

Annexe I - Traitements statistiques quantitatifs conservés après analyse

Hémoglobine Glyquée - Echantillon 2121

Paramètre : HbA1c

Type de traitement	Description avant troncature					Description après troncature				Résultat de l'algorithme A			
	Ni	Nu	Min	Max	Med	N*	Min*	Max*	Med*	Moy r	u (moy r)	ET r	CV r(%)
Toute technique													
<i>en %</i>													
Toute technique	159	159	4,7	7,9	5,5	154	4,8	6	5,5	5,483	0,012	0,116	2,12
<i>en mmol/mol</i>													
Toute technique	159	159	27,871	62,847	36,615	154	28,964	42,08	36,615	36,434	0,128	1,271	3,49
Groupe technique													
<i>en %</i>													
Chromatographie liquide haute performance	82	82	5,16	5,9	5,5	82	5,16	5,9	5,5	5,469	0,015	0,109	2
Electrophorèse	52	52	5,3	5,7	5,5	52	5,3	5,7	5,5	5,5	0,018	0,105	1,92
Enzymatique	5	5	4,7	4,8	4,7	-	-	-	-	-	-	-	-
Inhibition de l'agglutination	20	20	5	7,9	5,5	19	5	6	5,5	5,534	0,066	0,23	4,15
<i>en mmol/mol</i>													
Chromatographie liquide haute performance	82	82	32,899	40,987	36,615	82	32,899	40,987	36,615	36,281	0,165	1,197	3,3
Electrophorèse	52	52	34,429	38,801	36,615	52	34,429	38,801	36,615	36,611	0,2	1,151	3,14
Enzymatique	5	5	27,871	28,964	27,871	-	-	-	-	-	-	-	-
Inhibition de l'agglutination	20	20	31,15	62,847	36,615	19	31,15	42,08	36,615	36,986	0,721	2,513	6,79
Par technique													
Chromatographie liquide haute performance en %													
ARKRAY - ADAMS A1C (HA-8180)	1	1	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-

Légende Ni effectif initial Nu effectif utilisable Med médiane Min valeur minimale Max valeur maximale
Moy moyenne ET écart-type CV coefficient de variation u_(Moy r) incertitude-type « * » après troncature « r » robuste

Note Les résultats rendus avec les opérateurs de comparaison/signes (≥ / ≤ / < / >) sont ignorés d'où un Ni / Nu différent.

Type de traitement	Description avant troncature					Description après troncature				Résultat de l'algorithme A			
	Ni	Nu	Min	Max	Med	N*	Min*	Max*	Med*	Moy r	u (moy r)	ET r	CV r(%)
Par technique (suite)													
BIORAD - D-10 system (220-0101EX)	10	10	5,4	5,6	5,5	10	5,4	5,6	5,5	5,5	0	0	0
BIORAD - D-100 system (290-1004)	2	2	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
BIORAD - Variant II A1c / Variant II A2/A1c Dual Program (270-21)	2	2	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
BIORAD - Variant II Turbo A1c (270-2455EX)	7	7	5,2	5,9	5,55	7	5,2	5,9	5,55	5,593	0,132	0,279	4,98
TOSOH BIOSCIENCES - G11 HPLC analyzer (HLC-723G11)	27	27	5,39	5,7	5,5	27	5,39	5,7	5,5	5,499	0,018	0,074	1,35
TOSOH BIOSCIENCES - G8 HPLC analyzer (HLC-723G8)	26	26	5,2	5,73	5,415	26	5,2	5,73	5,415	5,419	0,026	0,104	1,93
TOSOH BIOSCIENCES - GX HPLC analyzer (HLC-723GX)	7	7	5,16	5,6	5,43	7	5,16	5,6	5,43	5,415	0,076	0,161	2,97
Chromatographie liquide haute performance en mmol/mL													
ARKRAY - ADAMS A1C (HA-8180)	1	1	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
BIORAD - D-10 system (220-0101EX)	10	10	35,522	37,708	36,615	10	35,522	37,708	36,615	36,615	0	0	0
BIORAD - D-100 system (290-1004)	2	2	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
BIORAD - Variant II A1c / Variant II A2/A1c Dual Program (270-21)	2	2	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
BIORAD - Variant II Turbo A1c (270-2455EX)	7	7	33,336	40,987	37,162	7	33,336	40,987	37,162	37,63	1,439	3,045	8,09
TOSOH BIOSCIENCES - G11 HPLC analyzer (HLC-723G11)	27	27	35,413	38,801	36,615	27	35,413	38,801	36,615	36,602	0,195	0,812	2,22
TOSOH BIOSCIENCES - G8 HPLC analyzer (HLC-723G8)	26	26	33,336	39,129	35,686	26	33,336	39,129	35,686	35,725	0,28	1,14	3,19
TOSOH BIOSCIENCES - GX HPLC analyzer (HLC-723GX)	7	7	32,899	37,708	35,85	7	32,899	37,708	35,85	35,684	0,83	1,757	4,92
Electrophorèse en %													
SEBIA - CAPI 3 Hb A1c w/Capillarys 3 (2515)	35	35	5,3	5,7	5,5	35	5,3	5,7	5,5	5,527	0,021	0,1	1,8

****Légende**** Ni effectif initial Nu effectif utilisable Med médiane Min valeur minimale Max valeur maximale
Moy moyenne ET écart-type CV coefficient de variation u_(Moy r) incertitude-type « * » après troncature « r » robuste

****Note**** Les résultats rendus avec les opérateurs de comparaison/signes (≥ / ≤ / < / >) sont ignorés d'où un Ni / Nu différent.

Type de traitement	Description avant troncature					Description après troncature				Résultat de l'algorithme A			
	Ni	Nu	Min	Max	Med	N*	Min*	Max*	Med*	Moy r	u (moy r)	ET r	CV r(%)
Par technique (suite)													
SEBIA - Capillarys Hb A1c w/ Capillarys 2 Flex piercing (2015)	17	17	5,3	5,6	5,4	17	5,3	5,6	5,4	5,441	0,032	0,107	1,96
Electrophorèse en mmol/mol													
SEBIA - CAPI 3 Hb A1c w/Capillarys 3 (2515)	35	35	34,429	38,801	36,615	35	34,429	38,801	36,615	36,905	0,23	1,089	2,95
SEBIA - Capillarys Hb A1c w/ Capillarys 2 Flex piercing (2015)	17	17	34,429	37,708	35,522	17	34,429	37,708	35,522	35,972	0,353	1,164	3,24
Enzymatique en %													
ABBOTT DIAGNOSTIC - Alinity c Hemoglobine A1c reagent (08P432)	2	2	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
ABBOTT DIAGNOSTIC - Architect c systems – Hemoglobine A1c (04)	3	3	4,7	4,8	4,7	-	-	-	-	-	-	-	-
Enzymatique en mmol/mol													
ABBOTT DIAGNOSTIC - Alinity c Hemoglobine A1c reagent (08P432)	2	2	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
ABBOTT DIAGNOSTIC - Architect c systems – Hemoglobine A1c (04)	3	3	27,871	28,964	27,871	-	-	-	-	-	-	-	-
Inhibition de l'agglutination en %													
ORTHO - Vitros 5,1 FS (6801730)	1	1	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
ROCHE DIAGNOSTICS - A1c-3 Cobas c111, 311, 501, 502, 513 et	16	16	5	7,9	5,5	15	5	5,9	5,5	5,494	0,06	0,186	3,39
SIEMENS - DCA 2000+ / DCA Vantage (A5035)	2	2	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
SIEMENS - Dimension séries & Vista, HA1C (DF105)	1	1	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
Inhibition de l'agglutination en mmol/mol													
ORTHO - Vitros 5,1 FS (6801730)	1	1	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-

****Légende**** Ni effectif initial Nu effectif utilisable Med médiane Min valeur minimale Max valeur maximale
Moy moyenne ET écart-type CV coefficient de variation u(Moy r) incertitude-type « * » après troncature « r » robuste

****Note**** Les résultats rendus avec les opérateurs de comparaison/signes (≥ / ≤ / < / >) sont ignorés d'où un Ni / Nu différent.

Type de traitement	Ni	Description avant troncature				Description après troncature				Résultat de l'algorithme A			
		Nu	Min	Max	Med	N*	Min*	Max*	Med*	Moy r	u (moy r)	ET r	CV r(%)
Par technique (suite)													
ROCHE DIAGNOSTICS - A1c-3 Cobas c111, 311, 501, 502, 513 et	16	16	31,15	62,847	36,615	15	31,15	40,987	36,615	36,552	0,657	2,034	5,57
SIEMENS - DCA 2000+ / DCA Vantage (A5035)	2	2	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
SIEMENS - Dimension séries & Vista, HA1C (DF105)	1	1	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-

****Légende**** Ni effectif initial Nu effectif utilisable Med médiane Min valeur minimale Max valeur maximale
Moy moyenne ET écart-type CV coefficient de variation $u_{(Moy r)}$ incertitude-type « * » après troncature « r » robuste

****Note**** Les résultats rendus avec les opérateurs de comparaison/signes (\geq / \leq / $<$ / $>$) sont ignorés d'où un Ni / Nu différent.

Annexe II - Traitements statistiques quantitatifs initiaux Hémoglobine Glyquée - Echantillon 2121

Paramètre : HbA1c

Traitement : Toute technique, en %

DESCRIPTION AVANT TRONCATURE	
Ni / Nu	159 / 159
Min	4,7
Max	7,9
Med	5,5
MAD	0,1
MADe	0,148
TYPE DE TRONCATURE : MADe	
Med - 5*MADe	4,759
Med + 5*MADe	6,241
Liste des valeurs aberrantes	4,7 (COA-1) / 4,7 (FA8-1) / 4,7 (3A2-1) / 7,9 (177-1) / 4,73 (F73-1) /
DESCRIPTION APRES TRONCATURE	
N*	154
Min*	4,8
Max*	6
Med*	5,5
RESULTAT DE L'ALGORITHME A	
Nombre d'itérations	13
Liste des valeurs extrêmes	5,2 (104B-1) / 5,7 (7F0-1) / 5,9 (1167-1) / 5,9 (1167-2) / 5,7 (1104-1) / 5,8 (2EE-1) / 5,9 (38C-2) / 5,7 (11E5-1) / 5,73 (6AE-1) / 5,2 (175-1) / 5,21 (406-1) / 5,3 (5BA-1) / 5,3 (5B9-2) / 5,3 (FAF-2) / 5,3 (F3A-1) / 6 (752-2) / 5 (5F5-2) / 5,3 (332-1) / 5,3 (1118-1) / 5,7 (08D-1) / 5,7 (ED4-1) / 5,3 (1209-1) / 4,8 (F9B-1) / 5,3 (1033-1) / 5,29 (1169-1) / 5,3 (FCF-1) / 5,9 (494-1) / 5,16 (1186-1) / 5,7 (FA0-1) /
Moy r	5,483
ET r	0,116
CV r (%)	2,12
u (Moy r)	0,012
u (Moy r) négligeable?	VRAI

Boxplot (Xi)

Histogramme (Xi)

****Légende**** Ni effectif initial Nu effectif utilisable Med médiane Min/Max valeur minimale/maximale MAD/MADe écart absolu médian/pondéré
Moy moyenne ET écart-type CV coefficient de variation u_(Moy r) incertitude-type « * » après troncature « r » robuste

****Note**** Les résultats rendus avec les opérateurs de comparaison/signes (≥ / ≤ / < / >) sont ignorés d'où un Ni / Nu différent.

Annexe II - Traitements statistiques quantitatifs initiaux Hémoglobine Glyquée - Echantillon 2121

Paramètre : HbA1c

Traitement : Toute technique, en mmol/mol

DESCRIPTION AVANT TRONCATURE	
Ni / Nu	159 / 159
Min	27,871
Max	62,847
Med	36,615
MAD	1,093
MADe	1,62
TYPE DE TRONCATURE : MADe	
Med - 5*MADe	28,513
Med + 5*MADe	44,717
Liste des valeurs aberrantes	27,871 (COA-1) / 27,871 (FA8-1) / 27,871 (3A2-1) / 62,847 (177-1) / 28,2 (F73-1) /
DESCRIPTION APRES TRONCATURE	
N*	154
Min*	28,964
Max*	42,08
Med*	36,615
RESULTAT DE L'ALGORITHME A	
Nombre d'itérations	17
Liste des valeurs extrêmes	33,336 (104B-1) / 38,801 (7F0-1) / 40,987 (1167-1) / 40,987 (1167-2) / 38,801 (1104-1) / 39,894 (2EE-1) / 40,987 (38C-2) / 38,801 (11E5-1) / 39,129 (6AE-1) / 33,336 (175-1) / 33,445 (406-1) / 34,429 (5BA-1) / 34,429 (5B9-2) / 34,429 (FAF-2) / 34,429 (F3A-1) / 42,08 (752-2) / 31,15 (5F5-2) / 34,429 (332-1) / 34,429 (1118-1) / 38,801 (08D-1) / 38,801 (ED4-1) / 34,429 (1209-1) / 28,964 (F9B-1) / 34,429 (1033-1) / 34,32 (1169-1) / 34,429 (FCF-1) / 40,987 (494-1) / 32,899 (1186-1) / 38,801 (FA0-1) /
Moy r	36,434
ET r	1,271
CV r (%)	3,49
u (Moy r)	0,128
u (Moy r) négligeable?	VRAI

Boxplot (Xi)

Histogramme (Xi)

****Légende**** Ni effectif initial Nu effectif utilisable Med médiane Min/Max valeur minimale/maximale MAD/MADe écart absolu médian/pondéré Moy moyenne ET écart-type CV coefficient de variation u_(Moy r) incertitude-type « * » après troncature « r » robuste

****Note**** Les résultats rendus avec les opérateurs de comparaison/signes (≥ / ≤ / < / >) sont ignorés d'où un Ni / Nu différent.

Annexe II - Traitements statistiques quantitatifs initiaux Hémoglobine Glyquée - Echantillon 2121

Paramètre : HbA1c

Traitement : Chromatographie liquide haute performance, en %

DESCRIPTION AVANT TRONCATURE	
Ni / Nu	82 / 82
Min	5,16
Max	5,9
Med	5,5
MAD	0,07
MADe	0,104
TYPE DE TRONCATURE : MADe	
Med - 5*MADe	4,981
Med + 5*MADe	6,019
Liste des valeurs aberrantes	
DESCRIPTION APRES TRONCATURE	
N*	82
Min*	5,16
Max*	5,9
Med*	5,5
RESULTAT DE L'ALGORITHME A	
Nombre d'itérations	12
Liste des valeurs extrêmes	5,2 (104B-1) / 5,9 (1167-1) / 5,9 (1167-2) / 5,7 (1104-1) / 5,8 (2EE-1) / 5,73 (6AE-1) / 5,2 (175-1) / 5,3 (FAF-2) / 5,3 (332-1) / 5,32 (5E3-1) / 5,3 (1118-1) / 5,3 (1209-1) / 5,31 (04A-1) / 5,29 (1169-1) / 5,3 (FCF-1) / 5,16 (1186-1) / 5,7 (FA0-1) /
Moy r	5,469
ET r	0,109
CV r (%)	2
u (Moy r)	0,015
u (Moy r) négligeable?	VRAI

Boxplot (Xi)

Histogramme (Xi)

****Légende**** Ni effectif initial Nu effectif utilisable Med médiane Min/Max valeur minimale/maximale MAD/MADe écart absolu médian/pondéré
Moy moyenne ET écart-type CV coefficient de variation u_(Moy r) incertitude-type « * » après troncature « r » robuste

****Note**** Les résultats rendus avec les opérateurs de comparaison/signes (≥ / ≤ / < / >) sont ignorés d'où un Ni / Nu différent.

Annexe II - Traitements statistiques quantitatifs initiaux Hémoglobine Glyquée - Echantillon 2121

Paramètre : HbA1c

Traitement : Chromatographie liquide haute performance, en mmol/mol

DESCRIPTION AVANT TRONCATURE	
Ni / Nu	82 / 82
Min	32,899
Max	40,987
Med	36,615
MAD	0,765
MADe	1,134
TYPE DE TRONCATURE : MADe	
Med - 5*MADe	30,943
Med + 5*MADe	42,287
Liste des valeurs aberrantes	
DESCRIPTION APRES TRONCATURE	
N*	82
Min*	32,899
Max*	40,987
Med*	36,615
RESULTAT DE L'ALGORITHME A	
Nombre d'itérations	16
Liste des valeurs extrêmes	33,336 (104B-1) / 40,987 (1167-1) / 40,987 (1167-2) / 38,801 (1104-1) / 39,894 (2EE-1) / 39,129 (6AE-1) / 33,336 (175-1) / 34,429 (FAF-2) / 34,429 (332-1) / 34,648 (5E3-1) / 34,429 (1118-1) / 34,429 (1209-1) / 34,538 (04A-1) / 34,32 (1169-1) / 34,429 (FCF-1) / 32,899 (1186-1) / 38,801 (FA0-1) /
Moy r	36,281
ET r	1,197
CV r (%)	3,3
u (Moy r)	0,165
u (Moy r) négligeable?	VRAI

Boxplot (Xi)

Histogramme (Xi)

****Légende**** Ni effectif initial Nu effectif utilisable Med médiane Min/Max valeur minimale/maximale MAD/MADe écart absolu médian/pondéré
Moy moyenne ET écart-type CV coefficient de variation u_(Moy r) incertitude-type * * » après troncature « r » robuste

****Note**** Les résultats rendus avec les opérateurs de comparaison/signes (≥ / ≤ / < / >) sont ignorés d'où un Ni / Nu différent.

Annexe II - Traitements statistiques quantitatifs initiaux Hémoglobine Glyquée - Echantillon 2121

Paramètre : HbA1c

Traitement : Electrophorèse, en %

DESCRIPTION AVANT TRONCATURE	
Ni / Nu	52 / 52
Min	5,3
Max	5,7
Med	5,5
MAD	0,1
MADe	0,148
TYPE DE TRONCATURE : MADe	
Med - 5*MADe	4,759
Med + 5*MADe	6,241
Liste des valeurs aberrantes	
DESCRIPTION APRES TRONCATURE	
N*	52
Min*	5,3
Max*	5,7
Med*	5,5
RESULTAT DE L'ALGORITHME A	
Nombre d'itérations	9
Liste des valeurs extrêmes	5,7 (11E5-1) / 5,3 (5BA-1) / 5,3 (5B9-2) / 5,3 (F3A-1) / 5,7 (08D-1) / 5,3 (1033-1) /
Moy r	5,5
ET r	0,105
CV r (%)	1,92
u (Moy r)	0,018
u (Moy r) négligeable?	VRAI

Boxplot (Xi)

Histogramme (Xi)

****Légende**** Ni effectif initial Nu effectif utilisable Med médiane Min/Max valeur minimale/maximale MAD/MADe écart absolu médian/pondéré
Moy moyenne ET écart-type CV coefficient de variation u_(Moy r) incertitude-type « * » après troncature « r » robuste

****Note**** Les résultats rendus avec les opérateurs de comparaison/signes (≥ / ≤ / < / >) sont ignorés d'où un Ni / Nu différent.

Annexe II - Traitements statistiques quantitatifs initiaux Hémoglobine Glyquée - Echantillon 2121

Paramètre : HbA1c

Traitement : Electrophorèse, en mmol/mol

DESCRIPTION AVANT TRONCATURE	
Ni / Nu	52 / 52
Min	34,429
Max	38,801
Med	36,615
MAD	1,093
MADe	1,62
TYPE DE TRONCATURE : MADe	
Med - 5*MADe	28,513
Med + 5*MADe	44,717
Liste des valeurs aberrantes	
DESCRIPTION APRES TRONCATURE	
N*	52
Min*	34,429
Max*	38,801
Med*	36,615
RESULTAT DE L'ALGORITHME A	
Nombre d'itérations	11
Liste des valeurs extrêmes	38,801 (11E5-1) / 34,429 (5BA-1) / 34,429 (5B9-2) / 34,429 (F3A-1) / 38,801 (08D-1) / 34,429 (1033-1) /
Moy r	36,611
ET r	1,151
CV r (%)	3,14
u (Moy r)	0,2
u (Moy r) négligeable?	VRAI

Boxplot (Xi)

Histogramme (Xi)

****Légende**** Ni effectif initial Nu effectif utilisable Med médiane Min/Max valeur minimale/maximale MAD/MADe écart absolu médian/pondéré Moy moyenne ET écart-type CV coefficient de variation u_(Moy r) incertitude-type * * » après troncature « r » robuste

****Note**** Les résultats rendus avec les opérateurs de comparaison/signes (≥ / ≤ / < / >) sont ignorés d'où un Ni / Nu différent.

Annexe II - Traitements statistiques quantitatifs initiaux Hémoglobine Glyquée - Echantillon 2121

Paramètre : HbA1c

Traitement : Inhibition de l'agglutination, en %

DESCRIPTION AVANT TRONCATURE	
Ni / Nu	20 / 20
Min	5
Max	7,9
Med	5,5
MAD	0,1
MADe	0,148
TYPE DE TRONCATURE : MADe	
Med - 5*MADe	4,759
Med + 5*MADe	6,241
Liste des valeurs aberrantes	7,9 (177-1) /
DESCRIPTION APRES TRONCATURE	
N*	19
Min*	5
Max*	6
Med*	5,5
RESULTAT DE L'ALGORITHME A	
Nombre d'itérations	25
Liste des valeurs extrêmes	5,9 (38C-2) / 5,21 (406-1) / 6 (752-2) / 5 (5F5-2) / 5,9 (494-1) /
Moy r	5,534
ET r	0,23
CV r (%)	4,15
u (Moy r)	0,066
u (Moy r) négligeable?	VRAI

Boxplot (Xi)

Histogramme (Xi)

****Légende**** Ni effectif initial Nu effectif utilisable Med médiane Min/Max valeur minimale/maximale MAD/MADe écart absolu médian/pondéré
Moy moyenne ET écart-type CV coefficient de variation u_(Moy r) incertitude-type * * » après troncature « r » robuste

****Note**** Les résultats rendus avec les opérateurs de comparaison/signes (≥ / ≤ / < / >) sont ignorés d'où un Ni / Nu différent.

Annexe II - Traitements statistiques quantitatifs initiaux Hémoglobine Glyquée - Echantillon 2121

Paramètre : HbA1c

Traitement : Inhibition de l'agglutination, en mmol/mol

DESCRIPTION AVANT TRONCATURE	
Ni / Nu	20 / 20
Min	31,15
Max	62,847
Med	36,615
MAD	1,093
MADe	1,62
TYPE DE TRONCATURE : MADe	
Med - 5*MADe	28,513
Med + 5*MADe	44,717
Liste des valeurs aberrantes	62,847 (177-1) /
DESCRIPTION APRES TRONCATURE	
N*	19
Min*	31,15
Max*	42,08
Med*	36,615
RESULTAT DE L'ALGORITHME A	
Nombre d'itérations	32
Liste des valeurs extrêmes	40,987 (38C-2) / 33,445 (406-1) / 42,08 (752-2) / 31,15 (5F5-2) / 40,987 (494-1) /
Moy r	36,986
ET r	2,513
CV r (%)	6,79
u (Moy r)	0,721
u (Moy r) négligeable?	VRAI

Boxplot (Xi)

Histogramme (Xi)

****Légende**** Ni effectif initial Nu effectif utilisable Med médiane Min/Max valeur minimale/maximale MAD/MADe écart absolu médian/pondéré
Moy moyenne ET écart-type CV coefficient de variation u_(Moy r) incertitude-type « * » après troncature « r » robuste

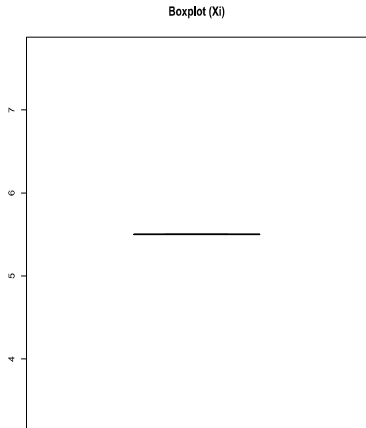
****Note**** Les résultats rendus avec les opérateurs de comparaison/signes (≥ / ≤ / < / >) sont ignorés d'où un Ni / Nu différent.

Annexe II - Traitements statistiques quantitatifs initiaux Hémoglobine Glyquée - Echantillon 2121

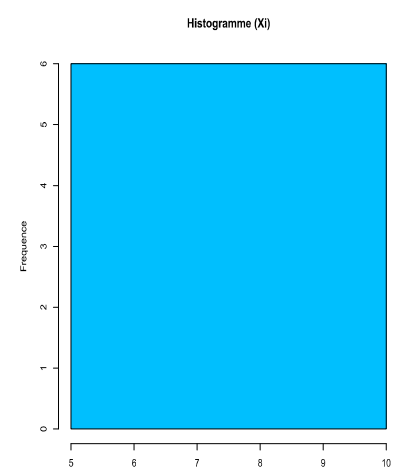
Paramètre : HbA1c

Traitement : BIORAD - D-10 system (220-0101EX), Chromatographie liquide haute performance en %

DESCRIPTION AVANT TRONCATURE	
Ni / Nu	10 / 10
Min	5,4
Max	5,6
Med	5,5
MAD	0
MADe	0
TYPE DE TRONCATURE : Aucune	
Med - 5*MADe	-
Med + 5*MADe	-
Liste des valeurs aberrantes	
DESCRIPTION APRES TRONCATURE	
N*	10
Min*	5,4
Max*	5,6
Med*	5,5
RESULTAT DE L'ALGORITHME A	
Nombre d'itérations	1
Liste des valeurs extrêmes	
Moy r	5,5
ET r	0
CV r (%)	0
u (Moy r)	0
u (Moy r) négligeable?	VRAI



Boxplot (Xi)



Histogramme (Xi)

****Légende**** Ni effectif initial Nu effectif utilisable Med médiane Min/Max valeur minimale/maximale MAD/MADe écart absolu médian/pondéré
Moy moyenne ET écart-type CV coefficient de variation $u_{(Moy r)}$ incertitude-type « * » après troncature « r » robuste

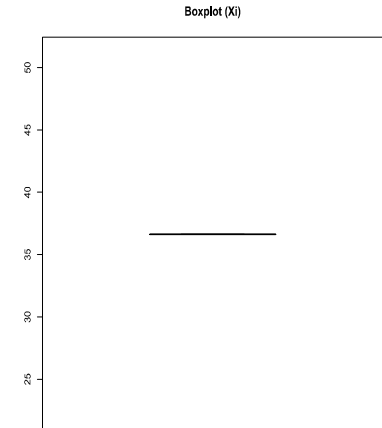
****Note**** Les résultats rendus avec les opérateurs de comparaison/signes ($\geq / \leq / < / >$) sont ignorés d'où un Ni / Nu différent.

Annexe II - Traitements statistiques quantitatifs initiaux Hémoglobine Glyquée - Echantillon 2121

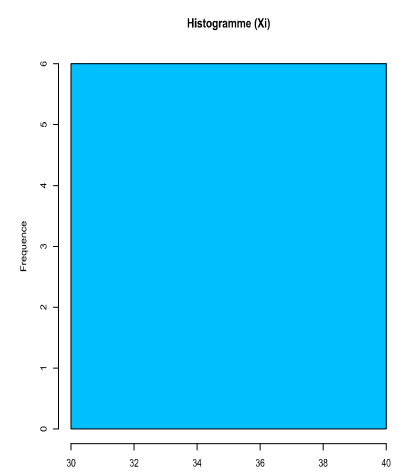
Paramètre : HbA1c

Traitement : BIORAD - D-10 system (220-0101EX), Chromatographie liquide haute performance en mmol/mol

DESCRIPTION AVANT TRONCATURE	
Ni / Nu	10 / 10
Min	35,522
Max	37,708
Med	36,615
MAD	0
MADe	0
TYPE DE TRONCATURE : Aucune	
Med - 5*MADe	-
Med + 5*MADe	-
Liste des valeurs aberrantes	
DESCRIPTION APRES TRONCATURE	
N*	10
Min*	35,522
Max*	37,708
Med*	36,615
RESULTAT DE L'ALGORITHME A	
Nombre d'itérations	1
Liste des valeurs extrêmes	
Moy r	36,615
ET r	0
CV r (%)	0
u (Moy r)	0
u (Moy r) négligeable?	VRAI



Boxplot (Xi)



Histogramme (Xi)

****Légende**** Ni effectif initial Nu effectif utilisable Med médiane Min/Max valeur minimale/maximale MAD/MADe écart absolu médian/pondéré
Moy moyenne ET écart-type CV coefficient de variation u_(Moy r) incertitude-type « * » après troncature « r » robuste

****Note**** Les résultats rendus avec les opérateurs de comparaison/signes (≥ / ≤ / < / >) sont ignorés d'où un Ni / Nu différent.

Annexe II - Traitements statistiques quantitatifs initiaux Hémoglobine Glyquée - Echantillon 2121

Paramètre : HbA1c

Traitement : BIORAD - Variant II Turbo A1c (270-2455EX), Chromatographie liquide haute performance en %

DESCRIPTION AVANT TRONCATURE	
Ni / Nu	7 / 7
Min	5,2
Max	5,9
Med	5,55
MAD	0,05
MADe	0,074
TYPE DE TRONCATURE : MADe	
Med - 5*MADe	5,179
Med + 5*MADe	5,921
Liste des valeurs aberrantes	
DESCRIPTION APRES TRONCATURE	
N*	7
Min*	5,2
Max*	5,9
Med*	5,55
RESULTAT DE L'ALGORITHME A	
Nombre d'itérations	8
Liste des valeurs extrêmes	5,2 (104B-1) / 5,9 (1167-1) / 5,9 (1167-2) /
Moy r	5,593
ET r	0,279
CV r (%)	4,98
u (Moy r)	0,132
u (Moy r) négligeable?	FAUX

Boxplot (Xi)

Histogramme (Xi)

****Légende**** Ni effectif initial Nu effectif utilisable Med médiane Min/Max valeur minimale/maximale MAD/MADe écart absolu médian/pondéré
Moy moyenne ET écart-type CV coefficient de variation $u_{(Moy r)}$ incertitude-type « * » après troncature « r » robuste

****Note**** Les résultats rendus avec les opérateurs de comparaison/signes ($\geq / \leq / < / >$) sont ignorés d'où un Ni / Nu différent.

Annexe II - Traitements statistiques quantitatifs initiaux Hémoglobine Glyquée - Echantillon 2121

Paramètre : HbA1c

Traitement : BIORAD - Variant II Turbo A1c (270-2455EX), Chromatographie liquide haute performance en mmol/mol

DESCRIPTION AVANT TRONCATURE	
Ni / Nu	7 / 7
Min	33,336
Max	40,987
Med	37,162
MAD	0,547
MADe	0,81
TYPE DE TRONCATURE : MADe	
Med - 5*MADe	33,11
Med + 5*MADe	41,213
Liste des valeurs aberrantes	
DESCRIPTION APRES TRONCATURE	
N*	7
Min*	33,336
Max*	40,987
Med*	37,162
RESULTAT DE L'ALGORITHME A	
Nombre d'itérations	8
Liste des valeurs extrêmes	33,336 (104B-1) / 40,987 (1167-1) / 40,987 (1167-2) /
Moy r	37,63
ET r	3,045
CV r (%)	8,09
u (Moy r)	1,439
u (Moy r) négligeable?	FAUX

Boxplot (Xi)

Histogramme (Xi)

****Légende**** Ni effectif initial Nu effectif utilisable Med médiane Min/Max valeur minimale/maximale MAD/MADe écart absolu médian/pondéré
Moy moyenne ET écart-type CV coefficient de variation u_(Moy r) incertitude-type « * » après troncature « r » robuste

****Note**** Les résultats rendus avec les opérateurs de comparaison/signes (≥ / ≤ / < / >) sont ignorés d'où un Ni / Nu différent.

Annexe II - Traitements statistiques quantitatifs initiaux Hémoglobine Glyquée - Echantillon 2121

Paramètre : HbA1c

Traitement : ROCHE DIAGNOSTICS - A1c-3 Cobas c111, 311, 501, 502, 513 et Intégra 400 (05336180190/05336163190), Inhibition a

DESCRIPTION AVANT TRONCATURE	
Ni / Nu	16 / 16
Min	5
Max	7,9
Med	5,5
MAD	0,1
MADe	0,148
TYPE DE TRONCATURE : MADe	
Med - 5*MADe	4,759
Med + 5*MADe	6,241
Liste des valeurs aberrantes	7,9 (177-1) /
DESCRIPTION APRES TRONCATURE	
N*	15
Min*	5
Max*	5,9
Med*	5,5
RESULTAT DE L'ALGORITHME A	
Nombre d'itérations	18
Liste des valeurs extrêmes	5,21 (406-1) / 5 (5F5-2) / 5,9 (494-1) /
Moy r	5,494
ET r	0,186
CV r (%)	3,39
u (Moy r)	0,06
u (Moy r) négligeable?	FAUX

Boxplot (Xi)

Histogramme (Xi)

****Légende**** Ni effectif initial Nu effectif utilisable Med médiane Min/Max valeur minimale/maximale MAD/MADe écart absolu médian/pondéré Moy moyenne ET écart-type CV coefficient de variation $u_{(Moy r)}$ incertitude-type « * » après troncature « r » robuste

****Note**** Les résultats rendus avec les opérateurs de comparaison/signes (\geq / \leq / $<$ / $>$) sont ignorés d'où un Ni / Nu différent.

Annexe II - Traitements statistiques quantitatifs initiaux Hémoglobine Glyquée - Echantillon 2121

Paramètre : HbA1c

Traitement : ROCHE DIAGNOSTICS - A1c-3 Cobas c111, 311, 501, 502, 513 et Intégra 400 (05336180190/05336163190), Inhibition a

DESCRIPTION AVANT TRONCATURE	
Ni / Nu	16 / 16
Min	31,15
Max	62,847
Med	36,615
MAD	1,093
MADe	1,62
TYPE DE TRONCATURE : MADe	
Med - 5*MADe	28,513
Med + 5*MADe	44,717
Liste des valeurs aberrantes	62,847 (177-1) /
DESCRIPTION APRES TRONCATURE	
N*	15
Min*	31,15
Max*	40,987
Med*	36,615
RESULTAT DE L'ALGORITHME A	
Nombre d'itérations	24
Liste des valeurs extrêmes	33,445 (406-1) / 31,15 (5F5-2) / 40,987 (494-1) /
Moy r	36,552
ET r	2,034
CV r (%)	5,57
u (Moy r)	0,657
u (Moy r) négligeable?	FAUX

Boxplot (Xi)

Histogramme (Xi)

****Légende**** Ni effectif initial Nu effectif utilisable Med médiane Min/Max valeur minimale/maximale MAD/MADe écart absolu médian/pondéré
Moy moyenne ET écart-type CV coefficient de variation u_(Moy r) incertitude-type * * » après troncature « r » robuste

****Note**** Les résultats rendus avec les opérateurs de comparaison/signes (≥ / ≤ / < / >) sont ignorés d'où un Ni / Nu différent.

Annexe II - Traitements statistiques quantitatifs initiaux Hémoglobine Glyquée - Echantillon 2121

Paramètre : HbA1c

Traitement : SEBIA - CAPI 3 Hb A1c w/Capillarys 3 (2515), Electrophorèse en %

DESCRIPTION AVANT TRONCATURE	
Ni / Nu	35 / 35
Min	5,3
Max	5,7
Med	5,5
MAD	0,1
MADe	0,148
TYPE DE TRONCATURE : MADe	
Med - 5*MADe	4,759
Med + 5*MADe	6,241
Liste des valeurs aberrantes	
DESCRIPTION APRES TRONCATURE	
N*	35
Min*	5,3
Max*	5,7
Med*	5,5
RESULTAT DE L'ALGORITHME A	
Nombre d'itérations	7
Liste des valeurs extrêmes	5,7 (11E5-1) / 5,3 (5B9-2) / 5,7 (08D-1) /
Moy r	5,527
ET r	0,1
CV r (%)	1,8
u (Moy r)	0,021
u (Moy r) négligeable?	VRAI

Boxplot (Xi)

Histogramme (Xi)

****Légende**** Ni effectif initial Nu effectif utilisable Med médiane Min/Max valeur minimale/maximale MAD/MADe écart absolu médian/pondéré
Moy moyenne ET écart-type CV coefficient de variation u_(Moy r) incertitude-type « * » après troncature « r » robuste

****Note**** Les résultats rendus avec les opérateurs de comparaison/signes (≥ / ≤ / < / >) sont ignorés d'où un Ni / Nu différent.

Annexe II - Traitements statistiques quantitatifs initiaux Hémoglobine Glyquée - Echantillon 2121

Paramètre : HbA1c

Traitement : SEBIA - CAPI 3 Hb A1c w/Capillarys 3 (2515), Electrophorèse en mmol/mol

DESCRIPTION AVANT TRONCATURE	
Ni / Nu	35 / 35
Min	34,429
Max	38,801
Med	36,615
MAD	1,093
MADe	1,62
TYPE DE TRONCATURE : MADe	
Med - 5*MADe	28,513
Med + 5*MADe	44,717
Liste des valeurs aberrantes	
DESCRIPTION APRES TRONCATURE	
N*	35
Min*	34,429
Max*	38,801
Med*	36,615
RESULTAT DE L'ALGORITHME A	
Nombre d'itérations	9
Liste des valeurs extrêmes	38,801 (11E5-1) / 34,429 (5B9-2) / 38,801 (08D-1) /
Moy r	36,905
ET r	1,089
CV r (%)	2,95
u (Moy r)	0,23
u (Moy r) négligeable?	VRAI

Boxplot (Xi)

Histogramme (Xi)

****Légende**** Ni effectif initial Nu effectif utilisable Med médiane Min/Max valeur minimale/maximale MAD/MADe écart absolu médian/pondéré
Moy moyenne ET écart-type CV coefficient de variation u_(Moy r) incertitude-type « * » après troncature « r » robuste

****Note**** Les résultats rendus avec les opérateurs de comparaison/signes (≥ / ≤ / < / >) sont ignorés d'où un Ni / Nu différent.

Annexe II - Traitements statistiques quantitatifs initiaux Hémoglobine Glyquée - Echantillon 2121

Paramètre : HbA1c

Traitement : SEBIA - Capillarys Hb A1c w/ Capillarys 2 Flex piercing (2015), Electrophorèse en %

DESCRIPTION AVANT TRONCATURE	
Ni / Nu	17 / 17
Min	5,3
Max	5,6
Med	5,4
MAD	0,1
MADe	0,148
TYPE DE TRONCATURE : MADe	
Med - 5*MADe	4,659
Med + 5*MADe	6,141
Liste des valeurs aberrantes	
DESCRIPTION APRES TRONCATURE	
N*	17
Min*	5,3
Max*	5,6
Med*	5,4
RESULTAT DE L'ALGORITHME A	
Nombre d'itérations	2
Liste des valeurs extrêmes	
Moy r	5,441
ET r	0,107
CV r (%)	1,96
u (Moy r)	0,032
u (Moy r) négligeable?	FAUX

Boxplot (Xi)

Histogramme (Xi)

****Légende**** Ni effectif initial Nu effectif utilisable Med médiane Min/Max valeur minimale/maximale MAD/MADe écart absolu médian/pondéré Moy moyenne ET écart-type CV coefficient de variation u_(Moy r) incertitude-type « * » après troncature « r » robuste

****Note**** Les résultats rendus avec les opérateurs de comparaison/signes (≥ / ≤ / < / >) sont ignorés d'où un Ni / Nu différent.

Annexe II - Traitements statistiques quantitatifs initiaux Hémoglobine Glyquée - Echantillon 2121

Paramètre : HbA1c

Traitement : SEBIA - Capillarys Hb A1c w/ Capillarys 2 Flex piercing (2015), Electroforèse en mmol/mol

DESCRIPTION AVANT TRONCATURE	
Ni / Nu	17 / 17
Min	34,429
Max	37,708
Med	35,522
MAD	1,093
MADe	1,62
TYPE DE TRONCATURE : MADe	
Med - 5*MADe	27,42
Med + 5*MADe	43,624
Liste des valeurs aberrantes	
DESCRIPTION APRES TRONCATURE	
N*	17
Min*	34,429
Max*	37,708
Med*	35,522
RESULTAT DE L'ALGORITHME A	
Nombre d'itérations	2
Liste des valeurs extrêmes	
Moy r	35,972
ET r	1,164
CV r (%)	3,24
u (Moy r)	0,353
u (Moy r) négligeable?	FAUX

Boxplot (Xi)

Histogramme (Xi)

****Légende**** Ni effectif initial Nu effectif utilisable Med médiane Min/Max valeur minimale/maximale MAD/MADe écart absolu médian/pondéré Moy moyenne ET écart-type CV coefficient de variation $u_{(Moy r)}$ incertitude-type « * » après troncature « r » robuste

****Note**** Les résultats rendus avec les opérateurs de comparaison/signes ($\geq / \leq / < / >$) sont ignorés d'où un Ni / Nu différent.

Annexe II - Traitements statistiques quantitatifs initiaux Hémoglobine Glyquée - Echantillon 2121

Paramètre : HbA1c

Traitement : TOSOH BIOSCIENCES - G11 HPLC analyzer (HLC-723G11), Chromatographie liquide haute performance en %

DESCRIPTION AVANT TRONCATURE	
Ni / Nu	27 / 27
Min	5,39
Max	5,7
Med	5,5
MAD	0,056
MADe	0,083
TYPE DE TRONCATURE : MADe	
Med - 5*MADe	5,085
Med + 5*MADe	5,915
Liste des valeurs aberrantes	
DESCRIPTION APRES TRONCATURE	
N*	27
Min*	5,39
Max*	5,7
Med*	5,5
RESULTAT DE L'ALGORITHME A	
Nombre d'itérations	5
Liste des valeurs extrêmes	5,7 (FA0-1) /
Moy r	5,499
ET r	0,074
CV r (%)	1,35
u (Moy r)	0,018
u (Moy r) négligeable?	VRAI

Boxplot (Xi)

Histogramme (Xi)

****Légende**** Ni effectif initial Nu effectif utilisable Med médiane Min/Max valeur minimale/maximale MAD/MADe écart absolu médian/pondéré
Moy moyenne ET écart-type CV coefficient de variation u_(Moy r) incertitude-type « * » après troncature « r » robuste

****Note**** Les résultats rendus avec les opérateurs de comparaison/signes (≥ / ≤ / < / >) sont ignorés d'où un Ni / Nu différent.

Annexe II - Traitements statistiques quantitatifs initiaux Hémoglobine Glyquée - Echantillon 2121

Paramètre : HbA1c

Traitement : TOSOH BIOSCIENCES - G11 HPLC analyzer (HLC-723G11), Chromatographie liquide haute performance en mmol/mol

DESCRIPTION AVANT TRONCATURE	
Ni / Nu	27 / 27
Min	35,413
Max	38,801
Med	36,615
MAD	0,615
MADe	0,912
TYPE DE TRONCATURE : MADe	
Med - 5*MADe	32,056
Med + 5*MADe	41,174
Liste des valeurs aberrantes	
DESCRIPTION APRES TRONCATURE	
N*	27
Min*	35,413
Max*	38,801
Med*	36,615
RESULTAT DE L'ALGORITHME A	
Nombre d'itérations	6
Liste des valeurs extrêmes	38,801 (FA0-1) /
Moy r	36,602
ET r	0,812
CV r (%)	2,22
u (Moy r)	0,195
u (Moy r) négligeable?	VRAI

Boxplot (Xi)

Histogramme (Xi)

****Légende**** Ni effectif initial Nu effectif utilisable Med médiane Min/Max valeur minimale/maximale MAD/MADe écart absolu médian/pondéré Moy moyenne ET écart-type CV coefficient de variation $u_{(Moy r)}$ incertitude-type « * » après troncature « r » robuste

****Note**** Les résultats rendus avec les opérateurs de comparaison/signes ($\geq / \leq / < / >$) sont ignorés d'où un Ni / Nu différent.

Annexe II - Traitements statistiques quantitatifs initiaux Hémoglobine Glyquée - Echantillon 2121

Paramètre : HbA1c

Traitement : TOSOH BIOSCIENCES - G8 HPLC analyzer (HLC-723G8), Chromatographie liquide haute performance en %

DESCRIPTION AVANT TRONCATURE	
Ni / Nu	26 / 26
Min	5,2
Max	5,73
Med	5,415
MAD	0,074
MADe	0,109
TYPE DE TRONCATURE : MADe	
Med - 5*MADe	4,868
Med + 5*MADe	5,962
Liste des valeurs aberrantes	
DESCRIPTION APRES TRONCATURE	
N*	26
Min*	5,2
Max*	5,73
Med*	5,415
RESULTAT DE L'ALGORITHME A	
Nombre d'itérations	9
Liste des valeurs extrêmes	5,73 (6AE-1) / 5,2 (175-1) / 5,6 (1202-1) / 5,6 (CEA-1) /
Moy r	5,419
ET r	0,104
CV r (%)	1,93
u (Moy r)	0,026
u (Moy r) négligeable?	VRAI

Boxplot (Xi)

Histogramme (Xi)

****Légende**** Ni effectif initial Nu effectif utilisable Med médiane Min/Max valeur minimale/maximale MAD/MADe écart absolu médian/pondéré
Moy moyenne ET écart-type CV coefficient de variation u_(Moy r) incertitude-type « * » après troncature « r » robuste

****Note**** Les résultats rendus avec les opérateurs de comparaison/signes (≥ / ≤ / < / >) sont ignorés d'où un Ni / Nu différent.

Annexe II - Traitements statistiques quantitatifs initiaux Hémoglobine Glyquée - Echantillon 2121

Paramètre : HbA1c

Traitement : TOSOH BIOSCIENCES - G8 HPLC analyzer (HLC-723G8), Chromatographie liquide haute performance en mmol/mol

DESCRIPTION AVANT TRONCATURE	
Ni / Nu	26 / 26
Min	33,336
Max	39,129
Med	35,686
MAD	0,808
MADe	1,197
TYPE DE TRONCATURE : MADe	
Med - 5*MADe	29,7
Med + 5*MADe	41,672
Liste des valeurs aberrantes	
DESCRIPTION APRES TRONCATURE	
N*	26
Min*	33,336
Max*	39,129
Med*	35,686
RESULTAT DE L'ALGORITHME A	
Nombre d'itérations	13
Liste des valeurs extrêmes	39,129 (6AE-1) / 33,336 (175-1) / 37,708 (1202-1) / 37,708 (CEA-1) /
Moy r	35,725
ET r	1,14
CV r (%)	3,19
u (Moy r)	0,28
u (Moy r) négligeable?	VRAI

Boxplot (Xi)

Histogramme (Xi)

****Légende**** Ni effectif initial Nu effectif utilisable Med médiane Min/Max valeur minimale/maximale MAD/MADe écart absolu médian/pondéré Moy moyenne ET écart-type CV coefficient de variation u_(Moy r) incertitude-type « * » après troncature « r » robuste

****Note**** Les résultats rendus avec les opérateurs de comparaison/signes (≥ / ≤ / < / >) sont ignorés d'où un Ni / Nu différent.

Annexe II - Traitements statistiques quantitatifs initiaux Hémoglobine Glyquée - Echantillon 2121

Paramètre : HbA1c

Traitement : TOSOH BIOSCIENCES - GX HPLC analyzer (HLC-723GX), Chromatographie liquide haute performance en %

DESCRIPTION AVANT TRONCATURE	
Ni / Nu	7 / 7
Min	5,16
Max	5,6
Med	5,43
MAD	0,07
MADe	0,104
TYPE DE TRONCATURE : MADe	
Med - 5*MADe	4,911
Med + 5*MADe	5,949
Liste des valeurs aberrantes	
DESCRIPTION APRES TRONCATURE	
N*	7
Min*	5,16
Max*	5,6
Med*	5,43
RESULTAT DE L'ALGORITHME A	
Nombre d'itérations	18
Liste des valeurs extrêmes	5,6 (122A-1) / 5,16 (1186-1) /
Moy r	5,415
ET r	0,161
CV r (%)	2,97
u (Moy r)	0,076
u (Moy r) négligeable?	FAUX

Boxplot (Xi)

Histogramme (Xi)

****Légende**** Ni effectif initial Nu effectif utilisable Med médiane Min/Max valeur minimale/maximale MAD/MADe écart absolu médian/pondéré
Moy moyenne ET écart-type CV coefficient de variation u_(Moy r) incertitude-type « * » après troncature « r » robuste

****Note**** Les résultats rendus avec les opérateurs de comparaison/signes (≥ / ≤ / < / >) sont ignorés d'où un Ni / Nu différent.

Annexe II - Traitements statistiques quantitatifs initiaux Hémoglobine Glyquée - Echantillon 2121

Paramètre : HbA1c

Traitement : TOSOH BIOSCIENCES - GX HPLC analyzer (HLC-723GX), Chromatographie liquide haute performance en mmol/mol

DESCRIPTION AVANT TRONCATURE	
Ni / Nu	7 / 7
Min	32,899
Max	37,708
Med	35,85
MAD	0,765
MADe	1,134
TYPE DE TRONCATURE : MADe	
Med - 5*MADe	30,178
Med + 5*MADe	41,522
Liste des valeurs aberrantes	
DESCRIPTION APRES TRONCATURE	
N*	7
Min*	32,899
Max*	37,708
Med*	35,85
RESULTAT DE L'ALGORITHME A	
Nombre d'itérations	23
Liste des valeurs extrêmes	37,708 (122A-1) / 32,899 (1186-1) /
Moy r	35,684
ET r	1,757
CV r (%)	4,92
u (Moy r)	0,83
u (Moy r) négligeable?	FAUX

Boxplot (Xi)

Histogramme (Xi)

****Légende**** Ni effectif initial Nu effectif utilisable Med médiane Min/Max valeur minimale/maximale MAD/MADe écart absolu médian/pondéré
Moy moyenne ET écart-type CV coefficient de variation u_(Moy r) incertitude-type « * » après troncature « r » robuste

****Note**** Les résultats rendus avec les opérateurs de comparaison/signes (≥ / ≤ / < / >) sont ignorés d'où un Ni / Nu différent.