecipato allo schema hanno risposto correttamente al test di identificazione biomolecolare per i virus di competenza ad eccezione del laboratorio L000469 che non ha rilevato il virus sottotipo H5 nel campione M13 (H5N3).

La statistica K, che fornisce una valutazione della performance di ogni laboratorio in termini di accordo tra l'esito osservato e assegnato depurata dal caso, indica che tutti i laboratori hanno complessivamente un'ottima concordanza con il valore assegnato nell'identificazione dei virus in metodica biomolecolare. Si fa presente che in tale valutazione vengono considerate solo le prove per le quali il laboratorio è stato in grado di fornire un risultato.

Tutti i valori di K calcolati sono significativi e quindi la concordanza non è dovuta al caso ($p < 0,05$).

9. Valutazione complessiva dei risultati

Nello **schema virologico** AQUA IN-V 1-22

Tutti i laboratori che hanno partecipato allo schema hanno risposto correttamente al test di identificazione virologica mediante i metodi classici in uso presso le loro strutture ad eccezione del laboratorio L000637 che ha erroneamente identificato il campione V5 (APMV-6) come un APMV-1. La statistica K, che fornisce una valutazione della performance di ogni laboratorio in termini di accordo tra l'esito osservato e assegnato depurata dal caso, indica che tutti i laboratori hanno un'ottima concordanza con il valore assegnato nell'identificazione dei virus in metodica virologica classica.

Tutti i valori di K calcolati sono significativi e quindi la concordanza non è dovuta al caso ($p < 0,05$).

Nello **schema sierologico** AQUA IN-SI 1-22

Tutti i laboratori che hanno partecipato allo schema hanno risposto correttamente al test di identificazione sierologica con i test in uso presso le loro strutture.

La statistica K, che fornisce una valutazione della performance di ogni laboratorio in termini di accordo tra l'esito osservato e assegnato depurata dal caso, indica che tutti i laboratori hanno un'ottima concordanza con il valore assegnato nell'identificazione di anticorpi specifici tramite metodica sierologica. Si fa presente che in tale valutazione vengono considerate solo le prove per le quali il laboratorio è stato in grado di fornire un risultato.

Tutti i valori di K calcolati sono significativi e quindi la concordanza non è dovuta al caso ($p < 0,05$).

Nello **schema molecolare** AQUA IN-BM 1-22

Tutti i laboratori che hanno partecipato allo schema hanno risposto correttamente al test di identificazione biomolecolare con i test in uso presso le loro strutture ad eccezione del laboratorio L000469 che non ha rilevato il virus sottotipo H5 nel campione M13 (H5N3).

La statistica K, che fornisce una valutazione della performance di ogni laboratorio in termini di accordo tra l'esito osservato e assegnato depurata dal caso, indica che tutti i laboratori hanno complessivamente un'ottima concordanza con il valore assegnato nell'identificazione del genoma virale mediante metodica biomolecolare. Si fa presente che in tale valutazione vengono considerate solo le prove per le quali il laboratorio è stato in grado di fornire un risultato.

Tutti i valori di K calcolati sono significativi e quindi la concordanza non è dovuta al caso ($p < 0,05$).

10. Conclusioni

I risultati ottenuti possono ritenersi soddisfacenti per tutti e tre gli schemi a testimonianza del raggiungimento/mantenimento di ottimi livelli di qualità in tutti i laboratori aderenti al presente circuito. Il Centro di Referenza Nazionale per l'influenza aviaria e la malattia di Newcastle mette a disposizione dei partecipanti un servizio di follow-up/assistenza per il quale si potrà fare richiesta allo scopo di mettere in atto eventuali misure correttive/migliorative o per lo sviluppo/implementazione di nuovi test diagnostici presso i propri laboratori.

11. Informativa sulla privacy

Ai sensi degli artt. 13 e 14 Reg UE 2016/679 si rende la presente informativa privacy.

Titolare del trattamento: ISTITUTO ZOOPROFILATTICO SPERIMENTALE DELLE VENEZIE (in sigla IZSVE), con sede legale in 35020 LEGNARO (PD), Viale dell'Università 10, C.F. e P.IVA 00206200289, in persona del Direttore generale e legale rappresentante pro tempore tel 0498084242, e-mail dirgen@izsvenezie.it. In particolare, i dati verranno trattati dal personale delle strutture complesse che erogano il circuito AQUA. Responsabile della protezione dei dati dell'IZSve ai sensi dell'art. 37 GDPR (RPD/DPO), contattabile all'indirizzo e-mail dpo@izsvenezie.it.

Tipologia di dati e fonti: dati comuni, anagrafici e identificativi. Provengono tutti dall'Interessato. Finalità e modalità: i dati saranno trattati per l'adempimento di obblighi legali connessi all'iscrizione / adesione al circuito Aqua; il trattamento avverrà in modo sia manuale/cartaceo, che elettronico. Base giuridica: il trattamento si fonda, oltre che sul consenso manifestato tramite conferimento volontario dei dati, sull'adempimento di un obbligo contrattuale nonché sul legittimo interesse del Titolare. Obbligatorietà: il conferimento dei dati è obbligatorio e la sua mancanza comporta l'impossibilità per il Titolare di eseguire la prestazione richiesta e di evadere la richiesta di iscrizione al circuito Aqua. Destinatari: i dati potranno essere comunicati a soggetti all'uopo Incaricati dal Titolare, a Responsabili del trattamento e consulenti del Titolare. Conservazione: i dati saranno conservati fino a revoca del consenso. Diritti: l'Interessato può esercitare i suoi diritti di accesso, rettifica, cancellazione, limitazione, portabilità, opposizione via email ai dati del Titolare di cui sopra. Reclamo: l'Interessato può proporre reclamo al Garante per la protezione dei dati personali. Revoca: il consenso può essere revocato, ma ciò potrebbe comportare l'impossibilità di evadere la richiesta di iscrizione al circuito Aqua o la cancellazione dell'iscrizione al circuito medesimo.

Data report definitivo 31/08/2022



Responsabile circuito interlaboratorio AQUA IN
Dr. Calogero Terregino

----- Fine report -----