



Auswertungs-Bericht

Laborvergleichsuntersuchung

DLA ptAUS4 (2020)

Fischarten-Screening:

Schwarzer Heilbutt (*Reinhardtius hippoglossoides*), Atlantischer Lachs (*Salmo salar*), Seelachs (*Pollachius virens*) und eine Forellenart

DLA - Proficiency Tests GmbH

Kalte Weide 21

24641 Sievershütten/Germany

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

Koordinator der LVU:

Alexandra Scharf MSc.

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

<i>EP-Anbieter</i> <i>PT-Provider</i>	<p>DLA - Proficiency Tests GmbH Kalte Weide 21, 24641 Sievershütten, Germany</p> <p>Geschäftsführer/CEO: Dr. Matthias Besler-Scharf Stellv. Leitung/Deputy Lead: Alexandra Scharf MSc.</p> <p>Tel. ++49-(0)4532-9183358 Mob. ++49(0)171-1954375 Fax. ++49(0)4102-9944976 eMail. proficiency-testing@dla-lvu.de</p>
<i>EP-Nummer</i> <i>PT-Number</i>	DLA ptAUS4 (2020)
<i>EP-Koordinator</i> <i>PT-Coordinator</i>	Alexandra Scharf MSc.
<i>Status des EP-Bericht</i> <i>Status of PT-Report</i>	<p>Abschlussbericht / Final report (7. Januar 2021)</p> <p>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.</p>
<i>EP-Bericht Freigabe</i> <i>PT-Report Authorization</i>	<p>Dr. Matthias Besler-Scharf (Technischer Leiter / Technical Manager) - <i>gezeichnet / signed M. Besler-Scharf</i> Alexandra Scharf MSc. (QM-Beauftragte / Quality Manager) - <i>gezeichnet / signed A. Scharf</i> Datum / Date: 7. Januar 2021</p>
<i>Unteraufträge</i> <i>Subcontractors</i>	<p>Im Rahmen dieser Eignungsprüfung wurden nachstehende Leistungen im Unterauftrag vergeben: Proteinbestimmung As part of the present proficiency test the following services were subcontracted: protein determination</p>
<i>Vertraulichkeit</i> <i>Confidentiality</i>	<p>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.</p>

Inhalt

1. Einleitung.....	4
2. Durchführung.....	4
2.1 Untersuchungsmaterial.....	4
2.1.1 Homogenität.....	5
2.1.2 Stabilität.....	6
2.2 Probenversand und Informationen zur Untersuchung.....	7
2.3 Ergebnisübermittlung.....	7
3. Qualitative Auswertung.....	8
3.1 Übereinstimmung mit Konsenswerten der Teilnehmer.....	8
3.2 Übereinstimmung mit Dotierungen der Proben.....	8
4. Ergebnisse.....	9
4.1 Vergleichsuntersuchung Atlantischer Lachs (<i>Salmo salar</i>).....	10
4.2 Vergleichsuntersuchung Forelle (<i>Salmo trutta</i>).....	11
4.3 Vergleichsuntersuchung Regenbogenforelle (<i>Oncorhynchus mykiss</i>).....	12
4.4 Vergleichsuntersuchung Schwarzer Heilbutt (<i>Reinhardtius hippoglossoides</i>).....	13
4.5 Vergleichsuntersuchung Seelachs (<i>Pollachius virens</i>).....	14
5. Dokumentation.....	15
5.1 Angaben der Teilnehmer.....	15
5.1.1 DNA-basierte Methoden: Atlantischer Lachs (<i>Salmo salar</i>).....	15
5.1.2 DNA-basierte Methoden: Forelle (<i>Salmo trutta</i>)/ Regenbogenforelle (<i>Oncorhynchus mykiss</i>).....	16
5.1.3 DNA-basierte Methoden: Schwarzer Heilbutt (<i>Reinhardtius hippoglossoides</i>).....	17
5.1.4 DNA-basierte Methoden: Seelachs (<i>Pollachius virens</i>).....	18
5.2 Homogenität.....	19
5.2.1 Mischungshomogenität vor der Abfüllung.....	19
5.3 Informationen zur Eignungsprüfung (EP).....	21
6. Verzeichnis der Teilnehmer in alphabetischer Reihenfolge.....	22
7. Verzeichnis relevanter Literatur.....	23

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

Es wurden vier unterschiedliche LVU-Proben mit möglichen Gehalten an gefriergetrockneten, tierischen Lebensmitteln von Schwarzem Heilbutt (*Reinhardtius hippoglossoides*), Atlantischem Lachs (*Salmo salar*), Seelachs (*Pollachius virens*) und einer Forellenart zur qualitativen Bestimmung zur Verfügung gestellt. Die Parameter lagen gemischt mit Maltodextrin mit Gehalten von 25-39% vor.

Die jeweiligen Rohstoffe für die verwendeten Fischarten waren handelsübliche Fischwaren (ganze Fische). Die Fische wurden bei -20°C gelagert. Anschließend wurden sie manuell zerkleinert und für 72 Stunden bei -50°C lyophilisiert. Die Anteile der Wasserverluste wurden entsprechend der zuvor ermittelten Nassgewichte durch Zugabe von Maltodextrin auf 100% ergänzt (s. Tab. 1). Diese Mischungen wurden vermahlen und anschließend gesiebt (mesh 800 µm). Die entsprechenden Fischarten in den Proben 1-4 sind Tab. 2 zu entnehmen.

Die Proben wurden nach dem Homogenisieren zu Portionen von ca. 25 g in metallisierte PET-Folienbeutel abgefüllt.

Tabelle 1: Zusammensetzung der DLA-Proben.

Zutaten	Proben 1 - 4
Maltodextrin	61 - 75 %
Fischanteile (Trockengewicht)	25 - 39 %

Tabelle 2: Fischarten in den Proben 1-4.

Zutaten	Probe 1	Probe 2	Probe 3	Probe 4
Atlantischer Lachs (<i>Salmo solar</i>) (Protein 22,5%)	positiv	negativ	negativ	negativ
Schwarzer Heilbutt (<i>Rheinhardtius hipoglossoides</i>) (Protein 14%)	negativ	positiv	negativ	negativ
Seelachs (<i>Pollachius virens</i>) (Protein 22,2%)	negativ	negativ	positiv	negativ
Regenbogenforelle (<i>Oncorhynchus mykiss</i>)** (Protein 20,2%)	negativ	negativ	negativ	positiv

* Proteingehalte der EP-Proben (inklusive Maltodextrinanteil) gemäß Laboranalyse (Gesamtstickstoff nach Kjeldahl mit allgemeinem Faktor $F=6,25$)

** Die angekündigte Forelle (*Salmo trutta*) wurde als Regenbogenforelle (*Oncorhynchus mykiss*) identifiziert.

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** von den Proben 2-4 wurden 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 und auf Grundlage der Normalverteilung anhand des HorRat-Wertes. Für die Beurteilung nach Poisson: Eine Wahrscheinlichkeit von $\geq 5\%$ ist gleichzusetzen mit einer guten homogenen Mischung und von $\geq 25\%$ mit einer exzellenten Mischung [14, 15].

Für die Beurteilung nach der Normalverteilung: Nach [17] sind die HorRat-Werte zwischen 0,3 und 1,3 unter Wiederholbedingungen (Messungen innerhalb des Labors) zu akzeptieren. Die Microtracer-Analyse der vorliegenden LVU-Proben 2 - 4 hat eine Wahrscheinlichkeit von 80%, 89% bzw. 40% ergeben. Die Partikel-Ergebnisse wurden zusätzlich in Konzentrationen umgerechnet, statistisch als Normalverteilung ausgewertet und mit der Standardabweichung nach Horwitz verglichen. Es wurden HorRat-Werte von 1,2, 1,0 bzw. 1,8 erhalten. Die Ergebnisse der Microtracer-Analyse sind in der Dokumentation angegeben.

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 Bedingungen 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-Referenzmaterialien zeigen bei vergleichbarer Matrix und Wasseraktivität (a_w -Wert $< 0,5$) eine gute Haltbarkeit der Probe und Lagerstabilität gegenüber mikrobiellem Verderb und bezüglich des Gehalts an den EP-Parametern. Die a_w -Werte der EP-Proben lagen zwischen $0,25$ und $0,31$ ($21,1^\circ\text{C}$ - $20,2^\circ\text{C}$). 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 22. Kalenderwoche 2020 je eine Portion der Untersuchungsmaterialien Proben 1 bis 4 verschickt. Die Untersuchungsverfahren wurden freigestellt. Die Untersuchungen waren durchzuführen bis spätestens 07. August 2020.

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

*Es handelt sich um vier unterschiedliche Proben, die jeweils eine der folgenden Fischarten enthalten: **Schwarzer Heilbutt (Reinhardtius hippoglossoides)**, **Atlantischer Lachs (Salmo salar)**, **Seelachs (Pollachius virens)** oder **Forelle (Salmo trutta)**.*

*Die Parameter liegen in der Matrix **Fischprodukt** (gefriergetrocknet) vor. Die Ergebnisangabe und Auswertung erfolgt **rein qualitativ (positiv / negativ)**.*

Hinweis: Bei Ankunft der Proben sollten diese kühl gelagert werden (2-10°C).

Bitte beachten Sie die beiliegenden Informationen zur Eignungsprüfung. (siehe Dokumentation unter Punkt 5.3 EP-Informationen)

2.3 Ergebnisübermittlung

Die Ergebnisabgabe erfolgte einheitlich auf, an die Teilnehmer versandten Übermittlungsbögen bzw. -dateien. Zur Auswertung kamen die Ergebnisse als positiv/negativ Angaben für die Analyten.

Abgefragt und dokumentiert wurden die o.g. Ergebnisse sowie Angaben zu den Testmethoden wie Spezifitäten, Testkit-Hersteller und Stichpunkte zur Durchführung der Methoden.

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 8 Teilnehmern haben 7 Teilnehmer ihre Ergebnisse fristgerecht abgegeben. Ein Teilnehmer hat keine Ergebnisse abgegeben.

3. Qualitative Auswertung

Verschiedene Protein- und DNA-basierte Methoden zur Bestimmung von Fischarten in Lebensmitteln können verschiedene pH-Gradienten, Antikörper- bzw. Ziel-DNA-Spezifitäten aufweisen, mit unterschiedlichem Referenzmaterial kalibriert worden sein und sich unterschiedlicher Extraktionsverfahren bedienen. Die verschiedenen Methoden können daher zu einer unterschiedlichen Bewertung des Gehalts eines Analyten führen. Darüber hinaus können Matrix- und/oder Prozessierung die Nachweisbarkeit von Fischarten insbesondere bei der Anwendung Protein-basierter Verfahren stark beeinflussen [19].

3.1 Übereinstimmung mit Konsenswerten der Teilnehmer

Die qualitative Bewertung der Protein- und DNA-basierten Ergebnisse jedes Teilnehmers erfolgte anhand der Übereinstimmung der angegebenen Ergebnisse (positiv oder negativ) mit dem **Konsenswert der Teilnehmer**. Ein Konsenswert wird festgestellt sofern $\geq 75\%$ positive oder negative Ergebnisse für einen Parameter vorliegen.

Die Bewertung erfolgt in der Form, dass die Anzahl übereinstimmender Ergebnisse gefolgt von der Anzahl an Proben, für die ein Konsenswert erhalten wurde, angegeben wird. Dahinter wird in Klammern die Übereinstimmung als Prozentsatz ausgedrückt.

3.2 Übereinstimmung mit Dotierungen der Proben

Die qualitative Bewertung der Protein- und DNA-basierten Ergebnisse jedes Teilnehmers erfolgte anhand der Übereinstimmung der angegebenen Ergebnisse (positiv oder negativ) mit den **Dotierungen der vier LVU-Proben**.

Hierzu wird die Anzahl übereinstimmender Ergebnisse gefolgt von der Anzahl an Proben angegeben. Dahinter wird in Klammern die Übereinstimmung als Prozentsatz ausgedrückt angegeben.

4. Ergebnisse

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

Es wurden keine Protein-basierten Ergebnisse eingereicht, daher erfolgte ausschließlich eine qualitative Auswertung für jeden Parameter für DNA-basierte Methoden, wie PCR und Sequenzierung.

Die Ergebnisse der Teilnehmer und die Bewertung sind tabellarisch folgendermaßen aufgeführt:

Auswertenummer	Probe 1	Probe 2	Probe 3	Probe 4	Qualitative Bewertung	Qualitative Bewertung	Methode	Hinweis
	pos/neg	pos/neg	pos/neg	pos/neg	Übereinstimmungen mit Konsenswerten	Übereinstimmungen mit Dotierungen		

	Probe 1	Probe 2	Probe 3	Probe 4
Anzahl positiv				
Anzahl negativ				
Prozent positiv				
Prozent negativ				
Konsenswert				
Dotierung				

4.1 Vergleichsuntersuchung Atlantischer Lachs (*Salmo salar*)

Qualitative Auswertung der DNA-basierten Ergebnisse

Auswertenummer	Probe 1	Probe 2	Probe 3	Probe 4	Qualitative Bewertung	Qualitative Bewertung	Methode	Hinweis
	pos/neg	pos/neg	pos/neg	pos/neg	Übereinstimmungen mit Konsenswerten	Übereinstimmungen mit Dotierungen		
1	positiv	negativ	negativ	negativ	4/4 (100%)	4/4 (100%)	ASU	
3	positiv	negativ	negativ	negativ	4/4 (100%)	4/4 (100%)	ASU	
7	positiv	negativ	negativ	negativ	4/4 (100%)	4/4 (100%)	ASU	
5	positiv	negativ	negativ	negativ	4/4 (100%)	4/4 (100%)	BDT	
2	positiv	negativ	negativ	negativ	4/4 (100%)	4/4 (100%)	SFF-ID	
4	positiv	negativ	negativ	negativ	4/4 (100%)	4/4 (100%)	SGS	

	Probe 1	Probe 2	Probe 3	Probe 4
Anzahl positiv	6	0	0	0
Anzahl negativ	0	6	6	6
Prozent positiv	100	0	0	0
Prozent negativ	0	100	100	100
Konsenswert	positiv	negativ	negativ	negativ
Dotierung	positiv	negativ	negativ	negativ

Methoden:

ASU = ASU §64 Methode/method
 BDT = BigDyeTerminator V 1.1, AppliedBiosystems/ ThermoFisher
 SFF-ID = Sure Food Fish ID, R-Biopharm / Congen
 SGS = SGS All Species ID DNA Analyser, ThermoFisher

Anmerkung:

Die Konsenswerte der Ergebnisse stehen in qualitativer Übereinstimmung mit den Dotierungen der Proben.

4.2 Vergleichsuntersuchung Forelle (*Salmo trutta*)

Qualitative Auswertung der DNA-basierenden Ergebnisse

Auswertenummer	Probe 1	Probe 2	Probe 3	Probe 4	Qualitative Bewertung	Qualitative Bewertung	Methode	Hinweis
	pos/neg	pos/neg	pos/neg	pos/neg	Übereinstimmungen mit Konsenswerten	Übereinstimmungen mit Dotierungen		
1	negativ	negativ	negativ	negativ	4/4 (100%)	4/4 (100%)	ASU	Probe 4 von DLA negativ gewertet, da identifiziert als Regenbogenforelle
3	negativ	negativ	negativ	positiv	3/4 (75%)	3/4 (75%)	ASU	
7	negativ	negativ	negativ	negativ	4/4 (100%)	4/4 (100%)	ASU	
5	negativ	negativ	negativ	negativ	4/4 (100%)	4/4 (100%)	BDT	
2	negativ	positiv	negativ	negativ	3/4 (75%)	3/4 (75%)	SFF-ID	
6	negativ	negativ	negativ	negativ	4/4 (100%)	4/4 (100%)	SFF-ID	
4	negativ	negativ	negativ	negativ	4/4 (100%)	4/4 (100%)	SGS	

	Probe 1	Probe 2	Probe 3	Probe 4
Anzahl positiv	0	1	0	1
Anzahl negativ	7	6	7	6
Prozent positiv	0	14	0	14
Prozent negativ	100	86	100	86
Konsenswert	negativ	negativ	negativ	negativ
Dotierung	negativ	negativ	negativ	negativ

Methoden:

ASU = ASU §64 Methode/method

BDT = BigDyeTerminator V1.1, AppliedBiosystems/
ThermoFisher

SFF-ID = Sure Food Fish ID, R-Biopharm / Congen

SGS = SGS All Species ID DNA Analyser, ThermoFisher

Anmerkung:

Die Konsenswerte der Ergebnisse stehen in qualitativer Übereinstimmung mit den Dotierungen der Proben.

Salmo trutta war in keiner der Proben zugesetzt. Die Fischart in Probe 4 wurde als Regenbogenforelle (*Oncorhynchus mykiss*) identifiziert. Je ein Teilnehmer hat für Probe 2 bzw. 4 für *Salmo trutta* ein positives Ergebnis angegeben.

4.3 Vergleichsuntersuchung Regenbogenforelle (*Oncorhynchus mykiss*)

Qualitative Auswertung der DNA-basierten Ergebnisse

Auswertenummer	Probe 1	Probe 2	Probe 3	Probe 4	Qualitative Bewertung	Qualitative Bewertung	Methode	Hinweis
	pos/neg	pos/neg	pos/neg	pos/neg	Übereinstimmungen mit Konsenswerten	Übereinstimmungen mit Dotierungen		
1	negativ	negativ	negativ	positiv	4/4 (100%)	4/4 (100%)	ASU	
7	negativ	negativ	negativ	positiv	4/4 (100%)	4/4 (100%)	ASU	Probe 4 von DLA positiv gewertet, da identifiziert als Regenbogenforelle
5	negativ	negativ	negativ	positiv	4/4 (100%)	4/4 (100%)	BDT	
4	negativ	negativ	negativ	positiv	4/4 (100%)	4/4 (100%)	SGS	Probe 4 von DLA positiv gewertet, da identifiziert als Regenbogenforelle

	Probe 1	Probe 2	Probe 3	Probe 4
Anzahl positiv	0	0	0	4
Anzahl negativ	4	4	4	0
Prozent positiv	0	0	0	100
Prozent negativ	100	100	100	0
Konsenswert	negativ	negativ	negativ	positiv
Dotierung	negativ	negativ	negativ	positiv

Methoden:

ASU = ASU §64 Methode/method

BDT = BigDyeTerminator V1.1, AppliedBiosystems/
ThermoFisher

SGS = SGS All Species ID DNA Analyser, ThermoFisher

Anmerkung:

Die Konsenswerte der Ergebnisse stehen in qualitativer Übereinstimmung mit dem experimentellen Nachweis von Regenbogenforelle in der Probe 4.

4.4 Vergleichsuntersuchung Schwarzer Heilbutt (*Reinhardtius hippoglossoides*)

Qualitative Auswertung der DNA-basierten Ergebnisse

Auswertenummer	Probe 1	Probe 2	Probe 3	Probe 4	Qualitative Bewertung	Qualitative Bewertung	Methode	Hinweis
	pos/neg	pos/neg	pos/neg	pos/neg	Übereinstimmungen mit Konsenswerten	Übereinstimmungen mit Dotierungen		
1	negativ	positiv	negativ	negativ	4/4 (100%)	4/4 (100%)	ASU	
3	negativ	positiv	negativ	negativ	4/4 (100%)	4/4 (100%)	ASU	
7	negativ	positiv	negativ	negativ	4/4 (100%)	4/4 (100%)	ASU	
5	negativ	positiv	negativ	negativ	4/4 (100%)	4/4 (100%)	BDT	
2	negativ	positiv	negativ	negativ	4/4 (100%)	4/4 (100%)	SFF-ID	
4	negativ	positiv	negativ	negativ	4/4 (100%)	4/4 (100%)	SGS	

	Probe 1	Probe 2	Probe 3	Probe 4
Anzahl positiv	0	6	0	0
Anzahl negativ	6	0	6	6
Prozent positiv	0	100	0	0
Prozent negativ	100	0	100	100
Konsenswert	negativ	positiv	negativ	negativ
Dotierung	negativ	positiv	negativ	negativ

Methoden:

ASU = ASU §64 Methode/method

BDT = BigDyeTerminator V1.1, AppliedBiosystems/
ThermoFisher

SFF-ID = Sure Food Fish ID, R-Biopharm / Congen

SGS = SGS All Species ID DNA Analyser, ThermoFisher

Anmerkung:

Die Konsenswerte der Ergebnisse stehen in qualitativer Übereinstimmung mit den Dotierungen der Proben.

4.5 Vergleichsuntersuchung Seelachs (*Pollachius virens*)

Qualitative Auswertung der DNA-basierten Ergebnisse

Auswertenummer	Probe 1	Probe 2	Probe 3	Probe 4	Qualitative Bewertung	Qualitative Bewertung	Methode	Hinweis
	pos/neg	pos/neg	pos/neg	pos/neg	Übereinstimmungen mit Konsenswerten	Übereinstimmungen mit Dotierungen		
1	negativ	negativ	positiv	negativ	4/4 (100%)	4/4 (100%)	ASU	
3	negativ	negativ	positiv	negativ	4/4 (100%)	4/4 (100%)	ASU	
7	negativ	negativ	positiv	negativ	4/4 (100%)	4/4 (100%)	ASU	
5	negativ	negativ	positiv	negativ	4/4 (100%)	4/4 (100%)	BDT	
2	negativ	negativ	positiv	negativ	4/4 (100%)	4/4 (100%)	SFF-ID	
6	negativ	negativ	positiv	negativ	4/4 (100%)	4/4 (100%)	SFF-ID	
4	negativ	negativ	positiv	negativ	4/4 (100%)	4/4 (100%)	SGS	

	Probe 1	Probe 2	Probe 3	Probe 4
Anzahl positiv	0	0	7	0
Anzahl negativ	7	7	0	7
Prozent positiv	0	0	100	0
Prozent negativ	100	100	0	100
Konsenswert	negativ	negativ	positiv	negativ
Dotierung	negativ	negativ	positiv	negativ

Methoden:

ASU = ASU §64 Methode/method

BDT = BigDyeTerminator V 1.1, AppliedBiosystems/
ThermoFisher

SFF-ID = Sure Food Fish ID, R-Biopharm / Congen

SGS = SGS All Species ID DNA Analyser, ThermoFisher

Anmerkung:

Die Konsenswerte der Ergebnisse stehen in qualitativer Übereinstimmung mit den Dotierungen der Proben.

5. Dokumentation

5.1 Angaben der Teilnehmer

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

5.1.1 DNA-basierte Methoden: Atlantischer Lachs (*Salmo salar*)

Primärdaten

Meth. Abk.	Auswertenummer	Datum der Analyse	Ergebnis Probe 1	Ergebnis Probe 2	Ergebnis Probe 3	Ergebnis Probe 4	Nachweisgrenze	Nachweisgrenze angegeben als	Methode
			positiv/negativ	positiv/negativ	positiv/negativ	positiv/negativ	%	z.B. Lebensmittel / Protein	Test-Kit + Anbieter
ASU	1	19.06.20	positiv	negativ	negativ	negativ	0,001	DNA	
ASU	3	15.06.20	positiv	negativ	negativ	negativ	5	DNA	o.A.
ASU	7	16.06.20	positiv	negativ	negativ	negativ			Cytb PCR mit anschließender Sequenzierung nach §64
BDT	5		positiv	negativ	negativ	negativ			BigDye Terminator Cycle Sequencing Kit V1.1; Fa. Applied Biosystems/ThermoFisher
SFF-ID	2		positiv	negativ	negativ	negativ	<1	Lebensmittel	SureFood® Fish ID Salmo salar IAAC
SGS	4		positiv	negativ	negativ	negativ	10 - 60 pg	DNA in 60 - 43320 pg Hintergrund-DNA	SGS All Species ID Fish DNA Analyser - Next Generation Sequencing auf Ion Torrent Plattform

Weitere Angaben zu den Methoden

Meth. Abk.	Auswertenummer	Methoden-Nr. / Test-Kit Nr.	Spezifität	Hinweise zur Methode (Extraktion und Bestimmung)	Sonstige Hinweise
		Artikel-Nr. / ASU-Nr.	Target-Sequenz/-DNA	z.B. Extraktion / Enzyme / Clean-Up / Real Time PCR / Gelelektrophorese / Cyclen	
ASU	1	ASU L10.00-12			
ASU	3	L 10.00-12:2012-08	Cytochrom b	CTAB, Proteinase K, Chloroform; DNeasy Mericon Food Kit; RT-PCR (QuantStudio/ABI): 45 Zyklen	
ASU	7		Cytb	DNA Extraktion mittels Wizard, Cytb PCR 50 Zyklen, Gelelektrophorese, Elution mittels ReliaPrep von Promega, Sequenzierung, Sequenzvergleich in GenBank mittels BLAST	
BDT	5	§64 LFGB, L10.00-12; CEN/TS 17303: 2019 (2019-03)	Cytochrom B; COI	Extraktion: DNeasy Mericon Food; Qiagen/PCR: GoTaq G2 Flexi DNA Polymerase; Promega (CyB), HotStar Taq DNA Polymerase; Qiagen (COI); 40 Zyklen/ Microchipelektrophorese/ QIAquick-PCR-Purification Kit, Fa. Qiagen/Sequenzierungs-PCR BigDye Terminator Cycle Sequencing Kit V1.1, Fa. AB/ThermoF./DyeEx Spin 2.0 Kit	Sequenzierung mittels ABI3130; Prozentuale Übereinstimmung 100% (CytB); 99-100% (COI)
SFF-ID	2	S6306	Salmo salar	SureFood® Prep Basic	K00
SGS	4				

5.1.2 DNA-basierte Methoden: Forelle (*Salmo trutta*) / Regenbogenforelle (*Oncorhynchus mykiss*)

Primärdaten

Meth. Abk.	Auswertenummer	Datum der Analyse	Ergebnis Probe 1	Ergebnis Probe 2	Ergebnis Probe 3	Ergebnis Probe 4	Nachweisgrenze	Nachweisgrenze angegeben als	Methode
			positiv/negativ	positiv/negativ	positiv/negativ	positiv/negativ	%	z.B. Lebensmittel / Protein	Test-Kit + Anbieter
ASU	1	19.06.20	negativ	negativ	negativ	positiv	0,001	DNA	
ASU	3	15.06.20	negativ	negativ	negativ	positiv	5	DNA	o.A.
ASU	7	16.06.20	negativ	negativ	negativ	negativ			Cytb PCR mit anschließender Sequenzierung nach §64
BDT	5		negativ	negativ	negativ	negativ (Forelle)			BigDye Terminator Cycle Sequencing Kit V1.1; Fa. Applied Biosystems/ThermoFisher
BDT	5		negativ	negativ	negativ	positiv (Regenbogenforelle)			BigDye Terminator Cycle Sequencing Kit V1.1; Fa. Applied Biosystems/ThermoFisher
SFF-ID	2		negativ	positiv	negativ	negativ	<0,1	Lebensmittel	SureFood® Fish ID <i>Salmo trutta</i> IAAC
SFF-ID	6	03.08.20	negativ	negativ	negativ	negativ	0,01	DNA	Congen SureFood Fish ID
SGS	4		negativ	negativ	negativ	negativ	10 - 60 pg	DNA in 60 - 43320 pg Hintergrund-DNA	SGS All Species ID Fish DNA Analyser - Next Generation Sequencing auf Ion Torrent Plattform

Weitere Angaben zu den Methoden

Meth. Abk.	Auswertenummer	Methoden-Nr. / Test-Kit Nr.	Spezifität	Hinweise zur Methode (Extraktion und Bestimmung)	Sonstige Hinweise
		Artikel-Nr. / ASU-Nr.	Target-Sequenz/-DNA	z.B. Extraktion / Enzyme / Clean-Up / Real Time PCR / Gelelektrophorese / Cyclen	
ASU	1	ASU L 10.00-12			Regenbogenforelle (<i>Oncorhynchus mykiss</i>)
ASU	3	L 10.00-12:2012-10	Cytochrom b	CTAB, Proteinase K, Chloroform; DNeasy Mericon Food Kit; RT-PCR (QuantStudio/ABI): 45 cycles	
ASU	7		Cytb	DNA Extraktion mittels Wizard, Cytb PCR 50 Zyklen, Gelelektrophorese, Elution mittels ReliaPrep von Promega, Sequenzierung, Sequenzvergleich in GenBank mittels BLAST	Bei Probe 4 handelt es sich nach Sequenzierung um <i>Oncorhynchus mykiss</i> .
BDT	5	§64 LFGB, L10.00-12; CEN/TS 17303: 2019 (2019-03)	Cytochrom B; COI	Extraktion: DNeasy Mericon Food; Qiagen/PCR: GoTaq G2 Flexi DNA Polymerase; Promega (CyB), HotStar Taq DNA Polymerase; Qiagen (COI); 40 Zyklen/Microchipelektrophorese/QIAquick-PCR-Purification Kit, Fa. Qiagen/Sequenzierungs-PCR BigDye Terminator Cycle Sequencing Kit V1.1, Fa. AB/ThermoF./DyeEx Spin 2.0 Kit	Forelle (<i>Salmo trutta</i>); Sequenzierung mittels ABI310; Prozentuale Übereinstimmung 90% (CyB); 88% (COI)
BDT	5	§64 LFGB, L10.00-12; CEN/TS 17303: 2019 (2019-03)	Cytochrom B; COI	Extraktion: DNeasy Mericon Food; Qiagen/PCR: GoTaq G2 Flexi DNA Polymerase; Promega (CyB), HotStar Taq DNA Polymerase; Qiagen (COI); 40 Zyklen/Microchipelektrophorese/QIAquick-PCR-Purification Kit, Fa. Qiagen/Sequenzierungs-PCR BigDye Terminator Cycle Sequencing Kit V1.1, Fa. AB/ThermoF./DyeEx Spin 2.0 Kit	Regenbogenforelle (<i>Oncorhynchus mykiss</i>); Sequenzierung mittels ABI310; Prozentuale Übereinstimmung 99-100%
SFF-ID	2	S6305	<i>Salmo trutta</i>	SureFood® Prep Basic	K00
SFF-ID	6	Gemäß Kit-Anweisungen	Gemäß Kit-Anweisungen	Gemäß Kit-Anweisungen	
SGS	4				Anstatt <i>Salmo trutta</i> wurde <i>Oncorhynchus mykiss</i> identifiziert (Probe 4)

5.1.3 DNA-basierte Methoden: Schwarzer Heilbutt (Reinhardtius hippoglossoides)

Primärdaten

Meth. Abk.	Auswertenummer	Datum der Analyse	Ergebnis Probe 1	Ergebnis Probe 2	Ergebnis Probe 3	Ergebnis Probe 4	Nachweisgrenze	Nachweisgrenze angegeben als	Methode
			positiv / negativ	positiv / negativ	positiv / negativ	positiv / negativ	%	z.B. Lebensmittel / Protein	Test-Kit + Anbieter
ASU	1	19.06.20	negativ	positiv	negativ	negativ	0,001	DNA	
ASU	3	15.06.20	negativ	positiv	negativ	negativ	5	DNA	o.A.
ASU	7	16.06.20	negativ	positiv	negativ	negativ			Cytb PCR mit anschließender Sequenzierung nach §64
BDT	5		negativ	positiv	negativ	negativ			BigDye Terminator Cycle Sequencing Kit V1.1; Fa. AppliedBiosystems/ThermoFisher
SFF-ID	2		negativ	positiv	negativ	negativ	<1	Lebensmittel	SureFood® Fish ID 3plex Halibut IAAC
SGS	4		negativ	positiv	negativ	negativ	10 - 60 pg	DNA in 60 - 43320 pg Hintergrund-DNA	SGS All Species ID Fish DNA Analyser - Next Generation Sequencing auf Ion Torrent Plattform

Weitere Angaben zu den Methoden

Meth. Abk.	Auswertenummer	Methoden-Nr. / Test-Kit Nr.	Spezifität	Hinweise zur Methode (Extraktion und Bestimmung)	Sonstige Hinweise
		Artikel-Nr. / ASU-Nr.	Target-Sequenz/-DNA	z.B. Extraktion / Enzyme / Clean-Up / Real Time PCR / Gelelektrophorese / Cyclen	
ASU	1	ASU L10.00-12		DNA-Extr. MN spin-food Kit, PCR, Ident über Sequenzierung	
ASU	3	L 10.00-12:2012-07	Cytochrom b	CTAB, Proteinase K, Chloroform; DNeasy Mericon Food Kit; RT-PCR (QuantStudio/ABI): 45 cycles	
ASU	7		Cytb	DNA Extraktion mittels Wizard, Cytb PCR 50 Zyklen, Gelelektrophorese, Elution mittels ReliaPrep von Promega, Sequenzierung, Sequenzvergleich in GenBank mittels BLAST	
BDT	5	§64 LFGB, L10.00-12; CEN/TS 17303: 2019 (2019-03)	Cytochrom B; COI	Extraktion: DNeasy Mericon Food; Qiagen/PCR: GoTaq G2 Flexi DNA Polymerase; Promega (CytB), HotStar Taq DNA Polymerase; Qiagen (COI); 40 Zyklen/Microchipelektrophorese/QIAQuick-PCR-Purification Kit, Fa. Qiagen/Sequenzierungs-PCR BigDye Terminator Cycle Sequencing Kit V1.1, Fa. AB/ThermoF./DyeEx Spin 2.0 Kit	Sequenzierung mittels ABI310; Prozentuale Übereinstimmung 99-100%
SFF-ID	2	S6201	Reinhardtius hippoglossoides	SureFood® Prep Basic	K00
SGS	4			Extraktions-Kit: Macherey-Nagel Nucleo Spin Food/Quantifizierung Qubit/PCR All Species ID/Gelelektrophorese/Aufreinigung mit Agent-court/Ion Chef/Ion S5 Sequencer	

5.1.4 DNA-basierte Methoden: Seelachs (*Pollachius virens*)

Primärdaten

Meth. Abk.	Auswertenummer	Datum der Analyse	Ergebnis Probe 1	Ergebnis Probe 2	Ergebnis Probe 3	Ergebnis Probe 4	Nachweisgrenze	Nachweisgrenze angegeben als	Methode
			positiv / negativ	positiv / negativ	positiv / negativ	positiv / negativ	%	z.B. Lebensmittel / Protein	Test-Kit + Anbieter
ASU	1	19.06.20	negativ	negativ	positiv	negativ	0,001	DNA	
ASU	3	15.06.20	negativ	negativ	positiv	negativ	5	DNA	o.A.
ASU	7	16.06.20	negativ	negativ	positiv	negativ			Cytb PCR mit anschließender Sequenzierung nach §64
BDT	5		negativ	negativ	positiv	negativ			BigDye Terminator Cycle Sequencing Kit V1.1; Fa. Applied Biosystems/ThermoFisher
SFF-ID	2		negativ	negativ	positiv	negativ	<1		SureFood® Fish ID <i>Pollachius virens</i> IAAC
SFF-ID	6	03.08.20	negativ	negativ	positiv	negativ	0,01	DNA	Congen SureFood Fish ID
SGS	4		negativ	negativ	positiv	negativ	10 - 60 pg	DNA in 60 - 43320 pg Hintergrund-DNA	SGS All Species ID Fish DNA Analyser - Next Generation Sequencing auf Ion Torrent Plattform

Weitere Angaben zu den Methoden

Meth. Abk.	Auswertenummer	Methoden-Nr. / Test-Kit Nr.	Spezifität	Hinweise zur Methode (Extraktion und Bestimmung)	Sonstige Hinweise
		Artikel-Nr. / ASU-Nr.	Target-Sequenz/-DNA	z.B. Extraktion / Enzyme / Clean-Up / Real Time PCR / Gelelektrophorese / Cyclen	
ASU	1	ASU L10.00-12			
ASU	3	L 10.00-12:2012-09	Cytochrom b	CTAB, Proteinase K, Chloroform; DNeasy Mericon Food Kit; RT-PCR (QuantStudio/ABI): 45 cycles	
ASU	7		Cytb	DNA Extraktion mittels Wizard, Cytb PCR 50 Zyklen, Gelelektrophorese, Elution mittels ReliaPrep von Promega, Sequenzierung, Sequenzvergleich in GenBank mittels BLAST	
BDT	5	§64 LFGB, L10.00-12; GEN/TS 17303: 2019 (2019-03)	Cytochrom B; COI	Extraktion: DNeasy Mericon Food; Qiagen/PCR: GoTaq G2 Flexi DNA Polymerase; Promega (CytB), HotStar Taq DNA Polymerase; Qiagen (COI); 40 Zyklen/Microchipelektrophorese/QIAQuick-PCR-Purification Kit, Fa. Qiagen/Sequenzierungs-PCR BigDye Terminator Cycle Sequencing Kit V1.1, Fa. AB/ThermoF./DyeEx Spin 2.0 Kit	Sequenzierung mittels ABI310; Prozentuale Übereinstimmung 99-100%
SFF-ID	2	S6309	<i>Pollachius virens</i>	SureFood® Prep Basic	K00
SFF-ID	6	Gemäß Kit-Anweisungen	Gemäß Kit-Anweisungen	Gemäß Kit-Anweisungen	
SGS	4				

5.2 Homogenität

5.2.1 Mischungshomogenität vor der Abfüllung

Microtracer Homogenitätstest

DLA -ptAUS4 Probe 2

Gewicht Gesamtprobe	0,34	kg
Microtracer	FSS-rot lake	
Teilchengröße	75 – 300	µm
Gewicht pro Partikel	2,0	µg
Tracerzugabe	48,0	mg/kg

Analysenergebnisse:

Probe	Einwaage [g]	Partikel Anzahl	Partikel [mg/kg]
1	2,52	46	36,5
2	2,51	54	43,0
3	2,51	50	39,8
4	2,51	46	36,7
5	2,53	39	30,8
6	2,49	50	40,2
7	2,49	47	37,8
8	2,48	54	43,5

Poisson-Verteilung

Probenanzahl	8	
Freiheitsgrad	7	
Mittelwert	48,3	Partikel
Standardabweichung	5,13	Partikel
χ^2 (CHI-Quadrat)	3,81	
Wahrscheinlichkeit	80	%
Wiederfindungsrate	80	%

Normalverteilung

Probenanzahl	8	
Mittelwert	38,5	mg/kg
Standardabweichung	4,09	mg/kg
rel. Standardabweichung	10,6	%
Horwitz Standardabweichung	9,2	%
HorRat-Wert	1,2	
Wiederfindungsrate	80	%

Microtracer Homogenitätstest

DLA -ptAUS4 Probe 3

Gewicht Gesamtprobe	0,40	kg
Microtracer	FSS-rot lake	
Teilchengröße	75 – 300	µm
Gewicht pro Partikel	2,0	µg
Tracerzugabe	43,9	mg/kg

Analysenergebnisse:

Probe	Einwaage [g]	Partikel Anzahl	Partikel [mg/kg]
1	2,52	56	44,4
2	2,49	47	37,8
3	2,49	55	44,2
4	2,50	57	45,6
5	2,52	62	49,2
6	2,53	48	37,9
7	2,52	54	42,9
8	2,49	55	44,2

Poisson-Verteilung

Probenanzahl	8	
Freiheitsgrad	7	
Mittelwert	54,2	Partikel
Standardabweichung	4,80	Partikel
χ^2 (CHI-Quadrat)	2,98	
Wahrscheinlichkeit	89	%
Wiederfindungsrate	99	%

Normalverteilung

Probenanzahl	8	
Mittelwert	43,3	mg/kg
Standardabweichung	3,83	mg/kg
rel. Standardabweichung	8,9	%
Horwitz Standardabweichung	9,1	%
HorRat-Wert	1,0	
Wiederfindungsrate	99	%

Microtracer Homogenitätstest**DLA -ptAUS4 Probe 4**

Gewicht Gesamtprobe	0,34	kg
Microtracer	FSS-rot lake	
Teilchengröße	75 – 300	µm
Gewicht pro Partikel	2,0	µg
Tracerzugabe	40,3	mg/kg

Analysenergebnisse:

Probe	Einwaage [g]	Partikel Anzahl	Partikel [mg/kg]
1	2,53	40	31,6
2	2,51	31	24,7
3	2,48	27	21,8
4	2,51	27	21,5
5	2,51	39	31,1
6	2,54	38	29,9
7	2,52	25	19,8
8	2,50	32	25,6

Poisson-Verteilung

Probenanzahl	8	
Freiheitsgrad	7	
Mittelwert	32,4	Partikel
Standardabweichung	5,82	Partikel
χ^2 (CHI-Quadrat)	7,32	
Wahrscheinlichkeit	40	%
Wiederfindungsrate	64	%

Normalverteilung

Probenanzahl	8	
Mittelwert	25,8	mg/kg
Standardabweichung	4,63	mg/kg
rel. Standardabweichung	18,0	%
Horwitz Standardabweichung	9,8	%
HorRat-Wert	1,8	
Wiederfindungsrate	64	%

5.3 Informationen zur Eignungsprüfung (EP)

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

EP-Nummer	DLA ptAUS4 (2020)
EP-Name	Fisch-Screening – 4 Proben qualitativ: Schwarzer Heilbutt (Reinhardtius hippoglossoides), Atlantischer Lachs (Salmo salar), Seelachs (Pollachius virens) und Forelle (Salmo trutta) in Fischprodukt (gefriergetrocknet, eine Species pro Probe)
Probenmatrix	Proben 1-4: Fischpulver / Zutaten: gefriergetrockneter Fisch, Maltodextrin (der Fischgehalt entspricht 100% frischem Fisch)
Probenzahl und Probenmenge	4 unterschiedliche Proben 1-4: je 25 g
Lagerungsinformation	Proben 1-4: Raumtemperatur (EP-Zeitraum), gekühlt 2 - 10 °C (Langzeit)
Verwendungszweck	Ausschließlich für Laboruntersuchungen (Qualitätskontrollproben)
Parameter	qualitativ: Schwarzer Heilbutt (Reinhardtius hippoglossoides), Atlantischer Lachs (Salmo salar), Seelachs (Pollachius virens) und Forelle (Salmo trutta) Proben 1-4: eine Fischart pro Probe
Untersuchungsmethoden	Die Analysemethoden sind 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 für jede Probe 1 – 4 je ein Ergebnis ermittelt. Die Einzelergebnisse sind in die Ergebnisabgabe-Datei einzutragen.
Einheiten	positiv / negativ (Nachweisgrenze in %)
Anzahl von Stellen	mindestens 2 signifikante Stellen
Ergebnisabgabe	Die Ergebnisabgabe-Datei wird per eMail übermittelt an: pt@dla-lvu.de
Letzter Abgabetermin	spätestens 07. August 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	Alexandra Scharf M.Sc.

* Die Kontrolle der Mischungshomogenität wird von DLA durchgeführt. Ggf. werden die Prüfung der Gehalte, Homogenität und Stabilität von EP-Parametern von DLA im Unterauftrag vergeben.

6. Verzeichnis der Teilnehmer in alphabetischer Reihenfolge

Teilnehmer / Participant	Ort / Town	Land / Country

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

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

7. Verzeichnis relevanter Literatur

1. DIN EN ISO/IEC 17025:2005; Allgemeine Anforderungen an die Kompetenz von Prüf- und Kalibrierlaboratorien / General requirements for the competence of testing and calibration laboratories
2. DIN EN ISO/IEC 17043:2010; Konformitätsbewertung – Allgemeine Anforderungen an Eignungsprüfungen / Conformity assessment – General requirements for proficiency testing
3. ISO 13528:2015 & DIN ISO 13528:2009; Statistische Verfahren für Eignungsprüfungen durch Ringversuche / Statistical methods for use in proficiency testing by inter-laboratory comparisons
4. 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 amtliche Kontrollen zur Überprüfung der Einhaltung des Lebensmittel- und Futtermittelrechts sowie der Bestimmungen über Tiergesundheit und Tierschutz / Regulation on official controls performed to ensure the verification of compliance with feed and food law, animal health and animal welfare rules
6. Evaluation of analytical methods used for regulation of food and drugs; W. Horwitz; Analytical Chemistry, 54, 67-76 (1982)
7. The International Harmonised Protocol for the Proficiency Testing of Analytical Laboratories ; J.AOAC Int., 76(4), 926 – 940 (1993)
8. A Horwitz-like funktion describes precision in proficiency test; M. Thompson, P.J. Lowthian; Analyst, 120, 271-272 (1995)
9. Protocol for the design, conduct and interpretation of method performance studies; W. Horwitz; Pure & Applied Chemistry, 67, 331-343 (1995)
10. Recent trends in inter-laboratory precision at ppb and sub-ppb concentrations in relation to fitness for purpose criteria in proficiency testing; M. Thompson; Analyst, 125, 385-386 (2000)
11. The International Harmonised Protocol for the Proficiency Testing of Analytical Chemistry Laboratories; Pure Appl Chem, 78, 145 – 196 (2006)
12. AMC Kernel Density – Representing data distributions with kernel density estimates, amc technical brief, Editor M Thompson, Analytical Methods Committee, AMCTB No 4, Revised March 2006 and Excel Add-in Kernel.xla 1.0e by Royal Society of Chemistry
13. EURACHEM/CITAC Leitfaden, Ermittlung der Messunsicherheit bei analytischen Messungen (2003); Quantifying Uncertainty in Analytical Measurement (1999)
14. GMP+ Feed Certification scheme, Module: Feed Safety Assurance, chapter 5.7 Checking procedure for the process accuracy of compound feed with micro tracers in GMP+ BA2 Control of residues, Version: 1st of January 2015 GMP+ International B.V.
15. MTSE SOP No. 010.01 (2014): Quantitative measurement of mixing uniformity and carry-over in powder mixtures with the rotary detector technique, MTSE Micro Tracers Services Europe GmbH
16. 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. Codex Alimentarius Commission (2010) – Guidelines on performance criteria and validation of methods for detection, identification and quantification of specific DNA sequences and specific proteins in foods, CAC/GL 74-2010
19. Lebensmittelchemische Gesellschaft [LChG der GDCh] „Stellungnahme der AG zu: Methoden zur Differenzierung von Tierarten in Lebensmitteln – Status quo, (2016), Food Chemistry Society of the GDCh

DLA ptAUS4 (2020) - Fischarten-Screening

Von 8 Teilnehmern haben 7 mindestens ein DNA-basiertes Ergebnis eingereicht. Die Auswertung der 4 Proben erfolgte rein qualitativ hinsichtlich der Parameter Schwarzer Heilbutt (*Reinhardtius hippoglossoides*), Atlantischer Lachs (*Salmo salar*), Seelachs (*Pollachius virens*) und Forelle (*Salmo trutta*) bzw. Regenbogenforelle (*Oncorhynchus mykiss*). Es wurden jeweils die Übereinstimmungen bezüglich der Konsenswerte der Teilnehmer und bezüglich der Dotierungen der Proben bewertet. Details zu den einzelnen Parametern sind dem Auswertebereich zu entnehmen.

2 Teilnehmer hatten ihren Sitz im Europäischen Ausland (Großbritannien, Schweiz) und ein Teilnehmer in den USA.