

## Inhaltsverzeichnis

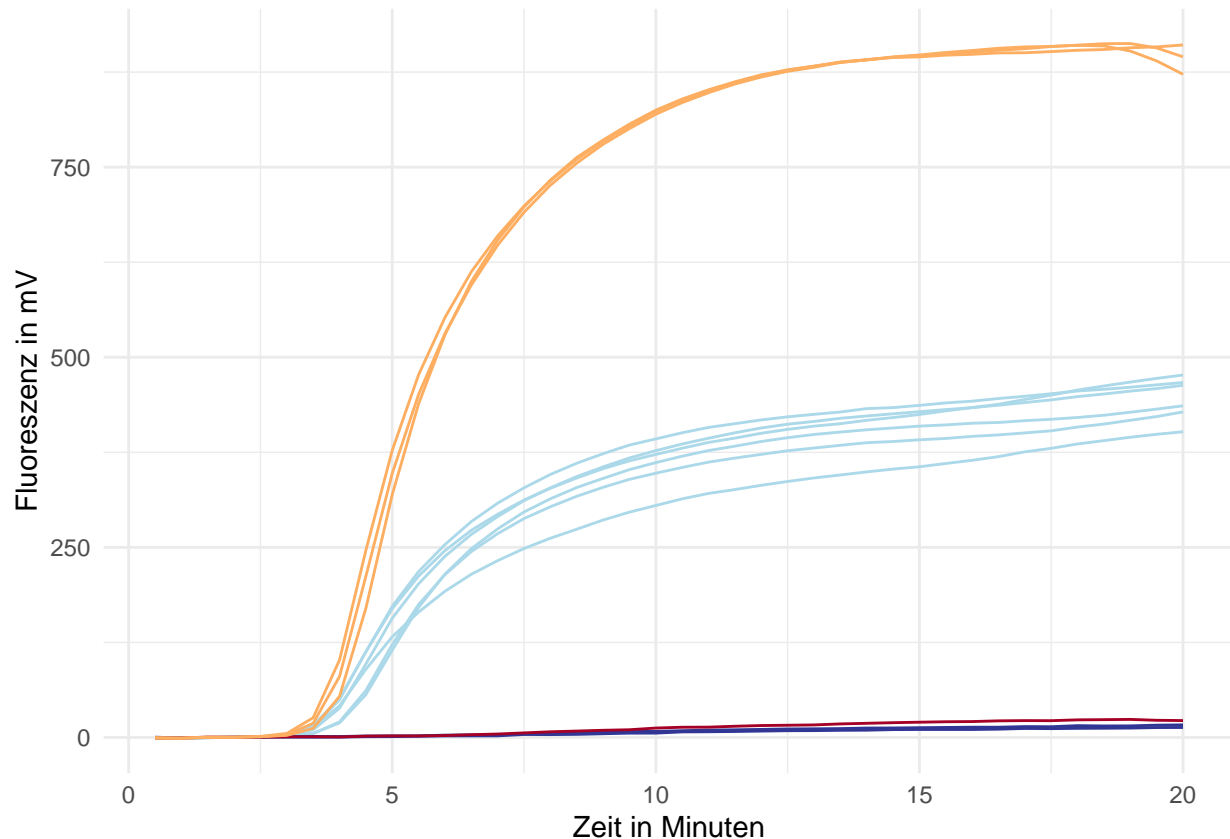


Abbildung 1: **Sensitivitätsanalyse der Influenza B PCR: A:** Amplifikationsgraphen der Influenza B PCR bei verschiedenen Konzentrationen (n=7). **B:** Linearer Zusammenhang der Ct-Werte mit angefügter Geradengleichung, Korrelationskoeffizienten und p-Wert. Das graue Band zeigt das 95 %ige Konfidenzintervall der linearen Funktion. Gezeigt sind nur Ct-Werte, welche einer positiven Amplifikation zugehörig sind. **C:** Probit-Analyse der Amplifikationsdaten. Die schwarz, durchgezogene Linie zeigt, die Probit-Regression der PCR. Die schwarzen gestreiften Linien beschreiben das oberer und untere 95 %-ige Konfidenzintervall der Probit-Regression. Die rot gestreifte Linie zeigt die ermittelte Sensitivitätsgrenze, bei welcher 95 % der Amplifikationen positiv sind.

```
## # A tibble: 3 x 4
##   group variable statistic      p
##   <chr> <chr>      <dbl> <dbl>
## 1 3min  weight      0.989 0.803
## 2 5min  weight      0.976 0.704
## 3 ref   weight      0.879 0.321

## [1] group      weight      is.outlier is.extreme
## <0 Zeilen> (oder row.names mit Länge 0)

## # A tibble: 1 x 4
##   df1  df2 statistic      p
##   <int> <int>      <dbl> <dbl>
```

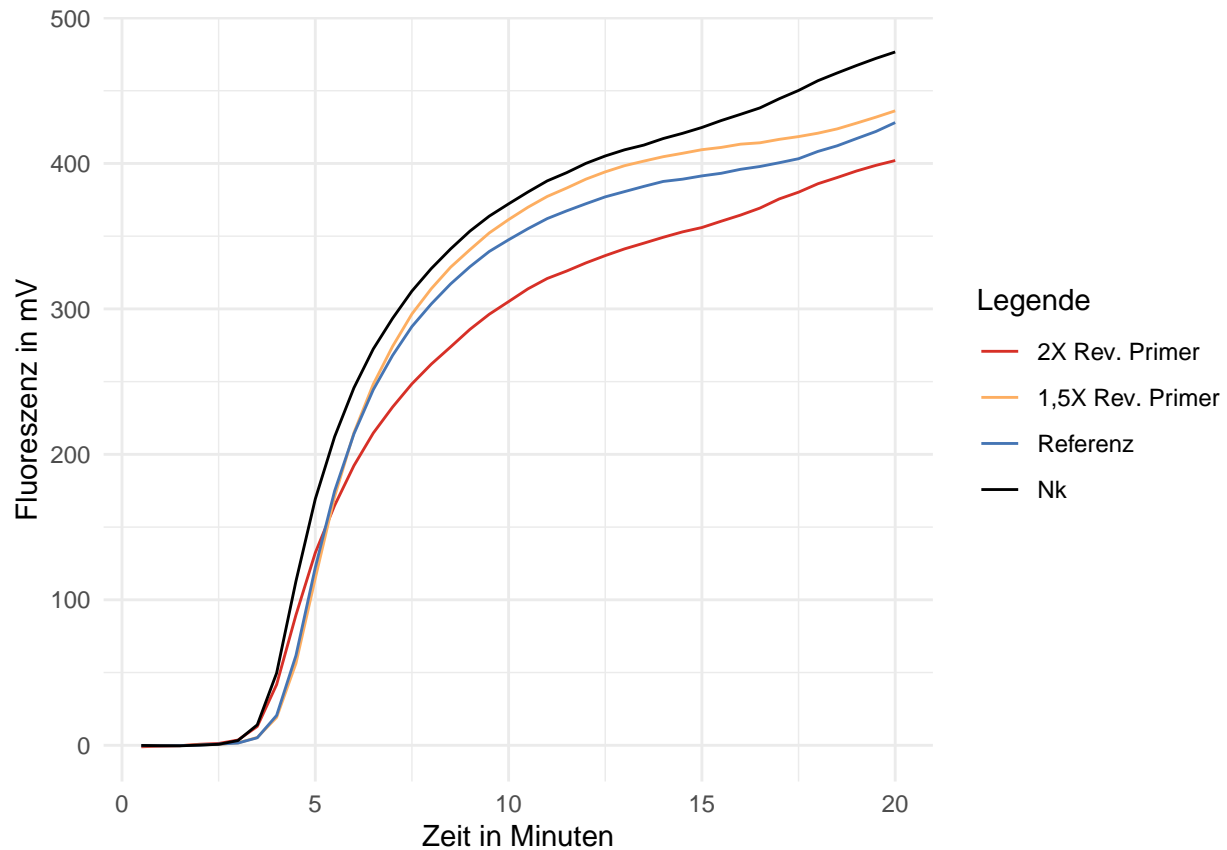


Abbildung 2: **Sensitivitätsanalyse der Influenza B PCR:** **A:** Amplifikationsgraphen der Influenza B PCR bei verschiedenen Konzentrationen (n=7). **B:** Linearer Zusammenhang der Ct-Werte mit angefügter Geradengleichung, Korrelationskoeffizienten und p-Wert. Das graue Band zeigt das 95 %ige Konfidenzintervall der linearen Funktion. Gezeigt sind nur Ct-Werte, welche einer positiven Amplifikation zugehörig sind. **C:** Probit-Analyse der Amplifikationsdaten. Die schwarz, durchgezogene Linie zeigt, die Probit-Regression der PCR. Die schwarzen gestreiften Linien beschreiben das oberer und untere 95 %-ige Konfidenzintervall der Probit-Regression. Die rot gestreifte Linie zeigt die ermittelte Sensitivitätsgrenze, bei welcher 95 % der Amplifikationen positiv sind.

```
## 1      2      6      0.794 0.494

## # A tibble: 3 x 10
##   .y.    group1 group2    n1    n2 statistic    df      p p.adj p.adj.signif
##   <chr> <chr> <chr> <int> <int>    <dbl> <dbl> <dbl> <dbl> <chr>
## 1 weight 3min  5min      3     3    -7.21  2.87 0.006 0.019 *
## 2 weight 3min  ref      3     3    -1.96  3.79 0.126 0.126 ns
## 3 weight 5min  ref      3     3     6.37  2.55 0.013 0.025 *

## # A tibble: 3 x 4
##   group variable statistic      p
##   <chr> <chr>    <dbl> <dbl>
## 1 3min  weight      0.989 0.803
## 2 5min  weight      0.976 0.704
## 3 ref   weight      0.879 0.321

## [1] group      weight      is.outlier is.extreme
## <0 Zeilen> (oder row.names mit Länge 0)

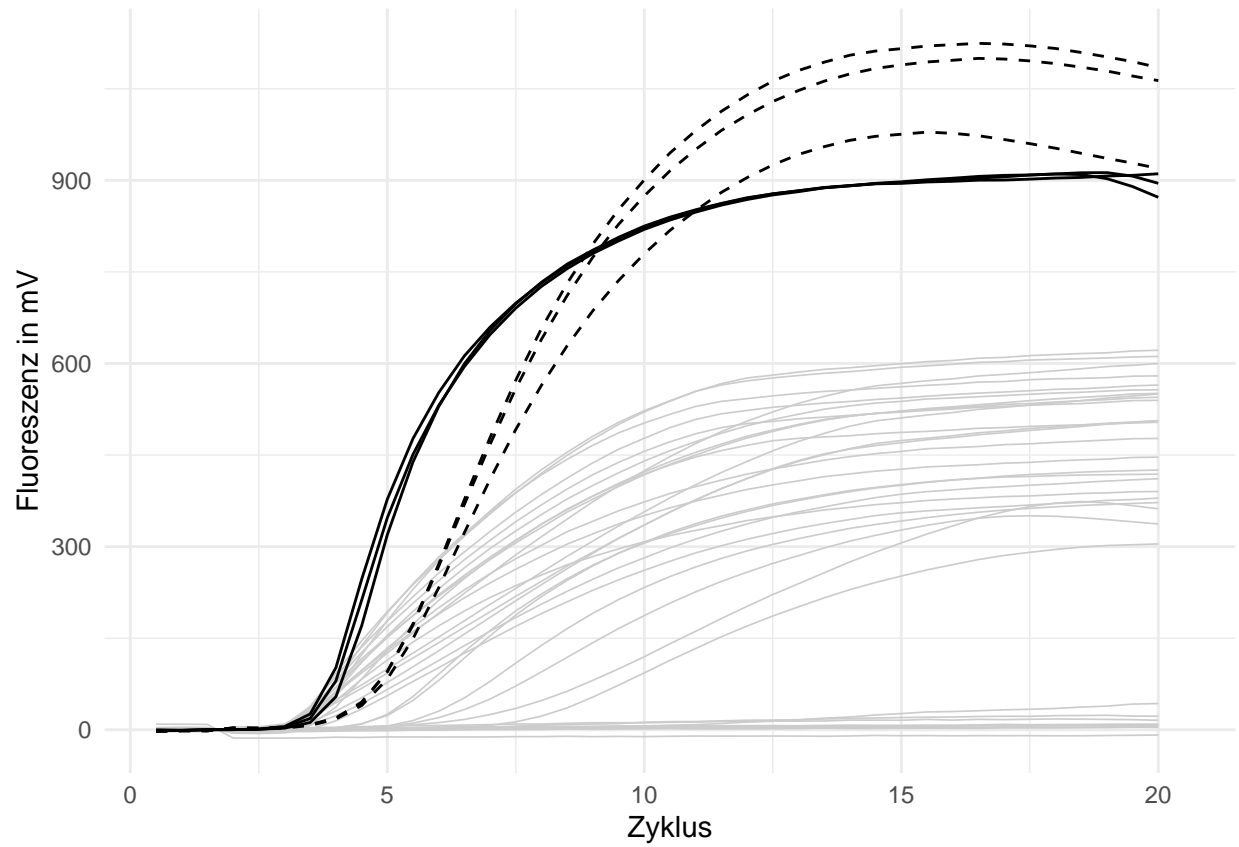
## # A tibble: 1 x 4
##   df1 df2 statistic      p
##   <int> <int>    <dbl> <dbl>
## 1      2      6      0.794 0.494

## Coefficient covariances computed by hccm()

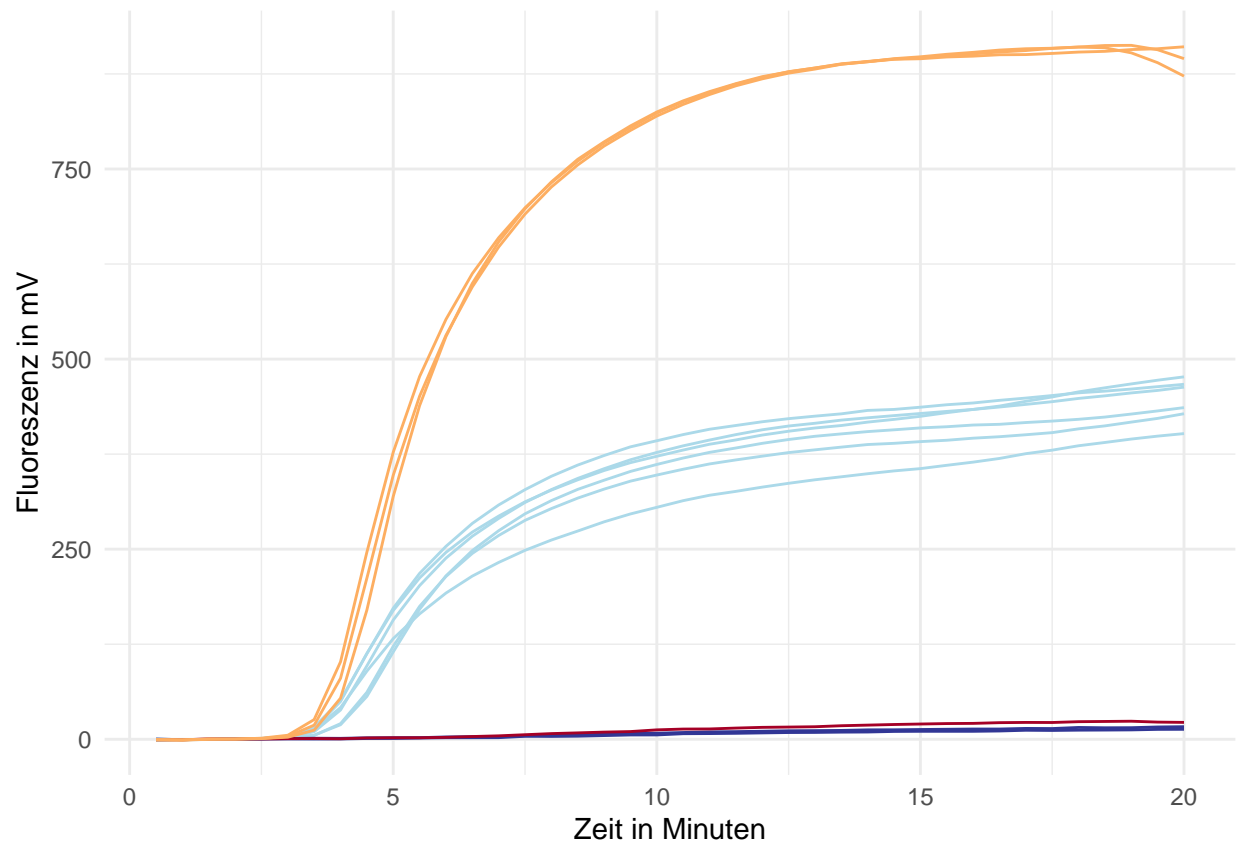
## ANOVA Table (type II tests)
##
##   Effect DFn DFd      F      p p<.05    ges
## 1 group    2    6 40.705 0.000323    * 0.931

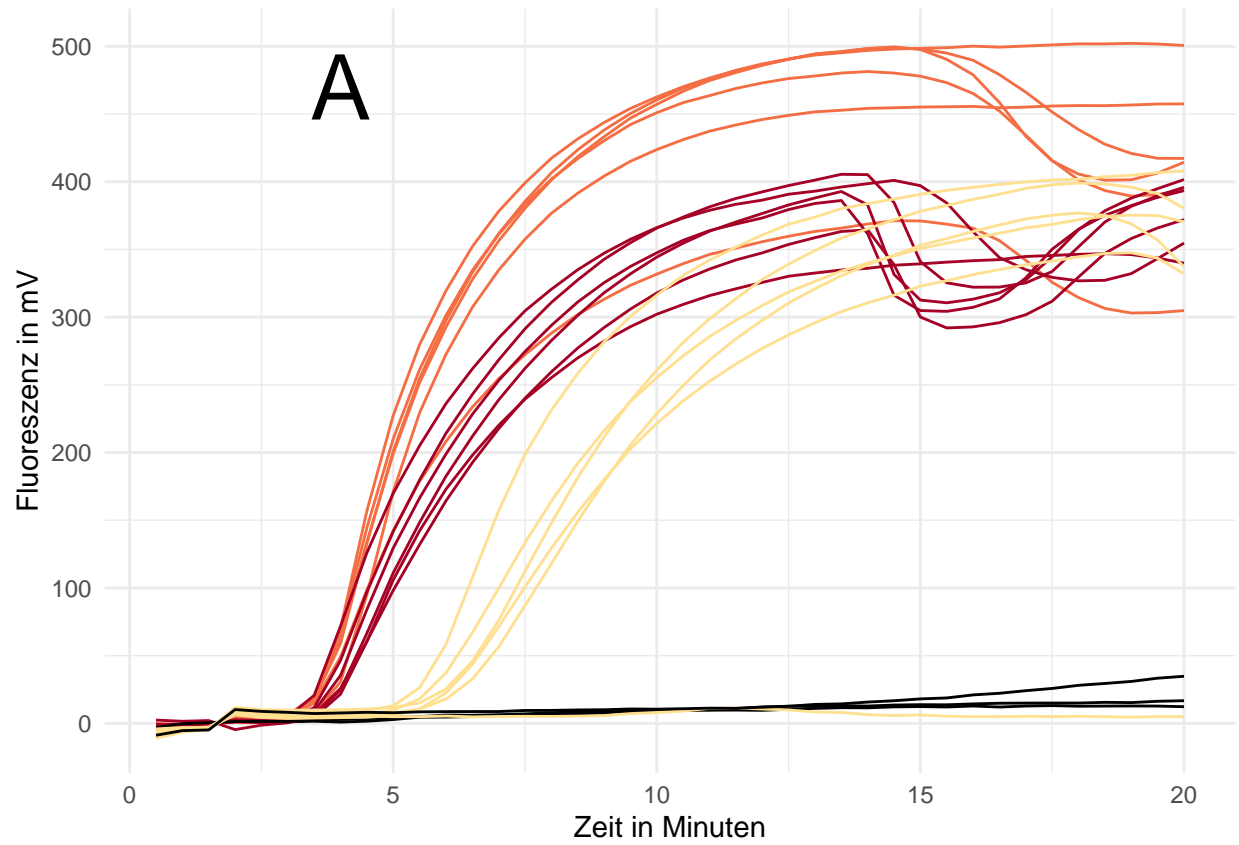
## # A tibble: 3 x 9
##   term group1 group2 null.value estimate conf.low conf.high    p.adj p.adj.si~1
## * <chr> <chr> <chr>    <dbl>    <dbl>    <dbl>    <dbl>    <dbl> <chr>
## 1 group 3min  5min      0      7.04      4.46      9.62 0.00039 ***
## 2 group 3min  ref      0      1.05     -1.53      3.63 0.472    ns
## 3 group 5min  ref      0     -5.99     -8.57     -3.41 0.000946 ***
## # ... with abbreviated variable name 1: p.adj.signif

## Warning: Removed 730 rows containing missing values (`geom_line()`).
## Warning: Removed 167 rows containing missing values (`geom_line()`).
## Removed 167 rows containing missing values (`geom_line()`).
```

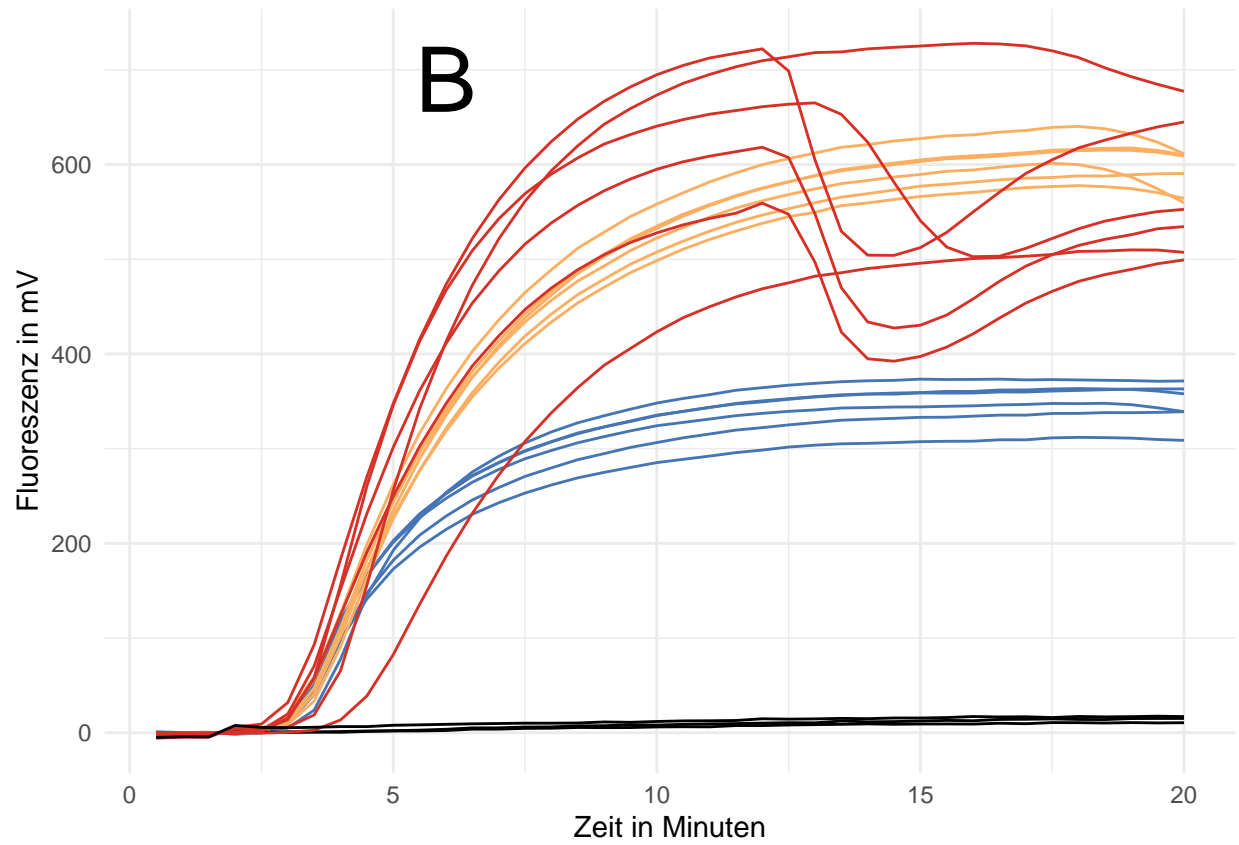


```
## mapping: x = ~x, y = ~y
## geom_text: na.rm = FALSE
## stat_identity: na.rm = FALSE
## position_identity
```





## Warning: Removed 120 rows containing missing values (`geom\_line()`).



## Warning: Removed 1064 rows containing missing values (`geom\_line()`).

