

Labor Vergleichs Untersuchung

Allergene in Backwaren (2023)

Erbse, Lupine, Sesam, Mandel,
Erdnuss, Haselnuss, Paranuss,
Walnuss, Macadamia,
Cashew, Pistazien,
Fisch (allgemein, Kabeljau),
Tintenfisch, Shrimps,
Senf (allgemein, gelb, braun),
Gluten, Soja, Sellerie,
Milcheiweiß (allgemein,
Casein, Molke),
Lactose, Hühnerei

Lvu

Inhaltsverzeichnis

Seite

1	Einleitung	5
2	Durchführung der Laborvergleichsuntersuchung	5
2.1	Untersuchungsmaterial	5
2.2	Ergebnisübermittlung	5
3	Auswertung	6
3.1	Aufbau der Ergebnistabellen	6
3.2	Zusammensetzung der Probe	7
3.3	Ergebnisse der Homogenitätsuntersuchungen	7
3.4	Quantitative Auswertung der Ergebnisse	8
3.4.1	Median - wahrer Wert	9
3.4.2	Standardabweichung	9
3.4.3	Robuste Standardabweichung (Algorithmus A)	9
3.4.4	Standardfehler - Vertrauensbereich	10
3.4.5	Wiederholpräzision - Wiederholstandardabweichung – Wiederholbarkeit	11
3.4.6	Zielstandardabweichung – Leistungskriterium	11
3.4.7	Zielstandardabweichung nach Horwitz	11
3.4.8	Zielstandardabweichung aus der robusten Standardabweichung	12
3.4.9	Z-Score	13
3.4.10	Hinweise zur Bewertung der Ergebnisse mittels Z-Score und zum Horrat-Wert	13
3.4.11	Erläuterungen zu den Grafiken	14
3.5	Beurteilung der Ergebnisse	14
3.6	Hinweise und Beobachtungen bei der Auswertung	15
3.7	Vorschlag aus dem Kreis der teilnehmenden Laboratorien	15
4	Verzeichnis der verwendeten Verfahren	16
4.1	Aufschlüsselungen der Verfahrensprinzipien	16
4.2	Aufschlüsselungen der Bezugsquellen)	16
4.3	Vorgehen bei der Extraktion von DNA	16
4.4	Durchführung und weiterführende Angaben	18
4.5	Vorgaben zur Angabe quantitativer Daten	20
5	Alphabetisches Verzeichnis der Teilnehmer	20

6	Ergebnisse	21
6.1	Lupine [Gehaltsangaben in mg/kg]	21
6.2	Sesam [Gehaltsangaben in mg/kg] – qualitative Auswertung nur eingeschränkt gültig	22
6.3	Erbse [Gehaltsangaben in mg/kg] – Ergebnisse nicht bewertbar	23
6.4	Macadamia [Gehaltsangaben in mg/kg]	23
6.5	Mandel [Gehaltsangaben in mg/kg] – Ergebnisse nicht bewertbar	24
6.6	Pistazie [Gehaltsangaben in mg/kg]	25
6.7	Paranuss [Gehaltsangaben in mg/kg]	26
6.8	Haselnuss [Gehaltsangaben in mg/kg]	26
6.9	Walnuss [Gehaltsangaben in mg/kg]	27
6.10	Cashew [Gehaltsangaben in mg/kg] – qualitative Auswertung nur eingeschränkt gültig	27
6.11	Erdnuss [Gehaltsangaben in mg/kg]	28
6.12	Fisch [Gehaltsangaben in mg/kg]	29
6.13	Kabeljau [Gehaltsangaben in mg/kg]	29
6.14	Shrimps [Gehaltsangaben in mg/kg]	29
6.15	Tintenfisch [Gehaltsangaben in mg/kg]	30
6.16	Senf, braun [Gehaltsangaben in mg/kg] – Ergebnisse nicht bewertbar	30
6.17	Senf, allgemein [Gehaltsangaben in mg/kg]	31
6.18	Senf, gelb [Gehaltsangaben in mg/kg] – qualitative Auswertung nur eingeschränkt gültig	32
6.19	Sellerie [Gehaltsangaben in mg/kg] – qualitative Auswertung nur eingeschränkt gültig	33
6.20	Ei [Gehaltsangaben in mg/kg]	34
6.21	Gluten [Gehaltsangaben in mg/kg] – Beurteilungswert Gluten: 20 mg/kg	35
6.22	Soja [Gehaltsangaben in mg/kg]	37
6.23	Milchprotein, allgemein [Gehaltsangaben in mg/kg] – Auswertung nur informativ	39
6.24	Casein [Gehaltsangaben in mg/kg]	40
6.25	Molkenprotein [Gehaltsangaben in mg/kg] – Ergebnisse nicht bewertbar	41
6.26	Lactose, wasserfrei [mg/kg] – Ergebnisse qualitativ nicht bewertbar	42

1 Einleitung

Laborvergleichsuntersuchungen stellen einen wesentlichen Bestandteil von Maßnahmen zur Sicherung der Qualität von Analysenergebnissen dar. Laboratorien, die an Laborvergleichsuntersuchungen teilnehmen, sind in der Lage, die von ihnen erarbeiteten Analysendaten selbst zu überprüfen. Bei einer festgestellten Abweichung der Laborwerte kann die angewandte Methode einer kritischen Überprüfung unterzogen werden. Gleichzeitig werden Schwachstellen bei der Übermittlung der Ergebnisdaten aufgezeigt.

Bei der Laborvergleichsuntersuchung „Allergene in Backwaren (2023)¹“ konnten folgende Parameter untersucht werden:

Lupine	Sesam	Mandel	Erdnuss	Haselnuss
Walnuss	Macadamia	Cashew	Pistazien	Fisch (allgemein)
Kabeljau	Tintenfisch	Shrimps	Senf (allgemein, gelb, braun)	Sellerie
Gluten	Soja	Lactose	Milch (allgemein, Molke, Casein)	Erbse

Der vorliegende Bericht beschreibt die Durchführung und die Ergebnisse der Laborvergleichsuntersuchung „Allergene in Backwaren“, die zwischen dem 5. Juli 2023 und dem 27. August 2023 durchgeführt worden war. Alle 22 angemeldeten Laboratorien teilten ihre Untersuchungsergebnisse mit.

2 Durchführung der Laborvergleichsuntersuchung

Die Durchführung und die Auswertung der Laborvergleichsuntersuchung „Allergene in Backwaren“ erfolgte nach „The International Harmonized Protocol for the Proficiency Testing of Analytical Chemistry Laboratories: Pure & Applied Chemistry 78, 145-196 (2006)“ unter Berücksichtigung der wesentlichen Bestandteile von ISO 17043:2010 und ISO 13528:2022. Für die Durchführung dieser Laborvergleichsuntersuchung wurde kein zertifiziertes Material mit bekannten Inhaltsstoffgehalten verwendet, da dies nicht erforderlich ist. Es ist ausreichend, wenn gewährleistet ist, dass homogenes Probenmaterial eingesetzt wird. Vor Durchführung der Laborvergleichsuntersuchung waren daher bis zu zehn Proben untersucht worden, um die Homogenität des Probenmaterials gewährleisten zu können.

Laborvergleichsuntersuchungen sollen den daran teilnehmenden Laboratorien Kenntnisse über die Qualität der eigenen Analytik geben. Daher waren alle Teilnehmer angehalten, die Untersuchung der Proben mit denjenigen Verfahren durchzuführen, die üblicherweise im eigenen Labor verwendet werden. Im Gegensatz zu einem methodenprüfenden Ringversuch wurden spezielle Analysenverfahren nicht vorgegeben. Es ist aber Aufgabe des Laboratoriums nach rechtlichen und fachlichen Gesichtspunkten zulässige bzw. geeignete Methoden auszuwählen und diese so präzise zu charakterisieren, dass sie eindeutig identifiziert und die Ergebnisse zutreffend bewertet werden können.

2.1 Untersuchungsmaterial

Für die Durchführung dieser Laborvergleichsuntersuchung wurde eine speziell für die Durchführung von Laborvergleichsuntersuchungen hergestellte Backware auf Reisbasis als Probenmaterial verwendet. Die Eignung dieser Backware zur Untersuchung auf die oben aufgeführten Allergene wurde durch Homogenitätsprüfungen sichergestellt. Die Teilnehmer an der Laborvergleichsuntersuchung „Allergene in Backwaren“ erhielten darauf je eine Probe.

2.2 Ergebnisübermittlung

Ergebnisse sollten grundsätzlich elektronisch mitgeteilt werden. Hierfür wurde eine vordefinierte Tabelle im Excelformat an die zentralen Ansprechpartner der Teilnehmer per E-Mail versendet und auf der LVU-Homepage bereitgestellt. In der

¹ künftig kurz “Allergene in Backwaren”

elektronischen Tabelle waren gängige Analysenverfahren vordefiniert worden und zur Auswahl hinterlegt, um einheitlichere Methodenbeschreibungen zu erhalten.

Um einheitliches Datenmaterial zu erhalten, waren für die Mitteilung von quantitativen Daten sowohl die Bezugslebensmittel als auch die Maßeinheiten vorgegeben. Ausgangspunkt dieser Vorgaben waren dabei die in der EU verwendeten Beurteilungstabellen für Allergene in Lebensmitteln.

Dennoch waren zeitaufwändige Nachbearbeitungen erforderlich, um die mitgeteilten Daten überhaupt auswerten zu können.

3 Auswertung

Für die Durchführung dieser Laborvergleichsuntersuchung wurde kein zertifiziertes Material mit bekannten Inhaltsstoffgehalten verwendet, da dies nicht erforderlich ist. Es ist ausreichend, wenn homogenes Probenmaterial eingesetzt wird. In der Probe wurden die abgefragten Allergene qualitativ und teilweise auch quantitativ untersucht. Die Ergebnisse dieser Untersuchungen entsprachen dabei der Rezeptur der Backware (siehe hierzu auch Kapitel 3.3 auf Seite 7).

Zur Auswertung der qualitativen Nachweise wurden deshalb zunächst die Rezepturdaten unter Berücksichtigung der Daten aus den Homogenitätsuntersuchungen (siehe hierzu auch Kapitel 3.2 auf Seite 7) als „wahre Werte“ zu Grunde gelegt. Entsprachen bei den Parametern allerdings weniger als 75 % der Ergebnisse diesen Daten, wurden die abweichenden Ergebnisse nicht als eindeutig abweichend beurteilt.

3.1 Aufbau der Ergebnistabellen

Für alle Parameter wurden Tabellen erstellt, in denen Übersichten über die Ergebnisse in den Proben gegeben werden. Laboratorien, die einen Parameter nicht bearbeitet haben, werden in den Tabellen generell nicht aufgeführt. „Positiv“ bedeutet, dass der aufgeführte Parameter eindeutig nachgewiesen, und „negativ“, dass der Parameter eindeutig nicht nachgewiesen wurde. Zweifelhafte Ergebnisse (weder eindeutig positiv noch negativ) werden als unsicher aufgeführt. **Eindeutig abweichende und folglich nicht den Anforderungen entsprechende Ergebnisse wurden in roter Schrift hervorgehoben. Blaue Schriftzeichen bedeuten, dass die Ergebnisse nicht eindeutig abweichen. Die Eignung des angewendeten Verfahrens oder die daraus abgeleiteten Schlüsse sollte dennoch überprüft werden.**

Es liegen zahlreiche quantitative Angaben zu in den Proben vorhandenen Mengen vor. Allerdings waren statistische Auswertungen mit Bewertungen der quantitativen Daten über Z-Scores nur beim Parameter „Gluten“ möglich (siehe hierzu auch Kapitel 3.4 auf Seite 8). Bei den übrigen Parametern wurden die quantitativen Daten in den Ergebnistabellen lediglich zur Information aufgelistet.

Die Charakterisierung der Verfahren erfolgt vierstufig in kodierter Form. Zunächst werden die Verfahren einem Untersuchungsprinzip (z.B. ELISA) zugeordnet. Danach wird der Anbieter des eingesetzten Kits/Antikörpers/Primers gelistet. Darüber hinaus vorliegende, weiterführende Angaben (spezielle Extraktionen, Literatur, Verweise auf Methodensammlungen) werden in der Spalte „Durchführung“ aufgeführt. Bei auf dem Nachweis von DNA-basierenden Verfahren sollte weiterhin das DNA-Extraktions-Verfahren mitgeteilt werden. Die Aufschlüsselung der Kodierungen befindet sich im Kapitel 4 auf Seite 16.

Die eingesetzten Verfahren und insbesondere die kommerziell angebotenen Testsätze wurden nicht bewertet.

Im Anschluss an die Laborergebnisse wird in Form einer Auswertetabelle aufgeführt, von wievielen Teilnehmern die einzelnen Parameter bearbeitet wurden und welche Resultate dabei erzielt worden sind.

3.2 Zusammensetzung der Probe

Bei der Herstellung des Probenmaterials wurde zunächst eine Mischung von Allergenen mit Reismehl vorbereitet. Danach wurden Kekse auf Basis von Reismehl, Zucker, Allergenmischung, Ei (10 %) und Wasser gebacken. Die Kekse wurden nach dem Backen gewogen. Die aufgeführte Dotierung bezieht sich auf die fertige Backware. Die in der nachfolgenden Tabelle verwendeten Farben geben Auskunft über die qualitative Übereinstimmung der Rezeptur mit den Untersuchungsergebnissen. In Spalte 2 wird neben der Dotierung auch das Ergebnis über alle Verfahrensprinzipien aufgeführt, während in Spalte 3 nur die Ergebnisse der molekularbiologischen Verfahren und in Spalte 4 nur die Ergebnisse der Protein-basierenden Verfahren dargestellt werden.

75 %	50 % bis < 75 %	25 % bis < 50 %	10 % bis < 25 %	< 10 %
------	-----------------	-----------------	-----------------	--------

Bei über 75 % Übereinstimmung der Ergebnisse mit der Rezeptur wird von einer gültigen Auswertung ausgegangen.

Zutaten	Dotierung [mg/kg Probe]	Ergebnisse (Anteil richtig)		Molekularbiologische Ergebnisse (Anteil richtig)	Protein-basierende Ergebnisse (Anteil richtig)
Haselnusskerne	nein	93%		100%	83%
Erdnüsse	4,7	81%		80%	83%
Mandeln blanchiert	1,9	50%		57%	40%
Walnusskerne	--	100%		100%	100%
Macadamia Nusskerne	--	100%		100%	100%
Cashewkerne	9,4	71%		67%	100%
Sesam ungeschält	1,9	73%		75%	67%
Paranusskerne	--	100%		100%	100%
Pistazienkerne extra grün	6,6	92%		90%	100%
Süßlupinen-Mehl (lupinus albus)	19	80%		75%	100%
Parameter „Senf, allgemein“	ja	93%		90%	100%
Senfsaat gelb ALBATROS	3,8	67%		67%	--
Senfsaat braun (B. juncea)	0,9	17%		17%	--
Sellerisat ganz	4,7	67%		65%	100%
Sojamehl	19	89%		88%	91%
Hühnerei (Zutat, 10 % im Teig)	Zutat	100%		--	100%
Magermilchpulver, sprühgetrocknet	9,6	58%		100%	55%
Parameter „Molkenprotein“	ja	33%		--	33%
Parameter „Casein“	ja	86%		--	86%
Parameter „Fisch allgemein“	--	100%		100%	--
Kabeljaupulver	--	100%		100%	--
Shrimps SF Pulver	--	100%		100%	100%
Tintenfisch, gefriergetrocknet	--	100%		100%	--
Gerste, Sorte Grace – Gluten	--	100%		100 %	100%
Roggen, KWS Sorte Livado - Gluten	--				
Weizen, Sorte GENIUS - Gluten	189				
Hafer, Sommerhafer Monarch	--			--	--
Erbse	nein	25%		25%	--

Eine Tabelle der ALS/ALTS-AG „Lebensmittelallergene“ (Stand 131020) mit Orientierungswerten zur Beurteilung von Lebensmitteln kann mit nachfolgendem Link heruntergeladen werden:

https://www.bvl.bund.de/SharedDocs/Downloads/01_Lebensmittel/ALS_ALTS/Allergene_Beurteilungswerte.pdf?__blob=publicationFile&v=7

3.3 Ergebnisse der Homogenitätsuntersuchungen

Vor der Durchführung der Laborvergleichsuntersuchung „Allergene in Backwaren“ wurden jeweils bis zu zehn Proben auf die An- bzw. auf die Abwesenheit der Allergene untersucht. Zu den Allergenen „Macadamia“, „Cashew“, „Sellerie“, „Tintenfisch“ und „Shrimps“ waren im Prüflabor noch keine Verfahren etabliert, weshalb hierfür keine Daten vorliegen.

Bei den Untersuchungen wurden qualitativ keine Abweichungen zur Rezeptur festgestellt. Die Daten zeigen generell, dass das Probenmaterial für die Durchführung einer Laborvergleichsuntersuchung geeignet war.

Allergen	Allergen bestimmt als	Dotierung mg/kg	Methode	Allergen (mg/kg)	Standardabweichung	Bemerkungen
Soja	Sojamehl		real-time PCR AllAll L	14,3	2,2	2 Aliquote von 6 Proben in Doppelbestimmung
Senf, gelb	Senfsaat, gelb		Multiplex RT-PCR	positiv		
Senf, braun			Multiplex RT-PCR	negativ		< 5 mg/kg
Sellerie	Selleriesaat		Multiplex RT-PCR	negativ		< 10 mg/kg
Haselnuss	Haselnuss (ungeröstet)		Multiplex RT-PCR	negativ		< 1 mg/kg
Erdnuss	Erdnuss (geröstet)		Multiplex RT-PCR	positiv		
Paranuss			Multiplex RT-PCR			nicht getestet
Walnuss			Multiplex RT-PCR	negativ		< 1 mg/kg
Macadamia						nicht getestet
Cashew	Cashew (ungeröstet)		Multiplex RT-PCR	positiv		
Pistazie				--		nicht getestet
Lupine	Süßlupinenmehl, Lupinus albus		real-time PCR AllAll L	16,6	3,8	2 Aliquote von 6 Proben in Doppelbestimmung
Sesam	Sesam ganz		ELISafast	2,2	0,2	10-fach bestimmt
Sesam	Sesam ganz		real-time PCR AllAll L	1,7	0,4	2 Aliquote von 6 Proben in Doppelbestimmung
Mandel			real-time PCR AllAll L	1,8	0,4	2 Aliquote von 6 Proben in Doppelbestimmung
Fisch	Kabeljau-pulver			--		nicht getestet
Tintenfisch			--	--		keine Methode
Shrimps			--	--		keine Methode
Gluten	Gluten		ELISA	positiv (30)	?	
Milch	Magermilch-pulver		ELISA Veratox			nicht getestet
Milch	Milchprotein		ELISA Morinaga Casein	positiv		
Erbse						nicht getestet
Weizen	Sorte GENIUS					
Roggen	Sorte Livado					
Gerste	Sorte Grace					
Laktose						nicht getestet
Hühnerei		Zutat (10 %)				nicht getestet

3.4 Quantitative Auswertung der Ergebnisse

Nur beim Parameter „Gluten“ war eine quantitative Auswertung möglich. Bei den übrigen Parametern war entweder die Anzahl der quantitativen Daten zu gering oder die erzielten Ergebnisse waren nicht vergleichbar. Dies wird so seit einigen Jahren beobachtet.

Bei der quantitativen Bestimmung der Allergene besteht weiterhin Entwicklungsbedarf. Die Höhe einer Allergen-Kontamination hängt unter anderem auch stark von der Übereinstimmung im DNA/Masse-Gehalt des eingesetzten Kalibrators mit der Art der Kontamination in der Probe zusammen (bei ELISAs: Protein/Masse-Gehalt). Daher können sich durch unterschiedliche Kalibratoren deutliche Unterschiede im ermittelten Wert ergeben.

Bei Allergenen, bei denen das qualitative Ergebnis nicht mit den Rezepturdaten übereinstimmen, wurden informative Auswertungen durchgeführt. **Die lediglich zur Information aufgeführten Abweichungen werden kursiv und mit heller Schrift aufgeführt.** Abweichungen bei diesen Parametern dürfen nicht den Laboratorien angelastet werden!

Bei der Auswertung einer Laborvergleichsuntersuchung wird die Abweichung der Laborergebnisse vom „wahren Gehalt“ mit einem Leistungskriterium, der Zielstandardabweichung, verglichen. Das Ergebnis des Vergleichs wird als Z-Score dargestellt.

Ein „wahrer Gehalt“ der einzelnen Untersuchungsparameter mit vorgegebenem Vertrauensbereich war zum Zeitpunkt des Probenversands noch nicht bekannt. Der „**wahre Gehalt**“ in den Proben wurde aus den mitgeteilten Untersuchungsergebnissen ermittelt. Zur Schätzung des "wahren Gehaltes" wurde nicht der Mittelwert, sondern der **Median** aus den berücksichtigten Laborergebnissen verwendet.

3.4.1 Median - wahrer Wert

Der Median ist der mittlere Wert der nach der Größe geordneten Messwerte. Bei einer geraden Anzahl von Daten entspricht er dem arithmetischen Mittel der beiden in der Mitte liegenden Messwerte. Während einzelne, abweichende Ergebnisse in der Regel kaum Einfluss auf den Median haben, können im Gegensatz dazu der Mittelwert und insbesondere die Standardabweichung stark beeinflusst werden.

Der Median ist zur Schätzung des „wahren Gehaltes“ eines Parameters besser geeignet als der Mittelwert. Daher wurde als „wahrer Wert“ und damit als Bezugsgröße für die weiteren Berechnungen immer der Median verwendet.

Zunächst wurden alle eingesandten Ergebnisse ausgewertet. Anschließend wurden die Laborabweichungen überprüft und in allen Fällen Zweitberechnungen durchgeführt ohne die Daten von Laboratorien, deren Ergebnisse

- um mehr als fünf **Zielstandardabweichungen** vom Median abweichen oder
- um mehr als 50 % vom Median abweichen und gleichzeitig der Betrag des **Z-Score** größer als 3 ist.

Bei symmetrischen, eingipfligen Verteilungen wie der Normalverteilung stimmen nach Elimination von Ausreißern Median und Mittelwert nahezu überein.

3.4.2 Standardabweichung

Die Standardabweichung wurde zunächst immer unter Einbeziehung aller Analysenergebnisse berechnet. Da bei vielen Parametern die Ergebnisse einiger Laboratorien deutlich vom Median abweichen, ist die berechnete Standardabweichung meist deutlich größer als die Zielstandardabweichung nach Horwitz (siehe unten). Daher wurden Zweitberechnungen durchgeführt, bei denen die Daten von Laboratorien mit stark abweichenden Ergebnissen bei den Berechnungen ausgeklammert worden sind.

3.4.3 Robuste Standardabweichung (Algorithmus A)

Sowohl im “Harmonized Protocol” als auch in der ISO Norm 13528 wird auf die Möglichkeit der Verwendung von Algorithmus A zur Berechnung robuster Werte für den Mittelwert und die Standardabweichung von Daten hingewiesen. Bei der Berechnung dieser beiden robusten Kenndaten werden extreme Werte nicht ausgeschlossen, aber deren Einfluss auf das Ergebnis der Berechnung wird erheblich vermindert.

Die Berechnungen des robusten Mittelwertes x^* und der robusten Standardabweichung s^* werden iterativ durchgeführt. Hierzu wird die Berechnung der Werte für x^* und s^* solange wiederholt, bis der Prozess konvergiert. Bei den im Rahmen dieser Laborvergleichsuntersuchung durchgeführten Berechnungen wurde Konvergenz angenommen und daraufhin die Iteration beendet, wenn nach zwei aufeinanderfolgenden Iterationsschritten die vierten signifikanten Ziffern der berechneten robusten Standardabweichung identisch waren.

Bedingt durch den Faktor 1,134 in der letzten Formel des Algorithmus ist die robuste Standardabweichung s^* numerisch größer als die Standardabweichung (s_L), wenn keine Anpassung der Werte x_i^* an $x^* - \delta$ oder $x^* + \delta$ erforderlich ist.

Beim **Algorithmus A** handelt es sich um ein iteratives Verfahren mit folgender Vorgehensweise:

- Bezeichne die der Größe nach sortierten n Daten mit: $x_1, x_2, \dots, x_i, \dots, x_n$.
- Bezeichne den robusten Mittelwert und die robuste Standardabweichung dieser Daten mit x^* und s^* .
- Leite die Anfangsbedingungen x^* und s^* folgendermaßen ab:

$$x^* = \text{Median}(x_i) \quad (i = 1, 2, \dots, n)$$

$$s^* = 1,483 * \text{Median}(|x_i - x^*|) \quad (i = 1, 2, \dots, n)$$

- Aktualisiere die Werte für x^* und s^* folgendermaßen.

$$\text{Berechne } \delta = 1,5 * s^*$$

Berechne für alle x_i ($i=1, 2, \dots, n$):

$$x_i^* = x^* - \delta \quad \text{falls } x_i < x^* - \delta$$

$$x_i^* = x^* + \delta \quad \text{falls } x_i > x^* + \delta$$

$$x_i^* = x^* \quad \text{in allen anderen Fällen}$$

- Berechne die neuen Werte für x^* und s^* nach folgenden Formeln:

$$x^* = \sum x_i^* / n$$

$$s^* = 1,134 * (\sum (x_i^* - x^*)^2 / (n - 1))^{1/2}$$

wobei die Aufsummierung über i erfolgt.

3.4.4 Standardfehler - Vertrauensbereich

Der Standardfehler liefert eine Aussage über die Zuverlässigkeit des Mittelwertes. Je mehr Einzelwerte vorliegen, desto robuster ist der Mittelwert und desto kleiner der Standardfehler. Gemäß der Norm ISO 13528 sind Auswertungen uneingeschränkt gültig, bei denen der Quotient aus Standardfehler und Zielstandardabweichung nicht über 0,3 liegt. Dann ist gewährleistet, dass die Unsicherheit des Bezugswertes die Beurteilung der Laborleistung nicht beeinträchtigt. Liegt der Quotient im Bereich zwischen 0,3 und 0,5, soll auf die eingeschränkte Sicherheit des Bezugswertes hingewiesen werden, während bei Werten des Quotienten über 0,5 die Unsicherheit des Bezugswertes für eine gültige Bewertung der Laborleistung zu groß ist.

$$u_{\text{ref}} = s_L / \sqrt{n}$$

mit:

Variable	Bezeichnung
u_{ref}	Standardfehler
s_L	Standardabweichung der Laborwerte
n	Anzahl der jeweils berücksichtigten Laboratorien

Der Vertrauensbereich wird berechnet durch Multiplikation des Standardfehlers mit dem Student t-Faktor des entsprechenden Konfidenzintervalls (hier 95 %). Der Vertrauensbereich gibt den Bereich um den Mittelwert eines Parameters an, in dem mit 95%iger Wahrscheinlichkeit der „wahre Wert“ liegt. Der Vertrauensbereich beschreibt die Unsicherheit des Bezugswertes. Student t-Faktoren für das Konfidenzintervall 95 % liegen bei mehr als 18 vorliegenden Ergebnissen im Bereich zwischen 2 und 2,1. Aus der Norm ISO 13528 kann damit (für $n > 18$) abgeleitet werden, dass der Vertrauensbereich nicht größer als zwei Drittel der zur Beurteilung verwendeten Zielstandardabweichung sein sollte, um eine gültige Auswertung zu erhalten.

$$VB_{95\%} = t * u_{\text{ref}}$$

mit:

Variable	Bezeichnung
$VB_{95\%}$	Vertrauensbereich (95%-Konfidenzintervall)
t	Student-Faktor aus Tabelle (95 % Wahrscheinlichkeit, zweiseitige Betrachtung)

3.4.5 Wiederholpräzision - Wiederholstandardabweichung – Wiederholbarkeit

Die Wiederholpräzision r entspricht dem Ausmaß der Übereinstimmung zwischen Ergebnissen unabhängiger Messungen desselben Analyten, die unter Wiederholbedingungen durchgeführt werden. Wiederholbedingungen liegen in der Regel dann vor, wenn eine Probe mehrmals kurz hintereinander mit dem gleichen Zubehör untersucht wird. Dies ist bei der Beteiligung an einer Labrvergleichsuntersuchung der Regelfall. Die Wiederholpräzision wird berechnet durch Multiplikation der Standardabweichung der Einzelergebnisse mit einem tabellierten Faktor. Für ein Konfidenzniveau von 95 % ist dies der Faktor 2,8.

Im optimalen Fall sollten hierfür mindestens acht Einzelmessungen durchgeführt werden. Bei der Durchführung dieser Laborvergleichsuntersuchung liegen zwar keine 8 Wiederholmessungen je Teilnehmer vor, allerdings kann die laborinterne Standardabweichung über die Quadratsumme der Abweichungen der beiden Bestimmungen in einer Näherung auch nach folgender Formel abgeschätzt werden:

$$S_w = \sqrt{\sum_{t=1}^n (w_t * w_t) / (2n)}$$

mit:

Variable	Bezeichnung
S_w	Laborinterne Standardabweichung
w_t	Differenz der t. Bestimmungen
n	Anzahl der Laboratorien

Vereinfacht kann auch die für die Beurteilung der Laborergebnisse verwendete Ziel-/Vergleichsstandardabweichung herangezogen werden: Gemäß Kommissionsentscheidung 657/2002/EG beträgt die Vergleichsstandardabweichung das 1,5 bis 2,0 fache der Wiederholstandardabweichung. Übersteigt die Differenz der beiden unter Wiederholbedingungen erzielten Einzelergebnisse eines Teilnehmers die zur Beurteilung der Laborergebnisse verwendete Ziel-/Vergleichsstandardabweichung um mehr als den Faktor 2, liegen diese beiden Werte außerhalb der typischen Wiederholbarkeit.

3.4.6 Zielstandardabweichung – Leistungskriterium

Die Bewertung der Laborergebnisse erfolgt mit Hilfe eines Leistungskriteriums, das die Form einer Standardabweichung hat. Hierfür ist jedoch die Standardabweichung der Laborergebnisse nicht geeignet, da diese stark von den jeweils vorliegenden Laborergebnissen abhängt. Sie ist aufgrund des Berechnungsverfahrens immer so groß, dass 68,3 % der Werte, auf denen die Berechnung beruht, im Bereich des Mittelwertes \pm einer Standardabweichung liegen. Daher werden von den vorliegenden Laborergebnissen möglichst unabhängige Zielstandardabweichungen verwendet.

3.4.7 Zielstandardabweichung nach Horwitz

Horwitz hat auf der Grundlage zahlreicher methodenprüfender Ringversuche eine Funktion abgeleitet (Analytical Chemistry 54, 67A-76A (1982)), mit der in Abhängigkeit von der Konzentration des gesuchten Analyten eine relative Zielstandardabweichung berechnet werden kann:

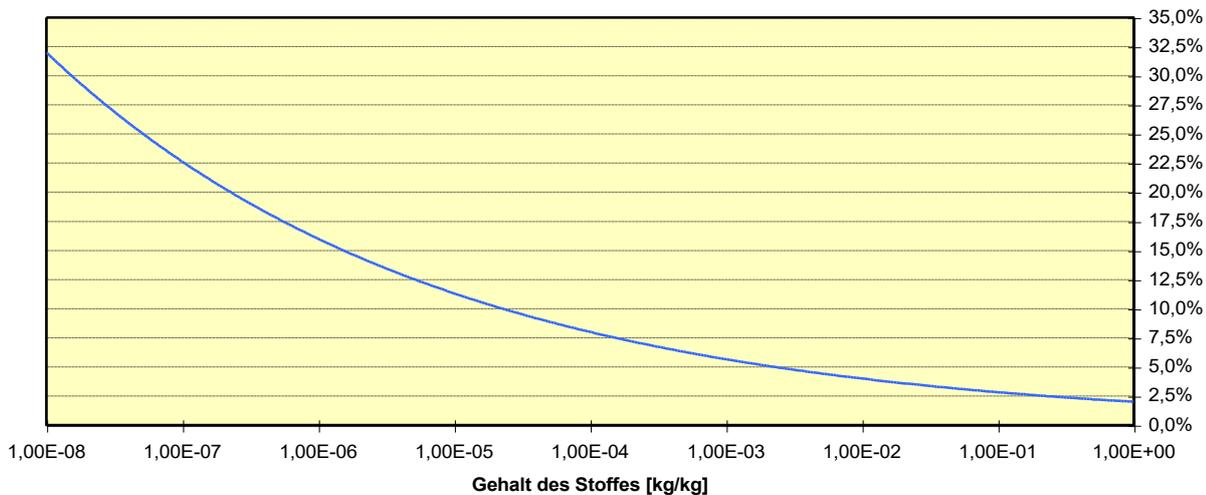
$$\%s_H = 2 \cdot (1 - 0,5 \log(M_r))$$

mit:

Variable	Bezeichnung
% s_H	Relative Zielstandardabweichung nach Horwitz
M_r	Median oder Gesamtmittelwert, eingesetzt als relative Konzentration (z.B. 1 g/kg entsprechen einer relativen Konzentration von 0,001 kg/kg)

Die nachfolgende Graphik zeigt auf, dass bei kleineren Konzentrationen deutlich höhere Varianzen zu erwarten sind als im Bereich höherer Konzentrationen. Dies stimmt mit der Praxis überein, wo zunehmende analytische Schwierigkeiten bei abnehmender Stoffkonzentration alltäglich sind.

Relative Zielstandardabweichung, berechnet nach Horwitz



Thompson und Lowthian (Analyst 120, 271-272 (1995)) haben gezeigt, dass die Präzision in Laborvergleichsuntersuchungen ebenfalls einer Funktion dieses Typs folgt. Hinweis: Bei dimensionslosen Parameter (z.B. pH-Wert) kann die Horwitzfunktion nicht angewendet werden.

Der Wert einer Zielstandardabweichung wird folgendermaßen berechnet:

$$s_H = (\%s_H / 100) * M$$

mit:

Variable	Bezeichnung
s_H	Zielstandardabweichung nach Horwitz
% s_H	Relative Zielstandardabweichung nach Horwitz
M	Median oder Gesamtmittelwert, eingesetzt in üblicher Konzentration

3.4.8 Zielstandardabweichung aus der robusten Standardabweichung

Obwohl sie von den Ergebnissen der jeweils vorliegenden Laborvergleichsuntersuchung nicht unabhängig ist, kann die robuste Standardabweichung der Laborergebnisse als Zielstandardabweichung angewendet werden, z.B. wenn eine Vergleichsstandardabweichung der vorgegebenen oder vorherrschenden Methode nicht bekannt und eine Zielstandardabweichung nach Horwitz nicht berechenbar ist. Sie kann zur vergleichenden Bewertung der Laborergebnisse in einer Laborvergleichsuntersuchung auch dann sinnvoll sein, wenn die Leistungsfähigkeit der Laboratorien durch die beiden anderen Möglichkeiten zur Wahl der Zielstandardabweichung nicht sinnvoll beschrieben werden kann. Die robuste Standardabweichung wird in der Regel unter Verwendung aller Laborergebnisse berechnet. Eine Zweitberechnung der robusten Standardabweichung nach Elimination von Ausreißern wird nicht durchgeführt.

3.4.9 Z-Score

Der Z-Score bewertet das Analysenergebnis des Laboratoriums. Er wird aus der Abweichung der Labormittelwerte vom Median und der Zielstandardabweichung (s_{Ziel}) folgendermaßen berechnet:

$$Z = (m - M) / s_{\text{Ziel}}$$

mit:

Variable	Bezeichnung
Z	Wert des Z-Scores
m	Labormittelwert
M	Median oder Gesamtmittelwert
s_{Ziel}	1. Zielstandardabweichung nach Horwitz (s_H) 2. Robuste Standardabweichung nach Algorithmus A (s^*)

Der Z-Score gibt somit wieder, um welches Vielfache der Zielstandardabweichung sich der Labormittelwert vom Median der berücksichtigten Ergebnisse unterscheidet.

Somit kann der Betrag des Z-Scores zur Beurteilung der Analysenergebnisse herangezogen werden:

Bereich	Bewertung
0 bis ≤ 2	Die Analytik entspricht den Anforderungen
> 2 bis < 3	Die Analytik sollte überprüft werden
≥ 3	Die Analytik entspricht nicht den Anforderungen

Die Beurteilung über eine geeignete Vergleichsstandardabweichung einer im Ringversuch getesteten Methoden ist zu bevorzugen, da diese im Regelfall besser die Leistungsfähigkeit von Verfahren widerspiegelt als die Beurteilung über die allgemeinere, empirische Horwitzfunktion oder die robuste Standardabweichung nach Algorithmus A.

3.4.10 Hinweise zur Bewertung der Ergebnisse mittels Z-Score und zum Horrat-Wert

Die Bewertung der einzelnen Analysenergebnisse über den Z-Score bedarf, um als Basis sachlich korrekter Schlussfolgerungen dienen zu können, grundsätzlich der fachlich-kritischen Betrachtung. Hierbei ist insbesondere das Gesamtergebnis je Parameter über alle Laboratorien zu beachten.

Zur Objektivierung können Regeln herangezogen werden, die zunächst zur Bewertung methodenprüfender Ringversuche entwickelt wurden. So haben K. W. Boyer, W. Horwitz und R. Albert (Analytical Chemistry 57, 454-459 (1985)) im Rahmen ihrer Arbeiten über die Ergebnisse methodenprüfender Ringversuche neben der oben dargestellten Regel zur Berechnung der Vergleichsstreuung festgestellt, dass bei nur sehr wenigen akzeptierten Ringversuchsergebnissen der doppelte Betrag der nach der Horwitz-Formel berechneten Vergleichsstandardabweichung überschritten wurde. Aufgrund dieser Beobachtung wird der Quotient aus gefundener Vergleichsstandardabweichung und der nach Horwitz berechneten Standardabweichung als Horrat (Horwitz ratio)-Wert bezeichnet und zur Bewertung methodenprüfender Ringversuche herangezogen. Demzufolge wird ein Ringversuchsergebnis als zufriedenstellend bewertet, wenn nach Ausschluss von nicht mehr als 2/9 (entsprechend 22,2 %) der Laboratorien (W. Horwitz, Pure & Applied Chemistry, 67, 331-343 (1995)) ein Horrat-Wert von 2 nicht überschritten wird. Thompson und Lowthian (Journal of AOAC International 80, 676-679 (1997)) haben bei ihrer Überprüfung der Horwitz-Funktion festgestellt, dass in 95 % aller ausgewerteten Fälle der Horrat-Wert unter 1,5 zu erwarten ist. Auch Horwitz hat in einer jüngeren Publikation (W. Horwitz, P. Britton u. St. J. Chirtel, J of AOAC International 81, 1257-1265 (1998)) die Anwendung des HORRAT-Wertes von 1,5 für die Bewertung methodenprüfender Ringversuche empfohlen.

Für die Bewertung des Gesamtergebnisses einer Laborvergleichsuntersuchung bedeutet dies, dass im allgemeinen die Eignung und Beherrschung der eingesetzten Untersuchungsmethoden angenommen werden darf, wenn nach Ausschluss

von weniger als 22 % der Laborergebnisse der Quotient aus der Standardabweichung zwischen den Laboratorien und der Zielstandardabweichung im Bereich zwischen 0,67 unter 1,5 bzw. ungünstigstenfalls im Bereich zwischen 0,5 und 2,0 liegt. Die Bewertung der erzielten Laborleistung durch die Z-Scores ist dann aussagekräftig.

In Übereinstimmung hiermit zeigt sich, dass die Horwitz-Funktion bzw. die Vergleichsstandardabweichung insbesondere im Bereich der Bestimmungsgrenzen von Methoden zu strenge Maßstäbe setzt, die in der Regel von den eingesetzten Methoden nicht erfüllt werden können. Im Bereich der Bestimmungsgrenze liegt die relative Standardabweichung je nach Ermittlungsverfahren im Bereich zwischen 10 und 33 %. Aus diesem Grund wird im Bereich der analytischen Bestimmungsgrenze die robuste Standardabweichung zur Bewertung der Laborergebnisse verwendet. Liegt diese unterhalb von 33 % des Medians, ist diese für die Beurteilung der Ergebnisdaten geeignet.

3.4.11 Erläuterungen zu den Grafiken

Alle abgedruckten Grafiken sind gleich aufgebaut. Zur Vermeidung von Lücken bei der Darstellung blieben Laboratorien, die keine Werte geliefert haben, bei der Erstellung der Grafiken generell unberücksichtigt.

Bei der ersten Grafik werden die Abweichungen der Laborwerte vom Median in aufsteigender Reihenfolge dargestellt. Der „0-Wert“ entspricht exakt dem Median. Bei gleichen Abweichungen wird das Labor mit der niederen Auswertenummer zuerst ausgegeben. Diese Grafik gibt einen Überblick zur Verteilung der Analysendaten. Hierzu wurde die Skalierung der Ordinate so gewählt, dass die Grafik übersichtlich bleibt. Dies bedeutet, dass starke Abweichungen nicht immer vollständig dargestellt sind.

Bei der zweiten Grafik wurden bei allen Parametern, die über die jeweils gültige Vergleichsstandardabweichung berechneten Z-Scores der Laboratorien dargestellt. Der Wert „-1“ bedeutet, dass das Labor ein Ergebnis gemeldet hat, welches um die zur Beurteilung verwendete Zielstandardabweichung niedriger ist als der Median.

3.5 Beurteilung der Ergebnisse

Die Ergebnisse dieser Laborvergleichsuntersuchung zeigen auf, dass die Laboratorien die **qualitative Untersuchung** von Backwaren mehrheitlich beherrschen. Liegen dagegen nur geringe Gehalte an Allergenen vor (z.B. Molkenprotein, Lactose, Erdnuss, Haselnuss), dann sind Nachweise mit den verfügbaren Tests oft nicht mehr möglich. Bei der **quantitativen Bestimmung** der Allergene liegen weiterhin noch gravierende Unterschiede vor, so dass quantitative Daten mehrheitlich nicht bewertet werden konnten.

Dabei ist unklar, ob die Unterschiede auf die Kalibrierung oder den Bezug (z.B. als Protein oder als Lebensmittel) zurückzuführen sind. Die Höhe einer Allergen-Kontamination hängt unter anderem auch stark von der Übereinstimmung im DNA/Masse-Gehalt des eingesetzten Kalibrators mit der Art der Kontamination in der Probe zusammen (bei ELISAs: Protein/Masse-Gehalt). Daher können sich durch unterschiedliche Kalibratoren deutliche Unterschiede im ermittelten Wert ergeben.

Auch die Beurteilung der An- und Abwesenheit von Allergenen bleibt noch problematisch. Bei dieser Laborvergleichsuntersuchung konnte zwischen dem analytischen Nachweis auf der einen Seite und der Überschreitung der zugehörigen Beurteilungswerte der Allergens unter Berücksichtigung der Messunsicherheit der Untersuchung unterschieden werden.

PCR-Verfahren zeichnen sich beim Nachweis von DNA durch eine hohe Empfindlichkeit aus. In der Regel kann eine Spezies-DNA bereits bei Anteilen deutlich unter 0,001 % nachgewiesen werden. Die laborinterne Beurteilung von mit hochempfindlichen PCR-Verfahren erhaltenen Analysenergebnissen bedarf deshalb der besonderen Vorsicht, da ansonsten auch forensische Spuren nachgewiesen werden könnten. Auch einige ELISA-Verfahren sind im Einsatz, mit denen Proteine in niederen Konzentrationen erfasst werden können. Dadurch ergeben sich bei den Laborarbeiten und bei der Interpretation der Ergebnisse unter anderem folgende Probleme:

- Bei Laborarbeiten müssen Kontaminationen mit anderen Probenmaterialien vermieden werden.
- Es muss eine mögliche Kontamination auf niederem Niveau (deutlich unter 10 mg/kg) erkannt werden.

Das Probenmaterial wurde unter Verwendung von etwa 10 % Hühnerei hergestellt. Dadurch hatten die Laboratorien keine Probleme, mit den von ihnen verwendeten ELISA-Testkits das Allergen Ei im Probenmaterial nachzuweisen. Die vorliegenden quantitativen Daten machen allerdings deutlich, dass ein Teil der verwendeten Testkits nur erheblich weniger als 1 % der zugesetzten Hühnereimasse erfassen kann.

Zur Auswertung der qualitativen Nachweise wurden die Rezepturdaten unter Berücksichtigung der Daten aus den Homogenitätsuntersuchungen (siehe hierzu auch Kapitel 3.3 auf Seite 7) als „wahre Werte“ verwendet. Stimmten jedoch weniger als 75 % der abgegebenen Ergebnisse mit den Rezepturdaten überein, wurde intern eine differenziertere Auswertung durchgeführt (in der Regel getrennt nach PCR und ELISA).

War nicht erkennbar, warum mehr als 25 % der Laboratorien andere Ergebnisse abliefern, wurden Ergebnisse zu diesem Parameter nur zur Information, also unbewertet, aufgelistet. Blaue Schriftzeichen bedeuten, dass die Ergebnisse nicht eindeutig abweichen. Die Eignung des angewendeten Verfahrens oder die daraus abgeleiteten Schlüsse sollte dennoch überprüft werden, sofern die zugesetzten Gehalte mit den verfügbaren Testverfahren generell noch nicht eindeutig erfasst werden können.

3.6 Hinweise und Beobachtungen bei der Auswertung

Bei dem Probenmaterial handelt es sich um eine gemahlene Backware, welche Partikel unterschiedlicher Korngrößen enthält. Darauf wurden die Teilnehmer beim Versand der Proben hingewiesen. Bestehen Probenmaterialien aus Teilchen verschiedener Größe kann sich das Probenmaterial durch Schütteln (z.B. beim Transport) entmischen. Durch das Schütteln entstehen kleine freie Räume, in die dann von oben Teilchen rutschen. Dabei ist die Wahrscheinlichkeit dafür, dass ein kleines Teilchen Platz unter einem großen findet, größer als die Wahrscheinlichkeit, dass mehrere kleine Teilchen sich zur Seite bewegen und dadurch ein großes Teilchen nach unten rutschen kann. Dadurch ist eine Homogenisierung des Probenmaterials schwierig und die Homogenisierung im Labor hat entscheidenden Einfluss auf das Analyseergebnis.

In Zusammenhang mit der Homogenisierung berichtete Labor 11, dass die Sesam-Komponente/Zutat in der Probe auch nach zusätzlicher Homogenisierung inhomogen war.

Die Beurteilungswerte für Allergengehalte sind für die jeweiligen Lebensmittel festgelegt worden. Zur Vergleichbarkeit der quantitativen Ergebnisse waren deshalb auch Bezugslebensmittel vorgegeben. Beispielsweise sollte der Sojagehalt des Probenmaterials als Sojamehl und nicht als Soja angegeben werden. Bei der Auswertung wurde aber festgestellt, dass in zahlreichen Fällen die Quantifizierung mit hoher Wahrscheinlichkeit nicht auf die vorgegebenen Bezugslebensmittel erfolgte! Teilweise wiesen die Teilnehmer sogar auf die Abweichung hin.

3.7 Vorschlag aus dem Kreis der teilnehmenden Laboratorien

Ein teilnehmendes Labor schlägt vor, die Allergene in Gruppen einzuteilen und anzugeben, wieviele Allergene aus den Gruppen enthalten sind.

Gruppe 1: Nussarten (Paranuss, Cashew, Erdnuss, Haselnuss, Mandel, Macadamia, Pistazien und Walnuss)

Gruppe 2: Pflanzen (Lupine, Erbsen, Soja, Sellerie, Sesam, Gluten, Senf)

Gruppe 3: aquatische Organismen (Fisch, Kabeljau, Schrimps, Tintenfische)

Gruppe 4: tierische Bestandteile (Ei Huhn, Milcheiweiß, Lactose)

Als Veranstalter steht LVU diesem Vorschlag offen gegenüber. Es bestehen allerdings Bedenken, dass dann die teilnehmenden Laboratorien sehr stark beeinflusst und unter Druck gesetzt werden, wenn im Labor dann mehr oder auch weniger Allergene als vorgegeben festgestellt werden. Darüber hinaus könnten in einer Probe auch Allergene enthalten sein, die im Vorfeld bei der Überprüfung der Materialien aufgrund von höheren Erfassungsgrenzen im Kontraktlabor nicht erfasst werden. Dadurch wäre als Folge die angegebene Zahl der enthaltenen Allergene fehlerhaft.

4 Verzeichnis der verwendeten Verfahren

4.1 Aufschlüsselungen der Verfahrensprinzipien

Kode	Prinzipien	Erbse	Lupine	Sesam	Mandel	Erdnuss	Haselnuss	Paranuss	Walnuss	Macadamia	Cashew	Pistazie
1	ELISA	--	3	3	5	6	5	1	1	1	1	1
2	Real-Time PCR	2	8	7	4	6	4	3	4	3	2	6
4	Multiplex Real-time PCR	2	3	4	3	4	5	1	5	2	4	3
5	Multiplex PCR	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	1
10	Immunologisch mit Teststrips	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	1

4.2 Aufschlüsselungen der Bezugsquellen

Kode	Bezugsquelle	Erbse	Lupine	Sesam	Mandel	Erdnuss	Haselnuss	Paranuss	Walnuss	Macadamia	Cashew	Pistazie
1	Nicht kommerziell	1	4	4	3	3	3	2	4	2	3	2
2	r-biopharm	--	3	4	5	5	6	1	1	1	--	4
5	TIBMOLBIOL	1	2	1	1	3	2	1	2	1	2	1
6	Congen	1	2	3	--	2	1	--	--	--	--	1
7	Neogene	--	--	--	--	1	--	--	--	--	--	--
8	ELISA Systems	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--
9	Oxoid	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--
10	Koeppel / Microsynth	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1
11	Transia	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1
12	GEN-IAL	--	1	--	--	--	--	--	--	--	--	--
13	Romer Labs AgraQuant	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	1
14	Morinaga	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--
16	Biokits (Neogene)	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--
17	IDT DNA	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--
18	Imunolab	--	1	--	--	--	--	--	--	--	--	--
20	Romer Labs Nutri linia	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--
22	Eurogentec	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--
23	AgraQuant® Plus	--	--	1	1	1	1	0	0	1	1	1
24	IEH	--	--	1	--	--	--	--	--	--	--	1
25	INGEZIM	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--
26	BIOTECON Diagnostics/hygiene	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--

4.3 Vorgehen bei der Extraktion von DNA

Kode	DNA-Extraktion	Erbse	Lupine	Sesam	Mandel	Erdnuss	Haselnuss	Paranuss	Walnuss	Macadamia	Cashew	Pistazie
2	CTAB-Methode mit weiterer Aufreinigung (s. z.B. § 64 LFGB L 08.00-56)	--	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1
3	CTAB-Präzipitationsmethode (s. z.B. § 64 LFGB, Methodenentwürfe Reis- und Weizenkeks)	--	1	1	1	2	1	--	1	--	1	--
4	Wizard-Methode (SLMB)	2	2	2	2	2	2	2	2	2	2	2
5	Nucleo Spin Food Kit von Macherey & Nagel	--	2	2	1	2	2	--	1	--	--	2
11	SureFood PREP Advanced, Protokoll 2, R-Biopharm (Congen)	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	1
12	SureFood PREP Basic	--	1	1	--	--	--	--	--	--	--	--
13	nicht kommerzielles Kit auf Basis von Silicasäulchen	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1
16	SureFood PREP Advanced, diverse Protokolle, R-Biopharm (Congen)	1	3	2	--	2	1	--	2	--	--	2
17	CTAB, Proteinase K, Promega Wizard DNA CleanUp	--	1	2	1	--	1	--	1	1	1	1
18	Foodproof®, Celery Detection Kit (Real Time PCR) R 302 60: 2017-06	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--

Aufschlüsselungen der Verfahrensprinzipien)

Fisch	Kabeljau	Tintenfisch	Shrimps	Senf (allgemein)	Senf (gelb)	Senf (braun)	Gluten	Soja	Sellerie	Ei	Milchprotein	Molke	Casein	Kode
--	--	--	1	5	--	--	15	9	--	13	10	5	13	1
6	1	3	3	8	2	2	--	13	--	--	--	--	--	2
2	--	--	3	2	3	3	--	4	4	--	--	--	--	4
--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	5
--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	1	1	1	1	10

Aufschlüsselungen der Bezugsquellen

Fisch	Kabeljau	Tintenfisch	Shrimps	Senf (allgemein)	Senf (gelb)	Senf (braun)	Gluten	Soja	Sellerie	Ei	Milchprotein	Molke	Casein	Kode
3	1	2	3	0	3	3	--	7	5	--	1	1	--	1
1	--	--	1	7	--	--	14	10	4	10	5	2	6	2
1	1	1	1	2	--	--	0	1	2	--	--	--	--	5
1	--	--	--	2	--	--	0	2	2	--	--	--	--	6
--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	1	2	--	--	7
--	--	--	--	--	--	--	1	--	--	1	1	--	2	8
--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	1	0	1	1	9
1	--	--	--	1	1	1	1	1	1	--	--	--	--	10
1	--	--	--	1	1	1	1	1	1	--	--	--	--	11
--	--	--	--	--	2	2	--	1	2	--	--	--	--	12
--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	1	--	--	--	13
--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	1	1	1	2	14
--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	1	--	--	--	16
1	--	--	1	--	--	--	1	1	--	--	--	--	--	17
--	--	--	--	1	--	--	--	1	--	--	1	--	1	18
--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	1	1	20
--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	1	1	22
--	--	--	--	1	--	--	--	--	--	1	--	--	1	23
--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	1	1	--	24
--	--	--	--	--	--	--	1	--	--	--	--	--	--	25
--	--	--	--	--	--	--	--	--	1	--	--	--	--	26

Vorgehen bei der Extraktion von DNA

Fisch	Kabeljau	Tintenfisch	Shrimps	Senf (allgemein)	Senf (gelb)	Senf (braun)	Gluten	Soja	Sellerie	Ei	Milchprotein	Molke	Casein	Kode
1	--	--	1	1	--	--	1	1	1	--	--	--	--	2
1	1	1	1	--	1	1	--	2	1	--	--	--	--	3
1	--	--	--	2	1	1	1	2	2	--	--	--	--	4
2	--	1	1	2	1	1	--	3	3	--	1	--	--	5
--	--	--	--	1	--	--	--	1	1	--	--	--	--	11
--	--	--	--	--	1	1	--	--	1	--	--	--	--	12
1	--	1	1	--	1	1	--	2	2	--	--	--	--	13
--	--	--	--	3	--	--	--	3	3	--	--	--	--	16
1	--	--	1	--	1	1	--	2	2	--	--	--	--	17
--	--	--	--	--	--	--	--	--	1	--	--	--	--	18

4.4 Durchführung und weiterführende Angaben

Kode	Erläuterungen zum Verfahren	Erbse	Lupine	Sesam	Mandel	Erdnuss	Haselnuss	Paranuss	Walnuss
1	Durchführung nach Testanleitung	1	6	6	5	7	6	1	3
2	Hausmethode (Eigenentwicklung)	1	3	2	2	1	2	2	3
3	§ 64 LFGB Nr. L 00.00-105	--	--	--	--	--	--	--	--
4	§ 64 LFGB Nr. L 00.00-167:2019-03	--	--	--	--	--	--	--	--
5	§ 64 LFGB Nr. L 00.00-169	--	--	--	--	1	--	--	--
6	§ 64 LFGB Nr. L 00.00-175	--	--	--	--	1	1	--	1
7	§ 64 LFGB Nr. L 08.00-56 (DIN CEN/TS 15634-2:2012)	--	--	--	--	--	--	--	--
8	§ 64 LFGB Nr. L 08.00-58(V)	--	2	--	--	--	--	--	--
9	§ 64 LFGB Nr. L 08.00-59	--	--	--	--	--	--	--	--
12	§ 64 LFGB Nr. L 08.00-65:2017-10	--	--	--	--	--	--	--	--
13	§ 64 LFGB Nr. L 08.00-66	--	--	--	--	--	--	--	--
16	§ 64 LFGB Nr. L 18.00-20	--	--	--	1	--	--	--	--
18	§ 64 LFGB Nr. L 44.00-11	--	--	--	--	1	--	--	--
19	§ 64 LFGB Nr. L 44.00-8	--	--	--	--	--	1	--	--
21	“AllNut”, Journal of Consumer Protection and Food Safety (2022) 17:265–277	--	--	--	--	1	1	--	1
22	Artendifferenzierung mittels Gene Amp Real-time PCR - Teil B: Nachweis von Senf	--	--	--	--	--	--	--	--
25	Brezna B, Piknova L, Kuchta T: Eur Food Res Technol (2009) 229:397-401; DOI 10.1007/s00217-009-1070-8	--	--	--	--	--	--	--	--
26	Brezna et al; A novel real-time polymerase chain reaction (PCR) method for the detection of walnuts in food	--	--	--	--	--	--	--	1
27	Carina Tetzlaff, Dietrich Mäde „Development of a real-time PCR system for the detection of the potential allergen fish in food”, 2016, Eur. Food Res. Technol., DOI 10.1007/s00217-016-2799-5	--	--	--	--	--	--	--	--
31	Ehlert, A. & Christine Hupfer & Anja Demmel & Karl-Heinz Engel & Ulrich Busch.Detection of Cashew Nut in Foods by a Specific Real-time PCR Method. Food Anal. Methods (2008) 1:136–143	--	--	--	--	--	--	--	--
32	Eur Foods Res Technol (2006) 222: 600-603, DOI 10.1007/s00217-005-0168-x B. Brezna, L. Hudecova, T. Kuchta	1	--	--	--	--	--	--	--
36	Köppel R., van Velsen-Zimmerli F., and Bucher T., Two quantitative hexaplex real-time PCR systems for the detection and quantification of DNA from twelve allergens in food, European Food Research and Technology 235, 843 (2012) - Single Methode	--	--	--	--	--	--	--	--
37	Ladenburger et al,Highly Sensitive Matrix-Independent Quantification of Major Food Allergens Peanut and Soy by Competitive Real-Time PCR Targeting Mitochondrial DNA, Journal of AOAC INTERNATIONAL, Volume 101, Issue 1, 1 January 2018, Pages 170–184, https://doi.org/10.5740/jaoacint.17-0406	--	--	--	--	--	--	--	--
38	Mäde D, Rohmberger D: Eur Food Res Technol (2017) 243: 2105. https://doi.org/10.1007/s00217-017-2911-5	1	1	1	1	1	1	1	1
39	Mustorp et al. Eur Food Res Technol (2008) 226:771–778	--	--	2	--	--	--	--	--
42	Brezna et al. A novel real-time polymerase chain reaction method for the detection of brazil nuts in food. Journal of AOAC international Vol. 93, No. 1, 2010	--	--	--	--	--	--	1	--
43	LuSoMaSe Multiplex real-time PCR Lupine, Soja, Mandel, Sesam (Ringversuchsvalidierung § 64 LFGB in Vorbereitung)	--	1	1	1	--	--	--	--
44	Blaschke V et al: Cephalopods and Gastropods in Food, J Agr Food Chem2023 71 (31), 12029-12042, DOI: 10.1021/acs.jafc.2c08966	--	--	--	--	--	--	--	--

Durchführung und weiterführende Angaben

Macadamia	Cashew	Pistazie	Fisch	Kabeljau	Tintenfisch	Shrimps	Senf (allgemein)	Senf (gelb)	Senf (braun)	Gluten	Soja	Sellerie	Ei	Milchprotein	Molke	Cascien	Kode
2	1	8	2	--	--	2	10	1	1	13	15	9	12	9	5	13	1
2	1	2	2	--	1	2	--	2	2	--	3	2	--	1	1	--	2
--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	2	--	--	--	--	--	3
--	--	--	1	1	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	4
--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	5
--	1	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	6
--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	3	--	--	--	--	7
--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	8
--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	1	--	--	--	--	--	9
--	--	--	--	--	--	--	1	1	1	--	--	1	--	--	--	--	12
--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	1	--	--	--	--	--	--	13
--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	16
--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	18
--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	19
--	1	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	21
--	--	--	--	--	--	--	1	--	--	--	--	--	--	--	--	--	22
1	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	25
--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	26
--	--	--	1	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	27
--	1	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	31
--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	32
--	--	1	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	36
--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	1	--	--	--	--	--	37
1	1	1	1	--	--	1	1	1	1	1	1	1	--	--	--	--	38
--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	39
--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	42
--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	1	--	--	--	--	--	43
--	--	--	--	--	1	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	44

4.5 Vorgaben zur Angabe quantitativer Daten

Die quantitativen Daten sollten in der Regel mit Bezug auf das zugesetzte, allergenwirkende Lebensmittel angegeben werden. In einigen Fällen wurden auch die allergenwirkenden Bestandteile abgefragt. Um einheitliche Daten für die quantitative Auswertung zu erhalten, waren in der Tabelle zur Abgabe der Ergebnisse weitere Informationen angegeben.

Allergen	Gehalt bezogen auf	Allergen	Gehalt bezogen auf
Erbse	Erbse	Lupine	Lupine
Sesam	Sesam	Mandel	Mandel
Erdnuss	Erdnuss	Haselnuss	Haselnuss
Paranuss	Paranuss	Walnuss	Walnuss
Macadamia	Macadamia	Cashew	Cashew
Pistazien	Pistazien	Fisch	Fisch
Kabeljau	Kabeljau	Tintenfisch	Tintenfisch
Senf, allgemein	Senfmehl	Shrimps	Shrimps
Senf, weiß/gelb (Sinapis alba)	Senfmehl	Gluten	Gluten
Senf, braun /schwarz (Brassica)	Senfmehl	Sellerie	Sellerieaat
Soja	Sojamehl, 40 % Protein	Ei (vom Huhn)	Volleipulver
Milchprotein, allgemein	Magermilchpulver	Molkenprotein	β -Lactoglobulin
Casein	Casein	Lactose	kristallwasserfrei

5 Alphabetisches Verzeichnis der Teilnehmer

AVENTRA - Gesellschaft für biologische Diagnostik mbH; 49078 Osnabrück
 Bundesinstitut für Risikobewertung; 10589 Berlin
 Chemisches und Veterinäruntersuchungsamt Freiburg; 79114 Freiburg
 Chemisches und Veterinäruntersuchungsamt Ostwestfalen-Lippe AöR; 32758 Detmold
 CONGEN Biotechnologie GmbH; 13125 Berlin
 ifp Institut für Produktqualität GmbH; 12489 Berlin
 Institut für Qualitätsförderung in der Süßwarenwirtschaft e.V.; 51063 Köln
 Institut Metakom, Kompetenzzentrum für Lebensmittelsicherheit GmbH & Co. KG; 91555 Feuchtwangen
 Intertek Food Services GmbH; 28719 Bremen
 Kantonales Labor Zürich; 8032 Zürich (Schweiz)
 Labor Kneißler GbR; 93133 Burglengenfeld
 Laemmegroup S.r.L.; 10024 Moncalieri (TO) (Italien)
 Landesamt für Verbraucherschutz Sachsen-Anhalt; 06112 Halle
 Landesamt für Verbraucherschutz; 66115 Saarbrücken
 Landesbetrieb Hessisches Landeslabor Standort Kassel; 34131 Kassel
 Limbach Analytics GmbH, Arotop Laboratorien Mainz; 55129 Mainz
 NSF Erdmann Analytcs GmbH; 33378 Rheda-Wiedenbrück
 ÖHMI Analytik GmbH; 39114 Magdeburg
 SAN Group Biotech Germany GmbH; 49685 Höltinghausen
 SQTS Swiss Quality Testing Services; 1784 Courtepin (Schweiz)
 Zentrales Institut des Sanitätsdienstes der Bundeswehr München ASt Koblenz; 56070 Koblenz
 Zentrales Institut des Sanitätsdienstes der Bundeswehr München, Lab.abt. A; 85748 Garching-Hochbrück

6 Ergebnisse

6.1 Lupine [Gehaltsangaben in mg/kg]

Labor	Ergebnis	Gehalt	Abweichung	Z-Score (Horwitz)	Z-Score (robust)	Verfahrens- prinzip	Bezugs- quelle	Durch- führung	DNA- Extraktion	Hinweis
03-Mol	5					2	5	8	4	
04-Mol	6					4	10, 11	38	4	
07-Mol	4	> 10 ppm				2	5	8	2	
09-Prot	3	1,8	-1,1			1	2	1		
12-Mol	4	3,22	0,3			2	6	1	16	
13-Mol	4	> 0,4				2	6	1	5	
14-Mol	4					2	2	1	16	
16-Mol	4					4	2	1	16	
17-Mol	4						12		12	
18-Prot	1	3,79	0,9			1	18	1		
19-Mol	1					2			5	
20-Prot	2	2,6	-0,3			1	1	2		
20-Mol	2	1,5	-1,4			2	1	2	13	
21-Mol	3	15	12,1			4	1	43	3	
22-Mol	5	<25				2	1	2	17	

Zur Information berechnete Daten sind kursiv in heller Schrift dargestellt.

Ergebnisse (qualitativ)	Alle Daten	Molekularbiologisch	Protein basierend
Anzahl Ergebnisse:	15	12	3
Dotierung:	19	19	19
Positiv (Ergebnisse 1 bis 4):	12	9	3
Unsicher (Ergebnis 5):	2	2	--
Negativ (Ergebnis 6):	1	1	--
Anteil richtig:	80,0%	75,0%	100,0%

Ergebnis „positiv“ differenziert	Alle Daten	Molekularbiologisch	Protein basierend
1 - positiv, sicher oberhalb Beurteilungswert	2	1	1
2 - positiv, Streubereich des Beurteilungswerts	2	1	1
3 - positiv, sicher unterhalb Beurteilungswert	2	1	1
4 - positiv (Ergebnis ohne Bewertung)	6	6	--

Ergebnisse (quantitativ, nur zur Information)	Alle Daten	Molekularbiologisch	Protein basierend
Werte:	6	3	3
Minimalwert:	1,5	1,5	1,8
Mittelwert:	4,7	6,6	2,7
Median:	2,9	3,2	2,6
Maximalwert:	15	15	3,8
Stabw (Standardabweichung):	5,1	7,3	1,0

6.2 Sesam [Gehaltsangaben in mg/kg] – qualitative Auswertung nur eingeschränkt gültig

Labor	Ergebnis	Gehalt	Abweichung	Z-Score (Horwitz)	Z-Score (robust)	Verfahrens- prinzip	Bezugs- quelle	Durch- führung	DNA- Extraktion	Hinweis
03-Mol	6					2	5	39	4	
04-Mol	6					4	10, 11	38	4	
07-Mol	4	> 5 ppm				2	2	1	2	
09-Prot	3	< 2,5				1	2	1		
11-Mol	4					2	1	39	17	(1)
12-Mol	4	<1,0				2	6	1	16	
13-Mol	4	> 0,4				2	6	1	5	
16-Mol	4					4	2	1	16	
17-Mol	4						6		12	
19-Prot	6					1	2			
19-Mol	1					2	24		5	
20-Prot	1	2,2	-1,9			1	23	1		
20-Mol	1	6	1,9			2	1	2	13	
21-Mol	3	<3				4	1	43	3	
22-Mol	6					4	1	2	17	

Zur Information berechnete Daten sind kursiv in heller Schrift dargestellt.

(1) Entscheidungsgrenze ct 39 (Ergebnis ct > 36); Sesam-Komponente/Zutat in der Probe inhomogen; auch nach zusätzlicher Homogenisierung

Ergebnisse (qualitativ)	Alle Daten	Molekularbiologisch	Protein basierend
Anzahl Ergebnisse:	15	12	3
Dotierung:	1,9	1,9	1,9
Positiv (Ergebnisse 1 bis 4):	11	9	2
Unsicher (Ergebnis 5):	--	--	--
Negativ (Ergebnis 6):	4	3	1
Anteil richtig:	73,3%	75,0%	66,7%

Ergebnis „positiv“ differenziert	Alle Daten	Molekularbiologisch	Protein basierend
1 - positiv, sicher oberhalb Beurteilungswert	3	2	1
2 - positiv, Streubereich des Beurteilungswerts	--	--	--
3 - positiv, sicher unterhalb Beurteilungswert	2	1	1
4 - positiv (Ergebnis ohne Bewertung)	6	6	--

Ergebnisse (quantitativ, nur zur Information)	Alle Daten	Molekularbiologisch	Protein basierend
Werte:	2	1	1
Minimalwert:	2,2	6	2,2
Mittelwert:	4,1	6	2,2
Median:	4,1	6	2,2
Maximalwert:	6	6	2,2
Stabw (Standardabweichung):	--	--	--

6.3 Erbse [Gehaltsangaben in mg/kg] – Ergebnisse nicht bewertbar

Labor	Ergebnis	Gehalt	Abweichung	Z-Score (Horwitz)	Z-Score (robust)	Verfahrens- prinzip	Bezugs- quelle	Durch- führung	DNA- Extraktion	Hinweis
02-Mol	4					4	6	1	16	Pisum sativum
03-Mol	4					2	5	32	4	
04-Mol	6					4	10, 11	38	4	
20-Mol	1	3				2	1	2	13	

Zur Information berechnete Daten sind kursiv in heller Schrift dargestellt.

Ergebnisse (qualitativ)	Alle Daten	Molekularbiologisch	Protein basierend
Anzahl Ergebnisse:	4	4	--
Dotierung	nein	nein	--
Positiv (Ergebnisse 1 bis 4):	3	3	--
Unsicher (Ergebnis 5):	--	--	--
Negativ (Ergebnis 6):	1	1	--
Anteil richtig:	25,0%	25,0%	--

Ergebnis „positiv“ differenziert	Alle Daten	Molekularbiologisch	Protein basierend
1 - positiv, sicher oberhalb Beurteilungswert	1	1	--
2 - positiv, Streubereich des Beurteilungswerts	--	--	--
3 - positiv, sicher unterhalb Beurteilungswert	--	--	--
4 - positiv (Ergebnis ohne Bewertung)	2	2	--

6.4 Macadamia [Gehaltsangaben in mg/kg]

Labor	Ergebnis	Gehalt	Abweichung	Z-Score (Horwitz)	Z-Score (robust)	Verfahrens- prinzip	Bezugs- quelle	Durch- führung	DNA- Extraktion	Hinweis
03-Mol	6					2	5	25	4	
04-Mol	6					4	10, 11	38	4	
07-Mol	6	< 20 cp				2	2	1	2	
20-Mol	6	<1				2	1	2	13	
20-Prot	6	<1				1	23	1		
22-Mol	6					4	1	2	17	

Zur Information berechnete Daten sind kursiv in heller Schrift dargestellt.

Ergebnisse (qualitativ)	Alle Daten	Molekularbiologisch	Protein basierend
Anzahl Ergebnisse:	6	5	1
Dotierung:	nein	nein	nein
Positiv (Ergebnisse 1 bis 4):	--	--	--
Unsicher (Ergebnis 5):	--	--	--
Negativ (Ergebnis 6):	6	5	1
Anteil richtig:	100,0%	100,0%	100,0%

6.5 Mandel [Gehaltsangaben in mg/kg] – Ergebnisse nicht bewertbar

Labor	Ergebnis	Gehalt	Abweichung	Z-Score (Horwitz)	Z-Score (robust)	Verfahrens- prinzip	Bezugs- quelle	Durch- führung	DNA- Extraktion	Hinweis
03-Mol	6					2	5	16	4	
04-Mol	6					4	10, 11	38	4	
07-Mol	4	> 5 ppm				2	2	1	2	
09-Prot	3	< 2,5				1	2	1		
11-Prot	6					1	2	1		
12-Prot	6	< 2,5				1	2	1		
19-Prot	6					1	2			
19-Mol	2					2			5	
20-Prot	2	1,4	-1,7			1	23	1		
20-Mol	3	4,8	1,7			2	1	2	13	
21-Mol	4	< 3				4	1	43	3	
22-Mol	6					4	1	2	17	

Zur Information berechnete Daten sind kursiv in heller Schrift dargestellt.

Ergebnisse (qualitativ)	Alle Daten	Molekularbiologisch	Protein basierend
Anzahl Ergebnisse:	12	7	5
Dotierung:	1,9	1,9	1,9
Positiv (Ergebnisse 1 bis 4):	6	4	2
Unsicher (Ergebnis 5):	--	--	--
Negativ (Ergebnis 6):	6	3	3
Anteil richtig:	50,0%	57,1%	40,0%

Ergebnis „positiv“ differenziert	Alle Daten	Molekularbiologisch	Protein basierend
1 - positiv, sicher oberhalb Beurteilungswert	--	--	--
2 - positiv, Streubereich des Beurteilungswerts	2	1	1
3 - positiv, sicher unterhalb Beurteilungswert	2	1	1
4 - positiv (Ergebnis ohne Bewertung)	2	2	0

Ergebnisse (quantitativ, nur zur Information)	Alle Daten	Molekularbiologisch	Protein basierend
Werte:	2	1	1
Minimalwert:	1,4	4,8	1,4
Mittelwert:	3,1	4,8	1,4
Median:	3,1	4,8	1,4
Maximalwert:	4,8	4,8	1,4
Stabw (Standardabweichung):	--	--	--

6.6 Pistazie [Gehaltsangaben in mg/kg]

Labor	Ergebnis	Gehalt	Abweichung	Z-Score (Horwitz)	Z-Score (robust)	Verfahrens- prinzip	Bezugs- quelle	Durch- führung	DNA- Extraktion	Hinweis
03-Mol	3					2	5	36	4	
04-Mol	6					4	10, 11	38	4	
07-Mol	4	> 5 ppm				2	2	1	2	
08-Prot	4					10	13	1		
12-Mol	4	1,6				2	2	1		
13-Mol	4	> 0,4				2	6	1	5	
14-Mol	4					5	24	1	16	
14-Mol	4						2	1	11	
16-Mol	4					4	2	1	16	
19-Mol	1					2			5	
20-Mol	1	7				2	1	2	13	
20-Prot	1	4,3				1	23	1		
22-Mol	2	28				4	1	2	17	

Zur Information berechnete Daten sind kursiv in heller Schrift dargestellt.

Ergebnisse (qualitativ)	Alle Daten	Molekularbiologisch	Protein basierend
Anzahl Ergebnisse:	13	11	2
Dotierung:	6,6	6,6	6,6
Positiv (Ergebnisse 1 bis 4):	12	9	2
Unsicher (Ergebnis 5):	--	--	--
Negativ (Ergebnis 6):	1	1	--
Anteil richtig:	92,3%	90,9%	100,0%

Ergebnis „positiv“ differenziert	Alle Daten	Molekularbiologisch	Protein basierend
1 - positiv, sicher oberhalb Beurteilungswert	3	2	1
2 - positiv, Streubereich des Beurteilungswerts	1	1	--
3 - positiv, sicher unterhalb Beurteilungswert	1	1	--
4 - positiv (Ergebnis ohne Bewertung)	7	6	1

Ergebnisse (quantitativ, nur zur Information)	Alle Daten	Molekularbiologisch	Protein basierend
Werte:	4	3	1
Minimalwert:	1,6	1,6	4,3
Mittelwert:	10,2	12,2	4,3
Median:	5,7	7,0	4,3
Maximalwert:	28	28	4,3
Standardabweichung:	--	--	--

6.7 Paranuss [Gehaltsangaben in mg/kg]

Labor	Ergebnis	Gehalt	Abweichung	Z-Score (Horwitz)	Z-Score (robust)	Verfahrens- prinzip	Bezugs- quelle	Durch- führung	DNA- Extraktion	Hinweis
03-Mol	6					2	5	42	4	
04-Mol	6					4	10, 11	38	4	
07-Mol	6	< 20 cp				2	2	1	2	
20-Prot	6	<1				1	1	2		
20-Mol	6	<1				2	1	2	13	

Zur Information berechnete Daten sind kursiv in heller Schrift dargestellt.

Ergebnisse (qualitativ)	Alle Daten	Molekularbiologisch	Protein basierend
Anzahl Ergebnisse:	5	4	1
Dotierung	nein	nein	nein
Positiv (Ergebnisse 1 bis 4):	--	--	--
Unsicher (Ergebnis 5):	--	--	--
Negativ (Ergebnis 6):	5	4	1
Anteil richtig:	100,0%	100,0%	100,0%

6.8 Haselnuss [Gehaltsangaben in mg/kg]

Labor	Ergebnis	Gehalt	Abweichung	Z-Score (Horwitz)	Z-Score (robust)	Verfahrens- prinzip	Bezugs- quelle	Durch- führung	DNA- Extraktion	Hinweis
03-Mol	6					2	5	19	4	
04-Mol	6					4	10, 11	38	4	
07-Mol	6	< 20 cp				4	5	21	2	
09-Prot	6	NG: < 0,2				1	2	1		
11-Prot	6					1	2	1		
12-Prot	4	4,16				1	2	1		
13-Mol	6	< 0,4				2	6	1	5	
16-Mol	6					4	2	1	16	
17-Prot	6						2			
19-Prot	6					1	2			
19-Mol	6					2			5	
20-Prot	6	< 1				1	23	1		
20-Mol	6	< 1				2	1	2	13	
21-Mol	6	< 1				4	1	6	3	
22-Mol	6					4	1	2	17	

Zur Information berechnete Daten sind kursiv in heller Schrift dargestellt.

Ergebnisse	Alle Daten	Molekularbiologisch	Protein basierend
Anzahl Ergebnisse:	15	9	6
Dotierung:	nein	nein	nein
Positiv (Ergebnisse 1 bis 4):	1	--	1
Unsicher (Ergebnis 5):	--	--	--
Negativ (Ergebnis 6):	14	9	5
Anteil richtig:	93,3%	100,0%	83,3%

6.9 Walnuss [Gehaltsangaben in mg/kg]

Labor	Ergebnis	Gehalt	Abweichung	Z-Score (Horwitz)	Z-Score (robust)	Verfahrens- prinzip	Bezugs- quelle	Durch- führung	DNA- Extraktion	Hinweis
03-Mol	6					2	5	26	4	
04-Mol	6					4	10, 11	38	4	
07-Mol	6	< 20 cp				4	5	21	2	
12-Mol	6	<1,0				2	6	1	16	
13-Mol	6	< 0,4				2	6	1	5	
16-Mol	6					4	2	1	16	
20-Prot	6	<1				1	1	2		
20-Mol	6	<1				2	1	2	13	
21-Mol	6	<1				4	1	6	3	
22-Mol	6					4	1	2	17	

Zur Information berechnete Daten sind kursiv in heller Schrift dargestellt.

Ergebnisse (qualitativ)	Alle Daten	Molekularbiologisch	Protein basierend
Anzahl Ergebnisse:	10	9	1
Dotierung:	nein	nein	nein
Positiv (Ergebnisse 1 bis 4):	0	0	0
Unsicher (Ergebnis 5):	0	0	0
Negativ (Ergebnis 6):	10	9	1
Anteil richtig:	100,0%	100,0%	100,0%

6.10 Cashew [Gehaltsangaben in mg/kg] – qualitative Auswertung nur eingeschränkt gültig

Labor	Ergebnis	Gehalt	Abweichung	Z-Score (Horwitz)	Z-Score (robust)	Verfahrens- prinzip	Bezugs- quelle	Durch- führung	DNA- Extraktion	Hinweis
03-Mol	3					2	5	31	4	
04-Mol	6					4	10, 11	38	4	
07-Mol	4	> 5 ppm				4	5	21	2	
20-Prot	1	8,1	0,0			1	23	1		
20-Mol	1	4	-4,1			2	1	2	13	
21-Mol	2	8,2	0,1			4	1	6	3	
22-Mol	5	<10				4	1		17	

Zur Information berechnete Daten sind kursiv in heller Schrift dargestellt.

Ergebnisse (qualitativ)	Alle Daten	Molekularbiologisch	Protein basierend
Anzahl Ergebnisse:	7	6	1
Dotierung	9,4	9,4	9,4
Positiv (Ergebnisse 1 bis 4):	5	4	1
Unsicher (Ergebnis 5):	1	1	0
Negativ (Ergebnis 6):	1	1	0
Anteil richtig:	71,4%	66,7%	100,0%

Ergebnis „positiv“ differenziert	Alle Daten	Molekularbiologisch	Protein basierend
1 - positiv, sicher oberhalb Beurteilungswert	2	1	1
2 - positiv, Streubereich des Beurteilungswerts	1	1	0
3 - positiv, sicher unterhalb Beurteilungswert	1	1	0
4 - positiv (Ergebnis ohne Bewertung)	1	1	0

Ergebnisse (quantitativ, nur zur Information)	Alle Daten	Molekularbiologisch	Protein basierend
Werte:	3	2	1
Minimalwert:	4,0	4,0	8,1
Maximalwert:	8,2	8,2	8,1

6.11 Erdnuss [Gehaltsangaben in mg/kg]

Labor	Ergebnis	Gehalt	Abweichung	Z-Score (Horwitz)	Z-Score (robust)	Verfahrens- prinzip	Bezugs- quelle	Durch- führung	DNA- Extraktion	Hinweis
03-Mol	6					2	5	18	4	
04-Mol	6					4	10, 11	38	4	
07-Mol	4	> 5 ppm				4	5	21	2	
09-Prot	2	7	2,8	5,1	1,2	1	2	1		
11-Prot	5	3,09	-1,1	-2,1	-0,5	1	2	1		
12-Prot	4	4,16	-0,1	-0,1	0,0	1	2	1		
12-Mol	4	2,55	-1,7	-3,1	-0,7	2	6	1	16	
13-Mol	4	> 0,4				2	6	1	5	
15-Mol	4	> 0,5				2	1, 5	5	3	
16-Mol	4					4	2	1	16	
19-Prot	1	4,28	0,1	0,1	0,0	1	2			
19-Mol	2					2			5	
20-Prot	1	3,1	-1,1	-2,1	-0,5	1	23	1		
20-Mol	1	7,8	3,6	6,6	1,5	2	1	2	13	
21-Mol	3	< 3				4	1	6	3	
22-Prot	2	7	2,8	5,1	1,2	1	7			

Zur Information berechnete Daten sind kursiv in heller Schrift dargestellt.

Die Bewertung der quantitativen Ergebnisse über beide Verfahrensprinzipien ist nicht möglich, da die robuste Standardabweichung 55 % des Medians beträgt. Werden nur die Protein-basierenden Daten berücksichtigt, entspricht die robuste Standardabweichung 48 % des Medians. Entsprechend den Regeln dieser Laborvergleichsuntersuchung darf die robuste Standardabweichung nicht größer als 33 % sein, damit eine gültige Auswertung vorliegt. Dennoch sind die über die robuste Standardabweichung berechneten Z-Scores gute Indikatoren für die tatsächlichen Laborleistungen.

Ergebnisse (qualitativ)	Alle Daten	Molekularbiologisch	Protein basierend
Anzahl Ergebnisse:	16	10	6
Dotierung:	4,7	4,7	4,7
Positiv (Ergebnisse 1 bis 4):	13	8	5
Unsicher (Ergebnis 5):	1	0	1
Negativ (Ergebnis 6):	2	2	0
Anteil richtig:	81,3%	80,0%	83,3%

Ergebnis „positiv“ differenziert	Alle Daten	Molekularbiologisch	Protein basierend
1 - positiv, sicher oberhalb Beurteilungswert	3	1	2
2 - positiv, Streubereich des Beurteilungswerts	3	1	2
3 - positiv, sicher unterhalb Beurteilungswert	1	1	0
4 - positiv (Ergebnis ohne Bewertung)	6	5	1

Ergebnisse (quantitativ, nur zur Information)	Alle Daten	Molekularbiologisch	Protein basierend
Werte:	8	2	6
Minimalwert:	2,55	2,55	3,09
Mittelwert:	4,87	5,18	4,77
Median:	4,22	5,18	4,22
Vertrauensbereich (95 %) des Mittelwertes:	1,74		1,9
Maximalwert:	7,8	7,8	7,0
Stabw (Standardabweichung):	2,1	3,71	1,80
Zielstandardabweichung:	0,54	0,65	0,54
srobust:	2,36	--	2,04
Horrat-Wert:	3,8	5,7	3,3
Stabw/srobust:	0,88	--	0,88

6.12 Fisch [Gehaltsangaben in mg/kg]

Labor	Ergebnis	Gehalt	Abweichung	Z-Score (Horwitz)	Z-Score (robust)	Verfahrens- prinzip	Bezugs- quelle	Durch- führung	DNA- Extraktion	Hinweis
04-Mol	6					4	10, 11	38	4	
07-Mol	6	< 10 ppm				2	17	27	2	
12-Mol	6	<1,0				2	2	1		
13-Mol	6	< 1,0				2	6	1	5	
15-Mol	6	>10				2	1, 5	4	3	
19-Mol	6					2			5	
20-Mol	6	<20				2	1	2	13	
22-Mol	6					4	1	2	17	

Zur Information berechnete Daten sind kursiv in heller Schrift dargestellt.

Ergebnisse (qualitativ)	Alle Daten	Molekularbiologisch	Protein basierend
Anzahl Ergebnisse:	8	8	--
Dotierung (Kabeljaupulver):	nein	nein	nein
Negativ (Ergebnis 6):	8	8	--
Anteil richtig:	100%	100%	--

6.13 Kabeljau [Gehaltsangaben in mg/kg]

Labor	Ergebnis	Gehalt	Abweichung	Z-Score (Horwitz)	Z-Score (robust)	Verfahrens- prinzip	Bezugs- quelle	Durch- führung	DNA- Extraktion	Hinweis
15-Mol	6	>10				2	1, 5	4	3	

Zur Information berechnete Daten sind kursiv in heller Schrift dargestellt.

Ergebnisse (qualitativ)	Alle Daten	Molekularbiologisch	Protein basierend
Anzahl Ergebnisse:	1	1	--
Dotierung:	nein	nein	nein
Negativ (Ergebnis 6):	1	1	--
Anteil richtig:	100%	100%	--

6.14 Shrimps [Gehaltsangaben in mg/kg]

Labor	Ergebnis	Gehalt	Verfahrens- prinzip	Bezugs- quelle	Durch- führung	DNA- Extraktion	Hinweis
07-Mol	6	< 10 ppm			4	17	
12-Mol	6	<1,0			2		
15-Mol	6	>10			4	1, 5	
15-Prot	6	<20			1	2	
19-Mol	6				2		
20-Mol	6	<20			1		
22-Mol	6				4	1	

Zur Information berechnete Daten sind kursiv in heller Schrift dargestellt.

Ergebnisse (qualitativ)	Alle Daten	Molekularbiologisch	Protein basierend
Anzahl Ergebnisse:	7	6	1
Dotierung:	nein	nein	nein
Positiv (Ergebnisse 1 bis 4):	0	0	0
Unsicher (Ergebnis 5):	0	0	0
Negativ (Ergebnis 6):	7	6	1
Anteil richtig:	100,0%	100,0%	100,0%

6.15 Tintenfisch [Gehaltsangaben in mg/kg]

Labor	Ergebnis	Gehalt	Verfahrens- prinzip	Bezugs- quelle	Durch- führung	DNA- Extraktion	Hinweis
15-Mol	6	>10			44	3	
19-Mol	6					5	
20-Mol	6	<20			2	13	

Zur Information berechnete Daten sind kursiv in heller Schrift dargestellt.

Ergebnisse (qualitativ)	Alle Daten	Molekularbiologisch	Protein basierend
Anzahl Ergebnisse:	3	3	--
Dotierung:	nein	nein	--
Negativ (Ergebnis 6):	3	3	--
Anteil richtig:	100,0%	100,0%	--

6.16 Senf, braun [Gehaltsangaben in mg/kg] – Ergebnisse nicht bewertbar

Labor	Ergebnis	Gehalt	<i>Abweichung</i>	<i>Z-Score (Horwitz)</i>	<i>Z-Score (robust)</i>	Verfahrens- prinzip	Bezugs- quelle	Durch- führung	DNA- Extraktion	Hinweis
04-Mol	6					4	10, 11	38	4	
08-Mol	4					2	12	1	5	
17-Mol	6						12		12	
20-Mol	6	< 1				2	1	2	13	
21-Mol	6	< 5				4	1	12	3	

Zur Information berechnete Daten sind kursiv in heller Schrift dargestellt.

Ergebnisse (qualitativ)	Alle Daten	Molekularbiologisch	Protein basierend
Anzahl Ergebnisse:	6	6	--
Dotierung:	0,9	0,9	--
Positiv (Ergebnisse 1 bis 4):	1	1	--
Unsicher (Ergebnis 5):	0	0	--
Negativ (Ergebnis 6):	5	5	--
Anteil richtig:	16,7%	16,7%	--

6.17 Senf, allgemein [Gehaltsangaben in mg/kg]

Labor	Ergebnis	Gehalt	Abweichung	Z-Score (Horwitz)	Z-Score (robust)	Verfahrens- prinzip	Bezugs- quelle	Durch- führung	DNA- Extraktion	Hinweis
03-Mol	3					2	5	22	4	
04-Mol	6					4	10, 11	38	4	
05-Mol	1					2	6	1	11	
06-Mol	1	9,11	4,6	7,9	1,4	2	2	1	16	
07-Mol	4	> 10 ppm				2	5	12	2	
11-Prot	4	3,86	-0,7	-1,2	-0,2	1	2	1		
12-Prot	4	4,24	-0,3	-0,5	-0,1	1	2	1		
12-Mol	4	4,82	0,3	0,5	0,1	2	2	1		
13-Mol	4	14,1	9,6	16,6	3,0	2	6	1	5	
14-Mol	4					2	2	1	16	
16-Mol	4					4	2	1	16	
18-Prot	1	2,67	-1,9	-3,2	-0,6	1	18	1		
19-Mol	1					2			5	
19-Prot	1	2,9	-1,6	-2,8	-0,5	1	2			
20-Prot	1	5,9	1,4	2,4	0,4	1	23	1		

Zur Information berechnete Daten sind kursiv in heller Schrift dargestellt.

Die Bewertung der quantitativen Ergebnisse über beide Verfahrensprinzipien ist nicht möglich, da die robuste Standardabweichung 70 % des Medians beträgt. Werden nur die Protein-basierenden Daten berücksichtigt, entspricht die robuste Standardabweichung 38 % des Medians. Entsprechend den Regeln dieser Laborvergleichsuntersuchung darf die robuste Standardabweichung nicht größer als 33 % sein, damit eine gültige Auswertung vorliegt. Unter Berücksichtigung der vorgenommenen Dotierungen (4,7 mg/kg als Summe von braunem und gelbem Senf) liegen die quantifizierten Gehalte der Laboratorien überwiegend im zu erwartenden Bereich. Lediglich die Ergebnisse der Laboratorien 6 und insbesondere 13 sind zu hoch.

Ergebnisse (qualitativ)	Alle Daten	Molekularbiologisch	Protein basierend
Anzahl Ergebnisse:	15	10	5
Dotierung:	ja	ja	ja
Positiv (Ergebnisse 1 bis 4):	14	9	5
Unsicher (Ergebnis 5):	--	--	--
Negativ (Ergebnis 6):	1	1	--
Anteil richtig:	93,3%	90,0%	100,0%

Ergebnis „positiv“ differenziert	Alle Daten	Molekularbiologisch	Protein basierend
1 - positiv, sicher oberhalb Beurteilungswert	6	3	3
2 - positiv, Streubereich des Beurteilungswerts	--	--	--
3 - positiv, sicher unterhalb Beurteilungswert	1	1	--
4 - positiv (Ergebnis ohne Bewertung)	7	5	2

Ergebnisse (quantitativ, nur zur Information)	Alle Daten	Molekularbiologisch	Protein basierend
Werte:	8	3	5
Minimalwert:	2,67	4,82	2,67
Mittelwert:	5,95	9,34	3,91
Median:	4,53	9,11	3,86
Vertrauensbereich (95 %) des Mittelwertes:	3,24	--	1,60
Maximalwert:	14,1	14,1	5,90
Stabw (Standardabweichung):	3,87	4,64	1,29
Zielstandardabweichung:	0,58	1,05	0,50
srobust:	3,18	--	1,46
Horrat-Wert:	6,7	4,4	2,6
Stabw/srobust:	1,2	--	0,88

6.18 Senf, gelb [Gehaltsangaben in mg/kg] – qualitative Auswertung nur eingeschränkt gültig

Labor	Ergebnis	Gehalt	Abweichung	Z-Score (Horwitz)	Z-Score (robust)	Verfahrens- prinzip	Bezugs- quelle	Durch- führung	DNA- Extraktion	Hinweis
04-Mol	6					4	10, 11	38	4	
08-Mol	4					2	12	1	5	
17-Mol	6						12		12	
20-Mol	1	5,5	-2,3			2	1	2	13	
21-Mol	2	<10				4	1	12	3	
22-Mol	3	10	2,3			4	1	2	17	

Zur Information berechnete Daten sind kursiv in heller Schrift dargestellt.

Ergebnisse (qualitativ)	Alle Daten	Molekularbiologisch	Protein basierend
Anzahl Ergebnisse:	6	6	--
Dotierung:	3,8	3,8	--
Positiv (Ergebnisse 1 bis 4):	4	4	--
Unsicher (Ergebnis 5):	0	0	--
Negativ (Ergebnis 6):	2	2	--
Anteil richtig:	66,7%	66,7%	--

Ergebnis „positiv“ differenziert	Alle Daten	Molekularbiologisch	Protein basierend
1 - positiv, sicher oberhalb Beurteilungswert	1	1	--
2 - positiv, Streubereich des Beurteilungswerts	1	1	--
3 - positiv, sicher unterhalb Beurteilungswert	1	1	--
4 - positiv (Ergebnis ohne Bewertung)	1	1	--

Ergebnisse (quantitativ, nur zur Information)	Alle Daten	Molekularbiologisch	Protein basierend
Werte:	2	2	--
Minimalwert:	5,5	5,5	--
Mittelwert:	7,8	7,8	--
Median:	7,8	7,8	--
Maximalwert:	10	10	--

6.19 Sellerie [Gehaltsangaben in mg/kg] – qualitative Auswertung nur eingeschränkt gültig

Labor	Ergebnis	Gehalt	Abweichung	Z-Score (Horwitz)	Z-Score (robust)	Verfahrens- prinzip	Bezugs- quelle	Durch- führung	DNA- Extraktion	Hinweis
03-Mol	3					2	5	7	4	
04-Mol	6					4	10, 11	38	4	
05-Mol	1					2	6	1	11	
06-Mol	1	2,45	-2,5			2	2	1	16	
07-Mol	4	> 10 ppm				2	5	7	2	
08-Mol	4					2	12	1	5	
11-Mol	5					2	1	7	17	
12-Mol	4	1,95	-3,0			2	2	1		
13-Mol	4	15,4	10,4			2	1	1	13	
13-Mol	4	> 0,4				2	6	1	5	
14-Mol	4					2	2	1	16	
16-Mol	4					4	2	1	16	
17-Mol	6						12		12	
18-Mol	6	< 0,8				2	26	1	18	
19-Mol	1					2			5	
20-Mol	1	7,5	2,5			2	1	2	13	
21-Mol	6	< 10				4	1	12	3	
22-Mol	5	< 25				4	1	2	17	

Zur Information aufgeführte Daten sind kursiv in heller Schrift dargestellt.

Ergebnisse (qualitativ)	Alle Daten	Molekularbiologisch	Protein basierend
Anzahl Ergebnisse:	18	18	--
Dotierung	4,7	4,7	--
Positiv (Ergebnisse 1 bis 4):	12	12	--
Unsicher (Ergebnis 5):	2	2	--
Negativ (Ergebnis 6):	4	4	--
Anteil richtig:	66,7%	66,7%	--

Ergebnis „positiv“ differenziert	Alle Daten	Molekularbiologisch	Protein basierend
1 - positiv, sicher oberhalb Beurteilungswert	4	4	--
2 - positiv, Streubereich des Beurteilungswerts	--	--	--
3 - positiv, sicher unterhalb Beurteilungswert	1	1	--
4 - positiv (Ergebnis ohne Bewertung)	7	7	--

Ergebnisse (quantitativ, nur zur Information)	Alle Daten	Molekularbiologisch	Protein basierend
Werte:	4	4	--
Minimalwert:	2,0	2,0	--
Mittelwert:	6,8	6,8	--
Median:	5,0	5,0	--
Maximalwert:	15,4	15,4	--

6.20 Ei [Gehaltsangaben in mg/kg]

Labor	Ergebnis	Gehalt	Abweichung	Z-Score (Horwitz)	Z-Score (robust)	Verfahrens- prinzip	Bezugs- quelle	Durch- führung	DNA- Extraktion	Hinweis
04-Prot	1	3915				1	14, 16		1	
05-Prot	1					1	2		1	
07-Prot	4	> 0,5				1	2		1	
08-Prot	4					10	13		1	
09-Prot	1	> 1000				1	2		1	
11-Prot	4	3020				1	2		1	
12-Prot	4	2574				1	2		1	
13-Prot	4	> 25,0				1	7		1	
14-Prot	4	> 10,00				1	8, 9		1	
14-Prot	4	> 13,50				1	2		1	
16-Prot	1	12,4				1	2		1	
17-Prot	1						2			
19-Prot	1	581				1	2			
20-Prot	1	2912				1	23		1	
22-Prot	1	> 2000				1	2			

Zur Information berechnete Daten sind kursiv in heller Schrift dargestellt.

Ergebnisse (qualitativ)	Alle Daten	Molekularbiologisch	Protein basierend
Anzahl Ergebnisse:	15	--	15
Dotierung	Zutat	--	Zutat
Positiv (Ergebnisse 1 bis 4):	15	--	15
Unsicher (Ergebnis 5):	0	--	0
Negativ (Ergebnis 6):	0	--	0
Anteil richtig:	100,0%	--	100,0%

Ergebnis „positiv“ differenziert	Alle Daten	Molekularbiologisch	Protein basierend
1 - positiv, sicher oberhalb Beurteilungswert	8	--	8
2 - positiv, Streubereich des Beurteilungswerts	--	--	--
3 - positiv, sicher unterhalb Beurteilungswert	--	--	--
4 - positiv (Ergebnis ohne Bewertung)	7	--	7

Ergebnisse (quantitativ, nur zur Information)	Alle Daten	Molekularbiologisch	Protein basierend
Werte:	6	--	6
Minimalwert:	12,4	--	12,4
Mittelwert:	2169	--	2169
Median:	2743	--	2743
Maximalwert:	3915	--	3915

6.21 Gluten [Gehaltsangaben in mg/kg] – Beurteilungswert Gluten: 20 mg/kg

Labor	Ergebnis	Gehalt	Abweichung	Z-Score (Horwitz)	Z-Score (robust)	Verfahrens- prinzip	Bezugs- quelle	Durch- führung	DNA- Extraktion	Hinweis
03-Prot		26,9	-2,1	<i>-0,8</i>	-0,3	1		1		(1)
04-Prot	3	31	2,0	<i>0,7</i>	0,3	1	2	1		
04-Mol	2	1300	1271,0	<i>454,7</i>	190	4	10, 11	38	4	(*), (A)
07-Mol	4	> 20				4	17	13	2	
08-Prot	4	29	0,0	<i>0,0</i>	0,0	1	2	1		
09-Prot	1	18	-11,0	<i>-3,9</i>	-1,6	1	2	1		(2)
10-Prot	1	34,4	5,4	<i>1,9</i>	0,8	1	2	1		
11-Prot	4	28,74	-0,3	<i>-0,1</i>	0,0	1	2	1		
12-Prot	4	42,75	13,8	<i>4,9</i>	2,1	1	2	1		
13-Prot	4	24,1	-4,9	<i>-1,8</i>	-0,7	1	2	1		
14-Prot	4	33,52	4,5	<i>1,6</i>	0,7	1	2	1		
16-Prot	1	38,5	9,5	<i>3,4</i>	1,4	1	8, 2	1		
17-Prot	2	25,07	-3,9	<i>-1,4</i>	-0,6		2			
18-Prot	1	20,9	-8,1	<i>-2,9</i>	-1,2	1	2	1		U% < 5 %?
19-Prot	1	29	0,0	<i>0,0</i>	0,0	1	2			
20-Prot	1	24,2	-4,8	<i>-1,7</i>	-0,7	1	25	1		
21-Prot	1	32	3,0	<i>1,1</i>	0,4	1	2	1		
22-Prot	2	35,1	6,1	<i>2,2</i>	0,9	1	2			U% > 43 %?

Zur Information berechnete Daten sind kursiv in heller Schrift dargestellt.

(*) Berechnungen ohne diese Daten

(A) Dieses Ergebnis ist ein Ausreißer und wurde daher bei den Berechnungen der statistischen Kenndaten nicht berücksichtigt.

(1) Spalte „Ergebnis“ war nicht ausgefüllt.

(2) Da das Ergebnis numerisch kleiner als 20 ist, müsste die qualitative Bewertung des Ergebnisses entweder 2, 3 oder 4 lauten.

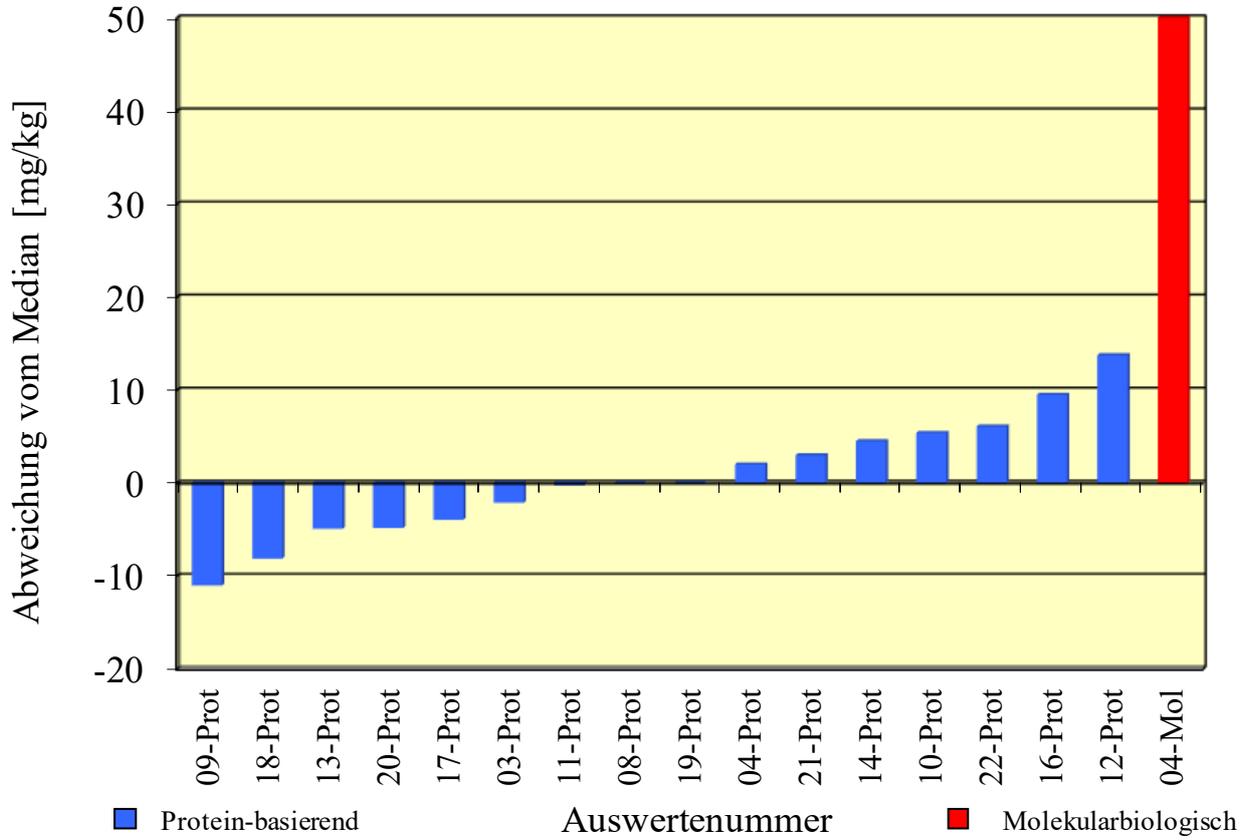
U%: erweiterte relative Messunsicherheit

Ergebnisse (qualitativ)	Alle Daten	Molekularbiologisch	Protein basierend
Anzahl Ergebnisse:	17 (18)	2	15 (16)
Dotierung (Weizen, Gerste, Roggen):	Weizen (Sorte GENIUS): 189; Gerste: nein; Roggen: nein		
Positiv (Ergebnisse 1 bis 4):	17	2	15
Unsicher (Ergebnis 5):	0	0	0
Negativ (Ergebnis 6):	0	0	0
Anteil richtig:	100,0%	100,0%	100,0%

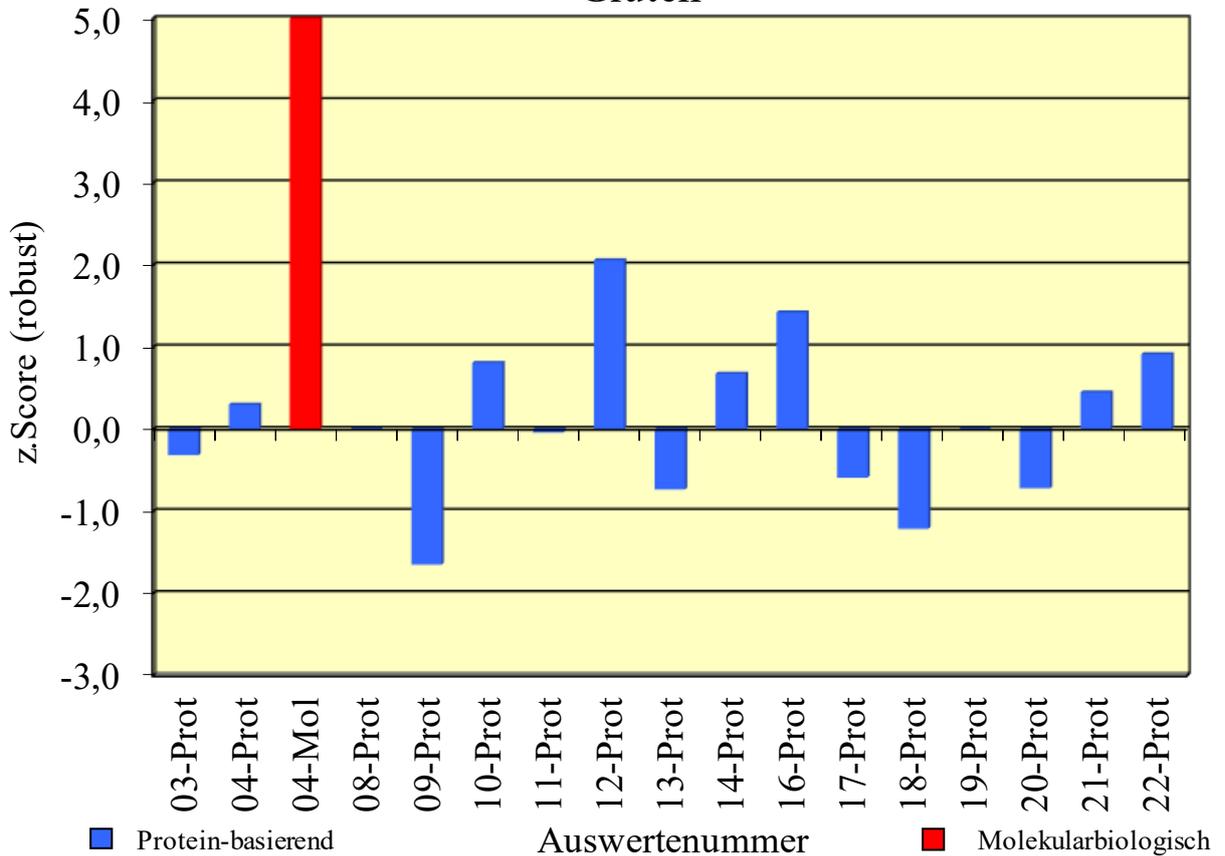
Ergebnis „positiv“ differenziert	Alle Daten	Molekularbiologisch	Protein basierend
1 - positiv, sicher oberhalb Beurteilungswert	7	--	7
2 - positiv, Streubereich des Beurteilungswerts	3	1	2
3 - positiv, sicher unterhalb Beurteilungswert	1	--	1
4 - positiv (Ergebnis ohne Bewertung)	6	1	5

Ergebnisse (quantitativ)	Alle Daten	Molekularbiologisch	Protein basierend
Werte:	16 (17)	1	16
Minimalwert:	18	1300	18
Mittelwert:	29,6	1300	29,6
Median:	29,0	1300	29,0
Vertrauensbereich (95 %) des Mittelwertes:	3,4	--	3,4
Maximalwert:	42,8	1300	42,8
Stabw (Standardabweichung):	6,47	--	6,47
Zielstandardabweichung:	2,80	--	2,80
srobust:	6,68	--	6,68
Horrat-Wert:	2,3	--	2,3
Stabw/srobust:	0,97	--	0,97

Gluten



Gluten



6.22 Soja [Gehaltsangaben in mg/kg]

Labor	Ergebnis	Gehalt	Abweichung	Z-Score (Horwitz)	Z-Score (robust)	Verfahrens- prinzip	Bezugs- quelle	Durch- führung	DNA- Extraktion	Hinweis
03-Prot		15,7	9,0	11,2	1,6	1	24	1		(1)
03-Mol	3					2		9	4	
04-Mol	6					4	10, 11	38	4	
05-Prot	1					1	2	1		
05-Mol	1					2	6	1	11	
06-Mol	1	14,1	7,4	9,2	1,3	2	2	1	16	
07-Mol	4	> 5 cp				2	17	3	2	
07-Prot	4	> 2,5				1	2	1		
08-Mol	4					2	12	1	5	
10-Prot	1	5,4	-1,3	-1,6	-0,2	1	2	1		
11-Mol	4					2	1	3	17	(2)
11-Prot	5	2,9	-3,8	-4,7	-0,7	1	2	1		
12-Mol	4	3,4	-3,3	-4,1	-0,6	2		1		
12-Prot	4	6,29	-0,4	-0,5	-0,1	1	2	1		
13-Mol	4	7,6	0,9	1,1	0,2	2	1	1	13	
13-Mol	4	> 0,4				2	6	1	5	
14-Mol	4					2	2	1	16	
15-Mol	4	>20				2	1, 5	37	3	
16-Mol	4					4	2	1	16	
17-Prot	2	7,11	0,4	0,5	0,1		2			
18-Prot	1	12,8	6,1	7,6	1,1	1	18	1		
19-Prot	1	4,7	-2,0	-2,5	-0,4	1	2			
19-Mol	2					2			5	
20-Prot	2	1,1	-5,6	-7,0	-1,0	1	1	2		
20-Mol	1	45	38,3	47,6	6,8	2	1	2	13	(*), (A)
21-Mol	2	14	7,3	9,1	1,3	4	1	43	3	
22-Mol	5	< 25				4	1	2	17	

Zur Information berechnete Daten sind kursiv in heller Schrift dargestellt.

(*) Berechnungen ohne diese Daten

(A) Dieses Ergebnis ist ein Ausreißer und wurde daher bei den Berechnungen der statistischen Kenndaten nicht berücksichtigt.

(1) Spalte „Ergebnis“ war nicht ausgefüllt.

(2) Entscheidungsgrenze ct 39 (Ergebnis ct > 37/38)

Ergebnisse (qualitativ)	Alle Daten	Molekularbiologisch	Protein basierend
Anzahl Ergebnisse:	26 (27)	17	9 (10)
Dotierung:	19	19	19
Positiv (Ergebnisse 1 bis 4):	23	15	8
Unsicher (Ergebnis 5):	2	1	1
Negativ (Ergebnis 6):	1	1	--
Anteil richtig:	88,5%	88,2%	88,9%

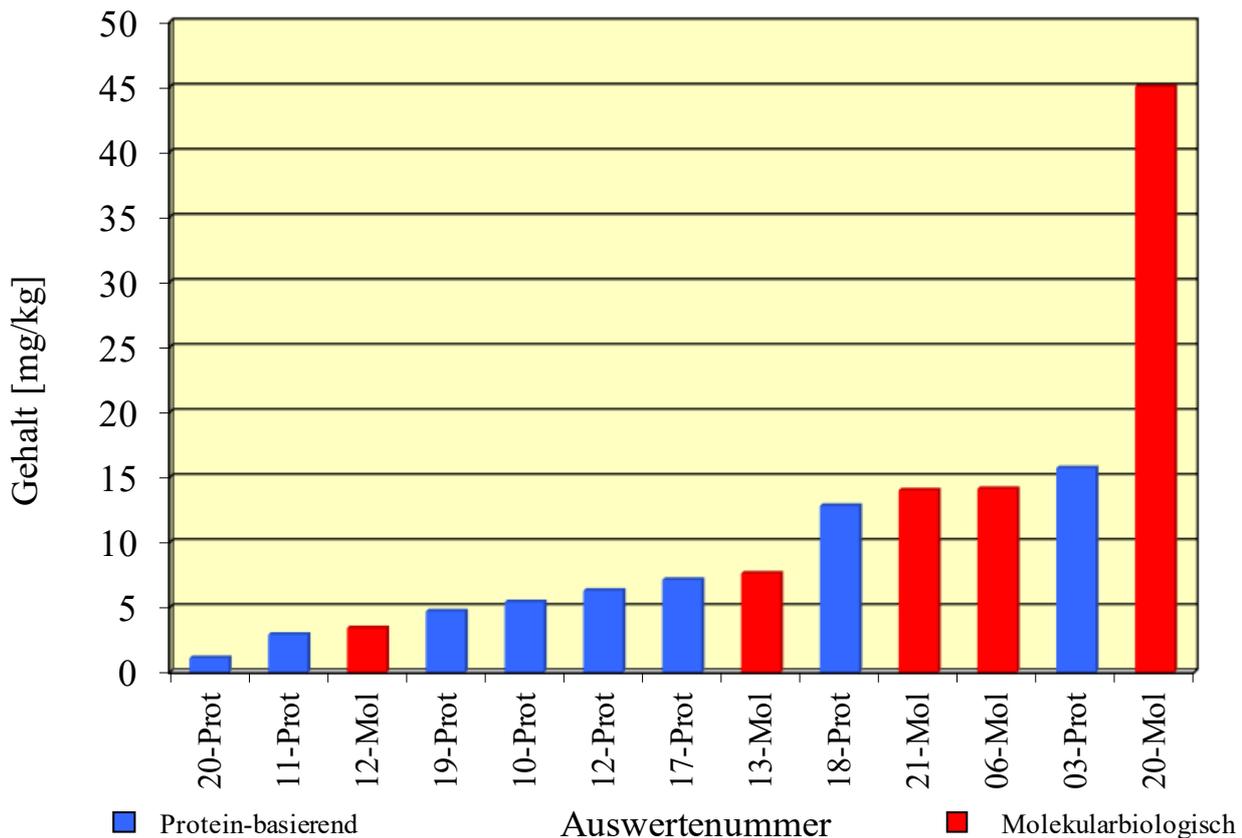
Ergebnis „positiv“ differenziert	Alle Daten	Molekularbiologisch	Protein basierend
1 - positiv, sicher oberhalb Beurteilungswert	7	3	4
2 - positiv, Streubereich des Beurteilungswerts	4	2	2
3 - positiv, sicher unterhalb Beurteilungswert	1	1	--
4 - positiv (Ergebnis ohne Bewertung)	11	9	2

Ergebnisse (quantitativ, nur zur Information)	Alle Daten	Molekularbiologisch	Protein basierend
Werte:	12 (13)	4 (5)	8
Minimalwert:	1,1	3,4	1,1
Mittelwert:	7,93	9,8	7,0
Median:	6,70	10,8	5,8
Vertrauensbereich (95 %) des Mittelwertes:	3,16	8,32	4,1
Maximalwert:	15,7	14,1	15,7
Stabw (Standardabweichung):	4,97	5,23	4,92
Zielstandardabweichung:	0,81	1,21	0,72
srobust:	5,64 (84%)	5,93 (71%)	5,37 (92%)
Horrat-Wert:	6,2	4,3	6,9
Stabw/srobust:	0,88	0,88	0,92

Aufgrund der vorliegenden Daten könnten einige der quantitativen Ergebnisse als Sojaprotein und nicht als Sojamehl (Proteingehalt ca. 40 %) angegeben worden sein.

Die Bewertung der quantitativen Ergebnisse ist weder über beide Verfahrensprinzipien noch getrennt möglich, da die robusten Standardabweichungen den maximalen Anteil von 33 % des Medians in allen Fällen erheblich überschreitet (siehe Tabelle oben). Dennoch ist keine Bewertung der Ergebnisse mit Z-Scores möglich.

Soja



6.23 Milchprotein, allgemein [Gehaltsangaben in mg/kg] – Auswertung nur informativ

Labor	Ergebnis	Gehalt	Abweichung	Z-Score (Horwitz)	Z-Score (robust)	Verfahrens- prinzip	Bezugs- quelle	Durch- führung	DNA- Extraktion	Hinweis
04-Prot	3	78	<i>75,3</i>			1	2	1		(*), (A)
05-Prot	6					1	8	1		
07-Prot	4	> 2,5 ppm				1	2	1		
08-Prot	4					10	14	1		
11-Prot	5	9,6	<i>6,9</i>			1	2	1		
12-Prot	6	<2,5				1	2	1		
13-Prot	6	< 2,5				1	7	1		
15-Prot	4	2,76	<i>0,1</i>			1	2	1		(1)
18-Prot	6	<5,70				1	18	1		(2)
19-Mol	4					2	24	5		
20-Prot	1	2,1	<i>-0,6</i>			1	1	2		
22-Prot	2	2,61	<i>-0,1</i>			1	7			

Zur Information berechnete Daten sind kursiv in heller Schrift dargestellt.

(*) Berechnungen ohne diese Daten

(A) Dieses Ergebnis ist ein Ausreißer und wurde daher bei den Berechnungen der statistischen Kenndaten nicht berücksichtigt.

(1) Standardabweichung 0,29 mg/kg, Bestimmungsgrenze = 2,5 mg/kg, Nachweisgrenze = 0,7 mg/kg

(2) Messwert für bovines Milchprotein umgerechnet auf Magermilchpulver mit 35% Protein

Der Gehalt an Milchprotein in der Probe liegt im unteren Arbeitsbereich der angewendeten Verfahren. Daher können die Teilnehmer Milchprotein vielfach auch nicht mehr nachweisen. Der von Labor 4 mitgeteilte Gehalt von 78 mg/kg ist zu hoch, weshalb das Labor sein Verfahren überprüfen sollte.

Ergebnisse (qualitativ)	Alle Daten	Molekularbiologisch	Protein basierend
Anzahl Ergebnisse:	12	1	11
Dotierung (Magermilchpulver – ca. 3,3 mg/kg Protein):	9,6		
Positiv (Ergebnisse 1 bis 4):	7	1	6
Unsicher (Ergebnis 5):	1	0	1
Negativ (Ergebnis 6):	4	0	4
Anteil richtig:	58,3%	100,0%	54,5%

Ergebnis „positiv“ differenziert	Alle Daten	Molekularbiologisch	Protein basierend
1 - positiv, sicher oberhalb Beurteilungswert	1	0	1
2 - positiv, Streubereich des Beurteilungswerts	1	0	1
3 - positiv, sicher unterhalb Beurteilungswert	1	0	1
4 - positiv (Ergebnis ohne Bewertung)	4	1	3

Ergebnisse (quantitativ, nur zur Information)	Alle Daten	Molekularbiologisch	Protein basierend
Werte:	4 (5)	--	4 (5)
Minimalwert:	2,1	--	2,1
Mittelwert:	4,3	--	4,3
Median:	2,7	--	2,7
Maximalwert:	9,6	--	9,6

6.24 Casein [Gehaltsangaben in mg/kg]

Labor	Ergebnis	Gehalt	Abweichung	Z-Score (Horwitz)	Z-Score (robust)	Verfahrens- prinzip	Bezugs- quelle	Durch- führung	DNA- Extraktion	Hinweis
01-Prot	4					1	2	1		
03-Prot		1	-0,20	-1,1	-0,2	1		1		(1)
05-Prot	1					1	8	1		
08-Prot	4					10	14	1		
09-Prot	3	1	-0,20	-1,1	-0,2	1	2	1		
10-Prot	1	0,96	-0,24	-1,3	-0,3	1	2	1		
12-Prot	6	< 2,5				1	2	1		(2)
14-Prot	4	3,3	2,10	11,2	2,2	1	20, 22	1		
14-Prot	4	2,9	1,70	9,1	1,8	1	9	1		
16-Prot	6	< 2,5				1	2	1		(2)
17-Prot	3						2			
18-Prot	1	1,82	0,62	3,3	0,6	1	18	1		
19-Prot	1	0,93	-0,27	-1,4	-0,3	1	8			
20-Prot	2	1,2	0,00	0,0	0,0	1	23	1		
21-Prot	2	1,9	0,70	3,7	0,7	1	14	1		

Zur Information berechnete Daten sind kursiv in heller Schrift dargestellt.

(1) Spalte „Ergebnis“ war nicht ausgefüllt.

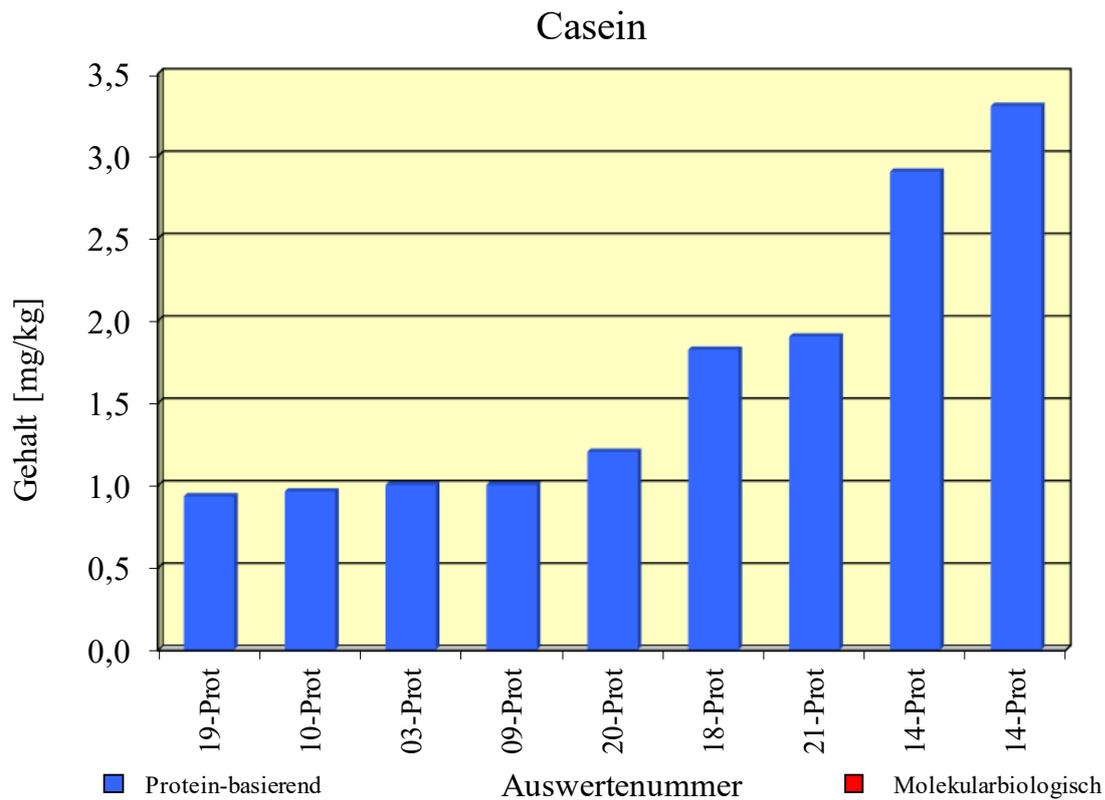
(2) Die Nachweisgrenze des eingesetzten Verfahrens ist höher als der Gehalt in der Probe.

Die Bewertung der quantitativen Ergebnisse ist nicht möglich, da die robuste Standardabweichung 80 % des Medians beträgt.

Ergebnisse (qualitativ)	Alle Daten	Molekularbiologisch	Protein basierend
Anzahl Ergebnisse:	14 (15)	--	14
Dotierung (Magermilchpulver):	ja	--	ja
Positiv (Ergebnisse 1 bis 4):	12	--	12
Unsicher (Ergebnis 5):	--	--	--
Negativ (Ergebnis 6):	2	--	2
Anteil richtig:	85,7%	--	85,7%

Ergebnis „positiv“ differenziert	Alle Daten	Molekularbiologisch	Protein basierend
1 - positiv, sicher oberhalb Beurteilungswert	4	--	4
2 - positiv, Streubereich des Beurteilungswerts	2	--	2
3 - positiv, sicher unterhalb Beurteilungswert	2	--	2
4 - positiv (Ergebnis ohne Bewertung)	4	--	4

Ergebnisse (quantitativ, nur zur Information)	Alle Daten	Molekularbiologisch	Protein basierend
Werte:	9	--	9
Minimalwert:	1	--	1
Mittelwert:	1,67	--	1,67
Median:	1,20	--	1,20
Vertrauensbereich (95 %) des Mittelwertes:	0,69	--	0,69
Maximalwert:	3,3	--	3,3
Stabw (Standardabweichung):	0,90	--	0,90
Zielstandardabweichung:	0,48	--	0,48
srobust:	0,96	--	0,96
Horrat-Wert:	1,9	--	1,9
Stabw/srobust:	0,93	--	0,93



6.25 Molkenprotein [Gehaltsangaben in mg/kg] – Ergebnisse nicht bewertbar

Labor	Ergebnis	Gehalt	Abweichung	Z-Score (Horwitz)	Z-Score (robust)	Verfahrensprinzip	Bezugsquelle	Durchführung	DNA-Extraktion	Hinweis
03-Prot		< 0,2				1	24	1		(1)
08-Prot	4					10	14	1		
10-Prot	6	< 0,2				1	2	1		
14-Prot	6	< 0,01				1	20, 22	1		
14-Prot	4	< 0,1				1	9	1		
17-Prot	6						2			
20-Prot	6	< 1,5				1	1	2		

Zur Information berechnete Daten sind kursiv in heller Schrift dargestellt.

(1) Spalte „Ergebnis“ war nicht ausgefüllt.

Der Gehalt an Molkenprotein in der Probe liegt im unteren Arbeitsbereich der angewendeten Verfahren.

Ergebnisse (qualitativ)	Alle Daten	Molekularbiologisch	Protein basierend
Anzahl Ergebnisse:	6	--	6
Dotierung (Magermilchpulver):		--	
Positiv (Ergebnisse 1 bis 4):	2	--	2
Unsicher (Ergebnis 5):	0	--	0
Negativ (Ergebnis 6):	4	--	4
Anteil richtig:	33,3%	--	33,3%

Ergebnis „positiv“ differenziert	Alle Daten	Molekularbiologisch	Protein basierend
4 - positiv (Ergebnis ohne Bewertung)	2		2

6.26 Lactose, wasserfrei [mg/kg] – Ergebnisse qualitativ nicht bewertbar

Labor	Ergebnis	Gehalt	Abweichung	Z-Score (Horwitz)	Z-Score (robust)	Verfahren	Hinweis
03	6	< 143				5	
08	6					17	
12	6					5	
16	6	< 10				1	
18	6	<3				5	
19	1	65,14					(1)
20	6	<100					enzymatisches Hausverfahren

Zur Information berechnete Daten sind kursiv in heller Schrift dargestellt.

(1) Das quantitative Ergebnis von Labor 19 ist zu hoch.

Lactose ist in der Probe nur in geringer Konzentration enthalten. Bei einer Dotierung von 9,6 mg/kg Magermilchpulver liegt der in der Probe enthaltene Lactosegehalt bei etwa 4,8 mg/kg. Dies liegt deutlich unter den Nachweisgrenzen aller verfügbaren Verfahren.

Ergebnisse (qualitativ)	Backware
Anzahl Ergebnisse:	7
Dotierung (ca. 4,8 mg/kg über 9,6 mg/kg Magermilchpulver):	ja
Positiv (Ergebnisse 1 bis 4):	1
Unsicher (Ergebnis 5):	--
Negativ (Ergebnis 6):	6
Anteil richtig:	14,3%

Methode	Bezeichnung des Analysenverfahrens	Häufigkeit
1	§ 64 LFGB Nr. L 44.00-6	1
5	Enzymatisch nach r-biopharm / roche 10 176 303 035 (Lac/Galac)	3
17	Enzymatisch (Enzytec r-biopharm: E8110 / E8120)	1