



VIO 14-41

*Bacteriologische parameters in
drinkwater*

2014

VIO 14-41

Bacteriologische parameters in drinkwater

2014



© 2014 KWR

Alle rechten voorbehouden.

Niets uit deze uitgave mag worden verveelvoudigd, opgeslagen in een geautomatiseerd gegevensbestand, of openbaar gemaakt, in enige vorm of op enige wijze, hetzij elektronisch, mechanisch, door fotokopieën, opnamen, of enig andere manier, zonder voorafgaande schriftelijke toestemming van de uitgever.

Colofon

Titel

VIO 14-41

Projectnummer

400576

Afdeling

Chemische Waterkwaliteit & Gezondheid

Opdrachtgever

Deelnemende laboratoria

Auteur/Autorisatie

Asmail Asgadaouan

Kwaliteitsborger(s)

Anke Brouwer,
Coördinator Laboratorium voor Microbiologie KWR

Verzonden aan

Deelnemende laboratoria

Datum afgifte en status rapport

3 maart 2014 / definitieve versie

Inhoud

1	Ten Geleide.....	5
2	Deelnemers	6
3	Groepsresultaat.....	7
4	Individuele meetwaarden, z-scores en oordelen.....	8
5	Zaagtandplots	10
6	Methodeninformatie	18
6.1	Legenda Methodeinformatie.....	20
7	Toelichting.....	22
7.1	Opzet.....	22
7.1.1	Criteria minimum aantal laboratoriumresultaten.....	22
7.2	Beoordeling prestaties laboratoria	22
7.3	Groepsresultaat	26
7.3.1	<i>Parameter, monstercode (Code), concentratie (Conc.) en eenheid (U).....</i>	<i>26</i>
7.3.2	<i>Rekenkundig gemiddelde (X_m).....</i>	<i>26</i>
7.3.3	<i>Standaardafwijking (SR)</i>	<i>27</i>
7.3.4	<i>Relatieve standaardafwijking (%SR)</i>	<i>27</i>
7.3.5	<i>Aantal deelnemers na uitschieterverwijdering ($n(a)$).....</i>	<i>27</i>
7.3.6	<i>Aantal 50% hoogste resultaten ($n(b)$).....</i>	<i>27</i>
7.3.7	<i>Gemiddelde van de 50% hoogste resultaten ($X_m(b)$)</i>	<i>27</i>
7.3.8	<i>Standaardafwijking van de 50% hoogste resultaten ($SR(b)$)</i>	<i>27</i>
7.3.9	<i>Relatieve standaardafwijking van de 50% hoogste resultaten (%SR(b))</i>	<i>27</i>
7.3.10	<i>Onzekerheid (u_x).....</i>	<i>27</i>
7.4	Individuele meetwaarden, ‘gewone’ z-score, samengesteld oordeel.....	28
7.4.1	<i>Individuele meetwaarden.....</i>	<i>28</i>

1 Ten Geleide

ringonderzoek hebben zich 12 laboratoria aangemeld. Daarvan hebben 12 deelnemers hun resultaten ingestuurd, zie hiervoor hoofdstuk 2.

De te bepalen parameters waren:

bacterien van de coligroep
Clostridium perfringens
E. coli
enterococcen
koloniegetal 22°C
koloniegetal 36°C
sporen van sulfiet red. clostridia (SSRC)

De monsters voor dit ringonderzoek zijn volgens onderstaand schema bereid (streefindicatie):

Parameter	Eenheid	Fles 1	Fles 2	Fles 3	Fles 4
Bacterien van de Coli-groep waarvan <i>E.Coli</i>	n/100 ml	70	80	90	Duplo fles 2
	n/100ml	10	40	90	
Koloniegetal 22 °C	n/ml	50	200	100	
Koloniegetal 36°C	n/ml	50	100	100	
Enterococcen	n/100ml	20	30	40	
SSRC	n/100ml	30	*	20	
<i>Clostridium perfringens</i>	n/100ml	*	30	*	

* niets toegevoegd.

In hoofdstuk 3 is een overzicht opgenomen van het groepsresultaat.

In hoofdstuk 4 vindt u tabellen met per deelnemer en per parameter de individuele meetwaarden, de 'gewone' z-scores, de aangepaste z-scores en het samengesteld oordeel.

De door de deelnemers gehanteerde bepalingsmethode zijn onder randomnummer opgenomen in hoofdstuk 6. Dit overzicht kan behulpzaam zijn bij het achterhalen van mogelijke oorzaken indien de prestatie van uw laboratorium niet bevredigend is. In hoofdstuk 5 vindt u de zaagtandplots. Verder is een toelichting op de gehanteerde opzet en statistiek opgenomen onder hoofdstuk 7.

U kunt de resultaten van uw laboratorium terugvinden onder het randomnummer dat u in de brief samen met een samenvattende rapportage van ons ontvangt of heeft ontvangen.

Voor vragen en informatie kunt u zich richten tot Asmail Asgadaouan, tel. +31 (0) 30 606 95 95 of per e-mail Ringonderzoek@kwrwater.nl.

2 Deelnemers

RINGONDERZOEK, © Copyright KWR, Nieuwegein Nederland

Naam: VIO 14-41
Jaar: 2014
Datum: 21 januari 2014

LABORATORIA:

X
X
X
X
X

3 Groepsresultaat

Parameter	Code	U	Kentallen alle resultaten						Kentallen 50% 'hoogste' resultaten				
			n	n(a)	Xm(a)	SR(a)	%SR(a)	ux(m(a))	n(b)	Xm(b)	SR(b)	%SR(b)	ux(m(b))
bacterien van de coligroep	Fles 1	kve/100 ml	11	11	50,5	10,8	21,5	3,3 ^a	6	58,8	5,9	10,1	2,4 ^a
bacterien van de coligroep	Fles 2	kve/100 ml	11	11	68,6	19,7	28,8	5,9	6	82,3	16,4	19,9	6,7 ^a
bacterien van de coligroep	Fles 3	kve/100 ml	11	11	96,7	44,7	46,2	13,5 ^a	6	123,7	44,8	36,2	18,3 ^a
bacterien van de coligroep	Fles 4	kve/100 ml	11	11	76,0	31,5	41,4	9,5	6	94,2	33,0	35,0	13,5 ^a
<i>Clostridium perfringens</i>	Fles 2	kve/100 ml	9	9	22,9	12,6	54,9	4,2 ^a	4	33,3	7,2	21,6	3,6 ^a
<i>Clostridium perfringens</i>	Fles 4	kve/100 ml	9	9	21,4	11,2	52,4	3,7 ^a	4	30,8	6,4	20,8	3,2 ^a
<i>E. coli</i>	Fles 1	kve/100 ml	11	11	20,2	12,1	59,7	3,6	6	28,7	9,6	33,4	3,9 ^a
<i>E. coli</i>	Fles 2	kve/100 ml	11	11	63,1	23,8	37,8	7,2 ^a	6	81,7	13,3	16,3	5,4 ^a
<i>E. coli</i>	Fles 3	kve/100 ml	11	11	105,3	44,9	42,6	13,5	6	135,7	39,1	28,8	16,0 ^a
<i>E. coli</i>	Fles 4	kve/100 ml	11	11	68,1	35,8	52,6	10,8 ^a	6	92,2	31,7	34,4	12,9 ^a
enterococcen	Fles 1	kve/100 ml	9	9	20,2	3,8	18,8	1,3 ^a	4	23,5	1,3	5,5	0,7 ^a
enterococcen	Fles 2	kve/100 ml	9	9	26,8	6,7	25,2	2,2 ^a	4	32,3	1,7	5,3	0,9 ^a
enterococcen	Fles 3	kve/100 ml	9	9	41,6	8,7	21,1	2,9 ^a	4	48,3	2,2	4,6	1,1 ^a
enterococcen	Fles 4	kve/100 ml	9	9	25,9	4,6	18,0	1,5 ^a	4	29,8	3,6	12,1	1,8 ^a
koloniegetal 22°C	Fles 1	kve/ml	12	12	39,8	5,3	13,3	1,5					
koloniegetal 22°C	Fles 2	kve/ml	12	12	155,8	32,8	21,0	9,5					
koloniegetal 22°C	Fles 3	kve/ml	10	10	87,7	11,3	12,9	3,6 ^a					
koloniegetal 22°C	Fles 4	kve/ml	12	12	154,3	20,7	13,4	6,0					
koloniegetal 36°C	Fles 1	kve/ml	11	11	37,8	7,2	19,1	2,2					
koloniegetal 36°C	Fles 2	kve/ml	11	11	87,7	17,7	20,2	5,3					
koloniegetal 36°C	Fles 3	kve/ml	11	11	80,0	11,9	14,8	3,6					
koloniegetal 36°C	Fles 4	kve/ml	11	11	92,3	14,8	16,0	4,5 ^a					
sporen sulfiet red. clostridia	Fles 1	kve/100 ml	9	9	22,1	6,2	27,9	2,1 ^a	4	28,0	2,9	10,5	1,5 ^a
sporen sulfiet red. clostridia	Fles 3	kve/100 ml	9	9	20,3	6,0	29,4	2,0 ^a	4	25,8	1,7	6,6	0,9 ^a

^a Deze onzekerheden van de consensuswaarden zijn niet verwaarloosbaar. Deze onzekerheden zijn al automatisch in de SR, de standaardafwijking van het ringonderzoek en daarmee ook in de z-scores ten opzichte van het groeps gemiddelde opgenomen.

Het monsterwater is drinkwater dat door middel van filtratie is gesteriliseerd en afkomstig van Tull en ' Waal.

4 Individuele meetwaarden, z-scores en oordelen

bacterien van de coligroep													
lab	Fles 1	Zi,1*	Zi,1	Fles 2	Zi,2*	Zi,2	Fles 3	Zi,3*	Zi,3	Fles 4	Zi,4*	Zi,4	Samengesteld oordeel
1	42	-2,8	-0,8	63	-1,2	-0,3	74	-1,1	-0,5	60	-1,0	-0,5	G
2	56	-0,5	0,5	81	-0,1	0,6	85	-0,9	-0,3	66	-0,9	-0,3	G
3	37	-3,7	-1,2	57	-1,5	-0,6	55	-1,5	-0,9	52	-1,3	-0,8	G
4	64	0,9	1,2	48	-2,1	-1,0	200	1,7	2,3	150	1,7	2,4	G
5	37	-3,7	-1,2	47	-2,2	-1,1	77	-1,0	-0,4	48	-1,4	-0,9	G
6	39	-3,3	-1,1	54	-1,7	-0,7	72	-1,2	-0,6	52	-1,3	-0,8	G
7	53	-1,0	0,2	101	1,1	1,6	145	0,5	1,1	95	0,0	0,6	G
9	52	-1,1	0,1	55	-1,7	-0,7	66	-1,3	-0,7	59	-1,1	-0,5	G
10	62	0,5	1,1	84	0,1	0,8	115	-0,2	0,4	84	-0,3	0,3	G
11	47	-2,0	-0,3	65	-1,1	-0,2	55	-1,5	-0,9	60	-1,0	-0,5	G
12	66	1,2	1,4	100	1,1	1,6	120	-0,1	0,5	110	0,5	1,1	G

<i>Clostridium perfringens</i>							
lab	Fles 2	Zi,2*	Zi,2	Fles 4	Zi,4*	Zi,4	Samengesteld oordeel
1	42	1,2	1,5	34	0,5	1,1	G
2	36	0,4	1,0	23	-1,2	0,1	G
3	16	-2,4	-0,5	13	-2,8	-0,8	M
4	2	-4,4	-1,7	1	-4,7	-1,8	S
5	22	-1,6	-0,1	24	-1,1	0,2	G
7	24	-1,3	0,1	27	-0,6	0,5	G
9	29	-0,6	0,5	38	1,1	1,5	G
10	9	-3,4	-1,1	16	-2,3	-0,5	M
11	26	-1,0	0,2	17	-2,1	-0,4	G

<i>E. coli</i>													
lab	Fles 1	Zi,1*	Zi,1	Fles 2	Zi,2*	Zi,2	Fles 3	Zi,3*	Zi,3	Fles 4	Zi,4*	Zi,4	Samengesteld oordeel
1	34	0,6	1,1	63	-1,4	0,0	74	-1,6	-0,7	60	-1,0	-0,2	G
2	5,6	-2,4	-1,2	73	-0,7	0,4	85	-1,3	-0,5	33	-1,9	-1,0	G
3	14	-1,5	-0,5	92	0,8	1,2	149	0,3	1,0	95	0,1	0,8	G
4	32	0,3	1,0	48	-2,5	-0,6	200	1,6	2,1	150	1,8	2,3	G
5	7	-2,3	-1,1	36	-3,4	-1,1	77	-1,5	-0,6	48	-1,4	-0,6	G
6	10	-1,9	-0,8	37	-3,4	-1,1	72	-1,6	-0,7	36	-1,8	-0,9	G
7	19	-1,0	-0,1	78	-0,3	0,6	145	0,2	0,9	74	-0,6	0,2	G
9	18	-1,1	-0,2	33	-3,7	-1,3	66	-1,8	-0,9	44	-1,5	-0,7	G
10	43	1,5	1,9	84	0,2	0,9	115	-0,5	0,2	76	-0,5	0,2	G
11	14	-1,5	-0,5	50	-2,4	-0,5	55	-2,1	-1,1	35	-1,8	-0,9	G
12	26	-0,3	0,5	100	1,4	1,5	120	-0,4	0,3	98	0,2	0,8	G

enterococcen													
lab	Fles 1	Zi,1*	Zi,1	Fles 2	Zi,2*	Zi,2	Fles 3	Zi,3*	Zi,3	Fles 4	Zi,4*	Zi,4	Samengesteld oordeel
1	21	-1,9	0,2	26	-3,7	-0,1	26	-10,0	-1,8	19	-3,0	-1,5	M
3	14	-7,4	-1,6	24	-4,8	-0,4	39	-4,2	-0,3	27	-0,8	0,2	M
4	25	1,2	1,3	30	-1,3	0,5	46	-1,0	0,5	35	1,5	2,0	G
5	20	-2,7	-0,1	26	-3,7	-0,1	47	-0,6	0,6	22	-2,2	-0,8	G
6	22	-1,2	0,5	32	-0,1	0,8	51	1,2	1,1	23	-1,9	-0,6	G
7	16	-5,8	-1,1	12	-11,9	-2,2	49	0,3	0,9	26	-1,0	0,0	G
9	17	-5,0	-0,8	33	0,4	0,9	42	-2,8	0,1	29	-0,2	0,7	G
10	24	0,4	1,0	34	1,0	1,1	45	-1,5	0,4	28	-0,5	0,5	G
11	23	-0,4	0,7	24	-4,8	-0,4	29	-8,7	-1,4	24	-1,6	-0,4	G

koloniegetal 22°C									
lab	Fles 1	Zi,1	Fles 2	Zi,2	Fles 3	Zi,3	Fles 4	Zi,4	Samengesteld oordeel
1	36	-0,7	110	-1,4	89	0,1	150	-0,2	G
2	43	0,6	170	0,4	80	-0,7	160	0,3	G
3	37	-0,5	197	1,3	97	0,8	164	0,5	G
4	29	-2,0	150	-0,2	64	-2,1	120	-1,7	G
5	39	-0,2	183	0,8	97	0,8	178	1,1	G
6	48	1,5	176	0,6	93	0,5	162	0,4	G
7	45	1,0	163	0,2	98	0,9	175	1,0	G
8	45	1,0	170	0,4	89	0,1	170	0,8	G
9	43	0,6	175	0,6	4 H	-7,4	163	0,4	G
10	35	-0,9	167	0,3	75	-1,1	150	-0,2	G
11	40	0,0	120	-1,1	95	0,6	110	-2,1	G
12	38	-0,3	88	-2,1	140 H	4,6	150	-0,2	G

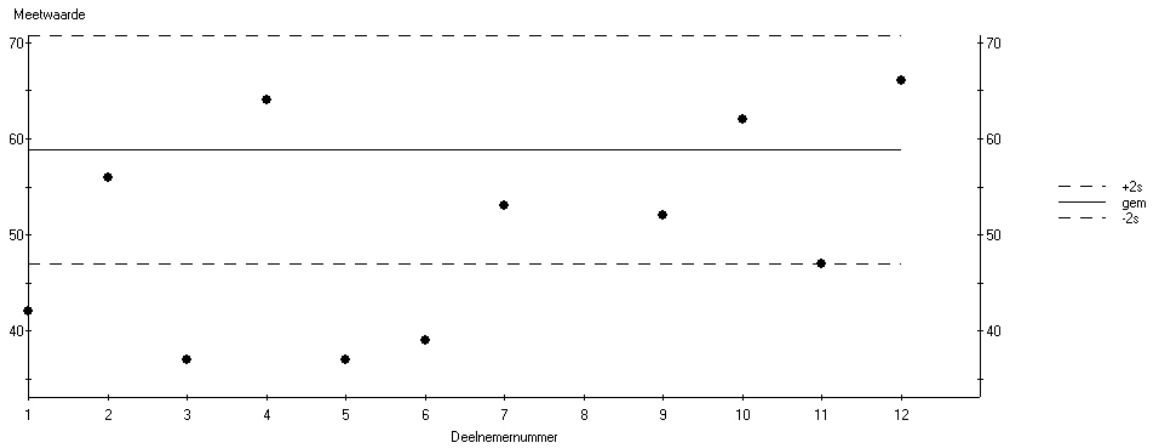
koloniegetal 36°C									
lab	Fles 1	Zi,1	Fles 2	Zi,2	Fles 3	Zi,3	Fles 4	Zi,4	Samengesteld oordeel
1	46	1,1	58	-1,7	60	-1,7	80	-0,8	G
2	35	-0,4	98	0,6	81	0,1	110	1,2	G
3	35	-0,4	99	0,6	75	-0,4	85	-0,5	G
4	30	-1,1	75	-0,7	59	-1,8	60	-2,2	G
5	46	1,1	90	0,1	86	0,5	100	0,5	G
6	37	-0,1	97	0,5	91	0,9	107	1,0	G
7	40	0,3	99	0,6	83	0,3	79	-0,9	G
8	37	-0,1	85	-0,2	95	1,3	100	0,5	G
9	34	-0,5	105	1,0	90	0,8	98	0,4	G
10	50	1,7	104	0,9	85	0,4	101	0,6	G
11	26	-1,6	55	-1,8	75	-0,4	95	0,2	G

Opmerking: fles 2 en fles 4 zijn afkomstig uit hetzelfde vat.

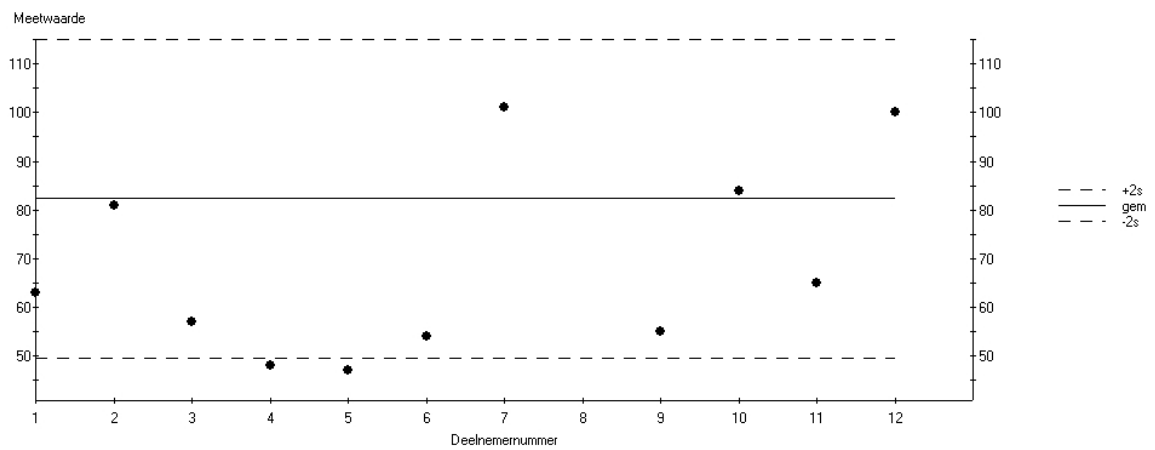
sporen van sulfiet red. clostridia							
lab	Fles 1	Zi,1*	Zi,1	Fles 3	Zi,3*	Zi,3	Samengesteld oordeel
1	25	-1,0	0,5	13	-7,5	-1,2	G
2	17	-3,7	-0,8	28	1,3	1,3	G
3	22	-2,0	0,0	26	0,1	0,9	G
4	16	-4,1	-1,0	24	-1,0	0,6	G
5	17	-3,7	-0,8	18	-4,5	-0,4	S
7	32	1,4	1,6	25	-0,4	0,8	G
9	27	-0,3	0,8	22	-2,2	0,3	G
10	28	0,0	1,0	15	-6,3	-0,9	G
11	15	-4,4	-1,2	12	-8,1	-1,4	S

5 Zaagtandplots

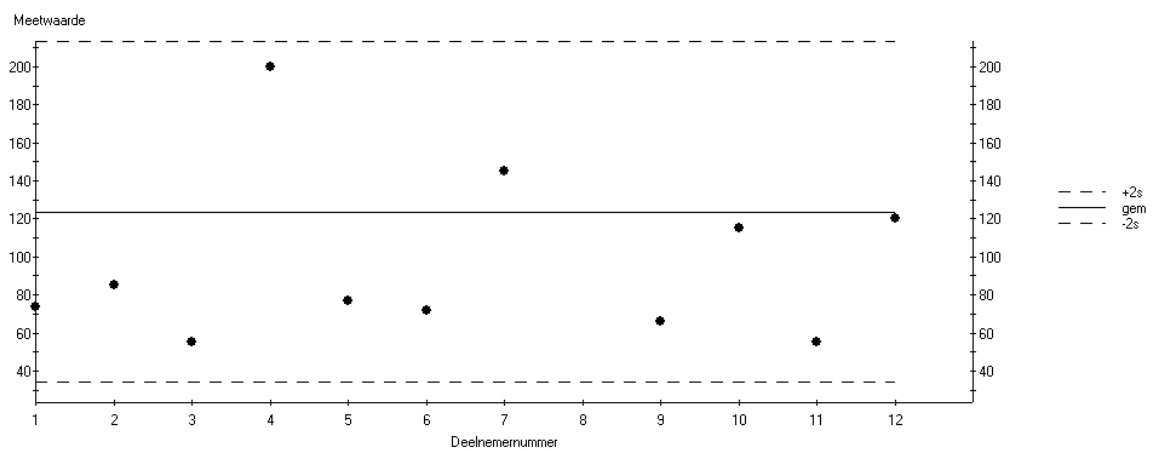
bacterien van de coligroep
Fles 1 Add: 0 kve/100 ml; Drinkwater



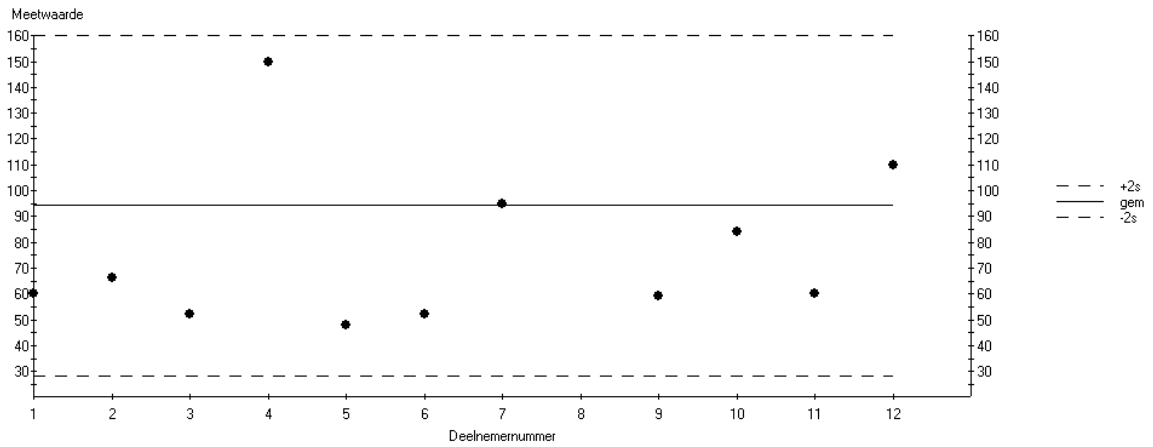
bacterien van de coligroep
Fles 2 Add: 0 kve/100 ml; Drinkwater



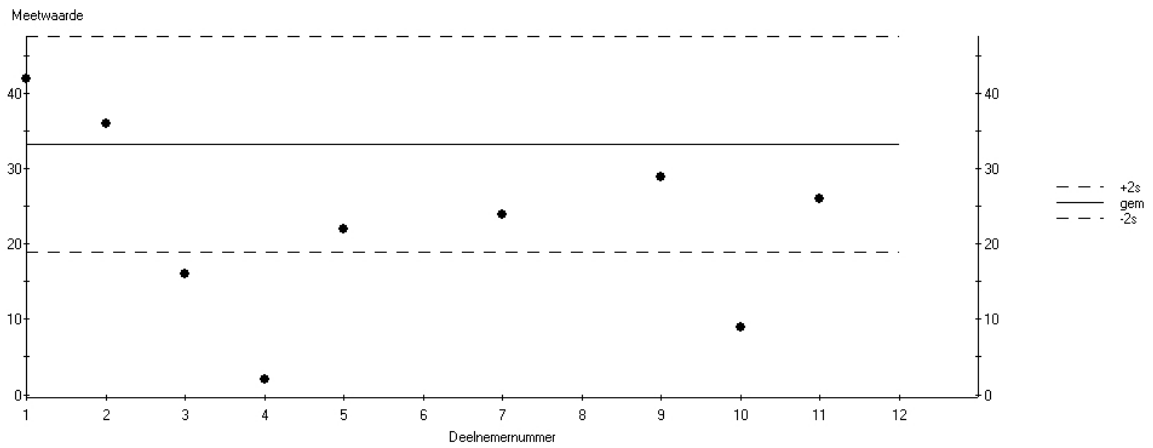
bacterien van de coligroep
Fles 3 Add: 0 kve/100 ml; Drinkwater



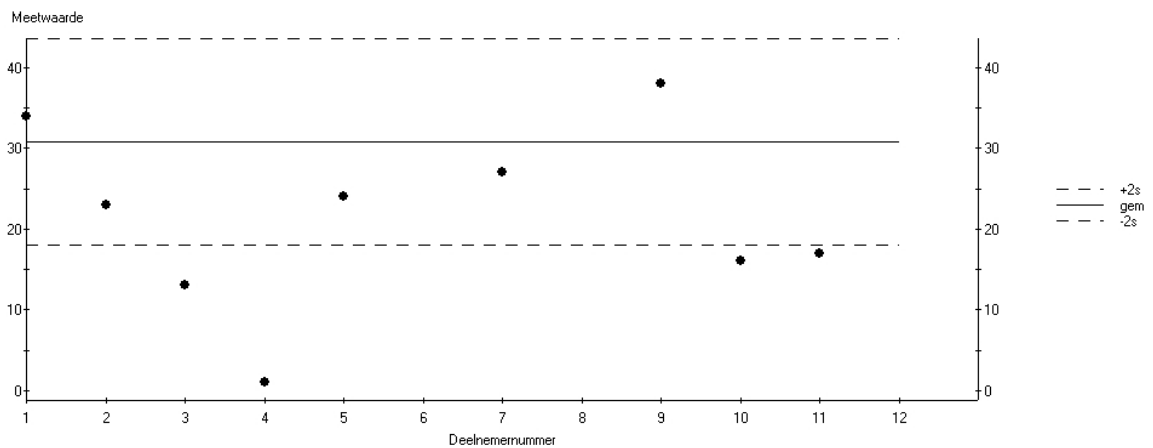
bacterien van de coligroep
Fles 4 Add: 0 kve/100 ml; Drinkwater



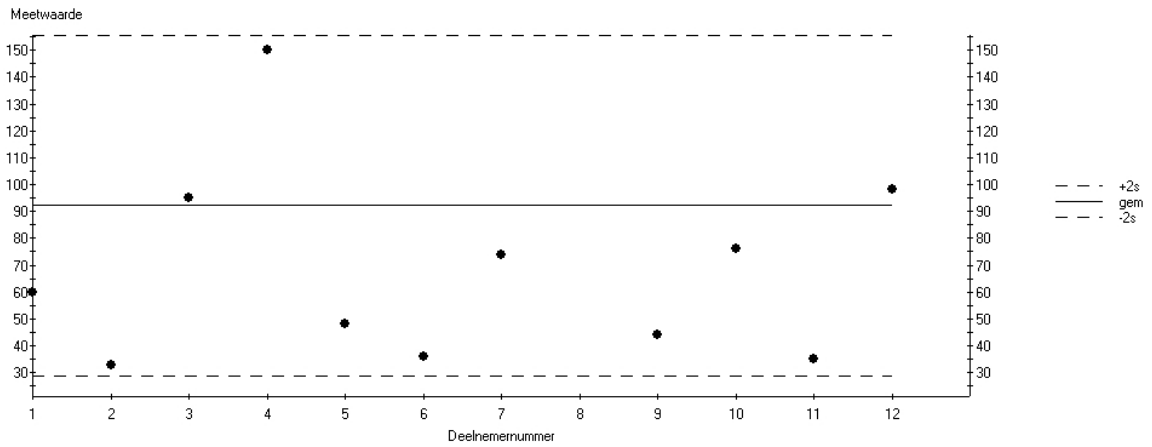
Clostridium perfringens
Fles 2 Add: 0 kve/100 ml; Drinkwater



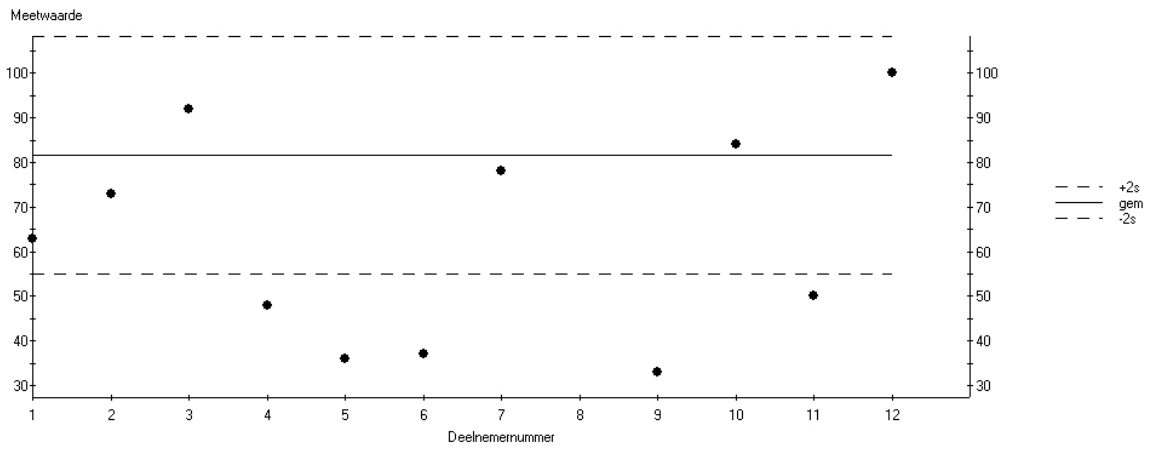
Clostridium perfringens
Fles 4 Add: 0 kve/100 ml; Drinkwater



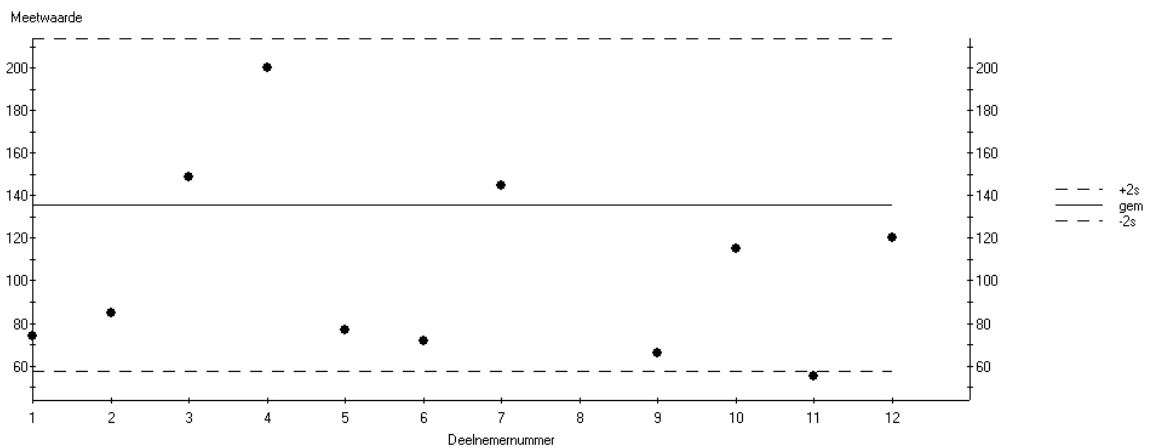
E. coli
Fles 4 Add: 0 kve/100 ml; Drinkwater



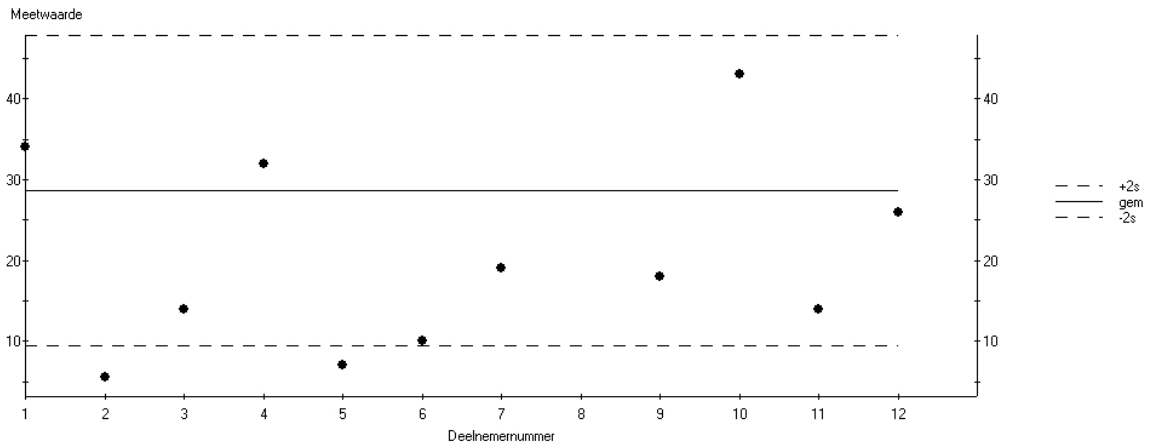
E. coli
Fles 2 Add: 0 kve/100 ml; Drinkwater



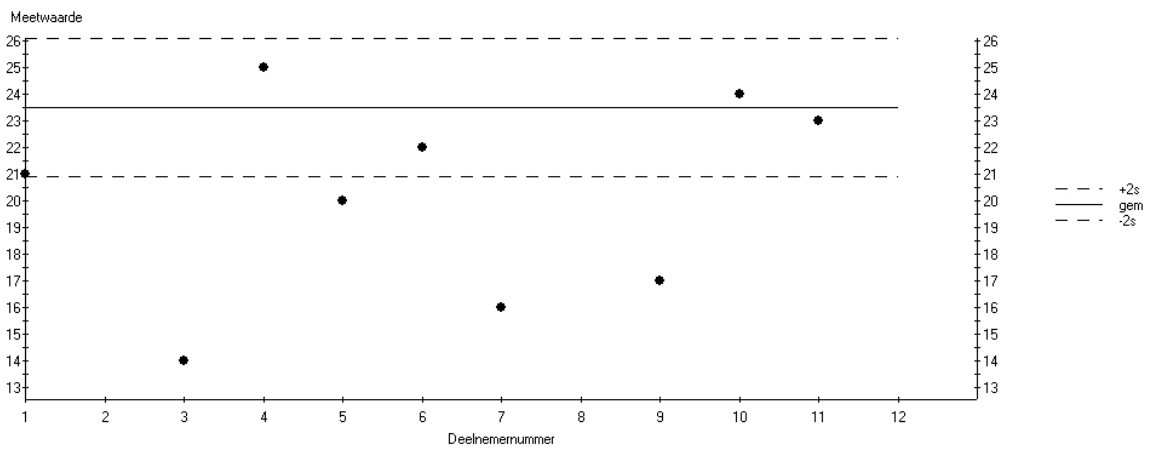
E. coli
Fles 3 Add: 0 kve/100 ml; Drinkwater



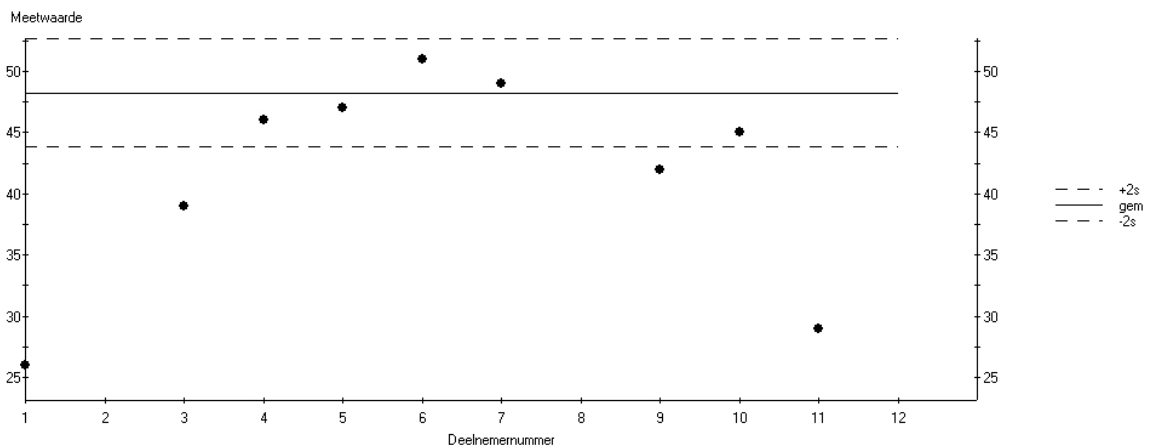
E. coli
Fles 1 Add: 0 kve/100 ml; Drinkwater



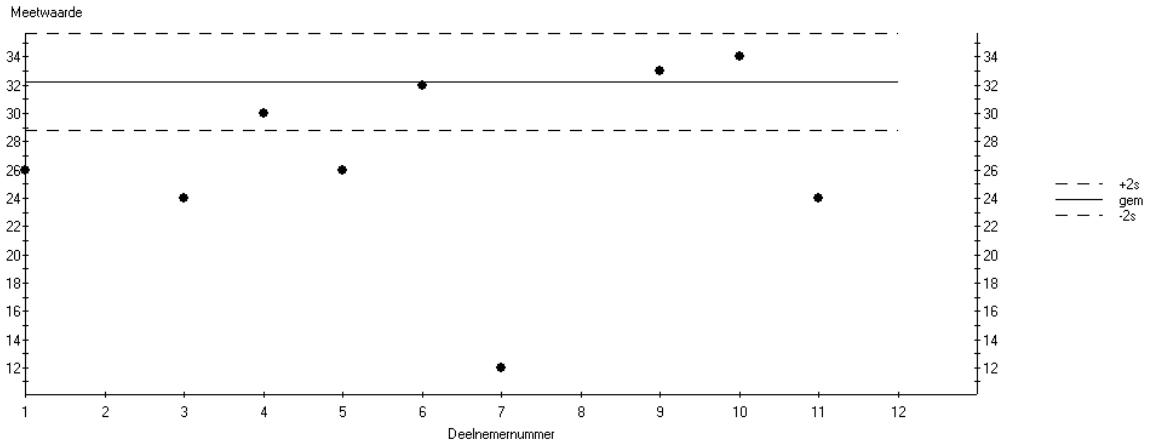
enterococci
Fles 1 Add: 0 kve/100 ml; Drinkwater



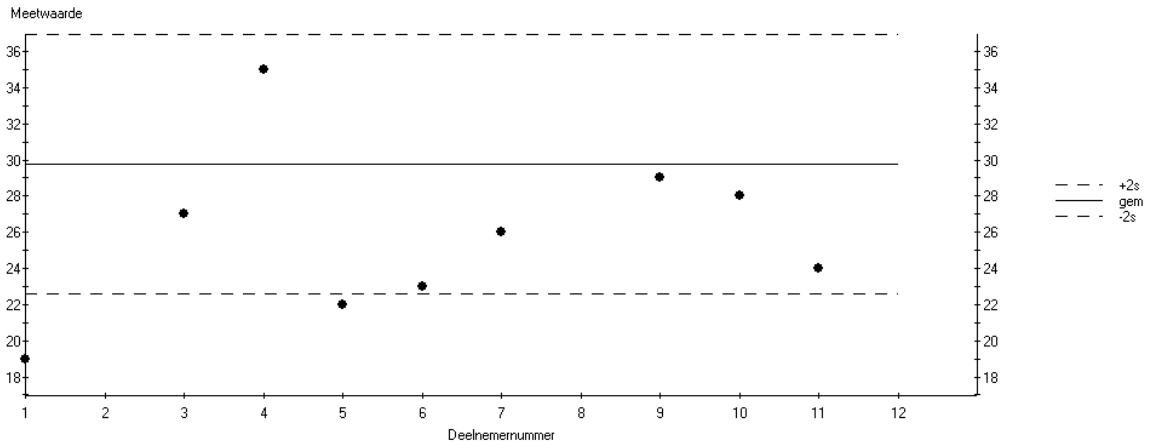
enterococci
Fles 3 Add: 0 kve/100 ml; Drinkwater



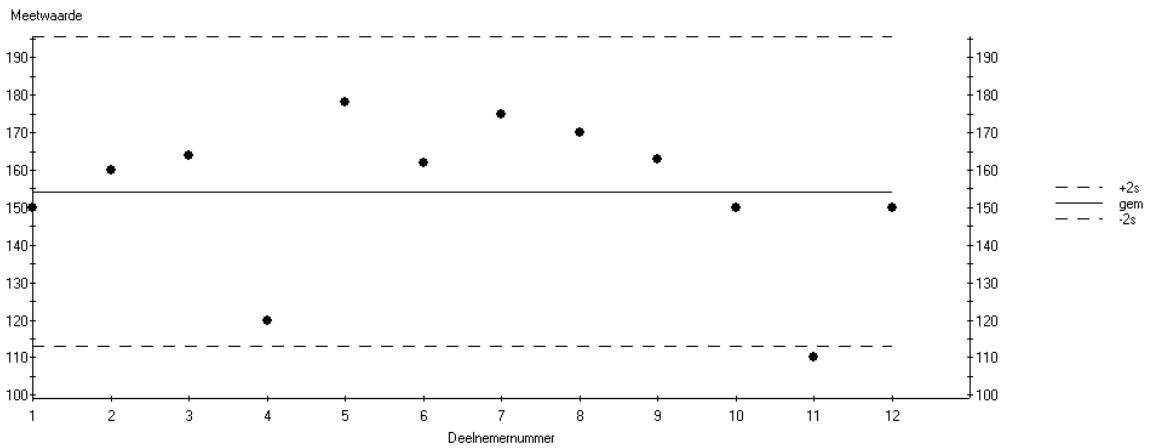
enterococcen
Fles 2 Add: 0 kve/100 ml; Drinkwater



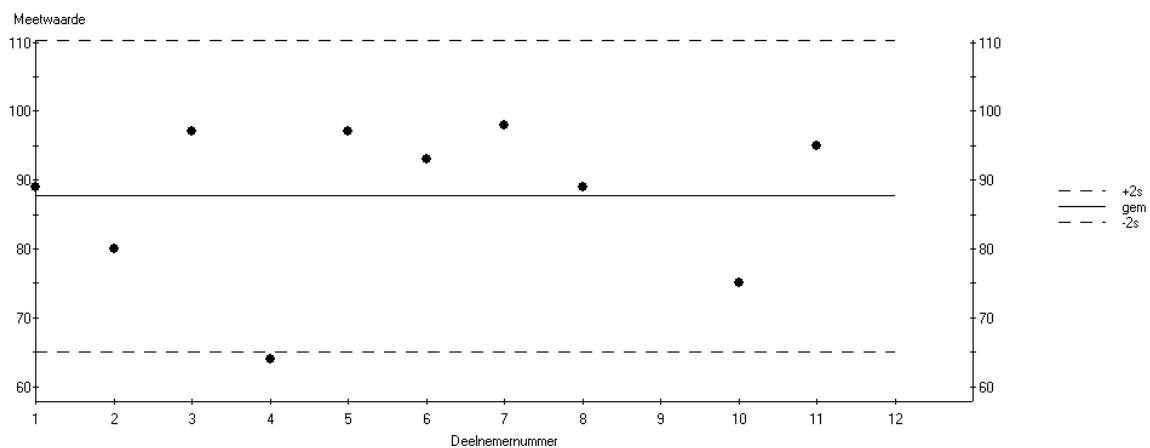
enterococcen
Fles 4 Add: 0 kve/100 ml; Drinkwater



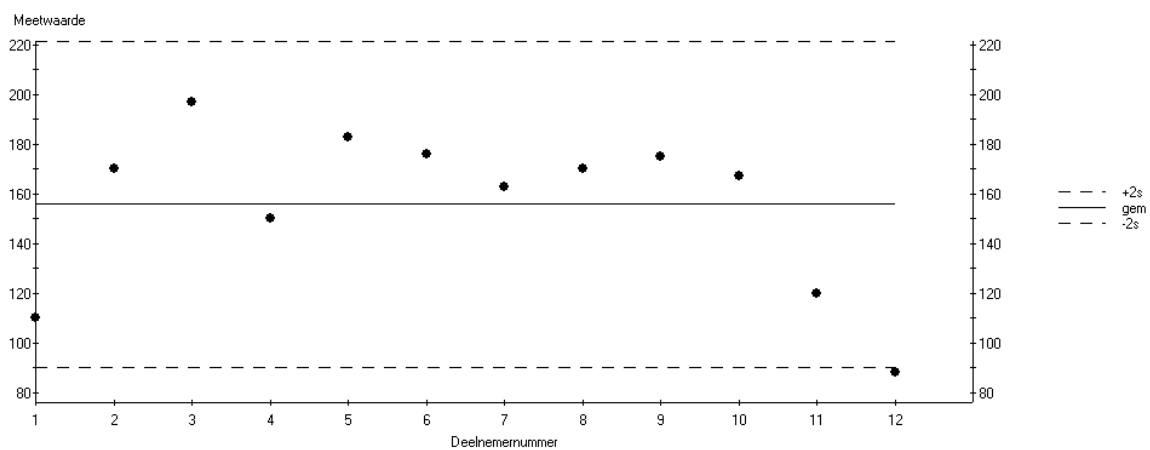
koloniegetal 22°C
Fles 4 Add: 0 kve/ml; Drinkwater



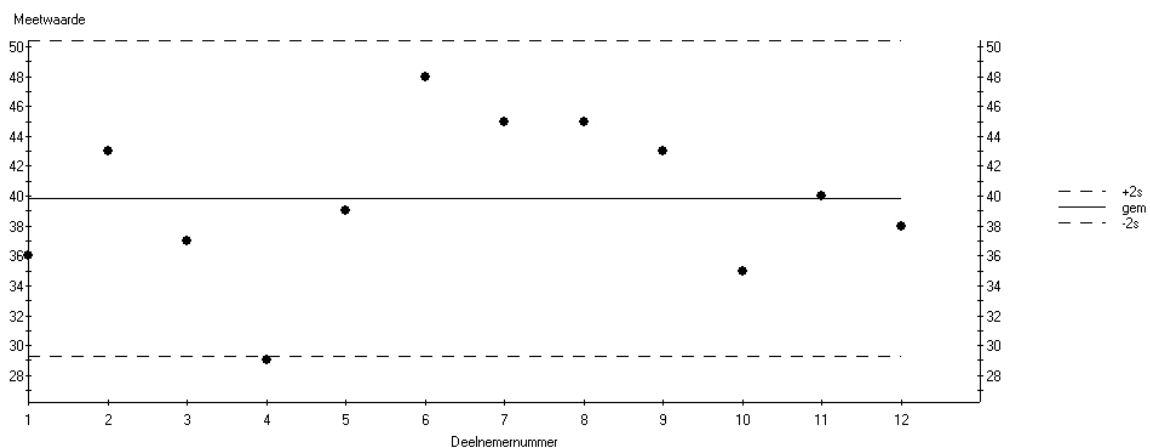
koloniegetal 22°C
Fles 3 Add: 0 kve/ml; Drinkwater



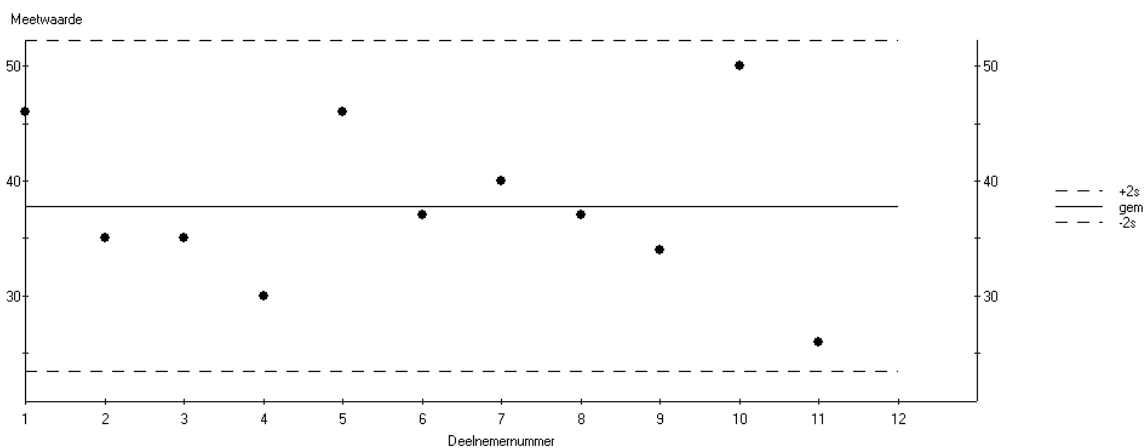
koloniegetal 22°C
Fles 2 Add: 0 kve/ml; Drinkwater



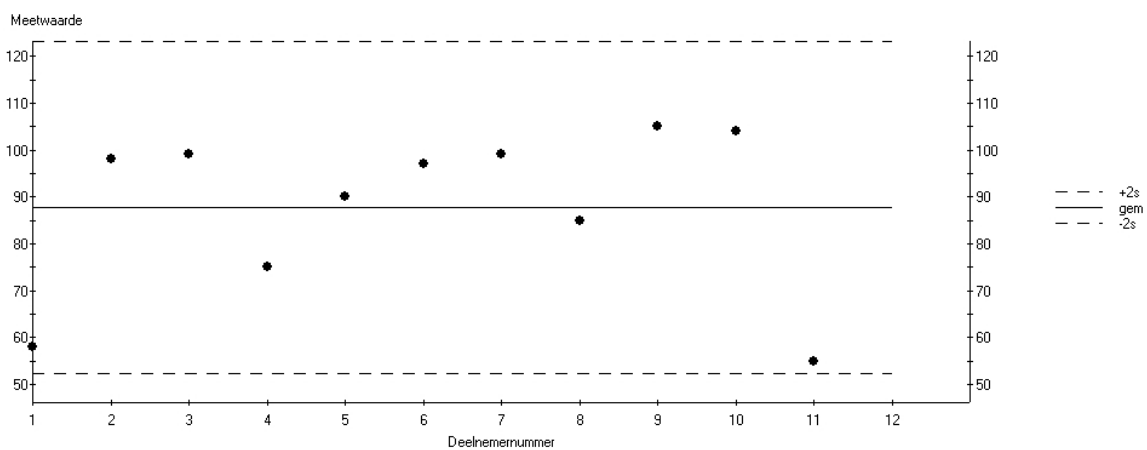
koloniegetal 22°C
Fles 1 Add: 0 kve/ml; Drinkwater



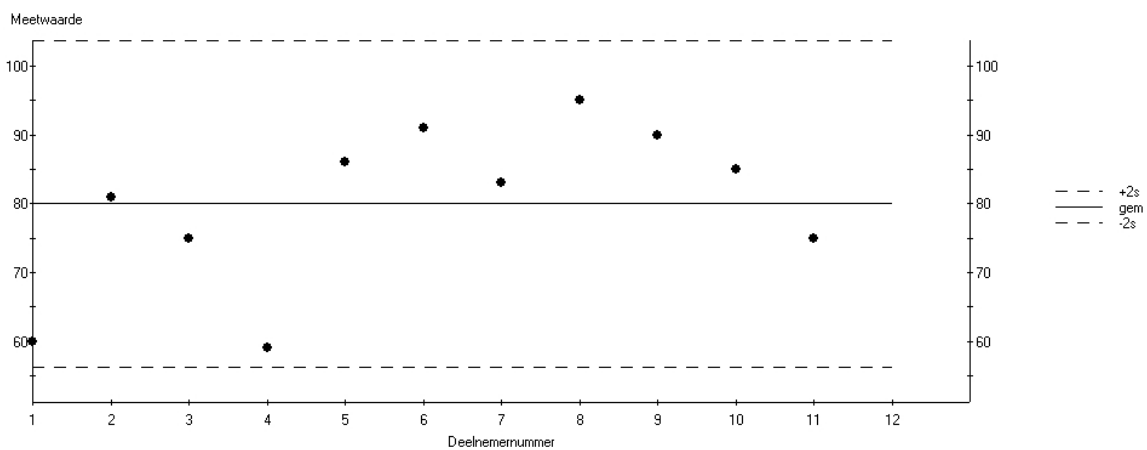
koloniegetal 36°C
Fles 1 Add: 0 kve/ml; Drinkwater



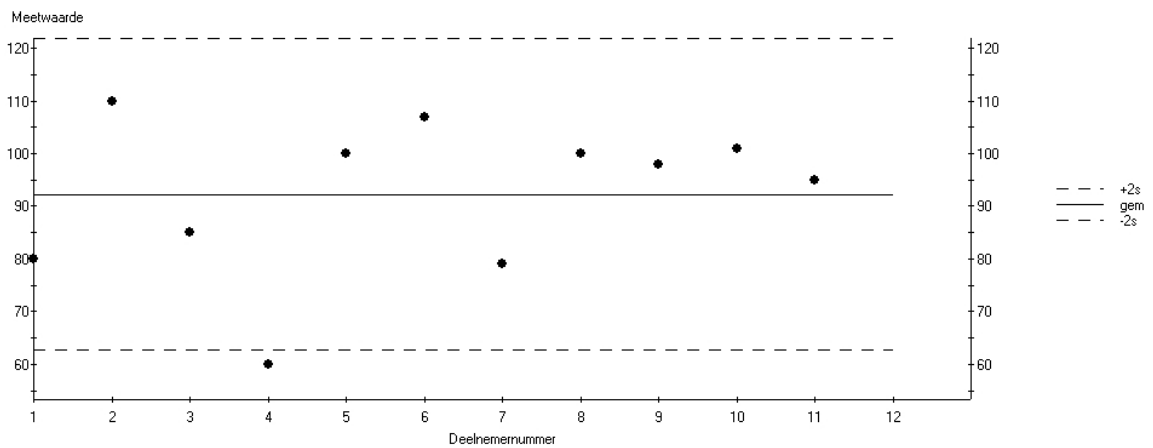
koloniegetal 36°C
Fles 2 Add: 0 kve/ml; Drinkwater



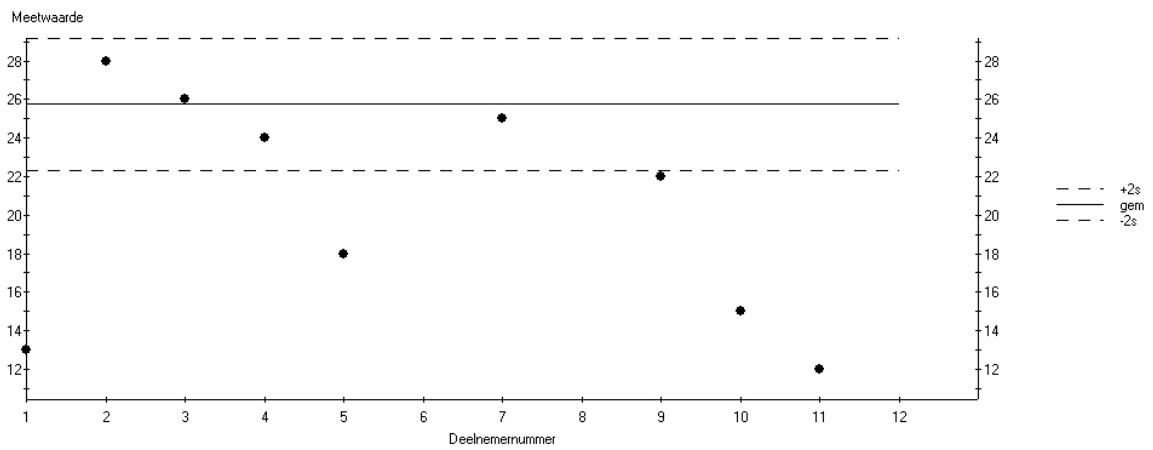
koloniegetal 36°C
Fles 3 Add: 0 kve/ml; Drinkwater



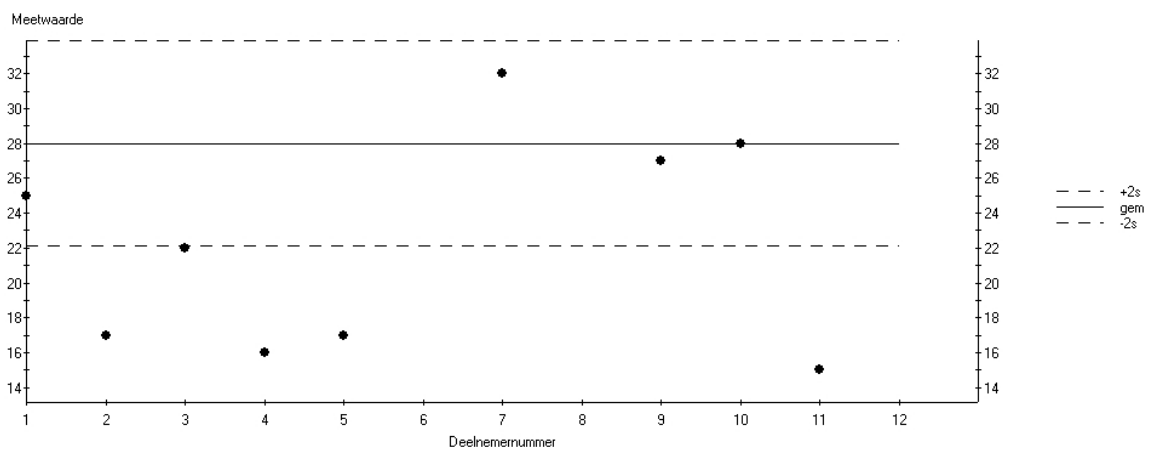
koloniegetal 36°C
Fles 4 Add: 0 kve/ml; Drinkwater



sporen van sulfiet red. clostridia
Fles 3 Add: 0 kve/100 ml; Drinkwater



sporen van sulfiet red. clostridia
Fles 1 Add: 0 kve/100 ml; Drinkwater



6 Methodeninformatie

Parameter: bacterien van de coligroep Matrix: Drinkwater Conservering: Geen						
Voorschrift	Filter	Filter Batchnummer	Medium	Medium Batchnummer	Random nummer	Onderste Analysegrens
ISO9308-1r	MN45	F3CA79948N	LO	1351402	2	1
ISO9308-1s	MA45	-	LO	-	5	1
ISO9308-1s	MA45	1	LO	1	9	1
ISO9308-1s	MN45	/	Z	/	4	1
ISO9308-1s	MN45	F2SA65951	LO	1306268	3	1
ISO9308-1s	MN45	F3MA53307	LZ	-	11	1
ISO9308-1s	S45	1012 13906 1202853	Z	2F0128	10	1
ISO9308-1s	S45	1203103	LO	15177	1	1
ISO9308-1s	WHAT45	G1503346	LT	20131100653	6	0
ISO9308-1s	Z	1	Z	1	12	10
ISO9308-2	-	-	Z	FJ610	7	0

Parameter: <i>Clostridium perfringens</i> Matrix: Drinkwater Conservering: Geen						
Voorschrift	Filter	Filter Batchnummer	Medium	Medium Batchnummer	Random nummer	Onderste Analysegrens
-	-	/	-	/	4	1
-	S45	1012 13906 1202853	Z	67354	10	1
HOUSE	IMP45	1	TM	1	9	1
HOUSE	MA45	-	Z	-	5	1
HOUSE	MN45	F1NA15604	MCPZ	BCBK0759V	3	1
HOUSE	MN45	F3MA53307	MCPZ	-	11	1
HOUSE	S45	1203103	TO	15183	1	1
NEN6567	MN45	F3CA79948N	PAO	-	2	1
Z	MA45	F3NA49604N	TM	2901	7	0
Z	MN45	F3CA79948N	MCPZ	1087308	2	1

Parameter: <i>E. coli</i> Matrix: Drinkwater Conservering: Geen						
Voorschrift	Filter	Filter Batchnummer	Medium	Medium Batchnummer	Random nummer	Onderste Analysegrens
ISO9308-1r	MN45	F1NA15604	TGA/TSA	1081964/1290712	3	1
ISO9308-1r	MN45	F3MA53307	LZ	-	11	1
ISO9308-1s	IMP45	/	Z	/	4	1
ISO9308-1s	MA45	-	LO	-	5	1
ISO9308-1s	MA45	1	Z	1	9	1
ISO9308-1s	MN45	F3CA79948N	LO	1351402	2	1
ISO9308-1s	S45	1012 13906 1202853	Z	2F0128	10	1
ISO9308-1s	S45	1203103	LO	15177	1	1
ISO9308-1s	WHAT45	G1503346	LT	20131100653	6	0
ISO9308-1s	Z	1	Z	1	12	10
ISO9308-2	-	-	Z	FJ610	7	0

Parameter: enterococcen Matrix: Drinkwater Conservering: Geen						
Voorschrift	Filter	Filter Batchnummer	Medium	Medium Batchnummer	Random nummer	Onderste Analysegrens
-	-	/	-	/	4	1
ISO7899-2	IMP45	1	Z	1	9	1
ISO7899-2	MA45	-	SBAOX	-	5	1
ISO7899-2	MA45	F3NA49604N	SBAOX	1502	7	0
ISO7899-2	MN45	F1NA15604	SBA-br	260224	3	1
ISO7899-2	MN45	F3MA53307	SBAOX	-	11	1
ISO7899-2	S45	1012 13906 1202853	Z	1377032	10	1
ISO7899-2	S45	1203103	SBAOX	14931	1	1
ISO7899-2	WHAT45	G1503346	SBAOX	1282258	6	0

Parameter: koloniegetal 22°C Matrix: Drinkwater Conservering: Geen						
Voorschrift	Filter	Filter Batchnummer	Medium	Medium Batchnummer	Random nummer	Onderste Analysegrens
ISO6222	-	-	GEA-bk	GEA11G444A	8	1
ISO6222	-	-	PBR	1C0114	2	1
ISO6222	-	-	PO	-	5	1
ISO6222	-	-	YEA D	-	11	1
ISO6222	-	-	YEA O	2102	7	0
ISO6222	-	-	Z	9C215	10	1
ISO6222	-	--	PO	1284031	6	0
ISO6222	-	/	YEA B	/	4	1
ISO6222	-	1	YEA O	1	9	1
ISO6222	-	a	YEA Z	a	12	10
ISO6222	-	geen	PBR	2B0115	3	1
ISO6222	-	nvt	PO	15163	1	1
ISO6222	-	nvt	PO	15613	1	1

Parameter: koloniegetal 36°C Matrix: Drinkwater Conservering: Geen						
Voorschrift	Filter	Filter Batchnummer	Medium	Medium Batchnummer	Random nummer	Onderste Analysegrens
ISO6222	-	-	GEA-bk	GEA11G444A	8	1
ISO6222	-	-	PBR	1C0114	2	1
ISO6222	-	-	PO	-	5	1
ISO6222	-	-	YEA D	-	11	1
ISO6222	-	-	YEA O	2102	7	0
ISO6222	-	-	Z	9C215	10	1
ISO6222	-	--	PO	1284031	6	0
ISO6222	-	/	YEA B	/	4	1
ISO6222	-	1	YEA O	1	9	1
ISO6222	-	geen	PBR	2B0115	3	1
ISO6222	-	nvt	PO	15163	1	1

Parameter: sporen van sulfiet red. clostridia

Matrix: Drinkwater

Conservering: Geen

Voorschrift	Filter	Filter Batchnummer	Medium	Medium Batchnummer	Random nummer	Onderste Analysegrens
-	-	/	-	/	4	1
HOUSE	MA45	-	Z	-	5	1
HOUSE	S45	1203103	SD	15175	1	1
ISO6461-1	S20	0607 11407 0700343	Z	67354	10	1
NEN6567	MN20	1	Z	1	9	1
NEN6567	MN45	F3CA79948N	PAO	-	2	1
NEN6567	MN45	F3MA53307	TZ	-	11	1
NEN6567	SA20	9131140713035 43	SD	2010797	3	1
Z	SA20	011211407	TM	2901	7	0

6.1 Legenda Methodeinformatie

Filter	
-	None
IMP45	Isoporefilter Milipore 0,45 µm
MA45	Millipore cell.acetaat 0,45 µm
MN20	Millipore cell. nitraat 0,2 µm
MN45	Millipore cell.nitraat 0,45 µm
S20	Sartorius Cell.nitr. 0,20 µm
S45	Sartorius Cell nitr. 0,45 µm
SA20	Sartorius cell.acetaat 0,2 µm
WHAT45	Whatman filter 0.45 µm
Z	Other

Medium	
-	None
GEA-bk	GEA, Biokar
LO	LSA, Oxoid
LT	LSA, Tritium
LZ	LSA, other
MCPZ	mCP, zelf samengesteld
PAO	PAB, Oxoid
PBR	PCA, Biorad
PO	PCA, Oxoid
SBA-br	SBA, Biorad
SBAOX	SBA, Oxoid
SD	SFP, BD-Difco
TGA/TSA	Trypton-Gal-Agar en Trypton-Soja-Agar
TM	TSC, Merck
TO	TSC, Oxoid
TZ	TSC, other
YEA B	YEA, Bio-Rad
YEA D	YEA, BD-Difco
YEA O	YEA, Oxoid
YEA Z	YEA, Other
Z	Other

Voorschrift	
-	None
HOUSE	In-house method
ISO6222	Water- Telling van kweekbare micro-organismen
ISO6461-1	Water Quality - Det and enumeration of spores of sulfite-reducing clostridia-enrichm liquid medium
ISO7899-2	Water - Detectie en enumeratie van enterococcen m.b.v. membraanfiltratie
ISO9308-1r	Snelle methode: Detectie en enumeratie van E.coli en coliforme bact. m.b.v. membraanfiltratie
ISO9308-1s	standaard methode: Detectie en enumeratie van E.coli en bact. vd coligroep m.b.v. membraanfiltratie
ISO9308-2	Water Quality - Det and enum of coliform org.,therm. coliform org. and pres. Esch. coli
NEN6567	Bact. onderzoek van drinkwater mbv membraanfiltratie naar de aanwezigheid van SSRC
Z	Other

7 Toelichting

7.1 Opzet

Het voorliggende rapport betreft de rapportage van een laboratorium-evaluerend onderzoek. Het primaire doel van een dergelijk onderzoek, ook wel ringonderzoek genoemd, is de gelegenheid te creëren eigen prestaties onder zo normaal mogelijke omstandigheden te toetsen. Om de laboratoria door middel van deelname aan de KWR-ringonderzoeken zoveel mogelijk in de gelegenheid te stellen inzicht te krijgen in de eigen prestatie in de dagelijkse praktijk, worden praktijkmonsters aangeboden. De monsters worden derhalve bereid uit feitelijk drinkwater. Ook wordt de keuze van de bepalingsmethode(n) vrij gelaten.

Homogeniteit en stabiliteit

Het primaire doel van de KWR laboratorium-evaluerende ringonderzoeken is de prestaties van de deelnemende laboratoria te toetsen. KWR stelt zich ten doel ringonderzoeken van hoog niveau te verzorgen. Van hoog betekent dat de monsters die worden aangeboden een zo goed mogelijke afspiegeling zijn van de monsters die de deelnemers in de dagelijkse praktijk analyseren en daarnaast homogeen en stabiel (over aangegeven periode) zijn.

Voor dit onderzoek zijn de monsterflessen afgevuld uit een batch die vooraf op homogeniteit gecontroleerd is. De homogeniteit van de batch voldoet aan de door KWR gestelde eisen. De stabiliteit van de parameters wordt periodiek getest. In de begeleidende instructie die voorafgaat aan het ringonderzoeken, wordt de deelnemende laboratoria gevraagd de monsters binnen een bepaalde termijn te analyseren.

7.1.1 Criteria minimum aantal laboratoriumresultaten

Het minimum aantal laboratoriumresultaten (waarnemingen voor een parameter/monsterset combinatie) dat aanwezig moet zijn om statistische analyse op uit te voeren is gesteld op 8 resultaten. Indien het aantal laboratoriumresultaten minder dan 8 is, worden de gebruikelijke statistische kentallen (gemiddelde, standaarddeviatie ed.) inclusief de z-scores berekend. Alleen wordt het oordeel (Goed, Matig, Slecht) op basis van de z-scores dan weggelaten. En indien er minder dan 4 laboratoriumresultaten zijn, worden er ook geen Youdenplots (alleen voor chemische ringonderzoeken) gemaakt.

7.2 Beoordeling prestaties laboratoria

Bij de verwerking van ringonderzoeken wordt gebruikelijkerwijs per parameter voor elk deelnemend laboratorium de z-score ten opzichte van het groepsgemiddelde berekend, als maat voor de prestatie van dat laboratorium, volgens:

$$Z_i = \frac{x_i - \bar{x}}{s}$$

met x_i het resultaat van laboratorium i , \bar{x} het gemiddelde van de resultaten zonder de uitschieters (het groepsgemiddelde) en s de standaardafwijking van de resultaten zonder de uitschieters. Als er van mag worden uitgegaan dat de resultaten afkomstig zijn uit een normale kansverdeling, kunnen voor de beoordeling de volgende criteria worden gebruikt¹:

- het laboratorium presteert **Goed** ten opzichte van het groepsgemiddelde als $|Z_i| \leq 2,0$;
- het laboratorium presteert **Matig** ten opzichte van het groepsgemiddelde als $2,0 < |Z_i| \leq 3,0$;
- het laboratorium presteert **Slecht** ten opzichte van het groepsgemiddelde als $|Z_i| > 3,0$.

Als de resultaten afkomstig zijn uit een normale kansverdeling, dan is de kans op het oordeel **Goed** 95,4%, terwijl de kansen op de oordelen **Matig** en **Slecht** respectievelijk 4,3% en 0,3% zijn.

Samengesteld oordeel op basis van de aangepaste z-scores

Bij de microbiologische ringonderzoeken is de bovengenoemde 'gewone' z-score te weinig onderscheidend gebleken. Dit komt doordat de standaardafwijking van de resultaten (s) bij dit soort ringonderzoeken doorgaans relatief groot is. Alle laboratoria scoren dan **Goed**, vaak geheel tegen de verwachting in. Ook laboratoria die niets terugvonden in een monster waarin wel degelijk organismen of bacteriën zaten kunnen dan zelfs nog **Goed** scoren.

¹ $|Z|$ staat in hierbij voor de absolute waarde van Z .

Om dit probleem op te lossen, wordt er geen oordeel meer geveld op basis van de 'gewone' z-score, maar op basis van een *aangepaste* z-score (hieronder toegelicht). Verder betreft het een *samengesteld oordeel*, op basis van de resultaten van het laboratorium over alle monsters (doorgaans zijn dit er vier). De rapportage vermeldt voor elke combinatie van laboratorium en monster nog wel de 'gewone' z-score, maar daar wordt verder geen oordeel aan gekoppeld. Deze 'gewone' z-score wordt nog louter vermeld om tegemoet te komen aan het feit dat veel laboratoria hun z-scores tegen de tijd uitzetten, bijvoorbeeld in een controlekaart, om zo een systematische afwijking en/of trend te kunnen detecteren.

Aangepaste z-score

De aangepaste z-score is gebaseerd op het gemiddelde en de standaardafwijking van de 50% hoogste resultaten (na verwijdering van uitschieters), volgens:

$$Z_i^* = \frac{x_i - \bar{x}^*}{s^*}$$

met x_i het resultaat van laboratorium i , \bar{x}^* het gemiddelde van de 50% hoogste resultaten en s^* de standaardafwijking van de 50% hoogste resultaten. Deze aangepaste z-score zal bij een microbiologisch ringonderzoek scherpere oordelen over de prestaties van laboratoria mogelijk maken, doordat de hoogste resultaten van een microbiologische bepaling doorgaans dichter bij de werkelijke waarde liggen dan de laagste resultaten. Een hoog resultaat is immers zelden het gevolg van introductie van het te onderzoeken organisme door het deelnemende lab. Dit geldt in ieder geval voor de parameters *E.Coli*, bacteriën van de coligroep, enterococci, SSRC, *Clostridium perfringens*, *Aeromonas*, *Legionella*, *pseudomonas* en *staphylococci*. Voor de overige parameters, zoals koloniegetal 22°C en 36°C, koloniegetal op R_A en ATP, kan een hoge waarneming echter wel degelijk zijn veroorzaakt door een door het laboratorium geïntroduceerde verontreiniging. Voor deze parameters wordt daarom geen aangepaste z-score berekend. En voor de parameter *Salmonella* wordt helemaal geen z-score berekend.

Samengestelde oordeel

Bij de meeste microbiologische ringonderzoeken krijgt elk laboratorium vier monsters te verwerken. Door eerst elk van deze vier resultaten te beoordelen op basis van zijn aangepaste z-score – dit oordeel noemen we het tussenoordeel – kan vervolgens een samengesteld oordeel over de prestatie van het betreffende laboratorium worden gegeven, ongeacht het soort kansverdeling waar de resultaten uit afkomstig zijn. Een tussenoordeel op basis van de aangepaste z-score komt tot stand volgens de eerder beschreven criteria voor de 'gewone' z-score (**Goed** als $|Z| \leq 2,0$, **Matig** als $2,0 < |Z| \leq 3,0$ en **Slecht** als $|Z| > 3,0$). De combinatie van de vier tussenoordelen bepaalt het samengestelde oordeel.

Statistische onderbouwing samengestelde oordeel

Het risico dat een laboratorium bij bovenstaande aanpak onterecht het samengestelde oordeel **Slecht** krijgt is verwaarloosbaar klein, zoals hieronder toegelicht.

Stel dat alle laboratoria dezelfde nauwkeurigheid vertonen, wat is dan het risico dat een laboratorium toch het samengestelde oordeel **Slecht** krijgt? Als alle laboratoria dezelfde nauwkeurigheid vertonen, treedt er geen systematische fout op tussen de laboratoria en is er alleen sprake van een toevallige meetfout. Alle resultaten van het microbiologische ringonderzoek zullen dan afkomstig zijn uit dezelfde Poisson-kansverdeling (het betreft immers tellingen). En als het werkelijke aantal van de betreffende microbiologische parameter (zoals *Aeromonas*, of *E.coli*) voldoende groot is (zeg > 30), dan is die Poisson-kansverdeling goed te benaderen met een normale kansverdeling. We mogen er dan dus van uitgaan dat alle resultaten afkomstig zijn uit dezelfde normale kansverdeling. Met Monte-Carlo-simulatie is vastgesteld wat onder dat uitgangspunt de kansen zijn op elk van de samengestelde oordelen **Goed**, **Matig** en **Slecht** op basis van de aangepaste z-scores. De simulatie omvatte het 100.000 maal aselekt trekken van n waarden uit een normale kansverdeling, waarna voor elke steekproef van n waarden de n aangepaste z-scores zijn bepaald (dus met behulp van het gemiddelde en de standaardafwijking van de $n/2$ hoogste waarden). Daarna is voor elk van de vijf intervallen $Z < -3$; $-3 \leq Z < -2$; $-2 \leq Z \leq +2$; $+2 < Z \leq +3$; $+3 < Z$ vastgesteld hoeveel van de resulterende 100.000 maal n z-scores daarbinnen vallen. Door vervolgens elk van die aantallen te delen door 100.000 maal n resulteren de (benaderingen van de) kansen op aangepaste z-scores in de betreffende intervallen.

Deze kansen zijn vermeld in onderstaande tabel, waarbij voor n achtereenvolgens 10, 20, 40, 60 en 100 is genomen (n is hierbij op te vatten als het aantal deelnemende laboratoria aan het ringonderzoek). Tevens is per aangepaste z-score het bijbehorende tussenoordeel voor het betreffende resultaat vermeld.

Aangepaste z-score	Tussenoordeel	$n = 10$	$n = 20$	$n = 40$	$n = 60$	$n = 100$
$Z < -3$	Slecht	17,52%	16,72%	16,23%	16,02%	15,88%
$-3 \leq Z < -2$	Matig	13,67%	15,91%	17,12%	17,60%	17,96%
$-2 \leq Z \leq +2$	Goed	68,81%	65,81%	64,61%	64,24%	63,97%
$+2 < Z \leq +3$	Matig	0,00%	1,57%	1,87%	1,87%	1,84%
$+3 < Z$	Slecht	0,00%	0,00%	0,17%	0,27%	0,35%
Totaal		100,00%	100,00%	100,00%	100,00%	100,00%

Door vervolgens de kansen per soort tussenoordeel bij elkaar op te tellen, resulteren de onderstaande kansen op de verschillende tussenoordelen bij één monster.

Één monster	$n = 10$	$n = 20$	$n = 40$	$n = 60$	$n = 100$
Kans[Goed]	68,81%	65,81%	64,61%	64,24%	63,97%
Kans[Matig]	13,67%	17,48%	18,99%	19,47%	19,80%
Kans[Slecht]	17,52%	16,72%	16,40%	16,29%	16,23%

Uit deze kansen blijkt dat een enkel tussenoordeel nog maar weinig zegt over de prestatie van het laboratorium. Want als alle laboratoria dezelfde nauwkeurigheid vertonen, dan is de kans dat een laboratorium onterecht het tussenoordeel **Slecht** krijgt toch nog vrij groot, namelijk 16 à 17%. Dit is de reden dat de tussenoordelen niet worden vermeld bij de rapportage van de resultaten. Ze zijn ook slechts bedoeld als middel om tot het samengestelde oordeel te kunnen komen en dat laatste oordeel heeft wél veel zeggingskracht, zoals hieronder toegelicht.

Overigens krijgt een laboratorium dat een organisme aantoon in een monster waaraan dat organisme niet is toegevoegd (dit noemen we een 'vals positief'), het samengesteld oordeel **Slecht**.

Uit de kansen op de verschillende tussenoordelen kunnen eenvoudig de kansen worden berekend op de verschillende mogelijke combinaties van tussenoordelen bij vier monsters. In de laatste kolom is vermeld welk samengesteld oordeel op basis van de vier tussenoordelen passend kan worden geacht.

Vier monsters	Permutaties ²	$n = 10$	$n = 20$	$n = 40$	$n = 60$	$n = 100$	Samengesteld oordeel
Kans[GGGG]	1	22,41%	18,75%	17,43%	17,03%	16,74%	Goed
Kans[GGGM]	4	17,82%	19,92%	20,49%	20,65%	20,73%	Goed
Kans[GGMM]	6	5,31%	7,94%	9,03%	9,39%	9,63%	Goed
Kans[GGS]	4	22,83%	19,05%	17,69%	17,28%	16,99%	Goed
Kans[GMS]	12	13,61%	15,18%	15,60%	15,71%	15,78%	Goed
Kans[GMMM]	4	0,70%	1,41%	1,77%	1,90%	1,99%	Goed
Kans[GMMS]	12	2,70%	4,03%	4,58%	4,76%	4,89%	Goed
Kans[GGSS]	6	8,72%	7,26%	6,73%	6,57%	6,47%	Goed
Kans[GMSS]	12	3,47%	3,86%	3,96%	3,98%	4,00%	Matig
Kans[MMMM]	1	0,03%	0,09%	0,13%	0,14%	0,15%	Matig
Kans[MMMS]	4	0,18%	0,36%	0,45%	0,48%	0,50%	Matig
Kans[MMSS]	6	0,34%	0,51%	0,58%	0,60%	0,62%	Matig
Kans[GSSS]	4	1,48%	1,23%	1,14%	1,11%	1,09%	Matig
Kans[MSSS]	4	0,29%	0,33%	0,33%	0,34%	0,34%	Slecht
Kans[SSSS]	1	0,09%	0,08%	0,07%	0,07%	0,07%	Slecht
Totaal	81	100,00%	100,00%	100,00%	100,00%	100,00%	

Uit bovenstaande tabel blijkt bijvoorbeeld dat de kans op viermaal het tussenoordeel **Slecht** voor een bepaald laboratorium verwaarloosbaar klein is ($< 0,1\%$) als alle laboratoria dezelfde nauwkeurigheid vertonen. Dit betekent dat als een laboratorium bij een ringonderzoek viermaal het tussenoordeel **Slecht** krijgt, dit mag worden opgevat als een duidelijke aanwijzing dat het slechter presteert dan de andere laboratoria.

² Het aantal permutaties is het aantal verschillende volgorden waarin de betreffende combinatie van tussenoordelen kan voorkomen bij vier monsters.

De totale kansen op de samengestelde oordelen bij vier monsters zijn per aantal deelnemende laboratoria (n) vermeld in de onderstaande tabel.

Samengesteld oordeel	$n = 10$	$n = 20$	$n = 40$	$n = 60$	$n = 100$
Goed	94,1%	93,5%	93,3%	93,3%	93,2%
Matig	5,5%	6,0%	6,3%	6,3%	6,4%
Slecht	0,4%	0,4%	0,4%	0,4%	0,4%

Dus als alle laboratoria dezelfde nauwkeurigheid vertonen, dan is er een kans van slechts 0,4% dat een laboratorium het samengestelde oordeel **Slecht** krijgt. De vermelde kansen op de samengestelde oordelen op basis van de aangepaste z-scores zijn overigens vergelijkbaar met de eerder vermelde kansen op de oordelen op basis van de 'gewone' z-scores.

Bovenstaande benadering is gebaseerd op theoretische uitgangspunten en er hoeft dus niet te worden gecheckt op het soort kansverdeling. Als alle resultaten namelijk dezelfde nauwkeurigheid vertonen, dan zullen de resultaten afkomstig uit zijn een normale kansverdeling en zal slechts 0,4% van de laboratoria onterecht het samengestelde oordeel **Slecht** krijgen. Dat is een verwaarloosbaar risico. Maar als de resultaten afkomstig zijn uit een anderssoortige kansverdeling, dan komt dit doordat de laboratoria niet meer gelijk presteren en kan een groter percentage **Slecht** scoren, wat dan ook terecht is.

De 'gewone' z-scores en het samengestelde oordeel

Het is met de bovenvermelde aanpak mogelijk dat een laboratorium het samengestelde oordeel **Slecht** krijgt, terwijl het voor alle monsters 'gewone' z-scores heeft die bij niet-microbiologische ringonderzoeken als **Goed** zouden worden beoordeeld ($|Z| \leq 2,0$). Dit kan optreden als voor elk van de monsters de standaardafwijking van de ringonderzoekresultaten (s) relatief groot is. De 'gewone' z-scores blijven dan doorgaans klein, zodat daarmee nauwelijks onderscheid kan worden gemaakt tussen de prestaties van de laboratoria. Maar als een laboratorium voor alle monsters relatief lage resultaten geeft ten opzichte van de andere laboratoria, wat bij een microbiologische bepaling kan worden opgevat als slechter presteren, dan zal dat wél tot uiting komen in de aangepaste z-scores en het daaruit volgende samengestelde oordeel.

Samengesteld oordeel bij drie monsters

In sommige gevallen krijgen de laboratoria bij een ringonderzoek drie monsters te verwerken. Daarom zijn uit de eerder vermelde kansen op de verschillende tussonoordelen bij één monster ook de kansen berekend op de verschillende mogelijke combinaties van tussonoordelen bij drie monsters.

Drie monsters	Permutaties	$n = 10$	$n = 20$	$n = 40$	$n = 60$	$n = 100$	Samengesteld oordeel
Kans[GGG]	1	32,57%	28,50%	26,98%	26,51%	26,18%	Goed
Kans[GGM]	3	19,42%	22,71%	23,78%	24,10%	24,31%	Goed
Kans[GGS]	3	24,88%	21,72%	20,54%	20,17%	19,92%	Goed
Kans[GMM]	3	3,86%	6,03%	6,99%	7,30%	7,52%	Goed
Kans[GMS]	6	9,89%	11,54%	12,07%	12,22%	12,34%	Goed
Kans[MMM]	1	0,26%	0,53%	0,68%	0,74%	0,78%	Matig
Kans[GSS]	3	6,34%	5,52%	5,21%	5,11%	5,06%	Matig
Kans[MMS]	3	0,98%	1,53%	1,77%	1,85%	1,91%	Matig
Kans[MSS]	3	1,26%	1,47%	1,53%	1,55%	1,56%	Slecht
Kans[SSS]	1	0,54%	0,47%	0,44%	0,43%	0,43%	Slecht
Totaal	27	100,00%	100,00%	100,00%	100,00%	100,00%	

Dit geeft de volgende totale kansen op de samengestelde oordelen per aantal deelnemende laboratoria (n) bij drie monsters.

Samengesteld oordeel	$n = 10$	$n = 20$	$n = 40$	$n = 60$	$n = 100$
Goed	90,6%	90,5%	90,4%	90,3%	90,3%
Matig	7,6%	7,6%	7,7%	7,7%	7,7%
Slecht	1,8%	1,9%	2,0%	2,0%	2,0%

Samengesteld oordeel bij twee monsters

Aangezien de laboratoria soms bij een ringonderzoek twee monsters krijgen te verwerken, zijn uit de eerder vermelde kansen op de verschillende tussonoordelen bij één monster tenslotte nog de kansen berekend op de verschillende mogelijke combinaties van tussonoordelen bij twee monsters.

Twee monsters	Permutaties	$n = 10$	$n = 20$	$n = 40$	$n = 60$	$n = 100$	Samengesteld oordeel
Kans[GG]	1	47,34%	43,31%	41,75%	41,27%	40,92%	Goed
Kans[GM]	2	18,82%	23,00%	24,54%	25,01%	25,33%	Goed
Kans[GS]	2	24,11%	22,00%	21,19%	20,93%	20,76%	Goed
Kans[MS]	2	4,79%	5,84%	6,23%	6,34%	6,43%	Matig
Kans[MM]	1	1,87%	3,05%	3,61%	3,79%	3,92%	Matig
Kans[SS]	1	3,07%	2,79%	2,69%	2,65%	2,63%	Slecht
Totaal	9	100,00%	100,00%	100,00%	100,00%	100,00%	

Dit geeft de volgende totale kansen op de samengestelde oordelen per aantal deelnemende laboratoria (n) bij twee monsters.

Samengesteld oordeel	$n = 10$	$n = 20$	$n = 40$	$n = 60$	$n = 100$
Goed	90,3%	88,3%	87,5%	87,2%	87,0%
Matig	6,7%	8,9%	9,8%	10,1%	10,3%
Slecht	3,1%	2,8%	2,7%	2,7%	2,6%

7.3 Groepsresultaat

Per ringonderzoek wordt in een tabel een overzicht gegeven van de statistische kentallen van de resultaten. Alle statistische kentallen zijn berekend na verwijdering van uitschieters. De toelichting die hieronder volgt, gaat uit van de tabel die u vindt in hoofdstuk 3 van dit rapport.

7.3.1 Parameter, monstercode (Code), concentratie (Conc.) en eenheid (U)

In deze kolommen zijn respectievelijk de betrokken parameter, de monstercode, de concentratie en de eenheid vermeld. In de kolom 'Conc.' is de concentratie, concentratieverhoging of de verdunningsfactor van het monster vermeld. Aangezien bij de microbiologische ringonderzoeken geen theoretische waarde bekend is, zal in deze kolom altijd 'a.n.' zijn aangegeven, wat staat voor "actuele additie niet bekend".

7.3.2 Rekenkundig gemiddelde (X_m)

In deze kolom is per combinatie van parameter en monster het rekenkundig gemiddelde van de resultaten (\bar{x}) vermeld. Dit gemiddelde is berekend volgens onderstaande formule:

$$\bar{x} = \frac{\sum_{i=1}^n x_i}{n}$$

hierin is x_i het resultaat van laboratorium i en n het aantal meetwaarden.

7.3.3 *Standaardafwijking (SR)*

In deze kolom is per combinatie van parameter en monster de standaardafwijking van de resultaten (s_R) vermeld. Doordat per monster slechts één resultaat van elke deelnemer wordt gebruikt, is dit gelijk aan de standaardafwijking van de reproduceerbaarheid. Deze standaardafwijking is berekend volgens de volgende formule:

$$s_R = \sqrt{\frac{\sum_{i=1}^n (x_i - \bar{x})^2}{n-1}}$$

7.3.4 *Relatieve standaardafwijking (%SR)*

In deze kolom is per combinatie van parameter en monster de relatieve standaardafwijking van de reproduceerbaarheid ($\%s_R$) vermeld. Dit is de verhouding van de standaardafwijking (s_R) en het rekenkundig gemiddelde (\bar{x}), volgens de formule:

$$\%s_R = \frac{s_R}{\bar{x}} \cdot 100\%$$

7.3.5 *Aantal deelnemers na uitschieterverwijdering (n(a))*

Deze kolom geeft per combinatie van parameter en monster het aantal deelnemers dat resteert na het toepassen van de diverse uitschietertoetsen (Grubbs- of Veglia-toets), zonodig aangevuld met het handmatig aanwijzen van resultaten als uitschieters.

7.3.6 *Aantal 50% hoogste resultaten (n(b))*

Deze kolom geeft per combinatie van parameter en monster het aantal van de 50% hoogste resultaten.

7.3.7 *Gemiddelde van de 50% hoogste resultaten (Xm(b))*

In deze kolom is per combinatie van parameter en monster het rekenkundig gemiddelde van de 50% hoogste resultaten vermeld.

7.3.8 *Standaardafwijking van de 50% hoogste resultaten (SR(b))*

In deze kolom is per combinatie van parameter en monster de standaardafwijking van de 50% hoogste resultaten vermeld.

7.3.9 *Relatieve standaardafwijking van de 50% hoogste resultaten (%SR(b))*

In deze kolom is per combinatie van parameter en monster de relatieve standaardafwijking van de reproduceerbaarheid ($\%s_R$) van de 50% hoogste resultaten vermeld.

7.3.10 *Onzekerheid (u_x)*

KWR hanteert als consensuswaarden de groepsgemiddelden verkregen uit de resultaten van deelnemende laboratoria uit de aangeboden monsters. En daarnaast wordt indien mogelijk (voor de meeste chemische parameters) uit het Youdenpaar het additiefverschil, de theoretische waarde als consensuswaarde gebruikt. De onzekerheden van deze waarde worden volgens onderstaande beschrijving geschat.

Consensuswaarde

De standaardonzekerheid van de consensuswaarde (die is berekend als het rekenkundige gemiddelde, na verwijdering van uitschieters) wordt geschat als:

$$u_x = \frac{SR(a)}{\sqrt{n(a)}}$$

Waarin u_x de standaardonzekerheid van de consensuswaarde is, $SR(a)$ de standaardafwijking van resultaten na verwijdering van uitschieters is en $n(a)$ is het aantal deelnemers, na verwijdering van uitschieters.

7.4 Individuele meetwaarden, 'gewone' z-score, samengesteld oordeel

In hoofdstuk 4 van dit rapport vindt u tabellen met per deelnemer en per parameter de individuele meetwaarden, de 'gewone' z-scores en het samengesteld oordeel. In § 7.2 is beschreven hoe de aangepaste z-scores, de 'gewone' z-scores en het samengesteld oordeel zijn berekend en hoe ze moeten worden geïnterpreteerd en gebruikt.

7.4.1 Individuele meetwaarden

In hoofdstuk 4 van dit rapport vindt u de individuele meetwaarden van alle deelnemers.

Tabel met individuele meetwaarden

Voor elke parameter en per monster staan de resultaten van de deelnemers in een overzicht op volgorde van hun randomnummer. In eerste instantie wordt volgens de Grubbs-toets bepaald welke waarde(n) als uitschieter wordt (worden) aangemerkt. Vervolgens worden de overgebleven meetwaarden getoetst op een normale verdeling met de Shapiro-Wilks toets. Een normale verdeling van de meetwaarden is namelijk voorwaarde om de Grubbs-toets te mogen toepassen. Wanneer de serie niet normaal verdeeld blijkt te zijn, worden de uitschieters weer aan de serie toegevoegd om vervolgens de uitschieters met behulp van een verdelingsvrije toets (Veglia-toets) te bepalen. Wanneer een waarde een Grubbs-uitschieter is, staat in dit overzicht een "G" achter het meetresultaat. In de gevallen dat een waarde als Veglia-uitschieter is aangemerkt, zal er een "V" achter staan. Eventuele uitschieters welke handmatig worden aangegeven, zijn gemarkeerd met een "H". Ook als een deelnemer geen resultaat heeft ingestuurd, wordt dit gemarkeerd met een "H".

Gecensureerde waarden ("<" of ">"-waarden)

Aan de deelnemers wordt gevraagd de werkelijke waarden van hun meetresultaten te rapporteren. Meetresultaten mogen niet worden afgerond (d.w.z. resultaten niet worden gerapporteerd in de vorm "<" of "kleiner dan de detectiegrens"). Evenzo, wanneer een negatief resultaat wordt gemeten, dient de werkelijke negatieve waarde te worden gerapporteerd (d.w.z. resultaten worden dan niet als nul gerapporteerd zelfs wanneer het niet logisch lijkt dat het meetresultaat negatief kan zijn). De deelnemers worden hierover via de instructie geïnformeerd. Indien een bepalingmethode het niet toelaat om de ongecensureerde waarden te kwantificeren, dan is er nog de mogelijkheid om intervallen van Z-scores te presenteren. We onderscheiden hierbij twee situaties, namelijk: a) er is sprake van censuur ónder een rapportagegrens, of b) er is sprake van censuur bóven een rapportagegrens.

a) er is sprake van censuur ónder een rapportagegrens

Als het gaat om het optreden van censuur ónder een rapportagegrens (zoals < 1 mg/l), dan wordt om tot Z-scores ten opzichte van het groepsgemiddelde te komen, eerst elke gecensureerde waarde op de helft van de rapportagegrens gezet, zodat het groepsgemiddelde kan worden berekend. Een Z-score van een deelnemer met een gecensureerde waarde kan vervolgens als interval worden gepresenteerd, namelijk als het resultaat van:

$$\frac{-Xm(a)}{SR(a)} \leq z_{g,i} < \frac{rg_i - Xm(a)}{SR(a)} \quad [1]$$

met rg_i de rapportagegrens van deelnemer i , $Xm(a)$ het rekenkundig gemiddelde van de resultaten van de deelnemers en $SR(a)$ de standaardafwijking van de resultaten van de deelnemers, beide na verwijdering van uitschieters. Als bijvoorbeeld deelnemer 9 het resultaat < 1 mg/l indient en voor de kengetallen van de groepsprestatie geldt $Xm(a) = 5,2$ mg/l en $SR(a) = 1,9$ mg/l, dan is het z-score-interval van deze deelnemer $-2,74 \leq z_{g,9} < -2,21$.

De wijze van berekening van een gecensureerde Z-score ten opzichte van de theoretische waarde hangt af van welke resultaten van het Youden-monsterpaar gecensureerd zijn. We onderscheiden de volgende drie gevallen:

○ $x_{i,1}$ gecensureerd - De gecensureerde Z-score volgt dan uit:

$$\frac{-x_{i,2} - (\delta_1 - \delta_2)}{s_r \cdot \sqrt{2}} \leq z_{t,i} < \frac{(rg_i - x_{i,2}) - (\delta_1 - \delta_2)}{s_r \cdot \sqrt{2}} \quad [2]$$

○ $x_{i,2}$ gecensureerd - De gecensureerde Z-score volgt dan uit:

$$\frac{(x_{i,1} - rg_i) - (\delta_1 - \delta_2)}{s_r \cdot \sqrt{2}} < z_{t,i} \leq \frac{x_{i,1} - (\delta_1 - \delta_2)}{s_r \cdot \sqrt{2}} \quad [3]$$

○ $x_{i,1}$ én $x_{i,2}$ gecensureerd - De gecensureerde Z-score volgt dan uit:

$$\frac{-rg_i - (\delta_1 - \delta_2)}{s_r \cdot \sqrt{2}} < z_{t,i} < \frac{rg_i - (\delta_1 - \delta_2)}{s_r \cdot \sqrt{2}} \quad [4]$$

b) *er is sprake van censuur bóven een rapportagegrens*

Als het gaat om censuur bóven een rapportagegrens (zoals > 30.000 kve), dan wordt om tot Z-scores ten opzichte van het groepsgemiddelde te komen, eerst elke gecensureerde waarde handmatig als uitschieter aangewezen. Het groepsgemiddelde wordt dan berekend uit de andere waarden. Een Z-score van een deelnemer met een gecensureerde waarde kan vervolgens als interval worden gepresenteerd, namelijk als het resultaat van:

$$z_{g,i} > \frac{rg_i - Xm(a)}{SR(a)} \quad [5]$$

met rg_i de rapportagegrens van deelnemer i , $Xm(a)$ het rekenkundig gemiddelde van de resultaten van de deelnemers en $SR(a)$ de standaardafwijking van de resultaten van de deelnemers, beide na verwijdering van uitschieters.

De wijze van berekening van een gecensureerde Z-score ten opzichte van de theoretische waarde hangt af van welke resultaten van het Youden-monsterpaar gecensureerd zijn. We onderscheiden de volgende drie gevallen:

○ $x_{i,1}$ gecensureerd - De gecensureerde Z-score volgt dan uit:

$$z_{t,i} > \frac{(rg_i - x_{i,2}) - (\delta_1 - \delta_2)}{s_r \cdot \sqrt{2}} \quad [6]$$

○ $x_{i,2}$ gecensureerd - De gecensureerde Z-score volgt dan uit:

$$z_{t,i} < \frac{(x_{i,1} - rg_i) - (\delta_1 - \delta_2)}{s_r \cdot \sqrt{2}} \quad [7]$$

○ $x_{i,1}$ én $x_{i,2}$ gecensureerd - In dit geval is geen begrens interval meer te geven voor de gecensureerde Z-score.