

MUSE

Multi Sample Evaluation

SKML Score- en Rapportagesysteem

Versie 2.8

November 2023

Inhoud

1. Inleiding	3
2. MUSE statistiek voor kwantitatieve scoresystemen	3
2.1. Commuteerbare monsters waar mogelijk.....	3
2.2. Doelwaarden.....	3
2.3. Klinisch relevant concentratiegebied.....	3
2.4. Tolerantiegebieden	4
2.5. Uitbijterverwijdering	4
2.6. Tijdweging	5
2.7. Binnen-laboratorium SD.....	5
2.8. Tussen-laboratorium SD.....	6
2.9. Precisieprofielen	6
3. MUSE Scoresysteem voor kwantitatieve bepalingen	8
3.1. Performance score en Six Sigma	8
4. MUSE Scoresysteem voor kwalitatieve onderzoeken	12
4.1. Klinisch relevante concentratiegebied of samenstelling.....	12
4.2. Performance score.....	12
4.3. Casusgericht vs. Niet-casusgericht	12
5. Algemene opzet rapportage	14
5.1. Grafische elementen	15
5.1.1. Kleurgebruik.....	15
5.1.2. Histogram	16
5.1.3. Differenceplot.....	18
5.1.4. Score pictogram.....	19
5.1.5. Score indicatoren.....	19
5.2. Ronde samenvattingspagina met totaalscores	21
5.3. Casusgerichte rapportage per monster	22
5.3.1. Modules Casus beschrijving en resultaten per monster.....	23
5.3.2. Module Determinatie	24
5.3.3. Module Conclusievragen	25
5.4. Kwantitatieve samenvattingspagina	26
5.5. Kwalitatieve score pagina	27
5.6. Bepalingsgerichte rapportage	28
5.6.1. Module differenceplot	28
5.6.2. Module histogrammen kwantitatief	29
5.6.3. Module histogrammen kwalitatief	30
6. Jaarrapportage	31
6.1. Kwantitatieve jaarrapportage	31
6.2. Kwalitatieve jaarrapportage	32
6.3. Conclusievragen jaarrapportage	33
6.4. Deterministische jaarrapportage	34
7. Referenties	35

1. Inleiding

Het Multi Sample Evaluation (MUSE) systeem voorziet in systemen voor de casusgerichte en de bepalinggerichte kwantitatieve en kwalitatieve SKML rondzendingen.

De uniformering van de scoresystemen staat in een bijzonder daglicht nu een wereldwijde discussie gaande is over harmonisatie [1]. Een belangrijke rol daarin is weggelegd voor Externe Kwaliteitsbewakingsprogramma's, EQAS [2]. De SKML kwantitatieve rondzendingen horen tot de beste categorieën die daarbij genoemd worden, omdat deze waar mogelijk gebaseerd zijn op commuteerbare monsters [3], die het klinisch relevante concentratiegebied bestrijken, toegekende waarden hebben gebaseerd op referentiemethodes [4], en een scoresysteem hebben met tolerantie gebieden gebaseerd op het TEa concept [5,6].

De harmonisatie-ambitie van SKML is in het jaar 2000 ingezet onder de naam Kalibratie 2000 en is onverminderd van belang voor het bereiken van genoemde kwaliteit [7, 8, 9, 10, 11]. Het project heeft inmiddels een vervolg onder de naam Kalibratie 2.000 en zet in de nieuwe versie in op het mede ontwikkelen van referentiemethoden en materialen die nodig zijn om de ambities in harmonisatie en standaardisatie waar te maken.

Binnen de accreditatie van laboratoria volgens ISO 15189 spelen outcome parameters in toenemende mate een belangrijke rol. Scores behaald in de EQA rondzendingen behoren tot de belangrijkste daarvan. De MUSE rapporten beogen u te helpen om enerzijds te zien in welke mate uw correctieve actie nodig is en anderzijds in beeld te brengen in welke mate uw eerdere correctieve acties voldoende effectief waren.

The quantitative multi sample statistical approach in MUSE is geplubliceerd in 2017. [12]

2. MUSE statistiek voor kwantitatieve scoresystemen

2.1. Commuteerbare monsters waar mogelijk

Voor een goed scoresysteem is commuteerbaarheid van de gebruikte monsters essentieel. Als commuteerbaarheid aangetoond is conform CLSI-C53-A of anderszins, wordt dit gemeld in de beschrijving van de betreffende rondzending.

2.2. Doelwaarden

Indien mogelijk wordt voor het vaststellen van de doelwaarden gebruikgemaakt van met referentiemethoden toegekende referentiewaarden. Als geen referentiewaarden beschikbaar zijn, worden doelwaarden - vastgesteld door expertlaboratoria - of consensusmethodegroepgemiddelden gebruikt. Volgens welke methode waardetoekenning heeft plaats gevonden wordt gemeld in de beschrijving van de betreffende rondzending. Onzekerheid in referentiewaarden en andere doelwaarden worden vooralsnog niet in de berekeningen voor het bepalen van de breedte van het tolerantiegebied meegenomen.

2.3. Klinisch relevant concentratiegebied

Monsters omvatten zoveel mogelijk het klinisch relevante concentratiegebied. De monsters worden hierop geselecteerd. In verschillende rondzendingen worden aan een laag en een hoog (soms gespijket) monster met referentiemethodes in referentielaboratoria doelwaarden toegekend. Door deze monsters te mengen in verschillende verhoudingen, worden monsters verkregen met tussenliggende en door berekening bekende concentraties.

Regressielijnen van laboratoriumuitslagen tegen doelwaarden (referentiewaarden, expertlaboratoriumwaarden of consensusmethodegroepgemiddelden) zijn tijd-gewogen, waarbij de meest recente uitslagen het grootste gewicht krijgen in de berekening van de regressielijn. Regressielijnen worden pas berekend als er meer dan 3 uitslagen zijn.

2.4. Tolerantiegebieden

Scores worden toegekend op basis van twee tolerantiegebieden, waarbinnen uitslagen dienen te liggen: het Total Error allowable (TEa) tolerantiegebied, en het State of the Art (SA) tolerantiegebied. Het SA-tolerantiegebied is een functie van de concentratie met een vorm bepaald door het analytische precisieprofiel. Het SA tolerantiegebied heeft een breedte $m \pm 3SD_{sa}$, waarbij m de doelwaarde is (Consensusmethodegroepsgemiddelde, of waar beschikbaar de waarde gevonden door referentie- of expertlaboratorium). De SD_{sa} wordt in principe elke 3 jaar opnieuw vastgesteld en berekend over een periode van 6 jaar (zie ook de procedure voor de berekening van het precisieprofiel in paragraaf 2.9). Het TEa-tolerantiegebied is eveneens een functie van de concentratie en omvat een gebied rond de doelwaarden (referentiewaarden, expertlaboratoriumwaarden of consensusmethodegroepgemiddelden). De breedte van het tolerantiegebied is een functie van de concentratie en wordt geëxtrapoleerd vanaf het concentratieniveau waarop de waarde van TEa is vastgesteld. Deze waarde wordt vastgesteld volgens de EFLM Milan consensus criteria for analytical performance specifications. Conference criteria [13], waarbij biologische variatie data de belangrijkste plaats innemen, tenzij klinische beslissingen tot een andere keuze leiden. De gebruikte informatie voor biologische variatie wordt elk jaar herzien op basis van de dan beschikbare informatie op www.westgard.com/biodatabase1.htm (tot 1-1-2020) [6] en biologicalvariation.eu/meta_calculations [14] vanaf 1-1-2020. De actuele waarden voor zowel SD_{sa} als TEa zijn inzichtelijk op de SKML website op www.skml.nl/rondzendingen/rapportages/skml-tolerantiegebieden.

2.5. Uitbijterverwijdering

Gemiddelde waarden en SD's worden berekend per methodegroep: methoden die tot vergelijkbare resultaten zouden moeten leiden, worden ingedeeld in dezelfde methodegroep. Om het resultaat van de berekeningen niet te laten storen door extreme en/of foute waarden (uitbijters), werden in het verleden uitbijters verwijderd op basis van statistische toetsen. Later werd een techniek ontwikkeld die gebruik maakt van curve fitting. Sinds april 2022 wordt robuuste statistiek gebruikt, waarbij NEN-ISO 13528:2015 (Statistische methoden voor gebruik bij laboratorium-evaluerend interlaboratoriumonderzoek) leidend is. Robuuste statistiek is nog minder gevoelig voor uitbijters en het niet-normaal verdeeld zijn van resultaten.

NEN-ISO 13528:2015 geeft vele aanbevelingen en er is gekozen voor een aantal eenvoudig na te rekenen lineaire algoritmes (L-estimators) die het in allerlei omstandigheden redelijk tot goed doen:

Het centrum van een verzameling resultaten (gemiddelde) wordt benaderd door de mediaan te nemen.

De spreiding binnen een verzameling resultaten (SD) wordt als volgt benaderd:

als $n = 2$, dan $|\text{resultaat 1} - \text{resultaat 2}| / \text{wortel}(2)$

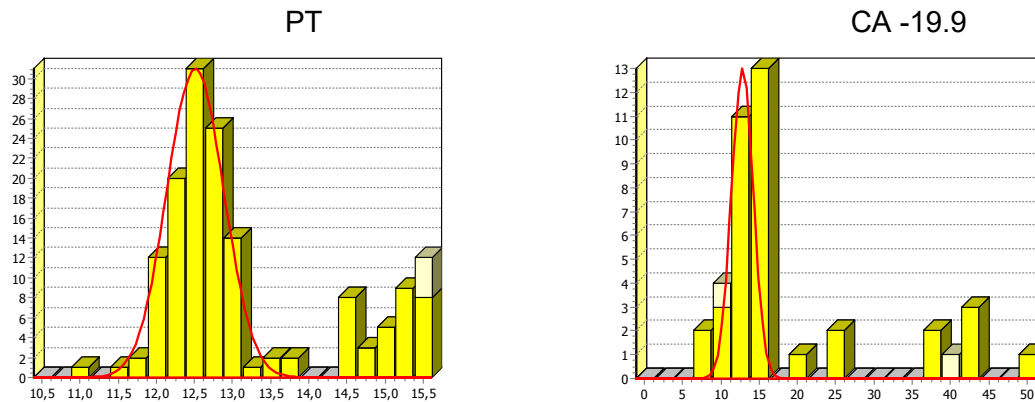
als $n > 2$, dan MADE; als MADE = 0, dan nIQR; als nIQR = 0, dan de rekenkundige SD

MADE staat voor de scaled MAD (median absolute deviation) en nIQR staat voor de normalized IQR (interquartile range). Uitbijters zijn alle resultaten die meer dan 3 SD afwijken van het gemiddelde. Als de SD rekenkundig is bepaald, dan worden de uitbijters verwijderd en het gemiddelde en de SD eenmalig opnieuw benaderd zonder daarna opnieuw uitbijters te bepalen.

Deze rekenwijze wordt ook uitgevoerd voor apparaatgroepen. Binnen de methode- en apparaatgroepen worden de gemiddelden en SD's berekend van de methodes resp. apparaten, met weglating van uitbijters. Ook wordt een gemiddelde en SD berekend over alle resultaten, ongeacht de gebruikte methode. Deze wordt gepresenteerd als ALTM (All Labs Trimmed Mean).

Naast de uitbijterverwijdering op basis van afwijking ten opzichte van de referentie of consensus, wordt ook een uitbijterverwijdering toegepast op basis van afwijking ten opzichte van het eigen laboratorium. Wanneer een individueel punt een significante afwijking heeft (zowel statistisch als analytisch) ten opzichte van de eigen regressielijn, dan wordt een resultaat voor die deelnemer beschouwd als uitbijter (zie onder paragraaf 2.7: Binnen-laboratorium SD).

Enkele voorbeelden:



2.6. Tijdweging

De meest recente waarden krijgen meer gewicht in de berekeningen dan uitslagen verder terug in de tijd. De wegingsparameters worden berekend uit:

$$W_i = 2^{-\Delta t/\alpha}$$

Δt is het aantal dagen (uitgedrukt in maanden) tussen de uiterste inzenddatum van de laatste ronde en de meetdatum van monster i . De factor α is de halfwaardetijd en staat standaard op 6 maanden, hetgeen resulteert in een gewicht voor een resultaat van een jaar terug van 25% ten opzichte van het nieuwste.

2.7. Binnen-laboratorium SD

De binnen-laboratorium SD wordt berekend als zijnde de residuele SD van de tijd-gewogen regressielijn door de laboratoriumuitslagen versus de doelwaarden. Een regressielijn (en dus een binnen-laboratorium SD) wordt berekend uit minimaal 4 en maximaal 24 uitslagen. De regressielijn gaat door nul indien het snijpunt niet significant afwijkt van nul (Ttest op 95% betrouwbaarheidsinterval). Indien er maar 4 meetpunten zijn, gaat de lijn altijd door nul.

Uitbijterverwijdering op individueel laboratoriumniveau gebeurt met de kSD methode, waarbij k afhankelijk is van het aantal metingen dat gebruikt wordt bij de regressieberekening en de gekozen betrouwbaarheid, hier 99.9%. Als een resultaat statistisch afwijkt (meer dan $k \cdot SD$) van de regressielijn, dan wordt vervolgens getoetst of het resultaat ook analytisch relevant afwijkt. Hiervoor wordt als criterium gebruikt twee maal de waarde voor state of the art SD_{sa} (tot oktober 2014 werd de waarde van CV_i hiervoor gebruikt, maar die bleek in de praktijk te streng te zijn). Indien het resultaat aangemerkt wordt als uitbijter, dan wordt het resultaat buiten de berekening van de binnen-laboratorium SD gehouden, maar krijgt wel een score.

Indien er minder dan 4 punten beschikbaar zijn voor de regressielijn, wordt de binnenlabprecisie berekend volgens:

Precisie voor bepaalde concentratie = doelwaarde betreffende monster * VC op evaluatieniveau (%) * wortel (ratio evaluatieniveau/doelwaarde, waarbij de ratio nooit lager is dan 0.5

Het evaluatieniveau is een concentratie rondom het beslisniveau van betreffende bepaling. Dit is veelal de concentratie waarop de biologische variatie is vastgelegd.

De gemiddelde binnen-laboratorium SD_{bi} van een consensusmethodegroep, methode of apparaat wordt berekend uit alle individuele binnen-laboratorium SD_{bii} volgens

$$SD_{bl} = \sqrt{\frac{\sum (SD_{bli}^2 * (n_i - 1))}{\sum (n_i - 1)}}$$

2.8. Tussen-laboratorium SD

Per monster worden de tussen laboratorium SD's (SD_{tli}) berekend uit de totale SD (SD_{ti}) en de gemiddelde binnen-laboratorium SD_{bl} op het concentratieniveau van het monster. Daartoe worden de gemiddelde binnen-laboratorium SD met behulp van het precisieprofiel geëxtrapoleerd naar het concentratieniveau van het monster. Per monster wordt de tussen-laboratorium SD_{tli} berekend uit de totale SD_{ti} per monster en SD_{bl} volgens

$$SD_{tli} = \sqrt{(SD_{ti}^2 - SD_{bl}^2)}$$

Uit de tussen-laboratorium SD_{tli} 's per monster wordt tevens de tussen-laboratorium SD_{tl} per ronde berekend over alle m_i monsters volgens

$$SD_{tl} = \sqrt{\frac{\sum (SD_{tli}^2 * (m_i - 1))}{\sum (m_i - 1)}}$$

2.9. Precisieprofielen

Precisieprofielen geven het verband aan tussen SD en concentratie. Precisieprofielen worden gebruikt om de vorm vast te stellen van het TEa tolerantiegebied en het SA tolerantiegebied. Daarnaast worden ze gebruikt om de binnenlab SD om te rekenen naar de verschillende concentratieniveaus van de gebruikte monsters.

De precisieprofielen worden drie-jaarlijks berekend, telkens over de totaal SD's van alle monsters binnen een methode in een periode van 3 jaar. Er is gekozen voor een praktisch rekenmodel, dat er als volgt uitziet:

$$PP_t = \sqrt{\left[a^2 + (b\sqrt{X})^2 + (cX)^2 + \left(\frac{d}{1 + X/e} \right)^2 \right]}$$

De functie bevat vier termen:

- de as-afsnede (constante SD)
- een wortelterm (constante variantie)
- een lineaire term (constante VC)
- een hyperbool, beschrijft de ruis die vaak in het lage concentratiegebied voorkomt

De functie blijkt bij nagenoeg alle bepalingen een goede fit op te leveren.

Bij de curve fit geldt een aantal randvoorwaarden, om bij elke concentratie een valide functie te verkrijgen. Deze randvoorwaarden zijn:

- $d \geq \sqrt{(SD_{\min}^2 - a^2)}$ d is zo groot dat bij $X=0$ de functie minimaal gelijk is aan de kleinst gemeten SD
- $e \geq X_{\min} / 2$ in het punt bij $X=X_{\min} / 2$ halveert de waarde van de hyperbool; X_{\min} is de kleinst gemeten concentratie

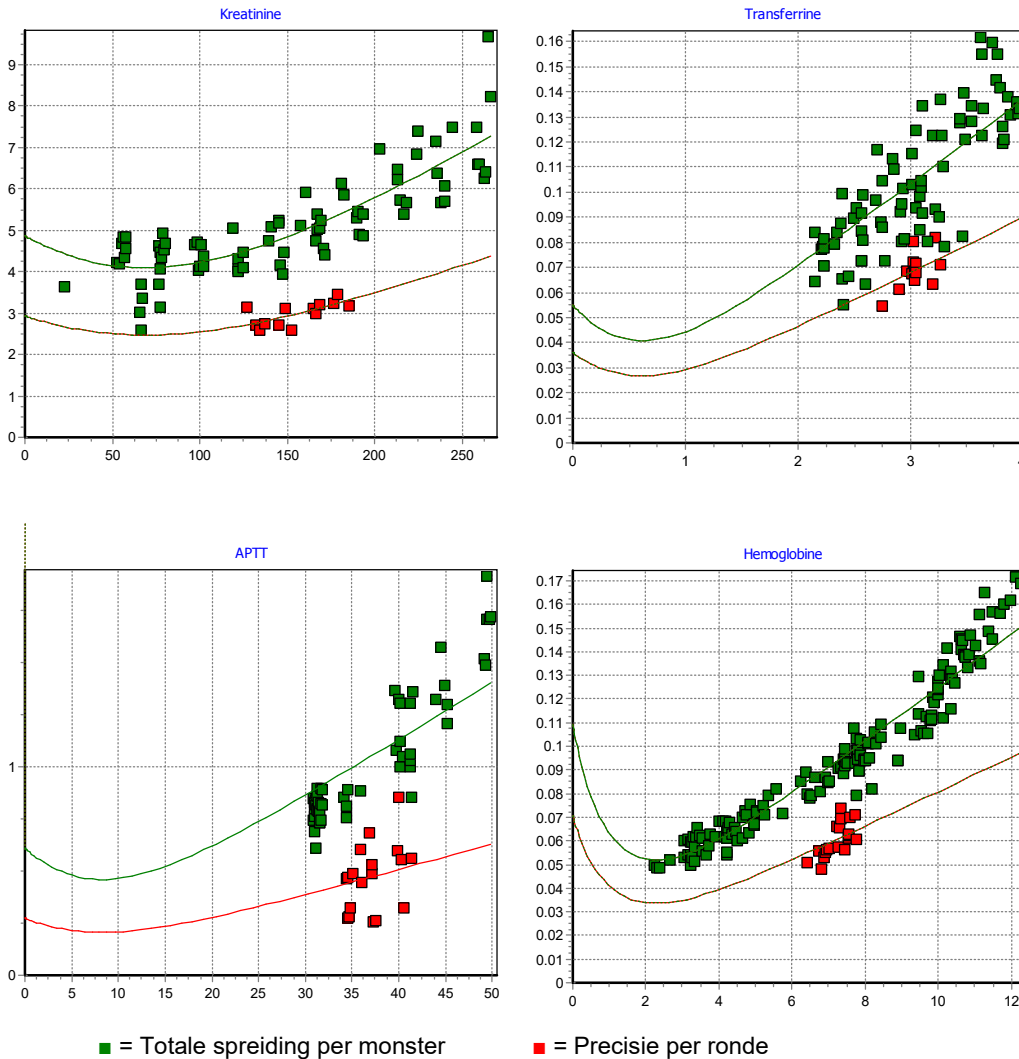
De precisieprofielen voor de binnen-lab SD zijn opgesteld aan de hand van schattingen van binnen-laboratorium SD's uit diezelfde periode afgezet tegen de consensusmethodegroepgemiddelden van de betreffende rondes. Door deze punten is een curve gefit met de vorm:

$$PP_b = f * PP_t$$

Typische waarden voor f liggen tussen 0.2 en 0.8.

Om recht te doen aan de benaming 'state of the art' kan de sectie bij het berekenen van de precisieprofielen eventueel methoden die van een onvoldoende kwaliteit zijn uitsluiten van deze berekeningen.

Voorbeelden van precisie profielen:



Bij nieuwe rondzendingen kan er nog geen precisie profiel vastgesteld worden. In dat geval kan gebruik gemaakt worden van de "Wortelformule" die het verband tussen SD_{sa} en concentratie bepaalt via de volgende formule:

$$VC_{sa} = VC_{\text{Evaluatieniveau}} * \sqrt{\frac{\text{Evaluatieniveau}}{x}}$$

Voor $x < 2 * \text{Evaluatieniveau}$

En

$$VC_{sa} = VC_{\text{Evaluatieniveau}} * \sqrt{\frac{1}{2}}$$

Voor $x > 2 * \text{Evaluatieniveau}$

3. MUSE Scoresysteem voor kwantitatieve bepalingen

3.1. Performance score en Six Sigma

Aan de basis van het MUSE scoresysteem ligt de theorie van Six-Sigma. Het wordt wereldwijd gebruikt om de kwaliteit van een productieproces te kwantificeren. Bij een proces dat voldoet aan de Six-Sigma norm, is de spreiding zo laag dat minder dan 1:1000000 producten niet voldoet aan de kwaliteitsnorm. Daarvoor is het nodig dat de spreiding in het proces maximaal 1/6 is van de norm. Omgekeerd kan de kwaliteit van een proces uitgedrukt worden in het aantal SD's (=sigma) dat wel gehaald wordt. Dus als de SD is 1/3 van de norm, spreken we over een 3-Sigma proces, oftewel 0,2% afkeuring (=99.8% voldoet).

Omdat de SKML de eis van 1:1000000 te streng vindt, is gekozen voor een "voldoende" norm van 95% voldoende, overeenkomende met een sigma van 2. Een sigma van 4.5 is daarbij "uitstekend"

De verschillen van de laboratoriumuitslagen met de doelwaarden vormen uiteindelijk de basis voor de performance scores. Voor zowel TE als SA worden voor elke meetwaarde sigma-waarden berekend volgens de volgende formule:

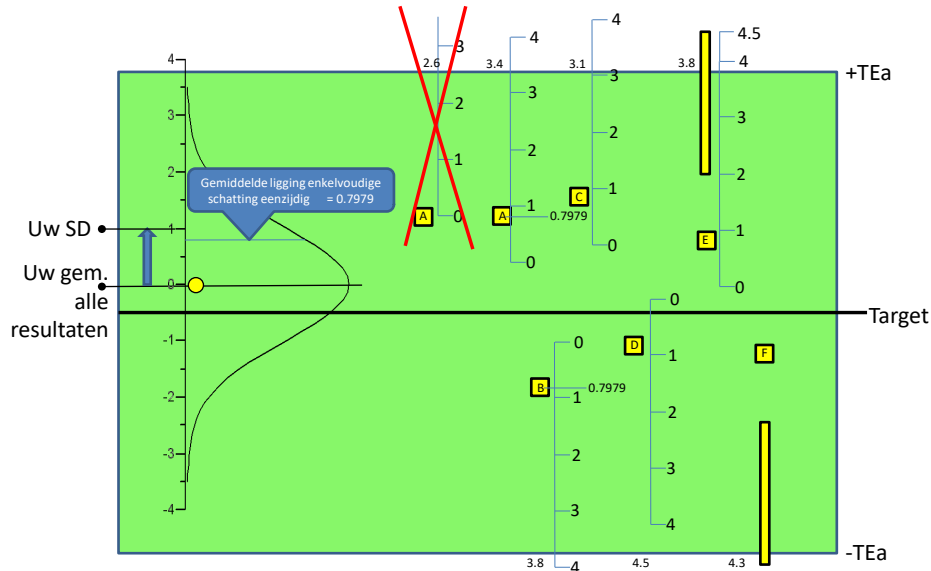
$$\sigma_i = \frac{TL - |X_i - T_i|}{SD_{bl}} + \sqrt{2/\pi}$$

Hierin is TL de tolerantielimiet (TEa of SA); X_i de gemeten waarde en T_i de target voor het monster (referentie waar mogelijk, anders methodegroepconsensus). De term $\sqrt{2/\pi}$ (≈ 0.7979) is een correctie voor het feit dat sigma niet wordt berekend uit de gemiddelde bias van de deelnemer, maar uit een enkelvoudige schatting van die bias. Indien de individuele meetpunten in een groot veelvoud zouden zijn gemeten, dan zou de schaal beginnen bij het gemiddelde van die punten. Nu niet een veelvoud, maar een enkelvoudige schatting wordt gemeten, moeten we dus corrigeren voor de gemiddelde ligging van de enkelvoudige meting ten opzichte van dat gemiddelde. Deze correctie zorgt voor een verschuiving van $\sqrt{2/\pi}$ in de richting van de excentriciteit ter plaatse.

De lengte van de gele balk wordt als volgt berekend:

Voor het berekenen van de binnen-laboratorium SD (imprecisie) wordt de tijd-gewogen regressie-lijn uit de ingediende resultaten versus de doelwaarden gebruikt. De SD wordt vervolgens berekend uit de afwijkingen van de individuele metingen van de regressie-lijn.

In onderstaande figuur wordt deze berekening grafisch weergegeven:

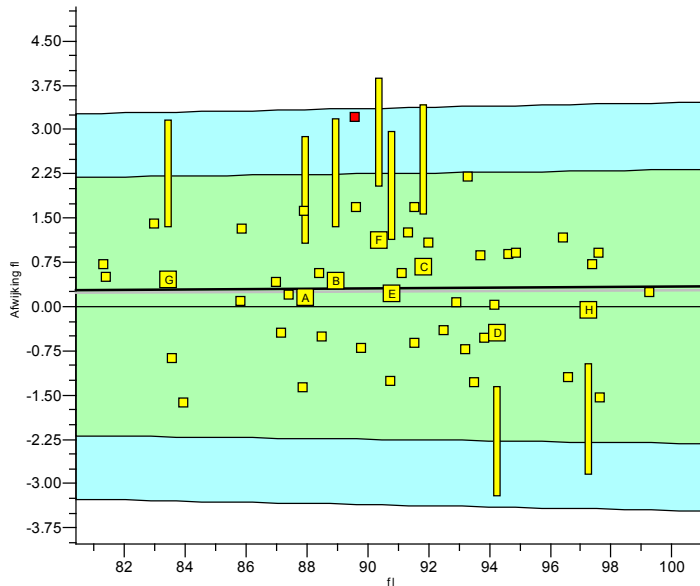


Links wordt de verwachte verdeling van de meetresultaten van de deelnemer weergegeven.

Voor de monsters A t/m F worden in deze figuur de berekende sigma waarden telkens gecorrigeerd met deze factor en afgelezen op de rand van het groene tolerantiegebied. Voor monster A t/m E worden de sigma schalen getoond; voor monster E en F wordt via een gele balk het sigma interval van 2 – 4.5 gemarkeerd. Bij monster F is de sigma schaal weggelaten, zoals dat ook in de differenceplot het geval is. Zo kan in één oogopslag, per meetresultaat, vastgesteld worden of de individuele meting voldoet aan het 2-sigma resp. het 4.5 sigma criterium.

De sigma waarden worden berekend voor alle metingen en gemiddeld voor zowel het TEa tolerantiegebied (sigma-TE) als het SA tolerantiegebied (sigma-SA). Daar wordt vervolgens een gemiddelde sigma met bijbehorende score voor berekend: een waarde voor $\sigma \geq 2$ is 1 punt waard, een waarde ≥ 4.5 is 2 punten waard.

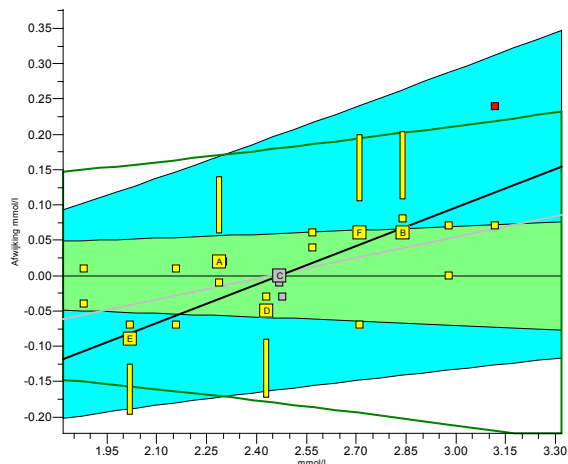
Onderstaand voorbeeld is een differenceplot van de MCV van één van de deelnemers. De TEa resp. SA tolerantiegebieden worden weergegeven met een groene resp. blauwe kleur. De meetresultaten van de deelnemer zijn de gele blokjes. De 8 meetresultaten van de huidige ronde zijn gemarkeerd met een letter. Snel te zien is dat alle gele blokjes gedeeltelijk in het groene TEa gebied vallen, dus een TE-score van één punt. Omdat slechts 2 meetresultaten voor een klein deel buiten het blauwe SA tolerantiegebied vallen, is er een SA score van twee punten. De differenceplot wordt nader besproken in paragraaf 5.1.3.



Er wordt alleen een score toegekend indien er een voor alle methoden gelijke doelwaarde is. Dat geldt bij een referentiewaarde een expertwaarde, of bij over-all consensus op basis van all labs trimmend mean (ALTM). Dit betekent dat er geen score wordt toegekend wanneer de doelwaarde gebaseerd is op methodegroepconsensus waarbij niet alle methoden in dezelfde methodegroep zitten. We scoren wel op methodengroepconsensus indien alle methoden behalve de methodegroep 'overige methoden' in dezelfde methodegroep zitten.

Deelnemers kunnen op basis van de sigmawaarde wel nog steeds hun performance beoordelen ten opzichte van de eigenmethodegroepconsensus. Indien een laboratorium opzettelijk zijn methode heeft gekalibreerd volgens een andere dan de eigen methodegroep, kan de eigen prestatie alleen grafisch in de histogrammen per monster worden beoordeeld.

Er wordt uiteindelijk een Performance (Prestatie) score (P-score) toegekend, hetzij op basis van de sigma-TE, gebaseerd op het biologische variatie concept, hetzij op basis van de sigma-SA gebaseerd op het State of the Art (SA) tolerantiegebied. De sectie stelt per bepaling vast of sigma-TE of sigma-SA wordt gebruikt. Wanneer het blauwe SA gebied breder is dan het groene TEa gebied, is de precisie die volgens het TEa concept behaald dient te worden blijkbaar groter dan volgens de huidige state of the art mogelijk is. In die gevallen zal de sectie in principe besluiten om te scoren op SA. Bij beschikbare referentie- of expert-methode blijft de gewenste juistheid door de ligging van het groene TEa gebied bepaald. Daarom wordt in gevallen waarin het SA tolerantiegebied breder is dan het TEa tolerantiegebied het laatstgenoemde verbreed naar de breedte van het SA tolerantiegebied. Dit wordt grafisch weergegeven in de difference plot door middel van groene lijnen, die de buitenzijde van het gecorrigeerde TEa tolerantiegebied markeren. Hieronder een voorbeeld:



De maximum Performance score (P-score) per onderzoek is 2. De Performance scores zijn standaard ingesteld als:

Sigma	P-score
≥ 4.5	2
2.0 - 4.5	1
< 2.0	0

De sectie kan besluiten negatieve Performance scores toe te kennen bij sommige bepalingen als een TE-sigma waarde zodanig klein wordt gevonden dat dit tot foutieve behandeling met ernstige gevolgen zou kunnen leiden. De minimum Performance score wordt dan -1 of -2. Standaard geldt dan:

Sigma	P-score
≥ 4.5	2
2.0 - 4.5	1
1.0 - 2.0	0
0-1.0	-1
< 0	-2

Negatieve Performance scores worden weliswaar verwerkt in de cumulatieve score maar staan steeds apart vermeld in rood.

De Performance scores van alle bepalingen die in een ronde binnen een cluster gerapporteerd zijn, worden gesommeerd tot de Ronde Performance score (Ronde P-score).

De actuele juistheid is de gemiddelde afwijking van de monsters van deze ronde van de doelwaarden. De cumulatieve juistheid is de tijd-gewogen gemiddelde afwijking over het tijdvenster van de rondzending.

De actuele precisie is de binnen-laboratorium SD. Deze is tevens de cumulatieve precisie omdat de binnen-laboratorium SD berekend wordt uit de tijd-gewogen regressielijn over het tijdvenster van de rondzending.

4. MUSE Scoresysteem voor kwalitatieve onderzoeken

4.1. Klinisch relevante concentratiegebied of samenstelling

Monsters moeten zoveel mogelijk het klinisch relevante concentratiegebied omvatten of de klinisch relevante samenstelling hebben, zoals de combinatie van micro-organismen en dichtheid van een parasiet.

4.2. Performance score

De coördinator beslist of en aan welke onderzoeken in een ronde Performance scores worden toegekend. De coördinator kent te behalen Performance scorepunten toe op basis van expertbevindingen of consensusuitslagen. De maximum Performance score per onderzoek of conclusievraag is 2. De minimum Performance score is -2. Punten worden als volgt toegekend door de coördinator van de rondzending:

- De maximum Performance score van 2 wordt toegekend aan onderzoeksuitslagen of antwoorden op conclusievragen die volledig overeenstemmen met de referentie- of expertuitslag of, als die ontbreekt, de consensus uitslag.
- Een score van 1 wordt toegekend aan onderzoeks-uitslagen of antwoorden op conclusievragen die gedeeltelijk, of ieder geval in voldoende mate, overeenstemmen met de expertuitslag of, als die ontbreekt, de consensus uitslag.
- Wanneer als uitslag voor "elders" (doorsturen elders) wordt gekozen, wordt daarvoor een score 0 van 0 gegeven. Het percentage antwoorden dat doorgestuurd wordt, wordt apart vermeld op het overzicht,
- Een score van 0 wordt toegekend aan onderzoeksuitslagen of antwoorden op conclusievragen die niet overeenstemmen met de expertuitslag of, als die ontbreekt, de consensus uitslag
- Een negatieve Performance score wordt toegekend aan onderzoeksuitslagen of antwoorden op conclusievragen die kunnen leiden tot foutieve diagnose of behandeling:
 - Een score van -2 is gereserveerd voor foutieve uitslagen of antwoorden op conclusievragen die tot behandelingen of uitblijven daarvan zouden kunnen leiden met zeer ernstige of fatale complicaties.
 - Een score van -1 is gereserveerd voor foutieve uitslagen of antwoorden op conclusievragen die tot foutieve behandeling zouden kunnen leiden, maar met beperkte complicaties.

Performance scores worden getotaliseerd op zowel monster- als ronde-niveau. Negatieve scores worden benadrukt d.m.v. een rode kleur.

Net als bij kwantitatieve bepalingen worden scores alleen toegewezen als de doelwaarde niet afhankelijk is van de gebruikte methode.

4.3. Casusgericht vs. Niet-casusgericht

Bij het beoordelen van (het totaal van) de scores is het belangrijk onderscheid te maken tussen casusgerichte rondes en niet-casusgerichte rondes. Bij de casusgerichte ronde worden de deelnemers gepocht alle uitslagen te hebben ingevuld en alle vragen te hebben beantwoord. Het niet invullen leidt tot een score van 0 punten, terwijl de MAP hetzelfde blijft. Om tegemoet te komen aan deelnemers die een bepaling niet uitvoeren, of een vraag niet kunnen beantwoorden, wordt in keuzelijsten een extra keuze aangeboden "Elders" of een keuze van gelijke strekking (NV, NVT enz.). Een dergelijk antwoord wordt een score 0 van 0 toegekend, in de rapportage wordt dit vervangen door een lege uitslag in de vorm van een leeg vierkantje (□). Echter, het percentage antwoorden dat doorgestuurd wordt, wordt apart vermeld op het overzicht.

De sectie kan er voor kiezen om extra keuze mogelijkheden toe te voegen die een nadere aanduiding geven waarom er geen analyse is uitgevoerd, bijvoorbeeld "Niet relevant".

Als alternatief kan de coördinator besluiten om niet-casusgericht te gaan scoren. In dat geval wordt de MAP naar rato verminderd als niet alle uitslagen/antwoorden worden gegeven. Het aantal punten voor

bijv. de uitslag “Elders” zal dan meestal 2 zijn. Waarschijnlijk zullen de meeste rondzendingen worden gescoord op basis van niet-casusgericht. Het feit dat een ronde een of meer casussen heeft, betekent dus zeker niet dat de ronde ook casusgericht wordt gescoord.

5. Algemene opzet rapportage

MUSE kent een modulair rapportagesysteem. De rapportage is opgebouwd uit een aantal modules die afhankelijk van de inrichting van de rondzending al of niet verschijnen. Deze modules zijn opgebouwd rondom een aantal grafische elementen:

- Histogram
- Differenceplot
- Score pictogram
- Score indicatoren










De volgende modules zijn daarbij te onderscheiden:

- Ronde samenvattingspagina met totaalscores
- Casusgerichte rapportage per monster
 - Monster informatie
 - Casuïstiek
 - Vraagstelling
 - Determinatie
 - Kwalitatieve en kwantitatieve onderzoeksresultaten per bepaling (lijst)
 - Conclusievragen
 - Histogram determinatieresultaten
- Samenvattingspagina met kwantitatieve onderzoeksresultaten per bepaling
- Samenvattingspagina met scores kwantitatieve onderzoeksresultaten per bepaling (lijst)
- Samenvattingspagina met scores kwalitatieve onderzoeksresultaten per bepaling (lijst)
- Samenvattingspagina met scores voor conclusievragen
- Bepalingsgerichte rapportage (grafieken)
 - Differenceplot
 - Histogrammen kwantitatieve resultaten
 - Histogrammen kwalitatieve resultaten

5.1. Grafische elementen

5.1.1. Kleurgebruik

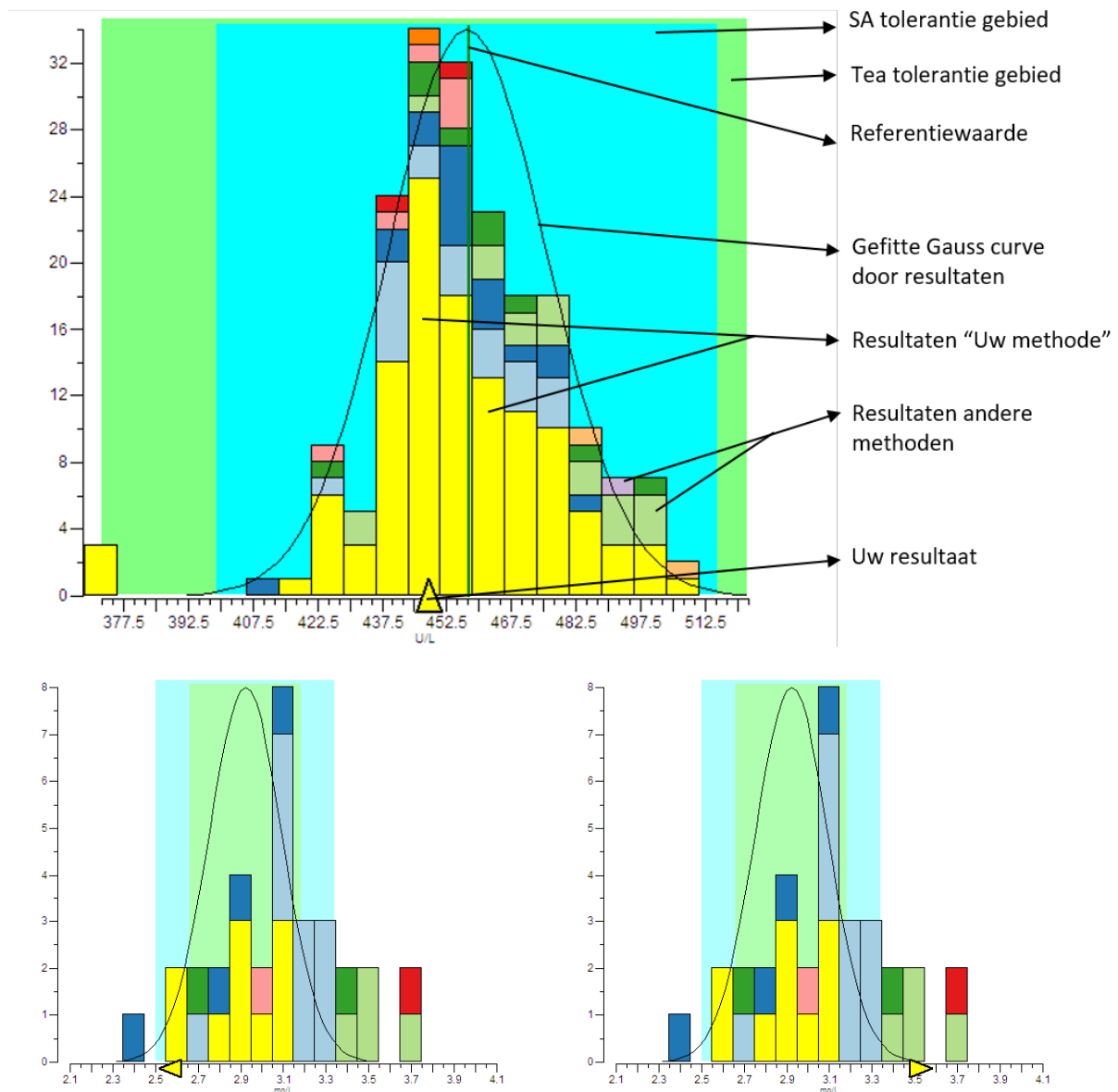
Door een systematisch gebruik van kleuren, wordt getracht om sneller inzicht te geven in de betekenis van de diverse grafische componenten. Het volgende kleurschema wordt daarbij gebruikt:

Kleur	Betekenis
	Eigen resultaat; eigen methode; eigen score
	Aanduiding methode uit eigen methodegroep
	SA Tolerantiegebied ; Voor deze bepaling worden referentiewaarden gebruikt
	TEa Tolerantiegebied ; Voor deze bepaling worden referentiewaarden gebruikt
	SA Tolerantiegebied ; Voor deze bepaling worden geen referentiewaarden gebruikt
	TEa Tolerantiegebied ; Voor deze bepaling worden geen referentiewaarden gebruikt
	Uitbijter
	Van berekeningen uitgesloten resultaat
	Referentiewaarde ; Expertwaarde ; Ingewogen waarde

5.1.2. *Histogram*

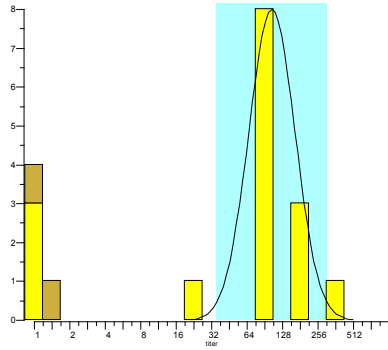
Het histogram toont de verdeling van alle resultaten over het concentratiegebied. De hoogte van elke staaf geeft het aantal deelnemers aan dat het resultaat gemeten heeft dat op de x-as staat. De kleur geeft de gebruikte methode aan. De legende aan de onderkant van het histogram geeft aan hoe de methoden aan kleuren worden toegewezen. Geel wordt altijd gebruikt voor de eigen methode. Een opwaartse wijzende driehoekige gele indicator op de x-as geeft het eigen resultaat aan. In geval van 'minder dan' of 'groter dan' resultaten wijst de indicator respectievelijk links of rechts in plaats van naar boven.

Voorbeeld:

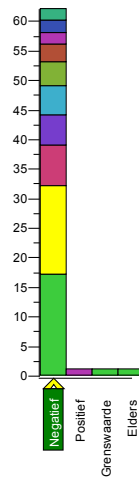


De linker afbeelding toont een histogram van een deelnemer met een "kleiner dan" resultaat, de rechter grafiek van een deelnemer met een "groter dan" resultaat.

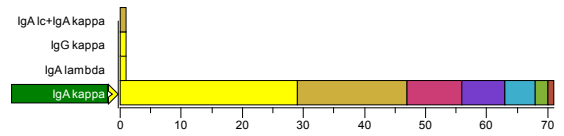
Varianten:



Logaritmische x-as



Kwalitatief histogram

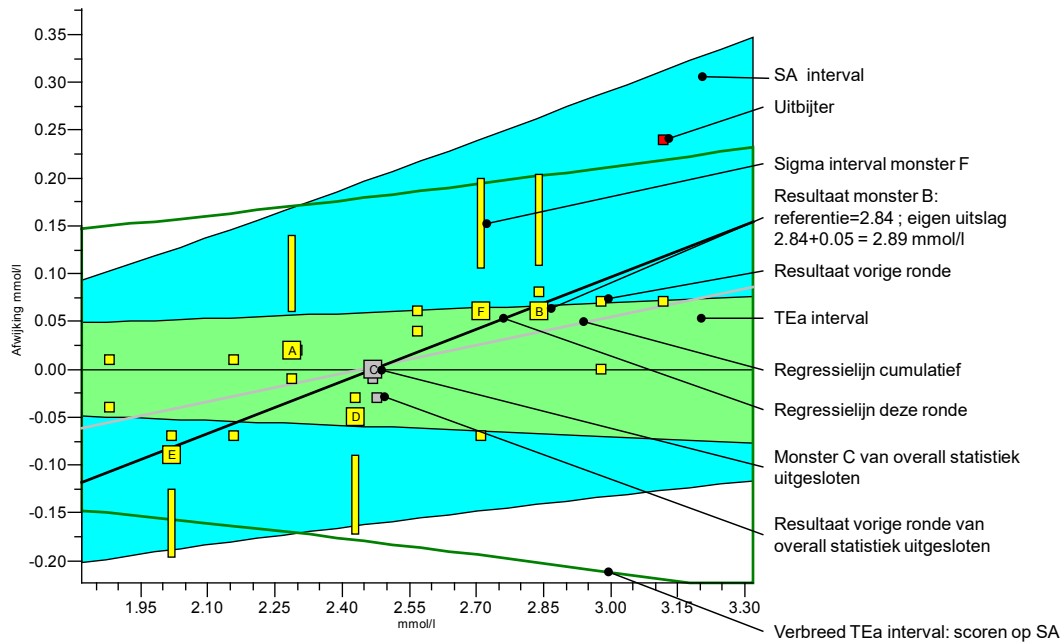


Deterministisch histogram

5.1.3. Differenceplot

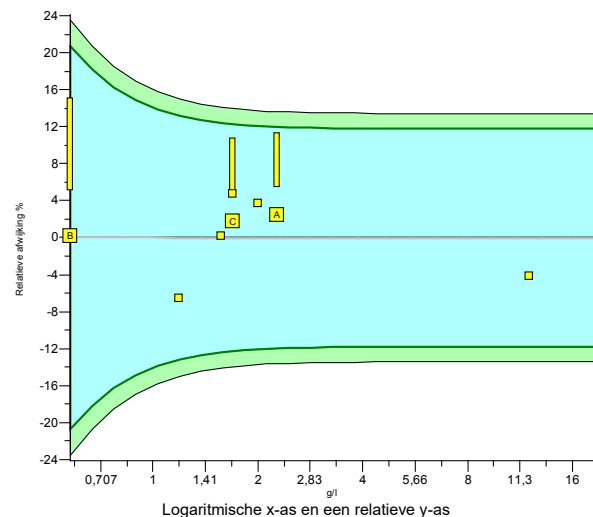
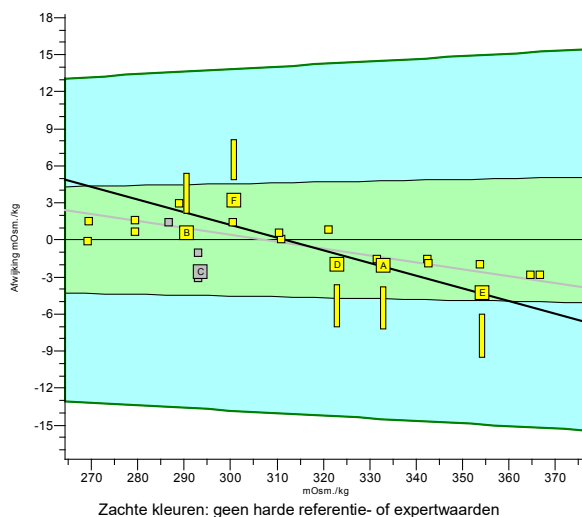
In de differenceplot worden de resultaten van een deelnemer weergegeven als functie van de target-waarde (referentie indien beschikbaar, anders consensuswaarde). Op de y-as staat altijd de verschil-waarde van eigen resultaat met de target-waarde.

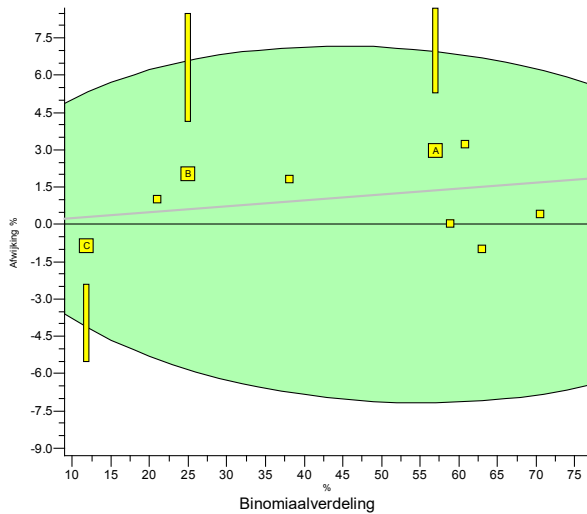
Op de achtergrond zijn de tolerantie intervallen voor TEa en SA weergegeven en waar nodig de naar SA verbrede TEa tolerantie. De resultaten uit de huidige ronde worden weergegeven door middel van gele vierkanten met daarin de letter van het betreffende monster. Resultaten uit vorige rondes worden weergegeven met kleinere gele vierkantjes.



In de differenceplot worden 2 regressielijnen getoond. Deze zijn tijdgewogen en berekend uit de resultaten behaald in deze ronde (zwarte lijn) en cumulatief (grijze lijn). De regressielijnen worden berekend na verwijdering van uitbijters, daarnaast gaat de regressielijn door nul indien het snijpunt niet significant afwijkt van nul (Ttest op 95% betrouwbaarheidsinterval). Indien er maar 4 meetpunten zijn gaat de lijn altijd door nul. De binnenlab spreiding wordt berekend als de residuele spreiding van de resultaten rondom deze regressielijnen.

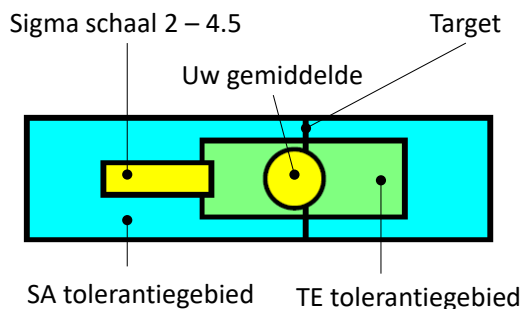
Varianten:





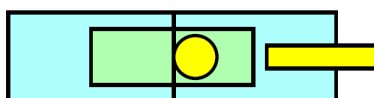
5.1.4. Score pictogram

Het score pictogram is een miniatuur samenvatting van de differenceplot. Het poogt in één oogopslag inzicht te geven in de performance van de betreffende bepaling.

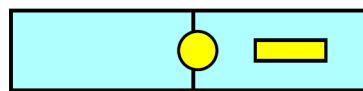


De groene en blauwe rechthoeken symboliseren weer het TEa tolerantiegebied en het SA tolerantiegebied. De ligging van de gemiddelde waarde van deze deelnemer wordt weergegeven met de gele cirkel en is dus een afbeelding van de excentriciteit. De gele balk is de sigma schaal (2-4.5), die afgelezen kan worden op de grenzen van de TEa en SA tolerantiegebieden. Snel te zien is hier dat de sigma-TE iets meer dan 2 is (1 punt) en de sigma-SA >4.5 (2 punten).

Varianten:






Zachte kleuren: geen harde referentie- of expertwaarden



Geen groen gebied: er zijn geen TEa normen voor deze bepaling ingesteld

5.1.5. Score indicatoren

Met behulp van score indicatoren worden voldoende en onvoldoende scores in beeld gebracht. Deze indicatoren worden overal toegepast waar scores worden toegekend, dus zowel voor kwantitatieve bepalingen als kwalitatieve en voor determinaties en conclusievragen. Per toegekende score wordt een blokje getoond, waarvan de kleur het resultaat bepaalt:

-  = Voldoende score (1 of 2 punten)
-  = Onvoldoende score (≤ 0 punten)
-  = Geen resultaat ingezonden, telt niet mee voor MAP


Voorbeeld:



1^e , 2^e , 4^e , 5^e en 6^e resultaat juist gemeten, 3^e resultaat is niet juist.

5.2. Ronde samenvattingspagina met totaalscores

Deze pagina bevat naast algemene gegevens van deze ronde een overzicht van de voor deze ronde behaalde scores. Het hangt af van de inrichting van de ronde welke deelscores hier getoond worden.



- 1 -

3 februari 2017 9:37

Hepatitis ABCE serologie 2016.2

Rondzending Periode	Hepatitis ABCE serologie 2016.2 30 november 2016 - 13 december 2016	
Rapport voor	Deelnemer nummer Naam en adres deelnemer Naam rapport ontvanger	
Aantal deelnemers Coördinatie	67	Aantal ingeschreven deelnemers dr. A.C.T.M. Vossen (Coördinator)
MUSE handleiding	www.skml.nl/muse-handleiding.pdf	
Kwalitatief	NV	

15%
Percentage als NV gerapporteerd

Kwalitatieve scores

Bepaling	Deze ronde				Cumulatief			
	juist	onjuist	totaal	pictogram	juist	onjuist	totaal	pictogram
Hepatitis A								
past bij acute infectie hep A	3	0	3		13	0	13	
Beschermd tegen hepatitis A?	1	0	1		1	0	1	
Hepatitis B								
past bij acute/chronisch inf. hep B	2	2	4		14	2	16	
past bij doorgemaakte hep B inf.	4	0	4		15	1	16	
Beschermd tegen hepatitis B?	0	0	0		0	0	0	
Hepatitis C								
past bij infectie hep C	2	2	4		14	2	16	
Hepatitis E								
past bij acute infectie hep E	0	0	3		0	0	13	

5.3. Casusgerichte rapportage per monster

De MUSE rapportage per monster is voor alle rapportagevormen telkens dezelfde en bestaat uit een viertal optionele modules:




- Casus beschrijving
- Resultaten (kwalitatief en kwantitatief)
- Determinaties
- Conclusievragen



5.3.1. Modules Casus beschrijving en resultaten per monster

Deze module begint altijd met de casus beschrijving zoals deze ook in QBase getoond is op het uitslagenscherf. Per bepalingsgroep (bij niet alle rondzendingen zijn de bepalingen in groepen ingedeeld) volgt er een lijst met resultaten en de bijbehorende expertwaarden voor zover toegekend. In de kolom "Expertwaarden" kunnen kwalitatieve en kwantitatieve expertwaarden opgenomen worden, waarvan de oorsprong wordt aangeduid met een letter en verklaard wordt in de legenda:









- R = Referentiewaarde. Een waarde bepaald met een referentietechniek
- E = Expertwaarde. Een door de expert bepaalde waarde.
- C = Consensuswaarde. Een kwalitatieve waarde bepaald door de expert als in meerderheid gerapporteerde uitslag
- M = Methodegroep-consensuswaarde. De gemiddelde waarde van alle uitslagen bepaald met "Uw methodegroep"

In de kolom "Score" wordt de score voor de kwalitatieve uitslag weergegeven via een score indicator (zie ook paragraaf 5.1.5):

-  = Voldoende score (1 of 2 punten)
-  = Onvoldoende score (≤0 punten)
-  = Geen resultaat ingezonden, resultaat telt niet mee voor MAP
- <leeg> = Geen scores voor deze bepaling toegekend



- 4 -
7 april 2014 15:56

Hepatitis ABCE serologie 2013.2



Monster:	B Serum					
Patiënt:	Man, 26 jaar, komt op de dermatologiepolikliniek met huiduitslag op zijn romp en armen en benen. Ook op handpalmen en voetzolen is het exantheem te zien. Hij heeft wat koorts en voelt zich niet goed. Bij navraag heeft hij geregeld onveilige homoseksuele contacten. Bij een tweede bezoek blijkt dat de syfiis-serologie positief is. Er wordt diagnostiek ingezet naar andere soa's.					
Vraag:	Vraagstelling: Hepatitis B en C screening					
Hepatitis B		Expertwaarden		Uw uitslagen		Score
		kwat.	kwant.	kwat.	kwant.	
Hepatitis B HBsAg	E	Negatief		Negatief	<0.03 (A)E/ml	
Hepatitis B Anti-HBcore	E	Positief		Negatief	<0.10 ratio	
Hepatitis B IgM anti-HBcore	E	Negatief				
Hepatitis B Anti-HBs	E	Positief	53.3 IU/ml			
Hepatitis B HBeAg	E	Negatief				
Hepatitis B Anti-HBe	E	Positief				
Hepatitis C		Expertwaarden		Uw uitslagen		Score
		kwat.	kwant.	kwat.	kwant.	
Hepatitis C Anti-HCV	E	Positief		Positief	10 ratio	
Hepatitis C Anti-HCV confirmatie	E	Positief		Positief		
		E = Expertwaarde ; M = Methodegroepconsensus		Totaal		4

- Monster informatie
- Patiënt informatie
- Vraagstelling / casus
- Score voor uw juiste uitslag
- Score voor uw onjuiste uitslag
- Geen score voor geen uitslag
- Uw kwantitatieve uitslag
- Uw kwalitatieve uitslag
- Kwantitatieve expertuitslag
- Kwalitatieve expertuitslag
- Bepaling
- Bepalingsgroep

5.3.2. Module Determinatie

Deze module volgt altijd op de casusbeschrijving. In de linker kolom worden de te vinden micro-organismen getoond en het aantal te behalen punten. In de rechterkolom staan de resultaten van de deelnemer en daarachter met een groene of rode indicator (zie paragraaf 5.1.5) aangeduid of de gevonden parasiet overeenkomt met de expertuitslag.

Onder de lijst wordt een histogram weergegeven met daarin de gevonden combinaties van parasieten. Met een groene balk wordt de expertuitslag aangegeven en met een gele pijl de eigen uitslag.

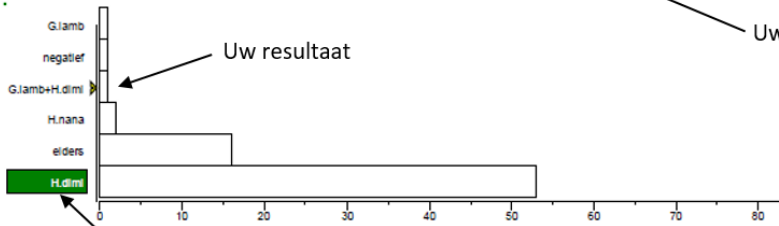


- 5 -
5 juli 2018 9:36

Bloed/Darm parasieten 2016.3

Monster :	C SAF gefixeerde feces.		
Patiënt :	Een 2-jarig adoptiekind uit China meldt zich met haar moeder bij de huisarts met aanhoudende diarree klachten. Het kind is sinds twee weken in Nederland. De huisarts stuurt feces in voor onderzoek naar darmparasieten.		
Vraag :	Onderzoek op darmparasieten.		
Opmerkingen :	Indien onderzoek niet in laboratorium wordt verricht, vul "doorgestuurd" als antwoord optie in. Hiervoor wordt de score 0 uit 0 toegekend.		

Determinatie	Expert uitslag	Score	Uw uitslag
	Hymenolepis diminuta	2	<div style="display: flex; justify-content: space-between; align-items: center;"> Giardia lamblia ■ </div> <div style="display: flex; justify-content: space-between; align-items: center;"> Hymenolepis diminuta ■ </div>
		Totaalscore :	1

Histogram



Uw resultaat

Uw totaal score



Uw eerste resultaat is onjuist

Uw tweede resultaat is juist

Expert uitslag in green kader

5.3.3. Module Conclusievragen

De conclusievragen worden getoond na de kwalitatieve uitslagen voor het betreffende monster (en de eventuele determinaties). Links staat de expert conclusie, rechts de eigen conclusie. Geheel rechts staat de score die is toegekend aan het betreffende antwoord.

- 4 -

23 april 2014 10:44

CMV/EBV/Toxoplasma serologie 2013.1

Monster :	B serum		
Patient :	Vrouw, 27 jaar oud, 12 weken zwanger. Last van malaise en vermoeidheid. Bij lichamelijk onderzoek wordt adenopathie en lichte koorts geconstateerd. Verder zijn de ALAT en ASAT verhoogd.		
Vraag :	Kan de serologie passen bij een recente infectie met CMV, EBV of Toxoplasma?		

Uitslagen	Expertwaarden		Uw uitslagen	
	kwal.	kwant.	kwal.	kwant.
EBV-VCA IgG	E Positief		Positief	85 (A)E/ml
Heterof a.s./slide tst/Paul&Bunell	E Negatief			
EBV-VCA IgM	E Positief		Grenswaarde	33 (A)E/ml
EBNA IgG	E Positief		Positief	95 (A)E/ml
CMV-IgG aviditeit	E Hoog		Laag	21 % inhibitie
CMV IgM	E Positief		Positief	3.1 ratio
CMV IgG	E Positief		Positief	106.1 (A)E/ml
Toxoplasma IgM	E Negatief		Negatief	0.2 ratio
Toxoplasma IgG	E Positief		Grenswaarde	2.2 IE/ml

E = Expertwaarde

Conclusievragen	Expert conclusie	Uw conclusie	Score
Kan de serologie passen bij een recente infectie met CMV?	Ja	Ja	■
Kan de serologie passen bij een recente infectie met EBV?	Nee	Niet te beoordelen	■
Kan de serologie passen bij een recente infectie met Toxoplasma?	Nee	Nee	■
Totaal			4

Conclusievraag

Expert conclusieantwoord

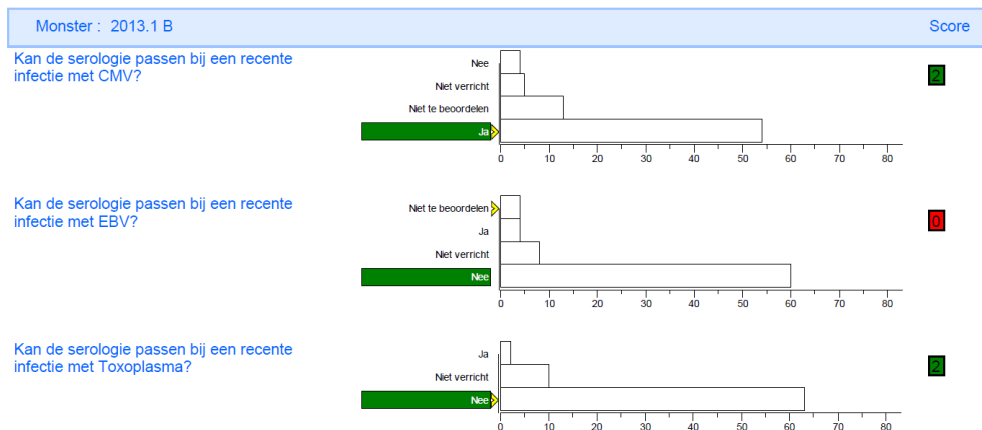
Uw conclusie

Uw score voor het juiste conclusieantwoord

Fout conclusieantwoord

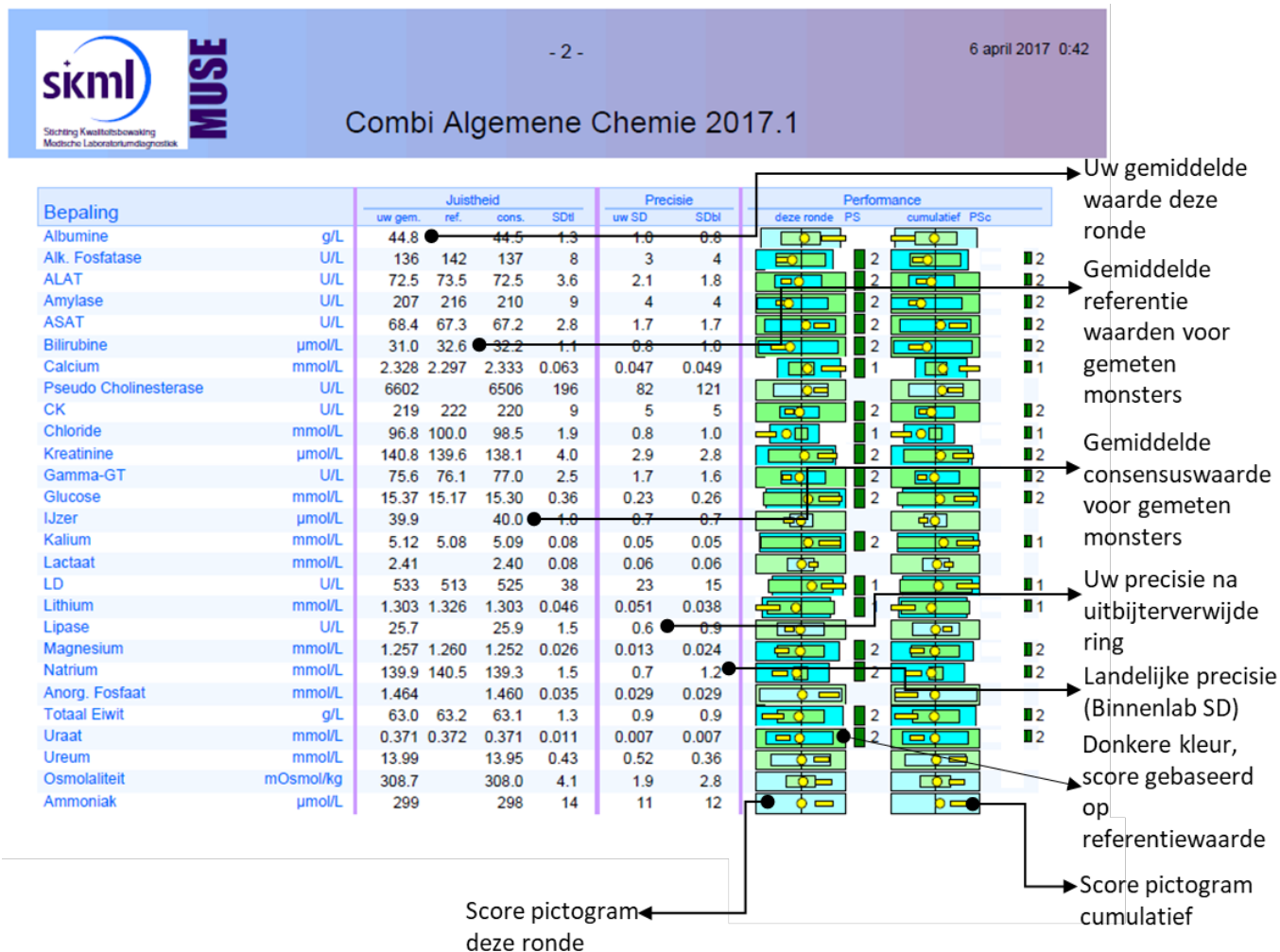
Uw totaalscore

Aan het einde van het rapport wordt een samenvatting gegeven van de verdeling van de antwoorden op de conclusievragen:



5.4. Kwantitatieve samenvattingspagina

Op deze pagina worden per bepaling de verschillende kwantitatieve parameters voor juistheid en precisie getoond. Ook worden op deze pagina de performance scores voor zowel deze ronde als cumulatief weergegeven via het scorepictogram en de score zelf.



De waarden worden berekend uit tijdgewogen individuele onderliggende resultaten. Bij de berekening van de referentie- expert- en consensuswaarden worden alleen die punten betrokken waarvoor de deelnemer een resultaat heeft ingezonden dat niet als uitbijter is aangemerkt. Daardoor kan het betreffende gemiddelde verschillen tussen deelnemers en clusters!

5.5. Kwalitatieve score pagina

Op deze pagina wordt met behulp van score indicatoren (zie paragraaf 5.1.5) een overzicht gegeven van de behaalde scores voor de kwalitatieve resultaten, zowel voor de huidige ronde als cumulatief. Via rode en groene kleuren worden respectievelijk de aantallen onjuiste en (bijna) juiste resultaten geteld. Resultaten die wel scoren maar niet zijn gerapporteerd door de deelnemer, worden met een open hokje aangeduid. De resultaten zijn chronologisch gerangschikt van links naar rechts.

Bepaling	Deze ronde				Cumulatief			
	juist	onjuist	totaal	pictogram	juist	onjuist	totaal	pictogram
Typering								
T-lymfocyten	0	1	1		2	1	3	
B-lymfocyten	1	0	1		3	0	3	
NK-lymfocyten	1	0	1		3	0	3	
Myeloïd	1	0	1		2	1	3	
Monocytair	1	0	1		3	0	3	
Afwijkende populatie	0	0	1		1	1	3	
Markers								
CD 1	1	0	1		1	0	1	
CD 2	1	0	1		1	0	1	
CD 3	1	0	1		1	0	1	
CD 4	1	0	1		1	0	1	
CD 5	1	0	1		2	0	2	
CD 7	1	0	1		1	0	1	
CD 8	1	0	1		1	0	1	
CD 16	0	0	1		0	0	1	
CD 25	0	1	1		1	1	2	
CD 45	1	0	1		3	0	3	
CD 56	1	0	1		1	0	1	
CD 57	1	0	1		1	0	1	
TdT	1	0	1		1	0	1	
Conclusies								
Conclusie	1	0	1		3	0	3	

3 cumulatieve uitslagen:
1 onjuist; 1 juist; 1 niet uitgevoerd

1 onjuiste kwalitatieve uitslag

1 juiste kwalitatieve uitslag

1 niet uitgevoerde meting

3 cumulatieve uitslagen:
Alle 3 juist

5.6. Bepalingsgerichte rapportage

In deze deelrapportage worden per bepaling de kwantitatieve en kwalitatieve uitslagen getoond in 3 modules:

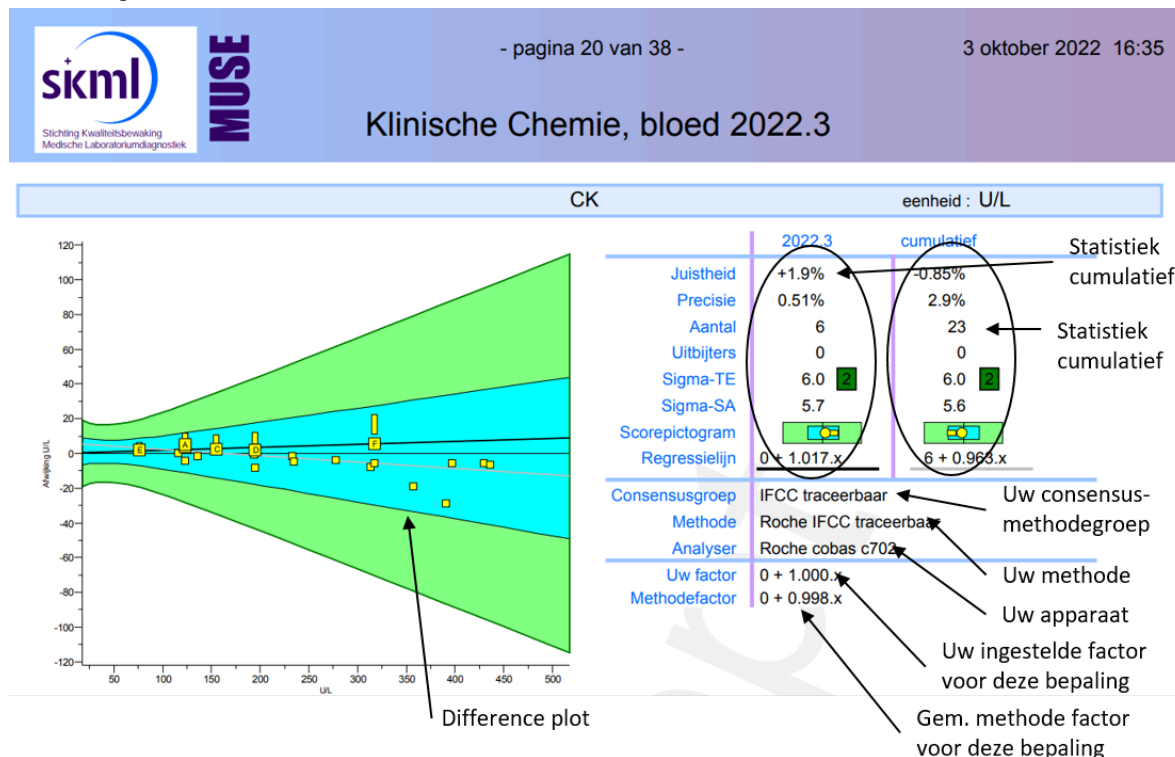
- Differenceplot
- Histogrammen kwantitatief
- Histogrammen kwalitatief

5.6.1. Module differenceplot

In deze module worden de resultaten van de huidige ronde en de voorgaande rondes getoond in de vorm van een differenceplot. Hoeveel resultaten er worden getoond, hangt af van de voor deze rondzending door de sectie bepaalde horizon, meestal is dat 1 jaar.

Links staat de differenceplot zelf en rechts de bijbehorende statistische gegevens, zowel voor deze ronde als de cumulatieve statistiek, berekend over de rondes die binnen de horizon van deze rondzending vallen. Voor de berekening van de regressielijn(en), juistheid en precisie worden de individuele meetpunten tijdsgewogen verwerkt (zie paragraaf 2.7).

We adviseren uw prestatie te beoordelen op basis van de cumulatieve statistiek en scores. MUSE is ontworpen om op basis van voldoende waarnemingen een robuuste uitspraak te doen over uw bias en imprecisie over een breed concentratiebereik. De statistiek en scores voor de ronde zijn gebaseerd op minder punten en daarom gevoeliger voor toevallige effecten bij een monster. Deze statistiek geeft een onrustiger beeld, met meer kans op ongunstige scores. Toch geven we ook korte-termijn-statistiek om u in de gelegenheid te stellen veranderingen die recent zijn opgetreden snel te herkennen. Dat kan nuttig zijn bij veranderingen in uw methode, bijvoorbeeld op basis van een correctieve actie naar aanleiding van een eerdere ronde.



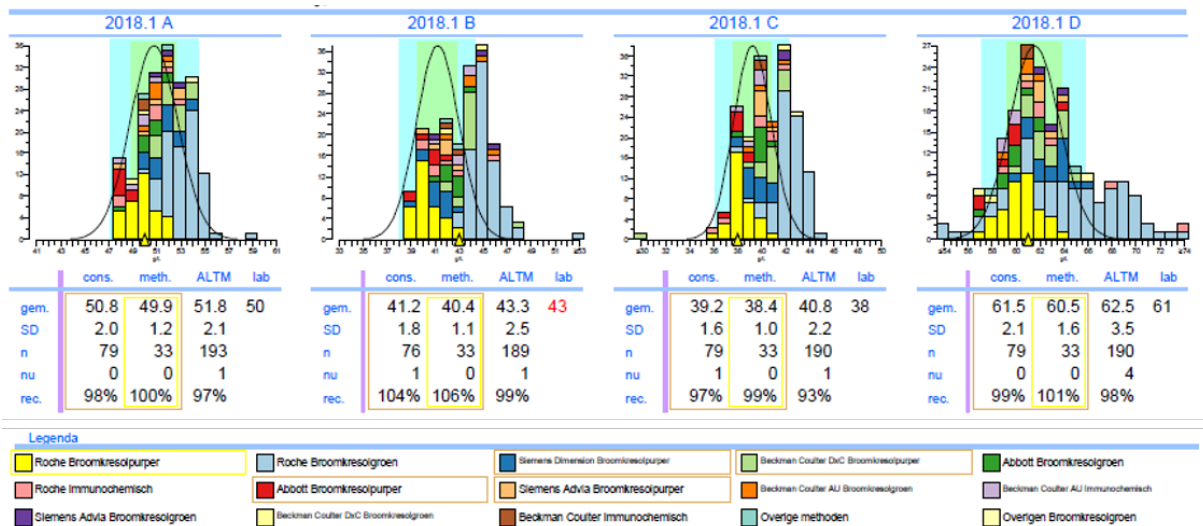
5.6.2. Module histogrammen kwantitatief

In deze module worden de resultaten van deze ronde getoond in de vorm van een histogram per monster. Als het aantal monsters per ronde 1 of 2 is, worden ook de resultaten van vorige rondes getoond tot een maximum van 4.

De kleuren in de staven komen overeen met de gebruikte techniek en wordt verklaard in de legenda. Daarbij wordt de eigen methode altijd in geel weergegeven.

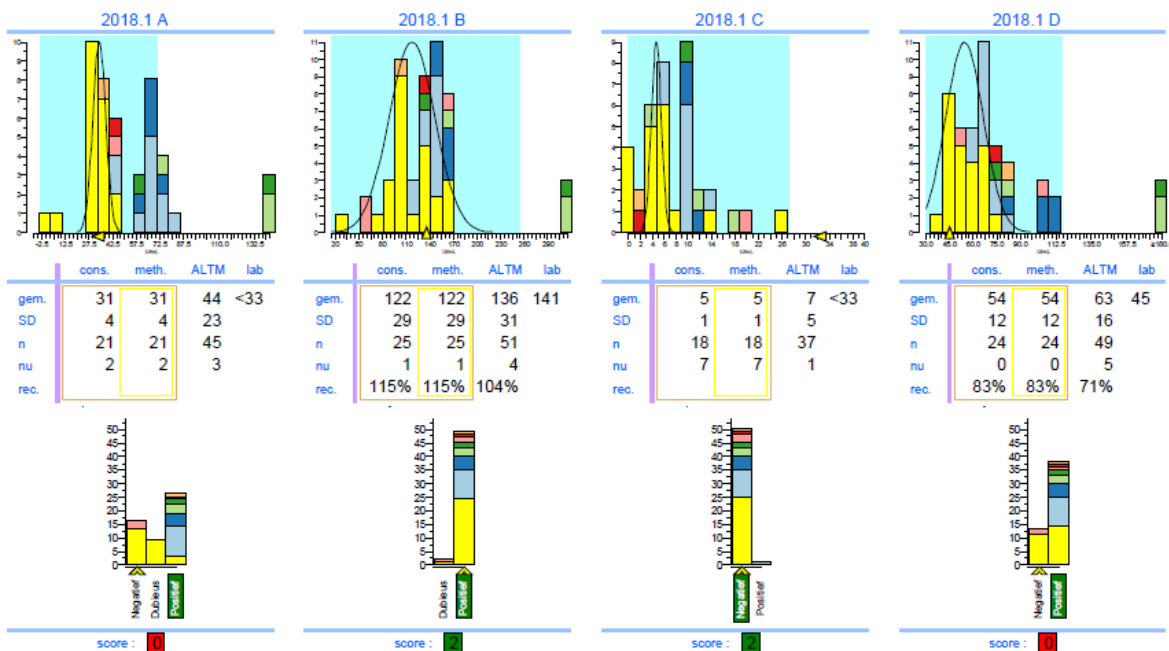
In de kolom ALTM (=All Labs Trimmed Mean) wordt de gemiddelde waarde getoond over alle technieken heen, na verwijdering van uitbijters. Dit geeft een indruk van de totale populatie ingezonden resultaten. Als er een referentiewaarde of expertwaarde is, wordt deze daar getoond.

Onder de histogrammen van kwantitatieve rondzendingen treft u naast het gemiddelde (gem.), de standaarddeviatie (SD), het aantal resultaten (n) en het aantal uitbijters (nu) ook de recovery (rec.) aan. Bij rec. geven we uw resultaat weer als percentage van de bovenste rij "gem." (gemiddelde) waarin respectievelijk (methodegroep)consensus, methodegemiddelde, en referentie, expert of ALTM staan.



5.6.3. Module histogrammen kwalitatief

De kwalitatieve histogrammen worden (indien beschikbaar) getoond direct onder de kwantitatieve histogrammen (eveneens indien beschikbaar). Het kleurgebruik is hetzelfde als in de kwantitatieve histogrammen, zodat de uitslagen aan elkaar kunnen worden gerelateerd.



6. Jaarrapportage

In de Jaarrapportage worden voor elk laboratorium per bepaling de gecumuleerde resultaten getoond, geaggregeerd over alle ingezonden clusters (indien van toepassing). Net als bij de reguliere rapportage, wordt er onderscheid gemaakt tussen kwantitatief, kwalitatief, deterministisch en conclusievragen. Een belangrijk verschil bij de kwantitatieve jaarrapportage met het reguliere rapport is dat er in de jaarrapportage geen tijdsafhankelijke weegfactor gebruikt wordt.

6.1. Kwantitatieve jaarrapportage

In de kolom “Jaarscore” wordt per bepaling de behaalde jaarscore getoond, omkaderd met een rechtehoek die het performance niveau aangeeft: groen als de TEa limiet is gehaald, blauw als alleen aan de SA limiet wordt voldaan. Het aantal punten wordt altijd toegekend op basis van het breedste interval. Als wel aan de TEa limiet wordt voldaan, maar slechts 1 punt en voor SA 2 punten, dan wordt dit via een sterretje met voetnoot uitleg aangegeven. Het getoonde punt is dan wel voor de (scherpere!) TEa limiet.

Ook wordt hier via hetzelfde score pictogram als op het samenvattingsblad van de reguliere rapportage de samenvatting van de differenceplot getoond. In tegenstelling tot de reguliere rapportage zijn nu alle individuele punten zonder tijdweging verwerkt.

De kolom ronde scores is bewust leeg gelaten.

Jaarrapport 2017

Bepaling	Jaarscore	Ronde scores
Natrium	2	
Kalium	2	
Chloride	2	
Calcium	1	
Anorg. Fosfaat		
Magnesium	1	
Lithium	1	
IJzer		
Ureum		
Kreatinine	1	
Uraat		
Glucose	2	
Osmolaliteit		
Lactaat		
Totaal Eiwit	1	
Albumine		
Bilirubine	2	
Alk. Fosfatase	2	
ASAT	2	
ALAT	2	
LD	1*	
Gamma-GT	2	
CK	2	
Amylase	2	
Lipase		

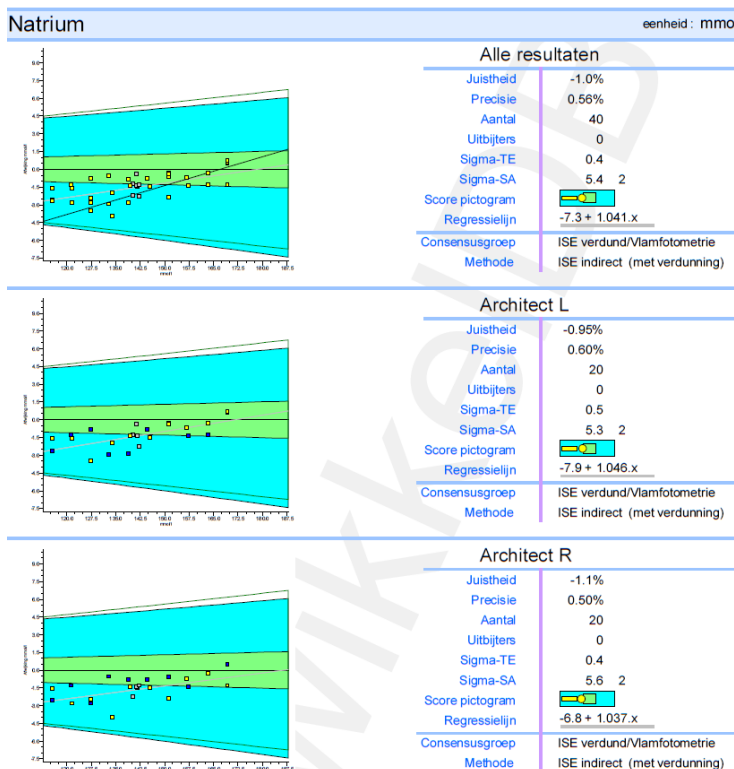
* = Voor SA 2 punten

Legenda: ■ = Binnen TE ■ = Binnen SA ■ = Buiten TE/SA = geen waarde ■ = juist ■ = onjuist

In het tweede deel van het rapport worden per bepaling de differenceplots getoond. Deze differenceplots en bijbehorende scores zijn de middeling van alle ingezonden clusters. Zo ontstaat ook een

beeld van de tussenclustervariatie, wat behulpzaam kan zijn bij uw managementreview, waarbij u immers ook moet beoordelen of de tussenanalyservariatie voldoende beheerst wordt. Als er meerdere clusters zijn ingezonden, worden ook de differenceplots per cluster getoond.

Over de informatie per cluster beschikte u al vanuit de reguliere rapportage, maar daar is de weergave tijdgewogen en zijn duplo's niet als zodanig herkenbaar. Nu zijn de duplo's als zodanig herkenbaar als een tweede punt van een andere kleur met een zelfde x-waarde. Door clusteroverstijgende informatie te vergelijken met informatie per cluster, kunt u beoordelen in welke mate de individuele clusters voldoende op elkaar zijn afgestemd waar dat nodig is. De clusteroverstijgende informatie wordt alleen getoond indien de resultaten van alle clusters gedurende het gehele jaar tegen dezelfde referentie worden gescoord (ofwel er is sprake van referentiewaarde of wel er is sprake van dezelfde consensusgroep).











6.2. Kwalitatieve jaarrapportage

Per bepaling, gegroepeerd per bepalingsgroep, worden de score indicatoren getoond. Omdat niet alle bepalingen voor elk monster worden gevraagd, wisselt de lengte van de staafjes per bepaling.

In hetzelfde rapport worden hier ook de indicatoren voor de conclusievragen getoond. Omdat de gestelde vragen "vrije tekst" vakken zijn, kan geen verdere detaillering gegeven worden en worden alle antwoorden in één staaf weergegeven.

Jaarrapport 2013

Bepaling	Jaarscore	Ronde scores
Hepatitis A		
Hepatitis A IgM	6 / 6	
Hepatitis A IgT	2 / 2	
Hepatitis B		
Hepatitis B HBsAg	12 / 12	
Hepatitis B Anti-HBcore	8 / 10	
Hepatitis B IgM anti-HBcore	2 / 2	
Hepatitis B Anti-HBs	4 / 4	
Hepatitis C		
Hepatitis C Anti-HCV	12 / 12	
Conclusievragen	46 / 48	

Legenda: = geen waarde ■ = juist ■ = onjuist

6.3. Conclusievragen jaarrapportage



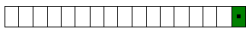
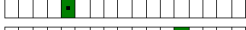


Zie kwalitatieve jaarrapportage hierboven


6.4. Deterministische jaarrapportage

Bij de deterministische jaarrapportage wordt in de eerste regel het aantal juist gedetermineerde monsters weergegeven. Daaronder wordt een opsomming gegeven van de dat jaar gevonden micro-organismen. Elke kolom weerspiegelt één monster. Ook hier wordt met een groene kleur een juiste determinatie aangegeven en met een rode kleur (in onderstaand voorbeeld de *Entamoeba histolytica/dispar*) een onjuiste determinatie (vals positief of vals negatief).

Indien de deelnemer een monster heeft doorgestuurd, zijn er weliswaar functioneel gemiste micro-organismen (vals negatief) maar dit leidt niet tot een foute score bij het betreffende organisme. Ook kan het zijn dat een deelnemer een goed, maar minder precies antwoord geeft dan de expert (bv. *Trypanosoma brucei spp.*, terwijl de expertwaarde is *Trypanosoma brucei rhodesiense*). Ook hier geen foute beoordeling, maar de expert waarde kan wel afgelezen worden via de zwarte punt in het hokje met de expert uitslag.

Jaarrapport 2013

Bepaling	Jaarscore	Ronde scores
P. falc. parasitemie	2 	
Determinaties	29 / 34	
Ascaris lumbricoides		
Cryptosporidium sp.		
Cyclospora cayetanensis		
Dientamoeba fragilis		
Entamoeba histolytica/dispar		
Fasciola hepatica		
Giardia lamblia		
Hymenolepis diminuta		
Hymenolepis nana		
Plasmodium falciparum		
Plasmodium malariae		
Plasmodium ovale		
Plasmodium vivax		
Trypanosoma brucei rhodesiense		
Trypanosoma brucei spp.		
Geen parasieten gezien		

Legenda:  = Binnen TE  = Binnen SA  = Buiten TE/SA  = expertwaarde  = geen waarde  = juist  = onjuist

•	expert heeft determinant WEL gevonden, deelnemer heeft niet deelgenomen voor determinant
•	expert heeft determinant NIET gevonden, deelnemer heeft niet deelgenomen voor determinant
•	expert heeft determinant WEL gevonden, deelnemer heeft determinant als AANWEZIG gerapporteerd
•	expert heeft determinant NIET gevonden, deelnemer heeft determinant als AFWEZIG gerapporteerd
•	expert heeft determinant WEL gevonden, deelnemer heeft determinant (ten onrechte) als AFWEZIG gerapporteerd
•	expert heeft determinant NIET gevonden, deelnemer heeft determinant (ten onrechte) als AANWEZIG gerapporteerd

7. Referenties

1. Miller WG, Myers WL, Lou Gantzer M, Kahn SE, Schönbrunner ER, Thienpont LM, Bunk DM, Christenson RH, Eckfeldt JH, Lo SF, Nübling CM, and Sturgeon CM. Roadmap for harmonization of clinical laboratory measurement procedures. *Clin Chem* 2011; 57: 1108-1117
2. Miller GW, Jones GRD, Horowitz GL, and Weykamp C. Proficiency testing/external quality assessment: current challenges and future directions. *Clin Chem* 2011; 57: 1670-1680
3. Miller WG, Myers GL, and Rej R. Why commutability matters. *Clin Chem* 2006; 52: 553-554
4. Müller MM. Implementation of reference systems in laboratory medicine. *Clin Chem* 2000; 46: 1907-1909
5. Ricos C, Alvarez V, Cava F, et al. Current databases on biologic variation: pros, cons and progress. *Scand J Clin Lab Invest* 1999;59: 491– 500.
6. <http://www.westgard.com/biodatabase1.htm>
7. Jansen RTP. The quest for comparability: Calibration 2000. *Accred Qual Assur* 2000; 5: 363-366
8. Baadenhuijsen H, Steigstra H, Cobbaert C, Kuypers A, Weykamp C, and Jansen R. Commutability Assessment of Potential Reference Materials Using a Multicenter Split-Patient-Sample Between-Field-Methods (Twin-Study) Design: Study within the Framework of the Dutch Project “Calibration 2000”. *Clin Chem* 2002; 48: 1520-1525
9. Cobbaert C, Weykamp C, Baadenhuijsen H, Kuypers A, Lindemans J, and Jansen R. Selection, Preparation, and Characterization of Commutable Frozen Human Serum Pools as Potential Secondary Reference Materials for Lipid and Apolipoprotein Measurements: Study within the Framework of the Dutch Project “Calibration 2000”. *Clin Chem* 2002; 48: 1526-1538
10. Baadenhuijsen H, Weykamp C, Kuypers A, Franck P, Jansen R, and Cobbaert C. Commuteerbaarheid van het huidige monstermateriaal in de SKML-rondzendingen van de algemene klinische chemie. *Ned Tijdschr Klin Chemie Labgeneesk* 2008; 33: 154-157
11. Baadenhuijsen H, Kuypers A, Weykamp C, Cobbaert C, and Jansen R. External quality assessment in the Netherlands: time to introduce commutable survey specimens. Lessons from the Dutch “Calibration 2000” project. *Clin Chem Lab Med* 2005; 43: 304-307
12. Thelen MH, Jansen RT, Weykamp CW, Steigstra H, Meijer R, Cobbaert CM. Expressing analytical performance from multi-sample evaluation in laboratory EQA. *Clin Chem Lab Med*. 2017 doi: 10.1515/cclm-2016-0970. [Epub ahead of print]
13. Sandberg S, Fraser C, Horvath A, Jansen R, Jones G, Oosterhuis W, et al. Defining analytical performance specifications: Consensus Statement from the 1st Strategic Conference of the European Federation of Clinical Chemistry and Laboratory Medicine. *Clin Chem Lab Med* 2015; 53:833–5.
14. EFLM Biological Variation Database, https://biologicalvariation.eu/meta_calculations