

# Auswertungs-Bericht

Laborvergleichsuntersuchung

**DLA ptSU09/2020** 

# Gesamt-Aminosäure-Zusammensetzung:

in einem Lebensmittel (diätetisches Lebensmittel, Getränkepulver als Mahlzeitersatz)

**DLA - Proficiency Tests GmbH**Kalte Weide 21
24641 Sievershütten/Germany

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

Koordinator der LVU: Dr. Matthias Besler-Scharf

### 1. Korrektur 1.03.2021:

In der Übersichtstabelle der z-Scores der Teilnehmer (S. 58) ist ein Übertragungsfehler aufgetreten: Für L-Valin wurden nicht die gültigen z-Scores für die Bewertung, sondern die z-Scores zur Information angegeben. Die Tabelle wurde entsprechend korrigiert.

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

EP-Anbieter PT-Provider	DLA - Proficiency Tests GmbH Kalte Weide 21, 24641 Sievershütten, Germany  Geschäftsführer/CEO: Dr. Matthias Besler-Scharf Stellv. Leitung/Deputy Lead: Alexandra Scharf MSc.  Tel. ++49-(0)4532-9183358 Mob. ++49(0)171-1954375 Fax. ++49(0)4102-9944976 eMail. proficiency-testing@dla-lvu.de
EP-Nummer PT-Number	DLA ptSU09/2020
EP-Koordinator PT-Coordinator	Dr. Matthias Besler-Scharf
Status des EP-Bericht Status of PT-Report	Abschlussbericht / Final report (1. März 2021)  1. Korrektur / 1st Correction 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 preceding versions.
EP-Bericht Freigabe PT-Report Authorization	Dr. Matthias Besler-Scharf (Technischer Leiter / Technical Manager) - gezeichnet / signed M. Besler-Scharf Alexandra Scharf MSc. (QM-Beauftragte / Quality Manager) - gezeichnet / signed A. Scharf Datum / Date: 1. März 2021
Unteraufträge Subcontractors	Im Rahmen dieser Eignungsprüfung wurden nachstehende Leistungen im Unterauftrag vergeben: Keine As part of the present proficency test the following services were subcontracted: none
Vertraulichkeit Confidentiality	Die Teilnehmerergebnisse sind im EP-Bericht in anonymisierter Form mit Auswertenummern benannt. Daten einzelner Teilnehmer werden ausschließlich nach vorheriger Zustimmung des Teilnehmers an Dritte weitergegeben. Participant result are named anonymously with evaluation numbers in the PT report. Data of individual participants will be passed on to third parties only with prior consent of the participant.

# Inhalt

1.	Einleitung	5
2.	Durchführung	5
	2.1 Untersuchungsmaterial	5
	2.1.1 Homogenität	7
	2.1.2 Stabilität	8
	2.2 Probenversand und Informationen zur Untersuchung	8
	2.3 Ergebnisübermittlung	8
3.	Auswertung	9
	3.1 Konsenswert der Teilnehmer (zugewiesener Wert)	9
	3.2 Robuste Standardabweichung	9
	3.3 Wiederholstandardabweichung	9
	3.4 Vergleichsstandabweichung	10
	3.5 Ausschluss von Ergebnissen und Ausreißer	10
	3.6 Zielstandardabweichung (für die Eignungsbeurteilung)	11
	3.6.1 Allgemeines Modell nach Horwitz	11
	3.6.2 Auswertung eines Versuchs zur Präzision	12
	3.6.3 Werte aus Erkenntnissen	14
	3.7 z-Score	14
	3.7.1 Warn- und Eingriffssignale	14
	3.8 z'-Score	18
	3.9 Variationskoeffizient (VKR)	18
	3.10 Quotient S*/opt	19
	3.11 Standardunsicherheit und Rückführbarkeit	19
4.	Ergebnisse	20
	4.1 L-Alanin/L-Alanine in g/100g	22
	4.2 L-Arginin/L-Arginine in g/100g	24
	4.3 L-Asparaginsäure/L-Aspartic acid in g/100g	
	4.4 L-Cystin und L-Cystein in g/100g (als L-Cystin)	
	4.5 L-Glutaminsäure/L-Glutamic acid in g/100g	
	4.6 Glycin/Glycine in g/100g	
	4.7 L-Histidin/L-Histidine in g/100g	
	4.8 L-Isoleucin/L-Isoleucine in g/100g	
	4.9 L-Leucin/L-Leucine in g/100g	
	4.10 L-Lysin/L-Lysine in g/100g	
	4.11 L-Methionin/L-Methionine in g/100g	
	4.12 L-Phenylalanin/L-Phenylalanine in g/100g	
	4.13 L-Prolin/L-Proline in g/100g	
	4.14 L-Serin/L-Serine in g/100g	
	4.15 L-Threonin/L-Threonine in g/100g	
	4.16 L-Tryptophan in g/100g	
	4.17 L-Tyrosin/L-Tyrosine in g/100g	
	4.18 L-Valin/L-Valine in g/100g	
_	4.19 z-Scores der Teilnehmer: Übersichtstabelle	
5.		
	5.1 Angaben der Teilnehmer	
	5.1.1 Primärdaten	
	5.1.2 Analytische Methoden	
	5.2 Homogenität	
	5.2.1 Mischungshomogenität vor der Abfüllung	
	5.2.2 Trendlinienfunktion der Teilnehmerergebnisse	
	5.3 Kerndichte-Verteilungen der Ergebnisse	
	5.5 Informationen zur Eignungsprüfung (EP)	

Februa	r 2021	DLA pts	SU09/2020	- Gesa	mt-Aminosäu	re-Zusa	ammensetzun	<u> 1.</u>	Korr.
6. Ve	zeichni	s der	Teilnehm	er in	alphabeti	scher	Reihenfol	ge	97
7. Ve	zeichni	s rele	vanter L	iterat	tur				98

## 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 eine Mischung von diätetisches Lebensmitteln (Getränkepulver zur Zubereitung als Mahlzeitersatz) mit einem Proteingehalt >20% aus Soja- und Milchprotein. Zu bestimmende Parameter sind die Gehalte der einzelnen Aminosäuren nach Proteinhydrolyse.

Die Rohstoffe wurden gesiebt ( $mesh\ size\ <500\ \mu m$ ), zusammen gegeben, gemahlen 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 angegeben.

<u>Tabelle 1:</u> Zusammensetzung der DLA-Proben und Gehalte an Aminosäuren gemäß Herstellerangaben

#### Diätisches Lebensmittel

## 1. Getränkepulver als Mahlzeit für eine gewichtskontrollierte Ernährung

Zutaten/Ingridients: 54% Sojaeiweißisolat, 21% Magermilch-Joghurtpulver, 20% Honig, Tricalciumphosphat, Kaliumcitrat, Aroma, Trimagnesiumdicitrat, Trennmittel: Siliciumdioxid E551, Palmöl, Eisenfumarat, L-Ascorbinsäure, Süßungsmittel: Sucralose E955, DL-alpha-Tocopherylacetat, Nicotinamid, Zinkoxid, Calcium-D-Pantothenat, Mangansulfat, Pyridoxinhydrochlorid, Thiaminmononitrat, Riboflavin, Cholecalciferol, Kupfergluconat, Retinylacetat, Folsäure, Kaliumjodid, Natriumselenit, D-Biotin, Cyanocobalamin.

Nährwertangaben pro 100 g: Fett 1,4 g, Kohlenhydrate 29 g davon Zucker 27 g, Eiweiß 53 g, Salz 1,9 g

#### 2. Getränkepulver als Mahlzeitenersatz

Zutaten/Ingredients: Sojaeiweißisolat (47%), Honig (20%), Sojaöl(14%), Süßmolken-pulver, Joghurtpulver(6%), Glukosesirup, Kaliumphosphate, Sahnepulver, Calciumphosphate, Trennmittel: Siliciumdioxid; Aroma, Magnesiumhydroxid, Milcheiweiß, Ascorbinsäure (Vitamin C), Süßungsmittel: Steviolglykoside; Eisendiphosphat, Nicotinamid (Niacin), D-Alpha-Tocopherylacetat (Vitamin E), Retinylacetat (Vitamin A), Calcium-D-Pantothenat (Pantothensäure), Zinkoxid, Mangansulfat, Cyanocobalamin (Vitamin B12), Pyridoxinhydrochlorid (Vitamin B6), Cholecalciferol (Vitamin D3), Thiaminhydrochlorid (Vitamin B1), Riboflavin (Vitamin B2), Natriumselenit, Pteroylmonoglutaminsäure (Folsäure), Kaliumjodid, D-Biotin, Kupfercarbonat, Phyllochinon (Vitamin K1).

Nährwertangaben pro  $100~\rm g$ : Fett 6,0 g, Kohlenhydrate 33 g davon Zucker 27 g, Eiweiß 42 g, Salz 1,6 g

### weitere Zutat:

\_\_\_\_\_ Maltodextrin

## Aminosäuren

L-Alanin	1,7	%	L-Lysin	2,4	%
L-Arginin	2,7	%	L-Methionin	0,59	%
L-Asparaginsäure	4,6	90	L-Phenylalanin	2,1	%
L-Cystin	0,47	୪	L-Prolin	2,4	90
L-Glutaminsäure	8,1	ଖ	L-Serin	2,2	용
Glycin	1,6	90	L-Threonin	1,6	%
L-Histidin	1,0	90	L-Tryptophan	0,42	%
L-Isoleucin	1,9	ଖ	L-Tyrosin	1,4	용
L-Leucin	3,4	8	L-Valin	2,1	%

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

#### 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 ≥ 5% ist gleichzusetzen mit einer guten homogenen Mischung und von ≥ 25% mit einer exzellenten Mischung [14, 15]. Die Microtracer-Analyse der vorliegenden LVU-Probe hat eine Wahrscheinlichkeit von 80% ergeben. Die Partikel-Ergebnisse wurden zusätzlich in Konzentrationen umgerechnet, statistisch als Normalverteilung ausgewertet und mit der Standardabweichung nach Horwitz verglichen. Für die Beurteilung sind HorRat-Werte zwischen 0,3 und 1,3 unter Wiederholbedingungen (Messungen innerhalb des Labors) zu akzeptieren [16, 17]. Es wurde ein HorRat-Wert von 0,91 für die vorliegende LVU-Probe erhalten. Die Ergebnisse der Microtracer-Analyse sind in der Dokumentation angegeben.

Die Berechnung der relativen **Wiederholstandardabweichung S**<sub>r</sub> der Doppelbestimmungen der Teilnehmer wurde ebenfalls als Homogenitätskriterium für diese LVU herangezogen. Sie liegt für alle Analyten im Bereich von 1,34% – 8,95%). Die Wiederholstandardabweichungen sind somit vergleichbar mit den Präzisionsdaten der jeweiligen genormten Methoden (z.B. ASU EN etc, s. 3.6.2) (vgl. Tab. 3) [18-21]. Die Wiederholstandardabweichungen der Teilnehmer sind bei den statistischen Kennzahlen angegeben (4.1 bis 4.18).

<u>Tabelle 2:</u> Wiederholstandardabweichungen  $S_r$  der Doppelbestimmungen der Teilnehmer (Variationskoeffizienten  $VK_r$  in %).

Parameter	VK <sub>r</sub>	Parameter	VK <sub>r</sub>
L-Alanin	1,45 %	L-Lysin	1,96 %
L-Arginin	2,33 %	L-Methionin	3,30 %
L-Asparaginsäure	1,56 %	L-Phenylalanin	1,88 %
L-Cystin	5,37 %	L-Prolin	4,39 %
L-Glutaminsäure	5 <b>,</b> 65 %	L-Serin	8 <b>,</b> 95 %
Glycin	5,32 %	L-Threonin	2,63 %
L-Histidin	4,35 %	L-Tryptophan	2,59 %
L-Isoleucin	1,52 %	L-Tyrosin	3,62 %
L-Leucin	2,31 % L-Valin		1,34 %

Des weiteren wurde die Homogenität anhand der **Trendlinien-Funktion der Teilnehmerergebnisse für die chronologisch abgefüllten Einzel-Proben** graphisch zur Information charakterisiert (s. 5.2.1).

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].

<u>Februar</u>	2021	DLA	ptSU09/2020 -	Gesamt-Aminosäure-Zusammensetzung 1. Korr

#### 2.1.2 Stabilität

Eine Wasseraktivität ( $a_W$ ) von < 0,5 ist ein wichtiger Faktor um die Stabilität von trockenen und getrockneten Produkten während der Lagerung zu gewährleisten, optimale Bedingung für die Lagerung ist der  $a_W$ -Wert-Bereich von 0,15 - 0,3, in diesem Bereich ist die geringstmögliche Degradationsrate zu erwarten [16].

Die Erfahrungen mit diversen DLA-Materialien zeigen bei vergleichbarer Matrix und Wasseraktivität (a $_W$ -Wert < 0,5) eine gute Haltbarkeit der EP-Proben und Lagerstabilität gegenüber mikrobiellem Verderb und bezüglich des Gehalts an den EP-Parametern.

Der  $a_W$ -Wert der EP-Proben lag bei ca. 0,48 (24,3°C). Die Stabilität des Probenmaterials war somit während des Untersuchungszeitraums unter den angegebenen Lagerbedingungen gewährleistet.

## 2.2 Probenversand und Informationen zur Untersuchung

An jeden Teilnehmer wurden in der 36. Kalenderwoche 2020 zwei Portionen des Untersuchungsmaterials verschickt. Die Untersuchungsverfahren wurden freigestellt. Die Untersuchungen waren durchzuführen bis spätestens 30. Oktober 2020.

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

Bei den beiden Mustern handelt es sich um zwei gleiche Proben eines diätetischen Lebensmittels (Getränkepulver zur Zubereitung als Mahlzeitersatz) mit einem Proteingehalt >20% aus Soja- und Milchprotein. Zu bestimmende Parameter sind die Gehalte der einzelnen Aminosäuren nach Proteinhydrolyse. Die Analysenmethoden sind freigestellt.

Bitte beachten Sie die beiliegenden Informationen zur Eignungsprüfung. (siehe Dokumentation unter Punkt 5.4 EP-Informationen)

#### 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.

Von 15 Teilnehmern haben 12 Teilnehmer ihre Ergebnisse fristgerecht abgegeben. 3 Teilnehmer haben keine Ergebnisse eingereicht.

## 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]. Liegen < 12 quantitative Ergebnisse und eine große Differenz zwischen robustem Mittelwert und Median vor, ist ggf. der Median als zugewiesener Wert zu verwenden (Kriterium:  $\Delta$  Median - rob. Mittelwert > 0,3  $\sigma$ pt)[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 (Xpti) vorgenommen.

Die Durchführung der Bewertung wird in der Regel ab 7 Ergebnissen durchgeführt, in begründeten Fällen ist eine Bewertung auch ab 5 Ergebnissen zulässig.

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  $\sigma_{pt}$  (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 Sr 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 Wiederholstandabweichung Sr, auch als Standardabweichung innerhalb der Laboratorien Sw bezeichnet, nach: [3, 4].

Die relative Wiederholstandardabweichung in Prozent des Mittelwerts ist als Variationskoeffizient  $VK_r$  bei den statistischen Kenndaten im Ergeb-

Februar 2021	DLA ptSU09/2020	- Gesamt-Aminosäure-Zusammensetzung 1. Korr.			
	angegeben, sofern	die Einzelergebnisse der Teilnehmer vorlie-	-		
gen.					

#### 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, zu geringe Anzahl signifikanter Stellen (gültige Ziffern) oder Angaben für einen falschen Prüfgegenstand vorliegen [2]. Auch wenn ein Ergebnis z.B. mit einem Faktor >10 deutlich vom Mittelwert abweicht und einen Einfluss auf die robuste Statistik hat, kann ein Ergebnis von der statistischen Auswertung ausgeschlossen werden [3].

Alle Ergebnisse sollen mit mindestens 2 signifikanten Stellen (gültige Ziffern) angegeben werden. Die Angabe von 3 Stellen 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 (Algorithmus A) geprüft: Ergebnisse, die um mehr als das Dreifache der robusten Standardabweichung vom robusten Mittelwert abweichen, können danach als Ausreißer eingestuft werden [3]. Aufgrund der Anwendung der robusten Statistik werden Ausreißer i.d.R. nicht von der Auswertung ausgeschlossen, sofern keine anderen Gründe vorliegen (s.o.) [3]. Ermittelte Ausreißer werden im Ergebnisteil nur genannt, wenn sie von der statistischen Auswertung ausgeschlossen wurden.

## 3.6 Zielstandardabweichung (für die Eignungsbeurteilung)

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

Sofern ein akzeptabler Quotient  $S^*/\sigma_{pt}$  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 Analysenmethoden eingesetzt werden, geeignet ist. Die Zielstandardabweichung aus der Auswertung von Präzisionsdaten eines Versuchs leitet sich dagegen aus Ringversuchen mit vorgegebener Analysenmethode 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.

Die Zielstandardabweichung der Auswertung eines <u>Versuchs zur Präzision</u> (s. 3.6.2) wurde für <u>alle Parameter</u>, mit Ausnahme von L-Phenylalanin, herangezogen (ASU §64 Methoden: 47.07-2). Für L-Phenylalanin wurde die Zielstandardabweichung nach Horwitz verwendet (s. 3.6.1).

<u>Zusätzlich</u> wurde für <u>L-Alanin, L-Glutaminsäure, L-Isoleucin, L-Phenylalanin, L-Serin, L-Tryptophan und L-Valin</u> die Standardunsicherheit berücksichtigt und die Ergebnisse mittels z'-Score bewertet (s. 3.6.8).

## 3.6.1 Allgemeines Modell nach Horwitz

Anhand der in zahlreichen LVUs für unterschiedliche Parameter und Analysenmethoden erhaltenen statistischen Kenndaten hat Horwitz ein allgemeines Modell für die Schätzung der Vergleichsstandardabweichung  $\sigma_R$  abgeleitet [6]. Später wurde das Modell von Thompson für bestimmte Konzentrationsbereiche modifiziert [10]. Die Vergleichsstandardabweichung  $\sigma_R$  kann als relative Zielstandardabweichung  $\sigma_{pt}$  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 µg/kg		
$\sigma_R = 0,02c^{0,8495}$	$1,2 \times 10^{-7} \le c \le 0,138$	≥ 120 µg/kg		
$\sigma_R = 0,01c^{0,5}$	c > 0,138	> 13,8 g/100g		

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  $\sigma_R$  und der Wiederholstandardabweichung  $\sigma_r$  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  $\sigma_{pt}$  abgeleitet werden [3]:

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

Die in Tabelle 3 angegebenen relativen Wiederholstandardabweichungen (RSD $_{r}$ ) und relativen Vergleichsstandabweichungen (RSD $_{R}$ ) wurden in Ringversuchen mittels der angegebenen Methoden ermittelt.

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

<u>Tabelle 3:</u> Relative Wiederholstandardabweichungen (RSD<sub>r</sub>) und relative Vergleichsstandabweichungen (RSD<sub>R</sub>) gemäß ausgewählter Auswertungen von Versuchen zur Präzision und die resultierende Zielstandardabweichung  $\sigma_{pt}$  [18-20]

Parameter	rameter Matrix		$\mathtt{RSD}_\mathtt{r}$	$RSD_R$	<b>σ</b> pt	Methode / Literatur
L-Alanin	Diätetisches LM	2,15	2,33%	5,12%	4,8% 1	ASU 49.07-2
L-Arginin	Diätetisches LM	1,86	2,69%	6,99%	6,7% <sup>1</sup>	ASU 49.07-2
L-Asparagin- säure	Diätetisches LM	4,16	1,92%	7,45%	7,3% <sup>1</sup>	ASU 49.07-2
L-Cystein / L-Cystin	Diätetisches LM Eiweißkonzentrat	1,07 0,506	5,61% 2,6%	15,0% 12,3%	14,5% <sup>1</sup> 12,2%	ASU 49.07-2 VO 152/ 2009/EG
L-Glutaminsäu- re	Diätetisches LM	4,72	1,91%	5,08%	4,9% <sup>1</sup>	ASU 49.07-2
Glycin	Diätetisches LM	1,60	2,50%	6,88%	6,6% <sup>1</sup>	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% <sup>1</sup>	ASU 49.07-2
L-Leucin	Diätetisches LM	3,09	1,62%	5,50%	5,4% <sup>1</sup>	ASU 49.07-2
L-Lysin	Diätetisches LM Eiweißkonzentrat	3,61 4,77	1,94% 2,4%	8,95% 3,0%	8,8% <sup>1</sup> 2,5%	ASU 49.07-2 VO 152/ 2009/EG
L-Methionin	Diätetisches LM Eiweißkonzentrat	1,30 1,2	5,38% 2,2%	7,69% 13%	6,7% <sup>1</sup> 12,9%	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%	4,4% 1	ASU 49.07-2
L-Threonin	Diätetisches LM Eiweißkonzentrat	2,74 2,23	2,19% 2,7%	5,84% 3,8%	5,6% <sup>1</sup> 3,3%	ASU 49.07-2 VO 152/ 2009/EG
L-Tryptophan	Diätetisches LM	0,30/0,24	3 <b>,</b> 75%	7,50%	7,0% 1	ASU 49.07-3
L-Tyrosin	Diätetisches LM	3,05	2,62%	6,89%	6,6% <sup>1</sup>	ASU 49.07-2
L-Valin	Diätetisches LM	2,48	2,02%	6,05%	5,9% <sup>1</sup>	ASU 49.07-2

<sup>&</sup>lt;sup>1</sup> 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 3.6.2 bzw. 3.6.1 als geeignet angesehen.

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

## 3.7 z-Score

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

Die Berechnung erfolgt nach:

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

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

$$-2 \le z \le 2$$
.

Der für die Eignungsprüfung gültige z-Score wird in der Auswertung mit z-Score ( $\sigma_{pt}$ ) 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]. Gleichermaßen 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].

<u>Tabelle 4:</u> Kenndaten der aktuellen LVU (dunkelgrau unterlegt) im Vergleich zu den vorangegangenen LVUs ab 2016 (SD = Standardabweichung, VK = Variationskoeffizient)

Parameter	Matrix (Pulver)	rob. Mit- telwert [g/100g]	rob. SD (S*) [g/100g]	rel. SD (VK <sub>S*</sub> ) [%]	Quotient S*/opt	DLA- Bericht
L-Alanin	Diäteti- sches LM	1,70	0,0562	3,31	0,90	DLA 59/2016
L-Alanin	Diäteti- sches LM	0,593	0,0528	8,91	1,9	DLA 50/2018
L-Alanin	Diäteti- sches LM	1,68	0,176	10,5	1,7 1	DLA ptSU09/2020
L-Arginin	Diäteti- sches LM	2,72	0,218	8,01	1,2	DLA 59/2016
L-Arginin	Diäteti- sches LM	0,524	0,0511	9,75	1,5	DLA 50/2018
L-Arginin	Diäteti- sches LM	2,67	0,285	10,7	1,6	DLA ptSU09/2020
L-Asparag- insäure	Diäteti- sches LM	4,55	0,130	2,86	0,90	DLA 59/2016
L-Asparag- insäure	Diäteti- sches LM	1,38	0,131	9,49	1,3	DLA 50/2018
L-Asparag- insäure	Diäteti- sches LM	4,58	0,583	12,7	1,7	DLA ptSU09/2020
L-Cystin	Diäteti- sches LM	0,487	0,133	27,3	1,9	DLA 59/2016
L-Cystin	Diäteti- sches LM	0,165	0,0229	13,9	0,9	DLA 50/2018
L-Cystin	Diäteti- sches LM	0,467	0,105	22,5	1,6	DLA ptSU09/2020
L-Glut- aminsäure	Diäteti- sches LM	8,29	0,502	6,05	1,2	DLA 59/2016
L-Glut- aminsäure	Diäteti- sches LM	3,52	0,253	7,17	1,3	DLA 50/2018
L-Glut- aminsäure	Diäteti- sches LM	8,14	0,880	10,8	1,7 1	DLA ptSU09/2020
Glycin	Diäteti- sches LM	1,54	0,0933	6,06	1,6	DLA 59/2016
Glycin	Diäteti- sches LM	0,325	0,0300	9,20	1,9	DLA 50/2018
Glycin	Diäteti- sches LM	1,55	0,186	12,0	1,8	DLA ptSU09/2020
L-Histidin	Diäteti- sches LM	1,10	0,0915	8,32	0,8	DLA 59/2016
L-Histidin	Diäteti- sches LM	0,429	0,0485	11,3	1,1	DLA 50/2018
L-Histidin	Diäteti- sches LM	1,03	0,164	15,9	1,5	DLA ptSU09/2020
L-Isoleu-	Diäteti- sches LM	1,94	0,173	8,92	1,8	DLA 59/2016

Parameter	Matrix (Pulver)	rob. Mit- telwert [g/100g]	rob. SD (S*) [g/100g]	rel. SD (VK <sub>S*</sub> ) [%]	Quotient S*/opt	DLA- Bericht
cin						
L-Isoleu- cin	Diäteti- sches LM	0,862	0,0635	7,37	1,3	DLA 50/2018
L-Isoleu- cin	Diäteti- sches LM	1,94	0,310	16,0	2,0 1	DLA ptSU09/2020
L-Leucin	Diäteti- sches LM	3,45	0,248	7,19	1,3	DLA 59/2016
L-Leucin	Diäteti- sches LM	1,61	0,104	6,47	1,2	DLA 50/2018
L-Leucin	Diäteti- sches LM	3,37	0,314	9,3	1,7	DLA ptSU09/2020
L-Lysin	Diäteti- sches LM	2,71	0,168	6,20	1,8	DLA 59/2016
L-Lysin	Diäteti- sches LM	1,33	0,0968	7,30	0,8	DLA 50/2018
L-Lysin	Diäteti- sches LM	2,43	0,293	12,1	1,4	DLA ptSU09/2020
L-Methio- nin	Diäteti- sches LM	0,572	0,0608	10,6	1,6	DLA 59/2016
L-Methio- nin	Diäteti- sches LM	0,398	0,0486	12,2	1,5	DLA 50/2018
L-Methio- nin	Diäteti- sches LM	0,588	0,0840	14,3	2,1	DLA ptSU09/2020
L-Phenyl- alanin	Diäteti- sches LM	2,14	0,144	6,73	1,9	DLA 59/2016
L-Phenyl- alanin	Diäteti- sches LM	0,761	0,0551	7,24	1,7	DLA 50/2018
L-Phenyl- alanin	Diäteti- sches LM	2,12	0,211	10,0	1,9 1	DLA ptSU09/2020
L-Prolin	Diäteti- sches LM	2,42	0,161	6,65	0,85	DLA 59/2016
L-Prolin	Diäteti- sches LM	1,54	0,0726	4,71	0,60	DLA 50/2018
L-Prolin	Diäteti- sches LM	2,41	0,294	12,2	1,6	DLA ptSU09/2020
L-Serin	Diäteti- sches LM	2,23	0,110	4,93	1,4	DLA 59/2016
L-Serin	Diäteti- sches LM	0,897	0,0739	8,24	1,5	DLA 50/2018
L-Serin	Diäteti- sches LM	2,18	0,209	9,6	1,7 1	DLA ptSU09/2020
L-Threonin	Diäteti- sches LM	1,60	0,0914	5,71	1,5	DLA 59/2016
L-Threonin	Diäteti- sches LM	0,761	0,0516	6,79	1,2	DLA 50/2018
L-Threonin	Diäteti- sches LM	1,57	0,171	10,9	1,9	DLA ptSU09/2020

Februar 2021 DLA ptSU09/2020 - Gesamt-Aminosäure-Zusammensetzung 1. Korr.

Parameter	Matrix (Pulver)	rob. Mit- telwert [g/100g]	rob. SD (S*) [g/100g]	rel. SD (VK <sub>S*</sub> ) [%]	Quotient S*/σ <sub>pt</sub>	DLA- Bericht
L-Tryp- tophan	Diäteti- sches LM	0,563	0,0590	10,5	1,5	DLA 59/2016
L-Tryp- tophan	Diäteti- sches LM	0,213	0,0512	24,0	2,0	DLA 50/2018
L-Tryp- tophan	Diäteti- sches LM	0,416	0,153	36,8	2,0 1	DLA ptSU09/2020
L-Tyrosin	Diäteti- sches LM	1,56	0,166	10,6	1,6	DLA 59/2016
L-Tyrosin	Diäteti- sches LM	0,653	0,0669	10,2	1,4	DLA 50/2018
L-Tyrosin	Diäteti- sches LM	1,40	0,181	12,9	1,9	DLA ptSU09/2020
L-Valin	Diäteti- sches LM	2,06	0,197	9,56	1,6	DLA 59/2016
L-Valin	Diäteti- sches LM	1,01	0,0600	5 <b>,</b> 92	0,95	DLA 50/2018
L-Valin	Diäteti- sches LM	2,14	0,318	14,9	1,8 1	DLA ptSU09/2020

<sup>&</sup>lt;sup>1</sup> mit Zielstandardabweichung opt'

#### 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. 3.11). Der z'-Score drückt das Verhältnis der Abweichung des Ergebnisses (xi) des betreffenden Teilnehmers vom zugewiesenen Wert zur Wurzel aus der Quadratsumme von Zielstandardabweichung ( $\sigma_{pt}$ ) 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  $\sigma_{pt}$ ' definiert.

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

$$-2 \le z' \le 2$$
.

Zu Warn- und Eingriffssignalen siehe 3.7.1.

## 3.9 Variationskoeffizient (VK<sub>R</sub>)

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

$$VK_R = \underbrace{S_R * 100}_{X}$$

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\*/opt

In Anlehnung an den HorRat-Wert kann die Bewertung einer Laborvergleichs- untersuchung als aussagekräftig gelten, wenn der Quotient von robuster Standardabweichung S\* und Zielstandardabweichung  $\sigma_{pt}$  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 und Rückführbarkeit

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.

Die Rückführbarkeit des zugewiesenen Wertes wird anhand des Konsenswertes als robuster Mittelwert der Teilnehmerergebnisse gewährleistet.

## 4. Ergebnisse

## Anmerkung zur Verteilung der Ergebnisse:

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

## Anmerkungen zu den Kenndaten:

Die Zielstandardabweichungen wurden für alle Parameter außer L-Phenylalanin nach Kenndaten eines Versuchs zur Präzision (ASU §64 Methode) berechnet. Für L-Phenylalanin wurde die Zielstandardabweichung nach dem Modell nach Horwitz berechnet. Zur Information wurde für alle anderen Parameter die Zielstandardabweichung nach Horwitz mit angegeben.

Alle Ergebnisse für Cystin, Cystein und die Summe von Cystin und Cystein wurden für die Auswertung zusammengefasst. Dazu wurden die Teilnehmerergebnisse für Cystein und für die Summe von Cystin und Cystein als Cystin verwendet. Die Umrechnung erfolgte mit der Molmasse von Cystein (121,16 g/mol) in halbe Molmasse von Cystin  $(0,5 \times 240,30 \text{ g/mol}) = 120,15 \text{ g/mol})$ .

Für L-Alanin, L-Glutaminsäure, L-Isoleucin, L-Phenylalanin, L-Serin und L-Valin zeigte die Verteilung der Ergebnisse eine erhöhte Variabilität. Die Quotienten  $S^*/\sigma_{pt}$  lagen teilweise deutlich über 2,0. Die Parameter wurden daher unter Berücksichtigung der Standardunsicherheit mittels z'-Score ausgewertet. Die Quotienten  $S^*/\sigma_{pt}$ ' lagen dann im Bereich von 2,0 (s. Tab. 4).

Für die anderen Parameter zeigte die Verteilung der Ergebnisse eine normale Variabilität. Die Quotienten  $S^*/\sigma_{pt}$  lagen alle im Bereich von 1,4 bis 2,1 (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.

Es liegen 64% bis 91% der Ergebnisse im jeweiligen Zielbereich.

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 (Xpt)
Robuste Standardabweichung (S*)
Anzahl mit m Wiederholmessungen
Wiederholstandardabweichung (Sr)
Variationskoeffizient (VK <sub>r</sub> )in %
Variationskoeffizient (VKR) in %
Zielkenndaten:
Zielstandardabweichung $\sigma_{pt}$ oder $\sigma_{pt}$ '
Zielstandardabweichung zur Information
untere Grenze des Zielbereichs ( $X_{pt}$ - $2\sigma_{pt}$ ) *
obere Grenze des Zielbereichs ( $X_{pt}$ + $2\sigma_{pt}$ )*
Quotient S*/opt oder S*/opt'
Standardunsicherheit U(Xpt)
Ergebnisse im Zielbereich
Prozent im Zielbereich
* Zielbereich berechnet mit z-Score oder z'-Score

<sup>\*</sup> Zielbereich berechnet mit z-Score oder z'-Score

In der unteren Tabelle sind die Ergebnisse der teilnehmenden Labore auf 3 gültige Stellen formatiert dargestellt\*\*:

Auswerte-		Abweichung			Hinweis
nummer	Parameter		z-Score	z-Score	
Evaluation number	[Einheit / Unit]	Deviation	<b>σ</b> pt	(Info)	Remark

 $<sup>^{\</sup>star\star}$  Im Dokumentationsteil sind die Ergebnisse so angegeben wie sie von den Teilnehmern übermittelt wurden.

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

Kenndaten	
Anzahl der Messergebnisse	11
Anzahl der Ausreißer	0
Mittelwert	1,68
Median	1,70
Robuster Mittelwert (Xpt)	1,68
Robuste Standardabweichung (S*)	0,176
Anzahl mit 2 Wiederholmessungen	11
$Wiederholstandardabweichung (S_r)$	0,0244
Variationskoeffizient (VK <sub>r</sub> )	1,45%
	0,165
Variationskoeffizient (VK <sub>R</sub> )	9,83%
Zielkenndaten:	
Zielstandardabweichung $\sigma_{P^{t'}}$	0,105
Zielstandardabweichung (zur Information)	0,0623
Untere Grenze des Zielbereichs	1,47
Obere Grenze des Zielbereichs	1,89
Quotient S*/opt'	1,7
Standardunsicherheit U(Xpt)	0,0662
Quotient U(Xpt)/Opt'	0,63
Ergebnisse im Zielbereich	10
Prozent im Zielbereich	91%

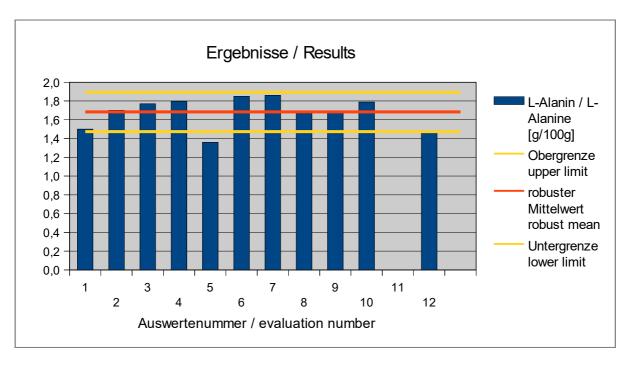


Abb. / Fig. 1: Ergebnisse L-Alanin / Results L-Alanine

Auswerte- nummer	L-Alanin / L-Alanine	Abweichung [mg/kg]	z'-Score	z-Score	Hinweis
Evaluation number	[g/100g]	Deviation [mg/kg]	( <b>o</b> pt)	(Info)	Remark
1	1,50	-0,183	-1,7	-2,9	
2	1,70	0,017	0,16	0,27	
3	1,77	0,087	0,82	1,4	
4	1,80	0,114	1,1	1,8	
5	1,36	-0,323	-3,1	-5,2	
6	1 <b>,</b> 85	0,167	1,6	2,7	
7	1,86	0,177	1,7	2,8	
8	1 <b>,</b> 67	-0,013	-0,13	-0,2	
9	1 <b>,</b> 69	0,007	0,06	0,11	
10	1,79	0,107	1,0	1,7	
11					
12	1,47	-0,213	-2,0	-3,4	

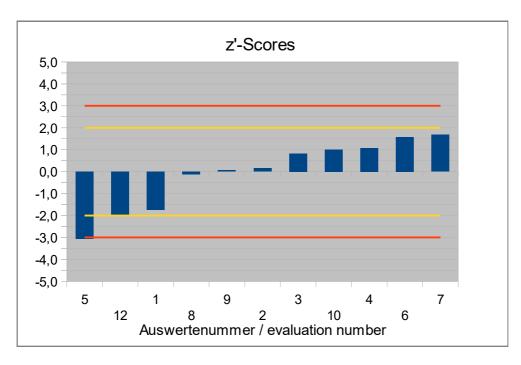


Abb. / Fig. 2: z'-Scores L-Alanin/L-Alanine

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

Kenndaten	
	1 1
Anzahl der Messergebnisse	11
Anzahl der Ausreißer	0
Mittelwert	2,63
Median	2,72
Robuster Mittelwert (Xpt)	2,67
Robuste Standardabweichung (S*)	0,285
Anzahl mit 2 Wiederholmessungen	11
Wiederholstandardabweichung $(S_r)$	0,0613
Variationskoeffizient (VK <sub>r</sub> )	2,33%
	0,343
Variationskoeffizient (VK <sub>R</sub> )	13,1%
Zielkenndaten:	
Zielstandardabweichung $\sigma_{\!\scriptscriptstyle P}$ t	0,179
Zielstandardabweichung (zur Information)	0,0920
Untere Grenze des Zielbereichs	2,31
Obere Grenze des Zielbereichs	3,02
Quotient S*/opt	1,6
Standardunsicherheit U(Xpt)	0,107
Quotient U(Xpt)/Opt	0,60
Ergebnisse im Zielbereich	10
Prozent im Zielbereich	91%

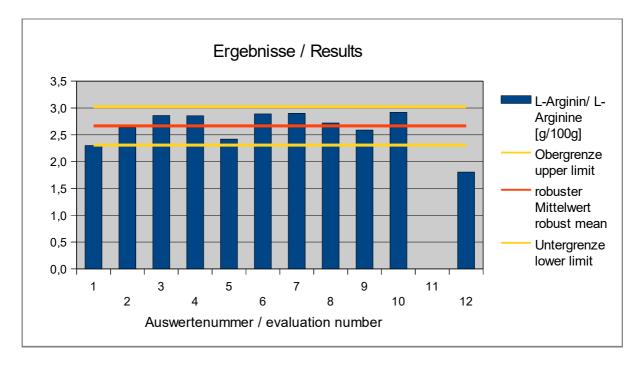


Abb. / Fig. 3: Ergebnisse L-Arginin / Results L-Arginine

Auswerte- nummer	L-Arginin / L-Arginine	Abweichung [mg/kg]	z-Score	z-Score	Hinweis
Evaluation number	[g/100g]	Deviation [mg/kg]	( <b>G</b> pt)	(Info)	Remark
1	2,30	-0,366	-2,0	-4,0	
2	2,63	-0,036	-0,20	-0,39	
3	2,86	0,194	1,1	2,1	
4	2,86	0,190	1,1	2,1	
5	2,42	-0,246	-1,4	-2,7	
6	2,89	0,224	1,2	2,4	
7	2,90	0,234	1,3	2,5	
8	2,72	0,054	0,30	0,59	
9	2 <b>,</b> 59	-0,076	-0,4	-0,83	
10	2,92	0,254	1,4	2,8	
11					
12	1,81	-0,859	-4,8	-9,3	

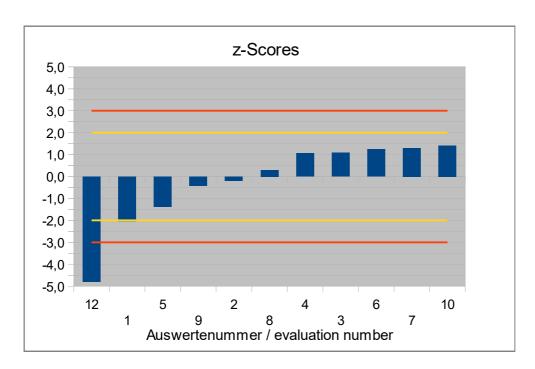


Abb. / Fig. 4: z-Scores L-Arginin/L-Arginine

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

Kenndaten	
Anzahl der Messergebnisse	11
Anzahl der Ausreißer	0
Mittelwert	4,53
Median	4,73
Robuster Mittelwert (Xpt)	4,58
Robuste Standardabweichung (S*)	0,583
Anzahl mit 2 Wiederholmessungen	11
$Wiederholstandardabweichung (S_r)$	0,0708
Variationskoeffizient (VK <sub>r</sub> )	1,56%
	0,627
Variationskoeffizient (VK <sub>R</sub> )	13,8%
Zielkenndaten:	
Zielstandardabweichung $\sigma_{\!P} t$	0,335
Zielstandardabweichung (zur Information)	0,146
Untere Grenze des Zielbereichs	3,91
Obere Grenze des Zielbereichs	5,25
Quotient S*/opt	1,7
Standardunsicherheit U(Xpt)	0,220
Quotient U(Xpt)/opt	0,66
Ergebnisse im Zielbereich	9
Prozent im Zielbereich	82%

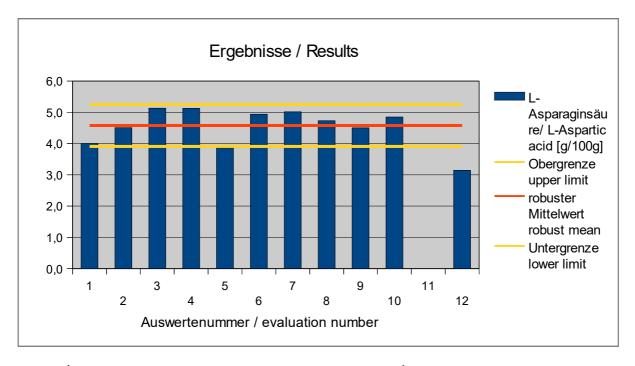


Abb. / Fig. 5: Ergebnisse L-Asparaginsäure / Results L-Aspartic acid

Auswerte- nummer	L- Asparaginsäure	Abweichung [mg/kg]	z-Score	z-Score	Hinweis
Evaluation number	/ L-Aspartic acid [g/100g]	Deviation [mg/kg]	$(\sigma_{pt})$	(Info)	Remark
1	4,00	-0,578	-1,7	-4,0	
2	4,51	-0,068	-0,20	-0,47	
3	5 <b>,</b> 13	0,552	1,6	3,8	
4	5 <b>,</b> 13	0,549	1,6	3,8	
5	3,86	-0,718	-2,1	-4,9	
6	4,94	0,362	1,1	2,5	
7	5,01	0,432	1,3	3,0	
8	4,73	0,152	0,45	1,0	
9	4,50	-0,078	-0,23	-0,54	
10	4,85	0,272	0,81	1,9	
11					
12	3,14	-1,435	-4,3	-9,9	

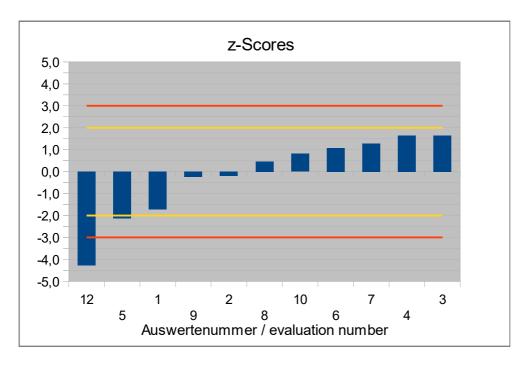


Abb. / Fig. 6: z-Scores L-Asparaginsäure/L-Aspartic acid

# 4.4 L-Cystin und L-Cystein in g/100g (als L-Cystin)

Kenndaten	
Anzahl der Messergebnisse	8
Anzahl der Ausreißer	0
Mittelwert	0,463
Median	0,464
Robuster Mittelwert (Xpt)	0,467
Robuste Standardabweichung (S*)	0,105
Anzahl mit 2 Wiederholmessungen	8
Wiederholstandardabweichung $(S_r)$	0,0248
Variationskoeffizient (VK <sub>r</sub> )	5,37%
	0,101
Variationskoeffizient (VK <sub>R</sub> )	21,7%
Zielkenndaten:	
Zielstandardabweichung $\sigma_{\!\scriptscriptstyle \mathcal{P}}{}^{t}$	0,0676
Zielstandardabweichung (zur Information)	0,0210
Untere Grenze des Zielbereichs	0,332
Obere Grenze des Zielbereichs	0,602
Quotient S*/opt	1,6
Standardunsicherheit U(Xpt)	0,0465
Quotient U(Xpt)/Opt	0,69
Ergebnisse im Zielbereich	6
Prozent im Zielbereich	75%

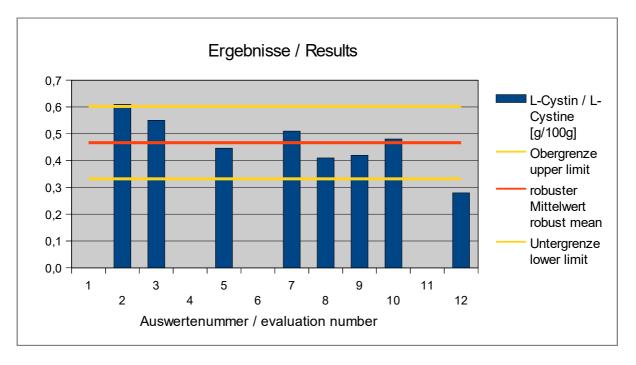


Abb. / Fig. 7: Ergebnisse L-Cystin / Results L-Cystine

Auswerte- nummer	L-Cystin / L-Cystine	Abweichung [mg/kg]	z-Score	z-Score	Hinweis
Evaluation number	[g/100g]	Deviation [mg/kg]	(σ <sub>pt</sub> )	(Info)	Remark
1					
2	0,61	0,143	2,1	6,8	
3	0,55	0,083	1,2	4,0	* von DLA umgerechnet
4					
5	0,45	-0,021	-0,31	-1,0	* von DLA umgerechnet
6					
7	0,51	0,043	0,63	2,0	
8	0,41	-0,057	-0,85	-2,7	
9	0,42	-0,047	-0,70	-2,2	
10	0,48	0,014	0,20	0,66	* von DLA umgerechnet
11					
12	0,28	-0,188	-2,8	-8,9	

<sup>\*</sup> Umrechnung s.S. 20



Abb. / Fig. 8: z-Scores L-Cystin / L-Cystine

# 4.5 L-Glutaminsäure/L-Glutamic acid in g/100g

Kenndaten	
Anzahl der Messergebnisse	11
Anzahl der Ausreißer	0
Mittelwert	8,08
Median	8,08
Robuster Mittelwert (Xpt)	8,14
Robuste Standardabweichung (S*)	0,880
Anzahl mit 2 Wiederholmessungen	11
Wiederholstandardabweichung $(S_r)$	0,456
Variationskoeffizient (VK <sub>r</sub> )	5,65%
	0,966
Variationskoeffizient (VK <sub>R</sub> )	12,0%
Zielkenndaten:	
Zielstandardabweichung $\sigma_{Pt}$	0,519
Zielstandardabweichung (zur Information)	0,237
Untere Grenze des Zielbereichs	7,10
Obere Grenze des Zielbereichs	9,18
Quotient S*/opt'	1,7
Standardunsicherheit U(Xpt)	0,332
Quotient U(Xpt)/Opt'	0,64
Ergebnisse im Zielbereich	10
Prozent im Zielbereich	91%

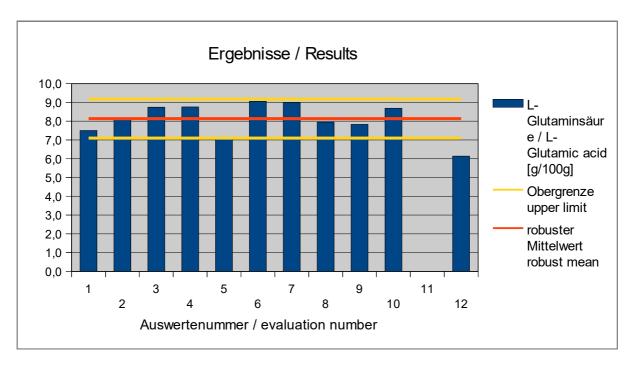


Abb. / Fig. 9: Ergebnisse L-Glutaminsäure / Results L-Glutamic acid

Auswerte- nummer	L- Glutaminsäure /	Abweichung [mg/kg]	z'-Score	z-Score	Hinweis
Evaluation number	L-Glutamic acid [g/100g]	Deviation [mg/kg]	$(\sigma_{pt})$	(Info)	Remark
1	7 <b>,</b> 50	-0,638	-1,2	-2,7	
2	8,08	-0,058	-0,11	-0,24	
3	8 <b>,</b> 75	0,612	1,2	2,6	
4	8 <b>,</b> 76	0,622	1,2	2,6	
5	7,09	-1,048	-2,0	-4,4	
6	9,06	0,922	1,8	3,9	
7	8 <b>,</b> 99	0,852	1,6	3,6	
8	7 <b>,</b> 95	-0,188	-0,36	-0,79	
9	7 <b>,</b> 83	-0,308	-0,59	-1,3	
10	8,69	0,552	1,1	2,3	
11					
12	6,14	-1,998	-3,9	-8,4	

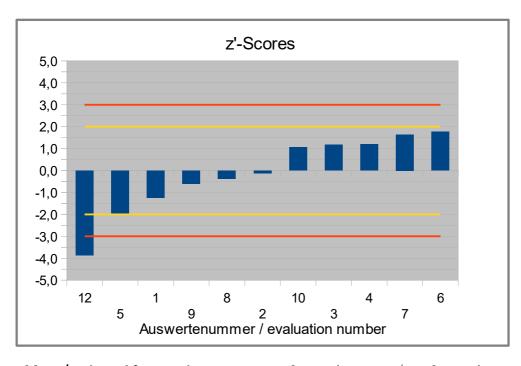


Abb. / Fig. 10: z'-Scores L-Glutaminsäure/L-Glutamic acid

# 4.6 Glycin/Glycine in g/100g

Kenndaten	
Anzahl der Messergebnisse	11
Anzahl der Ausreißer	0
Mittelwert	1,54
Median	1,60
Robuster Mittelwert (Xpt)	1,55
Robuste Standardabweichung (S*)	0,186
Anzahl mit 2 Wiederholmessungen	11
Wiederholstandardabweichung $(S_r)$	0,0819
Variationskoeffizient (VK <sub>r</sub> )	5,32%
$Vergleichsstandardabweichung (S_R)$	0,194
Variationskoeffizient (VK <sub>R</sub> )	12,6%
Zielkenndaten:	
Zielstandardabweichung $\sigma_{Pt}$	0,103
Zielstandardabweichung (zur Information)	0,0581
Untere Grenze des Zielbereichs	1,35
Obere Grenze des Zielbereichs	1,76
Quotient S*/opt	1,8
Standardunsicherheit U(Xpt)	0,0701
Quotient U(Xpt)/Opt	0,68
Ergebnisse im Zielbereich	9
Prozent im Zielbereich	82%

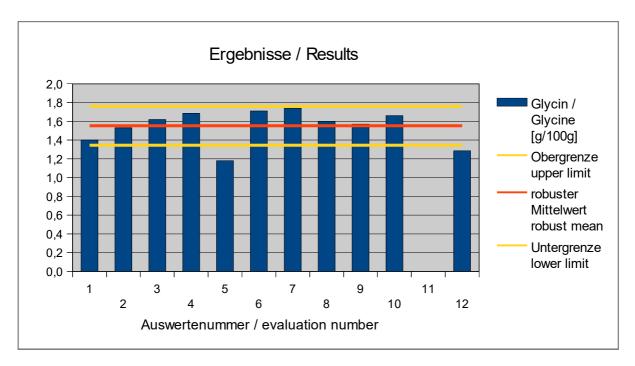


Abb. / Fig. 11: Ergebnisse Glycin/Glycine

Auswerte- nummer	Glycin / Glycine [g/100g]	Abweichung [mg/kg]	z-Score	z-Score	Hinweis
Evaluation number		Deviation [mg/kg]	( <b>G</b> pt)	(Info)	Remark
1	1,40	-0,152	-1,5	-2,6	
2	1,53	-0,022	-0,21	-0,38	
3	1,62	0,068	0,66	1,2	
4	1,69	0,133	1,3	2,3	
5	1,18	-0,372	-3,6	-6,4	
6	1,71	0,158	1,5	2,7	
7	1,74	0,188	1,8	3,2	
8	1,60	0,048	0,46	0,82	
9	1,57	0,018	0,17	0,31	
10	1,66	0,108	1,0	1,9	
11					
12	1,29	-0,266	-2,6	-4,6	

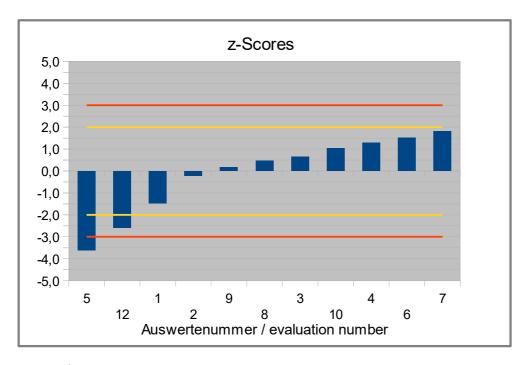


Abb. / Fig. 12: z-Scores Glycin/Glycine

# 4.7 L-Histidin/L-Histidine in q/100q

Kenndaten	
Anzahl der Messergebnisse	11
Anzahl der Ausreißer	0
Mittelwert	1,01
Median	1,04
Robuster Mittelwert (Xpt)	1,03
Robuste Standardabweichung (S*)	0,164
Anzahl mit 2 Wiederholmessungen	11
Wiederholstandardabweichung $(S_r)$	0,0439
Variationskoeffizient (VK <sub>r</sub> )	4,35%
	0,186
Variationskoeffizient (VK <sub>R</sub> )	18,4%
Zielkenndaten:	
Zielstandardabweichung $\sigma_{\!\scriptscriptstyle P} t$	0,110
Zielstandardabweichung (zur Information)	0,0409
Untere Grenze des Zielbereichs	0,806
Obere Grenze des Zielbereichs	1,25
Quotient S*/opt	1,5
Standardunsicherheit U(Xpt)	0,0619
Quotient U(Xpt)/Opt	0,56
Ergebnisse im Zielbereich	9
Prozent im Zielbereich	82%

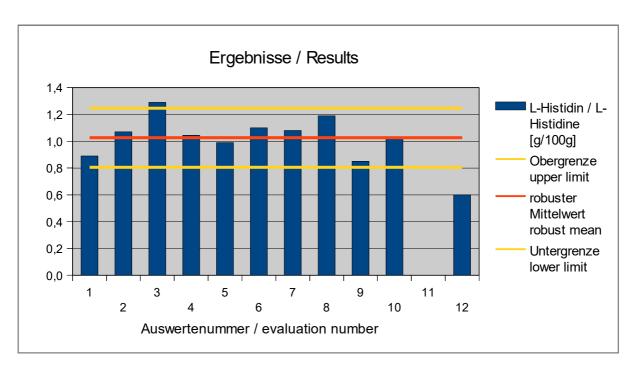


Abb. / Fig. 13: Ergebnisse L-Histidin / Results L-Histidine

Auswerte- nummer	L-Histidin / L-Histidine	Abweichung [mg/kg]	z-Score	z-Score	Hinweis
Evaluation number	[g/100g]	Deviation [mg/kg]	( <b>o</b> pt)	(Info)	Remark
1	0,890	-0,136	-1,2	-3,3	
2	1,07	0,044	0,40	1,1	
3	1,29	0,264	2,4	6,5	
4	1,04	0,018	0,16	0,44	
5	0,990	-0,036	-0,33	-0,88	
6	1,10	0,074	0,67	1,8	
7	1,08	0,054	0,49	1,3	
8	1,19	0,164	1,5	4,0	
9	0,85	-0,176	-1,6	-4,3	
10	1,02	-0,006	-0,05	-0,15	
11					
12	0,599	-0,427	-3,9	-10,4	

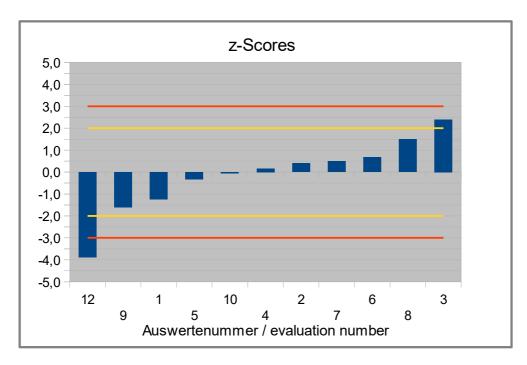


Abb. / Fig. 14: z-Scores L-Histidin/L-Histidine

### 4.8 L-Isoleucin/L-Isoleucine in q/100q

Kenndaten	
Anzahl der Messergebnisse	11
Anzahl der Ausreißer	0
Mittelwert	1,92
Median	2,11
Robuster Mittelwert (Xpt)	1,94
Robuste Standardabweichung (S*)	0,310
Anzahl mit 2 Wiederholmessungen	11
Wiederholstandardabweichung $(S_r)$	0,0292
Variationskoeffizient (VK <sub>r</sub> )	1,52%
	0,319
Variationskoeffizient (VK <sub>R</sub> )	16,6%
Zielkenndaten:	
Zielstandardabweichung $\sigma_{Pt}$	0,152
Zielstandardabweichung (zur Information)	0,0703
Untere Grenze des Zielbereichs	1,64
Obere Grenze des Zielbereichs	2,25
Quotient S*/opt'	2,0
Standardunsicherheit U(Xpt)	0,117
Quotient U(Xpt)/Opt'	0,77
Ergebnisse im Zielbereich	9
Prozent im Zielbereich	82%

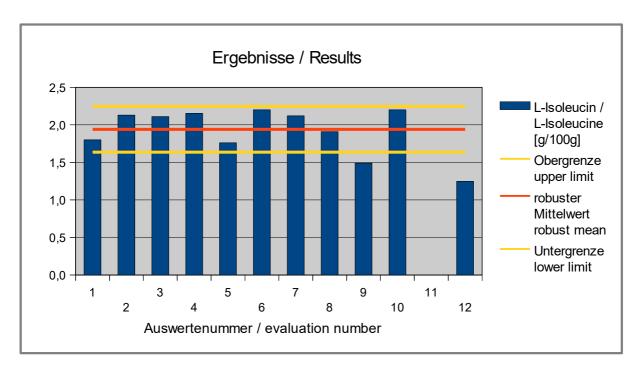


Abb. / Fig. 15: Ergebnisse L-Isoleucin / Results L-Isoleucine

Auswerte- nummer	L-Isoleucin / L-Isoleucine	Abweichung [mg/kg]	z'-Score	z-Score	Hinweis
Evaluation number	[g/100g]	Deviation [mg/kg]	$(\sigma_{pt})$	(Info)	Remark
1	1,80	-0,141	-0 <b>,</b> 92	-2,0	
2	2,13	0,189	1,2	2,7	
3	2,11	0,169	1,1	2,4	
4	2 <b>,</b> 15	0,210	1,4	3,0	
5	1,76	-0,181	-1,2	-2,6	
6	2,20	0,259	1,7	3,7	
7	2,12	0,179	1,2	2,6	
8	1,91	-0,031	-0,20	-0,44	
9	1,49	-0,451	-3,0	-6,4	
10	2,20	0,259	1,7	3,7	
11					
12	1 <b>,</b> 25	-0,694	-4,6	-9,9	

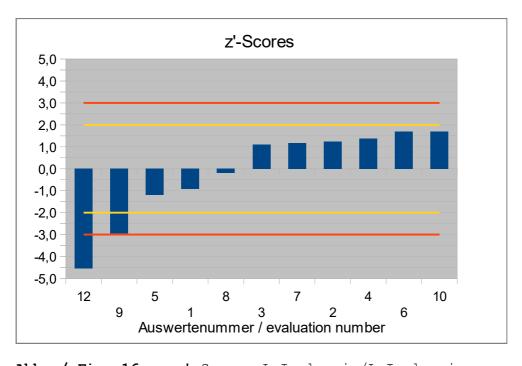


Abb. / Fig. 16: z'-Scores L-Isoleucin/L-Isoleucine

#### 4.9 L-Leucin/L-Leucine in g/100g

Kenndaten	
Anzahl der Messergebnisse	11
Anzahl der Ausreißer	0
Mittelwert	3,37
Median	3,45
Robuster Mittelwert (Xpt)	3,37
Robuste Standardabweichung (S*)	0,314
Anzahl mit 2 Wiederholmessungen	11
Wiederholstandardabweichung $(S_r)$	0,0777
Variationskoeffizient (VK <sub>r</sub> )	2,31%
	0,288
Variationskoeffizient (VK <sub>R</sub> )	8,55%
Zielkenndaten:	
Zielstandardabweichung $\sigma_{\!\scriptscriptstyle P}$ t	0,182
Zielstandardabweichung (zur Information)	0,112
Untere Grenze des Zielbereichs	3,01
Obere Grenze des Zielbereichs	3,74
Quotient S*/opt	1,7
Standardunsicherheit U(Xpt)	0,118
Quotient U(Xpt)/Opt	0,65
Ergebnisse im Zielbereich	9
Prozent im Zielbereich	82%

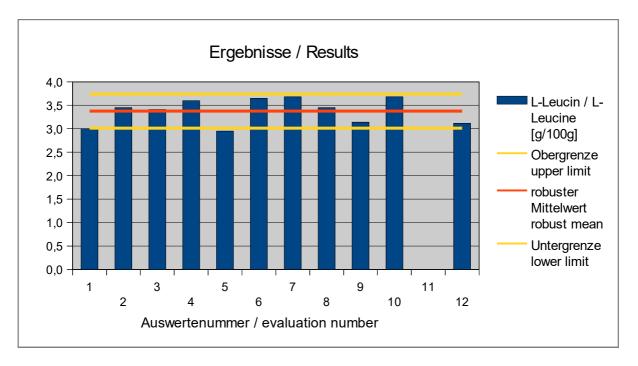


Abb. / Fig. 17: Ergebnisse L-Leucin / Results L-Leucine

Auswerte- nummer	L-Leucin / L-Leucine	Abweichung [mg/kg]	z-Score	z-Score	Hinweis
Evaluation number	[g/100g]	Deviation [mg/kg]	( <b>o</b> pt)	(Info)	Remark
1	3,00	-0,375	-2,1	-3,3	
2	3,45	0,075	0,41	0,67	
3	3,41	0,035	0,19	0,31	
4	3,60	0,222	1,2	2,0	
5	2,95	-0,425	-2,3	-3,8	
6	3 <b>,</b> 65	0,275	1,5	2,4	
7	3,68	0,305	1,7	2,7	
8	3 <b>,</b> 45	0,075	0,41	0,67	
9	3,14	-0,235	-1,3	-2,1	
10	3,68	0,305	1,7	2,7	
11					
12	3,12	-0,258	-1,4	-2,3	

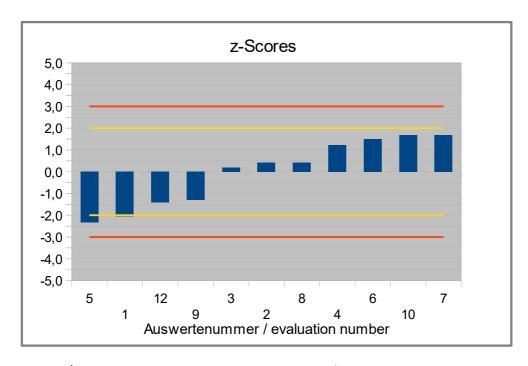


Abb. / Fig. 18: z-Scores L-Leucin/L-Leucine

#### 4.10 L-Lysin/L-Lysine in g/100g

Kenndaten	
Anzahl der Messergebnisse	11
Anzahl der Ausreißer	1
Mittelwert	2,41
Median	2,46
Robuster Mittelwert (Xpt)	2,43
Robuste Standardabweichung (S*)	0,293
Anzahl mit 2 Wiederholmessungen	11
$Wiederholstandardabweichung (S_r)$	0,0472
Variationskoeffizient (VK <sub>r</sub> )	1,96%
	0,309
Variationskoeffizient (VK <sub>R</sub> )	12,8%
Zielkenndaten:	
Zielstandardabweichung $\sigma_{\!\scriptscriptstyle P} t$	0,215
Zielstandardabweichung (zur Information)	0,0852
Untere Grenze des Zielbereichs	2,00
Obere Grenze des Zielbereichs	2,87
Quotient S*/opt	1,4
Standardunsicherheit U(Xpt)	0,111
Quotient U(Xpt)/Opt	0,51
Ergebnisse im Zielbereich	10
Prozent im Zielbereich	91%

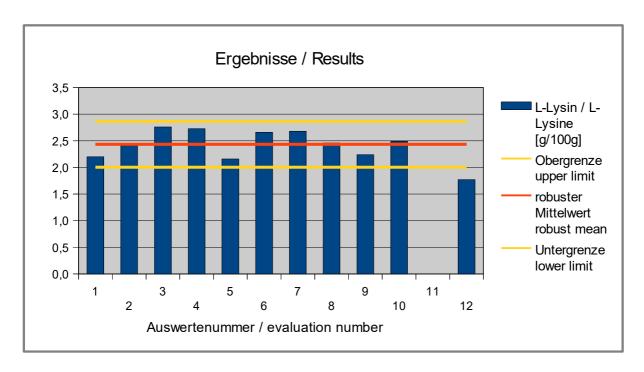


Abb. / Fig. 19: Ergebnisse L-Lysin / Results L-Lysine

Auswerte- nummer	L-Lysin / L-Lysine	Abweichung [mg/kg]	z-Score	z-Score	Hinweis
Evaluation number	[g/100g]	Deviation [mg/kg]	( <b>o</b> pt)	(Info)	Remark
1	2,20	-0,235	-1,1	-2,8	
2	2,41	-0,025	-0,12	-0,29	
3	2 <b>,</b> 76	0,325	1,5	3,8	
4	2,73	0,294	1,4	3,5	
5	2,16	-0,275	-1,3	-3,2	
6	2,66	0,225	1,0	2,6	
7	2,68	0,245	1,1	2,9	
8	2,46	0,025	0,12	0,29	
9	2,24	-0,195	-0,90	-2,3	
10	2,49	0,055	0,26	0,65	
11	0,000472				Ergebnis ausgeschlossen / Result excluded
12	1 <b>,</b> 77	-0,664	-3,1	<b>-7,</b> 8	

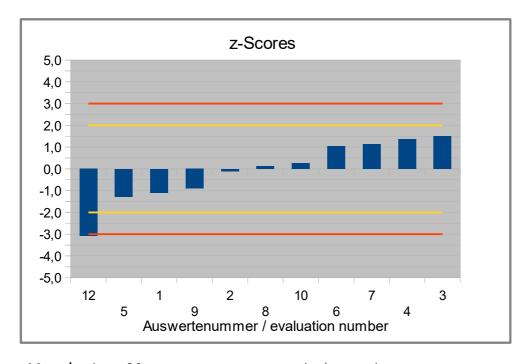


Abb. / Fig. 20: z-Scores L-Lysin/L-Lysine

#### 4.11 L-Methionin/L-Methionine in g/100q

Kenndaten	
Anzahl der Messergebnisse	10
Anzahl der Ausreißer	1
Mittelwert	0,590
Median	0,590
Robuster Mittelwert (Xpt)	0,588
Robuste Standardabweichung (S*)	0,0840
Anzahl mit 2 Wiederholmessungen	10
Wiederholstandardabweichung $(S_r)$	0,0195
Variationskoeffizient (VK <sub>r</sub> )	3,30%
	0,0812
Variationskoeffizient (VK <sub>R</sub> )	13,8%
Zielkenndaten:	
Zielstandardabweichung $\sigma_{\!\scriptscriptstyle P}$ t	0,0393
Zielstandardabweichung (zur Information)	0,0255
Untere Grenze des Zielbereichs	0,509
Obere Grenze des Zielbereichs	0,666
Quotient S*/opt	2,1
Standardunsicherheit U(Xpt)	0,0332
Quotient U(Xpt)/Opt	0,85
Ergebnisse im Zielbereich	7
Prozent im Zielbereich	70%

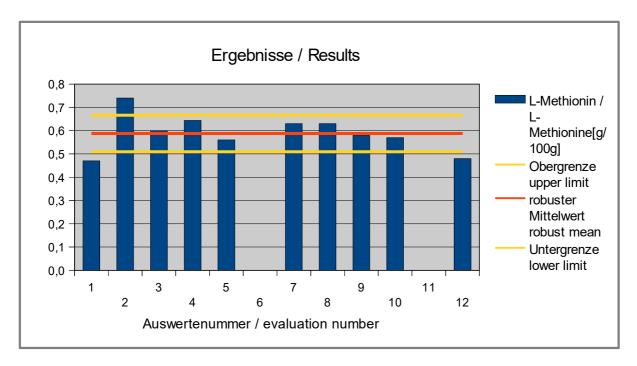


Abb. / Fig. 21: Ergebnisse L-Methionin / Results L-Methionine

Auswerte- nummer	L-Methionin / L-Methionine	Abweichung [mg/kg]	z-Score	z-Score	Hinweis
Evaluation number	[g/100g]	Deviation [mg/kg]	( <b>o</b> pt)	(Info)	Remark
1	0,470	-0,118	-3,0	-4,6	
2	0,740	0,152	3,9	6,0	
3	0,600	0,012	0,31	0,48	
4	0,644	0,056	1,4	2,2	
5	0,560	-0,028	-0,71	-1,1	
6					
7	0,630	0,042	1,1	1,7	
8	0,630	0,042	1,1	1,7	
9	0,580	-0,008	-0,20	-0,31	
10	0,570	-0,018	-0,45	-0,70	
11	0,000063				Ausreißer ausgeschlossen / Outlier excluded
12	0,480	-0,108	-2,7	-4,2	

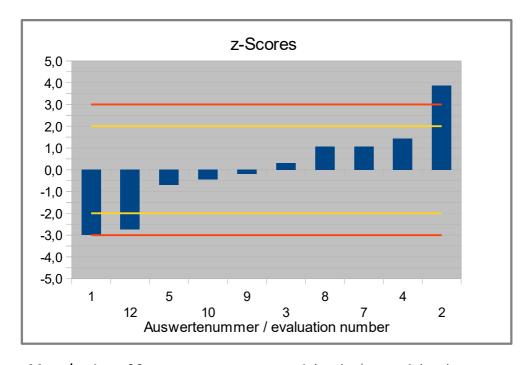


Abb. / Fig. 22: z-Scores L-Methionin/L-Methionine

### 4.12 L-Phenylalanin/L-Phenylalanine in g/100g

Kenndaten	
Anzahl der Messergebnisse	11
Anzahl der Ausreißer	0
Mittelwert	2,10
Median	2,24
Robuster Mittelwert (Xpt)	2,12
Robuste Standardabweichung (S*)	0,211
Anzahl mit 2 Wiederholmessungen	11
Wiederholstandardabweichung $(S_r)$	0,0393
Variationskoeffizient (VK <sub>r</sub> )	1,88%
	0,239
Variationskoeffizient (VK <sub>R</sub> )	11,4%
Zielkenndaten:	
Zielstandardabweichung $\sigma_{Pt}$	0,110
Untere Grenze des Zielbereichs	1,90
Obere Grenze des Zielbereichs	2,34
Quotient S*/opt'	1,9
Standardunsicherheit U(Xpt)	0,0794
Quotient U(Xpt)/Opt'	0,72
Ergebnisse im Zielbereich	9
Prozent im Zielbereich	82%

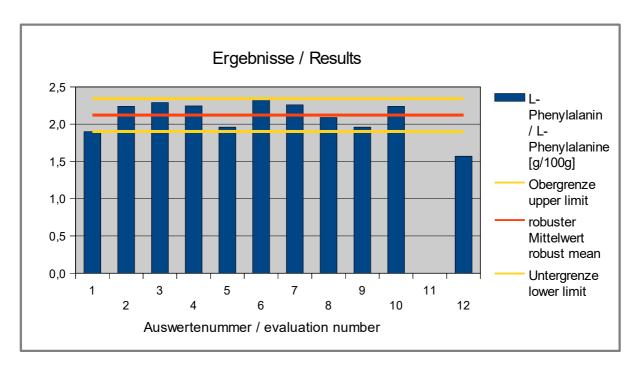


Abb. / Fig. 23: Ergebnisse L-Phenylalanin / Results L-Phenylalanine

Auswerte- nummer	L-Phenylalanin / L-	Abweichung [mg/kg]	z'-Score	Hinweis
Evaluation number	Phenylalanine [g/100g]	Deviation [mg/kg]	( <b>o</b> pt)	Remark
1	1,90	-0,222	-2,0	
2	2,24	0,118	1,1	
3	2,29	0,168	1,5	
4	2,25	0,123	1,1	
5	1,96	-0,162	-1,5	
6	2,35	0,228	2,1	
7	2,26	0,138	1,3	
8	2,09	-0,032	-0,29	
9	1,96	-0,162	-1,5	
10	2,24	0,118	1,1	
11				
12	1,57	-0,552	-5,0	

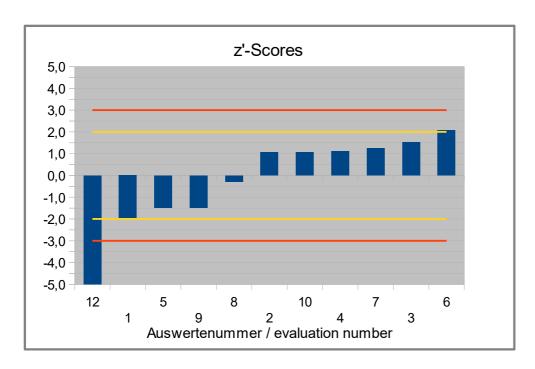


Abb. / Fig. 24: z'-Scores L-Phenylalanin/L-Phenylalanine

### 4.13 L-Prolin/L-Proline in g/100g

Kenndaten	
Anzahl der Messergebnisse	10
Anzahl der Ausreißer	0
Mittelwert	2,41
Median	2,54
Robuster Mittelwert (Xpt)	2,41
Robuste Standardabweichung (S*)	0,294
Anzahl mit 2 Wiederholmessungen	10
Wiederholstandardabweichung $(S_r)$	0,106
Variationskoeffizient (VK <sub>r</sub> )	4,39%
$Vergleichsstandardabweichung (S_R)$	0,270
Variationskoeffizient (VK <sub>R</sub> )	11,2%
Zielkenndaten:	
Zielstandardabweichung $\sigma_{\!\scriptscriptstyle P}$ t	0,190
Zielstandardabweichung (zur Information)	0,0845
Untere Grenze des Zielbereichs	2,03
Obere Grenze des Zielbereichs	2,79
Quotient S*/opt	1,6
Standardunsicherheit U(Xpt)	0,116
Quotient U(Xpt)/Opt	0,61
Ergebnisse im Zielbereich	9
Prozent im Zielbereich	90%

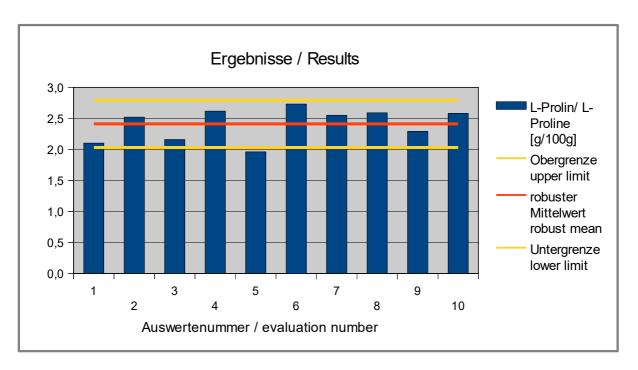


Abb. / Fig. 25: Ergebnisse L-Prolin / Results L-Proline

Auswerte- nummer	L-Prolin/ L-Proline	Abweichung [mg/kg]	z-Score	z-Score	Hinweis
Evaluation number	[g/100g]	Deviation [mg/kg]	$(\sigma_{pt})$	(Info)	Remark
1	2,10	-0,311	-1,6	-3,7	
2	2 <b>,</b> 52	0,109	0,58	1,3	
3	2,16	-0,251	-1,3	-3,0	
4	2,62	0,206	1,1	2,4	
5	1,96	-0,451	-2,4	-5,3	
6	2,73	0,319	1,7	3,8	
7	2 <b>,</b> 55	0,139	0,73	1,6	
8	2 <b>,</b> 59	0,179	0 <b>,</b> 95	2,1	
9	2 <b>,</b> 29	-0,121	-0,64	-1,4	
10	2 <b>,</b> 58	0,169	0,89	2,0	

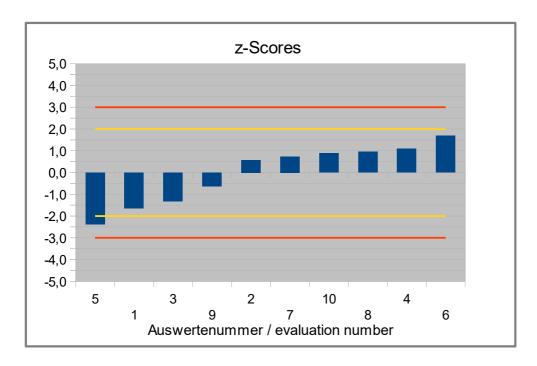


Abb. / Fig. 26: z-Scores L-Prolin/L-Proline

#### 4.14 L-Serin/L-Serine in q/100q

Kenndaten	
Anzahl der Messergebnisse	11
Anzahl der Ausreißer	0
Mittelwert	2,12
Median	2,21
Robuster Mittelwert (Xpt)	2,18
Robuste Standardabweichung (S*)	0,209
Anzahl mit 2 Wiederholmessungen	11
Wiederholstandardabweichung $(S_r)$	0,189
Variationskoeffizient (VK <sub>r</sub> )	8,95%
	0,364
Variationskoeffizient (VK <sub>R</sub> )	17,2%
Zielkenndaten:	
Zielstandardabweichung $\sigma_{Pt}$	0,125
Zielstandardabweichung (zur Information)	0,0774
Untere Grenze des Zielbereichs	1,93
Obere Grenze des Zielbereichs	2,42
Quotient S*/opt'	1,7
Standardunsicherheit U(Xpt)	0,0787
Quotient U(Xpt)/Opt'	0,63
Ergebnisse im Zielbereich	8
Prozent im Zielbereich	73%

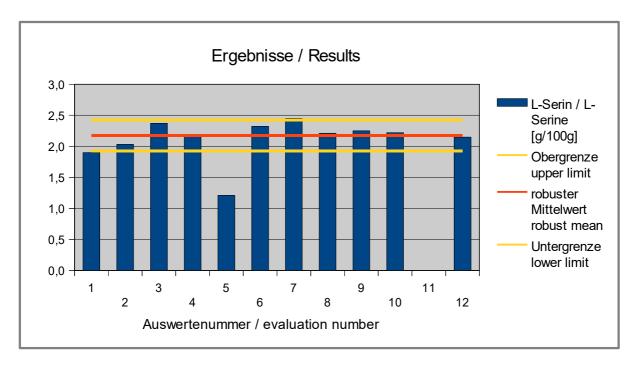


Abb. / Fig. 27: Ergebnisse L-Serin / Results L-Serine

Auswerte- nummer	L-Serin / L-Serine	z'-Score		z-Score	Hinweis				
Evaluation number	[g/100g]	Deviation [mg/kg]	( <b>o</b> pt)	(Info)	Remark				
1	1,90	-0,275	-2,2	-3,6					
2	2,03	-0,145	-1,2	-1,9					
3	2,37	0,195	1,6	2,5					
4	2,17	-0,010	-0,08	-0,13					
5	1,21	-0,965	-7,7	-12,5					
6	2,32	0,145	1,2	1,9					
7	2,45	0,275	2,2	3,6					
8	2,21	0,035	0,28	0,45					
9	2,25	0,075	0,60	1,0					
10	2,22	0,045	0,36	0,58					
11									
12	2,15	-0,027	-0,21	-0,35					

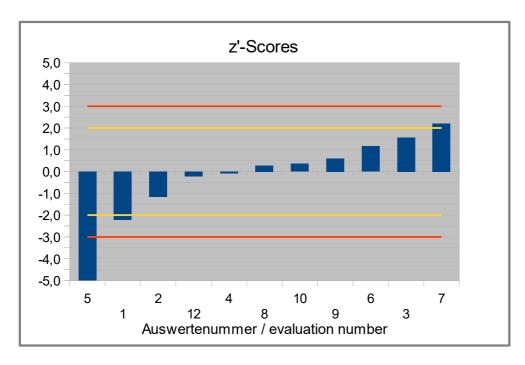


Abb. / Fig. 28: z'-Scores L-Serin/L-Serine

### 4.15 L-Threonin/L-Threonine in g/100q

Kenndaten	
Anzahl der Messergebnisse	11
Anzahl der Ausreißer	0
Mittelwert	1,57
Median	1,59
Robuster Mittelwert (Xpt)	1,57
Robuste Standardabweichung (S*)	0,171
Anzahl mit 2 Wiederholmessungen	10
Wiederholstandardabweichung $(S_r)$	0,0418
Variationskoeffizient (VK <sub>r</sub> )	2,63%
	0,146
$Variationskoeffizient (VK_R)$	9,21%
Zielkenndaten:	
Zielstandardabweichung $\sigma_{\!P}t$	0,0884
Zielstandardabweichung (zur Information)	0,0587
Untere Grenze des Zielbereichs	1,39
Obere Grenze des Zielbereichs	1,75
Quotient S*/opt	1,9
Standardunsicherheit U(Xpt)	0,0644
Quotient U(Xpt)/Opt	0,73
Ergebnisse im Zielbereich	8
Prozent im Zielbereich	73%

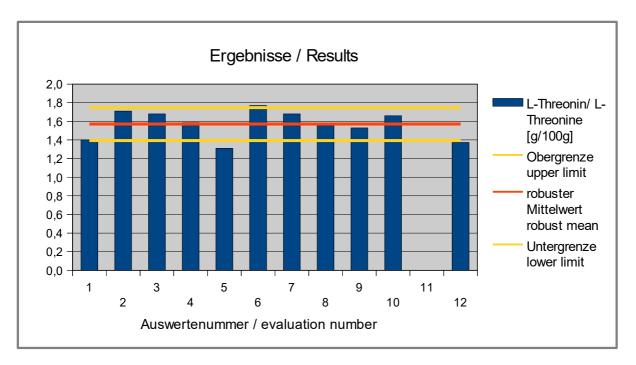


Abb. / Fig. 29: Ergebnisse L-Threonin / Results L-Threonine

Auswerte- nummer	L-Threonin/ L-Threonine	Abweichung [mg/kg]	z-Score	z-Score	Hinweis
Evaluation number	[g/100g]	Deviation [mg/kg]	$(\sigma_{pt})$	(Info)	Remark
1	1,40	-0,170	-1,9	-2,9	
2	1,71	0,140	1,6	2,4	
3	1,68	0,110	1,2	1,9	
4	1 <b>,</b> 59	0,017	0,19	0,28	
5	1,31	-0,260	-2,9	-4,4	
6	1,77	0,200	2,3	3,4	
7	1,68	0,110	1,2	1,9	
8	1,57	0,000	0,00	-0,01	
9	1,53	-0,040	-0,46	-0,69	
10	1,66	0,090	1,0	1,5	
11					
12	1 <b>,</b> 37	-0,197	-2,2	-3,4	

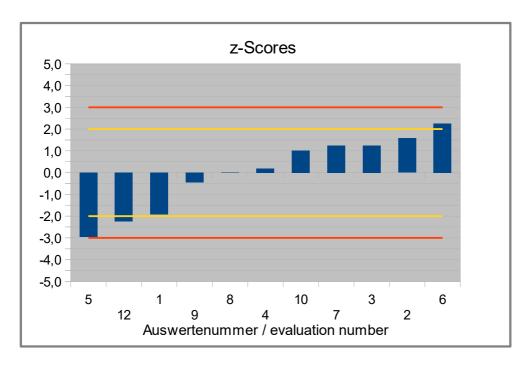


Abb. / Fig. 30: z-Scores L-Threonin/L-Threonine

### 4.16 L-Tryptophan in g/100g

Kenndaten	
Anzahl der Messergebnisse	7
Anzahl der Ausreißer	0
Mittelwert	0,416
Median	0,470
Robuster Mittelwert (Xpt)	0,416
Robuste Standardabweichung (S*)	0,153
Anzahl mit 2 Wiederholmessungen	7
Wiederholstandardabweichung $(S_r)$	0,0107
Variationskoeffizient (VK <sub>r</sub> )	2,59%
$Vergleichsstandardabweichung (S_R)$	0,135
Variationskoeffizient (VK <sub>R</sub> )	32,6%
Zielkenndaten:	
Zielstandardabweichung $\sigma_{\!\scriptscriptstyle P}$ $t'$	0,0780
Zielstandardabweichung (zur Information)	0,0190
Untere Grenze des Zielbereichs	0,260
Obere Grenze des Zielbereichs	0,572
Quotient S*/opt'	2,0
Standardunsicherheit U(Xpt)	0,0723
Quotient U(Xpt)/Opt'	0,93
Ergebnisse im Zielbereich	6
Prozent im Zielbereich	86%

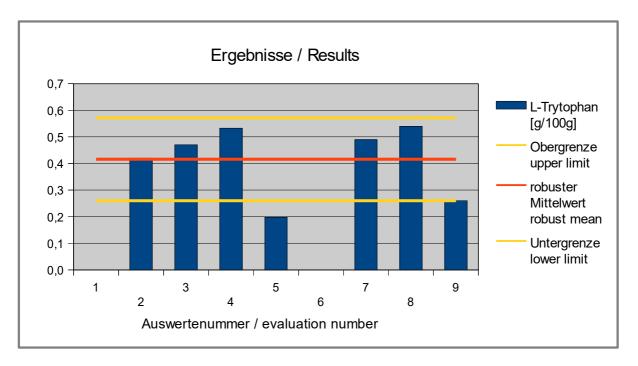


Abb. / Fig. 31: Ergebnisse L-Tryptophan / Results L-Tryptophan

Auswerte- nummer	L-Trytophan [g/100g]	Abweichung [mg/kg]	z'-Score	z-Score	Hinweis
Evaluation number		Deviation [mg/kg]	( <b>o</b> pt)	(Info)	Remark
1					
2	0,42	0,004	0,05	0,22	
3	0,47	0,054	0,69	2,9	
4	0,53	0,117	1,5	6,2	
5	0,20	-0,218	-2,8	-11,5	
6					
7	0,49	0,074	1,0	3,9	
8	0,54	0,124	1,6	6 <b>,</b> 5	
9	0,26	-0,156	-2,0	-8,2	

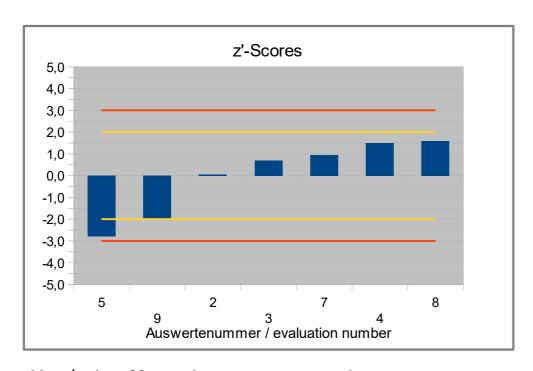
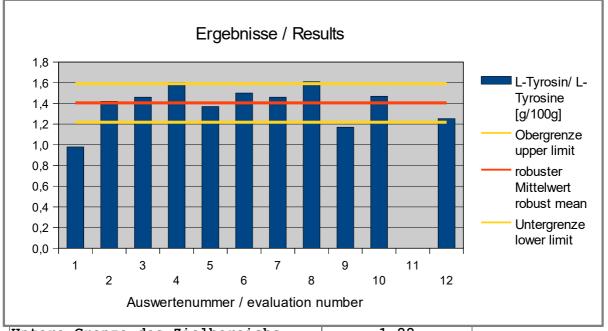


Abb. / Fig. 32: z'-Scores L-Tryptophan

# 4.17 L-Tyrosin/L-Tyrosine in g/100g



Untere Grenze des Zielbereichs	1,22
Obere Grenze des Zielbereichs	1,59
Quotient S*/opt	1,9
Standardunsicherheit U(Xpt)	0,0682
Quotient U(Xpt)/Opt	0,73
Ergebnisse im Zielbereich	7
Prozent im Zielbereich	64%

Abb. / Fig. 33: Ergebnisse L-Tyrosin / Results L-Tyrosine

Auswerte- nummer	L-Tyrosin/ L-Tyrosine	Abweichung [mg/kg]	z-Score	z-Score	Hinweis
Evaluation number	[g/100g]	Deviation [mg/kg]	$(\sigma_{pt})$	(Info)	Remark
1	0,980	-0,424	-4,6	-8,0	
2	1,42	0,016	0,17	0,29	
3	1,46	0,056	0,60	1,0	
4	1,60	0,199	2,1	3,7	
5	1,37	-0,034	-0,37	-0,65	
6	1,50	0,096	1,0	1,8	
7	1,46	0,056	0,60	1,0	
8	1,61	0,206	2,2	3,9	
9	1,17	-0,234	-2,5	-4,4	
10	1,47	0,066	0,7	1,2	
11					
12	1 <b>,</b> 25	-0,152	-1,6	-2,8	

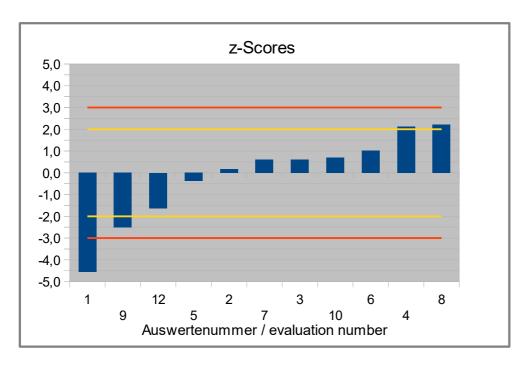


Abb. / Fig. 34: z-Scores L-Tyrosin/L-Tyrosine

### 4.18 L-Valin/L-Valine in g/100q

Kenndaten	
Anzahl der Messergebnisse	11
Anzahl der Ausreißer	1
Mittelwert	2,26
Median	2,21
Robuster Mittelwert (Xpt)	2,14
Robuste Standardabweichung (S*)	0,318
Anzahl mit 2 Wiederholmessungen	10
$Wiederholstandardabweichung (S_r)$	0,028
Variationskoeffizient (VK <sub>r</sub> )	1,34%
	0,263
Variationskoeffizient (VK <sub>R</sub> )	12,6%
Zielkenndaten:	
Zielstandardabweichung $\sigma_{pt'}$	0,174
Zielstandardabweichung (zur Information)	0,0764
Untere Grenze des Zielbereichs	1,79
Obere Grenze des Zielbereichs	2,49
Quotient S*/opt'	1,8
Standardunsicherheit U(Xpt)	0,120
Quotient U(Xpt)/Opt'	0,69
Ergebnisse im Zielbereich	9
Prozent im Zielbereich	82%

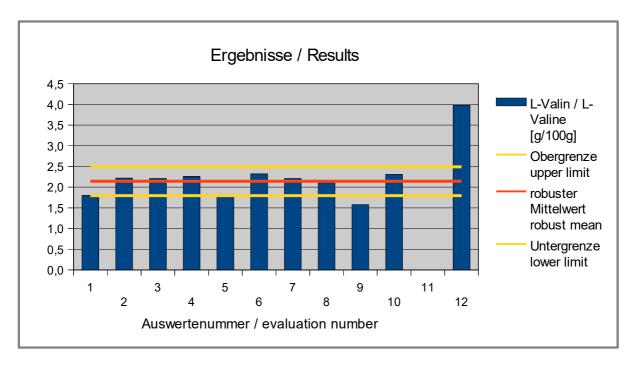


Abb. / Fig. 35: Ergebnisse L-Valin / Results L-Valine

Auswerte- nummer	L-Valin / L-Valine	z - Score			Hinweis
Evaluation number	[g/100g]	Deviation [mg/kg]	( <b>o</b> pt)	(Info)	Remark
1	1,80	-0,343	-2,0	-4,5	
2	2,22	0,077	0,45	1,0	
3	2,21	0,067	0,39	0,88	
4	2,26	0,120	0,69	1,6	
5	1,79	-0,353	-2,0	-4,6	
6	2,32	0,177	1,0	2,3	
7	2,21	0,067	0,39	0,88	
8	2,16	0,017	0,10	0,23	
9	1,58	-0,563	-3,2	-7,4	
10	2,31	0,167	1,0	2,2	
11					
12	3,98	1,833	10,5	24,0	

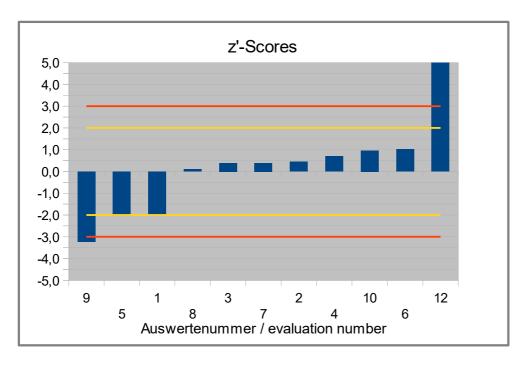


Abb. / Fig. 36: z'-Scores L-Valin/L-Valine

### 4.19 z-Scores der Teilnehmer: Übersichtstabelle

Auswertenummer	Ala	Arg	Asp	Cys	Glu	Gly	His	Iso	Leu	Lys	Met	Phe	Pro	Ser	Thr	Trp	Tyr	Val
1	-1,7	-2,0	-1,7		-1,2	-1,5	-1,2	-0,9	-2,1	-1,1	-3,0	-2,0	-1,6	-2,2	-1,9		-4,6	-2,0
2	0,2	-0,2	-0,2	2,1	-0,1	-0,2	0,4	1,2	0,4	-0,1	3,9	1,1	0,6	-1,2	1,6	0,1	0,2	0,4
3	0,8	1,1	1,6	1,2	1,2	0,7	2,4	1,1	0,2	1,5	0,3	1,5	-1,3	1,6	1,2	0,7	0,6	0,4
4	1,1	1,1	1,6		1,2	1,3	0,2	1,4	1,2	1,4	1,4	1,1	1,1	-0,1	0,2	1,5	2,1	0,7
5	-3,1	-1,4	-2,1	-0,3	-2,0	-3,6	-0,3	-1,2	-2,3	-1,3	-0,7	-1,5	-2,4	-7,7	-2,9	<b>-2,8</b>	-0,4	-2,0
6	1,6	1,2	1,1		1,8	1,5	0,7	1,7	1,5	1,0		2,1	1,7	1,2	2,3		1,0	1,0
7	1,7	1,3	1,3	0,6	1,6	1,8	0,5	1,2	1,7	1,1	1,1	1,3	0,7	2,2	1,2	1,0	0,6	0,4
8	-0,1	0,3	0,5	-0,8	-0,4	0,5	1,5	-0,2	0,4	0,1	1,1	-0,3	0,9	0,3	0,0	1,6	2,2	0,1
9	0,1	-0,4	-0,2	-0,7	-0,6	0,2	-1,6	-3,0	-1,3	-0,9	-0,2	-1,5	-0,6	0,6	-0,5	-2,0	-2,5	-3,2
10	1,0	1,4	0,8	0,2	1,1	1,0	-0,1	1,7	1,7	0,3	-0,5	1,1	0,9	0,4	1,0		0,7	1,0
11																		
12	-2,0	-4,8	-4,3	-2,8	-3,9	-2,6	-3,9	-4,6	-1,4	-3,1	-2,7	-5,0		-0,2	-2,2		-1,6	10,5

Bewertung des z-Scores / valuation of z-score (DIN ISO 13528:2009-01):

Abkürzungen: Ala: L-Alanin/L-Alanine; Arg: L-Arginin/L-Arginine; Asp: L-Asparaginsäure/L-Aspartic acid; Cys: L-Cystin/L-Cystine; Glu: L-Glutaminsäure/L-Glutamic acid; Gly: Glycin/Glycine; His: L-Histidin/L-Histidine; Iso: L-Isoleucin/L-Isoleucine; Leu: L-Leucin/L-Leucine; Lys: L-Lysin/L-Lysine; Met: L-Methionin/L-Methionine; Phe: L-Phenylalanin/L-Phenylalanine; Pro: L-Prolin/L-Prolin; Ser: L-Serin/L-Serine; Thr: L-Threonin/L-Threonine; Trp: L-Tryptophan; Tyr: L-Tyrosin/L-Tyrosine; Val: L-Valin/L-Valine.

<sup>-2 ≤</sup> z-score ≤ 2 erfolgreich / successful (in green)

<sup>-2 &</sup>gt; z-score > 2 "Warnsignal" / warning signal (in yellow)

<sup>-3 &</sup>gt; z-score > 3 "Eingriffssignal" / action signal (in red)

# 5. Dokumentation

Hinweis: Angaben in englischer Sprache wurden von DLA nach bestem Wissen ins Deutsche übersetzt (ohne Gewähr der Richtigkeit).

#### 5.1 Angaben der Teilnehmer

# 5.1.1 Primärdaten

Parameter	Teilnehmer	Einheit	Proben-Nr. 1	Proben-Nr. 2	Datum d. Ana- lyse	Ergebnis (Mittel)	Ergebnis 1	Ergebnis 2	Bestim- mungsgrenze	Inkl. WF	Wiederfin- dungsrate [%]
Analyte	Participant	Unit	Sample No. 1	Sample No. 2	Date of analy- sis	Result (Mean)	Result 1	Result 2	Limit of determination	Incl. RR	Recovery rate [%]
	1	g/100g	64	26	06.10.20	1,5	1,5	1,5	0,2	nein	
	2	g/100g	15	75	28.09.20	1,7	1,67	1,73	0,11	nein	
	3	g/100g	13	77	15.09.20	1,77	1,74	1,8	0,005	nein	
	4	g/100g	3	87		1,797	1,809	1,786	0,05	ja	98
	5	g/100g	No. 31	No. 59	04.10.20	1,36	1,38	1,35		nein	
L-Alanin/L-	6	g/100g	6	23	29.09.20	1,85	1,85	1,85	0,04	nein	
Alanine	7	g/100g	30	60	20.10.20	1,86	1,87	1,84		nein	
	8	g/100g	43	47	22.10.	1,67	1,69	1,65	0,006	nein	х
	9	g/100g	28	62	28.09.20	1,69	1,69	1,69	0,05	nein	-
	10	g/100g			26.09.20	1,79	1,77	1,8			
	11	g/100g	44	45			·			·	
	12	g/100g	No. 35	No. 55	29.10.20	1,4701	1,4861	1,454	0.0005	ja	91,5

Parameter	Teilnehmer	Einheit	Proben-Nr. 1	Proben-Nr. 2	Datum d. Ana- lyse	Ergebnis (Mittel)	Ergebnis 1	Ergebnis 2	Bestim- mungsgrenze	Inkl. WF	Wiederfin- dungsrate [%]
Analyte	Participant	Unit	Sample No. 1	Sample No. 2	_	Result (Mean)	Result 1	Result 2	Limit of	Incl. RR	Recovery rate
					sis				determination		[%]
	1	g/100g			06.10.20	2,3	2,3	2,3	0,2	nein	
	2	g/100g			28.09.20	2,63	2,61	2,65	0,3	nein	
	3	g/100g			15.09.20	2,86	2,83	2,89	0,012	nein	
	4	g/100g				2,856	2,867	2,846	0,05	ja	100
	5	g/100g			04.10.20	2,42	2,45	2,4		nein	
L-Arginin/L-	6	g/100g				2,89	2,86	2,91	0,06	nein	
Arginine	7	g/100g				2,9	2,91	2,88			
	8	g/100g				2,72	2,73	2,71	0,013		
	9	g/100g			28.09.20	2,59	2,58	2,59	0,05	nein	-
	10	g/100g				2,92	2,79	3,04			
	11	g/100g									
1	12	g/100g			29.10.20	1,8066	1,7616	1,8516	0.0005	ja	99,3

Parameter	Teilnehmer	Einheit	Proben-Nr. 1	Proben-Nr. 2	Datum d. Ana- lyse	Ergebnis (Mittel)	Ergebnis 1	Ergebnis 2	Bestim- mungsgrenze	Inkl. WF	Wiederfin- dungsrate [%]
Analyte	Participant	Unit	Sample No. 1	Sample No. 2	Date of analy- sis	Result (Mean)	Result 1	Result 2	Limit of determination	Incl. RR	Recovery rate [%]
	1	g/100g			06.10.20	4	3,9	4,1	0,2	nein	
	2	g/100g			28.09.20	4,51	4,43	4,58	0,16	nein	
	3	g/100g			15.09.20	5,13	5,12	5,13	0,005	nein	
	4	g/100g				5,127	5,141	5,113	0,05	ja	96
L- [	5	g/100g			04.10.20	3,86	3,9	3,82		nein	
Asparaginsäu	6	g/100g				4,94	4,92	4,96	0,05	nein	
re/ L-Aspartic	7	g/100g				5,01	5,07	4,95			
acid	8	g/100g				4,73	4,71	4,75	0,009		
	9	g/100g			28.09.20	4,5	4,49	4,51	0,05	nein	-
	10	g/100g				4,85	4,79	4,91			
	11	g/100g									
	12	g/100g			29.10.20	3,1435	3,0987	3,1883	0.0005	ja	91,4

Parameter	Teilnehmer	Einheit	Proben-Nr. 1	Proben-Nr. 2	Datum d. Ana- lyse	Ergebnis (Mittel)	Ergebnis 1	Ergebnis 2	Bestim- mungsgrenze	Inkl. WF	Wiederfin- dungsrate [%]
Analyte	Participant	Unit	Sample No. 1	Sample No. 2	Date of analy- sis	Result (Mean)	Result 1	Result 2	Limit of determination	Incl. RR	Recovery rate [%]
	1	g/100g			06.10.20	nicht auswertbar	n.a.	n.a.	0,2	nein	
	2	g/100g									
	3	g/100g			16.09.20	0,56	0,56	0,55	0,004	nein	
	4	g/100g									
	5	g/100g								nein	
L-Cystein / L- Cysteine	6	g/100g									
Cysterrie	7	g/100g									
	8	g/100g			х	х	Х	х	х	Х	Х
	9	g/100g			28.09.20	-	-	-	-	-	-
	10	g/100g				0,49	0,49	0,48			
	11	g/100g									
	12	g/100g			29.10.20						

Parameter	Teilnehmer	Einheit	Proben-Nr. 1	Proben-Nr. 2	Datum d. Ana- lyse	Ergebnis (Mittel)	Ergebnis 1	Ergebnis 2	Bestim- mungsgrenze	Inkl. WF	Wiederfin- dungsrate [%]
Analyte	Participant	Unit	Sample No. 1	Sample No. 2	Date of analy- sis	Result (Mean)	Result 1	Result 2	Limit of determination	Incl. RR	Recovery rate [%]
	1	g/100g			06.10.20	nicht auswertbar	n.a.	n.a.	0,2	nein	
	2	g/100g			28.09.20	0,61	0,61	0,601	0,05	nein	
	3	g/100g									
	4	g/100g									
	5	g/100g								nein	
L-Cystin/L-	6	g/100g									
Cystine	7	g/100g				0,51	0,49	0,52			
	8	g/100g				0,41	0,41	0,41	0,013		
	9	g/100g			28.09.20	0,42	0,4	0,44	0,05	nein	-
	10	g/100g									
	11	g/100g									
	12	g/100g			29.10.20	0,2796	0,2388	0,3205	0.0005	ja	85,5

Parameter	Teilnehmer	Einheit	Proben-Nr. 1	Proben-Nr. 2	Datum d. Ana- lyse	Ergebnis (Mittel)	Ergebnis 1	Ergebnis 2	Bestim- mungsgrenze	Inkl. WF	Wiederfin- dungsrate [%]
Analyte	Participant	Unit	Sample No. 1	Sample No. 2	Date of analy- sis	Result (Mean)	Result 1	Result 2	Limit of determination	Incl. RR	Recovery rate [%]
	1	g/100g									
	2	g/100g									
	3	g/100g									
	4	g/100g									
	5	g/100g			06.10.2020	0,45	0,44	0,46		nein	
L-Cystin+	6	g/100g									
L-Cystein	7	g/100g									
	8	g/100g									
	9	g/100g									
	10	g/100g									
	11	g/100g								-	
	12	g/100g									

Parameter	Teilnehmer	Einheit	Proben-Nr. 1	Proben-Nr. 2	Datum d. Ana- lyse	Ergebnis (Mittel)	Ergebnis 1	Ergebnis 2	Bestim- mungsgrenze	Inkl. WF	Wiederfin- dungsrate [%]
Analyte	Participant	Unit	Sample No. 1	Sample No. 2	Date of analy- sis	Result (Mean)	Result 1	Result 2	Limit of determination	Incl. RR	Recovery rate [%]
	1	g/100g			06.10.20	1,4	1,3	1,4	0,2	nein	
	2	g/100g			28.09.20	1,53	1,5	1,56	0,11	nein	
	3	g/100g			15.09.20	1,62	1,61	1,62	0,007	nein	
	4	g/100g				1,685	1,666	1,705	0,05	ja	99
	5	g/100g			04.10.20	1,18	1,2	1,17		nein	
Glycin/Glycin	6	g/100g				1,71	1,71	1,71	0,04	nein	
е	7	g/100g				1,74	1,76	1,72			
	8	g/100g				1,6	1,62	1,58	0,006		
	9	g/100g			28.09.20	1,57	1,56	1,57	0,05	nein	-
	10	g/100g				1,66	1,63	1,69			
	11	g/100g						_			
	12	g/100g			29.10.20	1,2859	1,4623	1,1095	0.0005	ja	100

Parameter	Teilnehmer	Einheit	Proben-Nr. 1	Proben-Nr. 2	Datum d. Ana- lyse	Ergebnis (Mittel)	Ergebnis 1	Ergebnis 2	Bestim- mungsgrenze	Inkl. WF	Wiederfin- dungsrate [%]
Analyte	Participant	Unit	Sample No. 1	Sample No. 2	,	Result (Mean)	Result 1	Result 2	Limit of	Incl. RR	Recovery rate
					sis				determination		[%]
	1	g/100g			06.10.20	7,5	7,3	7,6	0,2	nein	
	2	g/100g			28.09.20	8,08	8,04	8,12	0,21	nein	
	3	g/100g			15.09.20	8,75	8,74	8,75	0,006	nein	
	4	g/100g				8,76	8,934	8,586	0,05	ja	98
L-	5	g/100g			04.10.20	7,09	7,18	6,996		nein	
Glutaminsäur	6	g/100g				9,06	9,04	9,07	0,14	nein	
e/L-Glutamic	7	g/100g				8,99	9,13	8,86			
acid	8	g/100g				7,95	7,97	7,92	0,01		
	9	g/100g			28.09.20	7,83	7,82	7,84	0,05	nein	-
	10	g/100g				8,69	8,58	8,79			
	11	g/100g									
	12	g/100g			29.10.20	6,1395	7,1635	5,1154	0.0005	ja	82,1

Parameter	Teilnehmer	Einheit	Proben-Nr. 1	Proben-Nr. 2	Datum d. Ana- lyse	Ergebnis (Mittel)	Ergebnis 1	Ergebnis 2	Bestim- mungsgrenze	Inkl. WF	Wiederfin- dungsrate [%]
Analyte	Participant	Unit	Sample No. 1	Sample No. 2	Date of analy-	Result (Mean)	Result 1	Result 2	Limit of	Incl. RR	Recovery rate
					sis				determination		[%]
	1	g/100g			06.10.20	0,89	0,88	0,9	0,2	nein	
	2	g/100g			28.09.20	1,07	1,06	1,07	0,29	nein	
	3	g/100g			15.09.20	1,29	1,28	1,3	0,034	nein	
	4	g/100g				1,044	1,067	1,021	0,05	ja	99
	5	g/100g			04.10.20	0,99	0,998	0,98		nein	
L-Histidin/L-	6	g/100g				1,1	1,1	1,1	0,07	nein	
Histidine	7	g/100g				1,08	1,09	1,06			
	8	g/100g				1,19	1,21	1,16	0,009		
	9	g/100g			28.09.20	0,85	0,85	0,84	0,05	nein	-
	10	g/100g				1,02	0,98	1,06		·	
	11	g/100g					-				
	12	g/100g			29.10.20	0,599	0,5137	0,6842	0.0005	ja	90,9

Parameter	Teilnehmer	Einheit	Proben-Nr. 1	Proben-Nr. 2	Datum d. Ana- lyse	Ergebnis (Mittel)	Ergebnis 1	Ergebnis 2	Bestim- mungsgrenze	Inkl. WF	Wiederfin- dungsrate [%]
Analyte	Participant	Unit	Sample No. 1	Sample No. 2	Date of analy-	Result (Mean)	Result 1	Result 2	Limit of	Incl. RR	Recovery rate
					sis				determination		[%]
	1	g/100g			06.10.20	1,8	1,8	1,8	0,2	nein	
	2	g/100g			28.09.20	2,13	2,1	2,16	0,2	nein	
	3	g/100g			15.09.20	2,11	2,09	2,13	0,003	nein	
	4	g/100g				2,151	2,159	2,142	0,05	ja	100
	5	g/100g			04.10.20	1,76	1,79	1,73		nein	
L-	6	g/100g				2,2	2,2	2,2	0,07	nein	
Isoleucin/Isole ucine	7	g/100g				2,12	2,13	2,1			
ucine	8	g/100g				1,91	1,92	1,9	0,009		
	9	g/100g			28.09.20	1,49	1,49	1,48	0,05	nein	-
	10	g/100g				2,2	2,18	2,22			
	11	g/100g									
	12	g/100g			29.10.20	1,2464	1,2056	1,2873	0.0005	ja	92

Parameter	Teilnehmer	Einheit	Proben-Nr. 1	Proben-Nr. 2	Datum d. Ana- lyse	Ergebnis (Mittel)	Ergebnis 1	Ergebnis 2	Bestim- mungsgrenze	Inkl. WF	Wiederfin- dungsrate [%]
Analyte	Participant	Unit	Sample No. 1	Sample No. 2	Date of analy- sis	Result (Mean)	Result 1	Result 2	Limit of determination	Incl. RR	Recovery rate [%]
	1	g/100g			06.10.20	3	2,9	3	0,2	nein	
	2	g/100g			28.09.20	3,45	3,4	3,5	0,22	nein	
	3	g/100g			15.09.20	3,41	3,36	3,46	0,004	nein	
	4	g/100g				3,597	3,526	3,669	0,05	ja	98
	5	g/100g			04.10.20	2,95	2,99	2,92		nein	
L-Leucin/L-	6	g/100g				3,65	3,64	3,65	0,09	nein	
Leucine	7	g/100g				3,68	3,72	3,64			
	8	g/100g				3,45	3,5	3,4	0,01		
	9	g/100g			28.09.20	3,14	3,12	3,15	0,05	nein	-
	10	g/100g				3,68	3,61	3,74			
	11	g/100g									
	12	g/100g			29.10.20	3,1167	3,0127	3,2206	0.0005	ja	70,7

Parameter	Teilnehmer	Einheit	Proben-Nr. 1	Proben-Nr. 2	Datum d. Ana- lyse	Ergebnis (Mittel)	Ergebnis 1	Ergebnis 2	Bestim- mungsgrenze	Inkl. WF	Wiederfin- dungsrate [%]
Analyte	Participant	Unit	Sample No. 1	Sample No. 2	Date of analy- sis	Result (Mean)	Result 1	Result 2	Limit of determination	Incl. RR	Recovery rate [%]
	1	g/100g			06.10.20	2,2	2,1	2,2	0,2	nein	
	2	g/100g			28.09.20	2,41	2,37	2,45	0,25	nein	
	3	g/100g			15.09.20	2,76	2,75	2,77	0,002	nein	
	4	g/100g				2,729	2,689	2,77	0,05	ja	101
	5	g/100g			04.10.20	2,16	2,18	2,13		nein	
L-Lysin/L-	6	g/100g				2,66	2,68	2,65	0,05	nein	
Lysine	7	g/100g				2,68	2,71	2,65			
	8	g/100g				2,46	2,49	2,43	0,06		
	9	g/100g			28.09.20	2,24	2,23	2,24	0,05	nein	-
	10	g/100g				2,49	2,44	2,53			
	11	g/100g				0,000472	0,000476	0,000469			
	12	g/100g			29.10.20	1,7711	1,7295	1,8128	0.0005	ja	100,6

Parameter	Teilnehmer	Einheit	Proben-Nr. 1	Proben-Nr. 2	Datum d. Ana- lyse	Ergebnis (Mittel)	Ergebnis 1	Ergebnis 2	Bestim- mungsgrenze	Inkl. WF	Wiederfin- dungsrate [%]
Analyte	Participant	Unit	Sample No. 1	Sample No. 2	Date of analy- sis	Result (Mean)	Result 1	Result 2	Limit of determination	Incl. RR	Recovery rate [%]
	1	g/100g			06.10.20	0,47	0,46	0,47	0,2	nein	
	2	g/100g			28.09.20	0,74	0,73	0,75	0,07	nein	
	3	g/100g			16.09.20	0,6	0,6	0,6	0,003	nein	
	4	g/100g				0,644	0,656	0,632	0,05	ja	96
	5	g/100g			04.10.20	0,56	0,57	0,56		nein	
L-Methionin/L-	6	g/100g									
Methionine	7	g/100g				0,63	0,64	0,62			
	8	g/100g				0,63	0,63	0,63	0,03		
	9	g/100g			28.09.20	0,58	0,57	0,58	0,05	nein	-
	10	g/100g				0,57	0,59	0,55			
	11	g/100g				0,000063	0,000063	0,000063			
	12	g/100g			29.10.20	0,4801	0,4473	0,5129	0.0005	ja	98,04

Parameter	Teilnehmer	Einheit	Proben-Nr. 1	Proben-Nr. 2	Datum d. Ana- lyse	Ergebnis (Mittel)	Ergebnis 1	Ergebnis 2	Bestim- mungsgrenze	Inkl. WF	Wiederfin- dungsrate [%]
Analyte	Participant	Unit	Sample No. 1	Sample No. 2	Date of analy- sis	Result (Mean)	Result 1	Result 2	Limit of determination	Incl. RR	Recovery rate [%]
	1	g/100g			06.10.20	1,9	1,8	1,9	0,2	nein	
	2	g/100g			28.09.20	2,24	2,22	2,25	0,26	nein	
	3	g/100g			15.09.20	2,29	2,26	2,32	0,007	nein	
	4	g/100g				2,245	2,252	2,238	0,05	ja	97
L-	5	g/100g			04.10.20	1,96	1,98	1,94		nein	
Phenylalanin/	6	g/100g				2,35	2,37	2,33	0,07	nein	
L-	7	g/100g				2,26	2,27	2,24			
Phenylalanine	8	g/100g				2,09	2,13	2,05	0,01		
-	9	g/100g			28.09.20	1,96	1,94	1,97	0,05	nein	-
	10	g/100g				2,24	2,23	2,25			
	11	g/100g									
	12	g/100g			29.10.20	1,5702	1,5269	1,6134	0.0005	ja	92,3

Parameter	Teilnehmer	Einheit	Proben-Nr. 1	Proben-Nr. 2	Datum d. Ana- lyse	Ergebnis (Mittel)	Ergebnis 1	Ergebnis 2	Bestim- mungsgrenze	Inkl. WF	Wiederfin- dungsrate [%]
Analyte	Participant	Unit	Sample No. 1	Sample No. 2	Date of analy- sis	Result (Mean)	Result 1	Result 2	Limit of determination	Incl. RR	Recovery rate [%]
	1	g/100g			06.10.20	2,1	2,1	2,1	0,2	nein	
	2	g/100g			28.09.20	2,52	2,73	2,3	0,15	nein	
	3	g/100g			17.09.20	2,16	2,22	2,09	0,013	nein	
	4	g/100g				2,617	2,638	2,596	0,05	ja	94
	5	g/100g			04.10.20	1,96	2,004	1,92		nein	
L-Prolin/L-	6	g/100g				2,73	2,7	2,74	0,11	nein	
Proline	7	g/100g				2,55	2,56	2,54			
	8	g/100g				2,59	2,59	2,58	0,01		
	9	g/100g			28.09.20	2,29	2,29	2,28	0,05	nein	-
	10	g/100g				2,58	2,53	2,63			
	11	g/100g									
	12	g/100g			29.10.20		·			·	

Parameter	Teilnehmer	Einheit	Proben-Nr. 1	Proben-Nr. 2	Datum d. Ana- lyse	Ergebnis (Mittel)	Ergebnis 1	Ergebnis 2	Bestim- mungsgrenze	Inkl. WF	Wiederfin- dungsrate [%]
Analyte	Participant	Unit	Sample No. 1	Sample No. 2	Date of analy- sis	Result (Mean)	Result 1	Result 2	Limit of determination	Incl. RR	Recovery rate [%]
	1	g/100g			06.10.20	1,9	1,8	1,9	0,2	nein	
	2	g/100g			28.09.20	2,03	2,01	2,05	0,14	nein	
	3	g/100g			15.09.20	2,37	2,33	2,4	0,005	nein	
	4	g/100g				2,165	2,158	2,172	0,05	ja	93
	5	g/100g			04.10.20	1,21	1,24	1,19		nein	
L-Serin/L-	6	g/100g				2,32	2,31	2,33	0,06	nein	
Serine	7	g/100g				2,45	2,47	2,43			
	8	g/100g				2,21	2,27	2,15	0,007		
	9	g/100g			28.09.20	2,25	2,24	2,25	0,05	nein	-
	10	g/100g				2,22	2,12	2,32			
	11	g/100g									
	12	g/100g			29.10.20	2,1483	2,5693	1,7273	0.0005	ja	77

Parameter	Teilnehmer	Einheit	Proben-Nr. 1	Proben-Nr. 2	Datum d. Ana- lyse	Ergebnis (Mittel)	Ergebnis 1	Ergebnis 2	Bestim- mungsgrenze	Inkl. WF	Wiederfin- dungsrate [%]
Analyte	Participant	Unit	Sample No. 1	Sample No. 2	Date of analy- sis	Result (Mean)	Result 1	Result 2	Limit of determination	Incl. RR	Recovery rate [%]
	1	g/100g			06.10.20	1,4	1,4	1,4	0,2	nein	
	2	g/100g			28.09.20	1,71	1,67	1,74	0,16	nein	
	3	g/100g			15.09.20	1,68	1,66	1,69	0,011	nein	
	4	g/100g				1,587	1,551	1,623	0,05	ja	97
	5	g/100g			04.10.20	1,31	1,32	1,3		nein	
L-Threonin/L-	6	g/100g				1,77	1,79	1,75	0,07	nein	
Thereonine	7	g/100g				1,68	1,7	1,66			
	8	g/100g				1,57	1,59	1,54	0,055		
	9	g/100g			28.09.20	1,53	1,54	1,51	0,05	nein	-
	10	g/100g				1,66	1,59	1,72			
	11	g/100g									
	12	g/100g			29.10.20	1,3729	1,905	0,8408	0.0005	ja	73,1

Parameter	Teilnehmer	Einheit	Proben-Nr. 1	Proben-Nr. 2	Datum d. Ana- lyse	Ergebnis (Mittel)	Ergebnis 1	Ergebnis 2	Bestim- mungsgrenze	Inkl. WF	Wiederfin- dungsrate [%]
Analyte	Participant	Unit	Sample No. 1	Sample No. 2	Date of analy- sis	Result (Mean)	Result 1	Result 2	Limit of determination	Incl. RR	Recovery rate [%]
	1	g/100g			06.10.20	nicht bestimmt					
	2	g/100g			21.09.20	0,42	0,42	0,41	0,09	nein	
	3	g/100g			15.09.20	0,47	0,46	0,47	0,005	nein	
	4	g/100g				0,533	0,543	0,524	0,05	ja	96
	5	g/100g			15.10.20	0,198	0,21	0,19		nein	
L-Tryptophan	6	g/100g									
	7	g/100g			17.09.20	0,49	0,501	0,48			
	8	g/100g				0,54	0,53	0,54	0,008		
	9	g/100g			28.09.20	0,26	0,25	0,26	0,05	nein	-
	10	g/100g									
	11	g/100g									
	12	g/100g			29.10.20	·	·				

Parameter	Teilnehmer	Einheit	Proben-Nr. 1	Proben-Nr. 2	Datum d. Ana- lyse	Ergebnis (Mittel)	Ergebnis 1	Ergebnis 2	Bestim- mungsgrenze	Inkl. WF	Wiederfin- dungsrate [%]
Analyte	Participant	Unit	Sample No. 1	Sample No. 2	Date of analy-	Result (Mean)	Result 1	Result 2	Limit of determination	Incl. RR	Recovery rate
	1	g/100g			06.10.20	0,98	0,97	0,98	0,2	nein	
	2	g/100g			28.09.20	1,42	1,39	1,45	0,29	nein	
	3	g/100g			15.09.20	1,46	1,46	1,45	0,008	nein	
	4	g/100g				1,603	1,622	1,584	0,05	ja	97
	5	g/100g			04.10.20	1,37	1,35	1,39		nein	
L-Tyrosin/L-	6	g/100g				1,5	1,45	1,55	0,04	nein	
Tyrosine	7	g/100g				1,46	1,47	1,44			
	8	g/100g				1,61	1,62	1,59	0,02		
-	9	g/100g			28.09.20	1,17	1,16	1,17	0,05	nein	-
	10	g/100g				1,47	1,39	1,54			
	11	g/100g									
	12	g/100g			29.10.20	1,2527	1,1928	1,3125	0.0005	ja	65,2

Parameter	Teilnehmer	Einheit	Proben-Nr. 1	Proben-Nr. 2	Datum d. Ana- lyse	Ergebnis (Mittel)	Ergebnis 1	Ergebnis 2	Bestim- mungsgrenze	Inkl. WF	Wiederfin- dungsrate [%]
Analyte	Participant	Unit	Sample No. 1	Sample No. 2		Result (Mean)	Result 1	Result 2	Limit of determination	Incl. RR	Recovery rate
	1	g/100g			06.10.20	1,8	1,8	1,8	0,2	nein	[%]
	2	g/100g			28.09.20	2,22	2,17	2,26	0,19	nein	
	3	g/100g			15.09.20	2,21	2,18	2,23	0,003	nein	
	4	g/100g				2,263	2,254	2,271	0,05	ja	100
	5	g/100g			04.10.20	1,79	1,81	1,77		nein	
L-Valin/L-	6	g/100g				2,32	2,32	2,32	0,03	nein	
Valine	7	g/100g				2,21	2,23	2,19			
	8	g/100g				2,16	2,17	2,14	0,008		
	9	g/100g			28.09.20	1,58	1,57	1,58	0,05	nein	-
	10	g/100g				2,31	2,32	2,3			
	11	g/100g									
	12	g/100g			29.10.20	3,9752	5,067	2,8833	0.0005	ja	71,7

# 5.1.2 Analytische Methoden

\* Bei Verwendung derselben Methode waren Hinweise zur Methode nur bei L-Alanin anzugeben.

Parameter	Teil- nehmer	Methodenbeschreibung	Probenvorbe- reitung	Messmethode	Kalibrierung/Referenz material	Wiederfindung mit gleicher Matrix	Methode ak- kreditiert	Sonstige Hinweise
Analyte	Partici- pant	Method description	Sample prepa- ration	Measuring method	calibration/ reference material	Recovery with same matrix	Method ac- credited	Further remarks
	1	PALC19:2014-03 (HPLC/FLD nach Derivatisierung)			AA-18 Sigma		ja	
	2	Bestimmung mittels Aminosäurenanalysator nach saurer Hydrolyse			interner Standard		ja	
	3	PA_A-202: 2016-01 (HPLC/FLD)	sr. Hydrolyse + OPA-Derv.				ja	
	4					nein	ja	
anine	5		saure Hydrolyse	alle: lonenaustauschchrom mit Ninhydrin- Nachsäulenderivatisierung; Detektion bei 570nm, Prolin bei 440nm, Trp bei 280nm	alle extern mit Stammlsg. Aus Sigma Aldrich Amino Acid Standard AAS18; Kalibrierbereich 1,25 bis 20nmol		nein	
Alanin/L-Alanine	6	Untersuchung von Lebensmitteln auf Aminosäuren nach Hydrolyse mittels HPLC		Aminos äurenanalve ator mit	Externer Standard, Einpunkt-Kalibration, Referenzmaterial: Milcheiweiß		ja	
F-A	7		freie AS (Pkt. 5.2 der VO (EG) Nr. 152/2009)		int. Std., 1-Pkt. Kali, Futtermittel		ja	
	8	1004   F(3B   49   1/2/	Hydrolyse 6 N HCL	Derivatisierung Ninhydrin	DLA-59 2016	nein	ja	х
	9	HPLC/FLD – Hausmethodennummer: PNTQ1339			Externe Kalibrierungskurve und eigenes Referenzmaterial	nein	ja	
	10	ASU L 49.07-1 (Mai 1985) und L49.07-2 (November 1986)					ja / nein	
	11							
	12	EZ: faast			DLA 50/2018		ja	

Parameter	Teil- nehmer	Methodenbeschreibung	Probenvorbe- reitung	Messmethode	Kalibrierung/Referenz material	Wiederfindung mit gleicher Matrix	Methode ak- kreditiert	Sonstige Hinweise
Analyte	Partici- pant	Method description	Sample prepa- ration	Measuring method	calibration/ reference material	Recovery with same matrix	Method ac- credited	Further remarks
	1	PALC19:2014-03 (HPLC/FLD nach Derivatisierung)			AA-18 Sigma		ja	
	2	Bestimmung mittels Aminosäurenanalysator nach saurer Hydrolyse			interner Standard		ja	
ine	3	PA_A-202: 2016-01 (HPLC/FLD)	sr. Hydrolyse + OPA-Derv.				ja	
Arginin/L-Arginine	4					nein	ja	
Į Ķ	5		saure Hydrolyse				nein	
lu/L	6						ja	
gini	7							
Ą	8							
	9	HPLC/FLD – Hausmethodennummer: PNTQ1339			Externe Kalibrierungskurve und eigenes Referenzmaterial	nein	ja	
	10							
	11							
	12	EZ: faast			DLA 50/2018		ja	

Parameter	Teil- nehmer	Methodenbeschreibung	Probenvorbe- reitung	Messmethode	Kalibrierung/Referenz material	Wiederfindung mit gleicher Matrix	Methode ak- kreditiert	Sonstige Hinweise
Analyte	Partici- pant	Method description	Sample preparation	Measuring method	calibration/ reference material	Recovery with same matrix	Method ac- credited	Further remarks
	1	PALC19:2014-03 (HPLC/FLD nach Derivatisierung)			AA-18 Sigma		ja	
acid	2	Bestimmung mittels Aminosäurenanalysator nach saurer Hydrolyse			interner Standard		ja	
-Aspartic	3	PA_A-202: 2016-01 (HPLC/FLD)	sr. Hydrolyse + OPA-Derv.				ja	
Asp	4					nein	ja	
_ <u> </u>	5		saure Hydrolyse				nein	
nre/	6						ja	
ISäl	7							
Igin	8							
L-Asparaginsäure/	9	HPLC/FLD – Hausmethodennummer: PNTQ1339			Externe Kalibrierungskurve und eigenes Referenzmaterial	nein	ja	
_	10							
	11							
	12	EZ: faast			DLA 50/2018		ja	

Parameter	Teil- nehmer	Methodenbeschreibung	Probenvorbe- reitung	Messmethode	Kalibrierung/Referenz material	Wiederfindung mit gleicher Matrix	Methode ak- kreditiert	Sonstige Hinweise
Analyte	Partici- pant	Method description	Sample prepa- ration	Measuring method	calibration/ reference material	Recovery with same matrix	Method ac- credited	Further remarks
	1	PALC19:2014-03 (HPLC/FLD nach Derivatisierung)			AA-18 Sigma		ja	
	2							
<u>o</u>	3	PA_A-202: 2016-01 (HPLC/FLD)	Oxidation + sr. Hydrolyse + OPA-Derv.				ja	
ej.	4							
yst	5		saure Hydrolyse				nein	
	6							
in/I	7							
Cystein/L-Cysteine	8	x	x	х	Х	х	х	х
<u>ک</u> ا	9	-			-	-	-	
, i	10							Cysteinsäure: 0,695 g/100g und 0,682 g/100g
	11							
	12							

Parameter	Teil- nehmer	Methodenbeschreibung	Probenvorbe- reitung	Messmethode	Kalibrierung/Referenz material	Wiederfindung mit gleicher Matrix	Methode ak- kreditiert	Sonstige Hinweise
Analyte	Partici- pant	Method description	Sample prepa- ration	Measuring method	calibration/ reference material	Recovery with same matrix	Method ac- credited	Further remarks
	1	PALC19:2014-03 (HPLC/FLD nach Derivatisierung)			AA-18 Sigma		ja	
	2	Bestimmung mittels Aminosäurenanalysator nach Oxidation und saurer Hydrolyse					ja	
-Cystin/L-Cystine	3							
yst	4							
်ဂို	5		saure Hydrolyse				nein	
lu/L	6							
ysti	7							
်ဂို	8							
	9	HPLC/FLD - internal method PNTQ1339			external calib. curve and internal RM	no	yes	
	10							
	11							
	12	EZ: faast			DLA 50/2018		ja	

Parameter	Teil- nehmer	Methodenbeschreibung	Probenvorbe- reitung	Messmethode	Kalibrierung/Referenz material	Wiederfindung mit gleicher Matrix	Methode ak- kreditiert	Sonstige Hinweise
Analyte	Partici- pant	Method description	Sample prepa- ration	Measuring method	calibration/ reference material	Recovery with same matrix	Method ac- credited	Further remarks
	1							
	2							
	3							
	4							
L-Cystin + L-Cystein	5	Oxidation zu Cysteinsäure, anschl. Saure Hydrolyse		extern mit selbst hergestellter Stammlsg. Aus Cysteinsäurehydrochlorid- Monohydrat (Merck); Kalibrierbereich 0,4 bis 2,8 nmol		nein		
Š	6							
<u> </u>	7							
	8							
	9							
	10							
	11							
	12							

Parameter	Teil- nehmer	Methodenbeschreibung	Probenvorbe- reitung	Messmethode	Kalibrierung/Referenz material	Wiederfindung mit gleicher Matrix	Methode ak- kreditiert	Sonstige Hinweise
Analyte	Partici- pant	Method description	Sample prepa- ration	Measuring method	calibration/ reference material	Recovery with same matrix	Method ac- credited	Further remarks
	1	PALC19:2014-03 (HPLC/FLD nach Derivatisierung)			AA-18 Sigma		ja	
	2	Bestimmung mittels Aminosäurenanalysator nach saurer Hydrolyse			interner Standard		ja	
4)	3	PA_A-202: 2016-01 (HPLC/FLD)	sr. Hydrolyse + OPA-Derv.				ja	
Glycin/Glycine	4					nein	ja	
\ \ <u>\{\}</u>	5		saure Hydrolyse				nein	
)/ui	6						ja	
) dei	7							
Ö	8							x
	9	HPLC/FLD – Hausmethodennummer: PNTQ1339			Externe Kalibrierungskurve und eigenes Referenzmaterial	nein	ja	
	10							
	11							
	12	EZ: faast			DLA 50/2018		ja	

Parameter	Teil- nehmer	Methodenbeschreibung	Probenvorbe- reitung	Messmethode	Kalibrierung/Referenz material	Wiederfindung mit gleicher Matrix	Methode ak- kreditiert	Sonstige Hinweise
Analyte	Partici- pant	Method description	Sample preparation	Measuring method	calibration/ reference material	Recovery with same matrix	Method ac- credited	Further remarks
	1	PALC19:2014-03 (HPLC/FLD nach Derivatisierung)			AA-18 Sigma		ja	
acid	2	Bestimmung mittels Aminosäurenanalysator nach saurer Hydrolyse			interner Standard		ja	
	3	PA_A-202: 2016-01 (HPLC/FLD)	sr. Hydrolyse + OPA-Derv.				ja	
int	4					nein	ja	
	5		saure Hydrolyse				nein	
lre/	6						ja	
sät	7							
ni n	8							x
L-Glutaminsäure/L-Glutamic	9	HPLC/FLD – Hausmethodennummer: PNTQ1339			Externe Kalibrierungskurve und eigenes Referenzmaterial	nein	ja	
	10							
	11							
	12	EZ: faast			DLA 50/2018		ja	

Parameter	Teil- nehmer	Methodenbeschreibung	Probenvorbe- reitung	Messmethode	Kalibrierung/Referenz material	Wiederfindung mit gleicher Matrix	Methode ak- kreditiert	Sonstige Hinweise
Analyte	Partici- pant	Method description	Sample prepa- ration	Measuring method	calibration/ reference material	Recovery with same matrix	Method ac- credited	Further remarks
	1	PALC19:2014-03 (HPLC/FLD nach Derivatisierung)			AA-18 Sigma		ja	
	2	Bestimmung mittels Aminosäurenanalysator nach saurer Hydrolyse			interner Standard		ja	
Histidin/L-Histidine	3	PA_A-202: 2016-01 (HPLC/FLD)	sr. Hydrolyse + OPA-Derv.				ja	
stic	4					nein	ja	
폭	5		saure Hydrolyse				nein	
in/L	6						ja	
tid	7							
±̈́	8							x
	9	HPLC/FLD – Hausmethodennummer: PNTQ1339			Externe Kalibrierungskurve und eigenes Referenzmaterial	nein	ja	
	10							
	11							
	12	EZ: faast			DLA 50/2018		ja	

Parameter	Teil- nehmer	Methodenbeschreibung	Probenvorbe- reitung	Messmethode	Kalibrierung/Referenz material	Wiederfindung mit gleicher Matrix	Methode ak- kreditiert	Sonstige Hinweise
Analyte	Partici- pant	Method description	Sample prepa- ration	Measuring method	calibration/ reference material	Recovery with same matrix	Method ac- credited	Further remarks
	1	PALC19:2014-03 (HPLC/FLD nach Derivatisierung)			AA-18 Sigma		ja	
	2	Bestimmung mittels Aminosäurenanalysator nach saurer Hydrolyse			interner Standard		ja	
Isoleucin/Isoleucine	3	PA_A-202: 2016-01 (HPLC/FLD)	sr. Hydrolyse + OPA-Derv.				ja	
len	4					nein	ja	
lso	5		saure Hydrolyse				nein	
/ui:	6						ja	
enc	7							
sol	8							x
Z	9	HPLC/FLD – Hausmethodennummer: PNTQ1339			Externe Kalibrierungskurve und eigenes Referenzmaterial	nein	ja	
	10							
	11							
	12	EZ: faast			DLA 50/2018		ja	

Parameter	Teil- nehmer	Methodenbeschreibung	Probenvorbe- reitung	Messmethode	Kalibrierung/Referenz material	Wiederfindung mit gleicher Matrix	Methode ak- kreditiert	Sonstige Hinweise
Analyte	Partici- pant	Method description	Sample prepa- ration	Measuring method	calibration/ reference material	Recovery with same matrix	Method ac- credited	Further remarks
	1	PALC19:2014-03 (HPLC/FLD nach Derivatisierung)			AA-18 Sigma		ja	
	2	Bestimmung mittels Aminosäurenanalysator nach saurer Hydrolyse			interner Standard		ja	
ne J	3	PA_A-202: 2016-01 (HPLC/FLD)	sr. Hydrolyse + OPA-Derv.				ja	
inci	4					nein	ja	
-Leucin/L-Leucine	5		saure Hydrolyse				nein	
lu/L	6						ja	
in in	7							
i F	8							x
	9	HPLC/FLD – Hausmethodennummer: PNTQ1339			Externe Kalibrierungskurve und eigenes Referenzmaterial	nein	ja	
	10							
	11							
	12	EZ: faast			DLA 50/2018		ja	

Parameter	Teil- nehmer	Methodenbeschreibung	Probenvorbe- reitung	Messmethode	Kalibrierung/Referenz material	Wiederfindung mit gleicher Matrix	Methode ak- kreditiert	Sonstige Hinweise
Analyte	Partici- pant	Method description	Sample prepa- ration	Measuring method	calibration/ reference material	Recovery with same matrix	Method ac- credited	Further remarks
	1	PALC19:2014-03 (HPLC/FLD nach Derivatisierung)			AA-18 Sigma		ja	
	2	Bestimmung mittels Aminosäurenanalysator nach saurer Hydrolyse			interner Standard		ja	
<u>σ</u>	3	PA_A-202: 2016-01 (HPLC/FLD)	sr. Hydrolyse + OPA-Derv.				ja	
sin	4					nein	ja	
-Lysin/L-Lysine	5		saure Hydrolyse				nein	
lu/L	6						ja	
·ysi	7							
	8							x
	9	HPLC/FLD – Hausmethodennummer: PNTQ1339			Externe Kalibrierungskurve und eigenes Referenzmaterial	nein	ja	
	10							
	11							
	12	EZ: faast			DLA 50/2018		ja	

Parameter	Teil- nehmer	Methodenbeschreibung	Probenvorbe- reitung	Messmethode	Kalibrierung/Referenz material	Wiederfindung mit gleicher Matrix	Methode ak- kreditiert	Sonstige Hinweise
Analyte	Partici- pant	Method description	Sample prepa- ration	Measuring method	calibration/ reference material	Recovery with same matrix	Method ac- credited	Further remarks
	1	PALC19:2014-03 (HPLC/FLD nach Derivatisierung)			AA-18 Sigma		ja	
	2	Bestimmung mittels Aminosäurenanalysator nach Oxidation und saurer Hydrolyse					ja	
Methionin/L-Methionine	3	PA_A-202: 2016-01 (HPLC/FLD)	Oxidation + sr. Hydrolyse + OPA- Derv.				ja	
/let/	4					nein	ja	
  -  -	5		saure Hydrolyse				nein	
ji	6							
je	7							
let	8							x
	9	HPLC/FLD – Hausmethodennummer: PNTQ1339			Externe Kalibrierungskurve und eigenes Referenzmaterial	nein	ja	
	10							
	11							
	12	EZ: faast			DLA 50/2018		ja	

Parameter	Teil- nehmer	Methodenbeschreibung	Probenvorbe- reitung	Messmethode	Kalibrierung/Referenz material	Wiederfindung mit gleicher Matrix	Methode ak- kreditiert	Sonstige Hinweise
Analyte	Partici- pant	Method description	Sample prepa- ration	Measuring method	calibration/ reference material	Recovery with same matrix	Method ac- credited	Further remarks
	1	PALC19:2014-03 (HPLC/FLD nach Derivatisierung)			AA-18 Sigma		ja	
line	2	Bestimmung mittels Aminosäurenanalysator nach saurer Hydrolyse			interner Standard		ja	
ylalar	3		sr. Hydrolyse + OPA-Derv.				ja	
Jer (	4					nein	ja	
<u> </u>	5		saure Hydrolyse				nein	
in/L	6						ja	
ani	7							
λla	8							x
L-Phenylalanin/L-Phenylalanine	9	HPLC/FLD – Hausmethodennummer: PNTQ1339			Externe Kalibrierungskurve und eigenes Referenzmaterial	nein	ja	
	10							
	11							
	12	EZ: faast			DLA 50/2018		ja	

Parameter	Teil- nehmer	Methodenbeschreibung	Probenvorbe- reitung	Messmethode	Kalibrierung/Referenz material	Wiederfindung mit gleicher Matrix	Methode ak- kreditiert	Sonstige Hinweise
Analyte	Partici- pant	Method description	Sample prepa- ration	Measuring method	calibration/ reference material	Recovery with same matrix	Method ac- credited	Further remarks
	1	PALC19:2014-03 (HPLC/FLD nach Derivatisierung)			AA-18 Sigma		ja	
	2	Bestimmung mittels Aminosäurenanalysator nach saurer Hydrolyse			interner Standard		ja	
စ္	3	PA_A-202: 2016-01 (HPLC/FLD)	sr. Hydrolyse + NBDCI-Derv.				ja	
olir	4					nein	ja	
L-Prolin/L-Proline	5		saure Hydrolyse				nein	
n/L	6						ja	
<u></u>	7							
<u> </u>	8							x
_	9	HPLC/FLD – Hausmethodennummer: PNTQ1339			Externe Kalibrierungskurve und eigenes Referenzmaterial	nein	ja	
	10							
	11							
	12							

Parameter	Teil- nehmer	Methodenbeschreibung	Probenvorbe- reitung	Messmethode	Kalibrierung/Referenz material	Wiederfindung mit gleicher Matrix	Methode ak- kreditiert	Sonstige Hinweise
Analyte	Partici- pant	Method description	Sample preparation	Measuring method	calibration/ reference material	Recovery with same matrix	Method ac- credited	Further remarks
	1	PALC19:2014-03 (HPLC/FLD nach Derivatisierung)			AA-18 Sigma		ja	
	2	Bestimmung mittels Aminosäurenanalysator nach saurer Hydrolyse			interner Standard		ja	
Φ	3	PA_A-202: 2016-01 (HPLC/FLD)	sr. Hydrolyse + OPA-Derv.				ja	
i ii	4					nein	ja	
-Serin/L-Serine	5		saure Hydrolyse				nein	
n/L	6						ja	
Seri	7							
ا ا	8							х
	9	HPLC/FLD – Hausmethodennummer: PNTQ1339			Externe Kalibrierungskurve und eigenes Referenzmaterial	nein	ja	
	10							
	11							
	12	EZ: faast			DLA 50/2018		ja	

Parameter	Teil- nehmer	Methodenbeschreibung	Probenvorbe- reitung	Messmethode	Kalibrierung/Referenz material	Wiederfindung mit gleicher Matrix	Methode ak- kreditiert	Sonstige Hinweise
Analyte	Partici- pant	Method description	Sample prepa- ration	Measuring method	calibration/ reference material	Recovery with same matrix	Method ac- credited	Further remarks
	1	PALC19:2014-03 (HPLC/FLD nach Derivatisierung)			AA-18 Sigma		ja	
	2	Bestimmung mittels Aminosäurenanalysator nach saurer Hydrolyse			interner Standard		ja	
Threonin/L-Thereonine	3		sr. Hydrolyse + OPA-Derv.				ja	
ere	4					nein	ja	
Ę	5		saure Hydrolyse				nein	
J/L	6						ja	
) iii	7							
Jre	8							x
L-T	9	HPLC/FLD – Hausmethodennummer: PNTQ1339			Externe Kalibrierungskurve und eigenes Referenzmaterial	nein	ja	
	10							
	11							
	12	EZ: faast			DLA 50/2018		ja	

Parameter	Teil- nehmer	Methodenbeschreibung	Probenvorbe- reitung	Messmethode	Kalibrierung/Referenz material	Wiederfindung mit gleicher Matrix	Methode ak- kreditiert	Sonstige Hinweise
Analyte	Partici- pant	Method description	Sample prepa- ration	Measuring method	calibration/ reference material	Recovery with same matrix	Method ac- credited	Further remarks
	1							
	2	Bestimmung mittels Aminosäurenanalysator nach alkalischer Hydrolyse					ja	
	3	PA_A-202: 2016-01 (HPLC/FLD)	alkalische Hydrolyse				ja	
	4					nein	ja	
Tryptophan	5		enzymatische Hydroyse		extern mit selbst hergestellter Stammlsg. Aus Feststoff (Serva Feinbiochemica); Kalibrierbereich 0,2 bis 3,0 nmol		nein	
-	6							
	7	HPLC (analog Nr 4.11.2 VDLUFA Methodenbuch III, 2. Erg. 1988)			3-Pkt.Kalibrierung, Futtermittel		ja	
	8	VDLUFA III 4.11.2	Hydrolyse LiOH	HPLC				x
	9	HPLC/FLD – Hausmethodennummer: PNTQ1339			Externe Kalibrierungskurve und eigenes Referenzmaterial	nein	ja	
	10							
	11							
	12							

Parameter	Teil- nehmer	Methodenbeschreibung	Probenvorbe- reitung	Messmethode	Kalibrierung/Referenz material	Wiederfindung mit gleicher Matrix	Methode ak- kreditiert	Sonstige Hinweise
Analyte	Partici- pant	Method description	Sample prepa- ration	Measuring method	calibration/ reference material	Recovery with same matrix	Method ac- credited	Further remarks
	1	PALC19:2014-03 (HPLC/FLD nach Derivatisierung)			AA-18 Sigma		ja	
	2	Bestimmung mittels Aminosäurenanalysator nach saurer Hydrolyse			interner Standard		ja	
L-Tyrosin/L-Tyrosine	3	PA_A-202: 2016-01 (HPLC/FLD)	sr. Hydrolyse + OPA-Derv.				ja	
0,	4					nein	ja	
<del>  </del>	5		saure Hydrolyse				nein	
n/L	6						ja	
OSi	7							
Τ̈́	8							х
<u>.</u>	9	HPLC/FLD – Hausmethodennummer: PNTQ1339			Externe Kalibrierungskurve und eigenes Referenzmaterial	nein	ja	
	10							
	11							
	12	EZ: faast			DLA 50/2018		ja	

Parameter	Teil- nehmer	Methodenbeschreibung	Probenvorbe- reitung	Messmethode	Kalibrierung/Referenz material	Wiederfindung mit gleicher Matrix	Methode ak- kreditiert	Sonstige Hinweise
Analyte	Partici- pant	Method description	Sample prepa- ration	Measuring method	calibration/ reference material	Recovery with same matrix	Method ac- credited	Further remarks
	1	PALC19:2014-03 (HPLC/FLD nach Derivatisierung)			AA-18 Sigma		ja	
	2	Bestimmung mittels Aminosäurenanalysator nach saurer Hydrolyse			interner Standard		ja	
a)	3	PA_A-202: 2016-01 (HPLC/FLD)	sr. Hydrolyse + OPA-Derv.				ja	
<u>ii</u>	4					nein	ja	
Valin/L-Valine	5		saure Hydrolyse				nein	
n/L	6						ja	
/ali	7							
_ <u>_</u>	8							x
-	9	HPLC/FLD – Hausmethodennummer: PNTQ1339			Externe Kalibrierungskurve und eigenes Referenzmaterial	nein	ja	
	10							
	11							
	12	EZ: faast			DLA 50/2018		ja	

### 5.2 Homogenität

### 5.2.1 Mischungshomogenität vor der Abfüllung

# Microtracer Homogenitätstest DLA ptSU09

### Analysenergebnisse:

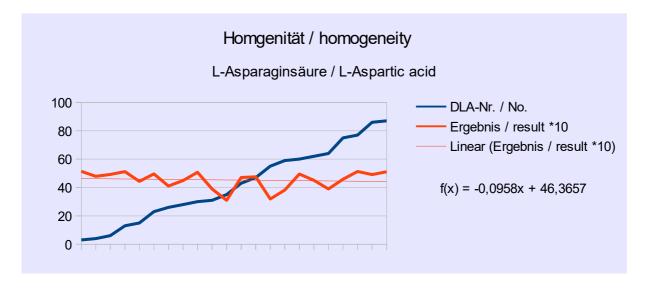
Probe	Einwaage [g]	Partikel Anzahl	Partikel [mg/kg]
1	5,04	75	29,8
2	4,98	75	30,1
3	5,01	79	31,5
4	5,02	61	24,3
5	5,03	74	29,4
6	4,98	66	26,5
7	5,05	67	26,5
8	4,97	76	30,6

Poisson-Verteilung		
Probenanzahl	8	
Freiheitsgrad	7	
Mittelwert	71,6	Partikel
Standardabweichung	6,28	Partikel
χ² (CHI-Quadrat)	3,86	
Wahrscheinlichkeit	80	%
Wiederfindungsrate	116	%

Normalverteilung		
Probenanzahl	8	
Mittelwert	28,6	mg/kg
Standardabweichung	2,51	mg/kg
rel. Standardabweichung	8,77	%
Horwitz Standardabweichung	9,66	%
HorRat-Wert	0,91	
Wiederfindungsrate	116	%

## 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 zur Information darstellen:



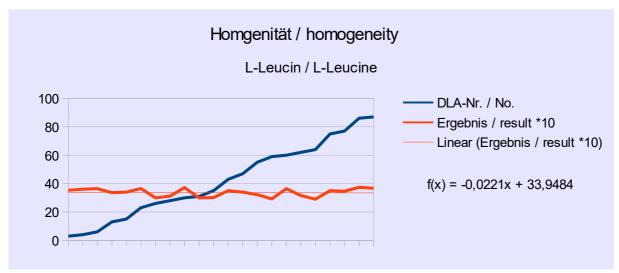


Abb./Fig. 37: Trendfunktion Probennummern vs. Ergebnisse: L-Asparaginsäure und L-Leucin (1\*10 dargestellt) trend line function sample number vs. results: L-aspartic acid and L-leucin (1\*10 shown)

# 5.3 Kerndichte-Verteilungen der Ergebnisse

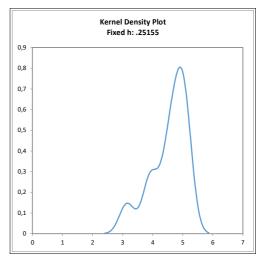
# Abbildungen:

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

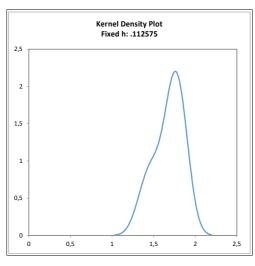
### Figures:

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

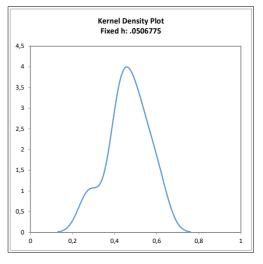




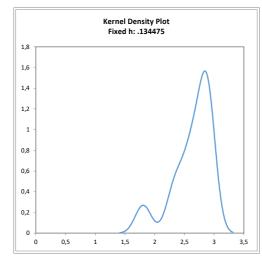
L-Alanin/L-Alanine



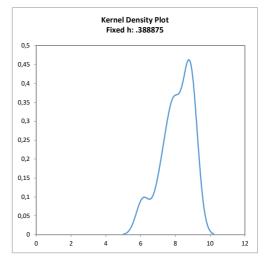
L-Cystin/L-Cystine



L-Arginin/L-Arginine



L-Glutaminsäure/L-Glutamic acid



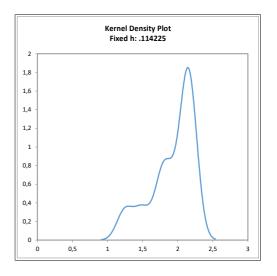
# Abbildungen:

Kerndichte-Schätzungen der Teilnehmerergebnisse (mit  $h = 0,75 \times opt \text{ von } Xpt$ )

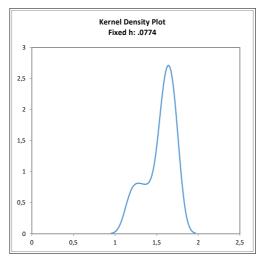
### Figures:

Kernel density plots
of participants' results
(with h = 0,75 x σpt of Xpt)

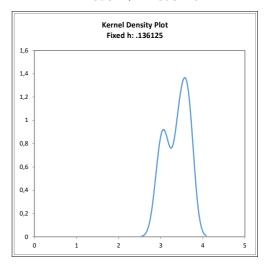
#### L-Isoleucin/L-Isoleucine



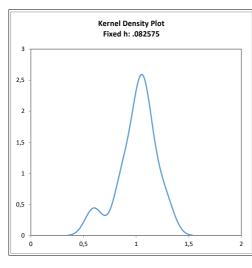
Glycin/Gycine



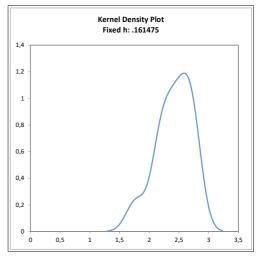
L-Leucin/L-Leucine



L-Histidin/L-Histidine



L-Lysin/L-Lysine



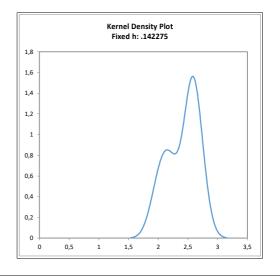
# Abbildungen:

Kerndichte-Schätzungen der Teilnehmerergebnisse (mit  $h = 0,75 \times \sigma pt$  von Xpt)

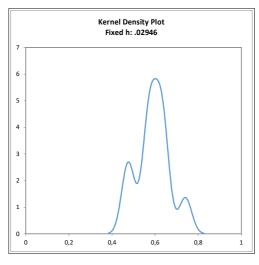
### Figures:

Kernel density plots
of participants' results
(with h = 0,75 x σpt of Xpt)

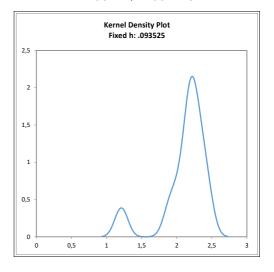
#### L-Prolin/L-Proline



L-Methionin/L-Methionine



L-Serin/L-Serine



L-Phenylalanin/L-Phenylalanine

< 8 Ergebnisse
< 8 Results</pre>

L-Threonin/L-Threonine

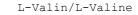
< 8 Ergebnisse
< 8 Results</pre>

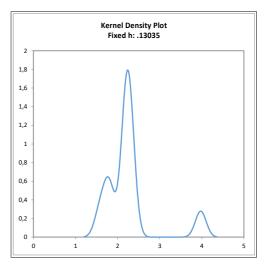
### Abbildungen:

Kerndichte-Schätzungen der Teilnehmerergebnisse (mit  $h = 0,75 \times opt \text{ von } Xpt$ )

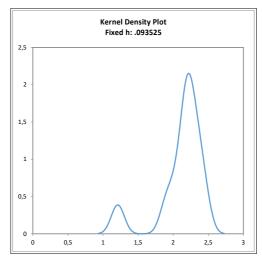
### Figures:

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

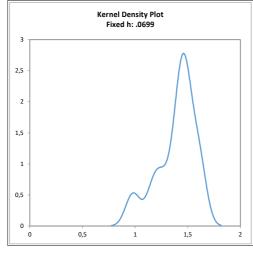




### L-Tryptophan



## L-Tyrosin/L-Tyrosine



# 5.5 Informationen zur Eignungsprüfung (EP)

Vor der LVU wurden den Teilnehmern im Proben-Anschreiben folgende Informationen mitgeteilt:

EP-Nummer	DLA ptSU09 (2020)				
EP-Name	Gesamt-Aminosäuren-Zusammensetzung in einem Lebensmittel				
Probenmatrix (Prozessierung)	<b>Proben I + II:</b> Getränkepulver zur Zubereitung als Mahlzeitersatz mit einem Proteingehalt >20% aus Soja- und Milchprotein mit Zusatz von Vitaminen und Mineralstoffen sowie weiteren Zusatzstoffen.				
Probenzahl und Probenmenge	2 identische Proben I + II: je 10 g				
Lagerungsinformation	Proben I + II: Raumtemperatur (trocken und dunkel)				
Verwendungszweck	Ausschließlich für Laboruntersuchungen (Qualitätskontrollproben)				
Parameter	quantitativ: div. Aminosäuren nach Proteinhydrolyse (siehe Ergebnisabgabedatei)				
Untersuchungsmethoden	Methode ist freigestellt				
Hinweis zur Analyse	Die Untersuchung der Eignungsprüfung soll entsprechend einer laborüblichen Routineanalyse vorgenommen werden. Generell empfehlen wir vor der Analyse, insbesondere bei kleinen Analyseeinwaagen, eine repräsentative Probenmenge entsprechend guter Laborpraxis zu homogenisieren.				
Ergebnisangabe	Es werden die Einzelergebnisse für Probe I und II sowie die Mittelwerte als Endergebnisse, berechnet aus der Doppelbestimmung (Probe I und II), in die Ergebnisabgabe-Datei eingetragen. Die Wiederfindung, wenn durchgeführt, ist in die Rechnung mit einzubeziehen.				
Einheiten	g/100g				
Anzahl von Stellen	Mindestens 2				
Weitere Angaben:	Zur Information ist anzugeben:  - Datum der Analyse  - DLA-Nr. der Probe I und II  - Bestimmungsgrenze  - Angabe inkl. Wiederfindung  - Wiederfindung wurde mit gleicher Matrix bestimmt.  - Methode ist akkreditiert				
Ergebnisabgabe	Die Ergebnisabgabe-Datei wird per eMail übermittelt an: pt@dla-lvu.de				
Letzter Abgabetermin	spätestens 30. Oktober 2020				
Auswertebericht	Der Auswertebericht wird voraussichtlich 6 Wochen nach Abgabetermin der Ergebnisse fertiggestellt und per eMail als PDF-Datei zugesandt.				
Koordinator und Ansprechpartner der EP	Dr. Matthias Besler-Scharf				

<sup>\*</sup> Die Kontrolle der Mischungshomogentitä wird von DLA durchgeführt. Die Prüfung der Gehalte, Homogenität und Stabilität von EP-Parametern wird von DLA im Unterauftrag vergeben.

# 6. Verzeichnis der Teilnehmer in alphabetischer Reihenfolge

Teilnehmer / Participant	Ort / Town	Land / Country
		Deutschland/Germany
		SPANIEN/SPAIN
		Deutschland/Germany

[Die Adressdaten der Teilnehmer wurden für die allgemeine Veröffentlichung des Auswerte-Berichts 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
- $4.~\mathrm{ASU}$  §64 LFGB: Planung und statistische Auswertung von Ringversuchen zur Methodenvalidierung / 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 Ananlytical 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.
- $15. {
  m MTSE}$  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.Homogeneity and stability of reference materials; Linsinger et al.; Accred Qual Assur, 6, 20-25 (2001)
- 17.AOAC Official Methods of Analysis: Guidelines for Standard Method Performance Requirements, Appendix F, p. 2, AOAC Int (2016)
- 18.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]
- 19.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]
- 20. 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 ptSU09/2020 - Gesamt-Aminosäure-Zusammensetzung

Von 15 Teilnehmern haben 12 Teilnehmer ihre Ergebnisse fristgerecht eingereicht. Die Auswertung von 18 Aminosäuren in einem proteinreichen Lebensmittel als Mahlzeitersatz erfolgte nach den Kenndaten eines Versuchs zur Präzision (ASU §64 Methode) bzw. nach Horwitz. Es lagen 64% bis 91% der Ergebnisse im jeweiligen Zielbereich. Details zu den einzelnen Parametern sind dem Auswertebericht zu entnehmen.

Ein Teilnehmer hatte seinen Sitz im Europäischen Ausland (Spanien).