

Proficiency Tests

DLA

food
cosmetics
consumer goods
www.dla-lvu.de

Auswertungs-Bericht
Laborvergleichsuntersuchung

DLA 59/2016

**Gesamt-Aminosäure-
Zusammensetzung**

**in Diätetischem Lebensmittel
als Mahlzeiterersatz (Pulver)**

Dienstleistung Lebensmittel Analytik GbR
Waldemar-Bonsels-Weg 170
22926 Ahrensburg, Germany

proficiency-testing@dla-lvu.de www.dla-lvu.de

Koordinator der LVU:
Dr. Matthias Besler

1. Korrektur 18.01.2017:

Die Auswertung von *L-Glutaminsäure* wurde ersetzt, weil in der ersten Fassung nicht die richtigen Teilnehmerergebnisse verwendet wurden. Betroffen sind die nachstehenden Seiten:

- Seite 10: Zielstandardabweichung (jetzt Auswertung eines Versuchs zur Präzision (ASU §64)
- Seite 14: Angabe der Kenndaten in Tabelle 4
- Seite 18: letzter Absatz (L-Glutaminsäure liegt auch im Bereich von 94% bis 112% der Aminosäuregehalte gemäß Herstellerangaben)
- Seite 30-31: Statistische Auswertung der Ergebnisse von L-Glutaminsäure
- Seite 77: Abbildung der Kern-Dichte-Schätzung von L-Glutaminsäure

**Allgemeine Informationen zur Eignungsprüfung (EP)
General Information on the proficiency test (PT)**

<i>EP-Anbieter PT-Provider</i>	DLA - Dienstleistung Lebensmittel Analytik GbR Gesellschafter: Dr. Gerhard Wichmann und Dr. Matthias Besler Waldemar-Bonsels-Weg 170, 22926 Ahrensburg, Germany Tel. ++49(0)171-1954375 Fax. ++49(0)4102-9944976 eMail. proficiency-testing@dla-lvu.de
<i>EP-Nummer PT-Number</i>	DLA 59/2016
<i>EP-Koordinator PT-Coordinator</i>	Dr. Matthias Besler
<i>Status des EP-Bericht Status of PT-Report</i>	Abschlussbericht / Final report (20. Dezember 2016) 1. Korrektur / 1st Correction (18. Januar 2017) Gültig ist die jeweils letzte Version/Korrektur des Berichts. Sie ersetzt alle vorangegangenen Versionen. Only the latest version/correction of the report is valid. It replaces all preceeding versions.
<i>EP-Bericht Freigabe PT-Report Authorization</i>	Dr. Matthias Besler (Technischer Leiter / Technical Manager) - <i>gezeichnet / signed M. Besler</i> Dr. Gerhard Wichmann (QM-Beauftragter / Quality Manager) - <i>gezeichnet / signed G. Wichmann</i> Datum / Date: 18. Januar 2017
<i>Unteraufträge Subcontractors</i>	Die Prüfung der Gehalte, Homogenität und Stabilität von EP-Parametern wird von DLA im Unterauftrag vergeben. The analysis of the content, homogeneity and stability of PT-parameters are subcontracted by DLA.

Inhalt

1. Einleitung.....	5
2. Durchführung.....	5
2.1 Untersuchungsmaterial.....	5
2.1.1 Homogenität.....	6
2.2 Probenversand und Informationen zur Untersuchung.....	7
2.3 Ergebnisübermittlung.....	7
3. Auswertung.....	8
3.1 Konsenswert der Teilnehmer (zugewiesener Wert).....	8
3.2 Robuste Standardabweichung.....	8
3.3 Wiederholstandardabweichung.....	8
3.4 Vergleichsstandardabweichung.....	9
3.5 Ausschluss von Ergebnissen und Ausreißer.....	9
3.6 Zielstandardabweichung (für die Eignungsbeurteilung).....	10
3.6.1 Allgemeines Modell nach Horwitz.....	11
3.6.2 Auswertung eines Versuchs zur Präzision.....	11
3.6.3 Werte aus Erkenntnissen.....	13
3.7 z-Score.....	13
3.8 z'-Score.....	16
3.9 Variationskoeffizient (VKR).....	16
3.10 Quotient S*/opt.....	17
3.11 Standardunsicherheit.....	17
4. Ergebnisse.....	18
4.1 L-Alanin/L-Alanine in g/100g.....	20
4.2 L-Arginin/L-Arginine in g/100g.....	22
4.3 L-Asparaginsäure/L-Aspartic acid in g/100g.....	24
4.4 L-Cystein/L-Cysteine in g/100g.....	26
4.5 L-Cystin/L-Cystine in g/100g.....	28
4.6 L-Glutaminsäure/L-Glutamic acid in g/100g.....	30
4.7 Glycin/Glycine in g/100g.....	32
4.8 L-Histidin/L-Histidine in g/100g.....	34
4.9 L-Isoleucin/L-Isoleucine in g/100g.....	36
4.10 L-Leucin/L-Leucine in g/100g.....	38
4.11 L-Lysin/L-Lysine in g/100g.....	40
4.12 L-Methionin/L-Methionine in g/100g.....	42
4.13 L-Phenylalanin/L-Phenylalanine in g/100g.....	44
4.14 L-Prolin/L-Proline in g/100g.....	46
4.15 L-Serin/L-Serine in g/100g.....	48
4.16 L-Threonin/L-Threonine in g/100g.....	50
4.17 L-Tryptophan in g/100g.....	52
4.18 L-Tyrosin/L-Tyrosine in g/100g.....	54
4.19 L-Valin/L-Valine in g/100g.....	56

5.	Dokumentation.....	58
5.1	Angaben der Teilnehmer.....	58
5.1.1	Primärdaten.....	58
5.1.2	Analytische Methoden.....	63
5.2	Homogenität.....	73
5.2.1	Mischungshomogenität vor der Abfüllung.....	73
5.2.2	Trendlinienfunktion der Teilnehmerergebnisse.....	74
5.3	Kerndichte-Verteilungen der Ergebnisse.....	76
6.	Verzeichnis der Teilnehmer in alphabetischer Reihenfolge.....	80
7.	Verzeichnis relevanter Literatur.....	81

1. Einleitung

Die Teilnahme an Laborvergleichsuntersuchungen (LVU) bzw. Eignungsprüfungen (PT) ist ein unverzichtbares Element für das Qualitäts-Management-System eines jeden, mit der Untersuchung von Lebensmitteln, Futtermitteln, kosmetischen Mitteln und Bedarfsgegenständen befassten Labors. Die Durchführung von Laborvergleichsuntersuchungen ermöglicht den teilnehmenden Laboren die eigene analytische Kompetenz unter realen Bedingungen nachzuweisen. Gleichzeitig erhalten sie wertvolle Daten für die erforderliche Verifizierung oder Validierung der durchgeführten Untersuchungsmethode [1, 5].

Das Ziel von DLA ist es, LVU für ausgesuchte Parameter in praxisrelevanten Konzentrationen und Matrices anzubieten.

Durchführung und Auswertung der vorliegenden Laborvergleichsuntersuchung erfolgten nach den technischen Anforderungen der DIN EN ISO/IEC 17043 (2010) und DIN ISO 13528-2009 bzw. ISO 13528-2015 [2, 3].

2. Durchführung

2.1 Untersuchungsmaterial

Bei dem Untersuchungsmaterial handelt es sich um ein handelsübliches diätetisches Lebensmittel zur Zubereitung als Mahlzeigersatz (Getränkpulver) mit einem Proteingehalt > 20% auf Basis von Soja- und Milchprotein von einem Europäischen Anbieter. Das Rohstoffmaterial wurde mittels Zentrifugalmühle gesiebt (mesh 500 µm), zusammen gegeben und homogenisiert.

Anschließend wurden die Proben zu Portionen von ca. 10 g in metallisierte PET-Folienbeutel abgefüllt und chronologisch nummeriert.

Die Zusammensetzung (Verzeichnis der Zutaten) und die auf Basis der Herstellerangaben berechneten Gehalte an Aminosäuren sind in Tabelle 1 bzw. 2 angegeben.

Tabelle 1: Zusammensetzung der DLA-Probe

Diät-Getränkpulver als Mahlzeigersatz
<p><u>Zutaten:</u> Sojaproteinisolat (41%), Honig (20%), Magermilchpulver (12%), Joghurtpulver (6%), Maltodextrin, Sojaöl, Inulin, Milcheiweiß, Di-Kaliumphosphat, Tri-Calciumphosphat, natürliches Aroma, Trennmittel Siliciumdioxid, Magnesiumhydroxid, Emulgator Sojalecithine, L-Ascorbinsäure, Eisen-(III)-diphosphat, Süßungsmittel Steviolglykoside, Niacin, DL-alpha-Tocopherol, Zinkoxid, Mangan-(II)-sulfat, Kupfercarbonat, Calcium-D-pantothenat, Farbstoff Beta Carotin, Pyridoxinhydrochlorid, Thiaminmononitrat, Riboflavin, Retinylacetat, Pteroylmonoglutaminsäure, Kaliumjodid, Natriumselenit, D-Biotin, Cholecalciferol, Cyanocobalamin</p>
<p><u>Nährwertangaben pro 100 g:</u> Eiweiß 42 g, Kohlenhydrate 33 g davon Zucker 27 g, Fett 6,4 g</p>

Hinweis: Die metrologische Rückführung von Temperatur, Masse und Volumen bei der Herstellung der LVU-Proben wird mittels DAKKS-kalibrierter Referenzmaterialien gewährleistet.

Tabelle 2: Aus den Angaben des Herstellers (deklarierte Gehalte) berechnete Gehalte der Parameter

Parameter	Gehalt pro 100 g	Parameter	Gehalt pro 100 g
L-Alanin	1,8 g	L-Lysin	2,7 g
L-Arginin	2,9 g	L-Methionin	0,55 g
L-Asparaginsäure	4,6 g	L-Phenylalanin	2,2 g
L-Cystein	0,80 g	L-Prolin	2,4 g
L-Glutaminsäure	7,9 g	L-Serin	2,0 g
Glycin	1,6 g	L-Threonin	1,6 g
L-Histidin	1,6 g	L-Tryptophan	0,50 g
L-Isoleucin	2,0 g	L-Tyrosin	1,6 g
L-Leucin	3,4 g	L-Valin	2,0 g

2.1.1 Homogenität

Die **Mischungshomogenität vor der Abfüllung** wurde in 8-fach Bestimmung mittels **Microtracer-Analyse** untersucht. Es handelt sich um eine normierte Methode, die Bestandteil des internationalen GMP-Zertifizierungssystems für Futtermittel ist [14]. Vor der Mischung werden mit Farbstoff beschichtete Eisenpartikel in μm -Größe zur Probe gegeben und die Partikelzahl wird nach der Homogenisierung in entnommenen Aliquoten bestimmt. Die Bewertung der Mischungshomogenität erfolgt auf Grundlage der Poissonverteilung anhand des chi-Quadrat-Tests. Eine Wahrscheinlichkeit von $\geq 5\%$ ist gleichzusetzen mit einer guten homogenen Mischung und von $\geq 25\%$ mit einer exzellenten Mischung [14, 15].

Die Microtracer-Analyse der vorliegenden LVU-Probe hat eine Wahrscheinlichkeit von 67% ergeben. Die Partikel-Ergebnisse wurden zusätzlich in Konzentrationen umgerechnet, statistisch als Normalverteilung ausgewertet und mit der Standardabweichung nach Horwitz verglichen. Es wurde ein Hor-Rat-Wert von 1,2 erhalten. Die Ergebnisse der Microtracer-Analyse sind in der Dokumentation angegeben.

Die Berechnung der **Wiederholstandardabweichung S_r der Doppelbestimmungen der Teilnehmer** wurde ebenfalls als Homogenitätskriterium für diese LVU herangezogen. Sie liegt für alle Analyten bei $< 2,7\%$ (1,13% - 2,68%) außer für Methionin, Tryptophan und Valin (3,78% - 6,71%). Die Wiederholstandardabweichungen sind somit vergleichbar mit den Präzisionsdaten der jeweiligen genormten Methoden (z.B. ASU §64, s. 3.6.2) (vgl. Tab. 3) [16-19]. Die Wiederholstandardabweichungen der Teilnehmer sind bei den statistischen Kennzahlen angegeben (4.1 bis 4.19).

Desweiteren wurde die Homogenität anhand der **Trendlinien-Funktion der Teilnehmerergebnisse für die chronologisch abgefüllten Einzel-Proben** charakterisiert. Die maximalen Abweichungen der Trendlinie vom Mittelwert lagen für Alanin und Methionin unter 30% der jeweiligen Zielstandardabweichungen σ_{pt} (s. 5.2 Homogenität) und können daher als niedrig betrachtet werden.

Falls die Kriterien für eine ausreichende Homogenität des Probenmaterials bezüglich eines Parameters nicht erfüllt sind, werden die Auswirkungen auf die Zielstandardabweichung geprüft und ggf. erfolgt die Bewertung der Ergebnisse der Teilnehmer mittels z'-Score unter Berücksichtigung der Standardunsicherheit des zugewiesenen Wertes (s. 3.8 und 3.11) [3].

2.2 Probenversand und Informationen zur Untersuchung

An jeden Teilnehmer wurden in der 37. Kalenderwoche 2016 zwei Portionen des Untersuchungsmaterials verschickt. Die Untersuchungsverfahren wurden freigestellt. Die Untersuchungen waren durchzuführen bis spätestens 28. Oktober 2016.

Mit dem Proben-Anschreiben wurden den Teilnehmern u.a. nachstehende Informationen mitgeteilt:

Bei den beiden Mustern handelt es sich um zwei identische Proben eines diätetischen Lebensmittels (Getränkpulver) zur Zubereitung als Mahlzeitersatz auf Basis von Soja- und Milchprotein. Der Proteingehalt beträgt > 20%. Die Analysenmethoden sind freigestellt.

Generell empfehlen wir vor der Analyse, insbesondere bei kleinen Analyseneinwaagen, eine repräsentative Probenmenge entsprechend guter Laborpraxis zu homogenisieren.

2.3 Ergebnisübermittlung

Die Ergebnisabgabe erfolgte einheitlich mittels an die teilnehmenden Labore übergebenen Übermittlungstabellen (per eMail).

Zur statistischen Auswertung kamen die abschließend als Mittelwert der nummerierten Proben angegebenen Gehalte der Analyten. Für die Berechnung der Wiederhol- und Vergleichsstandabweichung wurden auch die Einzelwerte der Doppelbestimmungen herangezogen.

Abgefragt und dokumentiert wurden Einzelergebnisse, Angaben zur Wiederfindung und Stichpunkte zur durchgeführten Methode.

Falls Teilnehmer mehrere Ergebnisse für denselben Parameter abgegeben haben, die mit unterschiedlichen Methoden erhalten wurden, wurden diese Ergebnisse mit derselben Auswertenummer mit einem Buchstaben als Suffix unter Angabe der jeweiligen Methode ausgewertet.

Alle 10 Teilnehmer haben fristgerecht Ergebnisse abgegeben.

3. Auswertung

3.1 Konsenswert der Teilnehmer (zugewiesener Wert)

Für die Auswertung wurde als zugewiesener Wert (X_{pt}) der robuste Mittelwert der eingesandten Ergebnisse verwendet („Konsenswert der Teilnehmer“). Die Berechnung erfolgt nach Algorithmus A gemäß Anhang C der ISO 13528 [3].

Voraussetzung ist, dass die Mehrzahl der Ergebnisse der teilnehmenden Laboratorien einer Normalverteilung unterliegen bzw. unimodal und symmetrisch verteilt sind. Hierzu erfolgt eine Prüfung der Verteilung u.a. anhand der Kern-Dichte-Schätzung [3, 12].

Falls Hinweise für Quellen von höherer Variabilität, wie z.B. eine bimodale Verteilung der Ergebnisse, vorliegen, werden Ursachen dafür gesucht. In Frage kommt häufig die Verwendung unterschiedlicher Untersuchungsmethoden. Ist dies der Fall, werden nach Möglichkeit getrennte Auswertungen mit eigenen zugewiesenen Werten (X_{pti}) vorgenommen.

Die statistische Auswertung erfolgt für alle Parameter, für die mindestens 7 Werte vorliegen.

Die tatsächlichen Messergebnisse sind anzugeben. Einzelergebnisse die außerhalb des angegebenen Messbereiches eines teilnehmenden Labors liegen (z.B. mit der Angabe > 25 mg/kg oder $< 2,5$ mg/kg) oder die Angabe „0“ werden für die statistische Auswertung nicht berücksichtigt [3].

3.2 Robuste Standardabweichung

Zum Vergleich mit der Zielstandardabweichung σ_{pt} (Standardabweichung für die Eignungsbeurteilung) wird die robuste Standardabweichung (S^*) der eingesandten Ergebnisse verwendet. Die Berechnung erfolgt nach Algorithmus A gemäß Anhang C der ISO 13528 [3].

3.3 Wiederholstandardabweichung

Die Wiederholstandardabweichung S_r basiert auf den laborinternen Standardabweichungen der (ausreißerfreien) Einzelergebnisse der Teilnehmer, die jeweils unter Wiederholbedingungen, d.h. Analysen an derselben Probe von demselben Bearbeiter mit demselben Gerät im gleichen Labor innerhalb kurzer Zeit, ermittelt wurden. Sie charakterisiert die mittlere Streuung der Ergebnisse innerhalb der Laboratorien [3] und wird von DLA als Hinweis für die Homogenität des Untersuchungsmaterials herangezogen.

Sofern die Einzelergebnisse der Teilnehmer vorliegen, erfolgt die Berechnung der Wiederholstandardabweichung S_r , auch als Standardabweichung innerhalb der Laboratorien S_w bezeichnet, nach: [3, 4].

Die relative Wiederholstandardabweichung in Prozent des Mittelwerts ist als Variationskoeffizient VK_r bei den statistischen Kenndaten im Ergebnisteil mit angegeben, sofern die Einzelergebnisse der Teilnehmer vorliegen.

3.4 Vergleichsstandabweichung

Die Vergleichsstandabweichung S_R stellt eine laborübergreifende Schätzung der Standardabweichung für die Bestimmung des jeweiligen Parameters anhand der (ausreißerfreien) Einzelergebnisse der Teilnehmer dar. Sie berücksichtigt sowohl die Wiederholstandardabweichung als auch die Standardabweichung zwischen den Laboratorien. Vergleichsstandardabweichungen von LVUs können von Vergleichsstandabweichungen von RVs abweichen, da die beteiligten Laboratorien bei LVUs i.d.R. unterschiedliche interne Bedingungen und Methoden zur Bestimmung der Messwerte benutzen. In der vorliegenden Auswertung bezieht sich die Angabe der Vergleichsstandardabweichung daher nicht auf eine spezifische Messmethode, sondern charakterisiert annähernd die Vergleichbarkeit der Ergebnisse der Laboratorien untereinander. Vorausgesetzt der Einfluss von Homogenität und Stabilität des Probenmaterials sind zu vernachlässigen.

Sofern die Einzelergebnisse der Teilnehmer vorliegen, erfolgt die Berechnung der Vergleichsstandabweichung S_R nach: [3, 4].

Die relative Vergleichsstandardabweichung in Prozent des Mittelwerts ist als Variationskoeffizient VK_R bei den statistischen Kenndaten im Ergebnisteil mit angegeben, sofern die Einzelergebnisse der Teilnehmer vorliegen, und die Bedeutung unter 3.9 näher erläutert.

3.5 Ausschluss von Ergebnissen und Ausreißer

Ergebnisse können vorab von der statistischen Auswertung ausgeschlossen werden, wenn offensichtliche grobe Fehler, wie z. B. falsche Einheiten, Dezimalstellen oder Angaben für einen falschen Prüfgegenstand vorliegen [2]. Alle Ergebnisse sollen mit mindestens 2 signifikanten Dezimalstellen angegeben werden. Die Angabe von 3 Dezimalstellen ist i.d.R. ausreichend.

Ergebnisse, die mit unterschiedlichen Verfahren erhalten wurden und zu einer erhöhten Variabilität und/oder zu einer bi- oder mehrmodalen Verteilung der Ergebnisse führen, werden separat behandelt oder, wenn dafür zu wenige Ergebnisse vorliegen, ausgeschlossen. Hierfür erfolgt die Prüfung der Ergebnisse anhand der Kern-Dichte-Schätzung [3, 12].

Auf Ausreißer wird mittels robuster Statistik geprüft: Ergebnisse, die um mehr als das Dreifache der robusten Standardabweichung vom robusten Mittelwert abweichen, werden als Ausreißer eingestuft [3]. Ermittelte Ausreißer werden informativ genannt sofern gleichzeitig der z-Score des Teilnehmers < -2 oder > 2 ist. Aufgrund der Anwendung der robusten Statistik werden Ausreißer nicht ausgeschlossen, sofern keine anderen Gründe vorliegen [3].

3.6 Zielstandardabweichung (für die Eignungsbeurteilung)

Die Zielstandardabweichung des zugewiesenen Wertes σ_{pt} (= Standardabweichung für die Eignungsbeurteilung) kann nach unten dargestellten, unterschiedlichen Verfahren bestimmt werden.

Sofern ein akzeptabler Quotient S^*/σ_{pt} vorliegt, wird für die Eignungsbeurteilung bevorzugt die Zielstandardabweichung des allgemeinen Modells nach Horwitz verwendet, da diese in der Regel für Auswertungen von Laborvergleichsuntersuchungen, bei denen von den Teilnehmern unterschiedliche Analysemethoden eingesetzt werden, geeignet ist. Die Zielstandardabweichung aus der Auswertung von Präzisionsdaten eines Versuchs leitet sich dagegen aus Ringversuchen mit vorgegebener Analysemethode ab.

In Fällen, in denen beide o.g. Modelle ungeeignet sind, wird die Zielstandardabweichung anhand von Werten aus Erkenntnissen nach 3.6.3 ermittelt.

Zur Information werden, sofern verfügbar, jeweils die z-Scores beider Modelle in der Auswertung angegeben.

Zur Bewertung der Ergebnisse wurde für alle nachstehenden Parameter die Zielstandardabweichung nach dem allgemeinen Modell nach Horwitz herangezogen (s. 3.6.1): Alanin, Asparaginsäure, Glycin, Lysin, Phenylalanin und Serin.

Die Zielstandardabweichung der Auswertung eines Versuchs zur Präzision (s. 3.6.2) wurde für die nachstehenden Parameter herangezogen (ASU §64 Methoden: 17, 18): Arginin, Cystin, Glutaminsäure, Histidin, Isoleucin, Leucin, Methionin, Prolin, Threonin, Tryptophan, Tyrosin und Valin.

Aufgrund der Anzahl von < 7 wurden die Ergebnisse für Cystein nicht mittels z-Scores bewertet.

3.6.1 Allgemeines Modell nach Horwitz

Anhand der in zahlreichen LVUs für unterschiedliche Parameter und Analysemethoden erhaltenen statistischen Kenndaten hat Horwitz ein allgemeines Modell für die Schätzung der Vergleichsstandardabweichung σ_R abgeleitet [6]. Später wurde das Modell von Thompson für bestimmte Konzentrationsbereiche modifiziert [10]. Die Vergleichsstandardabweichung σ_R kann als relative Zielstandardabweichung σ_{pt} in % des zugewiesenen Wertes verwendet werden und nach untenstehenden Gleichungen berechnet werden [3]. Dabei wird für die Konzentration c der zugewiesene Wert X_{pt} eingesetzt.

Gleichungen	Konzentrationsbereiche	entspricht
$\sigma_R = 0,22c$	$c < 1,2 \times 10^{-7}$	$< 120 \mu\text{g}/\text{kg}$
$\sigma_R = 0,02c^{0,8495}$	$1,2 \times 10^{-7} \leq c \leq 0,138$	$\geq 120 \mu\text{g}/\text{kg}$
$\sigma_R = 0,01c^{0,5}$	$c > 0,138$	$> 13,8 \text{ g}/100\text{g}$

mit c = Massenanteil des Analyten (als relative Größe, z.B. 1 mg/kg = 1 ppm = 10^{-6} kg/kg)

3.6.2 Auswertung eines Versuchs zur Präzision

Aus der Vergleichsstandardabweichung σ_R und der Wiederholstandardabweichung σ_r eines Versuchs zur Präzision einer Methode (Ringversuch oder LVU) kann unter Berücksichtigung der Anzahl der Wiederholmessungen m der Teilnehmer in der vorliegenden Vergleichsuntersuchung die Zielstandardabweichung σ_{pt} abgeleitet werden [3]:

$$\sigma_{pt} = \sqrt{\sigma_R^2 - \sigma_r^2 (m-1/m)}$$

Die in Tabelle 3 angegebenen relativen Wiederholstandardabweichungen (RSD_r) und relativen Vergleichsstandardabweichungen (RSD_R) wurden in Ringversuchen mittels der angegebenen Methoden ermittelt.

Die dort gekennzeichneten resultierenden Zielstandardabweichungen σ_{pt} wurden zur Bewertung der Ergebnisse herangezogen bzw. zur Information zusätzlich bei den Kennzahlen angegebenen.

Tabelle 3: Relative Wiederholstandardabweichungen (RSD_r) und relative Vergleichsstandardabweichungen (RSD_R) gemäß ausgewählter Auswertungen von Versuchen zur Präzision und die resultierende Zielstandardabweichung σ_{pt} [16-19]

Parameter	Matrix	Mittelwerte [g/100g]	RSD _r	RSD _R	σ_{pt}	Methode / Literatur
L-Alanin	Diätetisches LM	2,15	2,33%	5,12%	4,9% ¹	ASU 49.07-2
L-Arginin	Diätetisches LM	1,86	2,69%	6,99%	6,7% ¹	ASU 49.07-2
L-Asparaginsäure	Diätetisches LM	4,16	1,92%	7,45%	7,3% ¹	ASU 49.07-2
L-Cystein	Diätetisches LM	2,15	2,33%	5,12%	4,9% ¹	ASU 49.07-2
L-Cystin	Diätetisches LM Eiweißkonzentrat	1,07 0,506	5,61% 2,6%	15,00% 12,3%	14,5% ¹ 12,2%	ASU 49.07-2 VO 152/ 2009/EG
L-Glutaminsäure	Diätetisches LM	4,72	1,91%	5,08%	4,9% ¹	ASU 49.07-2
Glycin	Diätetisches LM	1,60	2,50%	6,88%	6,5% ¹	ASU 49.07-2
L-Histidin	Diätetisches LM	1,10	2,73%	10,90%	10,7% ¹	ASU 49.07-2
L-Isoleucin	Diätetisches LM	1,91	2,09%	5,24%	5,0% ¹	ASU 49.07-2
L-Methionin	Diätetisches LM Eiweißkonzentrat	1,30 1,2	5,38% 2,2%	7,69% 13%	6,7% ¹ 12,9%	ASU 49.07-2 VO 152/ 2009/EG
L-Leucin	Diätetisches LM	3,09	1,62%	5,50%	5,4% ¹	ASU 49.07-2
L-Lysin	Diätetisches LM Eiweißkonzentrat	3,61 4,77	1,94% 2,4%	8,95% 3,0%	8,8% ¹ 2,5%	ASU 49.07-2 VO 152/ 2009/EG
L-Phenylalanin	Diätetisches LM	-	-	-	-	ASU 49.07-2
L-Prolin	Diätetisches LM	2,33	3,00%	8,15%	7,9% ¹	ASU 49.07-2
L-Serin	Diätetisches LM	2,28	2,63%	4,82%	4,2% ¹	ASU 49.07-2
L-Threonin	Diätetisches LM Eiweißkonzentrat	2,74 2,23	2,19% 2,7%	5,84% 3,8%	5,6% ¹ 3,3%	ASU 49.07-2 VO 152/ 2009/EG
L-Tryptophan	Diätetisches LM	0,30/0,24	3,75%	7,50%	7,0% ¹	ASU 49.07-3
L-Tyrosin	Diätetisches LM	3,05	2,62%	6,89%	6,6% ¹	ASU 49.07-2
L-Valin	Diätetisches LM	2,48	2,02%	6,05%	5,9% ¹	ASU 49.07-2

¹ in der Auswertung (s. Abschnitt 4) verwendete/angegebene Werte

3.6.3 Werte aus Erkenntnissen

Die Zielstandardabweichung kann für die Eignungsbeurteilung auf einen Wert festgesetzt werden, der dem Leistungsfähigkeitsniveau entspricht, das der Koordinator für ein wünschenswertes Ziel für die teilnehmenden Laboratorien hält [3].

In der vorliegenden LVU wurden die Zielstandardabweichungen gemäß 3.6.1 bzw. 3.6.2 als geeignet angesehen.

Tabelle 4 zeigt ausgewählte Kenndaten der Teilnehmer-Ergebnisse der vorliegenden LVU im Vergleich zu LVU Ergebnissen des Vorjahres.

3.7 z-Score

Der z-Score wird herangezogen zur Beurteilung der Ergebnisse der teilnehmenden Labore. Er besagt um welches Vielfache der Zielstandardabweichung (σ_{pt}) das Ergebnis (x_i) des betreffenden Teilnehmers vom zugewiesenen Wert (x_{pt}) abweicht [3].

Die Berechnung erfolgt nach:

$$z_i = \frac{(x_i - x_{pt})}{\sigma_{pt}}$$

Die Anforderungen an die Analytik gelten im Allgemeinen als erfüllt, wenn

$$-2 \leq z \leq 2 .$$

Der für die Eignungsprüfung gültige z-Score wird in der Auswertung mit z-Score (σ_{pt}) bezeichnet, während der als z-Score (Info) bezeichnete Wert rein informativen Charakter hat. Die beiden z-Scores werden mit den unterschiedlichen Zielstandardabweichungen nach 3.6 berechnet.

3.7.1 Warn- und Eingriffssignale

Gemäß der ISO 13528 für statistische Verfahren für Eignungsprüfungen wird empfohlen, dass ein Ergebnis, das einen z-Wert $> 3,0$ oder $< - 3,0$ ergibt, als „Eingriffssignal“ zu werten ist [3]. Gleichermäßen ist ein z-Wert $> 2,0$ oder $< -2,0$ als „Warnsignal“ zu beurteilen. Ein einzelnes „Eingriffssignal“ oder aber „Warnsignale“ bei zwei aufeinander folgenden LVU-Runden sind als Beleg dafür zu werten, dass eine Anomalie aufgetreten ist, die untersucht werden muss. Eine Fehler- bzw. Ursachenanalyse kann durch Prüfung des Analysenablaufs inkl. Verständnis und Umsetzung der Messung durch das Personal, Einzelheiten des Messablaufs, Kalibrierung von Geräten und Zusammensetzung von Reagenzien, Übertragungs- bzw. Berechnungsfehler, Richtigkeit und Präzision sowie Einsatz von Referenzmaterial durchgeführt werden. Falls notwendig, muss auf die Probleme durch angemessene Korrekturmaßnahmen reagiert werden [3].

DLA stellt in den z-Score-Abbildungen die Grenzen für die Warn- und Eingriffssignale als gelbe bzw. rote Linien dar. Die jeweiligen Werte haben gemäß ISO 13528 nur Gültigkeit sofern ≥ 10 Ergebnisse vorliegen [3].

Tabelle 4: Kenndaten der aktuellen LVU (dunkelgrau unterlegt) im Vergleich zu den vorangegangenen LVUs ab 2015 (SD = Standardabweichung, VK = Variationskoeffizient)

Parameter	Matrix (Pulver)	rob. Mittelwert [g/100g]	rob. SD (S*) [g/100g]	rel. SD (VK_{S*}) [%]	Quotient S*/σ_{pt}	DLA- Bericht
L-Alanin	Diäteti- sches LM	0,432	0,0150	3,47	0,77	DLA 42/2015
L-Alanin	Diäteti- sches LM	1,70	0,0562	3,31	0,90	DLA 59/2016
L-Arginin	Diäteti- sches LM	0,282	0,0384	13,6	1,69	DLA 42/2015
L-Arginin	Diäteti- sches LM	2,72	0,218	8,01	1,19	DLA 59/2016
L-Asparag- insäure	Diäteti- sches LM	0,915	0,0369	4,03	0,55	DLA 42/2015
L-Asparag- insäure	Diäteti- sches LM	4,55	0,130	2,86	0,90	DLA 59/2016
L-Cystin	Diäteti- sches LM	-	-	-	-	DLA 42/2015
L-Cystin	Diäteti- sches LM	0,487	0,133	27,3	1,89	DLA 59/2016
L-Glut- aminsäure	Diäteti- sches LM	1,906	0,124	6,51	1,36	DLA 42/2015
L-Glut- aminsäure	Diäteti- sches LM	8,29	0,502	6,05	1,23	DLA 59/2016
Glycin	Diäteti- sches LM	0,191	0,0116	6,07	1,20	DLA 42/2015
Glycin	Diäteti- sches LM	1,54	0,0933	6,06	1,62	DLA 59/2016
L-Histidin	Diäteti- sches LM	0,246	0,0662	26,9	1,62	DLA 42/2015
L-Histidin	Diäteti- sches LM	1,10	0,0915	8,32	0,78	DLA 59/2016
L-Isoleu- cin	Diäteti- sches LM	0,540	0,0276	5,11	1,16	DLA 42/2015
L-Isoleu- cin	Diäteti- sches LM	1,94	0,173	8,92	1,78	DLA 59/2016
L-Methio- nin	Diäteti- sches LM	0,215	0,0123	5,72	0,94	DLA 42/2015
L-Methio- nin	Diäteti- sches LM	0,572	0,0608	10,6	1,59	DLA 59/2016

Fortsetzung Tabelle 4:

Parameter	Matrix (Pulver)	rob. Mittelwert [g/100g]	rob. SD (S*) [g/100g]	rel. SD (VK _{S*}) [%]	Quotient S*/σ _{pt}	DLA- Bericht
L-Leucin	Diätetisches LM	1,02	0,0388	3,80	0,95	DLA 42/2015
L-Leucin	Diätetisches LM	3,45	0,248	7,19	1,34	DLA 59/2016
L-Lysin	Diätetisches LM	0,817	0,0529	6,47	1,57	DLA 42/2015
L-Lysin	Diätetisches LM	2,71	0,168	6,20	1,81	DLA 59/2016
L-Phenylalanin	Diätetisches LM	0,408	0,0201	4,93	1,07	DLA 42/2015
L-Phenylalanin	Diätetisches LM	2,14	0,144	6,73	1,88	DLA 59/2016
L-Prolin	Diätetisches LM	0,744	0,0329	4,42	0,57	DLA 42/2015
L-Prolin	Diätetisches LM	2,42	0,161	6,65	0,85	DLA 59/2016
L-Serin	Diätetisches LM	0,538	0,0762	14,2	1,77	DLA 42/2015
L-Serin	Diätetisches LM	2,23	0,110	4,93	1,39	DLA 59/2016
L-Threonin	Diätetisches LM	0,535	0,0203	3,79	0,86	DLA 42/2015
L-Threonin	Diätetisches LM	1,60	0,0914	5,71	1,53	DLA 59/2016
L-Tryptophan	Diätetisches LM	-	-	-	-	DLA 42/2015
L-Tryptophan	Diätetisches LM	0,563	0,0590	10,5	1,49	DLA 59/2016
L-Tyrosin	Diätetisches LM	0,314	0,0560	17,8	1,67	DLA 42/2015
L-Tyrosin	Diätetisches LM	1,56	0,166	10,6	1,61	DLA 59/2016
L-Valin	Diätetisches LM	0,598	0,0335	5,60	1,29	DLA 42/2015
L-Valin	Diätetisches LM	2,06	0,197	9,56	1,63	DLA 59/2016

3.8 z'-Score

Der z'-Score kann u.a. zur Beurteilung der Ergebnisse der teilnehmenden Labore herangezogen werden, wenn die Standardunsicherheit des zugewiesenen Wertes berücksichtigt werden muss (s. 3.8). Der z'-Score drückt das Verhältnis der Abweichung des Ergebnisses (x_i) des betreffenden Teilnehmers vom zugewiesenen Wert zur Wurzel aus der Quadratsumme von Zielstandardabweichung (σ_{pt}) und Standardunsicherheit ($U(x_{pt})$) aus [3].

Die Berechnung erfolgt nach:

$$z'_i = \frac{x_i - x_{pt}}{\sqrt{\sigma_{pt}^2 + u_{(x_{pt})}^2}}$$

Sofern eine Bewertung der Ergebnisse mittels z'-Score erfolgt, haben wir im Folgenden den Ausdruck im Nenner als Zielstandardabweichung σ_{pt}' definiert.

Die Anforderungen an die Analytik gelten im Allgemeinen als erfüllt, wenn

$$-2 \leq z' \leq 2 .$$

Zu Warn- und Eingriffssignalen siehe 3.7.1.

3.9 Variationskoeffizient (VK_R)

Der Variationskoeffizient (VK_R) der Vergleichspräzision (= relative Vergleichsstandardabweichung) errechnet sich aus der Vergleichsstandardabweichung S_R und dem Mittelwert [4, 13]:

$$VK_R = \frac{S_R * 100}{\bar{x}}$$

Im Gegensatz zur Standardabweichung als ein Maß für die absolute Variabilität gibt der VK_R die relative Variabilität innerhalb eines Datenbereichs an. Während ein niedriger VK_R von z.B. < 5-10% als Beleg für einen homogenen Ergebnissatz gelten kann, deutet ein VK_R von mehr als 50% auf eine „starke Inhomogenität der statistischen Masse“ hin, sodass die Eignung für bestimmte Anwendungszwecke wie die Beurteilung von Höchstwertüberschreitungen oder die Leistungsbeurteilung der teilnehmenden Laboratorien ggf. nicht mehr gegeben sein kann [3].

3.10 Quotient S^*/σ_{pt}

In Anlehnung an den HorRat-Wert kann die Bewertung einer Laborvergleichsuntersuchung als aussagekräftig gelten, wenn der Quotient von robuster Standardabweichung S^* und Zielstandardabweichung σ_{pt} nicht über 2 liegt. Ein über 2 liegender Wert bedeutet, dass die Präzision nicht zufriedenstellend ist, d.h., dass die Präzision aus analytischen Gründen zu variabel ist oder die festgestellte Variation höher ist als für die angewandte Methode geschätzt wurde. Somit ist eine Vergleichbarkeit der Messergebnisse nicht gewährleistet [3].

3.11 Standardunsicherheit

Jeder zugewiesene Wert ist mit einer Standardunsicherheit behaftet, die von der Analysenmethode, Unterschieden der eingesetzten Analysenmethoden, dem Probenmaterial und der Anzahl der Teilnehmer (P) einer LVU beeinflusst wird. Die Standardunsicherheit des zugewiesenen Wertes ($U_{(x_{pt})}$) wird für die vorliegende LVU wie folgt berechnet [3]:

$$u_{(x_{pt})} = 1,25 \times \frac{s^*}{\sqrt{p}}$$

Ist $U_{(x_{pt})} \leq 0,3 \sigma_{pt}$ muss die Standardunsicherheit des zugewiesenen Wertes nicht berücksichtigt werden [3]. Ein deutliches Überschreiten des Wertes von 0,3 ist ein Hinweis darauf, dass die Zielstandardabweichung ggf. zu gering für die Standardunsicherheit des zugewiesenen Wertes gewählt wurde.

Der Quotient $U_{(x_{pt})}/\sigma_{pt}$ ist in den Kenndaten angegeben.

4. Ergebnisse

Anmerkung zur Verteilung der Ergebnisse:

Die Kerndichte-Schätzungen zeigen für alle Parameter annähernd eine Normalverteilung der Ergebnisse (Abb. siehe Dokumentation 5.3). Teilweise sind leichte Schultern und separate kleinere Peaks zu erkennen, die auf Einzelwerte und Ausreißer zurückzuführen sind.

Im Fall von Lysin und Valin ist jeweils eine Verteilung der Ergebnisse mit zwei Gipfeln erkennbar. Die Angaben der Teilnehmer zu den Methoden geben jedoch keine offensichtlichen Hinweise auf eine derartige Gruppierung der Ergebnisse. Die Verteilungen gehen bei Verwendung der robusten Standardabweichung als Schätzer h in eingipfelige Verteilungen über, so dass eine Auswertung durchgeführt wurde.

Anmerkungen zu den Kenndaten:

Für den Parameter Cystein lagen < 7 Ergebnisse vor, sodass keine statistische Auswertung vorgenommen werden konnte.

Die Zielstandardabweichungen wurden für alle anderen Parameter nach dem Modell nach Horwitz bzw. nach Kenndaten eines Versuchs zur Präzision (ASU §64 Methode) berechnet. Dabei wurde bevorzugt die Bewertung nach Horwitz verwendet, solange die Quotienten S^*/σ_{pt} im Bereich von $\leq 2,0$ lagen. In allen anderen Fällen wurde die aus ASU §64 Präzisionsdaten berechnete Zielstandardabweichung verwendet. Für Prolin und Threonin wurde die Zielstandardabweichung nach ASU § 64 berechnet, weil eine Bewertung nach Horwitz für diese Ergebnissätze als zu streng angesehen wurde.

Für alle Parameter zeigte die Verteilung der Ergebnisse eine normale Variabilität. Die Quotienten S^*/σ_{pt} lagen alle im Bereich von 0,78 bis 1,89 (s. Tab. 4).

Die robusten Standardabweichungen sowie Wiederhol- und Vergleichsstandardabweichung liegen im Bereich von etablierten Werten für die eingesetzten Bestimmungsmethoden (vgl. 3.6.2).

Die Vergleichbarkeit der Ergebnisse ist gegeben.

Der Quotient $U(X_{pt})/\sigma_{pt}$ ist für alle Parameter mit $> 0,3$ erhöht (0,31 bis 0,84), davon liegen 6 Quotienten im leicht erhöhten Bereich bis $< 0,5$ und 8 Quotienten bei $> 0,5$.

Es liegen 70% bis 100% der Ergebnisse im jeweiligen Zielbereich.

Die robusten Mittelwerte der Teilnehmer-Ergebnisse lagen mit Ausnahme von Histidin im Bereich von 94% bis 112% der Aminosäuregehalte gemäß Herstellerangaben (s. Tabelle 2).

Januar 2017 DLA 59/2016 - Gesamt-Aminosäure-Zusammensetzung, 1. Korr.

Alle folgenden Tabellen sind anonymisiert. Den teilnehmenden Instituten wird mit dem Versand dieser Auswertung ihre individuelle Auswertenummer mitgeteilt.

In der oberen Tabelle sind die Kenndaten aufgeführt:

Kenndaten
Anzahl der Messergebnisse
Anzahl der Ausreißer
Mittelwert
Median
Robuster Mittelwert (X_{pt})
Robuste Standardabweichung (S^*)
Anzahl mit m Wiederholmessungen
Wiederholstandardabweichung (S_r)
Variationskoeffizient (VK_r) in %
Vergleichsstandardabweichung (S_R)
Variationskoeffizient (VK_R) in %
Zielkenndaten:
Zielstandardabweichung σ_{pt} oder σ_{pt}'
Zielstandardabweichung zur Information
untere Grenze des Zielbereichs ($X_{pt} - 2\sigma_{pt}$)*
obere Grenze des Zielbereichs ($X_{pt} + 2\sigma_{pt}$)*
Quotient S^*/σ_{pt} oder S^*/σ_{pt}'
Standardunsicherheit $U_{(X_{pt})}$
Quotient $U_{(X_{pt})}/\sigma_{pt}$ oder $U_{(X_{pt})}/\sigma_{pt}'$
Ergebnisse im Zielbereich
Prozent im Zielbereich

* Zielbereich berechnet mit z-Score oder z'-Score

In der unteren Tabelle sind die Einzelergebnisse der teilnehmenden Labore aufgeführt:

Auswertenummer	Parameter [Einheit / Unit]	Abweichung	z-Score σ_{pt}	z-Score (Info)	Hinweis
Evaluation number		Deviation			Remark

4.1 L-Alanin/L-Alanine in g/100g

Vergleichsuntersuchung / Proficiency Test

Kenndaten	
Anzahl der Messergebnisse	10
Anzahl der Ausreißer	0
Mittelwert	1,70
Median	1,69
Robuster Mittelwert (X_{pt})	1,70
Robuste Standardabweichung (S^*)	0,0562
Anzahl mit 2 Wiederholmessungen	10
Wiederholstandardabweichung (S_r)	0,0254
Variationskoeffizient (VK_r)	1,49%
Vergleichsstandardabweichung (S_R)	0,0602
Variationskoeffizient (VK_R)	3,54%
Zielkenndaten:	
Zielstandardabweichung σ_{pt}	0,0627
Zielstandardabweichung (zur Information)	0,0822
Untere Grenze des Zielbereichs	1,57
Obere Grenze des Zielbereichs	1,82
Quotient S^*/σ_{pt}	0,90
Standardunsicherheit $U(X_{pt})$	0,0222
Quotient $U(X_{pt})/\sigma_{pt}$	0,35
Ergebnisse im Zielbereich	10
Prozent im Zielbereich	100%

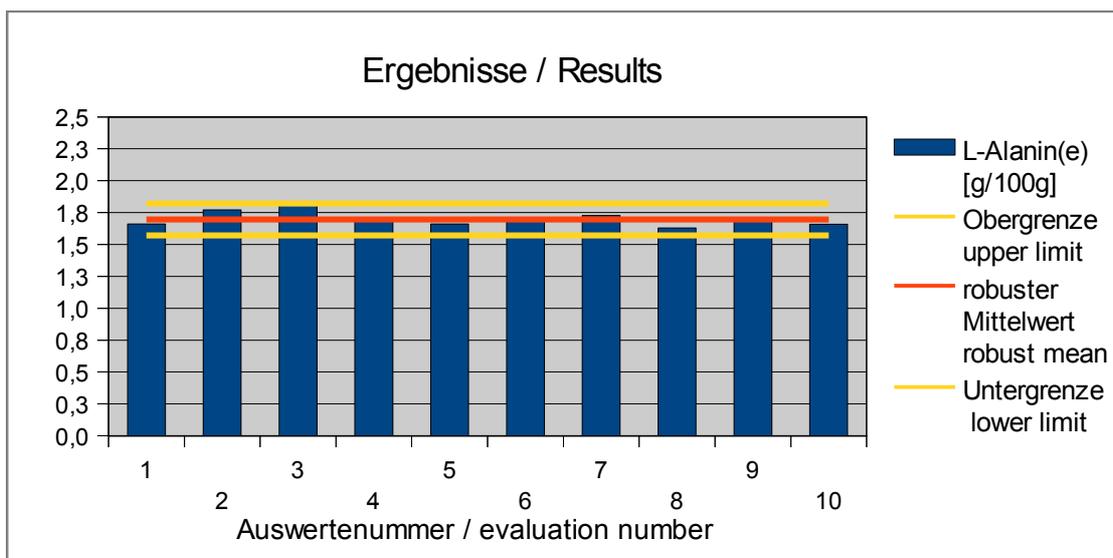


Abb. / Fig. 1: Ergebnisse L-Alanin / Results L-Alanine

Ergebnisse der Teilnehmer:
Results of Participants:

Auswertenummer	L-Alanin / L-Alanine [g/100g]	Abweichung [g/100g]	z-Score (σ_{pt})	z-Score (Info)	Hinweis
Evaluation number		Deviation [g/100g]			Remark
1	1,66	-0,0364	-0,6	-0,4	
2	1,77	0,0736	1,2	0,9	
3	1,82	0,1236	2,0	1,5	
4	1,69	-0,0064	-0,1	-0,1	
5	1,66	-0,0364	-0,6	-0,4	
6	1,70	0,0036	0,1	0,0	
7	1,73	0,0312	0,5	0,4	
8	1,63	-0,0664	-1,1	-0,8	
9	1,69	-0,0094	-0,2	-0,1	
10	1,66	-0,0374	-0,6	-0,5	

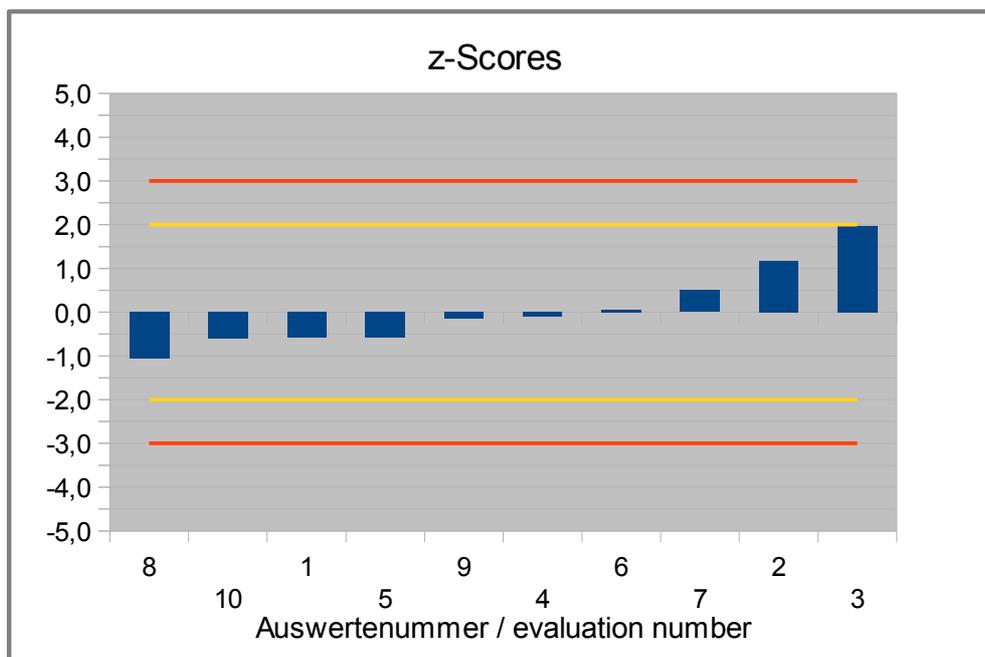


Abb. / Fig. 2: z-Scores L-Alanin / L-Alanine

4.2 L-Arginin/L-Arginine in g/100g

Vergleichsuntersuchung / Proficiency Test

Kenndaten	
Anzahl der Messergebnisse	10
Anzahl der Ausreißer	0
Mittelwert	2,72
Median	2,75
Robuster Mittelwert (x_{pt})	2,72
Robuste Standardabweichung (S^*)	0,218
Anzahl mit 2 Wiederholmessungen	9
Wiederholstandardabweichung (S_r)	0,0495
Variationskoeffizient (VK_r)	1,83%
Vergleichsstandardabweichung (S_R)	0,206
Variationskoeffizient (VK_R)	7,64%
Zielkenndaten:	
Zielstandardabweichung σ_{pt}	0,183
Zielstandardabweichung (zur Information)	0,0937
Untere Grenze des Zielbereichs	2,36
Obere Grenze des Zielbereichs	3,09
Quotient S^*/σ_{pt}	1,19
Standardunsicherheit $U(x_{pt})$	0,0860
Quotient $U(x_{pt})/\sigma_{pt}$	0,47
Ergebnisse im Zielbereich	9
Prozent im Zielbereich	90%

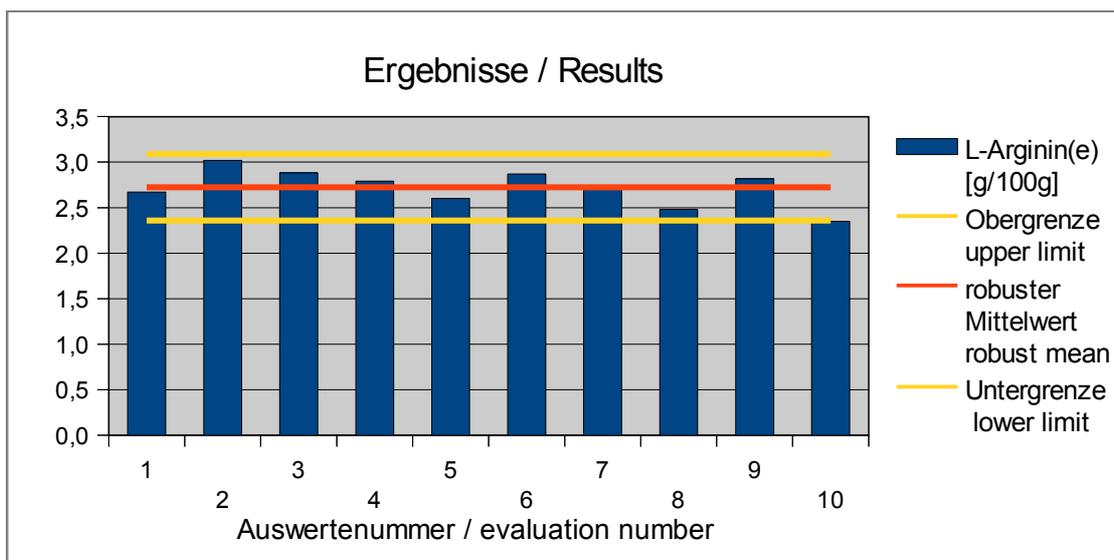


Abb. / Fig. 3: Ergebnisse L-Arginin / Results L-Arginine

Ergebnisse der Teilnehmer:
Results of Participants:

Auswertenummer	L-Arginin / L-Arginine [g/100g]	Abweichung [g/100g]	z-Score (σ_{pt})	z-Score (Info)	Hinweis
Evaluation number		Deviation [g/100g]			Remark
1	2,67	-0,0536	-0,3	-0,6	
2	3,02	0,2964	1,6	3,2	
3	2,88	0,1564	0,9	1,7	
4	2,79	0,0664	0,4	0,7	
5	2,60	-0,1236	-0,7	-1,3	
6	2,87	0,1464	0,8	1,6	
7	2,71	-0,0131	-0,1	-0,1	
8	2,48	-0,2436	-1,3	-2,6	
9	2,82	0,0944	0,5	1,0	
10	2,35	-0,3746	-2,0	-4,0	

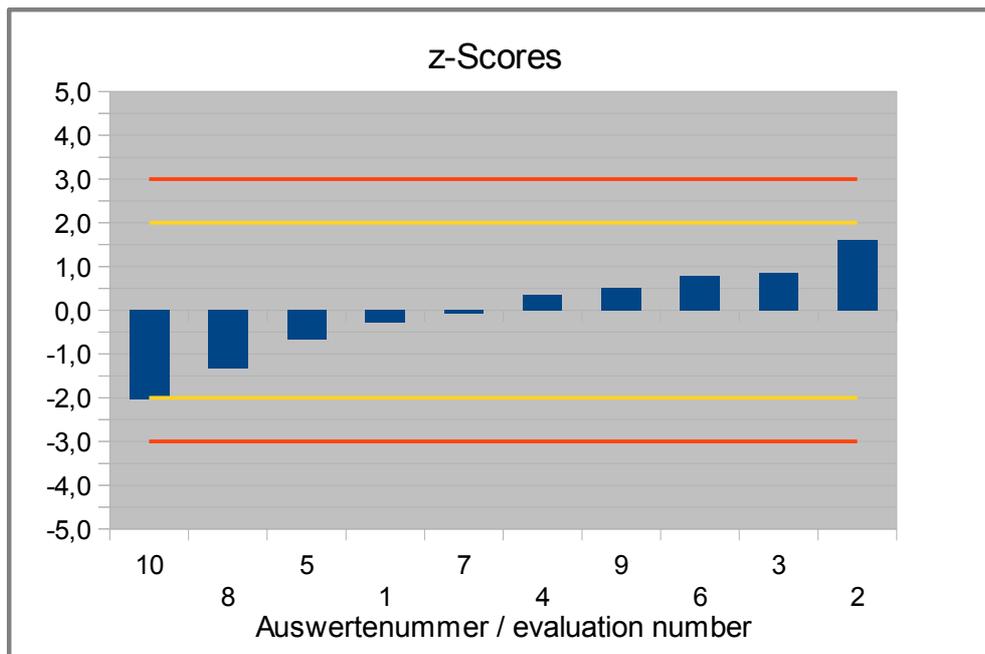


Abb. / Fig. 4: Z-Scores L-Arginin / L-Arginine

4.3 L-Asparaginsäure/L-Aspartic acid in g/100g

Vergleichsuntersuchung / Proficiency Test

Kenndaten	
Anzahl der Messergebnisse	9
Anzahl der Ausreißer	1
Mittelwert	4,51
Median	4,53
Robuster Mittelwert (x_{pt})	4,55
Robuste Standardabweichung (S^*)	0,130
Anzahl mit 2 Wiederholmessungen	9
Wiederholstandardabweichung (S_r)	0,0868
Variationskoeffizient (VK_r)	1,98%
Vergleichsstandardabweichung (S_R)	0,405
Variationskoeffizient (VK_R)	9,23%
<i>Zielkenndaten:</i>	
Zielstandardabweichung σ_{pt}	0,145
Zielstandardabweichung (zur Information)	0,333
Untere Grenze des Zielbereichs	4,26
Obere Grenze des Zielbereichs	4,84
Quotient S^*/σ_{pt}	0,90
Standardunsicherheit $U(x_{pt})$	0,0541
Quotient $U(x_{pt})/\sigma_{pt}$	0,37
Ergebnisse im Zielbereich	8
Prozent im Zielbereich	89%

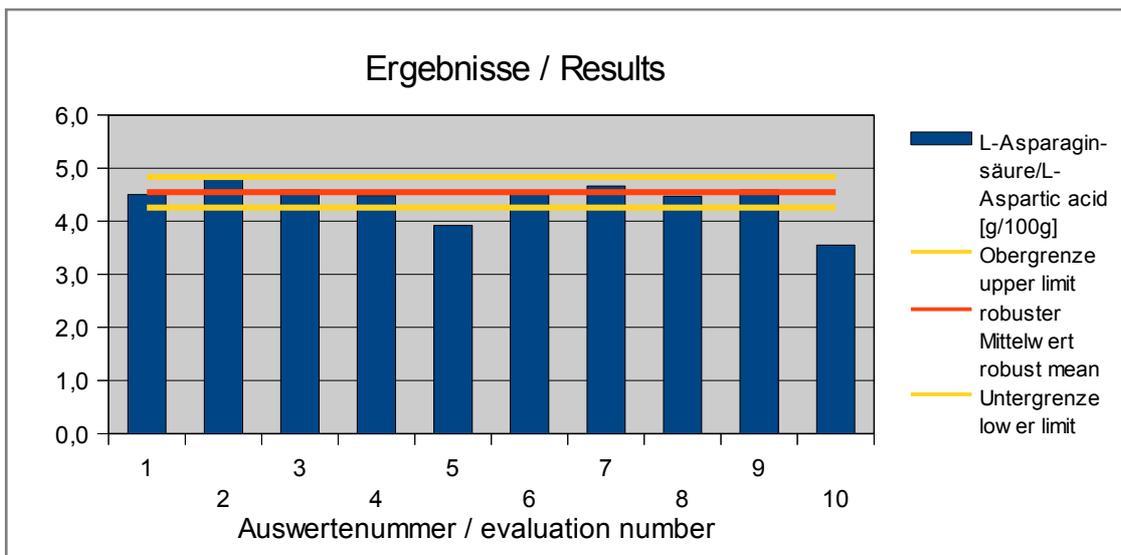


Abb. / Fig. 5: Ergebnisse L-Asparaginsäure / Results L-Aspartic acid

Ergebnisse der Teilnehmer:
Results of Participants:

Auswertenummer	L-Asparaginsäure / L-Aspartic acid [g/100g]	Abweichung [g/100g]	z-Score (σ_{pt})	z-Score (Info)	Hinweis
Evaluation number		Deviation [g/100g]			Remark
1	4,50	-0,0457	-0,3	-0,1	
2	4,83	0,2843	2,0	0,9	
3	4,59	0,0443	0,3	0,1	
4	4,48	-0,0657	-0,5	-0,2	
5	3,92	-0,6257	-4,3	-1,9	Ausreisser / Outlier
6	4,53	-0,0157	-0,1	0,0	
7	4,66	0,1179	0,8	0,4	
8	4,47	-0,0757	-0,5	-0,2	
9	4,59	0,0403	0,3	0,1	
10	3,55	-0,9533			Ausreisser ausgeschlossen* / Outlier excluded*

* Einfluss auf robuste Statistik / * influence on robust statistics

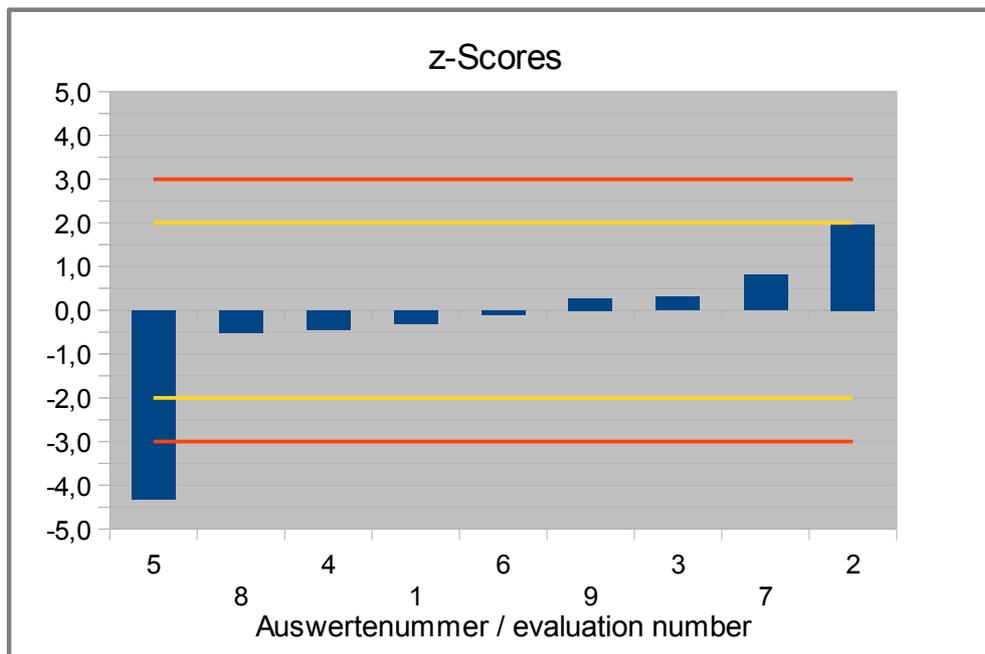


Abb. / Fig. 6: Z-Scores L-Asparaginsäure / L-Aspartic acid

4.4 L-Cystein/L-Cysteine in g/100g

Vergleichsuntersuchung / Proficiency Test

Kenndaten	
Anzahl der Messergebnisse	2
Anzahl der Ausreißer	0
Mittelwert	0,482
Median	0,482
Robuster Mittelwert (X_{pt})	0,482
Robuste Standardabweichung (S^*)	0,0617
<i>Anzahl mit 2 Wiederholmessungen</i>	
Wiederholstandardabweichung (S_r)	
Variationskoeffizient (VK_r)	
Vergleichsstandardabweichung (S_R)	
Variationskoeffizient (VK_R)	
<i>Zielkenndaten:</i>	
Zielstandardabweichung σ_{pt}	
Zielstandardabweichung (zur Information)	
Untere Grenze des Zielbereichs	
Obere Grenze des Zielbereichs	
Quotient S^*/σ_{pt}	
Standardunsicherheit $U_{(X_{pt})}$	
Quotient $U_{(X_{pt})}/\sigma_{pt}$	
Ergebnisse im Zielbereich	
Prozent im Zielbereich	

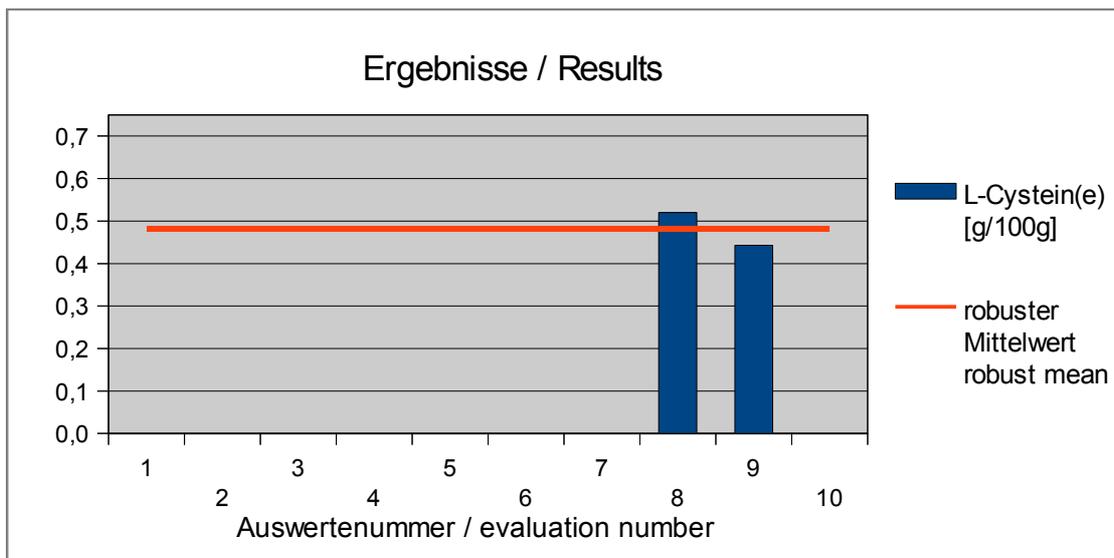


Abb. / Fig. 7: Ergebnisse L-Cystein / Results L-Cysteine

Januar 2017 DLA 59/2016 - Gesamt-Aminosäure-Zusammensetzung, 1. Korr.

Ergebnisse der Teilnehmer:

Results of Participants:

Auswertenummer	L-Cystein(e) [g/100g]	Abweichung [g/100g]	z-Score	z-Score	Hinweis
Evaluation number		Deviation [g/100g]	(σ_{pt})	(Info)	Remark
1					
2					
3					
4					
5					
6					
7					
8	0,520	0,0385			
9	0,443	-0,0385			
10					

4.5 L-Cystin/L-Cystine in g/100g

Vergleichsuntersuchung / Proficiency Test

Kenndaten	
Anzahl der Messergebnisse	8
Anzahl der Ausreißer	0
Mittelwert	0,487
Median	0,473
Robuster Mittelwert (X_{pt})	0,487
Robuste Standardabweichung (S^*)	0,133
Anzahl mit 2 Wiederholmessungen	7
Wiederholstandardabweichung (S_r)	0,0129
Variationskoeffizient (VK_r)	2,68%
Vergleichsstandardabweichung (S_R)	0,142
Variationskoeffizient (VK_R)	29,4%
Zielkenndaten:	
Zielstandardabweichung σ_{pt}	0,0705
Zielstandardabweichung (zur Information)	0,0217
Untere Grenze des Zielbereichs	0,35
Obere Grenze des Zielbereichs	0,63
Quotient S^*/σ_{pt}	1,89
Standardunsicherheit $U(x_{pt})$	0,0590
Quotient $U(x_{pt})/\sigma_{pt}$	0,84
Ergebnisse im Zielbereich	6
Prozent im Zielbereich	75%

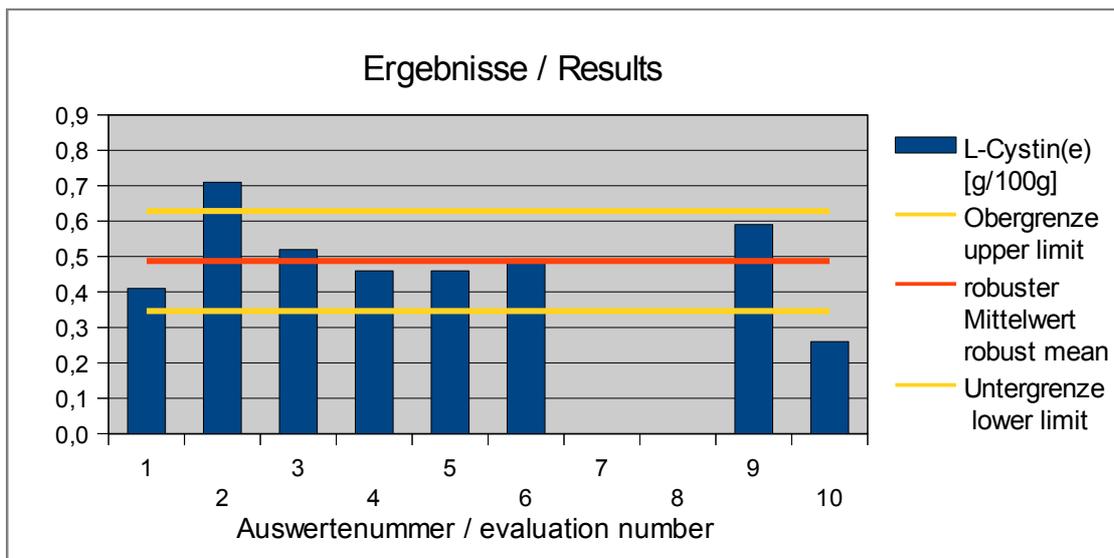


Abb. / Fig. 8: Ergebnisse L-Cystin / Results L-Cystine

Ergebnisse der Teilnehmer:
Results of Participants:

Auswertenummer	L-Cystin(e) [g/100g]	Abweichung [g/100g]	z-Score (σ _{pt})	z-Score (Info)	Hinweis
Evaluation number		Deviation [g/100g]		(Info)	Remark
1	0,410	-0,0775	-1,1	-3,6	
2	0,710	0,2225	3,2	10,2	
3	0,520	0,0325	0,5	1,5	
4	0,460	-0,0275	-0,4	-1,3	
5	0,460	-0,0275	-0,4	-1,3	
6	0,485	-0,0025	0,0	-0,1	
7					
8					
9	0,590	0,1025	1,5	4,7	
10	0,260	-0,2275	-3,2	-10,5	

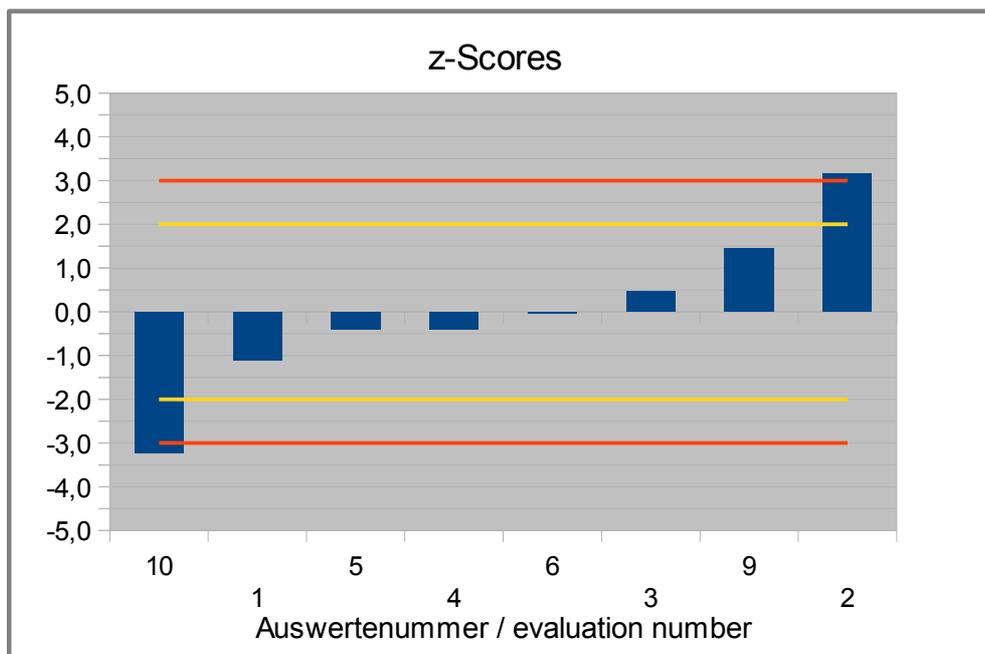


Abb. / Fig. 9: Z-Scores L-Cystin / L-Cystine

4.6 L-Glutaminsäure/L-Glutamic acid in g/100g

Vergleichsuntersuchung / Proficiency Test

Kenndaten	
Anzahl der Messergebnisse	10
Anzahl der Ausreißer	0
Mittelwert	8,29
Median	8,14
Robuster Mittelwert (\bar{x}_{pt})	8,29
Robuste Standardabweichung (S^*)	0,502
Anzahl mit 2 Wiederholmessungen	9
Wiederholstandardabweichung (S_r)	0,140
Variationskoeffizient (VK_r)	1,70%
Vergleichsstandardabweichung (S_R)	0,474
Variationskoeffizient (VK_R)	5,74%
<i>Zielkenndaten:</i>	
Zielstandardabweichung σ_{pt}	0,406
Zielstandardabweichung (zur Information)	0,241
Untere Grenze des Zielbereichs	7,48
Obere Grenze des Zielbereichs	9,11
Quotient S^*/σ_{pt}	1,2
Standardunsicherheit $U(x_{pt})$	0,198
Quotient $U(x_{pt})/\sigma_{pt}$	0,49
Ergebnisse im Zielbereich	10
Prozent im Zielbereich	100%

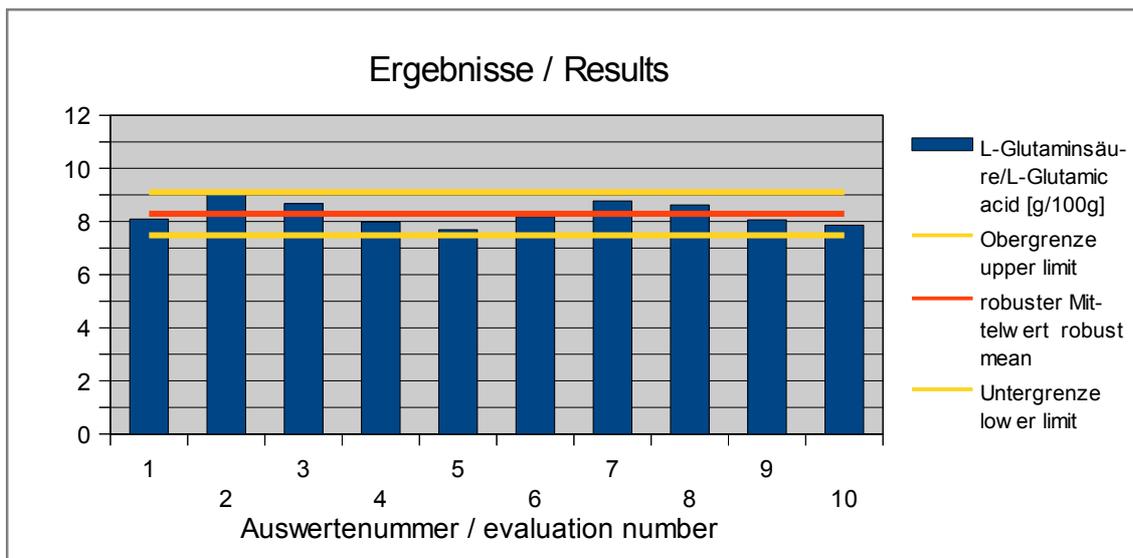


Abb. / Fig. 10: Ergebnisse L-Glutaminsäure/ Results L-Glutamic acid

Ergebnisse der Teilnehmer:
Results of Participants:

Auswertenummer	L-Glutaminsäure/ L-Glutamic acid [g/100g]	Abweichung [g/100g]	z-Score (σ_{pt})	z-Score (Info)	Hinweis
Evaluation number		Deviation [g/100g]		(Info)	Remark
1	8,09	-0,204	-0,5	-0,8	
2	9,02	0,726	1,8	3,0	
3	8,67	0,376	0,9	1,6	
4	7,98	-0,314	-0,8	-1,3	
5	7,69	-0,604	-1,5	-2,5	
6	8,18	-0,114	-0,3	-0,5	
7	8,77	0,474	1,2	2,0	
8	8,62	0,326	0,8	1,4	
9	8,06	-0,233	-0,6	-1,0	
10	7,86	-0,435	-1,1	-1,8	

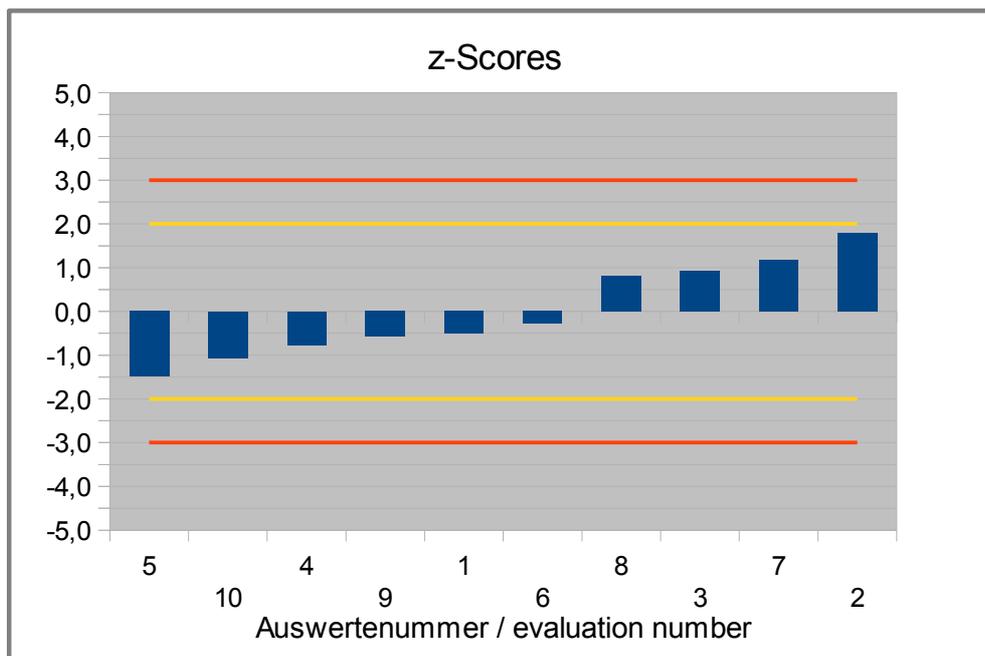


Abb. / Fig. 11: Z-Scores L-Glutaminsäure / L-Glutamic acid

4.7 Glycin/Glycine in g/100g

Vergleichsuntersuchung / Proficiency Test

Kenndaten	
Anzahl der Messergebnisse	10
Anzahl der Ausreißer	0
Mittelwert	1,54
Median	1,57
Robuster Mittelwert (x_{pt})	1,54
Robuste Standardabweichung (S^*)	0,0933
Anzahl mit 2 Wiederholmessungen	9
Wiederholstandardabweichung (S_r)	0,0210
Variationskoeffizient (VK_r)	1,38%
Vergleichsstandardabweichung (S_R)	0,0852
Variationskoeffizient (VK_R)	5,57%
<i>Zielkenndaten:</i>	
Zielstandardabweichung σ_{pt}	0,0576
Zielstandardabweichung (zur Information)	0,102
Untere Grenze des Zielbereichs	1,42
Obere Grenze des Zielbereichs	1,65
Quotient S^*/σ_{pt}	1,62
Standardunsicherheit $U(x_{pt})$	0,0369
Quotient $U(x_{pt})/\sigma_{pt}$	0,64
Ergebnisse im Zielbereich	7
Prozent im Zielbereich	70%

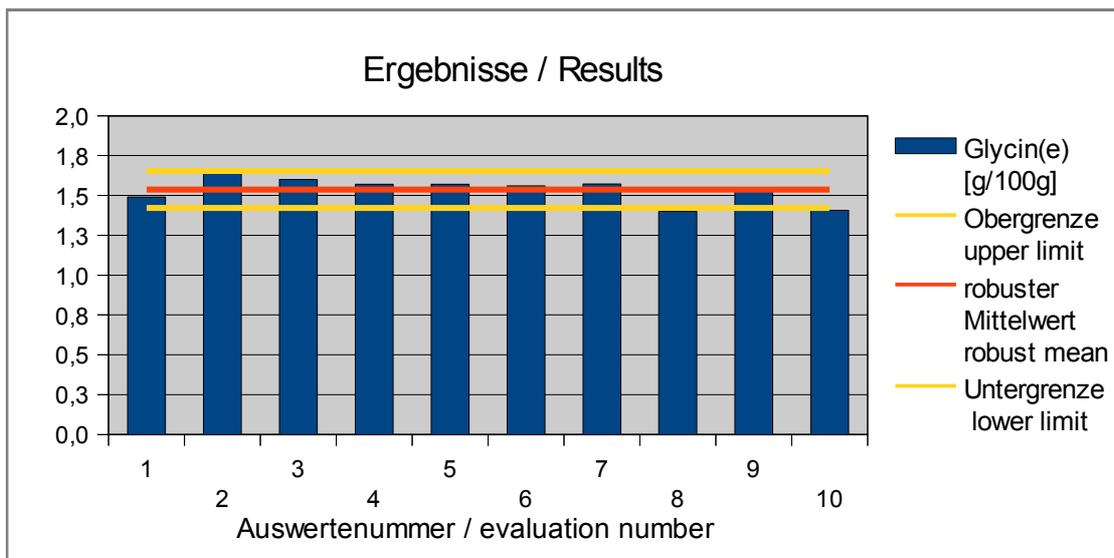


Abb. / Fig. 12: Ergebnisse Glycin/ Results Glycine

Ergebnisse der Teilnehmer:
Results of Participants:

Auswertenummer	Glycin(e) [g/100g]	Abweichung [g/100g]	z-Score (σ_{pt})	z-Score (Info)	Hinweis
Evaluation number		Deviation [g/100g]			Remark
1	1,49	-0,0474	-0,8	-0,5	
2	1,66	0,1226	2,1	1,2	
3	1,60	0,0626	1,1	0,6	
4	1,57	0,0326	0,6	0,3	
5	1,57	0,0326	0,6	0,3	
6	1,56	0,0226	0,4	0,2	
7	1,57	0,0352	0,6	0,3	
8	1,40	-0,1374	-2,4	-1,3	
9	1,54	0,0066	0,1	0,1	
10	1,41	-0,1304	-2,3	-1,3	

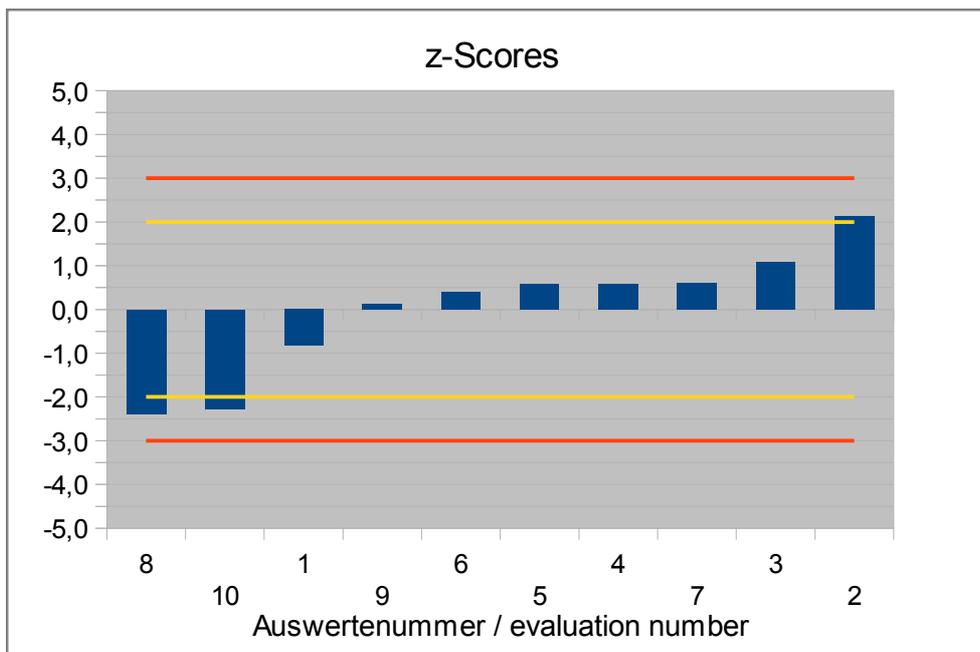


Abb. / Fig. 13: z-Scores Glycin / Glycine

4.8 L-Histidin/L-Histidine in g/100g

Vergleichsuntersuchung / Proficiency Test

Kenndaten	
Anzahl der Messergebnisse	10
Anzahl der Ausreißer	0
Mittelwert	1,10
Median	1,07
Robuster Mittelwert (x_{pt})	1,10
Robuste Standardabweichung (S^*)	0,0915
Anzahl mit 2 Wiederholmessungen	9
Wiederholstandardabweichung (S_r)	0,0220
Variationskoeffizient (VK_r)	2,03%
Vergleichsstandardabweichung (S_R)	0,0748
Variationskoeffizient (VK_R)	6,91%
<i>Zielkenndaten:</i>	
Zielstandardabweichung σ_{pt}	0,118
Zielstandardabweichung (zur Information)	0,0433
Untere Grenze des Zielbereichs	0,86
Obere Grenze des Zielbereichs	1,33
Quotient S^*/σ_{pt}	0,78
Standardunsicherheit $U(x_{pt})$	0,0362
Quotient $U(x_{pt})/\sigma_{pt}$	0,31
Ergebnisse im Zielbereich	10
Prozent im Zielbereich	100%

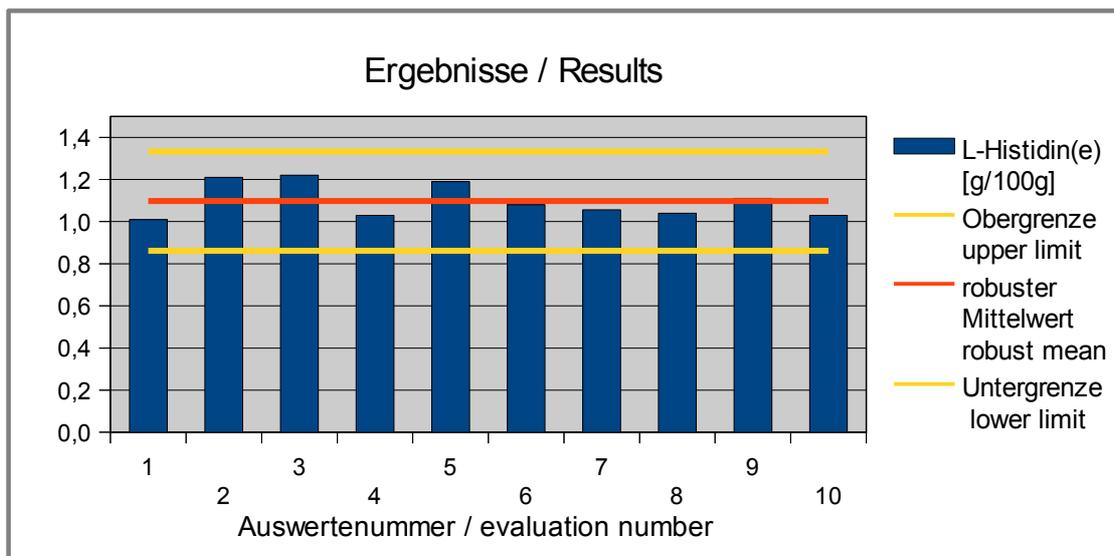


Abb. / Fig. 14: Ergebnisse L-Histidin/ Results L-Histidine

Ergebnisse der Teilnehmer:
Results of Participants:

Auswertenummer	L-Histidin / L-Histidine [g/100g]	Abweichung [g/100g]	z-Score (σ _{pt})	z-Score (Info)	Hinweis
Evaluation number		Deviation [g/100g]			Remark
1	1,01	-0,0876	-0,7	-2,0	
2	1,21	0,1124	1,0	2,6	
3	1,22	0,1224	1,0	2,8	
4	1,03	-0,0676	-0,6	-1,6	
5	1,19	0,0924	0,8	2,1	
6	1,08	-0,0176	-0,1	-0,4	
7	1,06	-0,0410	-0,3	-0,9	
8	1,04	-0,0576	-0,5	-1,3	
9	1,11	0,0124	0,1	0,3	
10	1,03	-0,0686	-0,6	-1,6	

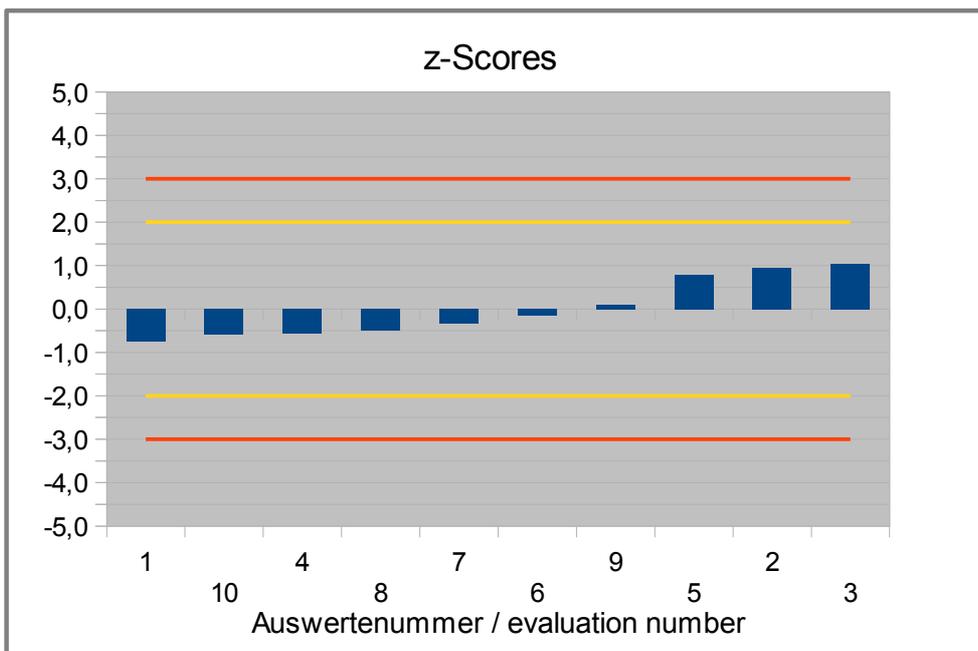


Abb. / Fig. 15: Z-Scores L-Histidin / L-Histidine

4.9 L-Isoleucin/L-Isoleucine in g/100g

Vergleichsuntersuchung / Proficiency Test

Kenndaten	
Anzahl der Messergebnisse	10
Anzahl der Ausreißer	1
Mittelwert	1,91
Median	1,97
Robuster Mittelwert (x_{pt})	1,94
Robuste Standardabweichung (S^*)	0,173
Anzahl mit 2 Wiederholmessungen	9
Wiederholstandardabweichung (S_r)	0,0356
Variationskoeffizient (VK_r)	1,87%
Vergleichsstandardabweichung (S_R)	0,241
Variationskoeffizient (VK_R)	12,7%
<i>Zielkenndaten:</i>	
Zielstandardabweichung σ_{pt}	0,0975
Zielstandardabweichung (zur Information)	0,0702
Untere Grenze des Zielbereichs	1,75
Obere Grenze des Zielbereichs	2,14
Quotient S^*/σ_{pt}	1,78
Standardunsicherheit $U(x_{pt})$	0,0686
Quotient $U(x_{pt})/\sigma_{pt}$	0,70
Ergebnisse im Zielbereich	9
Prozent im Zielbereich	90%

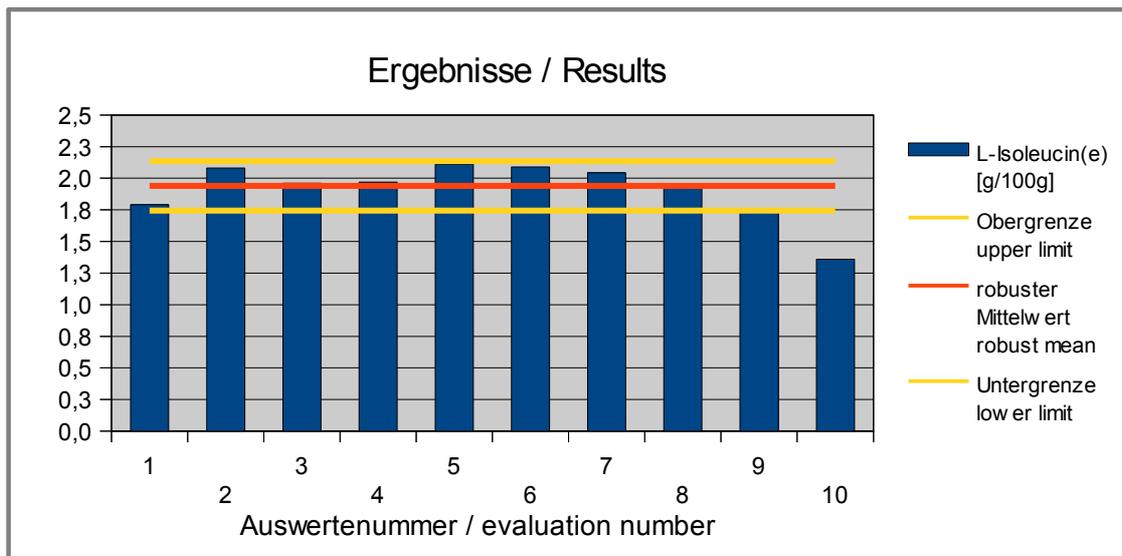


Abb. / Fig. 16: Ergebnisse L-Isoleucin/ Results L-Isoleucine

Ergebnisse der Teilnehmer:
Results of Participants:

Auswertenummer	L-Isoleucin / L-Isoleucine [g/100g]	Abweichung [g/100g]	z-Score (σ _{pt})	z-Score (Info)	Hinweis
Evaluation number		Deviation [g/100g]			Remark
1	1,79	-0,1501	-1,5	-2,1	
2	2,08	0,1399	1,4	2,0	
3	1,96	0,0199	0,2	0,3	
4	1,97	0,0299	0,3	0,4	
5	2,11	0,1699	1,7	2,4	
6	2,09	0,1499	1,5	2,1	
7	2,04	0,1037	1,1	1,5	
8	1,93	-0,0101	-0,1	-0,1	
9	1,75	-0,1931	-2,0	-2,7	
10	1,36	-0,5801	-5,9	-8,3	Ausreisser/Outlier

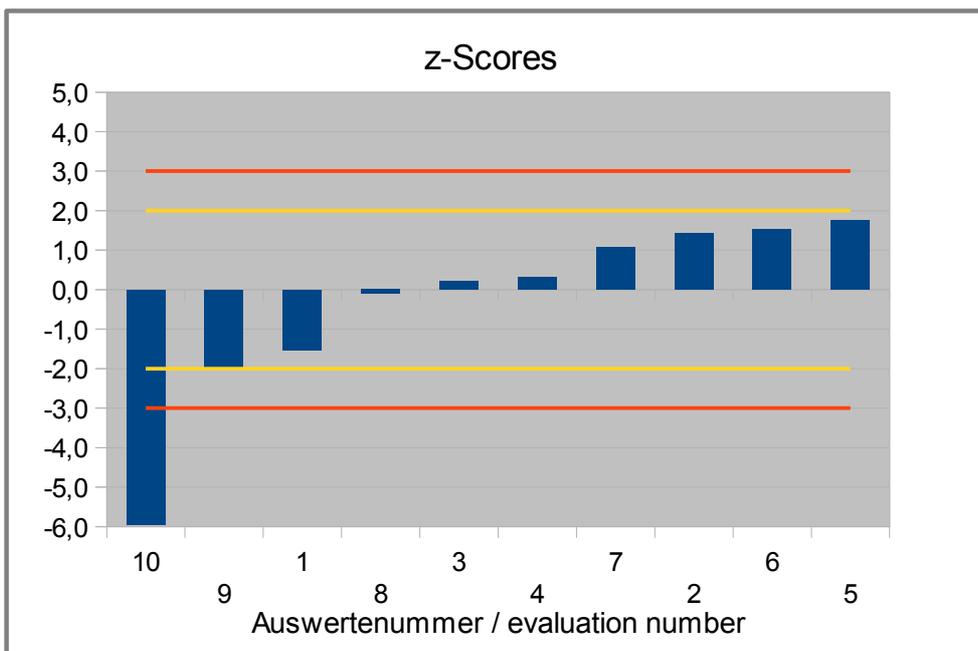


Abb. / Fig. 17: Z-Scores L-Isoleucin / L-Isoleucine

4.10 L-Leucin/L-Leucine in g/100g

Vergleichsuntersuchung / Proficiency Test

Kenndaten	
Anzahl der Messergebnisse	10
Anzahl der Ausreißer	0
Mittelwert	3,45
Median	3,41
Robuster Mittelwert (X_{pt})	3,45
Robuste Standardabweichung (S^*)	0,248
Anzahl mit 2 Wiederholmessungen	9
Wiederholstandardabweichung (S_r)	0,0539
Variationskoeffizient (VK_r)	1,58%
Vergleichsstandardabweichung (S_R)	0,231
Variationskoeffizient (VK_R)	6,76%
<i>Zielkenndaten:</i>	
Zielstandardabweichung σ_{pt}	0,186
Zielstandardabweichung (zur Information)	0,115
Untere Grenze des Zielbereichs	3,08
Obere Grenze des Zielbereichs	3,82
Quotient S^*/σ_{pt}	1,34
Standardunsicherheit $U(x_{pt})$	0,0981
Quotient $U(x_{pt})/\sigma_{pt}$	0,53
Ergebnisse im Zielbereich	9
Prozent im Zielbereich	90%

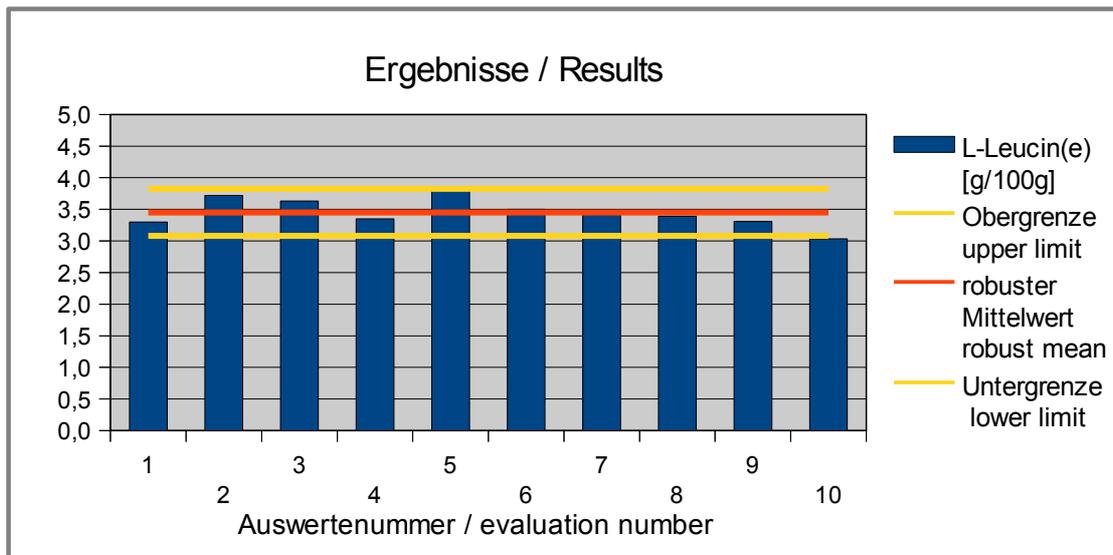


Abb. / Fig. 18: Ergebnisse L-Leucin/ Results L-Leucine

Ergebnisse der Teilnehmer:
Results of Participants:

Auswertenummer	L-Leucin/L-Leucine [g/100g]	Abweichung [g/100g]	z-Score (σ _{pt})	z-Score (Info)	Hinweis
Evaluation number		Deviation [g/100g]			Remark
1	3,30	-0,1520	-0,8	-1,3	
2	3,72	0,2680	1,4	2,3	
3	3,63	0,1780	1,0	1,6	
4	3,35	-0,1020	-0,5	-0,9	
5	3,81	0,3580	1,9	3,1	
6	3,50	0,0480	0,3	0,4	
7	3,43	-0,0186	-0,1	-0,2	
8	3,39	-0,0620	-0,3	-0,5	
9	3,31	-0,1450	-0,8	-1,3	
10	3,03	-0,4200	-2,3	-3,7	

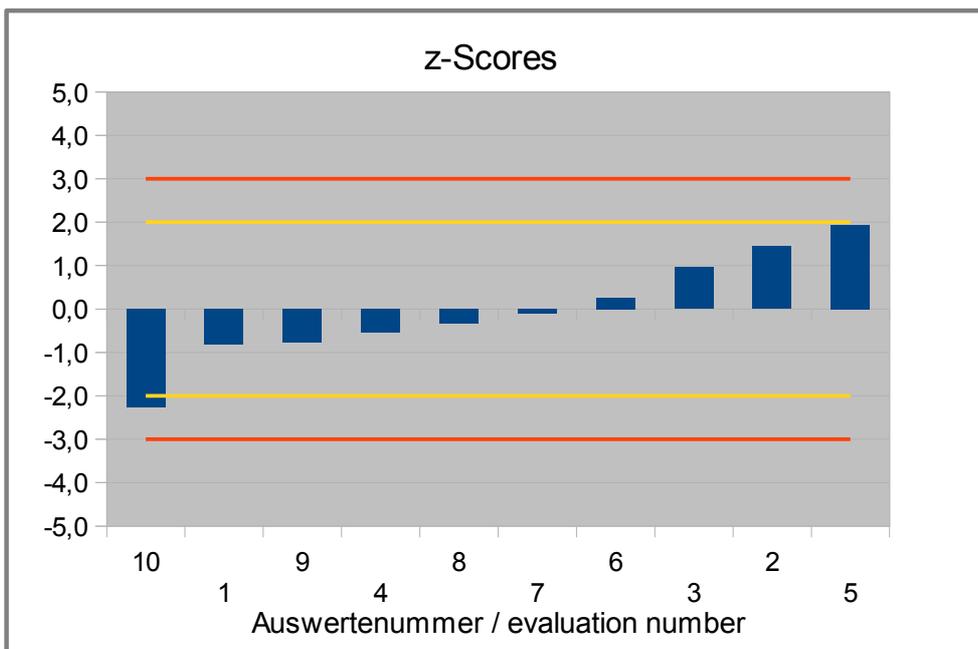


Abb. / Fig. 19: Z-Scores L-Leucin / L-Leucine

4.11 L-Lysin/L-Lysine in g/100g

Vergleichsuntersuchung / Proficiency Test

Kenndaten	
Anzahl der Messergebnisse	10
Anzahl der Ausreißer	0
Mittelwert	2,71
Median	2,73
Robuster Mittelwert (x_{pt})	2,71
Robuste Standardabweichung (S^*)	0,168
Anzahl mit 2 Wiederholmessungen	9
Wiederholstandardabweichung (S_r)	0,0464
Variationskoeffizient (VK_r)	1,72%
Vergleichsstandardabweichung (S_R)	0,156
Variationskoeffizient (VK_R)	5,79%
<i>Zielkenndaten:</i>	
Zielstandardabweichung σ_{pt}	0,0932
Zielstandardabweichung (zur Information)	0,239
Untere Grenze des Zielbereichs	2,52
Obere Grenze des Zielbereichs	2,89
Quotient S^*/σ_{pt}	1,81
Standardunsicherheit $U(x_{pt})$	0,0665
Quotient $U(x_{pt})/\sigma_{pt}$	0,71
Ergebnisse im Zielbereich	9
Prozent im Zielbereich	90%

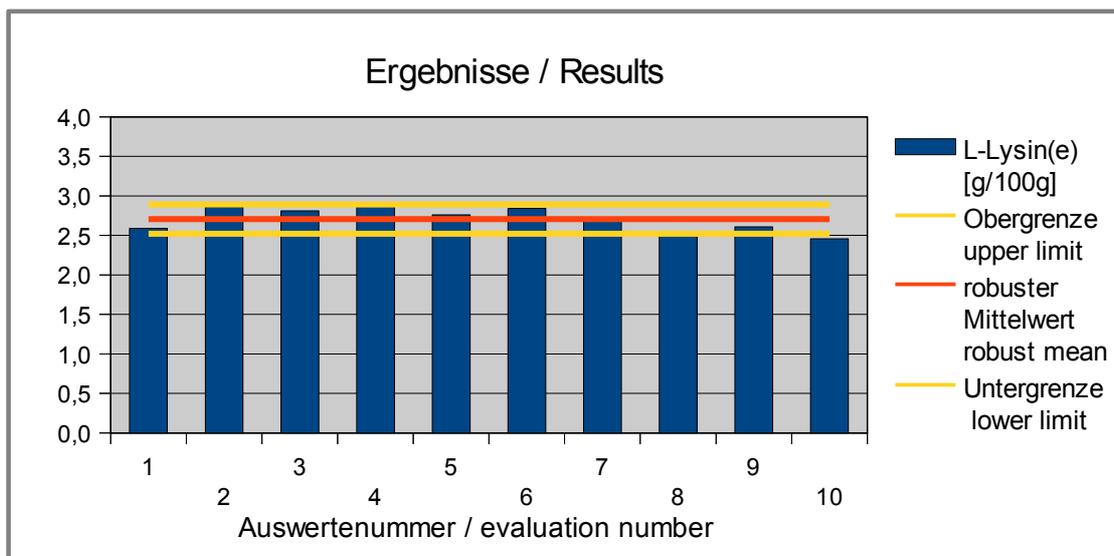


Abb. / Fig. 20: Ergebnisse L-Lysin/ Results L-Lysine

Ergebnisse der Teilnehmer:
Results of Participants:

Auswertenummer	L-Lysin / L-Lysine [g/100g]	Abweichung [g/100g]	z-Score (σ _{pt})	z-Score (Info)	Hinweis
Evaluation number		Deviation [g/100g]			Remark
1	2,59	-0,1170	-1,3	-0,5	
2	2,86	0,1530	1,6	0,6	
3	2,81	0,1030	1,1	0,4	
4	2,89	0,1830	2,0	0,8	
5	2,76	0,0530	0,6	0,2	
6	2,84	0,1330	1,4	0,6	
7	2,70	-0,0026	0,0	0,0	
8	2,55	-0,1570	-1,7	-0,7	
9	2,61	-0,0990	-1,1	-0,4	
10	2,46	-0,2490	-2,7	-1,0	

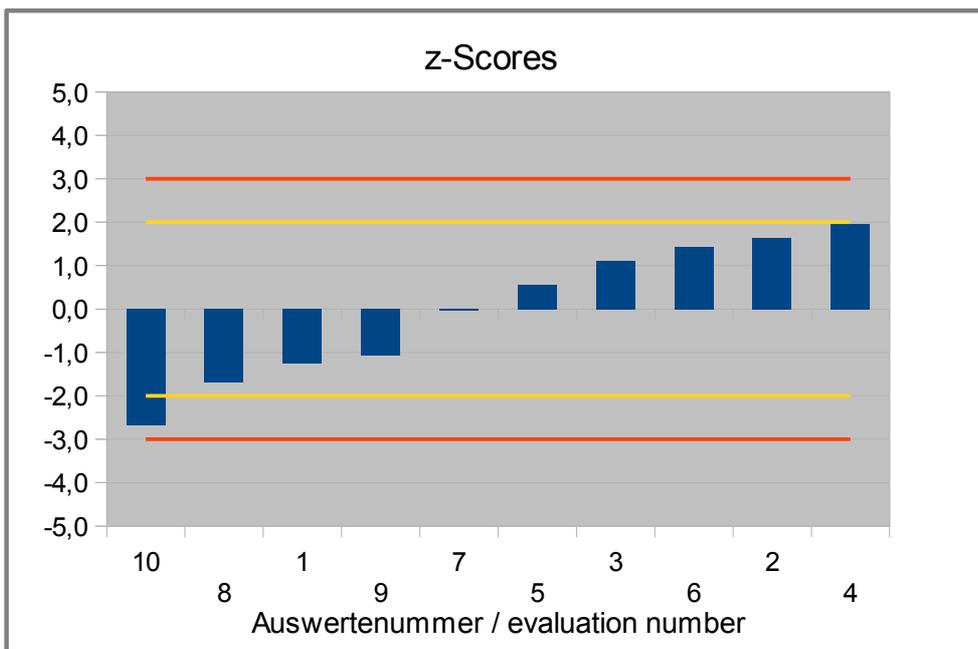


Abb. / Fig. 21: Z-Scores L-Lysin / L-Lysine

4.12 L-Methionin/L-Methionine in g/100g

Vergleichsuntersuchung / Proficiency Test

Kenndaten	
Anzahl der Messergebnisse	10
Anzahl der Ausreißer	0
Mittelwert	0,565
Median	0,570
Robuster Mittelwert (x_{pt})	0,572
Robuste Standardabweichung (S^*)	0,0608
Anzahl mit 2 Wiederholmessungen	9
Wiederholstandardabweichung (S_r)	0,0209
Variationskoeffizient (VK_r)	3,78%
Vergleichsstandardabweichung (S_R)	0,0685
Variationskoeffizient (VK_R)	12,4%
<i>Zielkenndaten:</i>	
Zielstandardabweichung σ_{pt}	0,0382
Zielstandardabweichung (zur Information)	0,0249
Untere Grenze des Zielbereichs	0,50
Obere Grenze des Zielbereichs	0,65
Quotient S^*/σ_{pt}	1,59
Standardunsicherheit $U(x_{pt})$	0,0240
Quotient $U(x_{pt})/\sigma_{pt}$	0,63
Ergebnisse im Zielbereich	8
Prozent im Zielbereich	80%

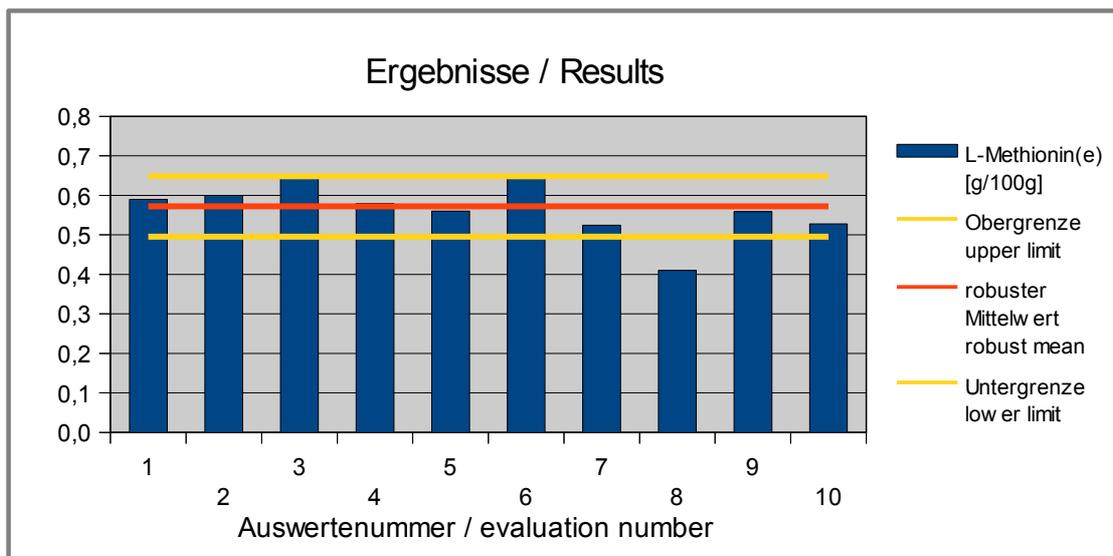


Abb. / Fig. 22: Ergebnisse L-Methionin/ Results L-Methionine

Ergebnisse der Teilnehmer:
Results of Participants:

Auswertenummer	L-Methionin(e) [g/100g]	Abweichung [g/100g]	z-Score (σ _{pt})	z-Score (Info)	Hinweis
Evaluation number		Deviation [g/100g]		(Info)	Remark
1	0,590	0,0180	0,5	0,7	
2	0,600	0,0280	0,7	1,1	
3	0,650	0,0780	2,0	3,1	
4	0,580	0,0080	0,2	0,3	
5	0,560	-0,0120	-0,3	-0,5	
6	0,648	0,0760	2,0	3,1	
7	0,524	-0,0478	-1,3	-1,9	
8	0,410	-0,1620	-4,2	-6,5	
9	0,559	-0,0130	-0,3	-0,5	
10	0,528	-0,0440	-1,2	-1,8	

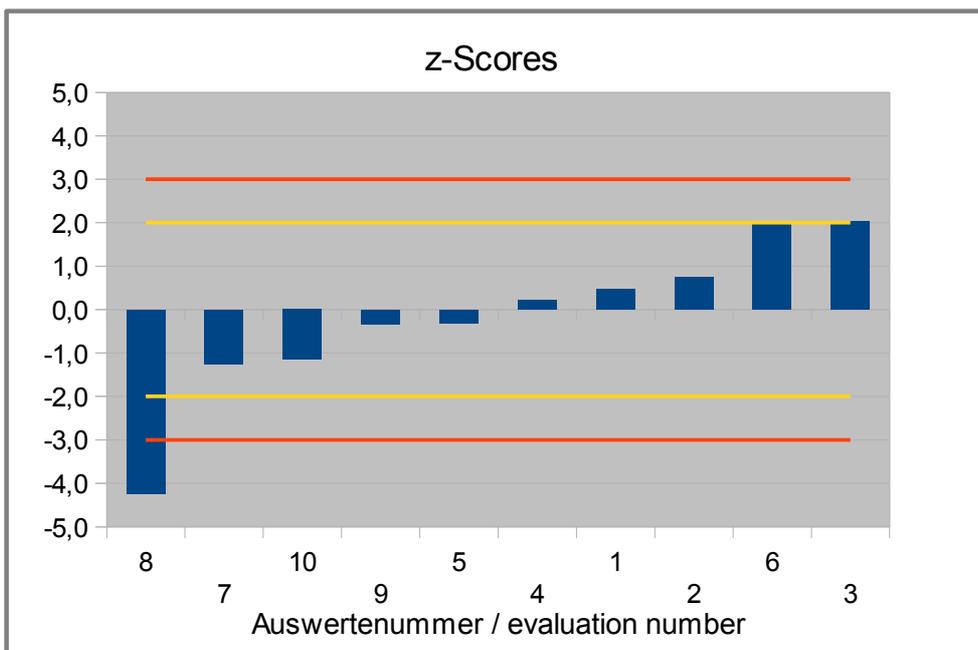


Abb. / Fig. 23: z-Scores L-Methionin / L-Methionine

4.13 L-Phenylalanin/L-Phenylalanine in g/100g

Vergleichsuntersuchung / Proficiency Test

Kenndaten	
Anzahl der Messergebnisse	10
Anzahl der Ausreißer	0
Mittelwert	2,15
Median	2,14
Robuster Mittelwert (X_{pt})	2,14
Robuste Standardabweichung (S^*)	0,144
Anzahl mit 2 Wiederholmessungen	9
Wiederholstandardabweichung (S_r)	0,0352
Variationskoeffizient (VK_r)	1,64%
Vergleichsstandardabweichung (S_R)	0,178
Variationskoeffizient (VK_R)	8,28%
<i>Zielkenndaten:</i>	
Zielstandardabweichung σ_{pt}	0,0765
Untere Grenze des Zielbereichs	1,99
Obere Grenze des Zielbereichs	2,30
Quotient S^*/σ_{pt}	1,88
Standardunsicherheit $U(X_{pt})$	0,0569
Quotient $U(X_{pt})/\sigma_{pt}$	0,74
Ergebnisse im Zielbereich	7
Prozent im Zielbereich	70%

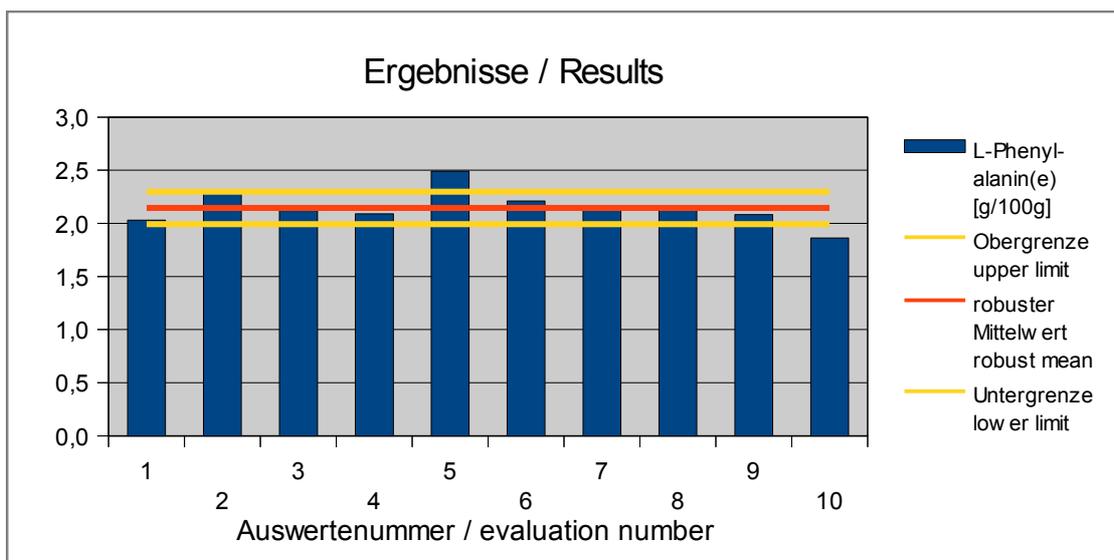


Abb. / Fig. 24: Ergebnisse L-Phenylalanin/ Results L-Phenylalanine

Ergebnisse der Teilnehmer:
Results of Participants:

Auswertenummer	L-Phenylalanin(e) [g/100g]	Abweichung [g/100g]	z-Score (σ_{pt})	Hinweis
Evaluation number	[g/100g]	Deviation [g/100g]		Remark
1	2,03	-0,1147	-1,5	
2	2,31	0,1653	2,2	
3	2,12	-0,0247	-0,3	
4	2,09	-0,0547	-0,7	
5	2,49	0,3453	4,5	
6	2,21	0,0653	0,9	
7	2,15	0,0099	0,1	
8	2,16	0,0153	0,2	
9	2,08	-0,0617	-0,8	
10	1,86	-0,2827	-3,7	

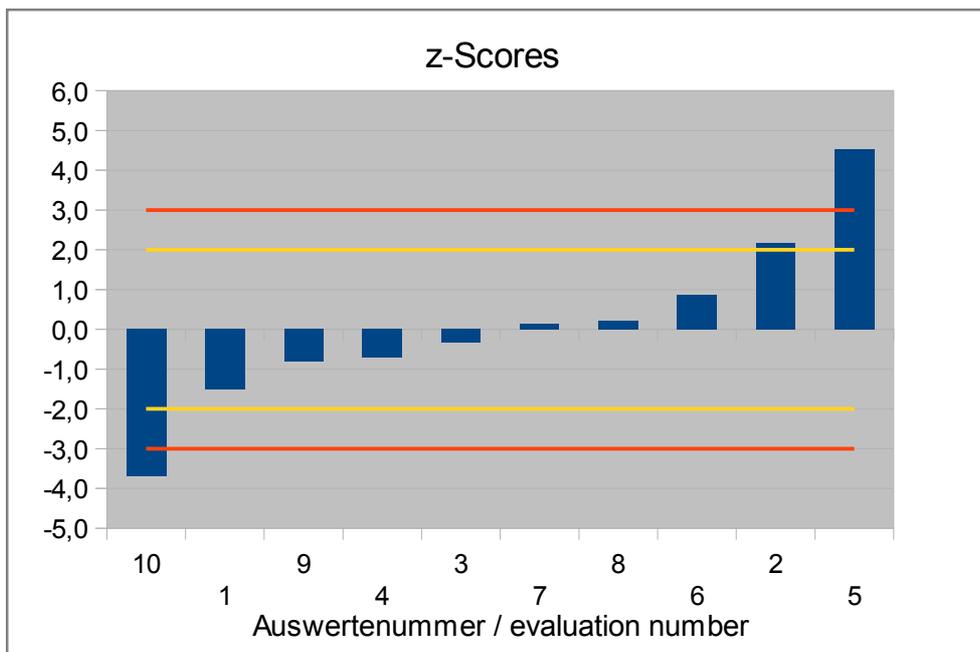


Abb. / Fig. 25: z-Scores L-Phenylalanin / L-Phenylalanine

4.14 L-Prolin/L-Proline in g/100g

Vergleichsuntersuchung / Proficiency Test

Kenndaten	
Anzahl der Messergebnisse	10
Anzahl der Ausreißer	0
Mittelwert	2,40
Median	2,43
Robuster Mittelwert (X_{pt})	2,42
Robuste Standardabweichung (S^*)	0,161
Anzahl mit 2 Wiederholmessungen	9
Wiederholstandardabweichung (S_r)	0,0599
Variationskoeffizient (VK_r)	2,48%
Vergleichsstandardabweichung (S_R)	0,191
Variationskoeffizient (VK_R)	7,91%
Zielkenndaten:	
Zielstandardabweichung σ_{pt}	0,190
Zielstandardabweichung (zur Information)	0,0847
Untere Grenze des Zielbereichs	2,04
Obere Grenze des Zielbereichs	2,80
Quotient S^*/σ_{pt}	0,85
Standardunsicherheit $U(X_{pt})$	0,0637
Quotient $U(X_{pt})/\sigma_{pt}$	0,33
Ergebnisse im Zielbereich	9
Prozent im Zielbereich	90%

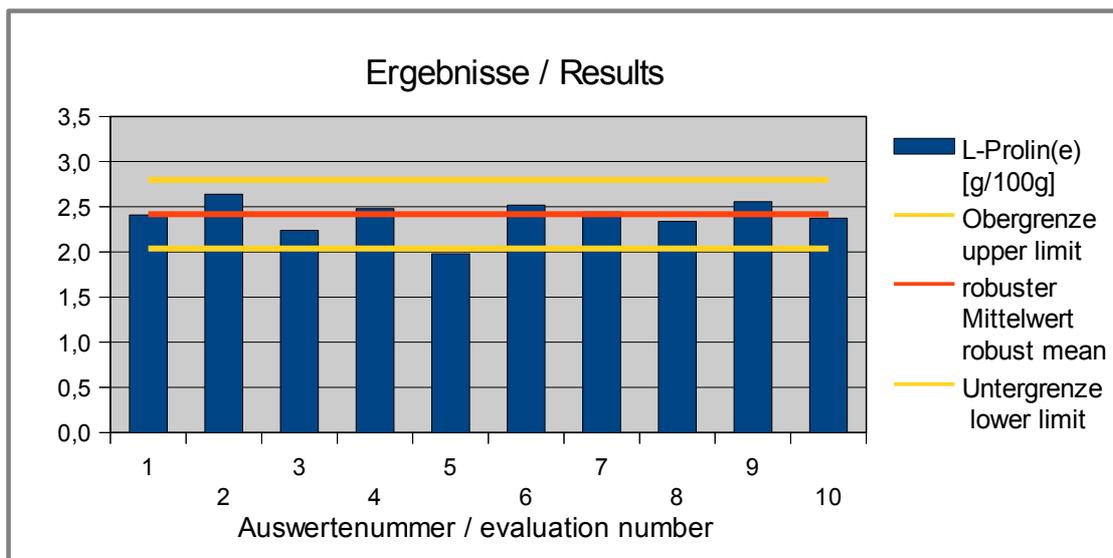


Abb. / Fig. 26: Ergebnisse L-Prolin/ Results L-Proline

Ergebnisse der Teilnehmer:
Results of Participants:

Auswertenummer	L-Prolin / L-Proline [g/100g]	Abweichung [g/100g]	z-Score (σ _{pt})	z-Score (Info)	Hinweis
Evaluation number		Deviation [g/100g]			Remark
1	2,41	-0,0080	0,0	-0,1	
2	2,64	0,2220	1,2	2,6	
3	2,24	-0,1780	-0,9	-2,1	
4	2,48	0,0620	0,3	0,7	
5	1,98	-0,4380	-2,3	-5,2	
6	2,52	0,1020	0,5	1,2	
7	2,44	0,0231	0,1	0,3	
8	2,34	-0,0780	-0,4	-0,9	
9	2,56	0,1400	0,7	1,7	
10	2,38	-0,0430	-0,2	-0,5	

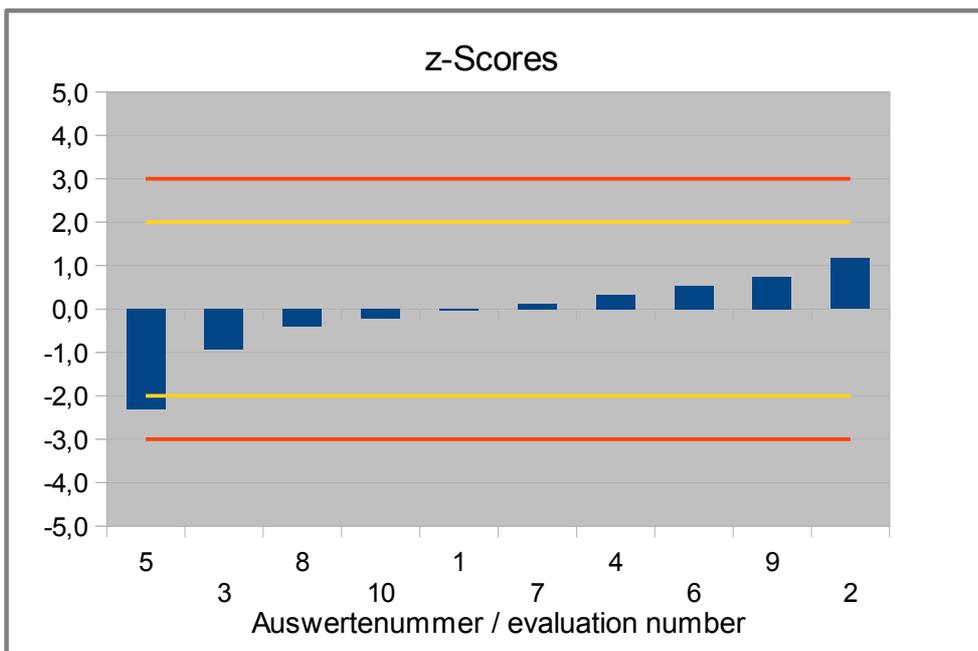


Abb. / Fig. 27: Z-Scores L-Prolin / L-Proline

4.15 L-Serin/L-Serine in g/100g

Vergleichsuntersuchung / Proficiency Test

Kenndaten	
Anzahl der Messergebnisse	10
Anzahl der Ausreißer	0
Mittelwert	2,24
Median	2,21
Robuster Mittelwert (x_{pt})	2,23
Robuste Standardabweichung (S^*)	0,110
Anzahl mit 2 Wiederholmessungen	9
Wiederholstandardabweichung (S_r)	0,0252
Variationskoeffizient (VK_r)	1,13%
Vergleichsstandardabweichung (S_R)	0,115
Variationskoeffizient (VK_R)	5,16%
<i>Zielkenndaten:</i>	
Zielstandardabweichung σ_{pt}	0,0791
Zielstandardabweichung (zur Information)	0,0992
Untere Grenze des Zielbereichs	2,07
Obere Grenze des Zielbereichs	2,39
Quotient S^*/σ_{pt}	1,39
Standardunsicherheit $U(x_{pt})$	0,0436
Quotient $U(x_{pt})/\sigma_{pt}$	0,55
Ergebnisse im Zielbereich	8
Prozent im Zielbereich	80%

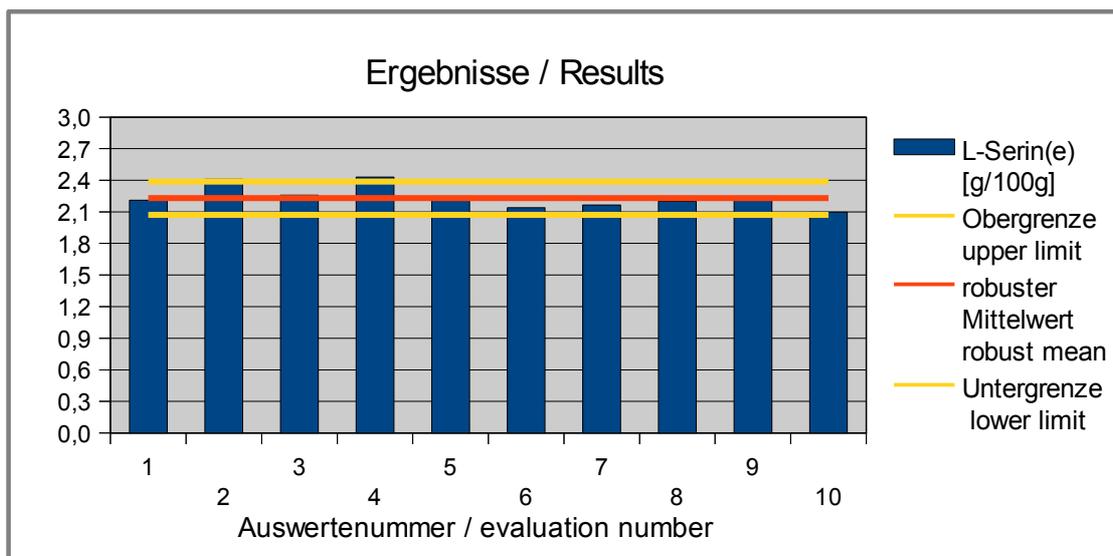


Abb. / Fig. 28: Ergebnisse L-Serin/ Results L-Serine

Ergebnisse der Teilnehmer:
Results of Participants:

Auswertenummer	L-Serin / L-Serine [g/100g]	Abweichung [g/100g]	z-Score (σ _{pt})	z-Score (Info)	Hinweis
Evaluation number		Deviation [g/100g]			Remark
1	2,21	-0,0204	-0,3	-0,2	
2	2,41	0,1796	2,3	1,8	
3	2,26	0,0296	0,4	0,3	
4	2,43	0,1996	2,5	2,0	
5	2,21	-0,0204	-0,3	-0,2	
6	2,14	-0,0904	-1,1	-0,9	
7	2,17	-0,0652	-0,8	-0,7	
8	2,20	-0,0304	-0,4	-0,3	
9	2,24	0,0056	0,1	0,1	
10	2,10	-0,1324	-1,7	-1,3	

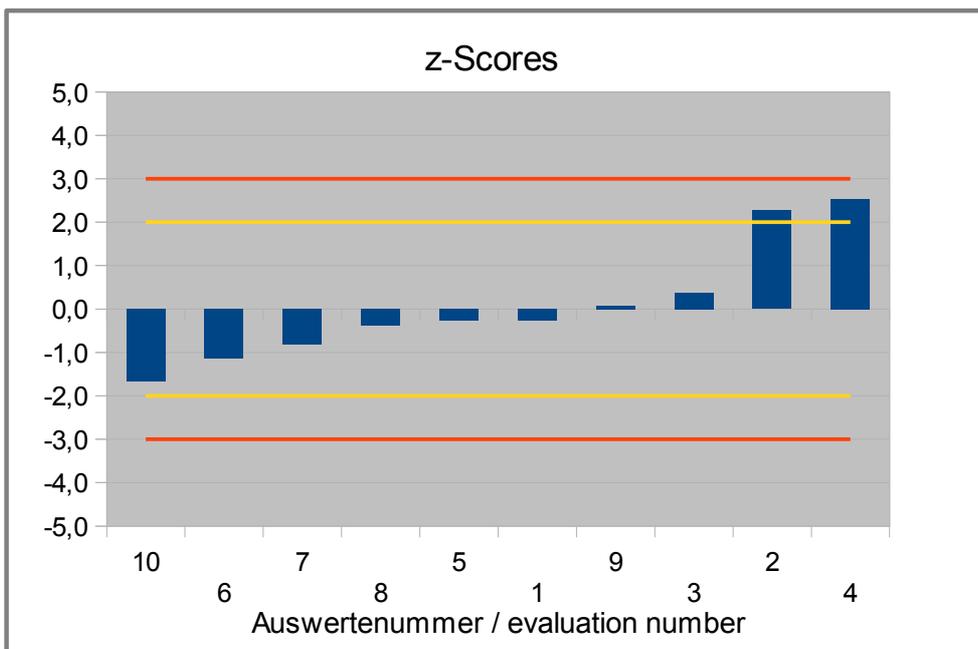


Abb. / Fig. 29: Z-Scores L-Serin/ L-Serine

4.16 L-Threonin/L-Threonine in g/100g

Vergleichsuntersuchung / Proficiency Test

Kenndaten	
Anzahl der Messergebnisse	10
Anzahl der Ausreißer	0
Mittelwert	1,59
Median	1,61
Robuster Mittelwert (x_{pt})	1,60
Robuste Standardabweichung (S^*)	0,0914
Anzahl mit 2 Wiederholmessungen	9
Wiederholstandardabweichung (S_r)	0,0256
Variationskoeffizient (VK_r)	1,61%
Vergleichsstandardabweichung (S_R)	0,106
Variationskoeffizient (VK_R)	6,71%
Zielkenndaten:	
Zielstandardabweichung σ_{pt}	0,0900
Zielstandardabweichung (zur Information)	0,0595
Untere Grenze des Zielbereichs	1,42
Obere Grenze des Zielbereichs	1,78
Quotient S^*/σ_{pt}	1,02
Standardunsicherheit $U(x_{pt})$	0,0361
Quotient $U(x_{pt})/\sigma_{pt}$	0,40
Ergebnisse im Zielbereich	9
Prozent im Zielbereich	90%

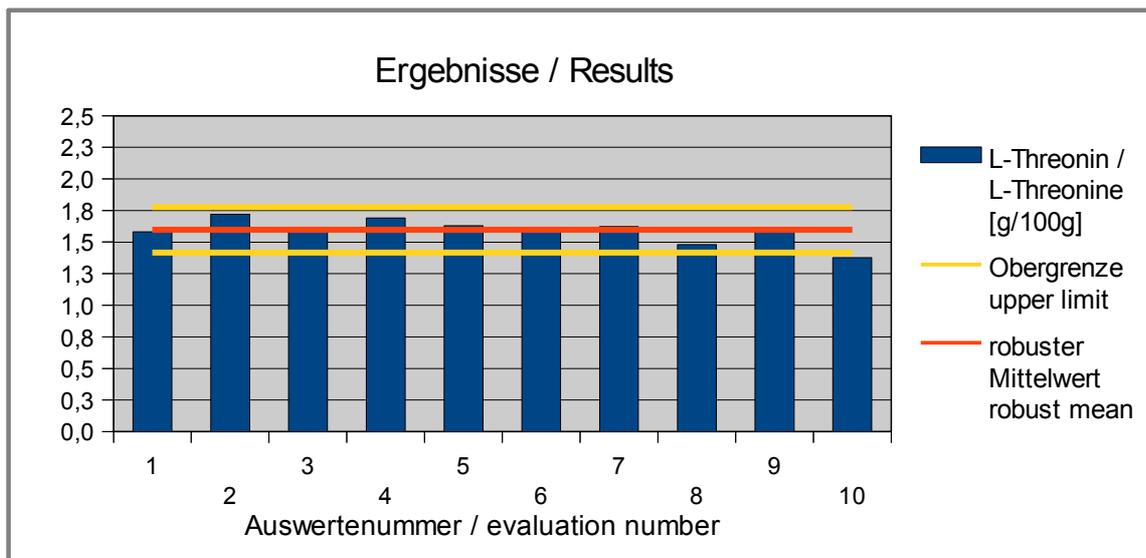


Abb. / Fig. 30: Ergebnisse L-Threonin/ Results L-Threonine

Ergebnisse der Teilnehmer:
Results of Participants:

Auswertenummer	L-Threonin / L-Threonine [g/100g]	Abweichung [g/100g]	z-Score (σ _{pt})	z-Score (Info)	Hinweis
Evaluation number		Deviation [g/100g]		(Info)	Remark
1	1,58	-0,0175	-0,2	-0,3	
2	1,72	0,1225	1,4	2,1	
3	1,61	0,0125	0,1	0,2	
4	1,69	0,0925	1,0	1,6	
5	1,63	0,0325	0,4	0,5	
6	1,60	0,0025	0,0	0,0	
7	1,62	0,0263	0,3	0,4	
8	1,48	-0,1175	-1,3	-2,0	
9	1,58	-0,0175	-0,2	-0,3	
10	1,38	-0,2195	-2,4	-3,7	

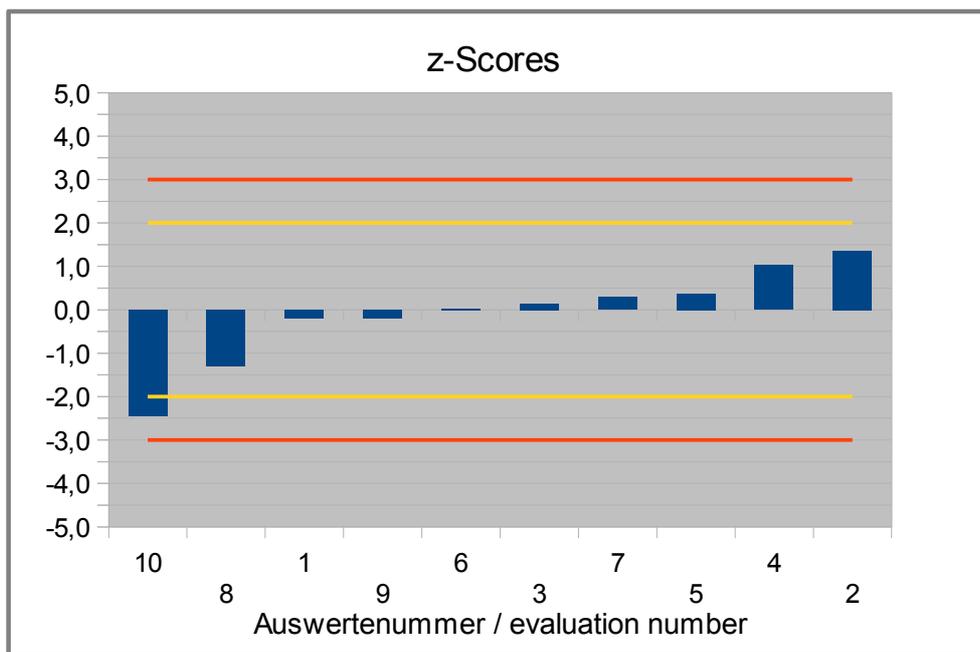


Abb. / Fig. 31: Z-Scores L-Threonin / L-Threonine

4.17 L-Tryptophan in g/100g

Vergleichsuntersuchung / Proficiency Test

Kenndaten	
Anzahl der Messergebnisse	7
Anzahl der Ausreißer	0
Mittelwert	0,570
Median	0,570
Robuster Mittelwert (X_{pt})	0,563
Robuste Standardabweichung (S^*)	0,0590
Anzahl mit 2 Wiederholmessungen	6
Wiederholstandardabweichung (S_r)	0,0315
Variationskoeffizient (VK_r)	5,56%
Vergleichsstandardabweichung (S_R)	0,0764
Variationskoeffizient (VK_R)	13,5%
Zielkenndaten:	
Zielstandardabweichung σ_{pt}	0,0395
Zielstandardabweichung (zur Information)	0,0245
Untere Grenze des Zielbereichs	0,48
Obere Grenze des Zielbereichs	0,64
Quotient S^*/σ_{pt}	1,49
Standardunsicherheit $U(X_{pt})$	0,0279
Quotient $U(X_{pt})/\sigma_{pt}$	0,71
Ergebnisse im Zielbereich	6
Prozent im Zielbereich	86%

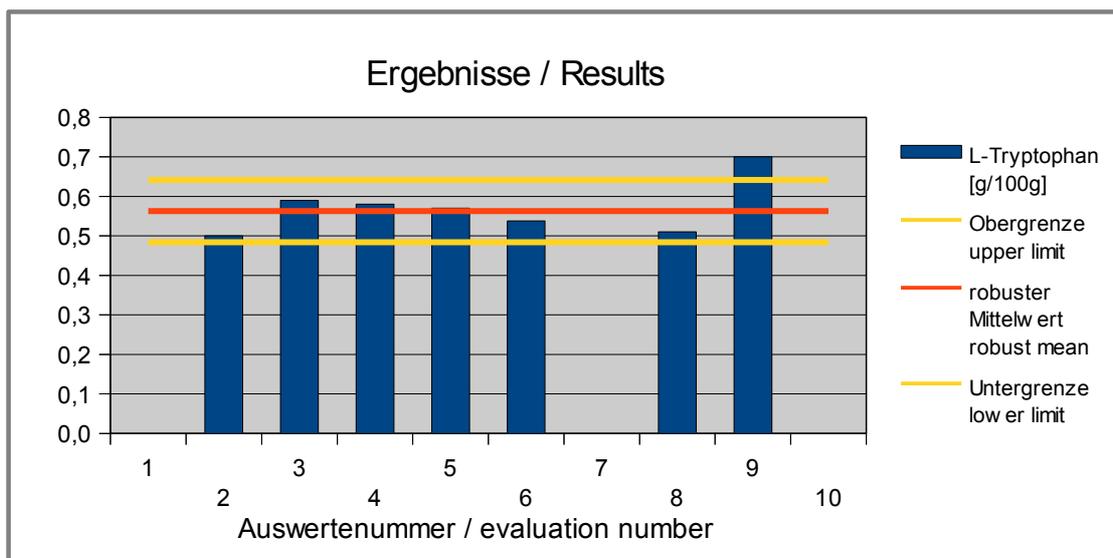


Abb. / Fig. 32: Ergebnisse L-Tryptophan / Results L-Tryptophan

Ergebnisse der Teilnehmer:
Results of Participants:

Auswertenummer	L-Tryptophan [g/100g]	Abweichung [g/100g]	z-Score (σ _{pt})	z-Score (Info)	Hinweis
Evaluation number		Deviation [g/100g]		(Info)	Remark
1					
2	0,500	-0,0627	-1,6	-2,6	
3	0,590	0,0273	0,7	1,1	
4	0,580	0,0173	0,4	0,7	
5	0,570	0,0073	0,2	0,3	
6	0,538	-0,0247	-0,6	-1,0	
7					
8	0,510	-0,0527	-1,3	-2,1	
9	0,700	0,1373	3,5	5,6	
10					

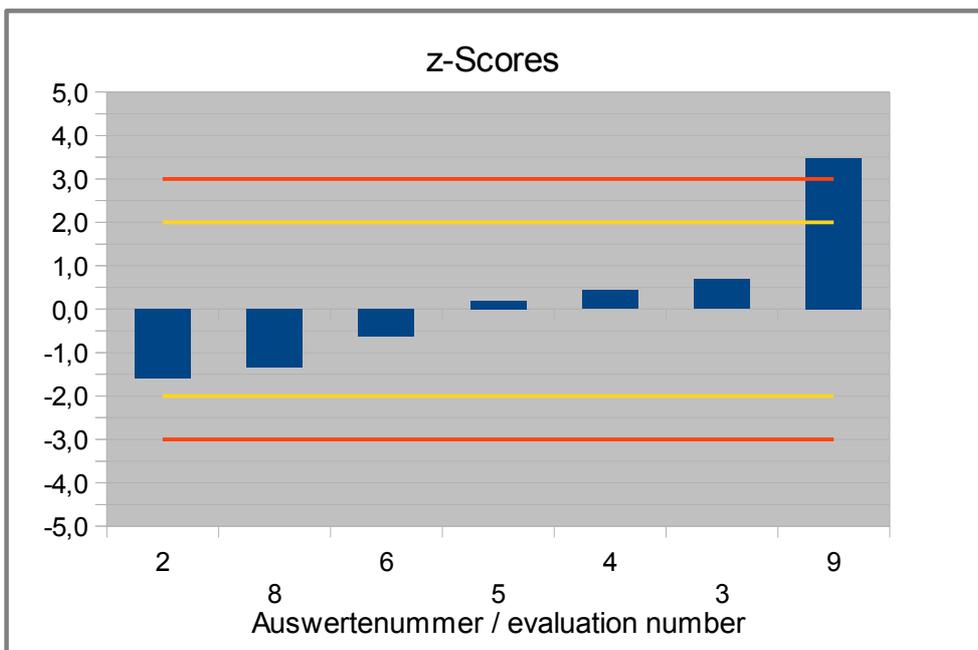


Abb. / Fig. 33: z-Scores L-Tryptophan

4.18 L-Tyrosin/L-Tyrosine in g/100g

Vergleichsuntersuchung / Proficiency Test

Kenndaten	
Anzahl der Messergebnisse	9
Anzahl der Ausreißer	0
Mittelwert	1,55
Median	1,61
Robuster Mittelwert (X_{pt})	1,56
Robuste Standardabweichung (S^*)	0,166
Anzahl mit 2 Wiederholmessungen	8
Wiederholstandardabweichung (S_r)	0,0254
Variationskoeffizient (VK_r)	1,66%
Vergleichsstandardabweichung (S_R)	0,154
Variationskoeffizient (VK_R)	10,0%
Zielkenndaten:	
Zielstandardabweichung σ_{pt}	0,103
Zielstandardabweichung (zur Information)	0,0583
Untere Grenze des Zielbereichs	1,35
Obere Grenze des Zielbereichs	1,77
Quotient S^*/σ_{pt}	1,61
Standardunsicherheit $U(X_{pt})$	0,0693
Quotient $U(X_{pt})/\sigma_{pt}$	0,67
Ergebnisse im Zielbereich	8
Prozent im Zielbereich	89%

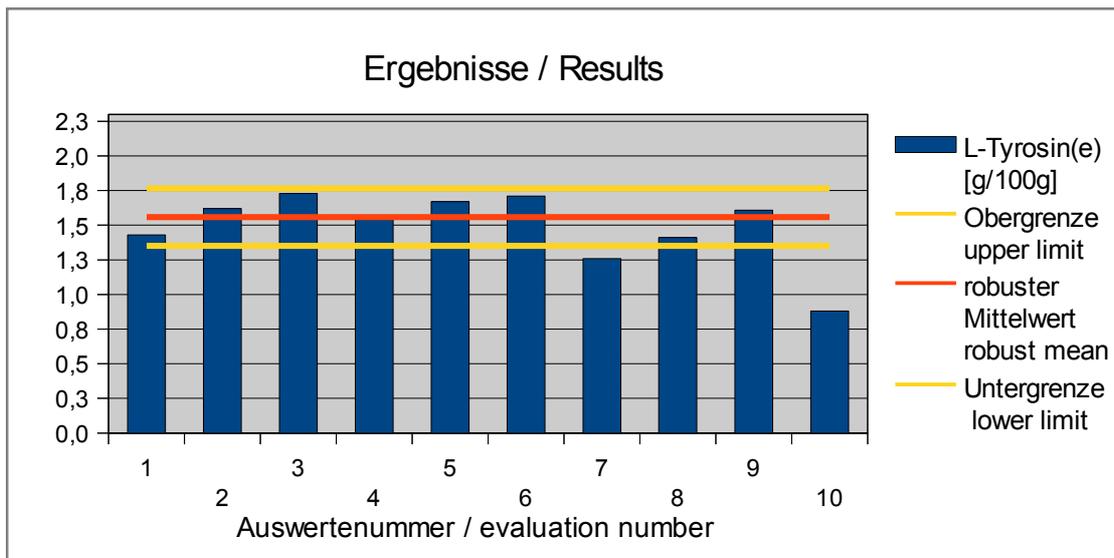


Abb. / Fig. 34: Ergebnisse L-Tyrosin/ Results L-Tyrosine

Ergebnisse der Teilnehmer:
Results of Participants:

Auswertenummer	L-Tyrosin / L-Tyrosine [g/100g]	Abweichung [g/100g]	z-Score (σ_{pt})	z-Score (Info)	Hinweis
Evaluation number		Deviation [g/100g]			Remark
1	1,43	-0,1287	-1,2	-2,2	
2	1,62	0,0613	0,6	1,1	
3	1,73	0,1713	1,7	2,9	
4	1,54	-0,0187	-0,2	-0,3	
5	1,67	0,1113	1,1	1,9	
6	1,71	0,1513	1,5	2,6	
7	1,26	-0,3001	-2,9	-5,1	
8	1,41	-0,1487	-1,4	-2,5	
9	1,61	0,0503	0,5	0,9	
10	0,88	-0,6400			Ausreisser ausgeschlossen* / Outlier excluded*

* Einfluss auf robuste Statistik / * influence on robust statistics

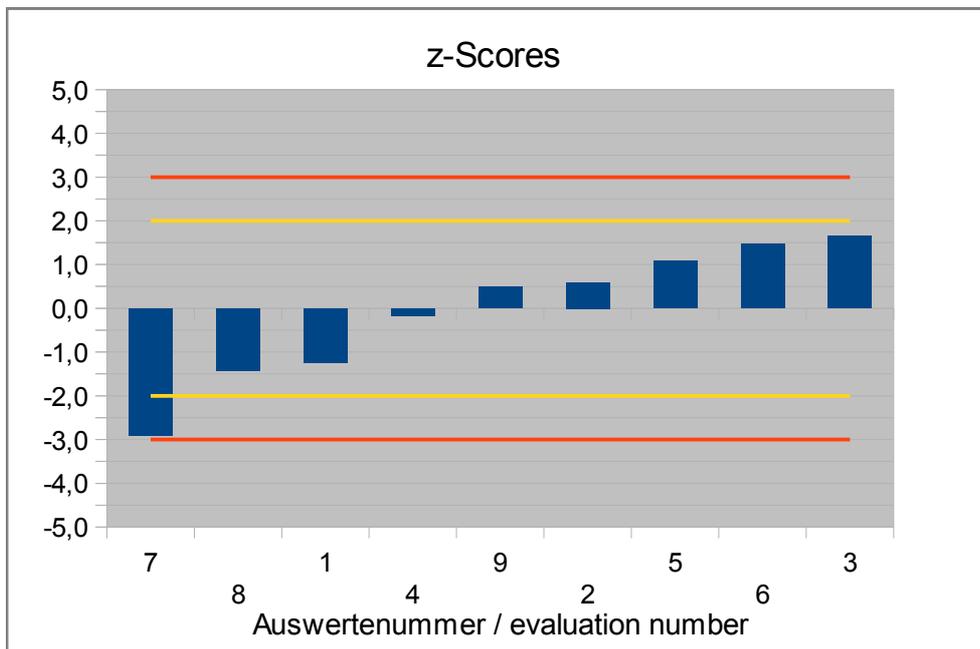


Abb. / Fig. 35: Z-Scores L-Tyrosin/ L-Tyrosine

4.19 L-Valin/L-Valine in g/100g

Vergleichsuntersuchung / Proficiency Test

Kenndaten	
Anzahl der Messergebnisse	10
Anzahl der Ausreißer	0
Mittelwert	2,06
Median	2,09
Robuster Mittelwert (x_{pt})	2,06
Robuste Standardabweichung (S^*)	0,197
Anzahl mit 2 Wiederholmessungen	9
Wiederholstandardabweichung (S_r)	0,134
Variationskoeffizient (VK_r)	6,71%
Vergleichsstandardabweichung (S_R)	0,164
Variationskoeffizient (VK_R)	8,21%
<i>Zielkenndaten:</i>	
Zielstandardabweichung σ_{pt}	0,121
Zielstandardabweichung (zur Information)	0,0738
Untere Grenze des Zielbereichs	1,82
Obere Grenze des Zielbereichs	2,30
Quotient S^*/σ_{pt}	1,63
Standardunsicherheit $U(x_{pt})$	0,0779
Quotient $U(x_{pt})/\sigma_{pt}$	0,64
Ergebnisse im Zielbereich	9
Prozent im Zielbereich	90%

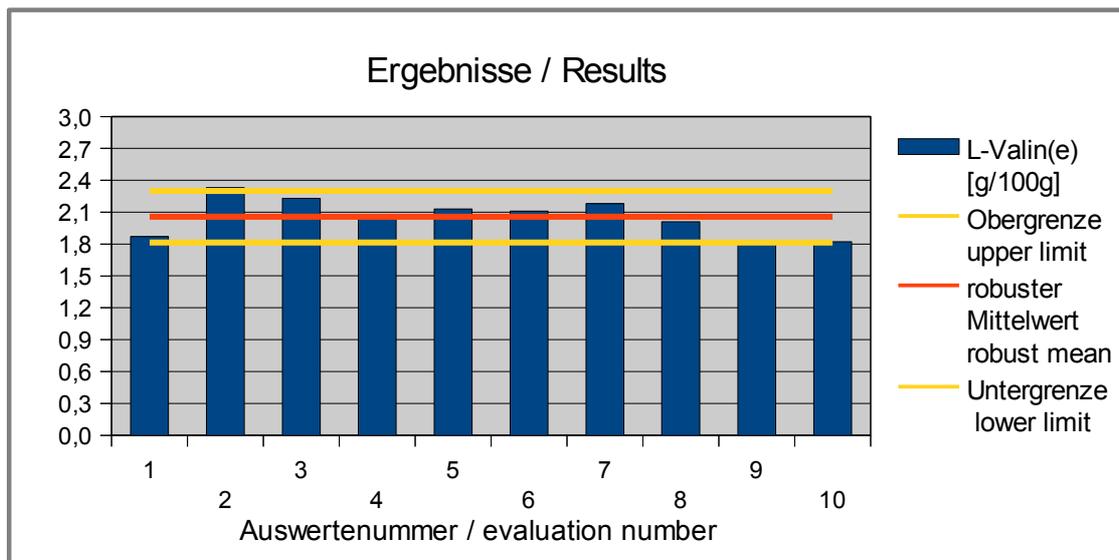


Abb. / Fig. 36: Ergebnisse L-Valin/ Results L-Valine

Ergebnisse der Teilnehmer:
Results of Participants:

Auswertenummer	L-Valin / L-Valine [g/100g]	Abweichung [g/100g]	z-Score (σ _{pt})	z-Score (Info)	Hinweis
Evaluation number		Deviation [g/100g]			Remark
1	1,87	-0,1872	-1,5	-2,5	
2	2,33	0,2728	2,3	3,7	
3	2,23	0,1728	1,4	2,3	
4	2,06	0,0028	0,0	0,0	
5	2,13	0,0728	0,6	1,0	
6	2,11	0,0528	0,4	0,7	
7	2,18	0,1232	1,0	1,7	
8	2,01	-0,0472	-0,4	-0,6	
9	1,83	-0,2282	-1,9	-3,1	
10	1,82	-0,2342	-1,9	-3,2	

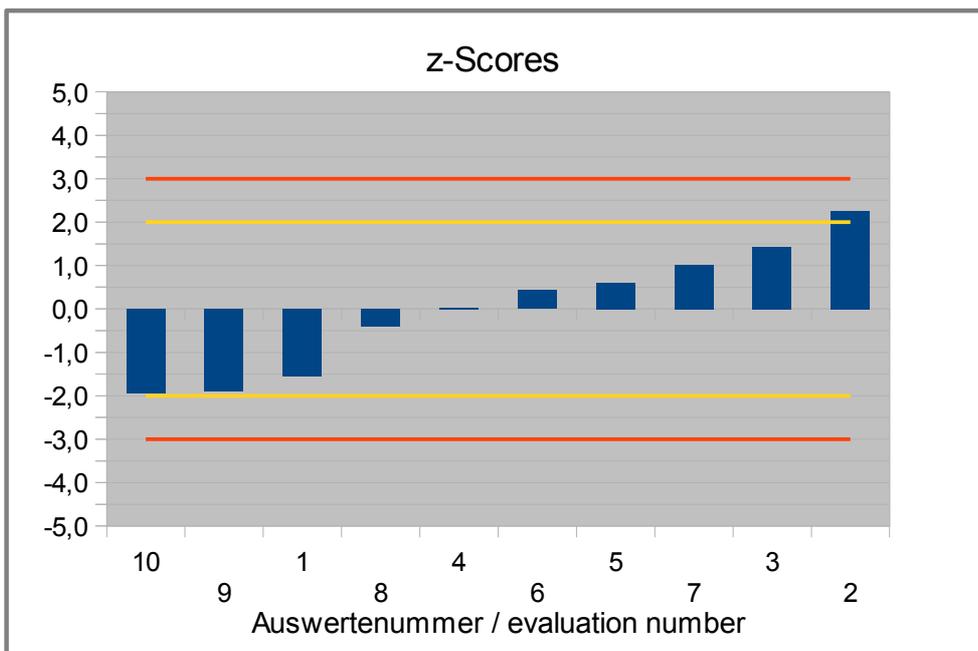


Abb. / Fig. 37: z-Scores L-Valin/ L-Valine

5. Dokumentation

5.1 Angaben der Teilnehmer

5.1.1 Primärdaten

Parameter	Teilnehmer	Einheit	Proben-Nr.1	Proben-Nr.2	Datum d. Analyse	Ergebnis (Mittel)	Ergebnis 1	Ergebnis 2	inkl. WF	Wiederfindungsrate [%]	WF mit gleicher Matrix bestimmt
Analyte	Participant	Unit	Sample No.1	Sample No.2	Date of analysis	Result (Mean)	Result 1	Result 2	incl. RR	Recovery rate [%]	RR determined with identic matrix
L-Alanin(e)	1	g/100g	29	57	26.09.	1,66	1,69	1,63	nein		
	2	g/100g	24	48		1,77	1,76	1,77	nein		
	3	g/100g	5	46		1,82	1,82	1,82	nein		
	4	g/100g	17	59	04.10.16	1,69	1,69	1,68	N/A	N/A	N/A
	5	g/100g	19	31	26.09.2016	1,66	1,64	1,682	nein	x	nein
	6	g/100g	16	54	26. Sep	1,7	1,7	1,7	nein		
	7	g/100g	8	43	Okt 16	1,728	1,741	1,715	nein		
	8	g/100g	2	34	19.10.2016	1,63	1,657	1,600	nein		
	9	g/100g	10	36	07. Okt	1,687	1,712	1,662	nein		
	10	g/100g	25	60	20.09.	1,659	1,674	1,644	nein		
L-Arginin(e)	1	g/100g	29	57	26.09.	2,67	2,71	2,63	nein		
	2	g/100g	24	48		3,02	3,00	3,04	nein		
	3	g/100g	5	46		2,88	2,88	2,88	nein		
	4	g/100g	17	59	04.10.16	2,79	2,79	2,78	N/A	N/A	N/A
	5	g/100g	19	31	26.09.2016	2,60	2,577	2,633	nein	x	nein
	6	g/100g	16	54	26. Sep	2,87	2,93	2,8	nein		
	7	g/100g	8	43	Okt 16	2,710	2,725	2,696	nein		
	8	g/100g	2	34	19.10.2016	2,48	2,444	2,522	nein		
	9	g/100g	10	36	07. Okt	2,818	2,846	2,789	nein		
	10	g/100g	25	60	20.09.	2,349	2,311	2,387	nein		
L-Asparaginsäure L-Aspartic acid	1	g/100g	29	57	26.09.	4,50	4,64	4,35	nein		
	2	g/100g	24	48		4,83	4,80	4,86	nein		
	3	g/100g	5	46		4,59	4,59	4,59	nein		
	4	g/100g	17	59	04.10.16	4,48	4,49	4,47	N/A	N/A	N/A
	5	g/100g	19	31	26.09.2016	3,92	3,876	3,961	nein	x	nein
	6	g/100g	16	54	26. Sep	4,53	4,54	4,51	nein		
	7	g/100g	8	43	Okt 16	4,664	4,708	4,620	nein		
	8	g/100g	2	34	19.10.2016	4,47	4,444	4,490	nein		
	9	g/100g	10	36	07. Okt	4,586	4,665	4,507	nein		
	10	g/100g	25	60	20.09.	3,547	3,581	3,513	nein		
L-Cystein(e)	1	g/100g	29	57							
	2	g/100g	24	48							
	3	g/100g	5	46							
	4	g/100g	17	59	04.10.16	N/A	N/A	N/A	N/A	N/A	N/A
	5	g/100g	19	31	x	x	x	x	x	x	x
	6	g/100g	16	54							
	7	g/100g	8	43	Okt 16				nein		
	8	g/100g	2	34	19.10.2016	0,52	0,539	0,499	nein		
	9	g/100g	10	36	07. Okt	0,443	0,462	0,424	nein		
	10	g/100g	25	60							

Parameter	Teilnehmer	Einheit	Proben-Nr.1	Proben-Nr.2	Datum d. Analyse	Ergebnis (Mittel)	Ergebnis 1	Ergebnis 2	inkl. WF	Wiederfindungsrate [%]	WF mit gleicher Matrix bestimmt
Analyte	Participant	Unit	Sample No.1	Sample No.2	Date of analysis	Result (Mean)	Result 1	Result 2	incl. RR	Recovery rate [%]	RR determined with identic matrix
L-Cystin	1	g/100g	29	57	04.10.	0,41	0,40	0,41	nein		
L-Cystin	2	g/100g	24	48		0,71	0,70	0,72	nein		
L-Cystin	3	g/100g	5	46		0,52	0,52	0,52	nein		
L-Cystin	4	g/100g	17	59	04.10.16	0,46	0,46	0,45	N/A	N/A	N/A
L-Cystin	5	g/100g	19	31	26.09.2016	0,46	0,452	0,475	nein	x	nein
L-Cystin	6	g/100g	16	54	17. Okt	0,485	0,483	0,486	nein		
L-Cystin	7	g/100g	8	43	Okt 16				nein		
L-Cystin	8	g/100g	2	34	19.10.2016						
L-Cystin	9	g/100g	10	36	07. Okt	0,590	0,604	0,576	nein		
L-Cystin	10	g/100g	25	60	20.09.	0,260	0,27	0,25	nein		
L-Glutaminsäure	1	g/100g	29	57	26.09.	8,09	8,33	7,84	nein		
L-Glutaminsäure	2	g/100g	24	48		9,02	9,08	9,10	nein		
L-Glutaminsäure	3	g/100g	5	46		8,67	8,67	8,67	nein		
L-Glutaminsäure	4	g/100g	17	59	04.10.16	7,98	8	7,95	N/A	N/A	N/A
L-Glutaminsäure	5	g/100g	19	31	26.09.2016	7,69	7,653	7,733	nein	x	nein
L-Glutaminsäure	6	g/100g	16	54	26. Sep	8,18	8,19	8,16	nein		
L-Glutaminsäure	7	g/100g	8	43	Okt 16	8,768	8,807	8,728	nein		
L-Glutaminsäure	8	g/100g	2	34	19.10.2016	8,62	8,598	8,637	nein		
L-Glutaminsäure	9	g/100g	10	36	07. Okt	8,061	8,191	7,930	nein		
L-Glutaminsäure	10	g/100g	25	60	20.09.	7,859	7,942	7,775	nein		
Glycin	1	g/100g	29	57	26.09.	1,49	1,51	1,46	nein		
Glycin	2	g/100g	24	48		1,66	1,65	1,66	nein		
Glycin	3	g/100g	5	46		1,60	1,6	1,6	nein		
Glycin	4	g/100g	17	59	04.10.16	1,57	1,57	1,56	N/A	N/A	N/A
Glycin	5	g/100g	19	31	26.09.2016	1,57	1,568	1,579	nein	x	nein
Glycin	6	g/100g	16	54	26. Sep	1,56	1,57	1,55	nein		
Glycin	7	g/100g	8	43	Okt 16	1,573	1,585	1,560	nein		
Glycin	8	g/100g	2	34	19.10.2016	1,40	1,405	1,391	nein		
Glycin	9	g/100g	10	36	07. Okt	1,544	1,565	1,522	nein		
Glycin	10	g/100g	25	60	20.09.	1,407	1,429	1,384	nein		
L-Histidin	1	g/100g	29	57	26.09.	1,01	1,03	0,98	nein		
L-Histidin	2	g/100g	24	48		1,21	1,20	1,21	nein		
L-Histidin	4	g/100g	17	59	04.10.16	1,03	1,03	1,02	N/A	N/A	N/A
L-Histidin	3	g/100g	5	46		1,22	1,22	1,22	nein		
L-Histidin	5	g/100g	19	31	26.09.2016	1,19	1,176	1,206	nein	x	nein
L-Histidin	6	g/100g	16	54	26. Sep	1,08	1,09	1,07	nein		
L-Histidin	7	g/100g	8	43	Okt 16	1,057	1,071	1,042	nein		
L-Histidin	8	g/100g	2	34	19.10.2016	1,04	1,028	1,041	nein		
L-Histidin	9	g/100g	10	36	07. Okt	1,110	1,141	1,080	nein		
L-Histidin	10	g/100g	25	60	20.09.	1,029	1,03	1,027	nein		

Parameter	Teilnehmer	Einheit	Proben-Nr.1	Proben-Nr.2	Datum d. Analyse	Ergebnis (Mittel)	Ergebnis 1	Ergebnis 2	inkl. WF	Wiederfindungsrate [%]	WF mit gleicher Matrix bestimmt
Analyte	Participant	Unit	Sample No.1	Sample No.2	Date of analysis	Result (Mean)	Result 1	Result 2	incl. RR	Recovery rate [%]	RR determined with identic matrix
L-Isoleucin	1	g/100g	29	57	26.09.	1,79	1,83	1,75	nein		
L-Isoleucin	2	g/100g	24	48		2,08	2,07	2,08	nein		
L-Isoleucin	3	g/100g	5	46		1,96	1,96	1,96	nein		
L-Isoleucin	4	g/100g	17	59	04.10.16	1,97	1,98	1,96	N/A	N/A	N/A
L-Isoleucin	5	g/100g	19	31	26.09.2016	2,11	2,099	2,113	nein	x	nein
L-Isoleucin	6	g/100g	16	54	26. Sep	2,09	2,11	2,06	nein		
L-Isoleucin	7	g/100g	8	43	Okt 16	2,044	2,073	2,014	nein		
L-Isoleucin	8	g/100g	2	34	19.10.2016	1,93	1,938	1,916	nein		
L-Isoleucin	9	g/100g	10	36	07. Okt	1,747	1,766	1,727	nein		
L-Isoleucin	10	g/100g	25	60	20.09.	1,361	1,405	1,317	nein		
L-Leucin	1	g/100g	29	57	26.09.	3,30	3,35	3,24	nein		
L-Leucin	2	g/100g	24	48		3,72	3,69	3,70	nein		
L-Leucin	3	g/100g	5	46		3,63	3,63	3,63	nein		
L-Leucin	4	g/100g	17	59	04.10.16	3,35	3,36	3,33	N/A	N/A	N/A
L-Leucin	5	g/100g	19	31	26.09.2016	3,81	3,778	3,832	nein	x	nein
L-Leucin	6	g/100g	16	54	26. Sep	3,5	3,53	3,47	nein		
L-Leucin	7	g/100g	8	43	Okt 16	3,433	3,474	3,393	nein		
L-Leucin	8	g/100g	2	34	19.10.2016	3,39	3,431	3,339	nein		
L-Leucin	9	g/100g	10	36	07. Okt	3,307	3,353	3,261	nein		
L-Leucin	10	g/100g	25	60	20.09.	3,032	3,08	2,984	nein		
L-Lysin	1	g/100g	29	57	26.09.	2,59	2,63	2,54	nein		
L-Lysin	2	g/100g	24	48		2,86	2,85	2,87	nein		
L-Lysin	3	g/100g	5	46		2,81	2,81	2,81	nein		
L-Lysin	4	g/100g	17	59	04.10.16	2,89	2,9	2,88	N/A	N/A	N/A
L-Lysin	5	g/100g	19	31	26.09.2016	2,76	2,699	2,813	nein	x	nein
L-Lysin	6	g/100g	16	54	26. Sep	2,84	2,82	2,85	nein		
L-Lysin	7	g/100g	8	43	Okt 16	2,704	2,733	2,676	nein		
L-Lysin	8	g/100g	2	34	19.10.2016	2,55	2,564	2,532	nein		
L-Lysin	9	g/100g	10	36	07. Okt	2,608	2,656	2,559	nein		
L-Lysin	10	g/100g	25	60	20.09.	2,458	2,481	2,435	nein		
L-Methionin	1	g/100g	29	57	26.09.	0,59	0,60	0,58	nein		
L-Methionin	2	g/100g	24	48		0,60	0,60	0,59	nein		
L-Methionin	3	g/100g	5	46		0,65	0,65	0,65	nein		
L-Methionin	4	g/100g	17	59	04.10.16	0,58	0,57	0,58	N/A	N/A	N/A
L-Methionin	5	g/100g	19	31	26.09.2016	0,56	0,549	0,569	nein	x	nein
L-Methionin	6	g/100g	16	54	17. Okt	0,648	0,629	0,667	nein		
L-Methionin	7	g/100g	8	43	Okt 16	0,524	0,527	0,521	nein		
L-Methionin	8	g/100g	2	34	19.10.2016	0,41	0,412	0,400	nein		
L-Methionin	9	g/100g	10	36	07. Okt	0,559	0,566	0,551	nein		
L-Methionin	10	g/100g	25	60	20.09.	0,528	0,563	0,492	nein		

Parameter	Teilnehmer	Einheit	Proben-Nr.1	Proben-Nr.2	Datum d. Analyse	Ergebnis (Mittel)	Ergebnis 1	Ergebnis 2	inkl. WF	Wiederfindungsrate [%]	WF mit gleicher Matrix bestimmt
Analyte	Participant	Unit	Sample No.1	Sample No.2	Date of analysis	Result (Mean)	Result 1	Result 2	incl. RR	Recovery rate [%]	RR determined with identic matrix
L-Phenylalanin	1	g/100g	29	57	26.09.	2,03	2,07	1,98	nein		
L-Phenylalanin	2	g/100g	24	48		2,31	2,29	2,32	nein		
L-Phenylalanin	3	g/100g	5	46		2,12	2,12	2,12	nein		
L-Phenylalanin	4	g/100g	17	59	04.10.16	2,09	2,09	2,08	N/A	N/A	N/A
L-Phenylalanin	5	g/100g	19	31	26.09.2016	2,49	2,462	2,513	nein	x	nein
L-Phenylalanin	6	g/100g	16	54	26. Sep	2,21	2,22	2,2	nein		
L-Phenylalanin	7	g/100g	8	43	Okt 16	2,155	2,182	2,127	nein		
L-Phenylalanin	8	g/100g	2	34	19.10.2016	2,16	2,159	2,160	nein		
L-Phenylalanin	9	g/100g	10	36	07. Okt	2,083	2,107	2,059	nein		
L-Phenylalanin	10	g/100g	25	60	20.09.	1,862	1,897	1,827	nein		
L-Prolin	1	g/100g	29	57	26.09.	2,41	2,46	2,36	nein		
L-Prolin	2	g/100g	24	48		2,64	2,60	2,67	nein		
L-Prolin	3	g/100g	5	46		2,24	2,24	2,24	nein		
L-Prolin	4	g/100g	17	59	04.10.16	2,48	2,45	2,51	N/A	N/A	N/A
L-Prolin	5	g/100g	19	31	26.09.2016	1,98	2,002	1,965	nein	x	nein
L-Prolin	6	g/100g	16	54	26. Sep	2,52	2,52	2,51	nein		
L-Prolin	7	g/100g	8	43	Okt 16	2,441	2,474	2,408	nein		
L-Prolin	8	g/100g	2	34	19.10.2016	2,34	2,389	2,289	nein		
L-Prolin	9	g/100g	10	36	07. Okt	2,558	2,516	2,599	nein		
L-Prolin	10	g/100g	25	60	20.09.	2,375	2,298	2,451	nein		
L-Serin	1	g/100g	29	57	26.09.	2,21	2,22	2,20	nein		
L-Serin	2	g/100g	24	48		2,41	2,39	2,43	nein		
L-Serin	3	g/100g	5	46		2,26	2,26	2,26	nein		
L-Serin	4	g/100g	17	59	04.10.16	2,43	2,44	2,42	N/A	N/A	N/A
L-Serin	5	g/100g	19	31	26.09.2016	2,21	2,199	2,215	nein	x	nein
L-Serin	6	g/100g	16	54	26. Sep	2,14	2,13	2,15	nein		
L-Serin	7	g/100g	8	43	Okt 16	2,165	2,175	2,155	nein		
L-Serin	8	g/100g	2	34	19.10.2016	2,20	2,197	2,209	nein		
L-Serin	9	g/100g	10	36	07. Okt	2,236	2,279	2,194	nein		
L-Serin	10	g/100g	25	60	20.09.	2,098	2,11	2,086	nein		
L-Threonin	1	g/100g	29	57	26.09.	1,58	1,61	1,55	nein		
L-Threonin	2	g/100g	24	48		1,72	1,71	1,73	nein		
L-Threonin	3	g/100g	5	46		1,61	1,61	1,61	nein		
L-Threonin	4	g/100g	17	59	04.10.16	1,69	1,7	1,68	N/A	N/A	N/A
L-Threonin	5	g/100g	19	31	26.09.2016	1,63	1,616	1,649	nein	x	nein
L-Threonin	6	g/100g	16	54	26. Sep	1,6	1,59	1,6	nein		
L-Threonin	7	g/100g	8	43	Okt 16	1,624	1,633	1,615	nein		
L-Threonin	8	g/100g	2	34	19.10.2016	1,48	1,475	1,477	nein		
L-Threonin	9	g/100g	10	36	07. Okt	1,580	1,618	1,542	nein		
L-Threonin	10	g/100g	25	60	20.09.	1,378	1,381	1,374	nein		

Parameter	Teilnehmer	Einheit	Proben-Nr.1	Proben-Nr.2	Datum d. Analyse	Ergebnis (Mittel)	Ergebnis 1	Ergebnis 2	inkl. WF	Wiederfindungsrate [%]	WF mit gleicher Matrix bestimmt
Analyte	Participant	Unit	Sample No.1	Sample No.2	Date of analysis	Result (Mean)	Result 1	Result 2	incl. RR	Recovery rate [%]	RR determined with identic matrix
L-Tryptophan	1	g/100g	29	57							
L-Tryptophan	2	g/100g	24	48		0,5	0,49	0,50	nein		
L-Tryptophan	3	g/100g	5	46		0,59	0,59	0,59	nein		
L-Tryptophan	4	g/100g	17	59	04.10.16	0,58	0,58	0,58	N/A	N/A	N/A
L-Tryptophan	5	g/100g	19	31	29.09.2016	0,57	0,573	0,564	nein	x	nein
L-Tryptophan	6	g/100g	16	54	12. Okt	0,538	0,534	0,541	nein		
L-Tryptophan	7	g/100g	8	43	Okt 16				nein		
L-Tryptophan	8	g/100g	2	34	19.10.2016	0,51	0,513	0,515	nein		
L-Tryptophan	9	g/100g	10	36	07. Okt	0,700	0,754	0,646	nein		
L-Tryptophan	10	g/100g	25	60							
L-Tyrosin	1	g/100g	29	57	26.09.	1,43	1,46	1,39	nein		
L-Tyrosin	2	g/100g	24	48		1,62	1,60	1,63	nein		
L-Tyrosin	3	g/100g	5	46		1,73	1,73	1,73	nein		
L-Tyrosin	4	g/100g	17	59	04.10.16	1,54	1,54	1,53	N/A	N/A	N/A
L-Tyrosin	5	g/100g	19	31	26.09.2016	1,67	1,649	1,697	nein	x	nein
L-Tyrosin	6	g/100g	16	54	26. Sep	1,71	1,71	1,7	nein		
L-Tyrosin	7	g/100g	8	43	Okt 16	1,259	1,247	1,271	nein		
L-Tyrosin	8	g/100g	2	34	19.10.2016	1,41	1,420	1,406	nein		
L-Tyrosin	9	g/100g	10	36	07. Okt	1,609	1,626	1,591	nein		
L-Tyrosin	10	g/100g	25	60	20.09.	0,880	0,829	0,93	nein		
L-Valin	1	g/100g	29	57	26.09.	1,87	1,90	1,83	nein		
L-Valin	2	g/100g	24	48		2,33	2,32	1,76	nein		
L-Valin	3	g/100g	5	46		2,23	2,23	2,23	nein		
L-Valin	4	g/100g	17	59	04.10.16	2,06	2,07	2,05	N/A	N/A	N/A
L-Valin	5	g/100g	19	31	26.09.2016	2,13	2,122	2,136	nein	x	nein
L-Valin	6	g/100g	16	54	26. Sep	2,11	2,13	2,08	nein		
L-Valin	7	g/100g	8	43	Okt 16	2,180	2,196	2,165	nein		
L-Valin	8	g/100g	2	34	19.10.2016	2,01	2,011	1,998	nein		
L-Valin	9	g/100g	10	36	07. Okt	1,829	1,856	1,803	nein		
L-Valin	10	g/100g	25	60	20.09.	1,823	1,82	1,825	nein		

5.1.2 Analytische Methoden

Parameter	Teilnehmer	Methodenbeschreibung	Homogenisierung	Einwaage	Aufschlussmethode	Derivatisierung	Referenzmaterial	Kalibrierverfahren	Methode ist akkreditiert	sonstige Hinweise
Analyte	Participant	Method descripton	Homogenization	Sample weight	Hydrolization	Derivatisation	Reference material	Calibration	Method accredited	Further remarks
L-Alanin	1	Aminosäureanalysator(Nach-säulen-derivatisierung)		ca.100 mg/50 ml ,für Cystin ca.200 mg/50 ml	Hydrolyse mit HCl (c = 6 mol/l)	Ninhydrin-färbung	Standardlösung für Physiologische Flüssigkeiten der Firma Sykam, Asparaginsäure der Firma Fluka	Externer Standard	ja	
L-Alanin	2									
L-Alanin	3	VO (EG) 152/2009 Anhang III F	verrühren	0,25 g	saure Hydrolyse	-		Einpunktkalibrierung mit internen Standard Norleucin	ja	
L-Alanin	4	AMV/206	N/A	0,5g	7h 115°C	ja	Internes Referenzmaterial, Zertifiziertes Referenzmaterial	ja	ja	
L-Alanin	5	§64 LFGB L 49.07-2		0,5g	HCL, 6 mol/l	Ninhydrin	VDLUF-Enq.	Leerwertmethode, externer Standard	ja	Probenmaterial verklumpte stark bei Oxidation, daher sind Verluste bei Cystin und Methionin nicht auszuschließen.
L-Alanin	6	Die Aminosäuren wurden nach saurer Hydrolyse (24 h, 6 N HCl, 110 °C) des Probenmaterials mittels Aminosäureanalysator bestimmt (SOP AS 04).	keine	0,1 g	saure Hydrolyse (24 h, 6 N HCl, 110 °C)	Nachsäulenderivatisierung mit Ninhydrin	Amino Acids Mix Solution, Sigma-Aldrich 79248	Einpunktkalibrierung	ja	
L-Alanin	7	Gesamtaminosäuren nach saurer Hydrolyse mittels Aminosäureanalysator (mit Nachsäulenderivatisierung)	Mörser	500 mg	saure Hydrolyse mit 6 M HCl, 24 h bei 110°C	Ninhydrin	Milcheiweiß	Externer Standard, Einpunkt-Kalibration	ja	
L-Alanin	8	Bestimmung mittels Aminosäureanalysator (nach ASU L 49.07-1 und L49.07-2)		0,5 g	Hydrolyse, Oxidation			extern; 5-Punkt-Eichung	nein	Wert unter L-Cystein entspricht der Summe aus L-Cystein und L-Cystin
L-Alanin	9	VDLUF III 4.11.1	Überkopfschüttler	0,25g	Oxidation/ Hydrolyse	Nachsäulenderivatisierung mit Ninhydrin		linear	ja	
L-Alanin	10	ASU §64 LFGB L49.07-2/ mod.		0,2g		Nachsäulenderivatisierung mit Ninhydrin		Interner Standard	ja	

Parameter	Teilnehmer	Methodenbeschreibung	Homogenisierung	Einwaage	Aufschluss-methode	Derivatisierung	Referenzmaterial	Kalibrierverfahren	Methode ist akkreditiert	sonstige Hinweise
Analyte	Participant	Method descripton	Homogenization	Sample weight	Hydrolization	Derivatisation	Reference material	Calibration	Method accredited	Further remarks
L-Arginin	1	Aminosäureanalysator(Nach-säulen-derivatisierung)								
L-Arginin	2									
L-Arginin	3	VO (EG) 152/2009 Anhang III F								
L-Arginin	4	AMV/206								The above Arginine result should be considered as approximation if the amino acid Taurine is present within this sample
L-Arginin	5	§64 LFGB L 49.07-2								
L-Arginin	6	Die Aminosäuren wurden nach saurer Hydrolyse (24 h, 6 N HCl, 110 °C) des Probenmaterials mittels Aminosäure-analysator bestimmt (SOP AS 04)								
L-Arginin	7	Gesamtaminosäuren nach saurer Hydrolyse mittels Aminosäurenanalysator (mit Nachsäulenderivatisierung)								
L-Arginin	8	Bestimmung mittels Aminosäureanalyser (nach ASU L 49.07-1 und L49.07-2)								
L-Arginin	9	VDL UFA III 4.11.1								
L-Arginin	10	ASU §64 LFGB L49.07-2/ mod.		0,2g		Nachsäulenderivatisierung mit Ninhydrin		Interner Standard	ja	
L-Asparaginsäure	1	Aminosäureanalysator(Nach-säulen-derivatisierung)								
L-Asparaginsäure	2									
L-Asparaginsäure	3	VO (EG) 152/2009 Anhang III F								
L-Asparaginsäure	4	AMV/206								
L-Asparaginsäure	5	§64 LFGB L 49.07-2								
L-Asparaginsäure	6	Die Aminosäuren wurden nach saurer Hydrolyse (24 h, 6 N HCl, 110 °C) des Probenmaterials mittels Aminosäure-analysator bestimmt (SOP AS 04)								Summe Asp + Asn
L-Asparaginsäure	7	Gesamtaminosäuren nach saurer Hydrolyse mittels Aminosäurenanalysator (mit Nachsäulenderivatisierung)								
L-Asparaginsäure	8	Bestimmung mittels Aminosäureanalyser (nach ASU L 49.07-1 und L49.07-2)								
L-Asparaginsäure	9	VDL UFA III 4.11.1								
L-Asparaginsäure	10	ASU §64 LFGB L49.07-2/ mod.		0,2g		Nachsäulenderivatisierung mit Ninhydrin		Interner Standard	ja	

Parameter	Teilnehmer	Methodenbeschreibung	Homogenisierung	Einwaage	Aufschluss-methode	Derivatisierung	Referenzmaterial	Kalibrierverfahren	Methode ist akkreditiert	sonstige Hinweise
Analyte	Participant	Method descripton	Homogenization	Sample weight	Hydrolization	Derivatisation	Reference material	Calibration	Method accredited	Further remarks
L-Cystein	1	Aminosäureanalysator(Nach-säulen-derivatisierung)								
L-Cystein	2									
L-Cystein	3	VO (EG) 152/2009 Anhang III F								
L-Cystein	4	AMV/206								
L-Cystein	5	§64 LFGB L 49.07-2								
L-Cystein	6	Die Aminosäuren wurden nach saurer Hydrolyse (24 h, 6 N HCl, 110 °C) des Probenmaterials mittels Aminosäure-analysator bestimmt (SOP AS 04).								
L-Cystein	7	Gesamtaminosäuren nach saurer Hydrolyse mittels Aminosäureanaly-sator (mit Nachsäulenderivatisierung)								
L-Cystein	8	Bestimmung mittels Aminosäureana-lysatoren (nach ASU L 49.07-1 und L49.07-2)								
L-Cystein	9	VDLUFA III 4.11.1								
L-Cystein	10	ASU §64 LFGB L49.07-2/ mod.		0,2g		Nachsäulenderiva-tisierung mit Ninhy-drin		Interner Standard	ja	
L-Cystin	1	Aminosäureanalysator(Nach-säulen-derivatisierung)								
L-Cystin	2									
L-Cystin	3	VO (EG) 152/2009 Anhang III F								
L-Cystin	4	AMV/206								
L-Cystin	5	§64 LFGB L 49.07-2								
L-Cystin	6	Zur Bestimmung von Cystin und Methionin wurde das Probenmaterial nach einer 15-stündigen Perameisen-säu-rebehandlung 24 Std. mit 6 N HCl bei 110 °C hydrolysiert und anschlie-ßend mit einem Aminosäureanaly-sator bestimmt (SOP AS 05).	keine	0,2 g	nach einer 15-stündigen Per-ameisensäu-rebehandlung 24 Std. mit 6 N HCl bei 110 °C hydro-lysiert	Nachsäulenderiva-tisierung mit Ninhy-drin	Einzelreferenz	Einpunktkalibrierung	ja	Summe Cystein + Cystin
L-Cystin	7	Gesamtaminosäuren nach saurer Hydrolyse mittels Aminosäureanaly-sator (mit Nachsäulenderivatisierung)								
L-Cystin	8	Bestimmung mittels Aminosäureana-lysatoren (nach ASU L 49.07-1 und L49.07-2)								
L-Cystin	9	VDLUFA III 4.11.1								
L-Cystin	10	ASU §64 LFGB L49.07-2/ mod.		0,2g		Nachsäulenderiva-tisierung mit Ninhy-drin		Interner Standard	ja	

Parameter	Teilnehmer	Methodenbeschreibung	Homogenisierung	Einwaage	Aufschlussmethode	Derivatisierung	Referenzmaterial	Kalibrierverfahren	Methode ist akkreditiert	sonstige Hinweise
Analyte	Participant	Method description	Homogenization	Sample weight	Hydrolization	Derivatisation	Reference material	Calibration	Method accredited	Further remarks
L-Glutaminsäure	1	Aminosäureanalysator(Nach-säulen-								
L-Glutaminsäure	2									
L-Glutaminsäure	3	VO (EG) 152/2009 Anhang III F								
L-Glutaminsäure	4	AMV/206								
L-Glutaminsäure	5	§64 LFGB L 49.07-2								
L-Glutaminsäure	6	Die Aminosäuren wurden nach saurer Hydrolyse (24 h, 6 N HCl, 110 °C) des Probenmaterials mittels Aminosäure-analysator bestimmt (SOP AS 04).								Summe Glu + Gln
L-Glutaminsäure	7	Gesamtaminosäuren nach saurer Hydrolyse mittels Aminosäurenanalysator (mit Nachsäulenderivatisierung)								
L-Glutaminsäure	8	Bestimmung mittels Aminosäureanalyzer (nach ASU L 49.07-1 und L49.07-2)								
L-Glutaminsäure	9	VDLUFA III 4.11.1								
L-Glutaminsäure	10	ASU §64 LFGB L49.07-2/ mod.		0,2g		Nachsäulenderivatisierung mit Ninhydrin		Interner Standard	ja	
Glycin	1	Aminosäureanalysator(Nach-säulen-derivatisierung)								
Glycin	2									
Glycin	3	VO (EG) 152/2009 Anhang III F								
Glycin	4	AMV/206								
Glycin	5	§64 LFGB L 49.07-2								
Glycin	6	Die Aminosäuren wurden nach saurer Hydrolyse (24 h, 6 N HCl, 110 °C) des Probenmaterials mittels Aminosäure-analysator bestimmt (SOP AS 04).								
Glycin	7	Gesamtaminosäuren nach saurer Hydrolyse mittels Aminosäurenanalysator (mit Nachsäulenderivatisierung)								
Glycin	8	Bestimmung mittels Aminosäureanalyzer (nach ASU L 49.07-1 und L49.07-2)								
Glycin	9	VDLUFA III 4.11.1								
Glycin	10	ASU §64 LFGB L49.07-2/ mod.		0,2g		Nachsäulenderivatisierung mit Ninhydrin		Interner Standard	ja	

Parameter	Teilnehmer	Methodenbeschreibung	Homogenisierung	Einwaage	Aufschluss-methode	Derivatisierung	Referenzmaterial	Kalibrierverfahren	Methode ist akkreditiert	sonstige Hinweise
Analyte	Participant	Method descripton	Homogenization	Sample weight	Hydrolization	Derivatisation	Reference material	Calibration	Method accredited	Further remarks
L-Histidin	1	Aminosäureanalysator(Nach-säulen-derivatisierung)								
L-Histidin	2									
L-Histidin	3	VO (EG) 152/2009 Anhang III F								
L-Histidin	4	AMV/206								
L-Histidin	5	§64 LFGB L 49.07-2								
L-Histidin	6	Die Aminosäuren wurden nach saurer								
L-Histidin	7	Gesamtaminosäuren nach saurerer Hydrolyse mittels Aminosäurenanalysator (mit Nachsäulenderivatisierung)								
L-Histidin	8	Bestimmung mittels Aminosäurenanalysator (nach ASU L 49.07-1 und L49.07-2)								
L-Histidin	9	VDLUFA III 4.11.1								
L-Histidin	10	ASU §64 LFGB L49.07-2/ mod.		0,2g		Nachsäulenderivatisierung mit Ninhydrin		Interner Standard	ja	
L-Isoleucin	1	Aminosäureanalysator(Nach-säulen-derivatisierung)								
L-Isoleucin	2									
L-Isoleucin	3	VO (EG) 152/2009 Anhang III F								
L-Isoleucin	4	AMV/206								
L-Isoleucin	5	§64 LFGB L 49.07-2								
L-Isoleucin	6	Die Aminosäuren wurden nach saurer Hydrolyse (24 h, 6 N HCl, 110 °C) des Probenmaterials mittels Aminosäurenanalysator bestimmt (SOP AS 04).								
L-Isoleucin	7	Gesamtaminosäuren nach saurerer Hydrolyse mittels Aminosäurenanalysator (mit Nachsäulenderivatisierung)								
L-Isoleucin	8	Bestimmung mittels Aminosäurenanalysator (nach ASU L 49.07-1 und L49.07-2)								
L-Isoleucin	9	VDLUFA III 4.11.1								
L-Isoleucin	10	ASU §64 LFGB L49.07-2/ mod.		0,2g		Nachsäulenderivatisierung mit Ninhydrin		Interner Standard	ja	

Parameter	Teilnehmer	Methodenbeschreibung	Homogenisierung	Einwaage	Aufschluss-methode	Derivatisierung	Referenzmaterial	Kalibrierverfahren	Methode ist akkreditiert	sonstige Hinweise
Analyte	Participant	Method descripton	Homogenization	Sample weight	Hydrolization	Derivatisation	Reference material	Calibration	Method accredited	Further remarks
L-Leucin	1	Aminosäureanalysator(Nach-säulen-derivatisierung)								
L-Leucin	2									
L-Leucin	3	VO (EG) 152/2009 Anhang III F								
L-Leucin	4	AMV/206								
L-Leucin	5	§64 LFGB L 49.07-2								
L-Leucin	6	Die Aminosäuren wurden nach saurer								
L-Leucin	7	Gesamtaminosäuren nach saurerer								
L-Leucin	8	Bestimmung mittels Aminosäureanaly- sator (nach ASU L 49.07-1 und L49.07-2)								
L-Leucin	9	VDLUF A III 4.11.1								
L-Leucin	10	ASU §64 LFGB L49.07-2/ mod.		0,2g		Nachsäulenderiva- tisierung mit Ninhy- drin		Interner Standard	ja	
L-Lysin	1	Aminosäureanalysator(Nach-säulen- derivatisierung)								
L-Lysin	2									
L-Lysin	3	VO (EG) 152/2009 Anhang III F								
L-Lysin	4	AMV/206								
L-Lysin	5	§64 LFGB L 49.07-2								
L-Lysin	6	Die Aminosäuren wurden nach saurer Hydrolyse (24 h, 6 N HCl, 110 °C) des Probenmaterials mittels Aminosäure- analysator bestimmt (SOP AS 04).								
L-Lysin	7	Gesamtaminosäuren nach saurerer Hydrolyse mittels Aminosäureanaly- sator (mit Nachsäulenderivatisierung)								
L-Lysin	8	Bestimmung mittels Aminosäureana- lysator (nach ASU L 49.07-1 und L49.07-2)								
L-Lysin	9	VDLUF A III 4.11.1								
L-Lysin	10	ASU §64 LFGB L49.07-2/ mod.		0,2g		Nachsäulenderiva- tisierung mit Ninhy- drin		Interner Standard	ja	

Parameter	Teilnehmer	Methodenbeschreibung	Homogenisierung	Einwaage	Aufschluss-methode	Derivatisierung	Referenzmaterial	Kalibrierverfahren	Methode ist akkreditiert	sonstige Hinweise
Analyte	Participant	Method descripton	Homogenization	Sample weight	Hydrolization	Derivatisation	Reference material	Calibration	Method accredited	Further remarks
L-Methionin	1	Aminosäureanalysator(Nach-säulen-derivatisierung)								
L-Methionin	2									
L-Methionin	3	VO (EG) 152/2009 Anhang III F								
L-Methionin	4	AMW/206								
L-Methionin	5	§64 LFGB L 49.07-2								
L-Methionin	6	Zur Bestimmung von Cystin und Methionin wurde das Probenmaterial nach einer 15-stündigen Perameisensäure-rebehandlung 24 Std. mit 6 N HCl bei 110 °C hydrolysiert und anschließend mit einem Aminosäureanalysator bestimmt (SOP AS 05).	keine	0,2 g	nach einer 15-stündigen Perameisensäure-rebehandlung 24 Std. mit 6 N HCl bei 110 °C hydrolysiert	Nachsäulenderivatisierung mit Ninhydrin	Einzelreferenz	Einpunktkalibrierung	ja	
L-Methionin	7	Gesamtaminosäuren nach saurer Hydrolyse mittels Aminosäureanalysator (mit Nachsäulenderivatisierung)								
L-Methionin	8	Bestimmung mittels Aminosäureana-								
L-Methionin	9	VDLUF A III 4.11.1								
L-Methionin	10	ASU §64 LFGB L49.07-2/ mod.		0,2g		Nachsäulenderivatisierung mit Ninhydrin		Interner Standard	ja	
L-Phenylalanin	1	Aminosäureanalysator(Nach-säulen-derivatisierung)								
L-Phenylalanin	2									
L-Phenylalanin	3	VO (EG) 152/2009 Anhang III F								
L-Phenylalanin	4	AMW/206								
L-Phenylalanin	5	§64 LFGB L 49.07-2								
L-Phenylalanin	6	Die Aminosäuren wurden nach saurer Hydrolyse (24 h, 6 N HCl, 110 °C) des Probenmaterials mittels Aminosäureanalysator bestimmt (SOP AS 04).								
L-Phenylalanin	7	Gesamtaminosäuren nach saurer Hydrolyse mittels Aminosäureanalysator (mit Nachsäulenderivatisierung)								
L-Phenylalanin	8	Bestimmung mittels Aminosäureanalysator (nach ASU L 49.07-1 und L49.07-2)								
L-Phenylalanin	9	VDLUF A III 4.11.1								
L-Phenylalanin	10	ASU §64 LFGB L49.07-2/ mod.		0,2g		Nachsäulenderivatisierung mit Ninhydrin		Interner Standard	ja	

Parameter	Teilnehmer	Methodenbeschreibung	Homogenisierung	Einwaage	Aufschluss-methode	Derivatisierung	Referenzmaterial	Kalibrierverfahren	Methode ist akkreditiert	sonstige Hinweise
Analyte	Participant	Method descripton	Homogenization	Sample weight	Hydrolization	Derivatisation	Reference material	Calibration	Method accredited	Further remarks
L-Prolin	1	Aminosäureanalysator(Nach-säulen-derivatisierung)								
L-Prolin	2									
L-Prolin	3	VO (EG) 152/2009 Anhang III F								
L-Prolin	4	AMV/206								
L-Prolin	5	§64 LFGB L 49.07-2								
L-Prolin	6	Die Aminosäuren wurden nach saurer Hydrolyse (24 h, 6 N HCl, 110 °C) des Probenmaterials mittels Aminosäure-analysator bestimmt (SOP AS 04).								
L-Prolin	7	Gesamtaminosäuren nach saurer Hydrolyse mittels Aminosäureanaly-sator (mit Nachsäulenderivatisierung)								
L-Prolin	8	Bestimmung mittels Aminosäureana-								
L-Prolin	9	VDLUFAlII 4.11.1								
L-Prolin	10	ASU §64 LFGB L49.07-2/ mod.		0,2g		Nachsäulenderiva-tisierung mit Ninhy-drin		Interner Standard	ja	
L-Serin	1	Aminosäureanalysator(Nach-säulen-derivatisierung)								
L-Serin	2									
L-Serin	3	VO (EG) 152/2009 Anhang III F								
L-Serin	4	AMV/206								
L-Serin	5	§64 LFGB L 49.07-2								
L-Serin	6	Die Aminosäuren wurden nach saurer Hydrolyse (24 h, 6 N HCl, 110 °C) des Probenmaterials mittels Aminosäure-analysator bestimmt (SOP AS 04).								
L-Serin	7	Gesamtaminosäuren nach saurer Hydrolyse mittels Aminosäureanaly-sator (mit Nachsäulenderivatisierung)								
L-Serin	8	Bestimmung mittels Aminosäureana-ly-sator (nach ASU L 49.07-1 und L49.07-2)								
L-Serin	9	VDLUFAlII 4.11.1								
L-Serin	10	ASU §64 LFGB L49.07-2/ mod.		0,2g		Nachsäulenderiva-tisierung mit Ninhy-drin		Interner Standard	ja	

Parameter	Teilnehmer	Methodenbeschreibung	Homogenisierung	Einwaage	Aufschluss-methode	Derivatisierung	Referenzmaterial	Kalibrierverfahren	Methode ist akkreditiert	sonstige Hinweise
Analyte	Participant	Method descripton	Homogenization	Sample weight	Hydrolization	Derivatisation	Reference material	Calibration	Method accredited	Further remarks
L-Threonin	1	Aminosäureanalysator(Nach-säulenderivatisierung)								
L-Threonin	2									
L-Threonin	3	VO (EG) 152/2009 Anhang III F								
L-Threonin	4	AMV/206								
L-Threonin	5	§64 LFGB L 49.07-2								
L-Threonin	6	Die Aminosäuren wurden nach saurer Hydrolyse (24 h, 6 N HCl, 110 °C) des Probenmaterials mittels Aminosäureanalysator bestimmt (SOP AS 04).								
L-Threonin	7	Gesamtaminosäuren nach saurer Hydrolyse mittels Aminosäureanalysator (mit Nachsäulenderivatisierung)								
L-Threonin	8	Bestimmung mittels Aminosäureanalysator (nach ASU L 49.07-1 und L49.07-2)								
L-Threonin	9	VDLUF A III 4.11.1								
L-Threonin	10	ASU §64 LFGB L49.07-2/ mod.		0,2g		Nachsäulenderivatisierung mit Ninhydrin		Interner Standard	ja	
L-Tryptophan	1	Aminosäureanalysator(Nach-säulenderivatisierung)								
L-Tryptophan	2				4.2 N NaOH					
L-Tryptophan	3	VO (EG) 152/2009 Anhang III G	verrühren	0,25 g	alkalische Hydrolyse	-		Einpunktkalibrierung mit internen Standard α -Methyl-Tryptophan	ja	
L-Tryptophan	4	AMV/228	N/A	0,5g	7h 115°C	no	Internal and certified reference	yes	yes	-
L-Tryptophan	5	VDLUF A III 4.11.2		0,5g	LiOH, 2 mol/l	x	VDLUF A-Enq.	Leerwertmethode	ja	
L-Tryptophan	6	Tryptophan wurde nach alkalischer Hydrolyse (20 h, 5,6 N NaOH, 110 °C) des Probenmaterials mit einem Aminosäureanalysator bestimmt (SOP AS 03).	keine	0,3 g	alkalischer Hydrolyse (20 h, 5,6 N NaOH, 110 °C)	Nachsäulenderivatisierung mit Ninhydrin	Einzelreferenz	Einpunktkalibrierung	ja	
L-Tryptophan	7	Gesamtaminosäuren nach saurer Hydrolyse mittels Aminosäureanalysator (mit Nachsäulenderivatisierung)								
L-Tryptophan	8	HPLC-Fluoreszenz		0,5 g	Hydrolyse			extern; 5-Punkt-Eichung	ja	
L-Tryptophan	9	VDLUF A III 4.11.2	Überkopfsch.	0,5g	Hydrolyse	keine		linear	nein	
L-Tryptophan	10	ASU §64 LFGB L49.07-2/ mod.		0,2g		Nachsäulenderivatisierung mit Ninhydrin		Interner Standard	ja	

Parameter	Teilnehmer	Methodenbeschreibung	Homogenisierung	Einwaage	Aufschlussmethode	Derivatisierung	Referenzmaterial	Kalibrierverfahren	Methode ist akkreditiert	sonstige Hinweise
Analyte	Participant	Method description	Homogenization	Sample weight	Hydrolization	Derivatization	Reference material	Calibration	Method accredited	Further remarks
L-Tyrosin	1	Aminosäureanalysator(Nach-säulenderivatisierung).								
L-Tyrosin	2									
L-Tyrosin	3	VO (EG) 152/2009 Anhang III F								
L-Tyrosin	4	AMV/206								
L-Tyrosin	5	§64 LFGB L 49.07-2								
L-Tyrosin	6	Die Aminosäuren wurden nach saurer Hydrolyse (24 h, 6 N HCl, 110 °C) des Probenmaterials mittels Aminosäureanalysator bestimmt (SOP AS 04).								
L-Tyrosin	7	Gesamtaminosäuren nach saurer Hydrolyse mittels Aminosäureanalysator (mit Nachsäulenderivatisierung)								
L-Tyrosin	8	Bestimmung mittels Aminosäureanalysator (nach ASU L 49.07-1 und L49.07-2)								
L-Tyrosin	9	VDLUFÄ III 4.11.1								
L-Tyrosin	10	ASU §64 LFGB L49.07-2/ mod.		0,2g		Nachsäulenderivatisierung mit Ninhydrin		Interner Standard	ja	
L-Valin	1	Aminosäureanalysator(Nach-säulenderivatisierung).								
L-Valin	2									
L-Valin	3	VO (EG) 152/2009 Anhang III F								
L-Valin	4	AMV/206								
L-Valin	5	§64 LFGB L 49.07-2								
L-Valin	6	Die Aminosäuren wurden nach saurer Hydrolyse (24 h, 6 N HCl, 110 °C) des Probenmaterials mittels Aminosäureanalysator bestimmt (SOP AS 04).								
L-Valin	7	Gesamtaminosäuren nach saurer Hydrolyse mittels Aminosäureanalysator (mit Nachsäulenderivatisierung)								
L-Valin	8	Bestimmung mittels Aminosäureanalysator (nach ASU L 49.07-1 und L49.07-2)								
L-Valin	9	VDLUFÄ III 4.11.1								
L-Valin	10	ASU §64 LFGB L49.07-2/ mod.		0,2g		Nachsäulenderivatisierung mit Ninhydrin		Interner Standard	ja	

5.2 Homogenität

5.2.1 Mischungshomogenität vor der Abfüllung

Microtracer Homogenitätstest

DLA 59-2016

Gewicht Gesamtprobe	1,51	kg
Microtracer	FSS-rot lake	
Teilchengröße	75 – 300	µm
Gewicht pro Partikel	2,0	µg
Tracerzugabe	16,9	mg/kg

Analysenergebnisse:

Probe	Einwaage [g]	Partikel Anzahl	Partikel [mg/kg]
1	5,24	57	21,8
2	5,07	50	19,7
3	4,99	46	18,4
4	5,09	44	17,3
5	5,15	40	15,5
6	5,13	53	20,7
7	5,13	46	17,9
8	5,06	56	22,1

Poisson-Verteilung

Probenanzahl	8	
Freiheitsgrad	7	
Mittelwert	49,0	Partikel
Standardabweichung	5,86	Partikel
χ^2 (CHI-Quadrat)	4,90	
Wahrscheinlichkeit	67	%
Wiederfindungsrate	113	%

Normalverteilung

Probenanzahl	8	
Mittelwert	19,2	mg/kg
Standardabweichung	2,29	mg/kg
rel. Standardabweichung	12,0	%
Horwitz Standardabweichung	10,3	%
HorRat-Wert	1,2	
Wiederfindungsrate	113	%

5.2.2 Trendlinienfunktion der Teilnehmerergebnisse

Aus der Gegenüberstellung der aufsteigenden Probennummern und den Messergebnissen der Teilnehmer lässt sich die Homogenität des chronologisch abgefüllten LVU-Materials anhand der Trendlinien-Funktion charakterisieren:

L-Alanin		
Zielstandardabweichung σ_{pt}	0,0627	g/100 g
Probennummern	2 - 60	
Anzahl der Proben	18	
Steigung	-0,00173	
Trendlinienbereich	1,702 - 1,734	g/100 g
Abweichung Trendlinie	1,718 \pm 0,0156	g/100 g
Prozent von σ_{pt}	24,8	%

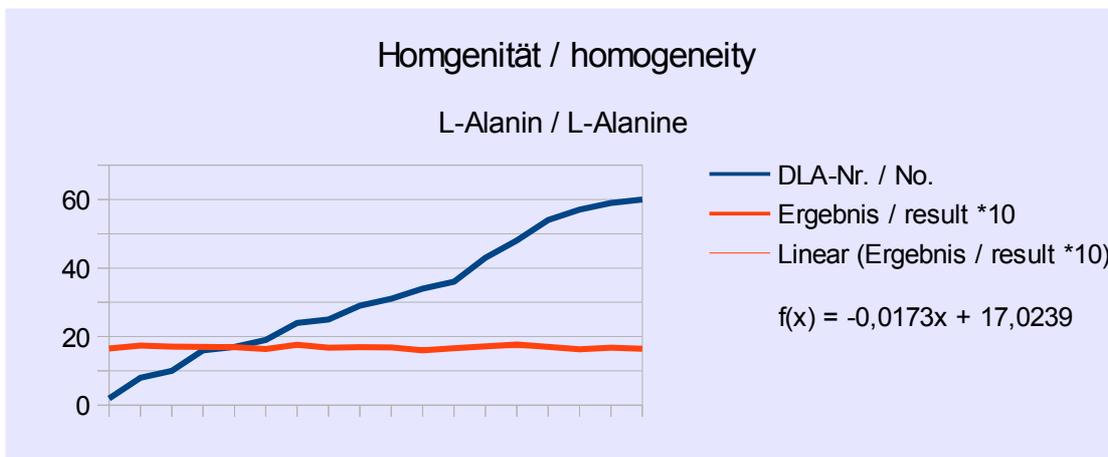


Abb./Fig. 38:

Trendfunktion Probennummern vs. Ergebnisse (*10 dargestellt)
 trend line function sample number vs. results (*10 shown)

L-Methionin	ohne Teilnehmer 8 (2 + 34)	
Zielstandardabweichung σ_{pt}	0,0382	g/100 g
Probennummern	2 - 60	
Anzahl der Proben	16	
Steigung	-0,000269	
Trendlinienbereich	0,5701 - 0,5744	g/100 g
Abweichung Trendlinie	0,5723 \pm 0,0022	g/100 g
Prozent von σ_{pt}	5,6	%

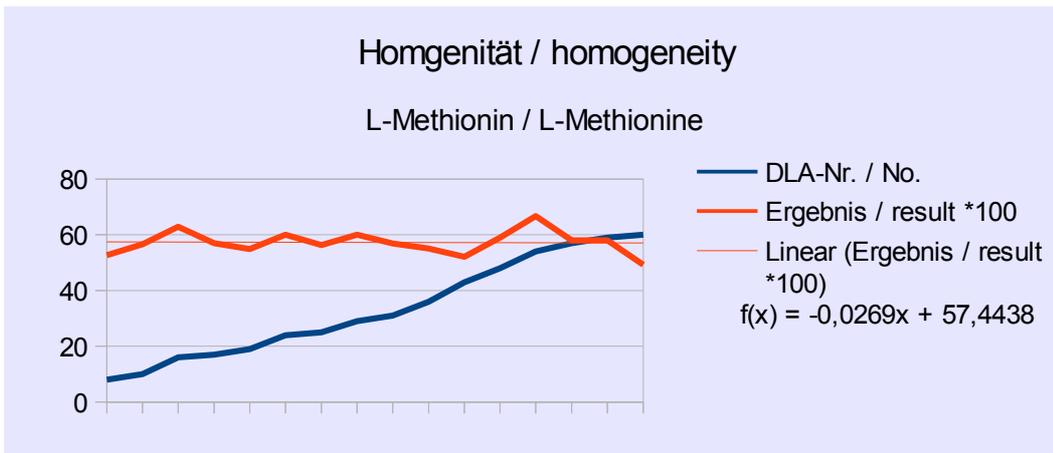


Abb./Fig. 39:

Trendfunktion Probennummern vs. Ergebnisse (*100 dargestellt)
trend line function sample number vs. results (*100 shown)

5.3 Kerndichte-Verteilungen der Ergebnisse

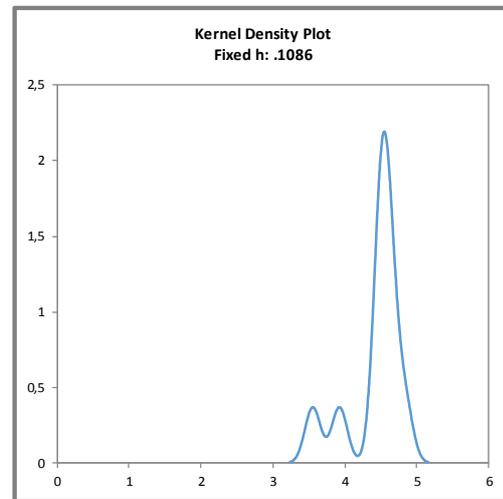
Abbildungen:

Kerndichte-Schätzungen der Teilnehmerergebnisse (mit $h = 0,75 \times \sigma_{pt}$ von X_{pt})

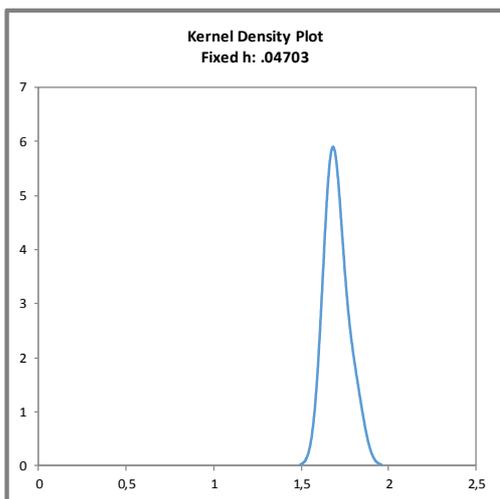
Figures:

Kernel density plots of participants' results (with $h = 0,75 \times \sigma_{pt}$ of X_{pt})

L-Asparaginsäure/L-Aspartic acid



L-Alanin/L-Alanine

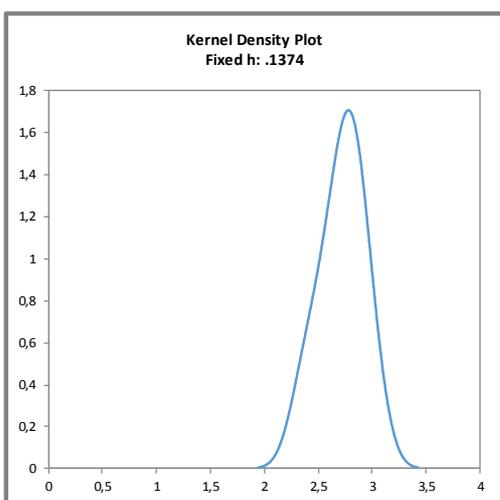


L-Cystein/L-Cysteine

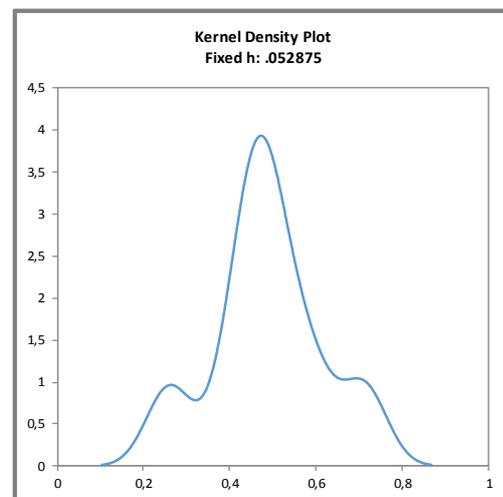
<8 Ergebnisse

<8 Results

L-Arginin/L-Arginine



L-Cystin/L-Cystine



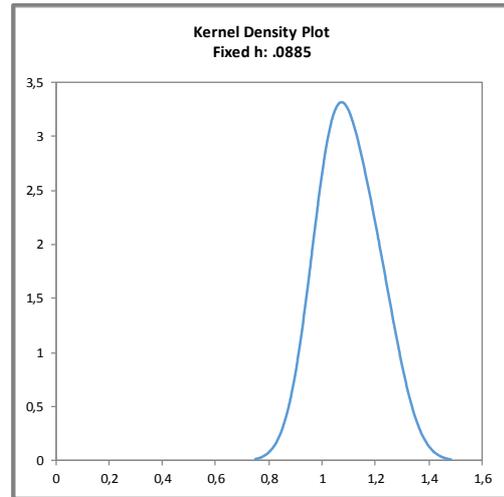
Abbildungen:

Kerndichte-Schätzungen der Teilnehmerergebnisse (mit $h = 0,75 \times \sigma_{pt}$ von X_{pt})

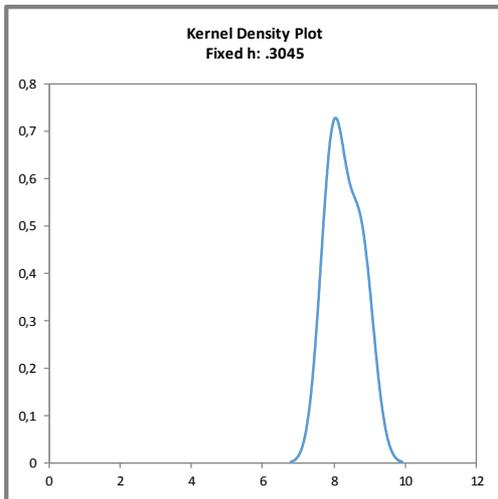
Figures:

Kernel density plots of participants' results (with $h = 0,75 \times \sigma_{pt}$ of X_{pt})

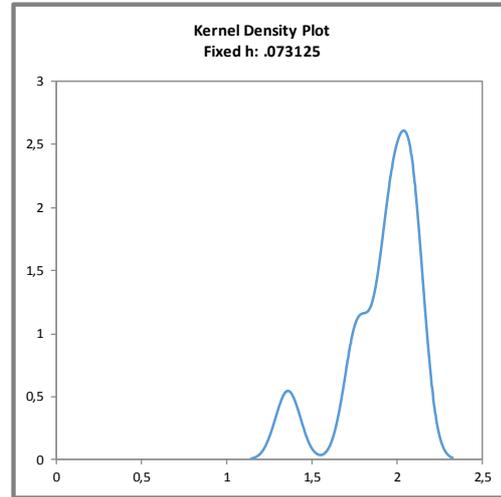
L-Histidin/L-Histidine



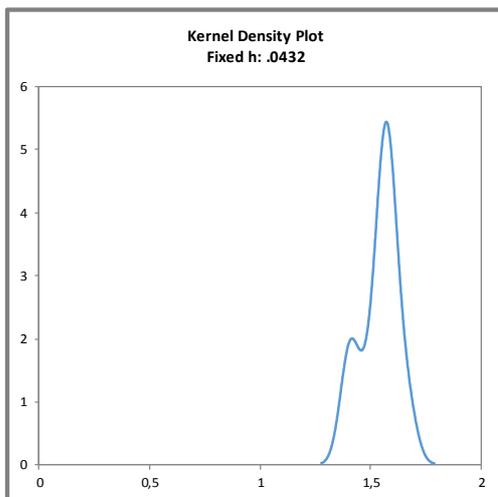
L-Glutaminsäure/L-Glutamic acid



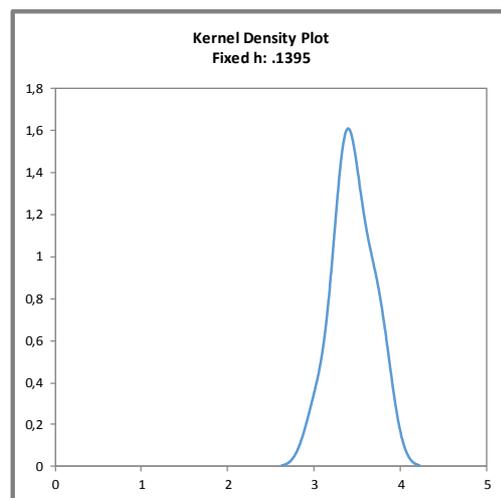
L-Isoleucin/L-Isoleucine



Glycin/Glycine



L-Leucin/L-Leucine



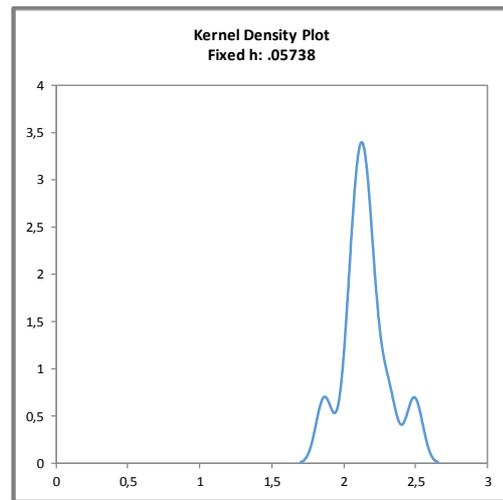
Abbildungen:

Kerndichte-Schätzungen der Teilnehmerergebnisse (mit $h = 0,75 \times \sigma_{pt}$ von X_{pt})

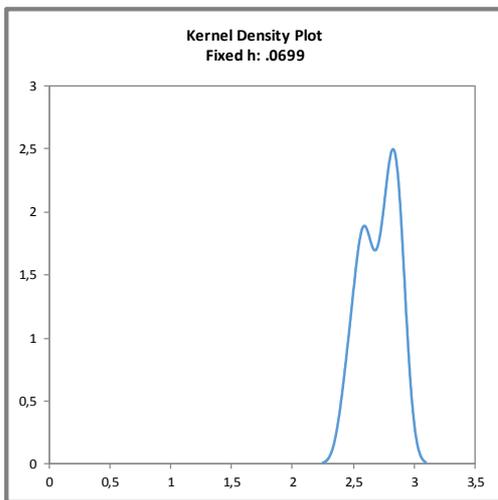
Figures:

Kernel density plots of participants' results (with $h = 0,75 \times \sigma_{pt}$ of X_{pt})

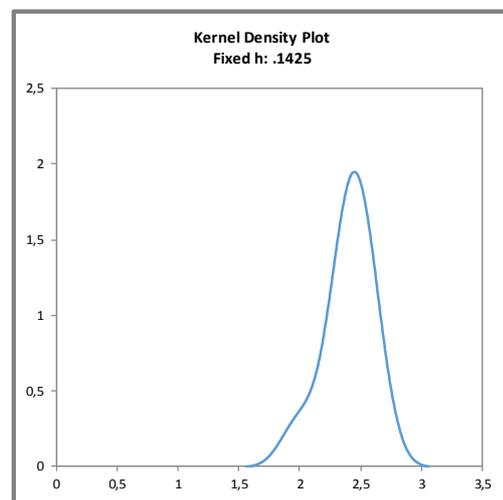
L-Phenylalanin/L-Phenylalanine



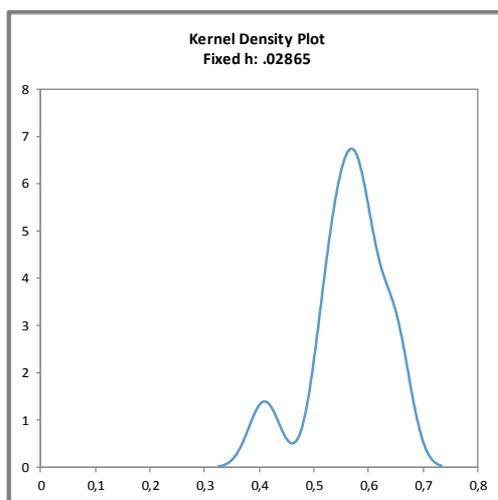
L-Lysin/L-Lysine



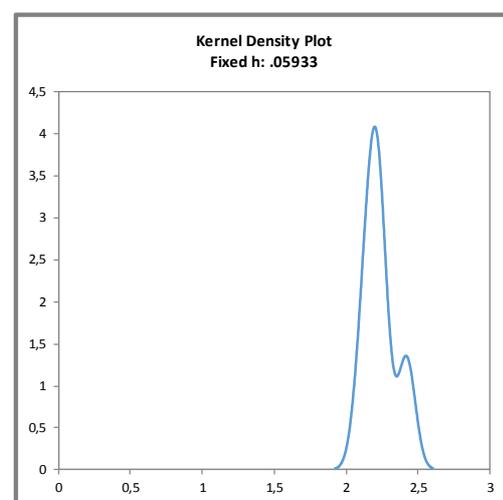
L-Prolin/L-Proline



L-Methionin/L-Methionine



L-Serin/L-Serine



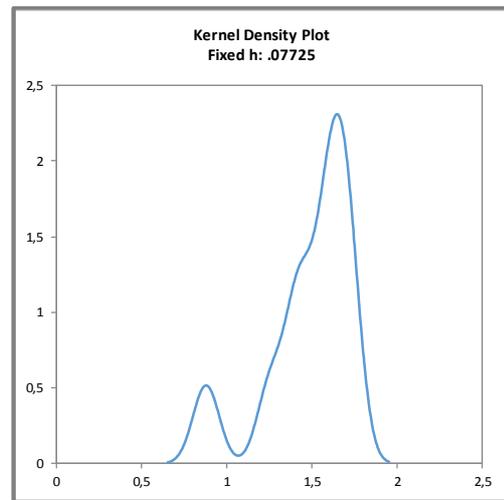
Abbildungen:

Kerndichte-Schätzungen der Teilnehmerergebnisse (mit $h = 0,75 \times \sigma_{pt}$ von X_{pt})

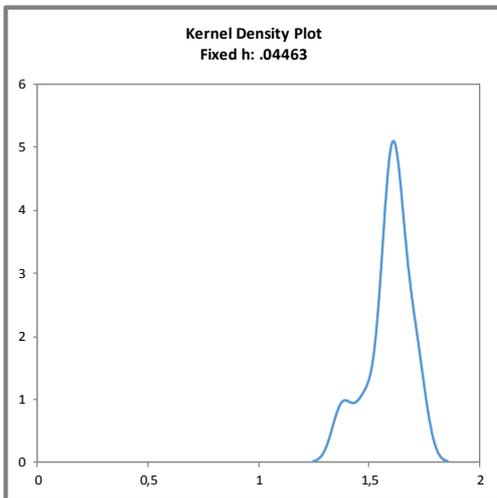
Figures:

Kernel density plots of participants' results (with $h = 0,75 \times \sigma_{pt}$ of X_{pt})

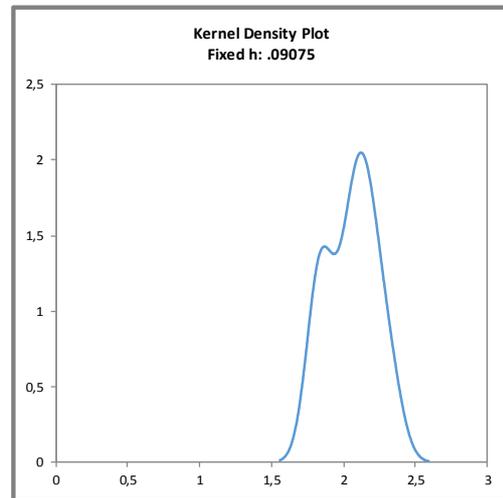
L-Tyrosin/L-Tyrosine



L-Threonin/L-Threonine



L-Valin/L-Valine



L-Tryptophan/L-Tryptophan

< 8 Ergebnisse
< 8 Results

6. Verzeichnis der Teilnehmer in alphabetischer Reihenfolge

Teilnehmer / Participant	Ort / Town	Land / Country
		GROSSBRITANNIEN
		THAILAND
		Deutschland

[Die Adressdaten der Teilnehmer wurden für die allgemeine Veröffentlichung des Auswertebereichs nicht angegeben.]

[The address data of the participants were deleted for publication of the evaluation report.]

7. Verzeichnis relevanter Literatur

1. DIN EN ISO/IEC 17025:2005; Allgemeine Anforderungen an die Kompetenz von Prüf- und Kalibrierlaboratorien / General requirements for the competence of testing and calibration laboratories
2. DIN EN ISO/IEC 17043:2010; Konformitätsbewertung - Allgemeine Anforderungen an Eignungsprüfungen / Conformity assessment - General requirements for proficiency testing
3. ISO 13528:2015 & DIN ISO 13528:2009; Statistische Verfahren für Eignungsprüfungen durch Ringversuche / Statistical methods for use in proficiency testing by interlaboratory comparisons
4. ASU §64 LFGB: Planung und statistische Auswertung von Ringversuchen zur Methodvalidierung / DIN ISO 5725 series part 1, 2 and 6 Accuracy (trueness and precision) of measurement methods and results
5. Verordnung / Regulation 882/2004/EU; Verordnung über über amtliche Kontrollen zur Überprüfung der Einhaltung des Lebensmittel- und Futtermittelrechts sowie der Bestimmungen über Tiergesundheit und Tierschutz / Regulation on official controls performed to ensure the verification of compliance with feed and food law, animal health and animal welfare rules
6. Evaluation of analytical methods used for regulation of food and drugs; W. Horwitz; Analytical Chemistry, 54, 67-76 (1982)
7. The International Harmonised Protocol for the Proficiency Testing of Analytical Laboratories ; J.AOAC Int., 76(4), 926 - 940 (1993)
8. A Horwitz-like funktion describes precision in proficiency test; M. Thompson, P.J. Lowthian; Analyst, 120, 271-272 (1995)
9. Protocol for the design, conduct and interpretation of method performance studies; W. Horwitz; Pure & Applied Chemistry, 67, 331-343 (1995)
10. Recent trends in inter-laboratory precision at ppb and sub-ppb concentrations in relation to fitness for purpose criteria in proficiency testing; M. Thompson; Analyst, 125, 385-386 (2000)
11. The International Harmonised Protocol for the Proficiency Testing of Analytical Chemistry Laboratories; Pure Appl Chem, 78, 145 - 196 (2006)
12. AMC Kernel Density - Representing data distributions with kernel density estimates, amc technical brief, Editor M Thompson, Analytical Methods Committee, AMCTB No 4, Revised March 2006 and Excel Add-in Kernel.xla 1.0e by Royal Society of Chemistry
13. EURACHEM/CITAC Leitfaden, Ermittlung der Messunsicherheit bei analytischen Messungen (2003); Quantifying Uncertainty in Analytical Measurement (1999)
14. GMP+ Feed Certification scheme, Module: Feed Safety Assurance, chapter 5.7 Checking procedure for the process accuracy of compound feed with micro tracers in GMP+ BA2 Control of residues, Version: 1st of January 2015 GMP+ International B.V.
15. MTSE SOP No. 010.01 (2014): Quantitative measurement of mixing uniformity and carry-over in powder mixtures with the rotary detector technique, MTSE Micro Tracers Services Europe GmbH
16. ASU §64 LFGB L 49.07-1 Bestimmung der Aminosäuren in Aminosäurengemischen (1985) [Determination of amino acids in amino acid mixtures]
17. ASU §64 LFGB L 49.07-2 Bestimmung der Aminosäuren in diätetischen Lebensmitteln auf Basis von Proteinhydrolysaten (1986) [Determination of amino acids in dietetic foods on the basis of protein hydrolysates]
18. ASU §64 LFGB L 49.07-3 Bestimmung des Tryptophangehaltes in diätetischen Lebensmitteln auf Basis von Proteinhydrolysaten (1989) [Determination of tryptophan in dietetic foods on the basis of protein hydrolysates]
19. Verordnung 152/2009/EG zur Festlegung der Probenahmeverfahren und Analysemethoden für die amtliche Untersuchung von Futtermitteln / Regulation 152/2009/EC laying down the methods of sampling and analysis for the official control of feed

DLA 59/2016 - Gesamt-Aminosäure-Zusammensetzung

Alle 10 Teilnehmer haben fristgerecht Ergebnisse eingereicht. Die Auswertung der Aminosäuren in der Matrix diätetisches Getränkpulver als Mahlzeiterersatz erfolgte wahlweise mit der Zielstandardabweichung des allgemeinen Modells nach Horwitz oder nach den Präzisionsdaten der entsprechenden ASU §64 Methode. Für L-Cystein lagen weniger als 7 Ergebnisse vor, sodass keine Auswertung vorgenommen wurde. Bezüglich der anderen Parameter lagen 70 - 100 % der Ergebnisse der Teilnehmer im jeweiligen Zielbereich. Details zu den einzelnen Parametern sind dem Auswertebereich zu entnehmen.

Ein Teilnehmer hatte seinen Sitz im Europäischen Ausland (Großbritannien) und ein Teilnehmer in Thailand.