

# Inhaltsverzeichnis

## 1 Diskussion

1

## 1 Diskussion

- R-Programm
  - Unterschiede zwischen RPA und PCR
    - > Mischen (evtl. Lücke in den Daten)
    - > Negativkontrolle (leichter linearer Anstieg)
    - > Überexponentielle Amplifikation oder linearer Anstieg (nicht immer Sigmoidale Kurve, hängt mit dem Mechanismus zusammen)
    - > ditching
  - Wie wirken sich die Unterschiede auf die Tests aus
    - > Normalverteilung (sehr wichtig, kann aber auch bei PCR sein, wurde nicht getestet)
    - > linear Regression test (wird rausgelassen)
    - > residuals growth test
  - mögliche Lösungen
    - > Algorithmus für ditching
    - > Normalverteilung anpassen
    - > threshold diskutieren
- Primer design
  - Influenza B (gibt nicht viel zu diskutieren, hat super geklappt)
    - > warum gewähltes Target
  - Influenza A (warum hat es nicht geklappt)
    - > Genomstruktur (macht so eine Schleife, mal in Eigenhybridisierungsdinge hauen) -> mismatches durch H1N1 und H3N2 (evtl. anderes Target diskutieren, Polymerase oder so)
    - > Alternativen diskutieren (gleiche Sonde aber 2 Primerpaare, wie die PCR das gemacht hat)
- Optimierungen (warum wurden die Parameter so gewählt)
  - Influenza A
  - Influenza B
  - wie wichtig ist Mischen am Beispiel in InfB
- Sensitivitätsanalysen
  - Vergleich mit PCR
  - Vergleich 50µl und 8tel-Ansatz -> welche Vorteile hat 8tel-Ansatz
  - Sensitivität im klinischen Background reicht das für klinische Proben
- Spezifität

- Asymmetrie
  - Warum hat die Asymmetrie so einen Erfolg
  - Warum macht die Asymmetrie so großes Ditching
- Sondendesign
  - warum ist dt-besser