

MUSE

Rapportagesysteem SKML

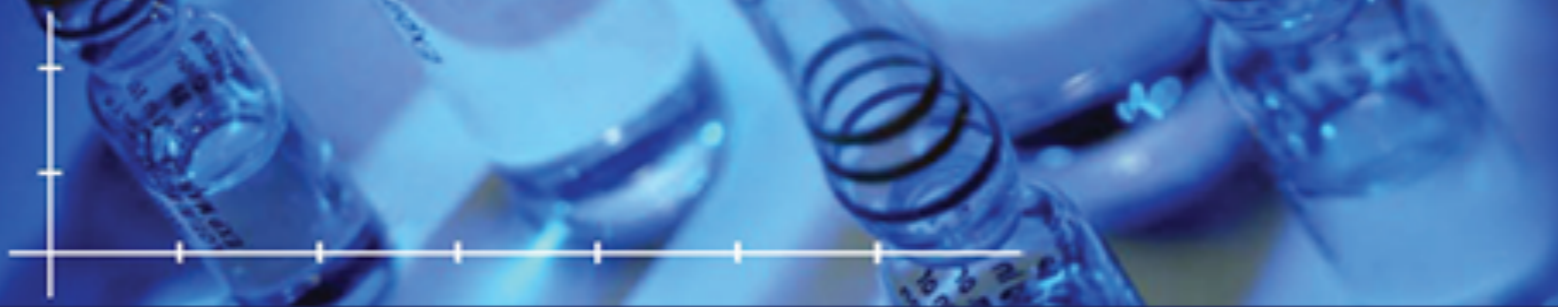
Wat kunnen we voor IVD industrie betekenen?

Marc Thelen

Diagned 10 april 2015

- Doel externe QC en plaats in proces
- Wat is nodig voor nuttige EQC?
- Hoe doet SKML dat?
- Wat kan dat betekenen voor IVD industrie?

- Juistheid en precisie borgen binnen grenzen
- **Stap 1: methodevalidatie:**
 - **Vergelijk met referentiemethode: Methode is juist met $t=0$**
- **Stap 2: interne QC;**
 - Stabiel materiaal: elke dag is zoals $t=0$
- **Stap 3: externe QC: is methode nog steeds zo juist als op $t=0$?**
 - Indien niet: bereidheid tot interventie zodat juistheid weer goed is



ISO Store > Store > Standards catalogue > By TC > ISO/TC 212 Clinical laboratory testing and in vitro diagnostic test systems

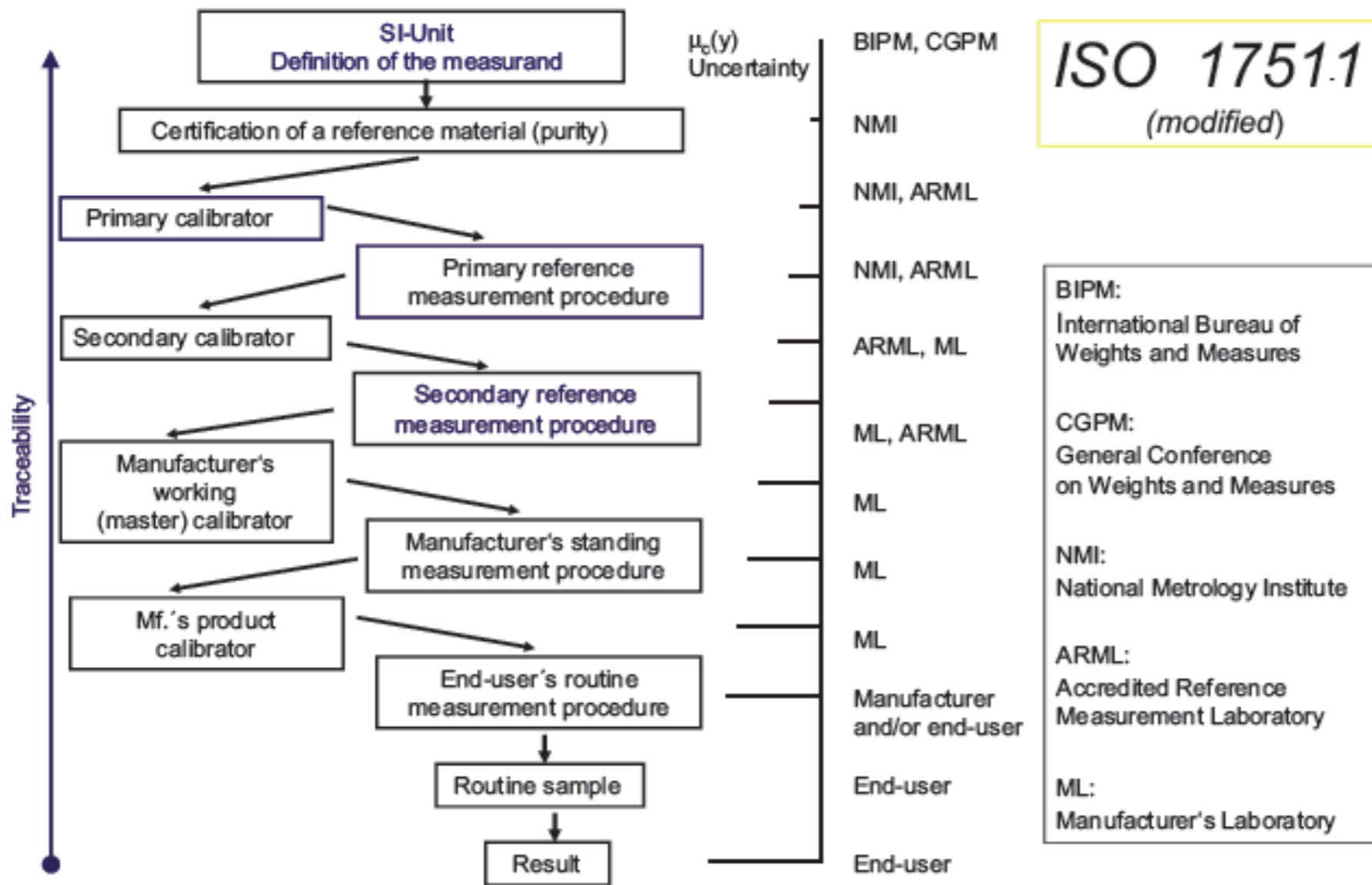
Subscribe to updates 

ISO 17511:2003

In vitro diagnostic medical devices -- Measurement of quantities in biological samples -- Metrological traceability of values assigned to calibrators and control materials

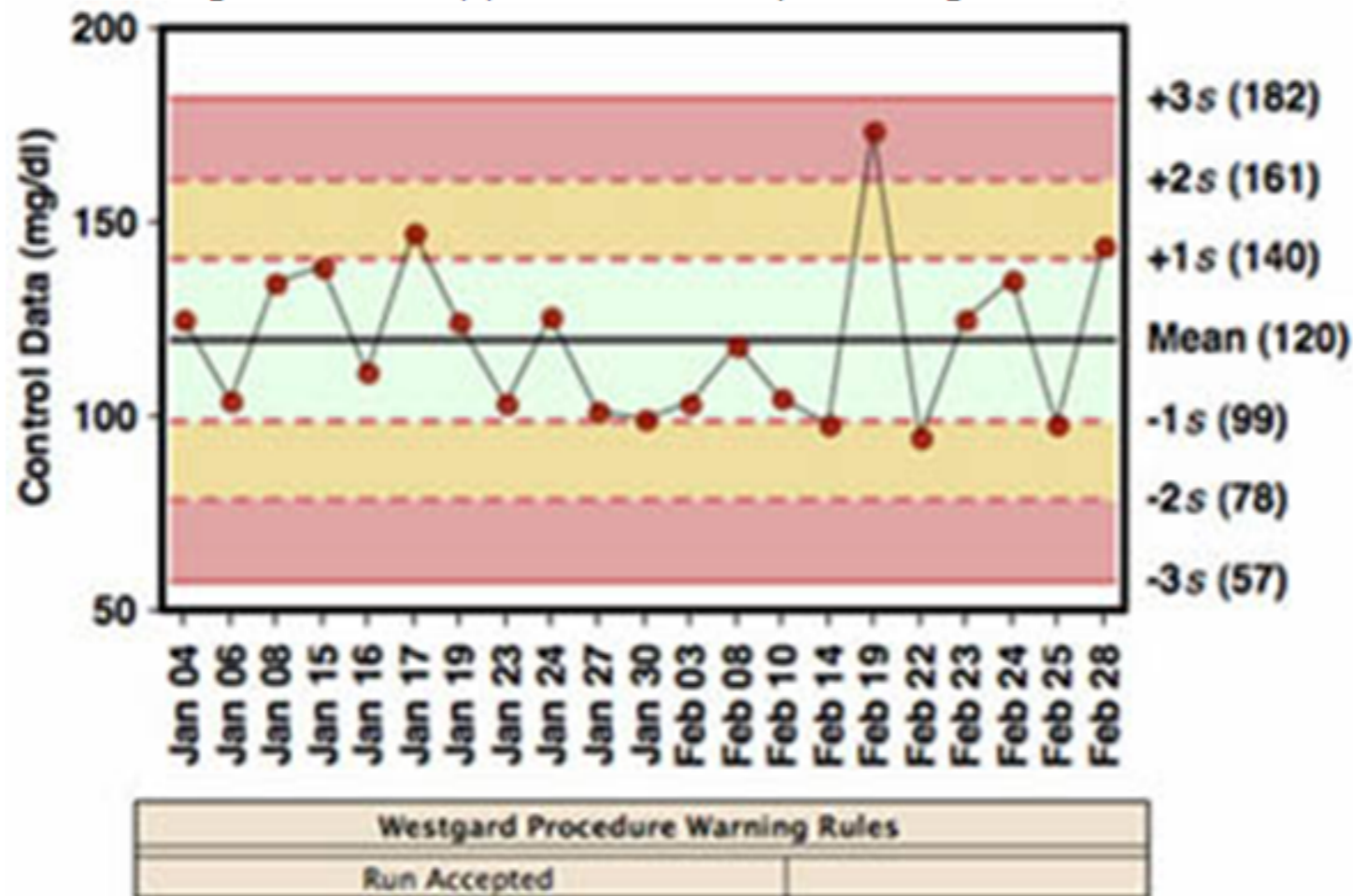
Preview and follow ISO 17511:2003 on our **Online Browsing Platform**

 Preview



- Juistheid en precisie borgen binnen grenzen
- Stap 1: methodevalidatie:
 - Vergelijk met referentiemethode: Methode is juist met $t=0$
- **Stap 2: interne QC;**
 - **Stabiel materiaal: elke dag is zoals $t=0$**
- Stap 3: externe QC: is methode nog steeds zo juist als op $t=0$?
 - Indien niet: bereidheid tot interventie zodat juistheid weer goed is

Westgard Rules Applied to a Levey-Jennings Control Chart

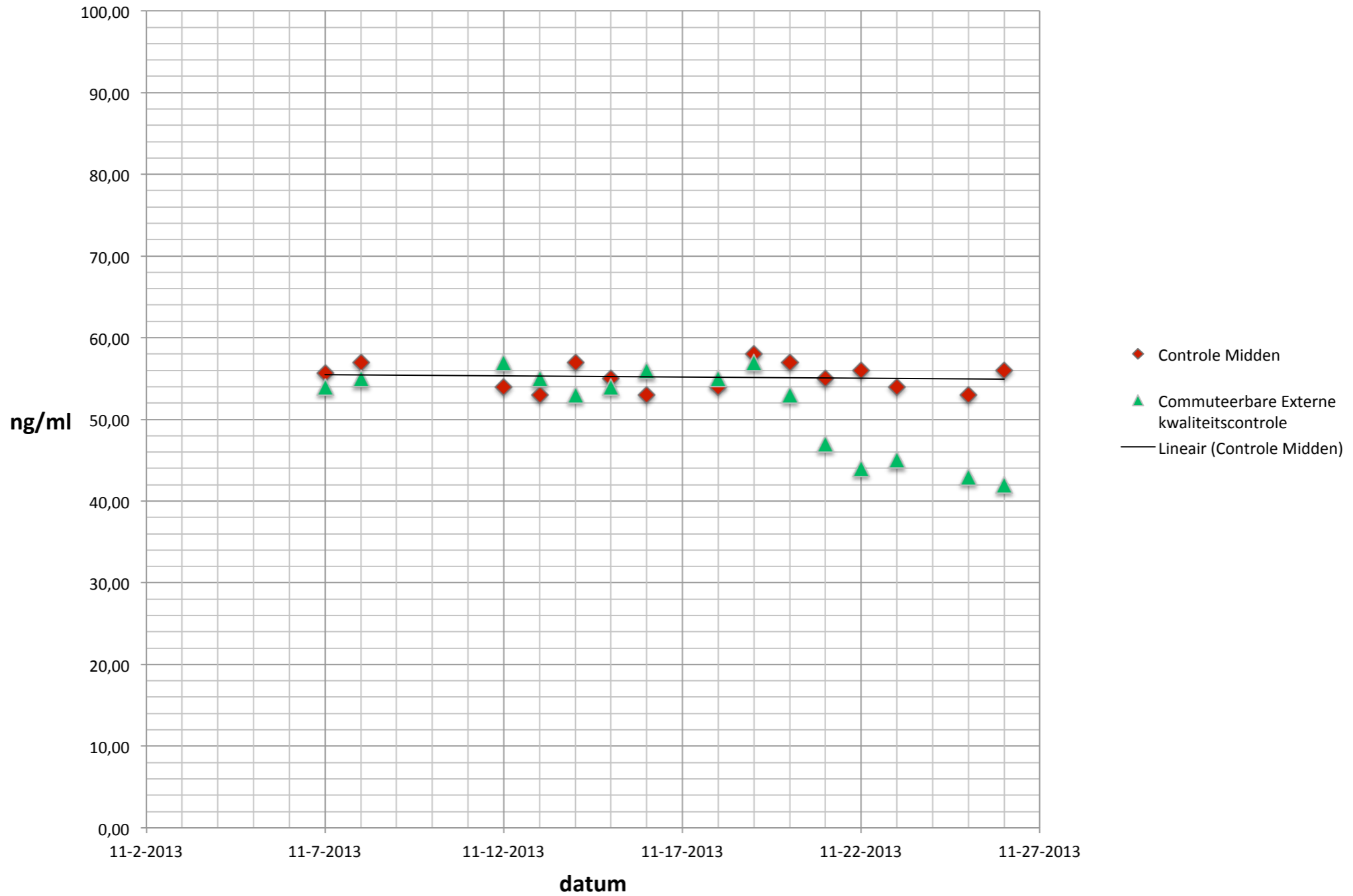


- Juistheid en precisie borgen binnen grenzen
- Stap 1: methodevalidatie:
 - Vergelijk met referentiemethode: Methode is juist met $t=0$
- Stap 2: interne QC;
 - Stabiel materiaal: elke dag is zoals $t=0$
- **Stap 3: externe QC: is methode nog steeds zo juist als op $t=0$?**
 - **Indien niet: bereidheid tot interventie zodat juistheid weer goed is**

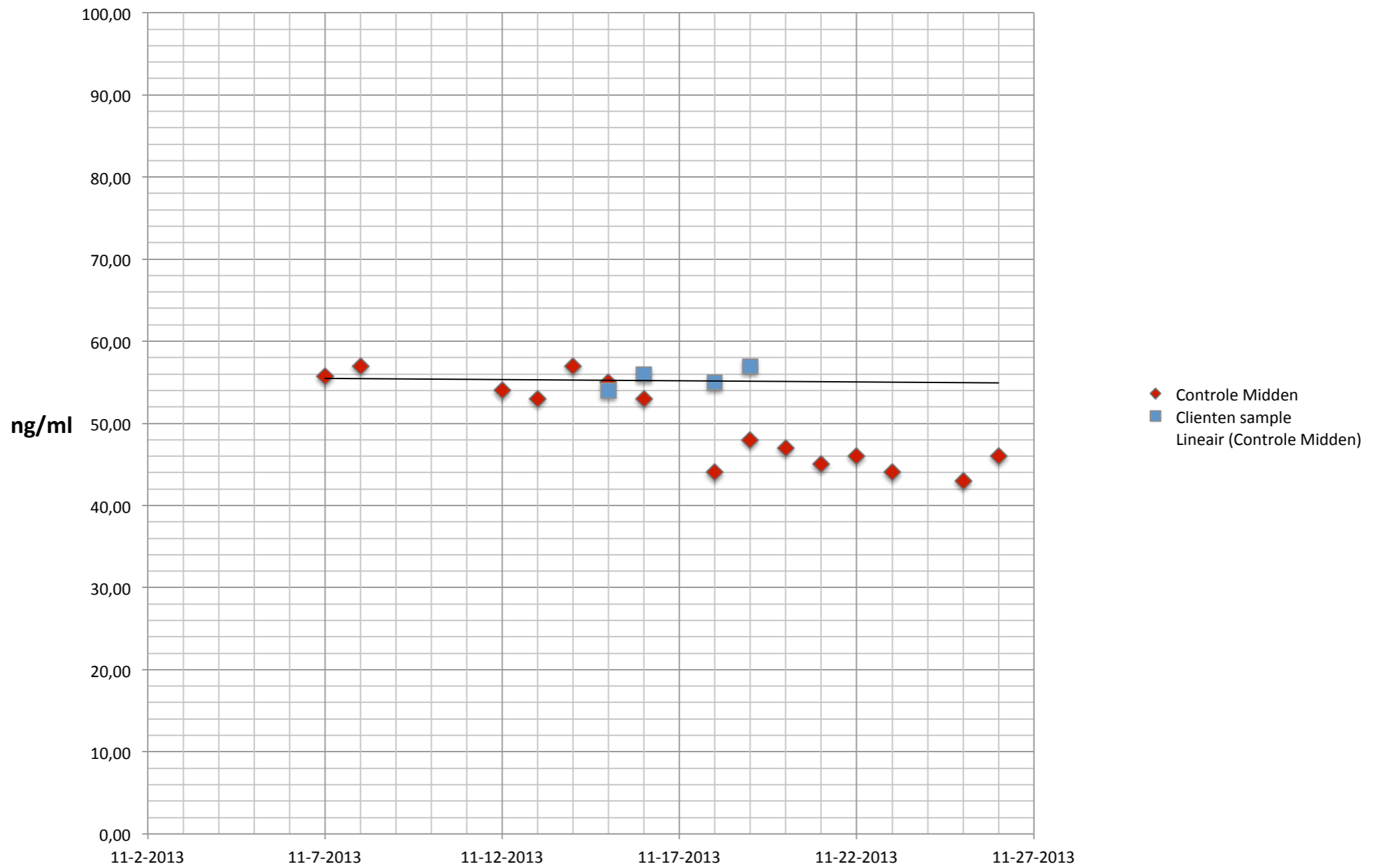
Noodzaak Externe QC

- Is het mogelijk dat externe QC slecht is bij stabiele IQC na aanvankelijk goede EQC?

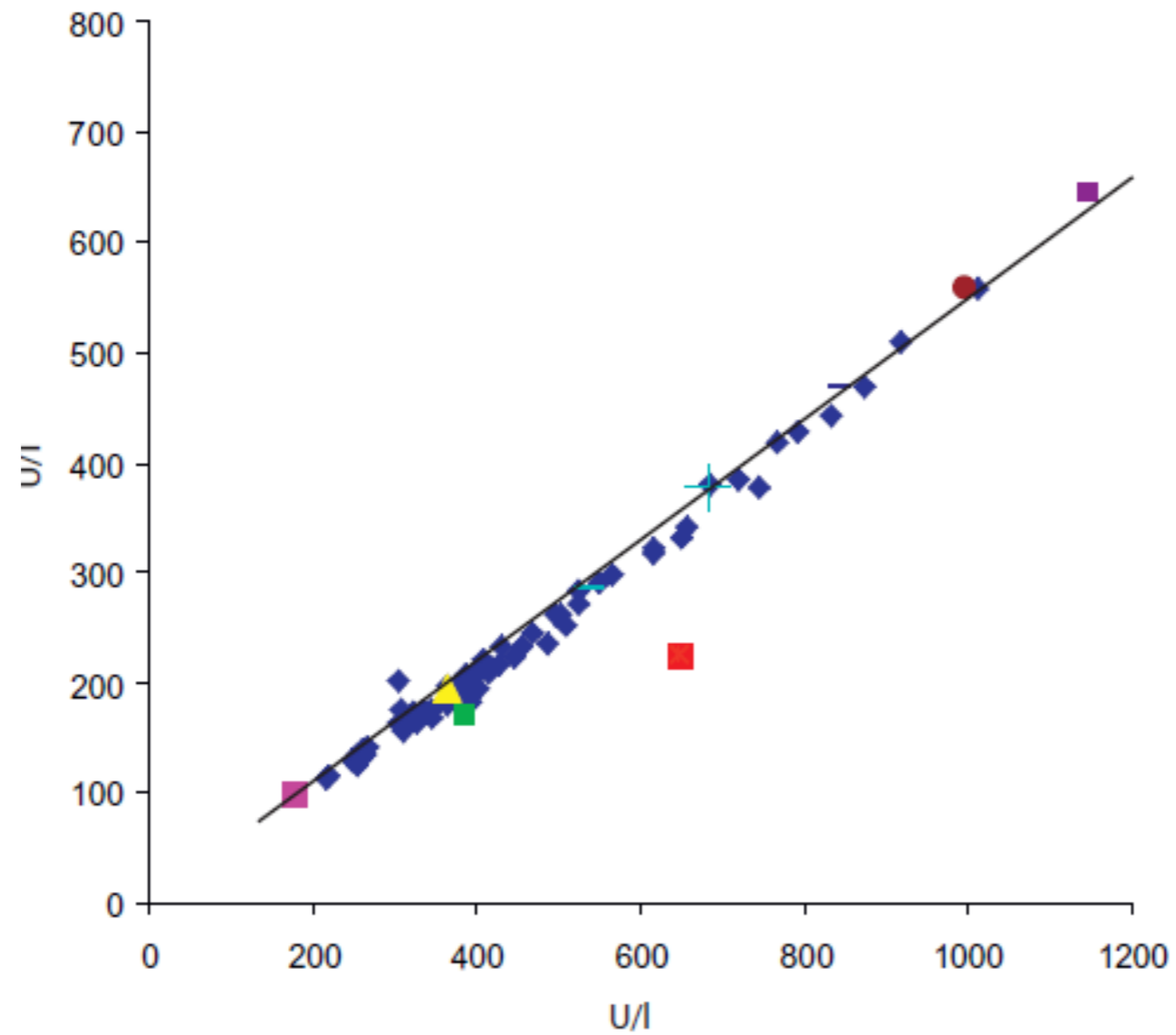
EQC pikt fout op, IQC niet altijd



IQC met vals alarm



Commuteerbaarheid grafisch



- Oordeel dat klopt en zinvol is
- Materiaal: Homogeen, Stabiel, Commuteerbaar
 - Je moet materiaal niet de schuld kunnen geven
- Waardetoekenning in referentielaboratoria met referentiemethode
 - Je moet niet de waardetoekenning in twijfel hoeven trekken
- Interventie-ondersteunende rapportage
 - Mate van fout moet zinvol worden afgebeeld

- Score
 - Basis met draagvlak
- Gericht op 4-O Systematiek deelnemer
 - Heb ik een probleem?
 - Wat is de omvang?
 - Hoe moet ik ingrijpen?
 - Heeft dat geholpen?
- MUSE

Waarom MUSE?




- ISO 15189 accreditatienorm voor labs eist EQA
- ISO 15189 accreditatie eist verbetersysteem op basis van 40 systematiek
- ISO 17043 accreditatienorm voor EQAS eist bad performer policy en scoresysteem
- **MUSE vormt de verbinding**

Wat is MUSE?

- Geüniformeerd rapportagesysteem voor alle SKML rondzendingen
- Geüniformeerd scoresysteem voor alle SKML rondzendingen

- Meer dan 110 rondzendingen
- Meer dan 50.000 monsters per jaar
- 14 secties
- Meer dan 30 monsterbereidingscentra

- Deterministisch
- Casus gericht kwalitatief
- **Bepalingsgericht kwantitatief**
- Conclusievragen

- Eenvoudig systeem
 - 0 punten 
 - 1 punt 
 - 2 punten: 
- Voor bepalinggerichte kwantitatieve onderzoeken:
 - Score 0 als $\sigma < 2$
 - Score 1 als $\sigma \geq 2.0$ en < 4.5
 - Score 2 als $\sigma \geq 4.5$

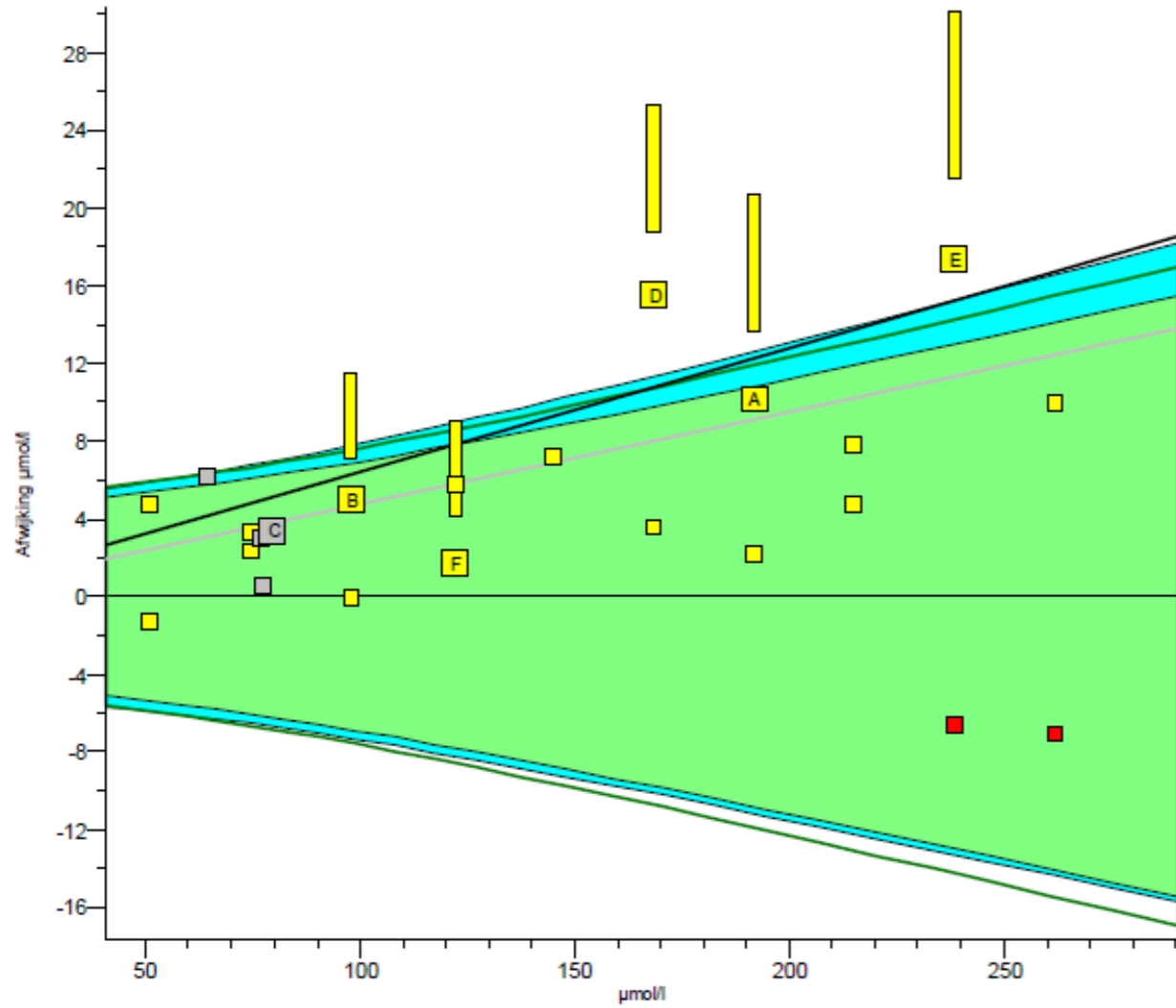
Combi Algemene Chemie 2013.4

Bepaling		Juistheid				Precisie		Performance			
		uw gem.	ref.	cons.	SDti	uw SD	SDbi	deze ronde	PS	cumulatief	PSc
Ureum	mmol/l	16.2		17.0	0.6	0.4	0.4		2		2
Kreatinine	µmol/l	174.1	164.2	164.7	3.8	4.0	2.8		0		1
Uraat	mmol/l	0.377	0.386	0.376	0.012	0.006	0.007		2		2
Bilirubine	µmol/l	43.4	45.7	44.5	2.9	1.4	1.4		2		2
Ammoniak	µmol/l	303		287	23	6	12		2		2
Natrium	mmol/l	137.9	139.3	138.0	1.7	0.7	1.1		2		2
Kalium	mmol/l	5.48	5.55	5.48	0.08	0.04	0.06		2		2
Calcium	mmol/l	2.45	2.46	2.47	0.05	0.03	0.04		2		2
Chloride	mmol/l	98.5	99.5	99.4	1.9	0.8	0.9		2		2
Magnesium	mmol/l	1.26	1.28	1.28	0.03	0.04	0.02		2		2
Anorg. Fosfaat	mmol/l	1.694		1.735	0.048	0.034	0.031		2		2
IJzer	µmol/l	46.2		45.8	1.1	0.8	0.8		2		2
Glucose	mmol/l	16.16	15.53	15.79	0.41	0.28	0.28		1		2
Totaal Eiwit	g/l	64.1	65.9	64.7	1.5	1.0	0.9		2		2
Albumine	g/l	48.0		47.8	1.1	0.9	0.8		2		2
ASAT	U/l	90.0	86.8	88.6	3.3	3.9	1.9		2		2
ALAT	U/l	107.6	110.6	109.8	5.0	2.7	2.3		2		2
LD	U/l	553	585	562	19	10	16		2		2
Gamma-GT	U/l	93.8	94.7	93.7	3.1	2.0	1.9		2		2
Alk. Fosfatase	U/l	188	206	200	14	4	5		2		2
Amylase	U/l	225	228	225	9	2	4		2		2
CK	U/l	291	265	265	13	13	5		2		2
Pseudo Cholinesterase	kU/l	6.03		6.00	0.13	2217.40	0.10		2		1
eGFR (V, 55, blank)	ml/min/1,73m ²	30.2	31.9	31.7	1.2	0.8	0.6		2		2

Totaal : 45 46

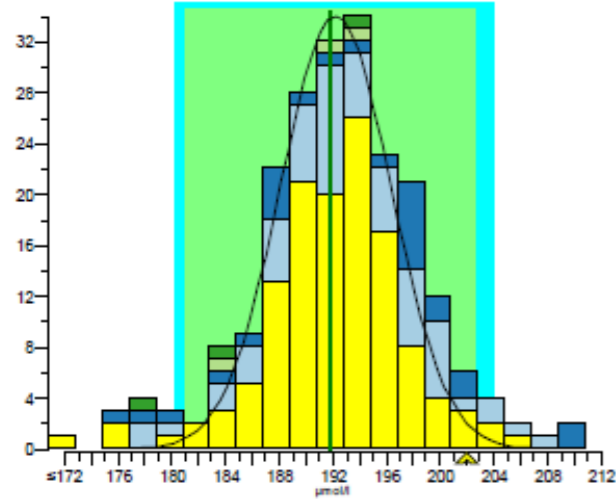
Kreatinine

eenheid : $\mu\text{mol/l}$

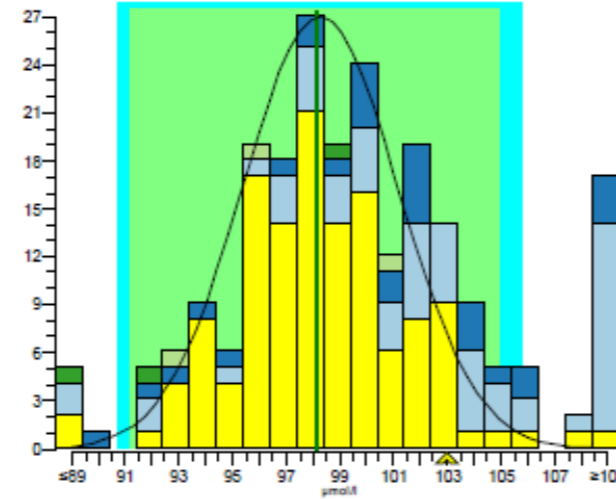


	2013.4 P-sc	cumulatief P-sc
Juistheid	+6.0%	+4.6%
Precisie	2.5%	2.6%
Aantal	5	20
Uitbijters	0	2
Sigma-TE	1.0	2.3
Sigma-SA	1.6 0	2.8 1
Score pictogram		
Regressielijn	$0.0 + 1.064 \cdot x$	$0.0 + 1.047 \cdot x$
Consensusgroep	Enzymatische kreatinine	
Methode	Enzymatisch, automatisch	

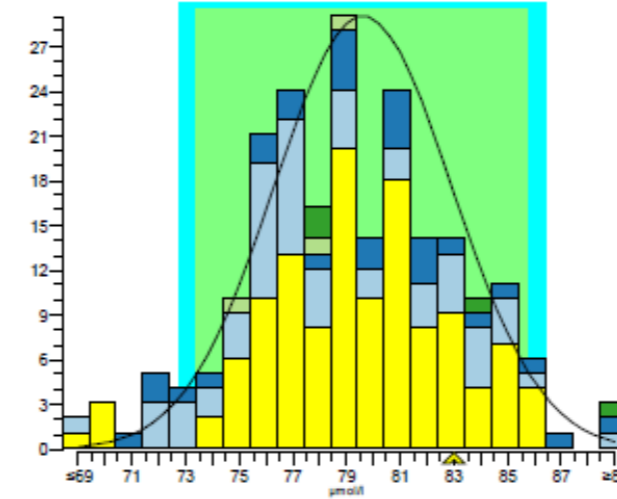
2013.4 A



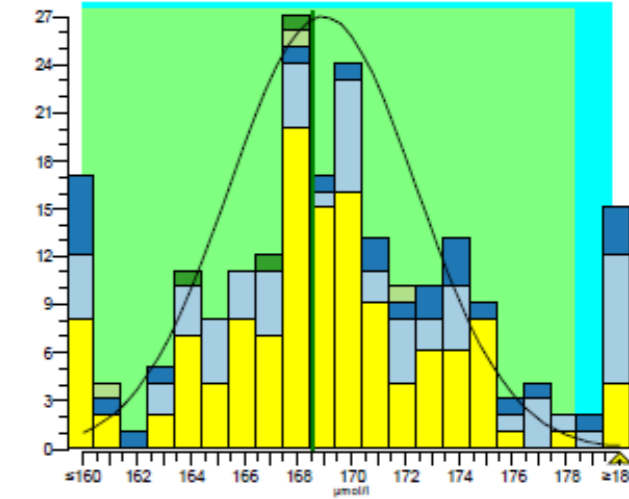
2013.4 B



2013.4 C



2013.4 D



Legenda

- Enzymatisch, automatisch
- Alk.pikraat, kinetisch
- Alk.pikraat, kinetisch met compensatie
- Alk.pikraat, eindpunt
- Vitros Kreatinine

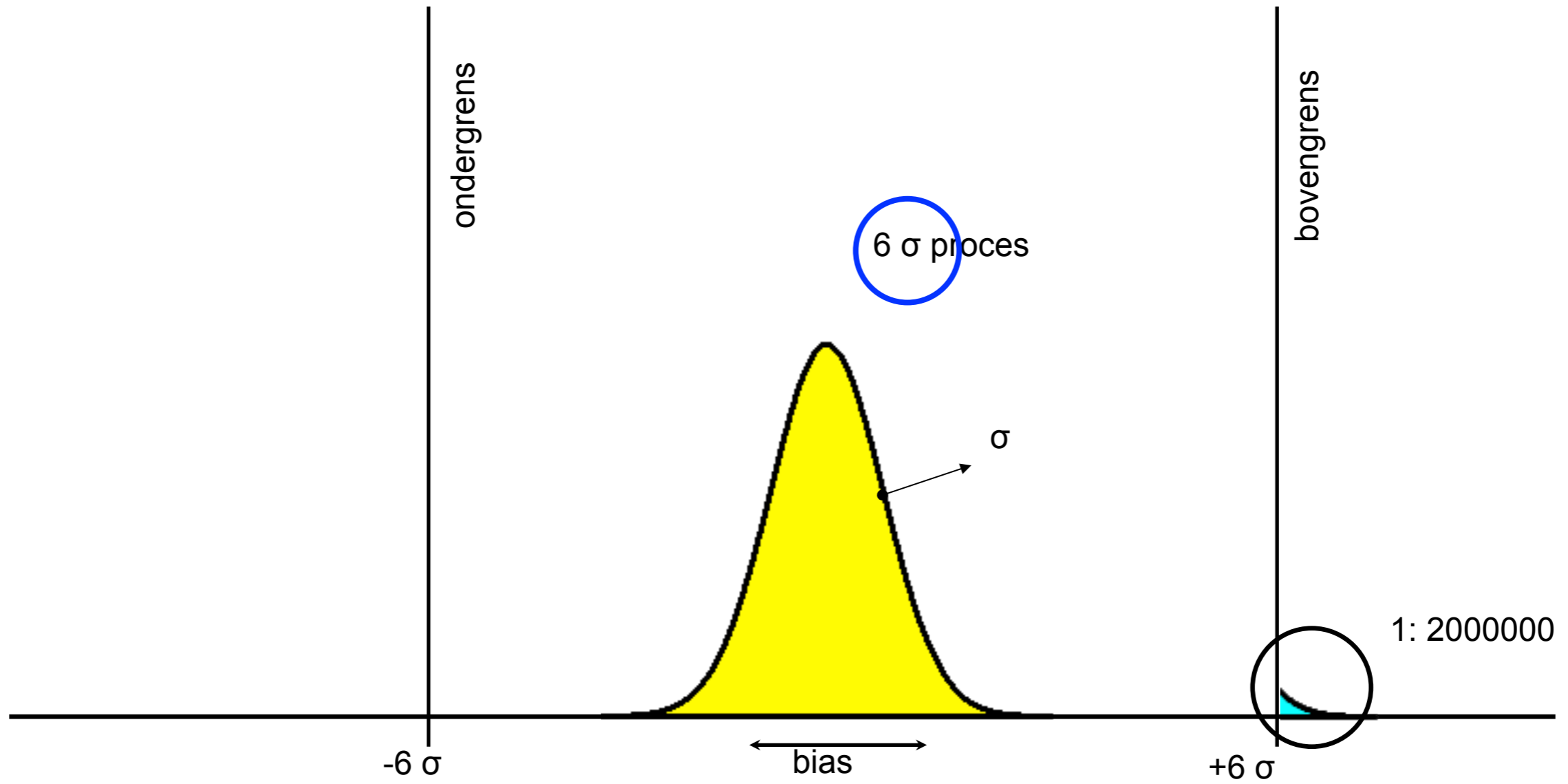
- Total error allowable concept
- Error budget voor bias en imprecisie samen
- Als je naar nul-bias streeft, mag je je budget aan imprecisie besteden
- Bias kan alleen naar nul indien constant
- Niet constante bias is lange termijn imprecisie

Table 1. Stockholm consensus of the hierarchy of strategies to set global quality specifications in laboratory medicine.

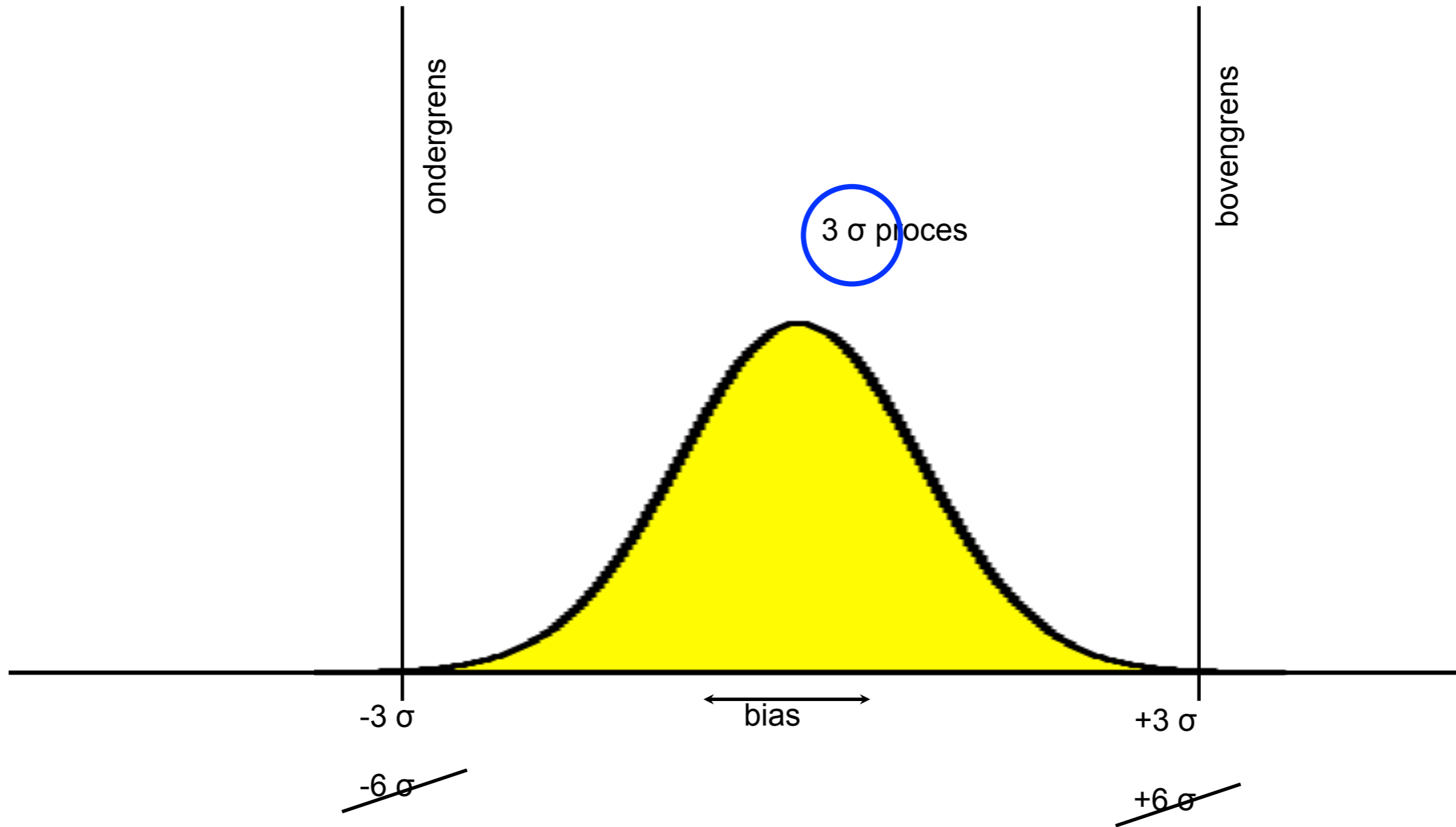
Level	Approach	Advantage	Disadvantage
1	<i>Clinical Outcome</i>	Based on what will happen to patient	Studies rarely available
2a	<i>Clinical Survey</i>	Based on what doctors will do	Doctor's action may not affect patient
2b	<i>Biological Variability</i>	Based on improving signal to noise ratio	Variability may differ between patient groups
3	<i>Expert Opinion</i>	Based on best experience available	May still not know what is achievable
4	<i>EQA/ Proficiency Testing</i>	Based on what is routinely achievable	What is achievable may not be good enough
5	<i>State of the Art</i>	Based on what others tell us they achieve	May not be routinely achievable or adequate

	Analyte	Biological Variation		Desirable specification		
		CVw	CVg	I(%)	B (%)	TE (%)
S-	Immunoglobulin A	5.4	35.9	2.7	9.1	13.5
S-	Immunoglobulin G	4.5	16.5	2.3	4.3	8.0
S-	Immunoglobulin M	5.9	47.3	3.0	11.9	16.8
S-	Immunoglobulins κ chains	4.8	15.3	2.4	4.0	8.0
S-	Immunoglobulins λ chains	4.8	18.0	2.4	4.7	8.6
S-	Insulin	21.1	58.3	10.6	15.5	32.9
S-	Insulin-like growth factor (IGF-1)	14.6	45.4	7.3	11.9	24.0
S-	Insulin-like growth factor binding protein 3 (IGFBP-3)	10.1	63.9	5.1	16.2	24.5
S-	Intercellular adhesion molecule-1 (ICAM-1)	1.9	21.0	1.0	5.3	6.8
(B)Leuc	Interferon receptor	14.0	20.0	7.0	6.1	17.7
S-	Interleukin 1-β	30.0	36.0	15.0	11.7	36.5
S-	Interleukin-8	24.0	31.0	12.0	9.8	29.6
S-	Iron	26.5	23.2	13.3	8.8	30.7

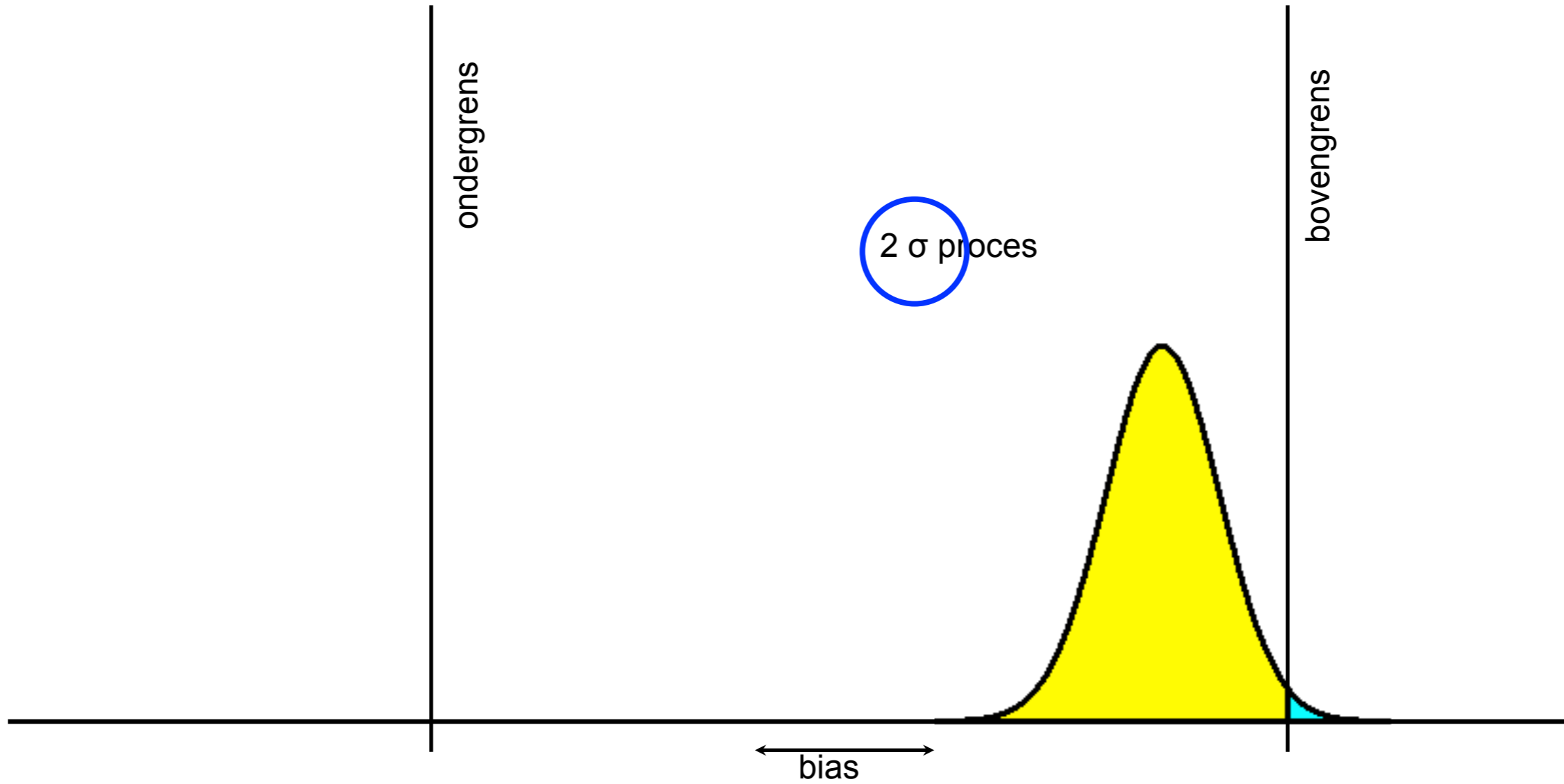
Six Sigma



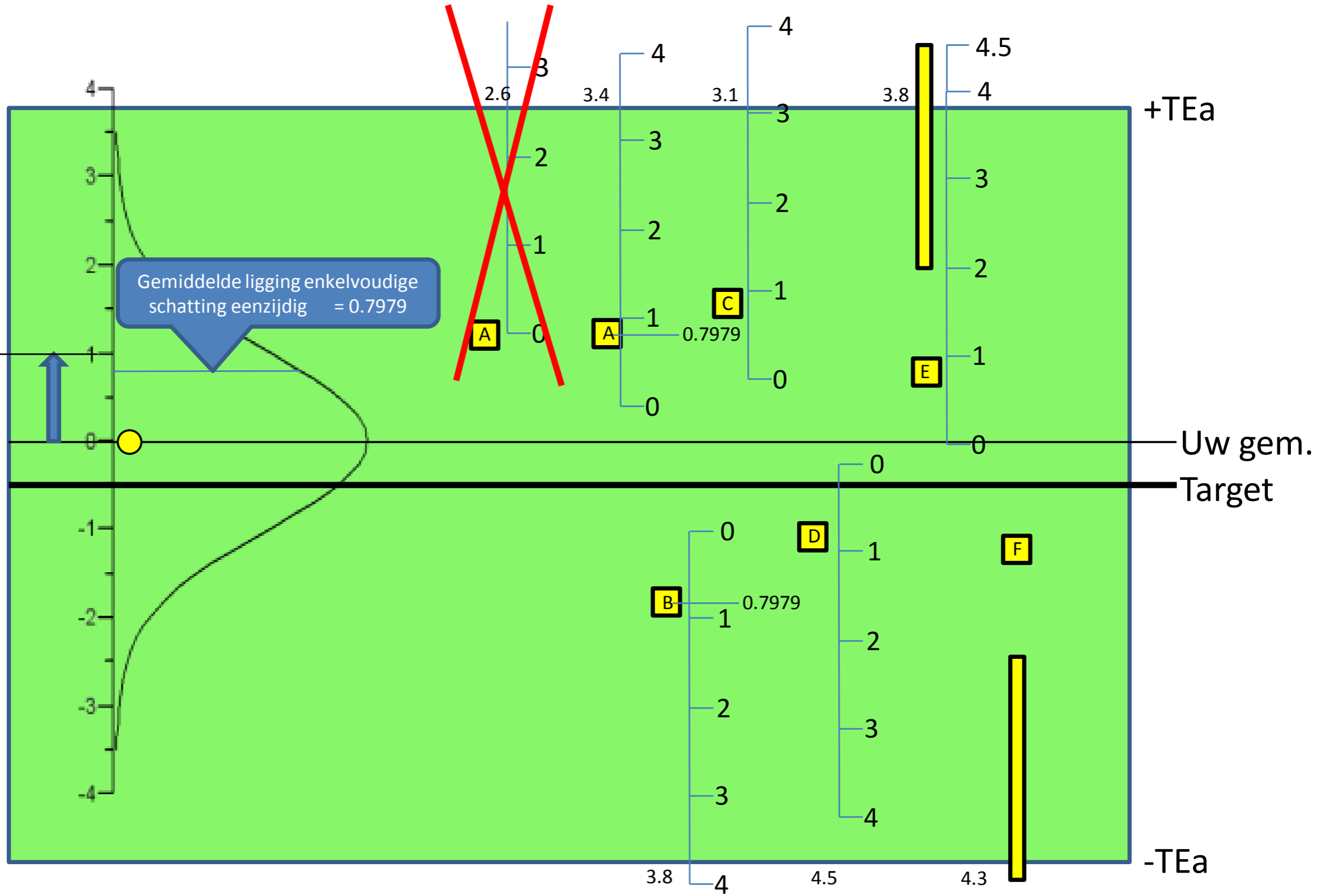
Six Sigma



Six Sigma



Uw SD



Gemiddelde ligging enkelvoudige schatting eenzijdig = 0.7979

A

A

C

E

+TEa

Uw gem.

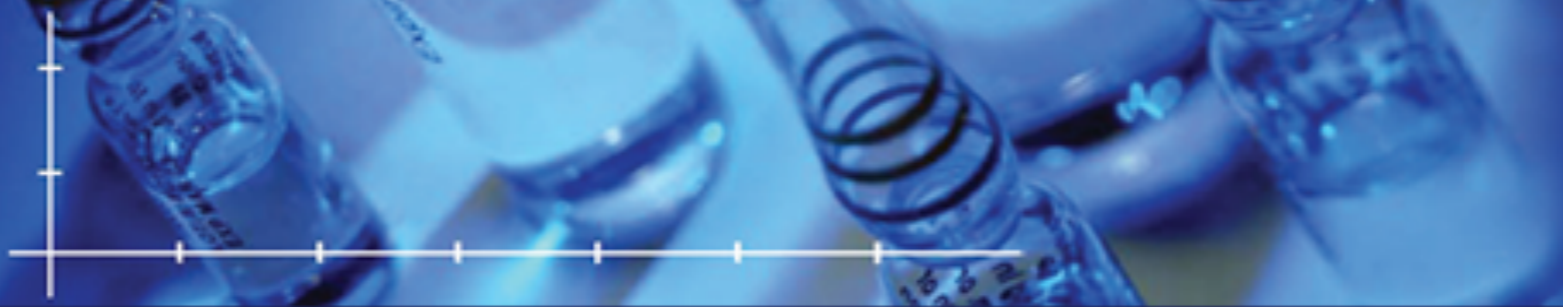
Target

3.8

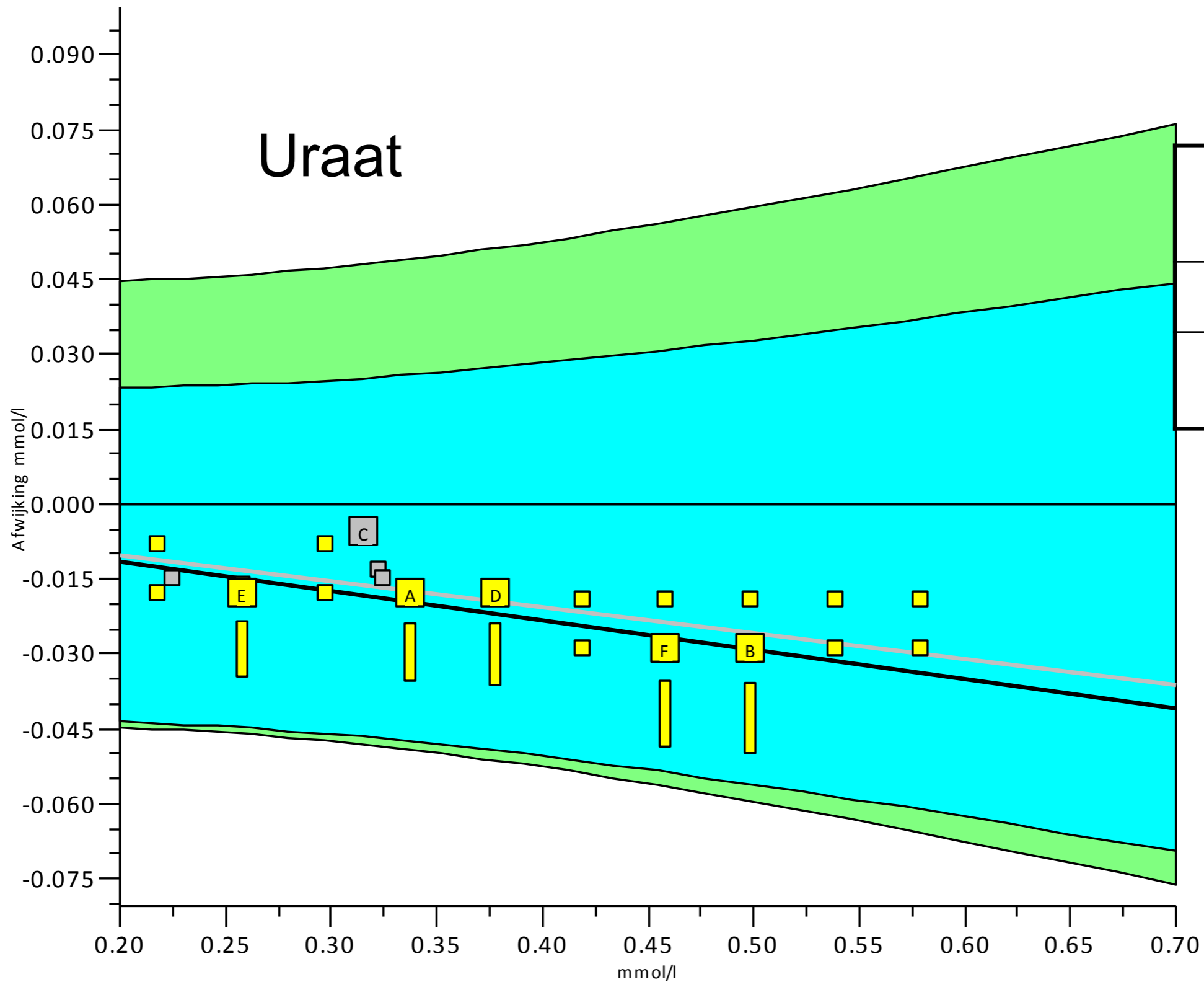
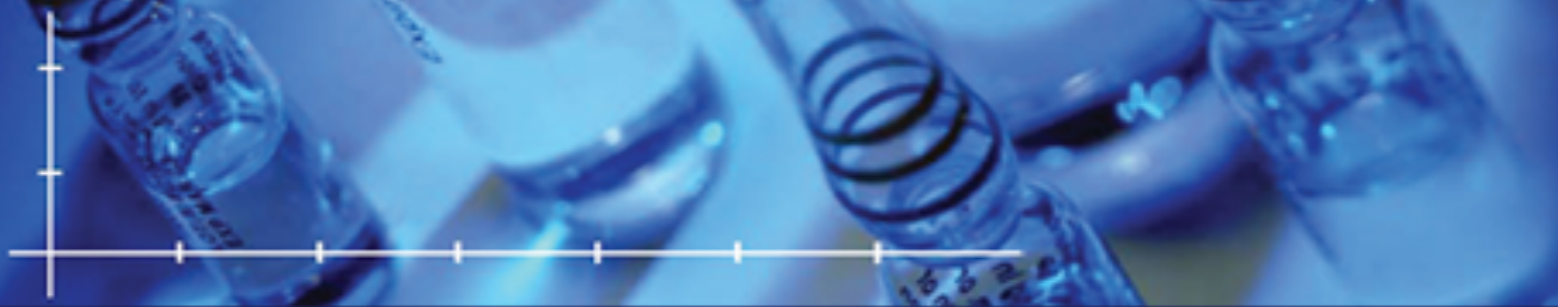
4.5

4.3

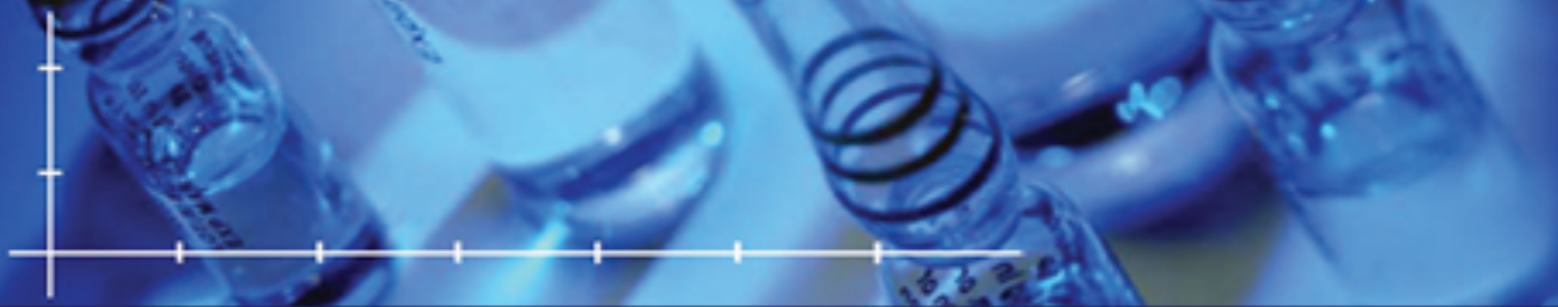
-TEa



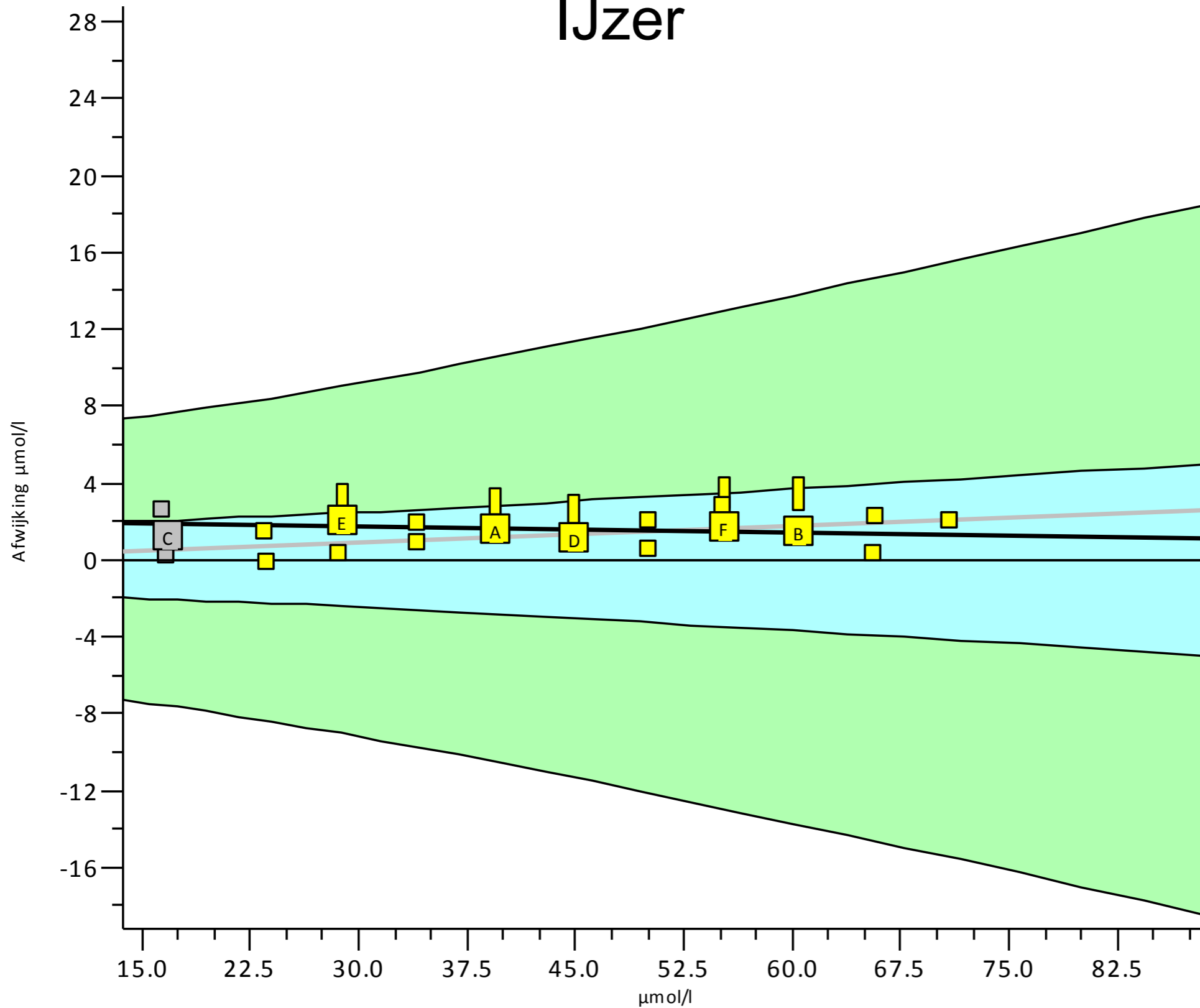
Sigma	MAP punten	% Accept
0-2	0	<95%
2-4.5	1	95-99.999%
>4.5	2	>99.999%



MAP score	
TE	SDsa
2	2

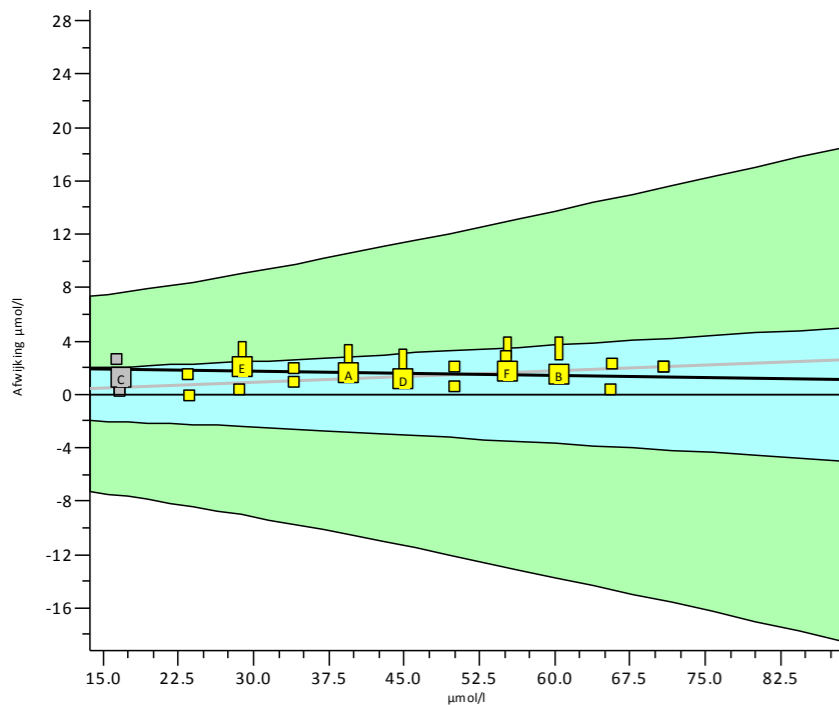
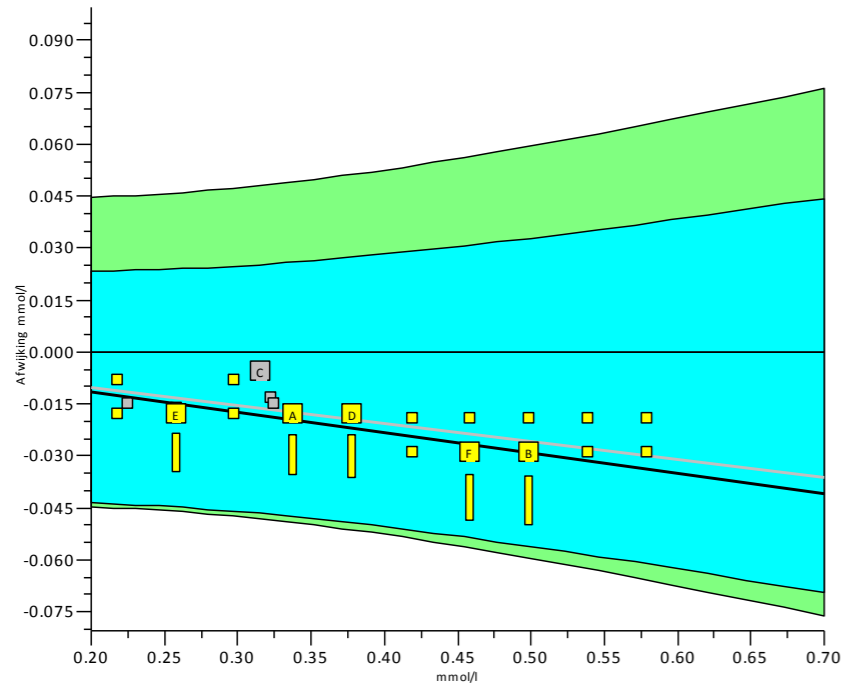


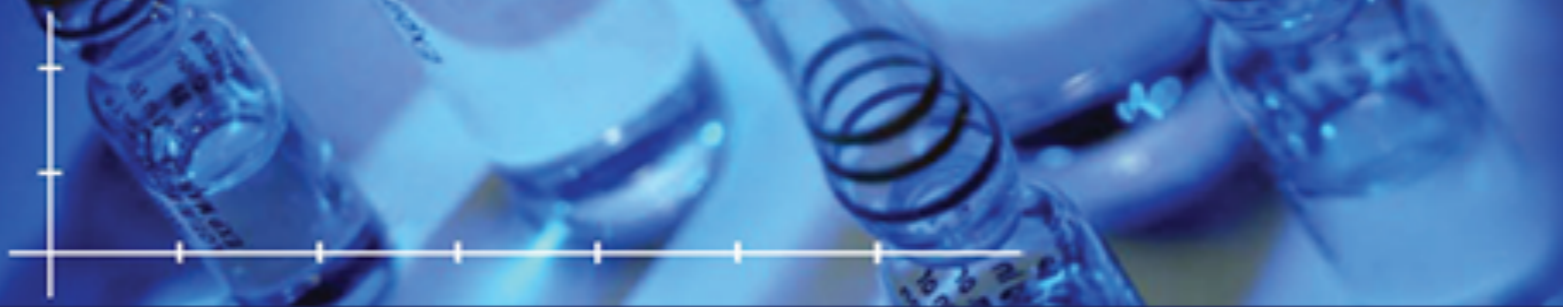
IJzer



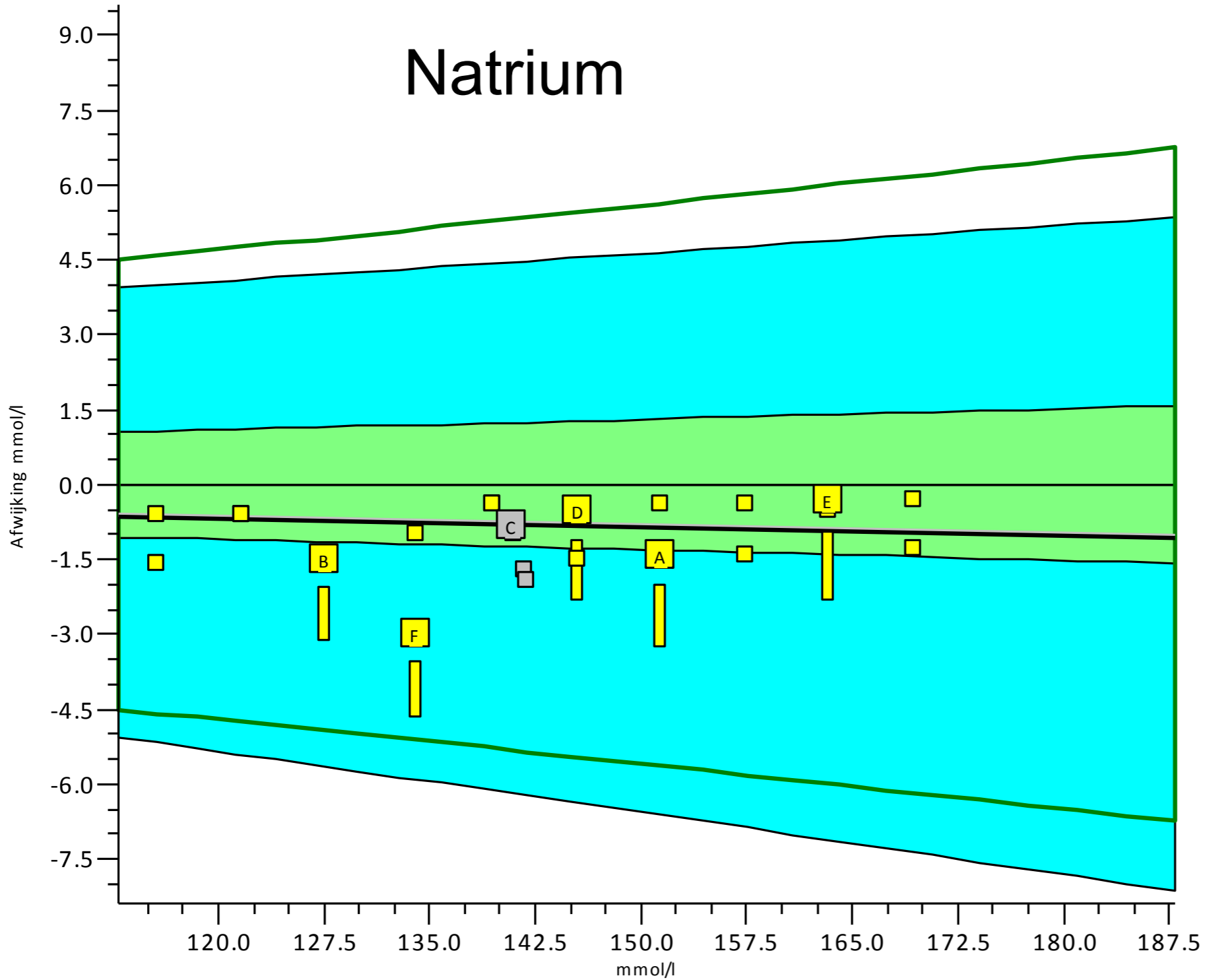
MAP score	
TE	SDsa
2	1

- Harde kleuren indien refwaarde beschikbaar:
- **Harde** kleuren voor **harde** waarheden
- Groene gebied: TE gebaseerde tolerantiegebied.
- **Bio=groen**
- Blauwe gebied: SA gebaseerde tolerantiegebied
- Ligging gebied bepaald door referentie, breedte door precisieprofiel
- Ligging groen: ref
- Ligging blauw: state of the art=realisatie laatste 3 jaar
- Bij harde kleuren kan ligging van blauw zijn verschoven tov groen.
- Immers: gemiddelde methode kan bias hebben
- Zachte kleuren: blauw en groen altijd symmetrisch in x-as

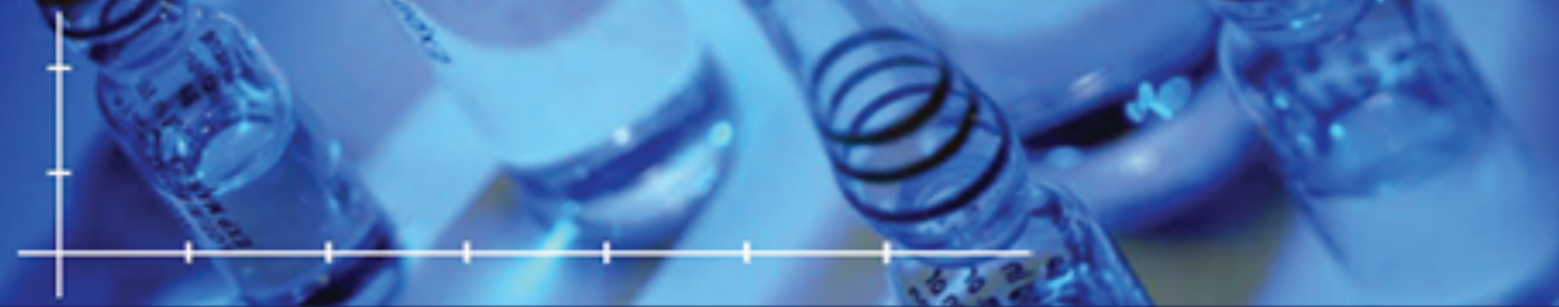




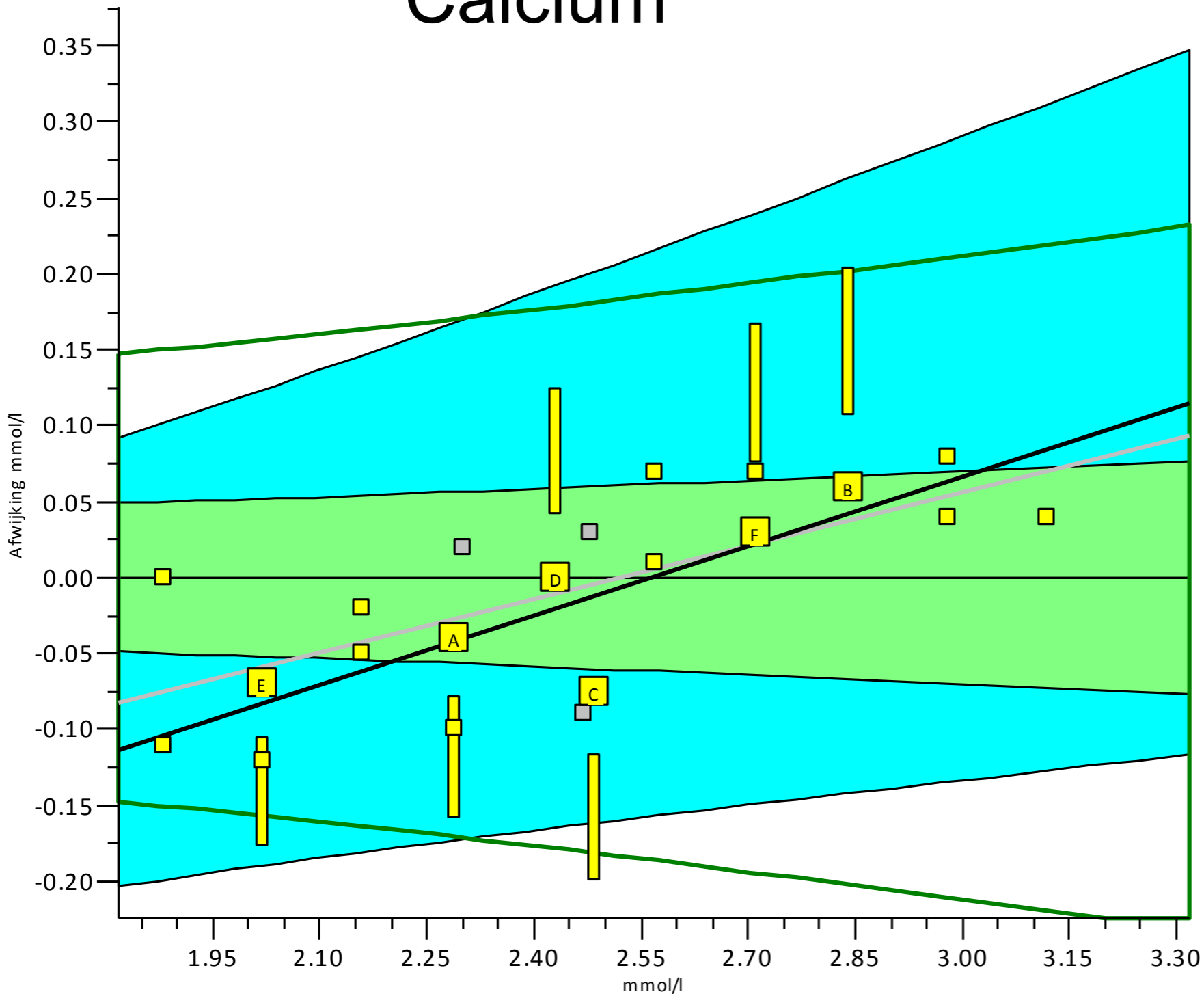
Natrium



MAP score	
TE	SDsa
0	2

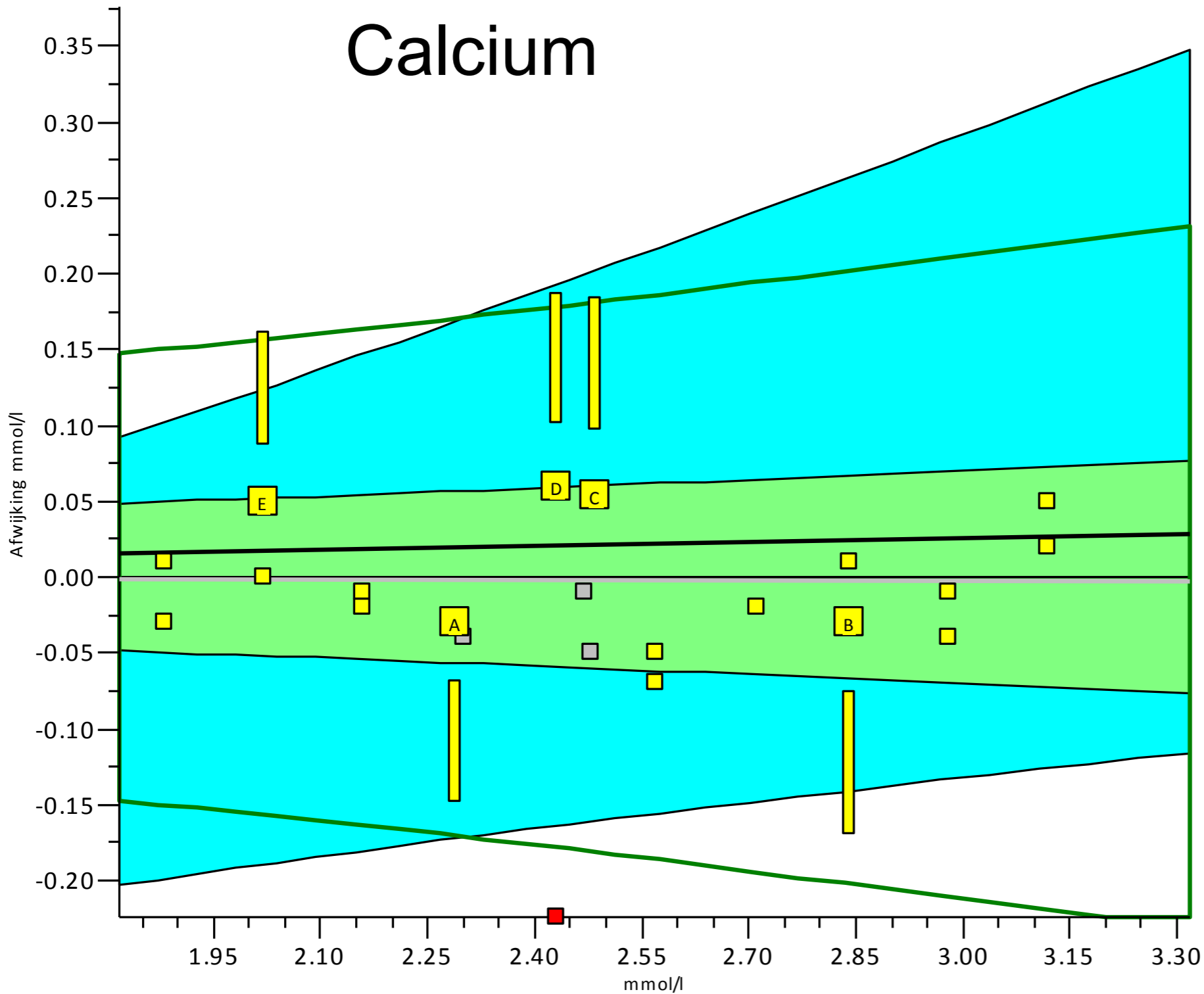


Calcium





Calcium



MAP score	
TE	SDsa
0	2

Bindingsanalyse 2013.6

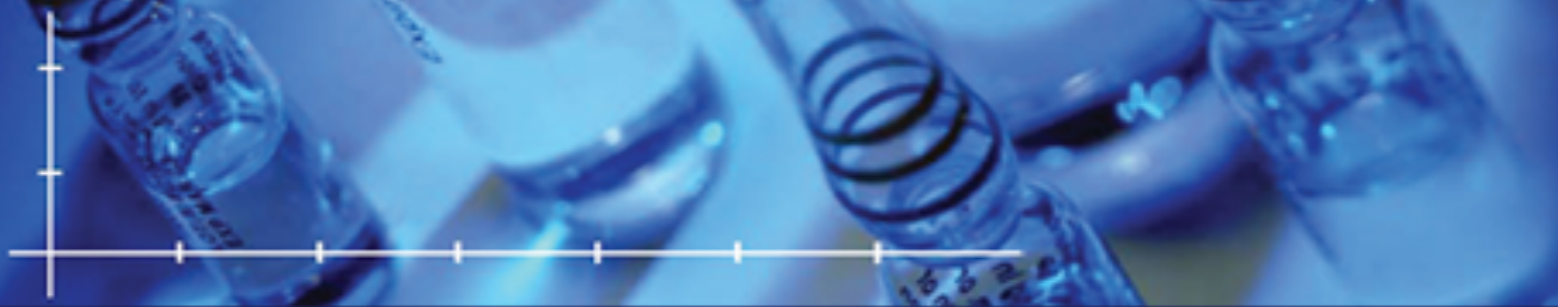
Rondzending Startdatum	Bindingsanalyse 2013.6 1 november 2013
Coördinator	dr. E.G.W.M. Lentjes LKCH, sectie speciele Endocrinologie UMC Utrecht Utrecht
Aantal deelnemers Aantal inzendingen	136 229

Scores	uw score	MAP	gerapporteerd
Kwantitatief	54	60	

Bepaling		Juistheid				Precisie		Performance			
		uw gem.	ref.	cons.	SDI	uw SD	SDbl	deze ronde	PS	cumulatief	PSc
Folaat	nmol/l	20.9		16.0	2.8	2.6	1.9		0		
Vitamine B12	pmol/l	738		794	29	49	14		2		
Ferritine	µg/l	44.0		35.7	4.9	4.5	3.7		0		
ACTH	pmol/l	14.9		15.1	1.6	1.8	0.9		2		
AFP	kE/l	57.8		63.0	2.2	2.5	1.8		2		
CA-125	kE/l	39.0		41.2	1.9	2.3	1.3		2		
CA-15.3	kE/l	28.0		29.1	1.2	0.7	1.0		2		
CA-19.9	kE/l	42.0		42.2	1.2	2.3	1.4		2		
CEA	µg/l	6.70		6.22	0.26	0.20	0.22		2		
Cortisol	µmol/l	0.275		0.275	0.029	0.038	0.017		2		
C-peptide	nmol/l	1.10		1.12	0.22	0.09	0.08		2		
DHEAS	µmol/l	5.2		5.2	0.8	0.3	0.5		2		
FSH	E/l	23.0		22.0	0.7	0.7	0.6		2		
Groeihormoon	mE/l	8.90		9.80	0.43	0.72	0.60		2		
IGF-1	nmol/l	36.2		36.9	4.2	1.8	2.2		2		
Insuline	pmol/l	143		152	6	8	5		2		
LH	E/l	25.0		26.1	0.8	0.3	0.4		2		
Oestradiol	nmol/l	0.07		0.07	0.04	0.03	0.04		2		
Progesteron	nmol/l	30.0		30.2	0.9	0.7	0.6		2		
Prolactine	E/l	0.412		0.391	0.015	0.013	0.009		2		
PSA totaal	µg/l	4.00		3.97	0.11	0.08	0.09		2		
PTH	pmol/l	24.5		22.5	1.2	1.0	0.7		2		
SHBG	nmol/l	36.1		36.3	2.1	1.5	1.5		2		
T3	nmol/l	4.72		4.55	0.17	0.14	0.10		2		
T4	nmol/l	93		93	2	2	4		2		
T4, vrij	pmol/l	16.9		14.7	1.0	0.9	0.7		1		
TBG	mg/l	19.2		17.0	1.4	2.0	0.9		1		
Testosteron	nmol/l	31.2		30.9	1.1	0.9	0.6		2		
TSH	mE/l	7.69		7.59	0.16	0.17	0.14		2		
HCG+HCGβ	E/l	72.8		74.4	1.8	1.9	2.0		2		

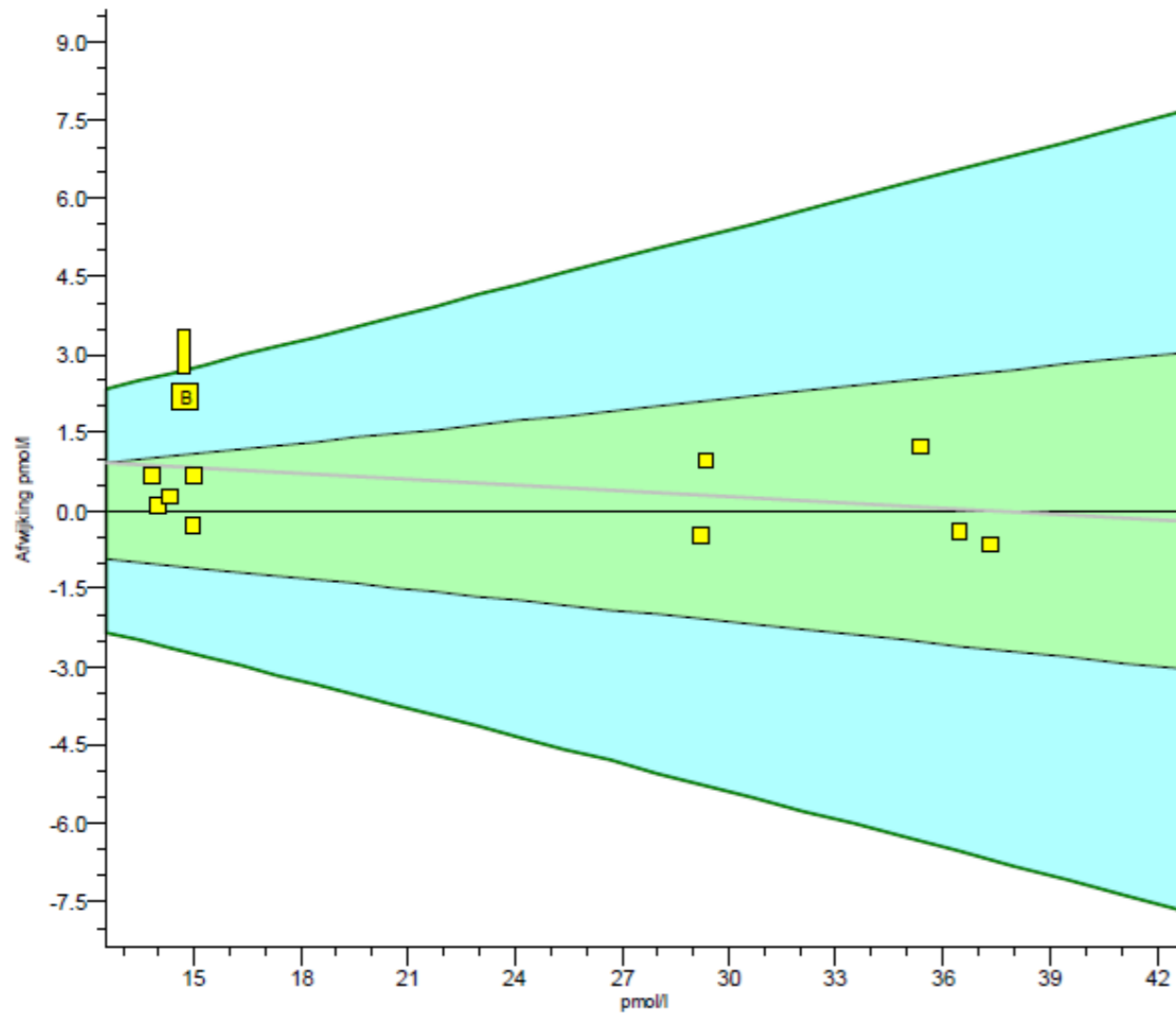
Totaal : 54



57



T4, vrij

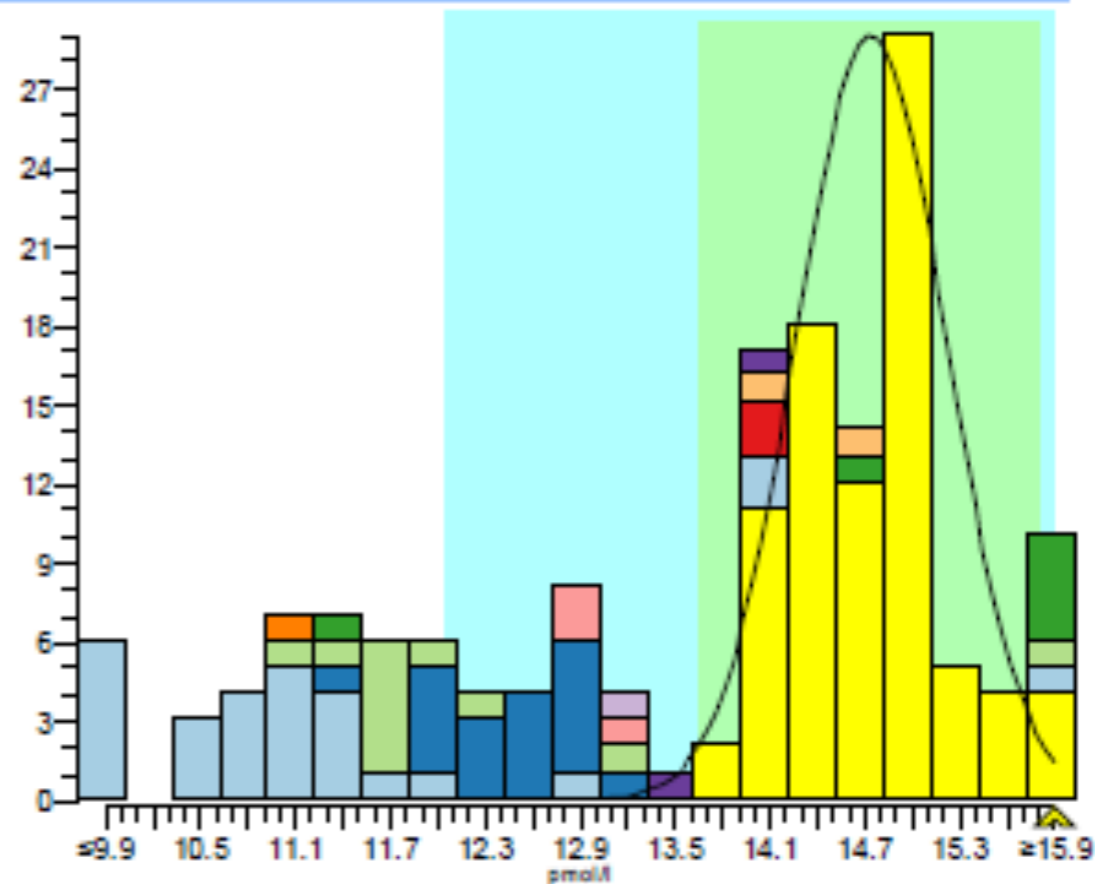
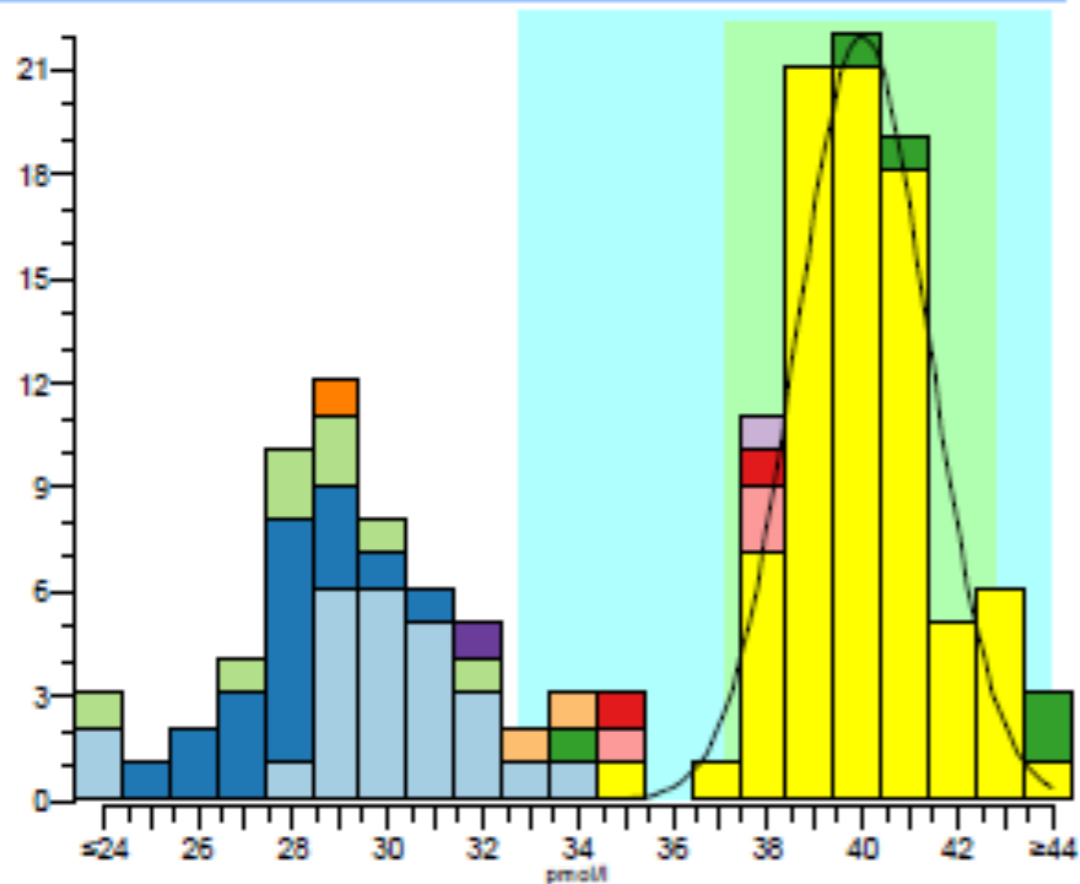
eenheid : pmol/l



	2013.6 P-sc	cumulatief P-sc
Juistheid	+15%	+2.5%
Precisie		3.9%
Aantal	1	11
Uitbijters	0	0
Sigma-TE	-2.7	2.5
Sigma-SA	2.6 1	5.7 2
Score pictogram		
Regressielijn		$1.4 + 0.962 \cdot x$
Consensusgroep	Roche	
Methode	Elecsys/Modular LIAb	

2013.6 A

2013.6 B



	cons.	meth.	ALTM	lab
gem.	40.0	40.0	36.6	
SD	1.4	1.4	6.6	
n	81	81	147	
nu	1	1	3	

	cons.	meth.	ALTM	lab
gem.	14.7	14.7	13.8	16.9
SD	0.5	0.5	1.9	
n	85	85	159	
nu	3	3	2	

Legenda

- Elecsys/Modular LIAb
- Access/Dxl, LEIA
- Architect LIA
- Autodelfia FIA
- Vitros, Ortho Clin D. LEIAb
- Immulite 1/1000 LEIA
- Immulite 2X00/XPi LEIA

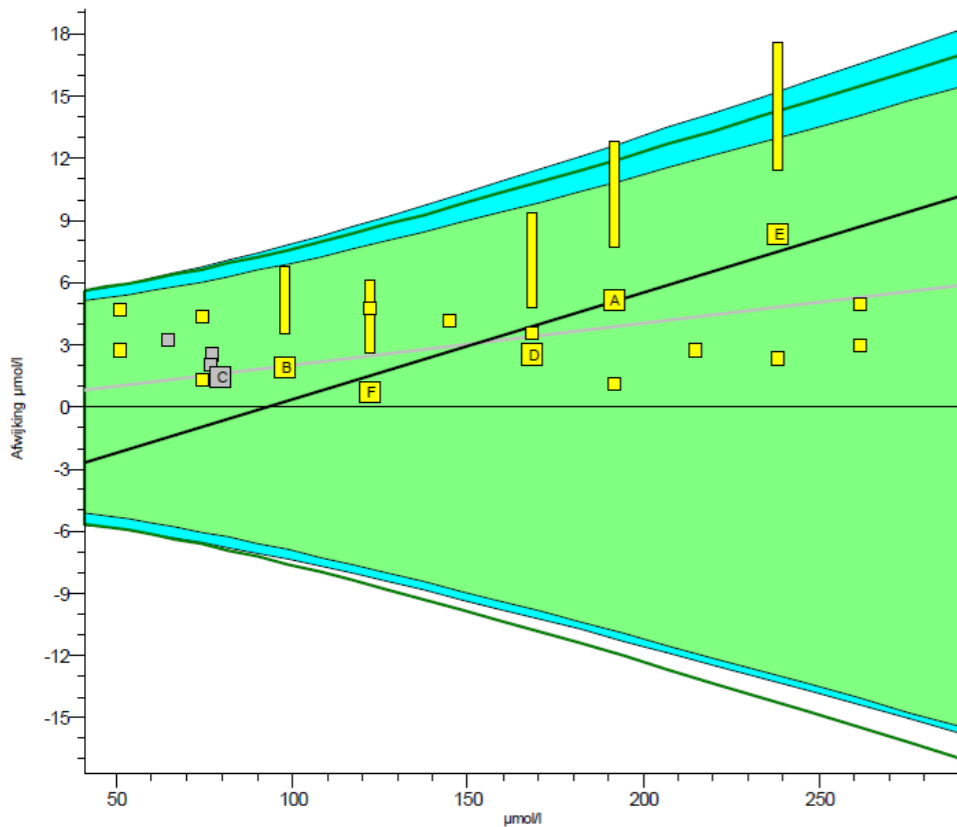
- Bij verschillen tussen methoden: wat is waar?
 - Ligt het aan de methode?
 - Of aan het materiaal?
 - Of aan de doelwaarde?
- SKML geeft antwoord

De ideale externe kwaliteitsronzending

- Commuteerbaar materiaal
- Waardetoekenning in referentielaboratoria
- PDCA ondersteunende rapportage
 - Beeldt relatie tot noodzakelijke kwaliteit af
 - Geeft richting
 - Is informatief voor methodekeuze

Kreatinine

eenheid : $\mu\text{mol/l}$



	2013.4 P-sc	cumulatief P-sc
Juistheid	+2.2%	+2.2%
Precisie	0.66%	1.2%
Aantal	5	20
Uitbijters	0	0
Sigma-TE	4.3	4.0
Sigma-SA	5.0 2	4.8 2
Score pictogram		
Regressielijn	$-4.8 + 1.051.x$	$0.0 + 1.020.x$
Consensusgroep	Enzymatische kreatinine	
Methode	Enzymatisch, automatisch	

- TEa gebaseerd scoresysteem
- TEa veelal gebaseerd op biologische variatie
- Waar beschikbaar gebaseerd op referentiewaarde
- Score combinatie van **juistheid** van tijdgewogen regressielijn en **imprecisie** rondom die lijn

- Commuteerbare monsters
- Waardetoekenning door referentielaboratoria
- Nu: factorrapportage

Juistheid bepaald door consensus

Deelnemer X

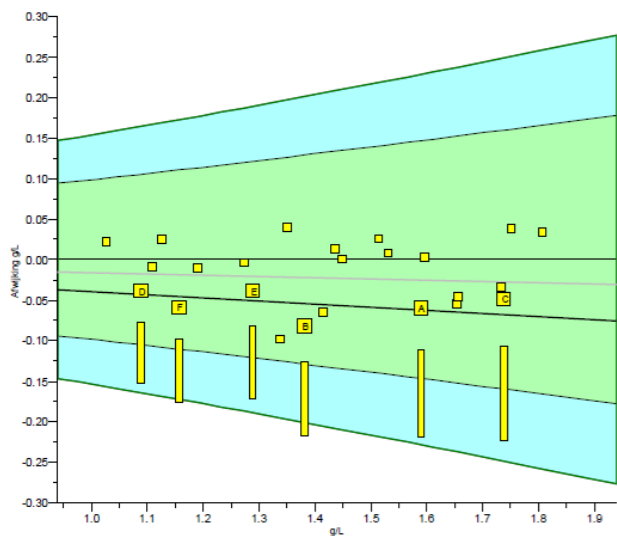
Deelnemer Y

Combi Immunochemie 2014.1

Combi Immunochemie 2014.1

α1-Antitrypsine

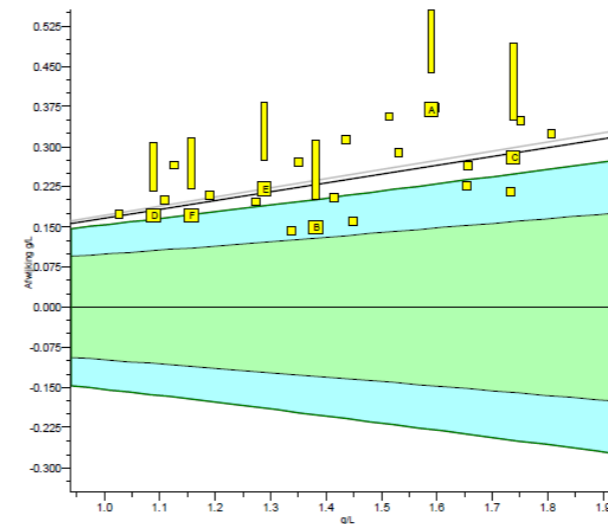
eenheid : g/L



	2014.1	cumulatief
Juistheid	-4.0%	-1.6%
Precisie	1.2%	2.8%
Aantal	6	24
Uitbijters	0	0
Sigma-TE	2.6	3.2
Sigma-SA	4.4	5.0
Score pictogram		
Regressielijn	$0.00 + 0.961 \cdot x$	$0.00 + 0.984 \cdot x$
Consensusgroep	Roche	
Methode	Roche (turb)	
Analyser	Roche Modular	

α1-Antitrypsine

eenheid : g/L



	2014.1	cumulatief
Juistheid	+16%	+17%
Precisie	4.2%	4.0%
Aantal	6	24
Uitbijters	0	0
Sigma-TE	-1.4	-1.7
Sigma-SA	0.2	-0.1
Score pictogram		
Regressielijn	$0.00 + 1.166 \cdot x$	$0.00 + 1.171 \cdot x$
Consensusgroep	Roche	
Methode	Roche (turb)	
Analyser	Roche Cobas 6000	

2014.1 A

2014.1 B

2014.1 C

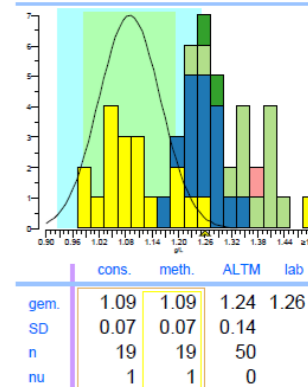
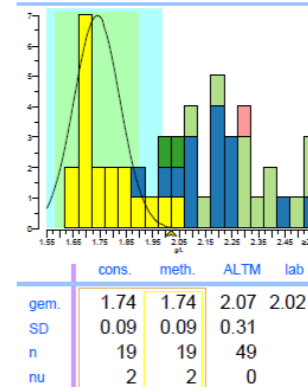
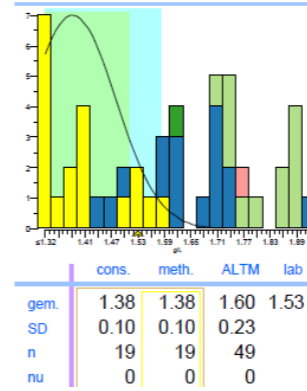
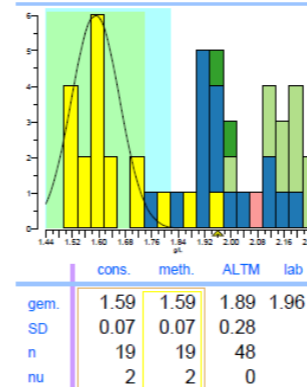
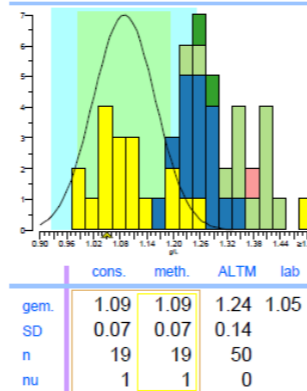
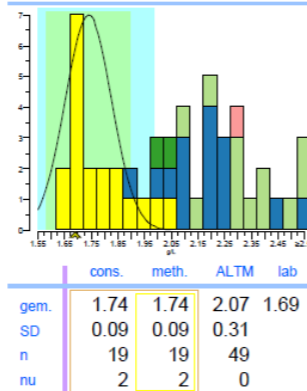
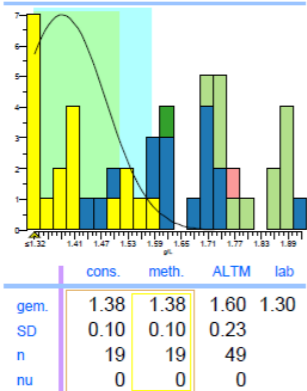
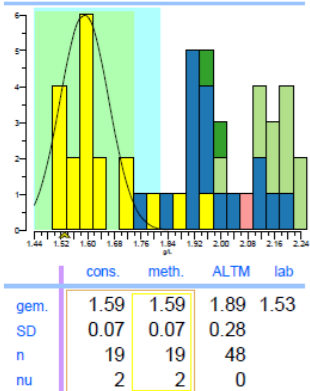
2014.1 D

2014.1 A

2014.1 B

2014.1 C

2014.1 D



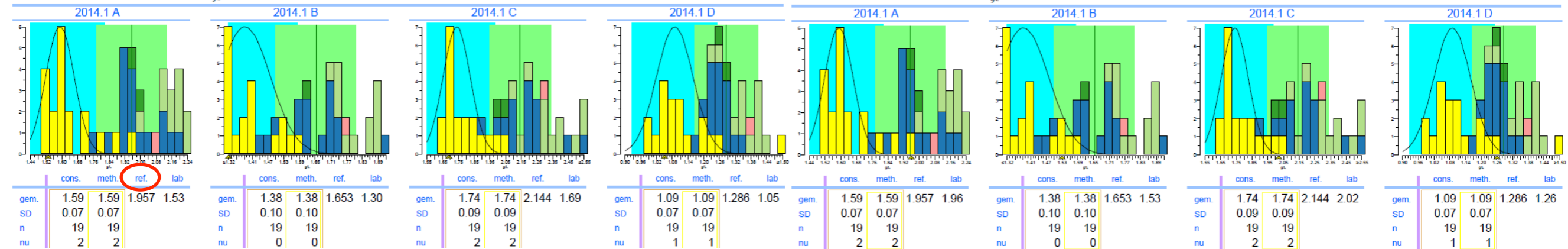
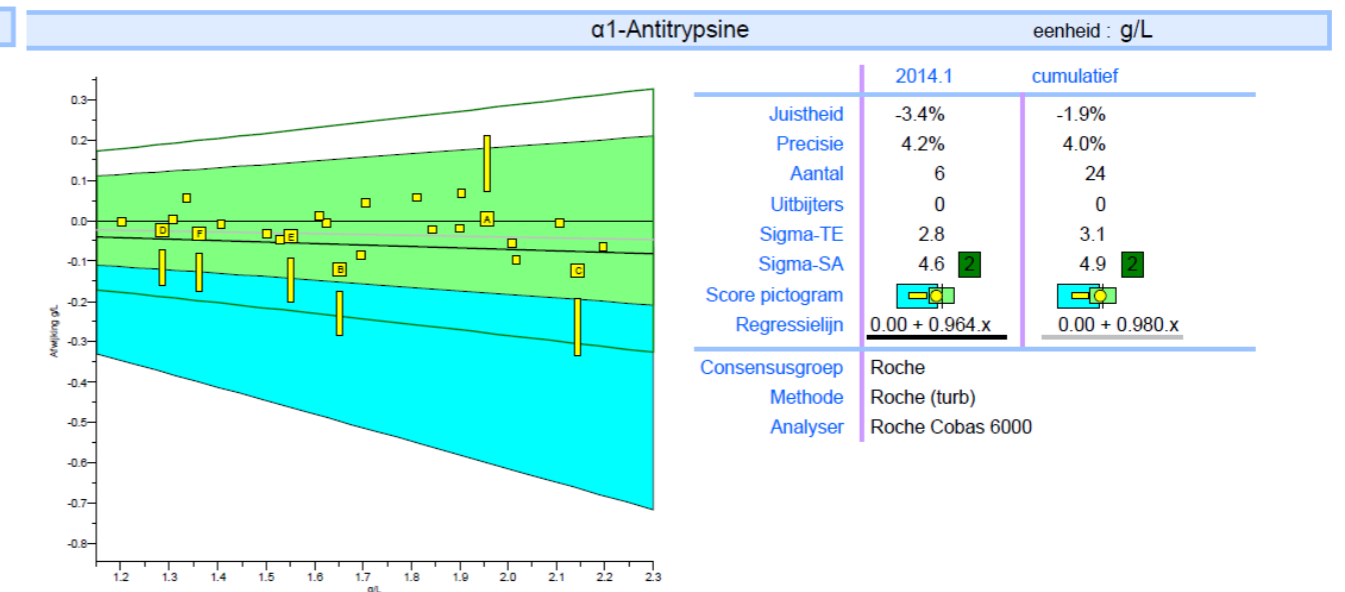
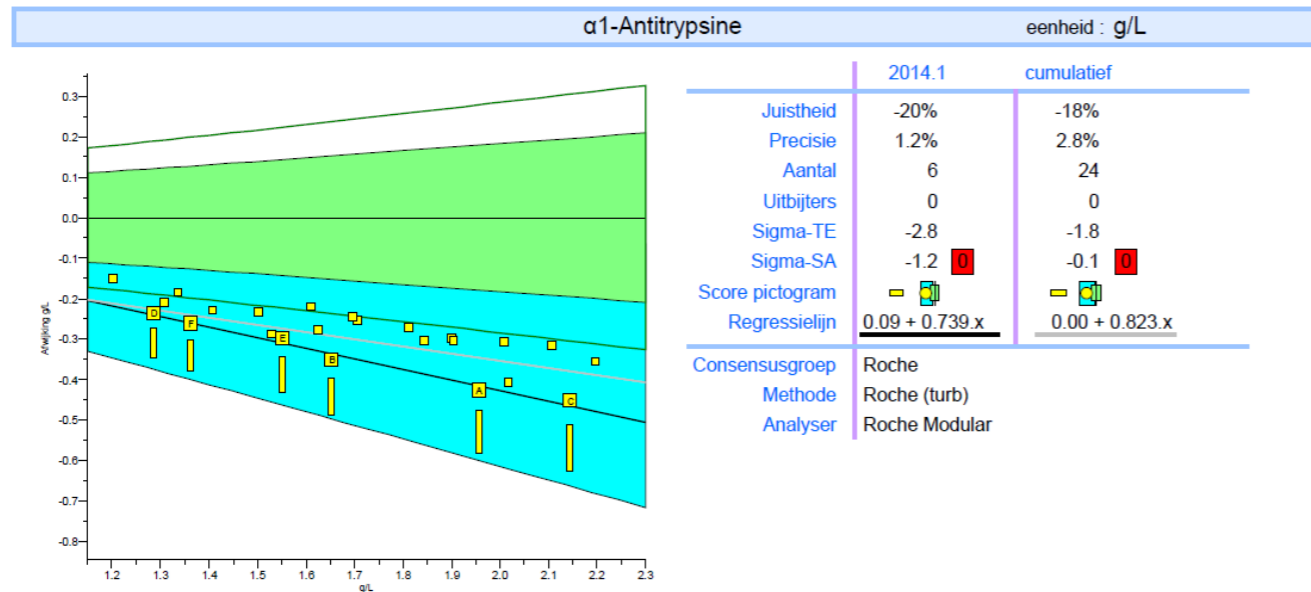
Verdienste van commuteerbaar: verschil tussen methoden en labs ligt niet aan materiaal, maar aan werkelijk verschil tussen methoden/labs dat je ook zal zien in natieve patientsera

Juistheid bepaald door referentie

Deelnemer X

Deelnemer Y

Stichting Kwaliteitsbewaking Medische Laboratoriumdiagnostiek **Combi Immunochemie 2014.1** Stichting Kwaliteitsbewaking Medische Laboratoriumdiagnostiek **Combi Immunochemie 2014.1**

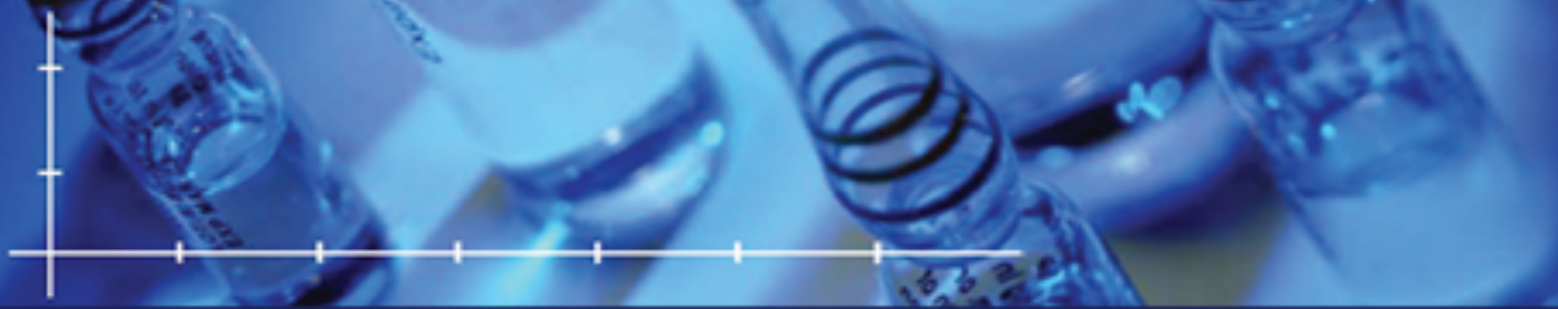


Verdienste referentiewaarde: bij verschil tussen methoden, is nu duidelijk welke methode gelijk heeft

- Exacte informatie over juistheid methode
- Immers:
- Indien methode onjuist meet
 - Zullen gebruikers kalibratie aanpassen
 - En zal methode juist(er) gaan liggen
 - Waardoor geflatteerd beeld over methode ontstaat
- Oplossing: factorrapportage

Tot nu toe 2 werkwijzen aanbevolen door secties

1. Meet SKML als patiënt
 - + representatief voor patiënten
 - + je ziet of je correcties nut hebben
 - Geeft geen info over juistheid van methode
2. Meet SKML volgens bijsluiter IVD leverancier
 - + informatief over juistheid methode
 - Niet informatief over juistheid lab



- Vanaf 2015:
 - Meet als patiënt
 - En geef ook op met welke factoren dat is bepaald
- Voordeel:
 - Rapport met juistheid lab
 - En toch ook info over juistheid methode
 - Want info over gemiddelde factor methode
 - Voor secties: methoderapport zonder factoren

Juistheid bepaald door referentie
Rapportage factor

Deelnemer X

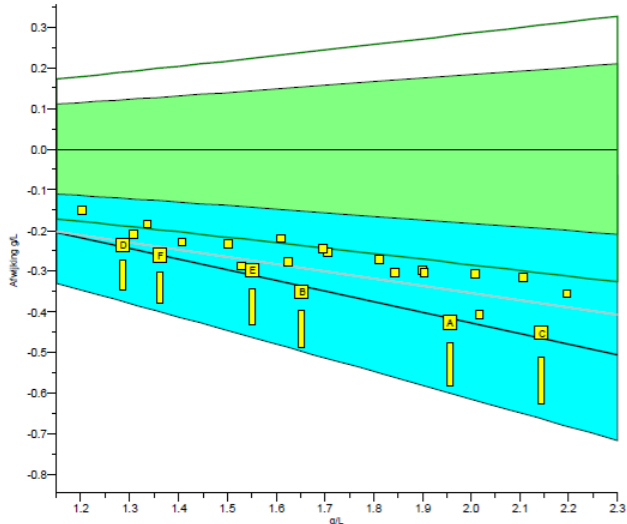
Deelnemer Y

Combi Immunochemie 2014.1

Combi Immunochemie 2014.1

α 1-Antitrypsine

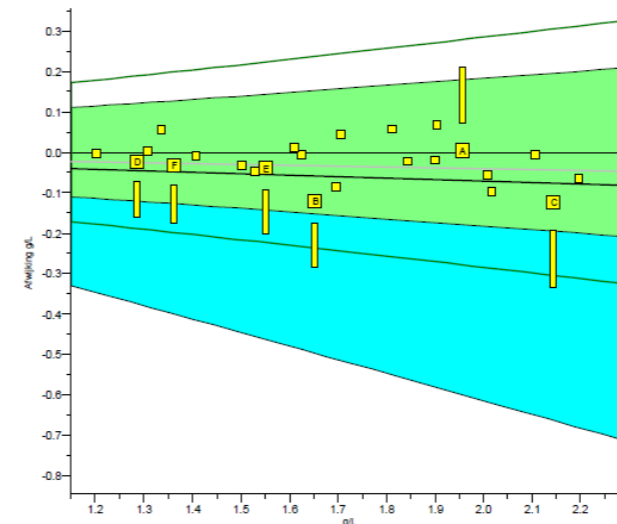
eenheid : g/L



	2014.1	cumulatief
Juistheid	-20%	-18%
Precisie	1.2%	2.8%
Aantal	6	24
Uitbijters	0	0
Sigma-TE	-2.8	-1.8
Sigma-SA	-1.2	-0.1
Score pictogram		
Regressielijn	$0.09 + 0.739.x$	$0.00 + 0.823.x$
Consensusgroep	Roche	
Methode	Roche (turb)	
Analyser	Roche Modular	
Uw factor	0,00+1,000X	
Methode factor	0,00+1,005X	

α 1-Antitrypsine

eenheid : g/L



	2014.1	cumulatief
Juistheid	-3.4%	-1.9%
Precisie	4.2%	4.0%
Aantal	6	24
Uitbijters	0	0
Sigma-TE	2.8	3.1
Sigma-SA	4.6	4.9
Score pictogram		
Regressielijn	$0.00 + 0.964.x$	$0.00 + 0.980.x$
Consensusgroep	Roche	
Methode	Roche (turb)	
Analyser	Roche Cobas 6000	
Uw factor	0,00+1,150X	
Methode factor	0,00+1,005X	

2014.1 A

2014.1 B

2014.1 C

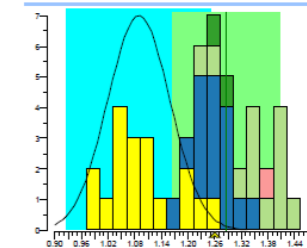
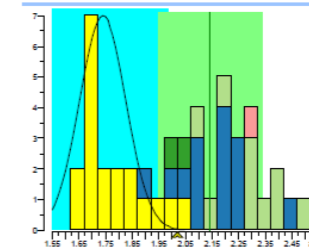
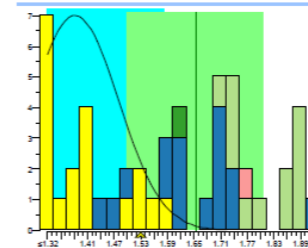
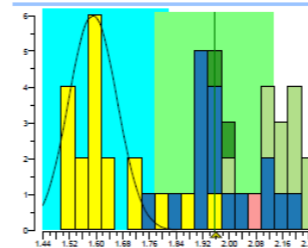
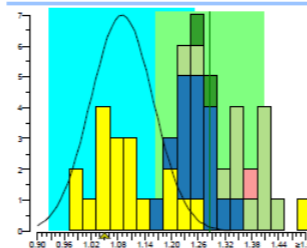
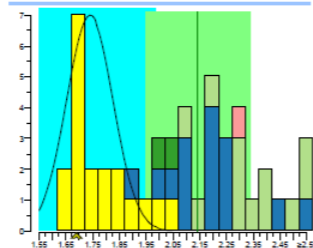
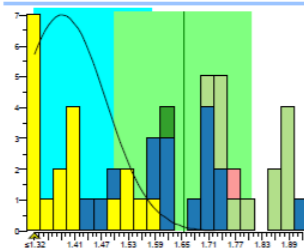
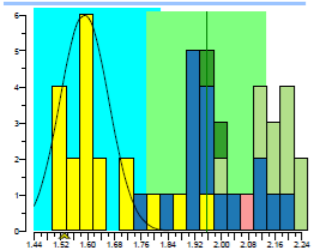
2014.1 D

2014.1 A

2014.1 B

2014.1 C

2014.1 D



	cons.	meth.	ref.	lab.
gem.	1.59	1.59	1.957	1.53
SD	0.07	0.07		
n	19	19		
nu	2	2		

	cons.	meth.	ref.	lab.
gem.	1.38	1.38	1.653	1.30
SD	0.10	0.10		
n	19	19		
nu	0	0		

	cons.	meth.	ref.	lab.
gem.	1.74	1.74	2.144	1.69
SD	0.09	0.09		
n	19	19		
nu	2	2		

	cons.	meth.	ref.	lab.
gem.	1.09	1.09	1.286	1.05
SD	0.07	0.07		
n	19	19		
nu	1	1		

	cons.	meth.	ref.	lab.
gem.	1.59	1.59	1.957	1.96
SD	0.07	0.07		
n	19	19		
nu	2	2		

	cons.	meth.	ref.	lab.
gem.	1.38	1.38	1.653	1.53
SD	0.10	0.10		
n	19	19		
nu	0	0		

	cons.	meth.	ref.	lab.
gem.	1.74	1.74	2.144	2.02
SD	0.09	0.09		
n	19	19		
nu	2	2		

	cons.	meth.	ref.	lab.
gem.	1.09	1.09	1.286	1.26
SD	0.07	0.07		
n	19	19		
nu	1	1		

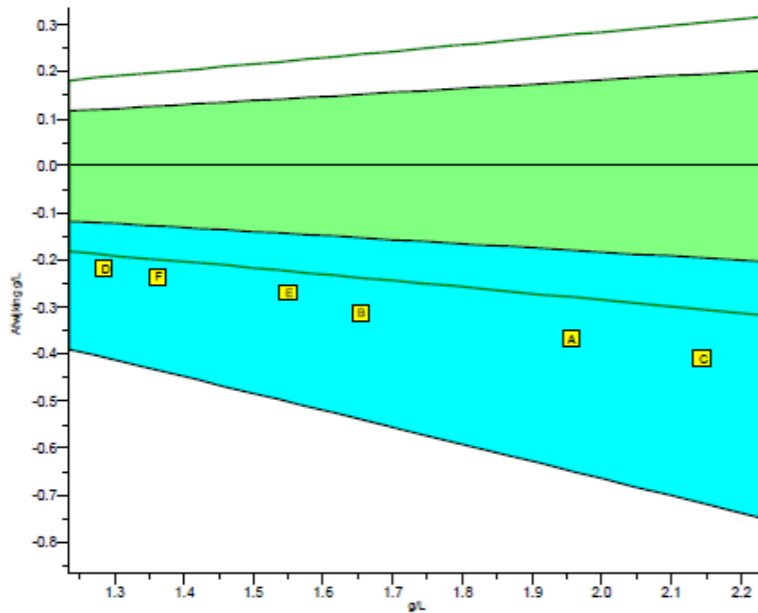
Verdienste factorrapportage:

je ziet of methode van nature juist ligt of dankzij factor en hoe groot die factor gemiddeld is

α 1-Antitrypsine

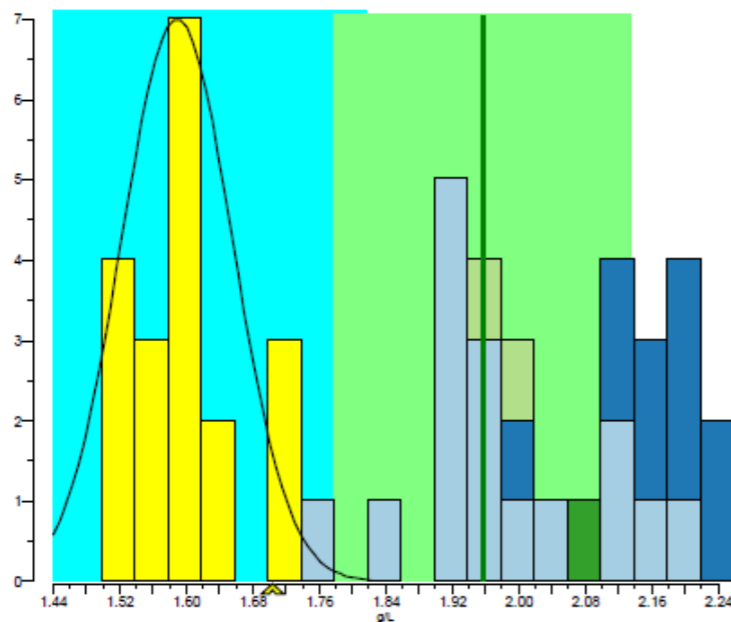
g/L

Methoderapport (ontfactor)



Methode(groep)	gem.	SD	n	nU	recovery
Abbott	1.64	0.03	11	0	1.035
Abbott (turb)	1.64	0.03	11	0	1.035
Siemens	1.65	0.09	93	1	1.041
Siemens (nefel)	1.65	0.09	93	1	1.041
Beckman	1.80	0.10	71	2	1.136
Beckman (nefel)	1.80	0.10	71	2	1.136
Roche	1.36	0.05	113	7	0.855
Roche (turb)	1.36	0.05	113	7	0.855
Overige methodes	1.80	0.00	6	0	1.131
Overig	1.80	0.00	6	0	1.131

2014.1 A

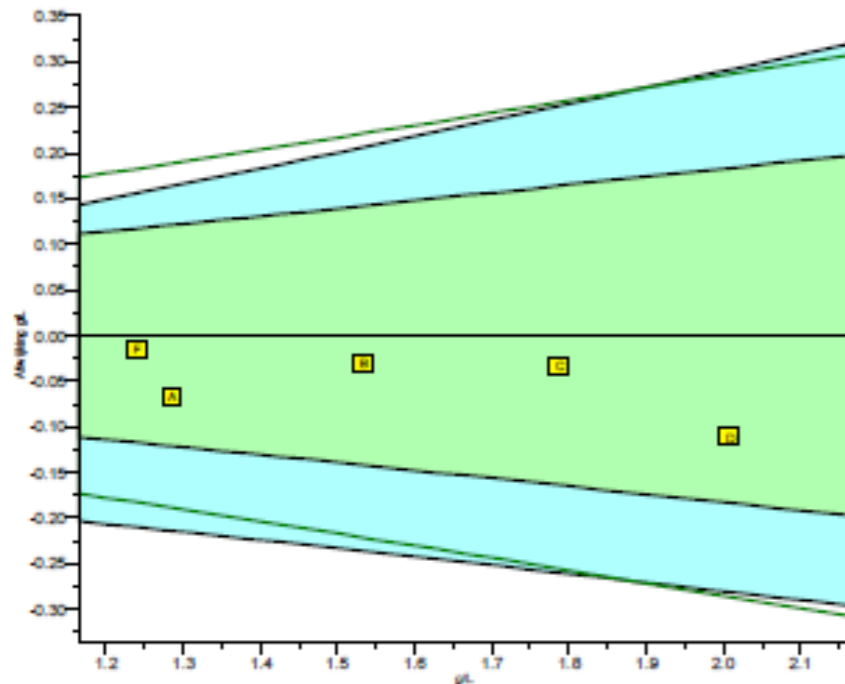


Methode(groep)	gem.	SD	n	nU	recovery
Abbott	1.98		2	0	1.012
Abbott (turb)	1.98		2	0	1.012
Siemens	1.97	0.12	16	0	1.004
Siemens (nefel)	1.97	0.12	16	0	1.004
Beckman	2.17	0.07	10	0	1.110
Beckman (nefel)	2.17	0.07	10	0	1.110
Roche	1.59	0.07	19	0	0.812
Roche (turb)	1.59	0.07	19	0	0.812
Overige methodes	2.08		1	0	1.063
Overig	2.08		1	0	1.063

α1-Antitrypsine

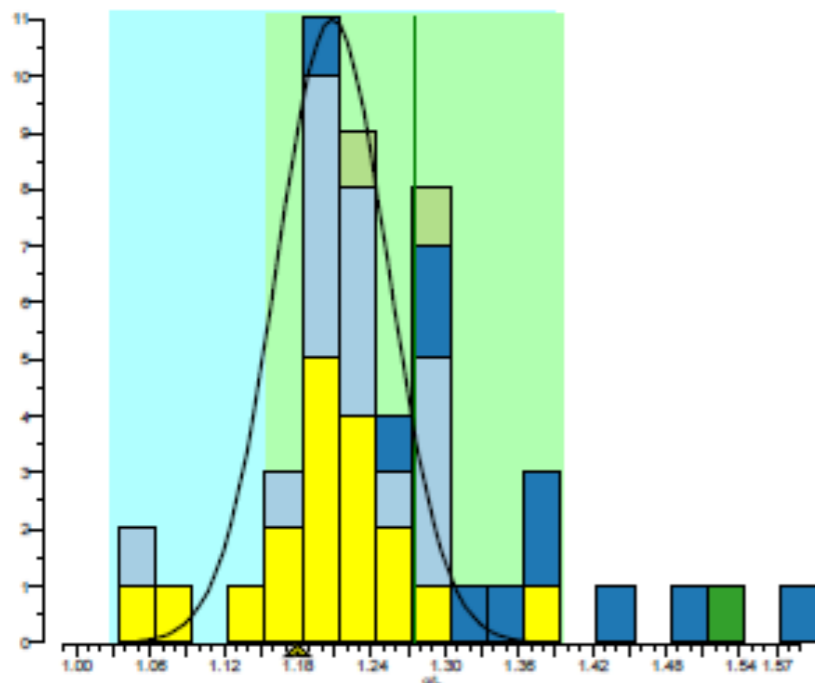
g/L

Methoderapport (ontfactord)



Methode(groep)	gem.	SD	n	nU	recovery
Abbott	1.61	0.06	11	0	0.967
Abbott (turb)	1.61	0.06	11	0	0.967
Siemens	1.68	0.09	90	4	1.008
Siemens (nefel)	1.68	0.09	90	4	1.008
Beckman	1.82	0.13	67	4	1.090
Beckman (nefel)	1.81	0.13	62	4	1.087
Beckman (turb/lum)	1.88	0.00	5	0	1.125
Roche	1.61	0.05	105	11	0.965
Roche (turb)	1.61	0.05	105	11	0.965

2015.1 A



Methode(groep)	gem.	SD	n	nU	recovery
Abbott	1.26		2	0	0.984
Abbott (turb)	1.26		2	0	0.984
Siemens	1.24	0.05	16	1	0.964
Siemens (nefel)	1.24	0.05	16	1	0.964
Beckman	1.36	0.11	12	1	1.059
Beckman (nefel)	1.35	0.09	11	1	1.050
Beckman (turb/lum)	1.53		1	0	1.190
Roche	1.22	0.05	18	2	0.947
Roche (turb)	1.22	0.05	18	2	0.947

- Voor deelnemer:
 - kan SKML monster aanbieden en verwerken als regulier monster
 - krijgt rapport over eigen juistheid
 - ziet aan methodefactor i.c.m. histogrammen hoe eigen methode presteert
- Voor sectie:
 - ziet in ontfactord methoderapport hoe methoden zouden presteren zonder factoren
- Voor deelnemende IVD leverancier:
 - kan zien of methode voldoende juist is wanneer gebruikers geen factoren gebruiken

