

Inhaltsverzeichnis

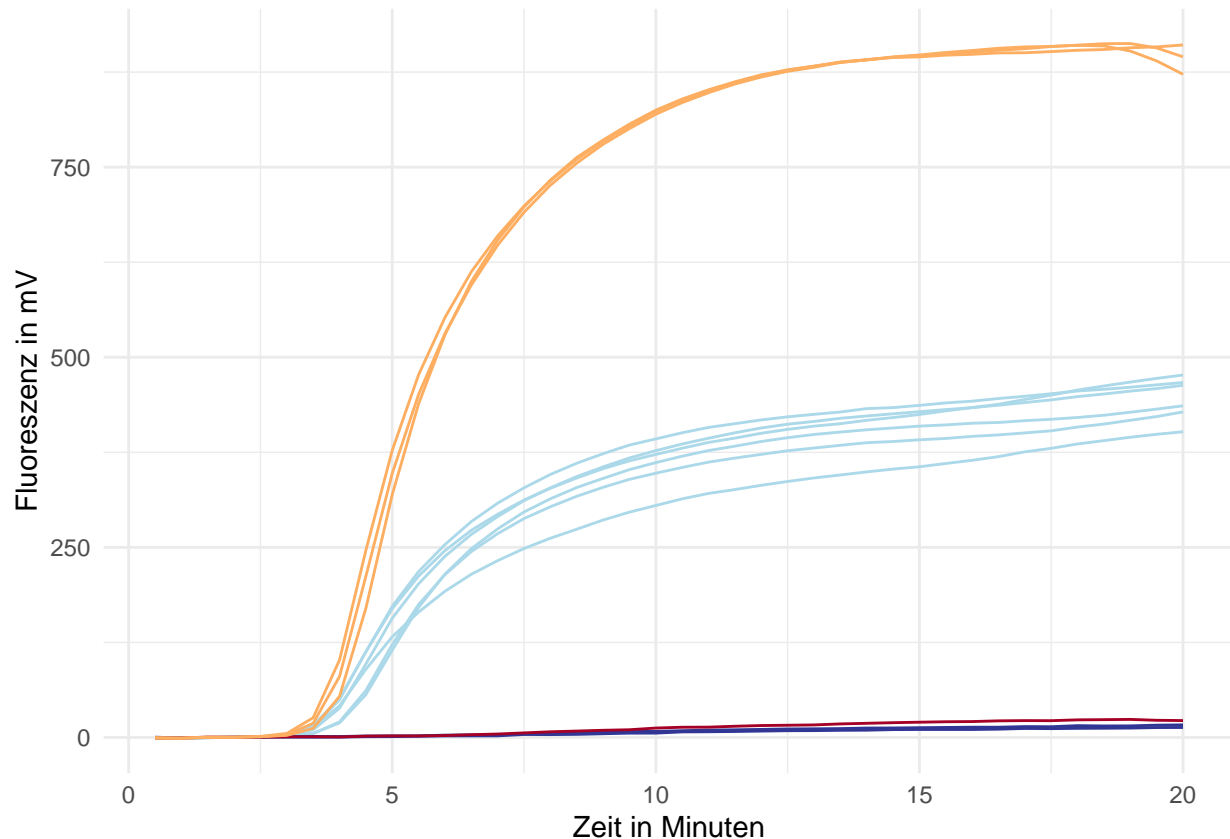


Abbildung 1: **Sensitivitätsanalyse der Influenza B PCR:** **A:** Amplifikationsgraphen der Influenza B PCR bei verschiedenen Konzentrationen ($n=7$). **B:** Linearer Zusammenhang der Ct-Werte mit angefügter Geradengleichung, Korrelationskoeffizienten und p-Wert. Das graue Band zeigt das 95 %ige Konfidenzintervall 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: 2 x 4
##   group variable statistic      p
##   <int> <chr>      <dbl> <dbl>
## 1     1 weight      0.988 0.793
## 2     2 weight      0.850 0.242

## [1] group      weight      X          X.1        X.2        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     1     4     0.0383 0.854
```

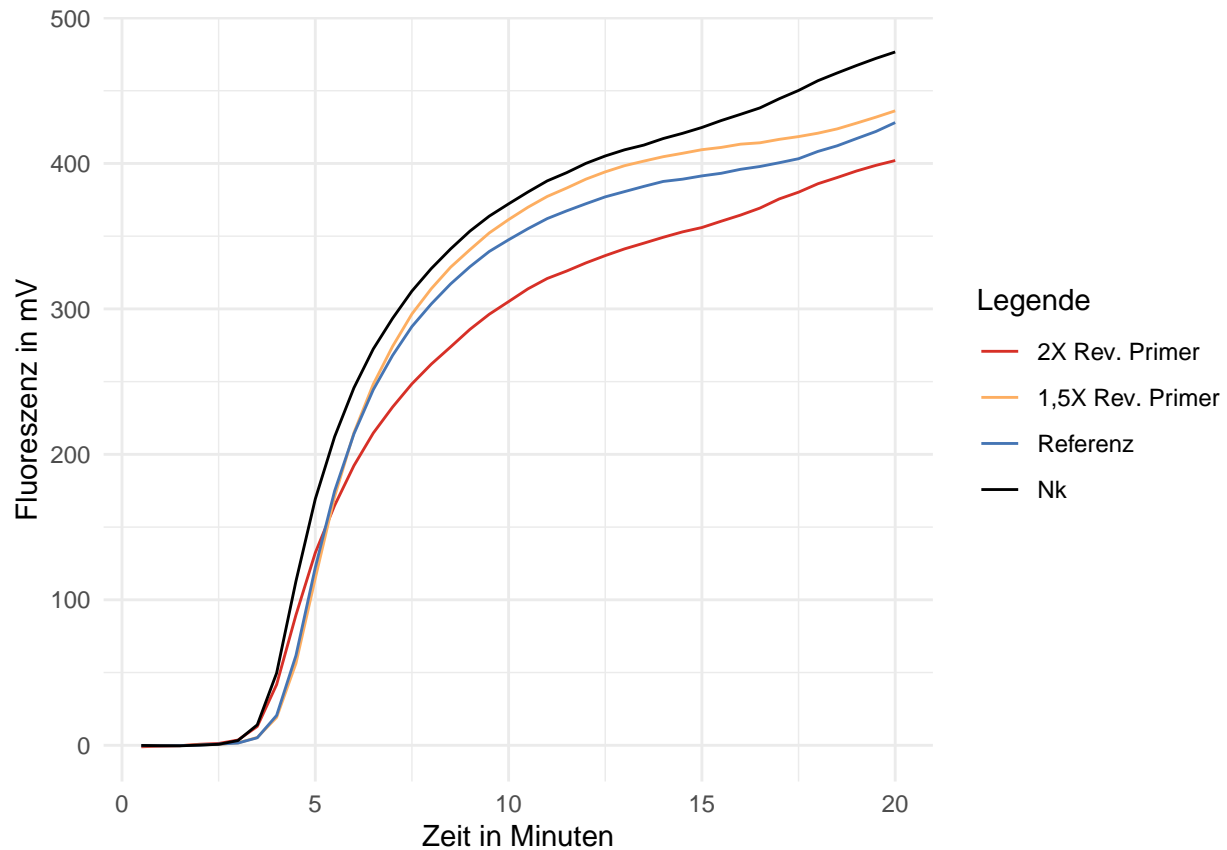


Abbildung 2: **Sensitivitätsanalyse der Influenza B PCR: A:** Amplifikationsgraphen der Influenza B PCR bei verschiedenen Konzentrationen (n=7). **B:** Linearer Zusammenhang der Ct-Werte mit angefügter Geradengleichung, Korrelationskoeffizienten und p-Wert. Das graue Band zeigt das 95 %ige Konfidenzintervall 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.

```

## # A tibble: 1 x 9
##   .y.    group1 group2    n1    n2 statistic    df      p p.signif
##   <chr> <chr> <chr> <int> <int>    <dbl> <dbl>    <dbl> <chr>
## 1 weight 1      2      3      3    -14.2  3.74 0.000217 ***

## # A tibble: 3 x 4
##   group variable statistic    p
##   <chr> <chr>    <dbl> <dbl>
## 1 3M    weight      0.841 0.132
## 2 4M    weight      0.836 0.155
## 3 oM    weight      0.978 0.921

## # A tibble: 1 x 7
##   group weight X      X.1    X.2 is.outlier is.extreme
##   <chr> <dbl> <lgl> <chr> <dbl> <lgl>    <lgl>
## 1 4M    3.65 NA    ""      NA TRUE      FALSE

## # A tibble: 1 x 4
##   df1  df2 statistic    p
##   <int> <int>    <dbl> <dbl>
## 1    2   13      1.78 0.207

## Coefficient covariances computed by hccm()

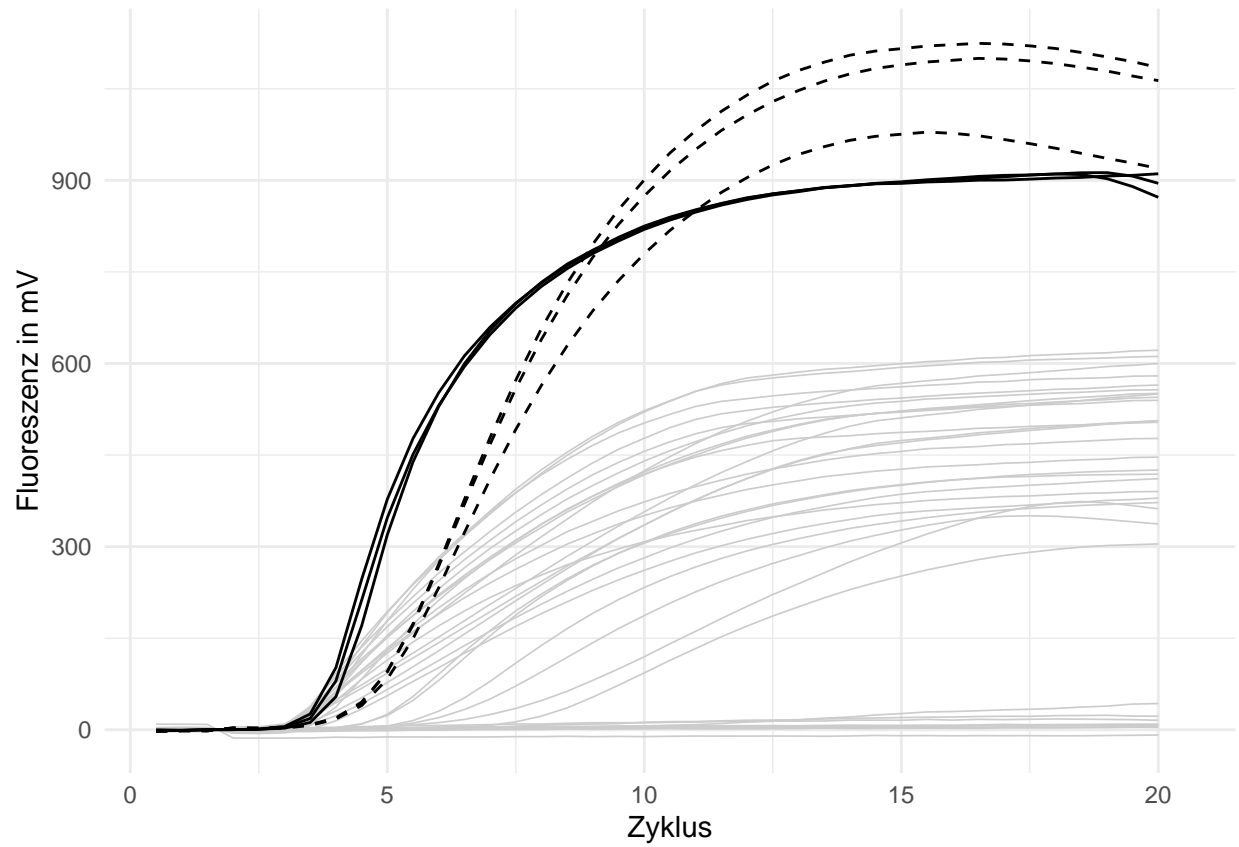
## ANOVA Table (type II tests)
##
##   Effect DFn DFd      F      p p<.05  ges
## 1  group   2  13 10.561 0.002    * 0.619

## # A tibble: 3 x 9
##   term  group1 group2 null.value estimate conf.low conf.high  p.adj p.adj.sig~1
## * <chr> <chr> <chr>    <dbl>    <dbl>    <dbl>    <dbl>    <dbl> <chr>
## 1 group 3M    4M          0  -0.349  -1.02     0.323 0.384    ns
## 2 group 3M    oM          0   0.836   0.164     1.51 0.0152    *
## 3 group 4M    oM          0   1.19    0.483     1.89 0.00174   **
## # ... with abbreviated variable name 1: p.adj.signif

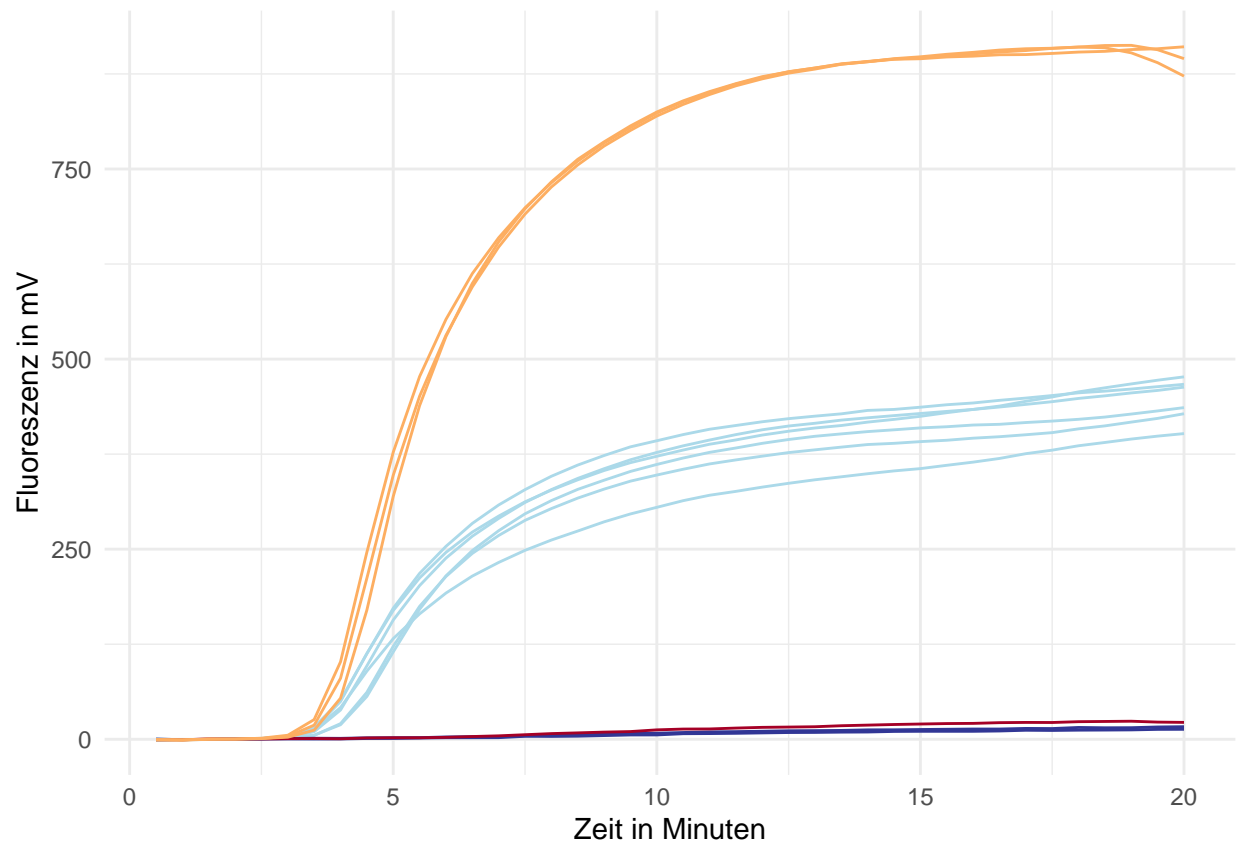
## Warning: Removed 730 rows containing missing values (`geom_line()`).

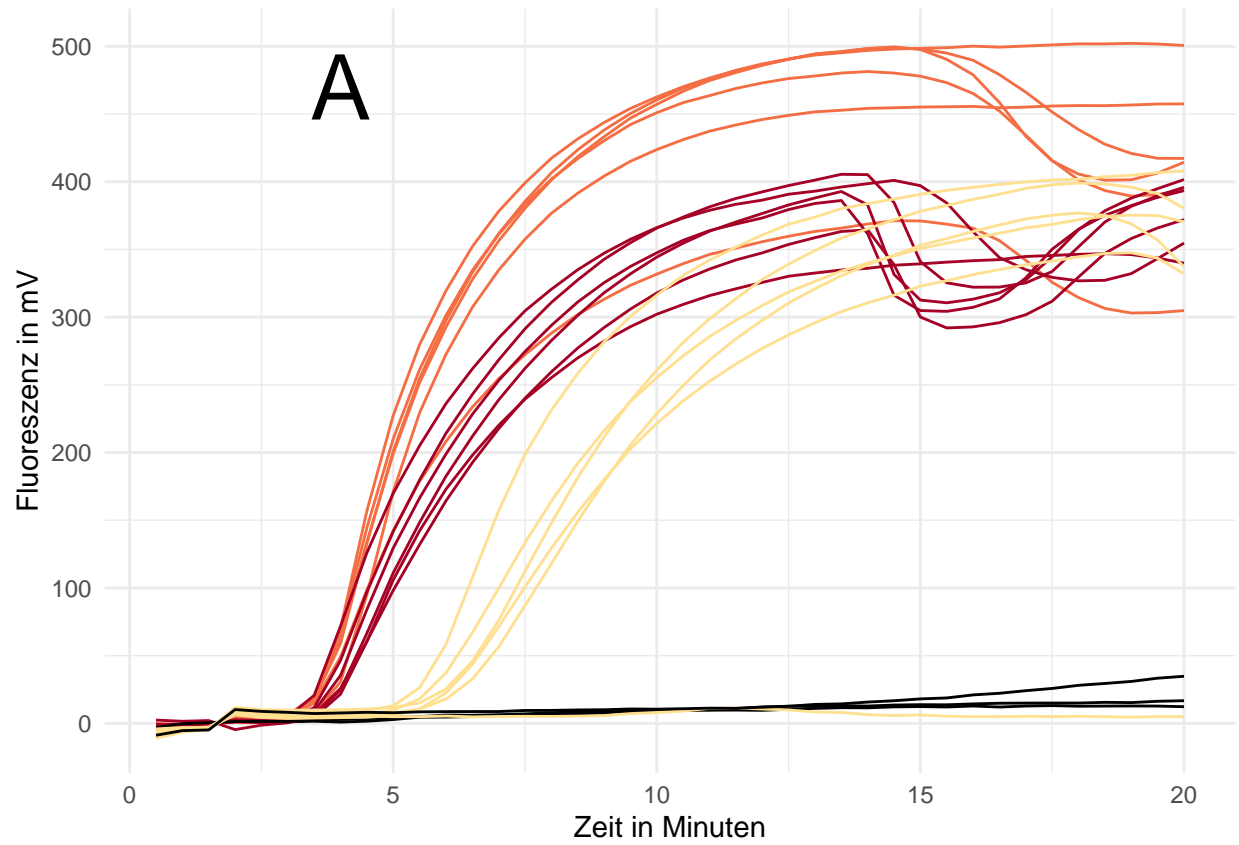
## Warning: Removed 167 rows containing missing values (`geom_line()`).
## Removed 167 rows containing missing values (`geom_line()`).

```

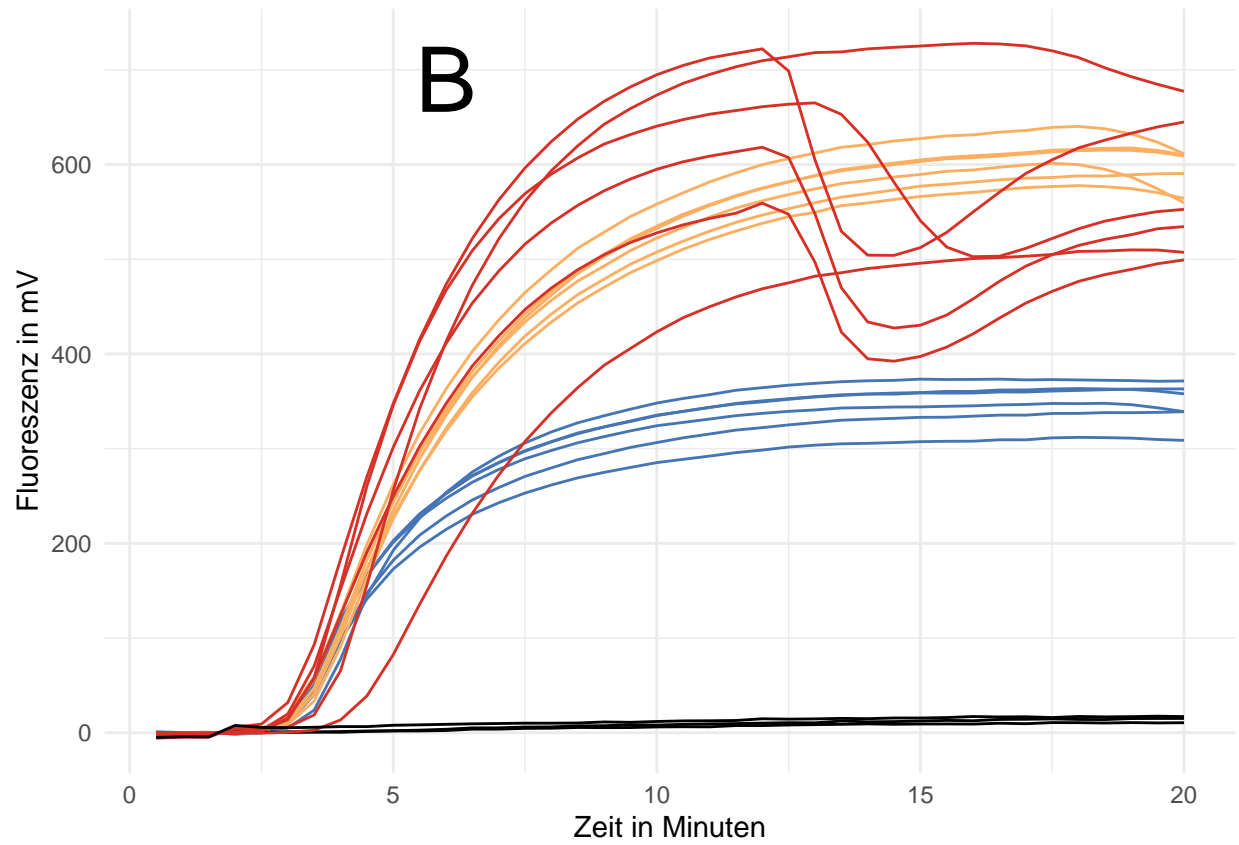


```
## mapping: x = ~x, y = ~y
## geom_text: na.rm = FALSE
## stat_identity: na.rm = FALSE
## position_identity
```





Warning: Removed 120 rows containing missing values (`geom_line()`).



Warning: Removed 1064 rows containing missing values (`geom_line()`).

