

Annexe I - Traitements statistiques quantitatifs conservés après analyse

Hémoglobine Glyquée - Echantillon 2122

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	5,5	9,4	6,9	154	6,4	7,5	6,9	6,894	0,013	0,125	1,82
<i>en mmol/mol</i>													
Toute technique	159	159	36,615	79,242	51,917	154	46,452	58,475	51,917	51,856	0,138	1,37	2,64
Groupe technique													
<i>en %</i>													
Chromatographie liquide haute performance	82	82	5,5	7,3	6,9	80	6,6	7,3	6,9	6,905	0,013	0,095	1,37
Electrophorèse	52	52	6,5	7,1	6,9	52	6,5	7,1	6,9	6,864	0,022	0,124	1,81
Enzymatique	5	5	6,4	6,5	6,5	-	-	-	-	-	-	-	-
Inhibition de l'agglutination	20	20	6	9,4	7	18	6,8	7,7	7	7,039	0,04	0,137	1,95
<i>en mmol/mol</i>													
Chromatographie liquide haute performance	82	82	36,615	56,289	51,917	80	48,638	56,289	51,917	51,969	0,145	1,037	2
Electrophorèse	52	52	47,545	54,103	51,917	52	47,545	54,103	51,917	51,519	0,236	1,359	2,64
Enzymatique	5	5	46,452	47,545	47,545	-	-	-	-	-	-	-	-
Inhibition de l'agglutination	20	20	42,08	79,242	53,01	18	50,824	60,661	53,01	53,439	0,443	1,502	2,81
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	6,6	7,1	7	10	6,6	7,1	7	7	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	6,85	7,3	6,9	7	6,85	7,3	6,9	7,021	0,105	0,222	3,16
TOSOH BIOSCIENCES - G11 HPLC analyzer (HLC-723G11)	27	27	5,56	7	6,9	26	6,79	7	6,9	6,903	0,018	0,074	1,08
TOSOH BIOSCIENCES - G8 HPLC analyzer (HLC-723G8)	26	26	5,5	7,06	6,9	25	6,66	7,06	6,9	6,873	0,024	0,096	1,39
TOSOH BIOSCIENCES - GX HPLC analyzer (HLC-723GX)	7	7	6,8	7,05	6,94	7	6,8	7,05	6,94	6,941	0,045	0,095	1,37
Chromatographie liquide haute performance en mmol/mx													
ARKRAY - ADAMS A1C (HA-8180)	1	1	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
BIORAD - D-10 system (220-0101EX)	10	10	48,638	54,103	53,01	10	48,638	54,103	53,01	53,01	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	51,371	56,289	51,917	7	51,371	56,289	51,917	53,244	1,145	2,423	4,55
TOSOH BIOSCIENCES - G11 HPLC analyzer (HLC-723G11)	27	27	37,271	53,01	51,917	26	50,715	53,01	51,917	51,952	0,2	0,814	1,57
TOSOH BIOSCIENCES - G8 HPLC analyzer (HLC-723G8)	26	26	36,615	53,666	51,917	25	49,294	53,666	51,917	51,619	0,261	1,045	2,02
TOSOH BIOSCIENCES - GX HPLC analyzer (HLC-723GX)	7	7	50,824	53,557	52,354	7	50,824	53,557	52,354	52,37	0,49	1,038	1,98
Electrophorèse en %													
SEBIA - CAPI 3 Hb A1c w/Capillarys 3 (2515)	35	35	6,7	7	6,9	35	6,7	7	6,9	6,88	0,025	0,119	1,72

****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	6,5	7,1	6,9	17	6,5	7,1	6,9	6,9	0	0	0
Electrophorèse en mmol/mol													
SEBIA - CAPI 3 Hb A1c w/Capillarys 3 (2515)	35	35	49,731	53,01	51,917	35	49,731	53,01	51,917	51,702	0,274	1,295	2,51
SEBIA - Capillarys Hb A1c w/ Capillarys 2 Flex piercing (2015)	17	17	47,545	54,103	51,917	17	47,545	54,103	51,917	51,917	0	0	0
Enzymatique en %													
ABBOTT DIAGNOSTIC - Alinity c Hemoglobine A1c reagent (08P432)	2	2	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
ABBOTT DIAGNOSTIC - Architect c systems – Hemoglobine A1c (04)	3	3	6,4	6,5	6,5	-	-	-	-	-	-	-	-
Enzymatique en mmol/mol													
ABBOTT DIAGNOSTIC - Alinity c Hemoglobine A1c reagent (08P432)	2	2	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
ABBOTT DIAGNOSTIC - Architect c systems – Hemoglobine A1c (04)	3	3	46,452	47,545	47,545	-	-	-	-	-	-	-	-
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	6	9,4	7	14	6,83	7,21	7	7,028	0,031	0,092	1,31
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 (\geq / \leq / $<$ / $>$) 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	42,08	79,242	53,01	14	51,152	55,305	53,01	53,32	0,336	1,007	1,89
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 2122

Paramètre : HbA1c

Traitement : Toute technique, en %

DESCRIPTION AVANT TRONCATURE	
Ni / Nu	159 / 159
Min	5,5
Max	9,4
Med	6,9
MAD	0,1
MADe	0,148
TYPE DE TRONCATURE : MADe	
Med - 5*MADe	6,159
Med + 5*MADe	7,641
Liste des valeurs aberrantes	7,7 (38C-2) / 6 (5F5-2) / 5,56 (1144-1) / 5,5 (2E9-1) / 9,4 (177-1) /
DESCRIPTION APRES TRONCATURE	
N*	154
Min*	6,4
Max*	7,5
Med*	6,9
RESULTAT DE L'ALGORITHME A	
Nombre d'itérations	16
Liste des valeurs extrêmes	7,1 (0D6-1) / 6,5 (C0A-1) / 7,3 (1167-1) / 7,3 (1167-2) / 6,4 (FA8-1) / 7,1 (2F3-1) / 6,5 (3A2-1) / 6,7 (A48-1) / 6,7 (0FE-2) / 6,7 (175-1) / 6,7 (5BA-1) / 6,6 (FAF-2) / 6,7 (8AF-1) / 7,5 (752-2) / 6,7 (800-1) / 6,7 (800-2) / 6,5 (311-1) / 6,7 (311-2) / 6,7 (5E3-1) / 7,1 (1118-2) / 6,7 (A90-1) / 6,7 (091-1) / 7,1 (11E6-1) / 6,6 (38C-1) / 6,478 (F73-1) / 6,5 (F9B-1) / 6,7 (0C8-1) / 6,6 (1033-1) / 7,1 (188-1) / 6,66 (1169-1) / 6,6 (FCF-1) / 7,1 (494-1) / 7,21 (F8B-1) /
Moy r	6,894
ET r	0,125
CV r (%)	1,82
u (Moy r)	0,013
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 2122

Paramètre : HbA1c

Traitement : Toute technique, en mmol/mol

DESCRIPTION AVANT TRONCATURE	
Ni / Nu	159 / 159
Min	36,615
Max	79,242
Med	51,917
MAD	1,093
MADe	1,62
TYPE DE TRONCATURE : MADe	
Med - 5*MADe	43,815
Med + 5*MADe	60,019
Liste des valeurs aberrantes	60,661 (38C-2) / 42,08 (5F5-2) / 37,271 (1144-1) / 36,615 (2E9-1) / 79,242 (177-1) /
DESCRIPTION APRES TRONCATURE	
N*	154
Min*	46,452
Max*	58,475
Med*	51,917
RESULTAT DE L'ALGORITHME A	
Nombre d'itérations	22
Liste des valeurs extrêmes	54,103 (0D6-1) / 47,545 (C0A-1) / 56,289 (1167-1) / 56,289 (1167-2) / 46,452 (FA8-1) / 54,103 (2F3-1) / 47,545 (3A2-1) / 49,731 (A48-1) / 49,731 (0FE-2) / 49,731 (175-1) / 49,731 (5BA-1) / 48,638 (FAF-2) / 49,731 (8AF-1) / 58,475 (752-2) / 49,731 (800-1) / 49,731 (800-2) / 47,545 (311-1) / 49,731 (311-2) / 49,731 (5E3-1) / 54,103 (1118-2) / 49,731 (A90-1) / 49,731 (091-1) / 54,103 (11E6-1) / 48,638 (38C-1) / 47,3 (F73-1) / 47,545 (F9B-1) / 49,731 (0C8-1) / 48,638 (1033-1) / 54,103 (188-1) / 49,294 (1169-1) / 48,638 (FCF-1) / 54,103 (494-1) / 55,305 (E8B-1) /
Moy r	51,856
ET r	1,37
CV r (%)	2,64
u (Moy r)	0,138
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 2122

Paramètre : HbA1c

Traitement : Chromatographie liquide haute performance, en %

DESCRIPTION AVANT TRONCATURE	
Ni / Nu	82 / 82
Min	5,5
Max	7,3
Med	6,9
MAD	0,082
MADe	0,121
TYPE DE TRONCATURE : MADe	
Med - 5*MADe	6,294
Med + 5*MADe	7,506
Liste des valeurs aberrantes	5,56 (1144-1) / 5,5 (2E9-1) /
DESCRIPTION APRES TRONCATURE	
N*	80
Min*	6,6
Max*	7,3
Med*	6,9
RESULTAT DE L'ALGORITHME A	
Nombre d'itérations	11
Liste des valeurs extrêmes	7,3 (1167-1) / 7,3 (1167-2) / 7,05 (122A-1) / 6,7 (175-1) / 6,6 (FAF-2) / 6,7 (5E3-1) / 7,1 (1118-2) / 6,7 (091-1) / 6,6 (38C-1) / 7,06 (301-1) / 6,66 (1169-1) / 6,6 (FCF-1) / 6,74 (9CA-1) /
Moy r	6,905
ET r	0,095
CV r (%)	1,37
u (Moy r)	0,013
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 2122

Paramètre : HbA1c

Traitement : Chromatographie liquide haute performance, en mmol/mol

DESCRIPTION AVANT TRONCATURE	
Ni / Nu	82 / 82
Min	36,615
Max	56,289
Med	51,917
MAD	0,896
MADe	1,328
TYPE DE TRONCATURE : MADe	
Med - 5*MADe	45,277
Med + 5*MADe	58,557
Liste des valeurs aberrantes	37,271 (1144-1) / 36,615 (2E9-1) /
DESCRIPTION APRES TRONCATURE	
N*	80
Min*	48,638
Max*	56,289
Med*	51,917
RESULTAT DE L'ALGORITHME A	
Nombre d'itérations	14
Liste des valeurs extrêmes	56,289 (1167-1) / 56,289 (1167-2) / 53,557 (122A-1) / 49,731 (175-1) / 48,638 (FAF-2) / 49,731 (5E3-1) / 54,103 (1118-2) / 49,731 (091-1) / 48,638 (38C-1) / 53,666 (301-1) / 49,294 (1169-1) / 48,638 (FCF-1) / 50,168 (9CA-1) /
Moy r	51,969
ET r	1,037
CV r (%)	2
u (Moy r)	0,145
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 2122

Paramètre : HbA1c
Traitement : Electrophorèse, en %

DESCRIPTION AVANT TRONCATURE	
Ni / Nu	52 / 52
Min	6,5
Max	7,1
Med	6,9
MAD	0,1
MADe	0,148
TYPE DE TRONCATURE : MADe	
Med - 5*MADe	6,159
Med + 5*MADe	7,641
Liste des valeurs aberrantes	
DESCRIPTION APRES TRONCATURE	
N*	52
Min*	6,5
Max*	7,1
Med*	6,9
RESULTAT DE L'ALGORITHME A	
Nombre d'itérations	5
Liste des valeurs extrêmes	7,1 (2F3-1) / 6,5 (311-1) / 6,6 (1033-1) /
Moy r	6,864
ET r	0,124
CV r (%)	1,81
u (Moy r)	0,022
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 2122

Paramètre : HbA1c

Traitement : Electrophorèse, en mmol/mol

DESCRIPTION AVANT TRONCATURE	
Ni / Nu	52 / 52
Min	47,545
Max	54,103
Med	51,917
MAD	1,093
MADe	1,62
TYPE DE TRONCATURE : MADe	
Med - 5*MADe	43,815
Med + 5*MADe	60,019
Liste des valeurs aberrantes	
DESCRIPTION APRES TRONCATURE	
N*	52
Min*	47,545
Max*	54,103
Med*	51,917
RESULTAT DE L'ALGORITHME A	
Nombre d'itérations	7
Liste des valeurs extrêmes	54,103 (2F3-1) / 47,545 (311-1) / 48,638 (1033-1) /
Moy r	51,519
ET r	1,359
CV r (%)	2,64
u (Moy r)	0,236
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 2122

Paramètre : HbA1c

Traitement : Inhibition de l'agglutination, en %

DESCRIPTION AVANT TRONCATURE	
Ni / Nu	20 / 20
Min	6
Max	9,4
Med	7
MAD	0,1
MADe	0,148
TYPE DE TRONCATURE : MADe	
Med - 5*MADe	6,259
Med + 5*MADe	7,741
Liste des valeurs aberrantes	6 (5F5-2) / 9,4 (177-1) /
DESCRIPTION APRES TRONCATURE	
N*	18
Min*	6,8
Max*	7,7
Med*	7
RESULTAT DE L'ALGORITHME A	
Nombre d'itérations	11
Liste des valeurs extrêmes	7,7 (38C-2) / 6,83 (008-1) / 7,5 (752-2) / 6,8 (3A1-1) /
Moy r	7,039
ET r	0,137
CV r (%)	1,95
u (Moy r)	0,04
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 2122

Paramètre : HbA1c

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

DESCRIPTION AVANT TRONCATURE	
Ni / Nu	20 / 20
Min	42,08
Max	79,242
Med	53,01
MAD	1,093
MADe	1,62
TYPE DE TRONCATURE : MADe	
Med - 5*MADe	44,908
Med + 5*MADe	61,112
Liste des valeurs aberrantes	42,08 (5F5-2) / 79,242 (177-1) /
DESCRIPTION APRES TRONCATURE	
N*	18
Min*	50,824
Max*	60,661
Med*	53,01
RESULTAT DE L'ALGORITHME A	
Nombre d'itérations	17
Liste des valeurs extrêmes	60,661 (38C-2) / 51,152 (008-1) / 58,475 (752-2) / 50,824 (3A1-1) /
Moy r	53,439
ET r	1,502
CV r (%)	2,81
u (Moy r)	0,443
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

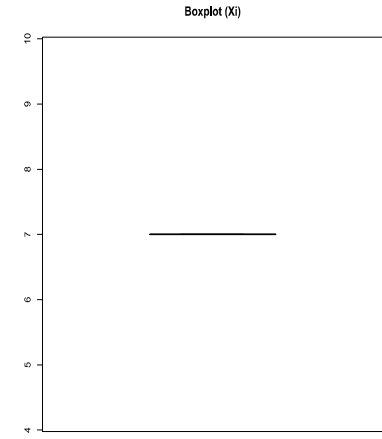
****Note**** Les résultats rendus avec les opérateurs de comparaison/signes (≥ / ≤ / < / >) sont ignorés d'où un Ni / Nu différent.

Annexe II - Traitements statistiques quantitatifs initiaux Hémoglobine Glyquée - Echantillon 2122

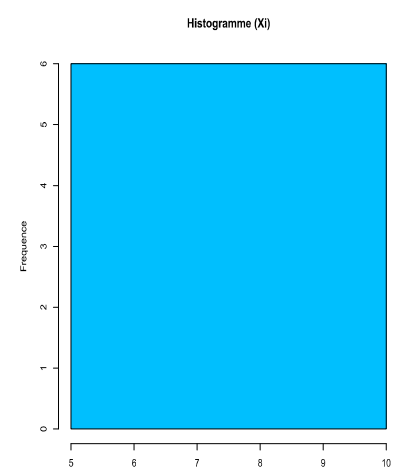
Paramètre : HbA1c

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

DESCRIPTION AVANT TRONCATURE	
Ni / Nu	10 / 10
Min	6,6
Max	7,1
Med	7
MAD	0
MADe	0
TYPE DE TRONCATURE : Aucune	
Med - 5*MADe	-
Med + 5*MADe	-
Liste des valeurs aberrantes	
DESCRIPTION APRES TRONCATURE	
N*	10
Min*	6,6
Max*	7,1
Med*	7
RESULTAT DE L'ALGORITHME A	
Nombre d'itérations	1
Liste des valeurs extrêmes	
Moy r	7
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

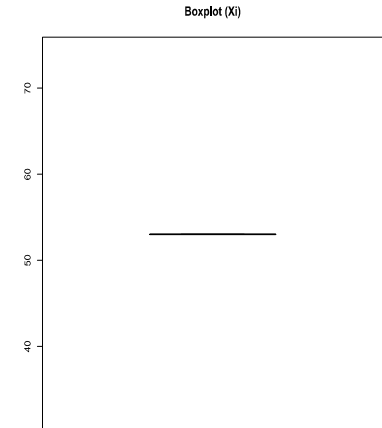
****Note**** Les résultats rendus avec les opérateurs de comparaison/signes ($\geq / \leq / < / >$) sont ignorés d'où un Ni / Nu différent.

Annexe II - Traitements statistiques quantitatifs initiaux Hémoglobine Glyquée - Echantillon 2122

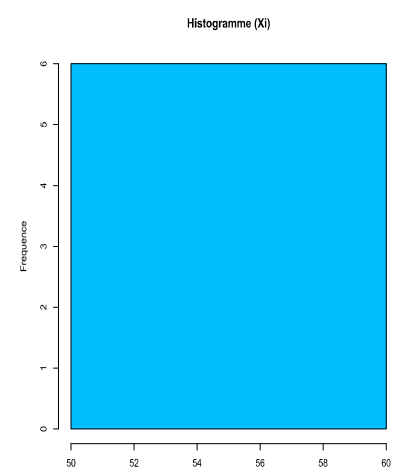
Paramètre : HbA1c

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

DESCRIPTION AVANT TRONCATURE	
Ni / Nu	10 / 10
Min	48,638
Max	54,103
Med	53,01
MAD	0
MADe	0
TYPE DE TRONCATURE : Aucune	
Med - 5*MADe	-
Med + 5*MADe	-
Liste des valeurs aberrantes	
DESCRIPTION APRES TRONCATURE	
N*	10
Min*	48,638
Max*	54,103
Med*	53,01
RESULTAT DE L'ALGORITHME A	
Nombre d'itérations	1
Liste des valeurs extrêmes	
Moy r	53,01
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 2122

Paramètre : HbA1c

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

DESCRIPTION AVANT TRONCATURE	
Ni / Nu	7 / 7
Min	6,85
Max	7,3
Med	6,9
MAD	0,05
MADe	0,074
TYPE DE TRONCATURE : Aucune	
Med - 5*MADe	-
Med + 5*MADe	-
Liste des valeurs aberrantes	
DESCRIPTION APRES TRONCATURE	
N*	7
Min*	6,85
Max*	7,3
Med*	6,9
RESULTAT DE L'ALGORITHME A	
Nombre d'itérations	9
Liste des valeurs extrêmes	7,3 (1167-1) / 7,3 (1167-2) /
Moy r	7,021
ET r	0,222
CV r (%)	3,16
u (Moy r)	0,105
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 2122

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	51,371
Max	56,289
Med	51,917
MAD	0,547
MADe	0,81
TYPE DE TRONCATURE : Aucune	
Med - 5*MADe	-
Med + 5*MADe	-
Liste des valeurs aberrantes	
DESCRIPTION APRES TRONCATURE	
N*	7
Min*	51,371
Max*	56,289
Med*	51,917
RESULTAT DE L'ALGORITHME A	
Nombre d'itérations	9
Liste des valeurs extrêmes	56,289 (1167-1) / 56,289 (1167-2) /
Moy r	53,244
ET r	2,423
CV r (%)	4,55
u (Moy r)	1,145
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 2122

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	6
Max	9,4
Med	7
MAD	0,1
MADe	0,148
TYPE DE TRONCATURE : MADe	
Med - 5*MADe	6,259
Med + 5*MADe	7,741
Liste des valeurs aberrantes	6 (5F5-2) / 9,4 (177-1) /
DESCRIPTION APRES TRONCATURE	
N*	14
Min*	6,83
Max*	7,21
Med*	7
RESULTAT DE L'ALGORITHME A	
Nombre d'itérations	11
Liste des valeurs extrêmes	6,83 (008-1) / 7,21 (F8B-1) /
Moy r	7,028
ET r	0,092
CV r (%)	1,31
u (Moy r)	0,031
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 2122

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	42,08
Max	79,242
Med	53,01
MAD	1,093
MADe	1,62
TYPE DE TRONCATURE : MADe	
Med - 5*MADe	44,908
Med + 5*MADe	61,112
Liste des valeurs aberrantes	42,08 (5F5-2) / 79,242 (177-1) /
DESCRIPTION APRES TRONCATURE	
N*	14
Min*	51,152
Max*	55,305
Med*	53,01
RESULTAT DE L'ALGORITHME A	
Nombre d'itérations	14
Liste des valeurs extrêmes	51,152 (008-1) / 55,305 (F8B-1) /
Moy r	53,32
ET r	1,007
CV r (%)	1,89
u (Moy r)	0,336
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 2122

Paramètre : HbA1c

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

DESCRIPTION AVANT TRONCATURE	
Ni / Nu	35 / 35
Min	6,7
Max	7
Med	6,9
MAD	0,1
MADe	0,148
TYPE DE TRONCATURE : MADe	
Med - 5*MADe	6,159
Med + 5*MADe	7,641
Liste des valeurs aberrantes	
DESCRIPTION APRES TRONCATURE	
N*	35
Min*	6,7
Max*	7
Med*	6,9
RESULTAT DE L'ALGORITHME A	
Nombre d'itérations	9
Liste des valeurs extrêmes	6,7 (A48-1) / 6,7 (OFE-2) / 6,7 (800-1) / 6,7 (800-2) / 6,7 (OC8-1) /
Moy r	6,88
ET r	0,119
CV r (%)	1,72
u (Moy r)	0,025
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 2122

Paramètre : HbA1c

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

DESCRIPTION AVANT TRONCATURE	
Ni / Nu	35 / 35
Min	49,731
Max	53,01
Med	51,917
MAD	1,093
MADe	1,62
TYPE DE TRONCATURE : MADe	
Med - 5*MADe	43,815
Med + 5*MADe	60,019
Liste des valeurs aberrantes	
DESCRIPTION APRES TRONCATURE	
N*	35
Min*	49,731
Max*	53,01
Med*	51,917
RESULTAT DE L'ALGORITHME A	
Nombre d'itérations	13
Liste des valeurs extrêmes	49,731 (A48-1) / 49,731 (OFE-2) / 49,731 (800-1) / 49,731 (800-2) / 49,731 (OC8-1) /
Moy r	51,702
ET r	1,295
CV r (%)	2,51
u (Moy r)	0,274
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

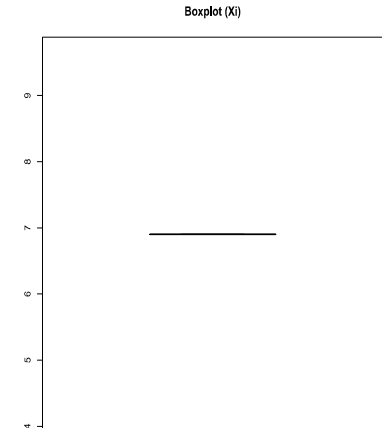
****Note**** Les résultats rendus avec les opérateurs de comparaison/signes (≥ / ≤ / < / >) sont ignorés d'où un Ni / Nu différent.

Annexe II - Traitements statistiques quantitatifs initiaux Hémoglobine Glyquée - Echantillon 2122

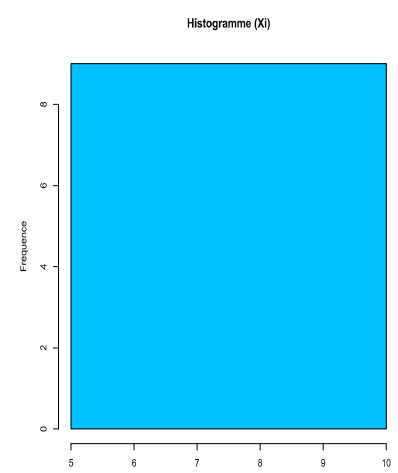
Paramètre : HbA1c

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

DESCRIPTION AVANT TRONCATURE	
Ni / Nu	17 / 17
Min	6,5
Max	7,1
Med	6,9
MAD	0
MADe	0
TYPE DE TRONCATURE : Aucune	
Med - 5*MADe	-
Med + 5*MADe	-
Liste des valeurs aberrantes	
DESCRIPTION APRES TRONCATURE	
N*	17
Min*	6,5
Max*	7,1
Med*	6,9
RESULTAT DE L'ALGORITHME A	
Nombre d'itérations	1
Liste des valeurs extrêmes	
Moy r	6,9
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

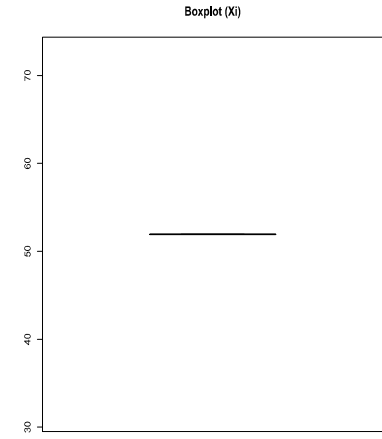
****Note**** Les résultats rendus avec les opérateurs de comparaison/signes (≥ / ≤ / < / >) sont ignorés d'où un Ni / Nu différent.

Annexe II - Traitements statistiques quantitatifs initiaux Hémoglobine Glyquée - Echantillon 2122

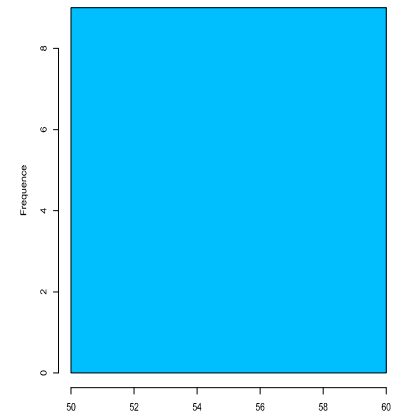
Paramètre : HbA1c

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

DESCRIPTION AVANT TRONCATURE	
Ni / Nu	17 / 17
Min	47,545
Max	54,103
Med	51,917
MAD	0
MADe	0
TYPE DE TRONCATURE : Aucune	
Med - 5*MADe	-
Med + 5*MADe	-
Liste des valeurs aberrantes	
DESCRIPTION APRES TRONCATURE	
N*	17
Min*	47,545
Max*	54,103
Med*	51,917
RESULTAT DE L'ALGORITHME A	
Nombre d'itérations	1
Liste des valeurs extrêmes	
Moy r	51,917
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 2122

Paramètre : HbA1c

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

DESCRIPTION AVANT TRONCATURE	
Ni / Nu	27 / 27
Min	5,56
Max	7
Med	6,9
MAD	0,06
MADe	0,089
TYPE DE TRONCATURE : MADe	
Med - 5*MADe	6,455
Med + 5*MADe	7,345
Liste des valeurs aberrantes	5,56 (1144-1) /
DESCRIPTION APRES TRONCATURE	
N*	26
Min*	6,79
Max*	7
Med*	6,9
RESULTAT DE L'ALGORITHMME A	
Nombre d'itérations	4
Liste des valeurs extrêmes	6,79 (343-1) /
Moy r	6,903
ET r	0,074
CV r (%)	1,08
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 (\geq / \leq / $<$ / $>$) sont ignorés d'où un Ni / Nu différent.

Annexe II - Traitements statistiques quantitatifs initiaux Hémoglobine Glyquée - Echantillon 2122

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	37,271
Max	53,01
Med	51,917
MAD	0,656
MADe	0,972
TYPE DE TRONCATURE : MADe	
Med - 5*MADe	47,056
Med + 5*MADe	56,778
Liste des valeurs aberrantes	37,271 (1144-1) /
DESCRIPTION APRES TRONCATURE	
N*	26
Min*	50,715
Max*	53,01
Med*	51,917
RESULTAT DE L'ALGORITHME A	
Nombre d'itérations	5
Liste des valeurs extrêmes	50,715 (343-1) /
Moy r	51,952
ET r	0,814
CV r (%)	1,57
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 ($\geq / \leq / < / >$) sont ignorés d'où un Ni / Nu différent.

Annexe II - Traitements statistiques quantitatifs initiaux Hémoglobine Glyquée - Echantillon 2122

Paramètre : HbA1c

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

DESCRIPTION AVANT TRONCATURE	
Ni / Nu	26 / 26
Min	5,5
Max	7,06
Med	6,9
MAD	0,04
MADe	0,059
TYPE DE TRONCATURE : MADe	
Med - 5*MADe	6,603
Med + 5*MADe	7,197
Liste des valeurs aberrantes	5,5 (2E9-1) /
DESCRIPTION APRES TRONCATURE	
N*	25
Min*	6,66
Max*	7,06
Med*	6,9
RESULTAT DE L'ALGORITHME A	
Nombre d'itérations	15
Liste des valeurs extrêmes	6,7 (175-1) / 6,8 (332-1) / 7 (1202-1) / 6,7 (5E3-1) / 6,8 (1209-1) / 7,06 (301-1) / 6,66 (1169-1) / 6,74 (9CA-1) / 7 (CEA-1) / 6,8 (E28-1) /
Moy r	6,873
ET r	0,096
CV r (%)	1,39
u (Moy r)	0,024
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 2122

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	36,615
Max	53,666
Med	51,917
MAD	0,437
MADe	0,648
TYPE DE TRONCATURE : MADe	
Med - 5*MADe	48,676
Med + 5*MADe	55,158
Liste des valeurs aberrantes	36,615 (2E9-1) /
DESCRIPTION APRES TRONCATURE	
N*	25
Min*	49,294
Max*	53,666
Med*	51,917
RESULTAT DE L'ALGORITHME A	
Nombre d'itérations	19
Liste des valeurs extrêmes	49,731 (175-1) / 50,824 (332-1) / 53,01 (1202-1) / 49,731 (5E3-1) / 50,824 (1209-1) / 53,666 (301-1) / 49,294 (1169-1) / 50,168 (9CA-1) / 53,01 (CEA-1) / 50,824 (E28-1) /
Moy r	51,619
ET r	1,045
CV r (%)	2,02
u (Moy r)	0,261
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 2122

Paramètre : HbA1c

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

DESCRIPTION AVANT TRONCATURE	
Ni / Nu	7 / 7
Min	6,8
Max	7,05
Med	6,94
MAD	0,06
MADe	0,089
TYPE DE TRONCATURE : MADe	
Med - 5*MADe	6,495
Med + 5*MADe	7,385
Liste des valeurs aberrantes	
DESCRIPTION APRES TRONCATURE	
N*	7
Min*	6,8
Max*	7,05
Med*	6,94
RESULTAT DE L'ALGORITHME A	
Nombre d'itérations	5
Liste des valeurs extrêmes	6,8 (1118-1) /
Moy r	6,941
ET r	0,095
CV r (%)	1,37
u (Moy r)	0,045
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 2122

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	50,824
Max	53,557
Med	52,354
MAD	0,656
MADe	0,972
TYPE DE TRONCATURE : MADe	
Med - 5*MADe	47,493
Med + 5*MADe	57,216
Liste des valeurs aberrantes	
DESCRIPTION APRES TRONCATURE	
N*	7
Min*	50,824
Max*	53,557
Med*	52,354
RESULTAT DE L'ALGORITHME A	
Nombre d'itérations	5
Liste des valeurs extrêmes	50,824 (1118-1) /
Moy r	52,37
ET r	1,038
CV r (%)	1,98
u (Moy r)	0,49
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.