

Dieser Text dient lediglich zu Informationszwecken und hat keine Rechtswirkung. Die EU-Organe übernehmen keine Haftung für seinen Inhalt. Verbindliche Fassungen der betreffenden Rechtsakte einschließlich ihrer Präambeln sind nur die im Amtsblatt der Europäischen Union veröffentlichten und auf EUR-Lex verfügbaren Texte. Diese amtlichen Texte sind über die Links in diesem Dokument unmittelbar zugänglich

► **B****ENTSCHEIDUNG DER KOMMISSION**► **C1** vom 14. August 2002 ◀

zur Umsetzung der Richtlinie 96/23/EG des Rates betreffend die Durchführung von Analysemethoden und die Auswertung von Ergebnissen

*(Bekannt gegeben unter Aktenzeichen K(2002) 3044)***(Text von Bedeutung für den EWR)**

(2002/657/EG)

(ABl. L 221 vom 17.8.2002, S. 8)

Geändert durch:

		Amtsblatt		
		Nr.	Seite	Datum
► <u>M1</u>	Commission Decision 2003/181/EC of 13 March 2003	L 71	17	15.3.2003
► <u>M2</u>	Commission Decision 2004/25/EC of 22 December 2003	L 6	38	10.1.2004
► <u>M3</u>	Durchführungsverordnung (EU) 2021/808 der Kommission vom 22. März 2021	L 180	84	21.5.2021
► <u>M4</u>	geändert durch die Durchführungsverordnung (EU) 2021/810 der Kommission vom 20. Mai 2021	L 180	112	21.5.2021

Berichtigt durch:► **C1** Berichtigung, ABl. L 239 vom 6.9.2002, S. 66 (2002/657/EG)

▼ B

ENTSCHEIDUNG DER KOMMISSION

► C1 vom 14. August 2002 ◀

**zur Umsetzung der Richtlinie 96/23/EG des Rates betreffend die
Durchführung von Analysemethoden und die Auswertung von
Ergebnissen**

(Bekannt gegeben unter Aktenzeichen K(2002) 3044)

(Text von Bedeutung für den EWR)

(2002/657/EG)

▼ M3

▼ M4

▼ M3**▼ M4****▼ B****2. LEISTUNGSKRITERIEN UND SONSTIGE ANFORDERUNGEN FÜR ANALYSEMETHODEN**

Analysemethoden oder Kombinationen von Methoden, die im Folgenden nicht beschrieben werden, dürfen nur dann für Screening- oder Bestätigungszwecke verwendet werden, wenn belegt werden kann, dass sie die einschlägigen Anforderungen, die in dieser Entscheidung festgelegt werden, erfüllen.

2.1. ALLGEMEINE ANFORDERUNGEN**2.1.1. Probenhandhabung**

Die Proben müssen so gewonnen, gehandhabt und aufbereitet werden, dass die größtmögliche Aussicht auf einen Nachweis des Stoffs besteht. Die Verfahren der Probenhandhabung müssen die Möglichkeit einer versehentlichen Verunreinigung oder eines Analytverlusts ausschließen.

2.1.2. Testdurchführung**2.1.2.1. Wiederfindung**

Bei der Analyse von Proben muss die Wiederfindung in jeder Probencharge bestimmt werden, wenn ein fester Wiederfindungskorrekturfaktor verwendet wird. Wenn die Wiederfindung innerhalb der vorgegebenen Grenzen liegt, kann der feste Korrekturfaktor verwendet werden. Ansonsten muss der für die betreffende Charge ermittelte Wiederfindungsfaktor verwendet werden, es sei denn der spezifische Wiederfindungsfaktor des Analyten in der Probe ist anzuwenden. In diesem Fall muss das Standardadditionsverfahren (siehe 3.5) oder ein interner Standard für die quantitative Bestimmung eines Analyten in einer Probe verwendet werden.

2.1.2.2. Spezifität

Eine Methode muss in der Lage sein, unter den Versuchsbedingungen zwischen dem Analyten und den anderen Stoffen zu unterscheiden. Eine Schätzung, bis zu welchem Grad dies möglich ist, muss vorgelegt werden. Es sind Strategien zur Vermeidung vorhersehbarer Störungen durch andere Substanzen bei Verwendung des beschriebenen Verfahrens, z. B. Homologa, Analoga, Stoffwechselprodukte des interessierenden Rückstands, zu ergreifen. Es ist überaus wichtig, dass eventuelle Störungen durch Matrixbestandteile untersucht werden.

2.2. SCREENINGMETHODEN

Nur diejenigen Analyseverfahren, für die zurückverfolgbar belegt werden kann, dass sie validiert sind und bei der interessierenden Konzentration eine falsch negative Rate von $< 5\%$ (β -Fehler) aufweisen, dürfen für Screeningzwecke gemäß der Richtlinie 96/23/EWG eingesetzt werden. Bei Verdacht auf ein positives Ergebnis muss dieses Ergebnis durch eine Bestätigungsmethode bestätigt werden.

2.3. BESTÄTIGUNGSMETHODEN FÜR ORGANISCHE RÜCKSTÄNDE UND KONTAMINANTEN

Bestätigungsmethoden für organische Rückstände oder Kontaminanten müssen Aufschluss über die chemische Struktur des Analyten liefern. Folglich sind Methoden, die sich ausschließlich auf die chromatografische Analyse ohne zusätzlichen spektrometrischen Nachweis stützen, für sich allein nicht als Bestätigungsmethoden geeignet. Wenn jedoch eine Technik allein nicht spezifisch genug ist, muss die gewünschte Spezifität mit Analyseverfahren erreicht werden, die aus einer geeigneten Kombination von Clean-up, chromatografischer Trennung und spektrometrischer Detektion bestehen.

▼ B

Die folgenden Methoden oder Methodenkombinationen gelten als geeignet für die Identifizierung von organischen Rückständen oder Kontaminanten der angegebenen Stoffgruppen:

Tabelle 1
Geeignete Bestätigungsmethoden für organische Rückstände oder Kontaminanten

Messverfahren	Stoffe in Anhang I 96/23/EG	Einschränkungen
LC oder GC mit massenspektrometrischer Detektion	Gruppen A und B	Nur nach chromatografischer Online- oder Offline-Trennung Nur wenn Full-Scan-Verfahren verwendet werden oder mindestens 3 (Gruppe B) oder 4 (Gruppe A) Identifizierungspunkte bei Verfahren verwendet werden, die nicht die vollen Massenspektren aufzeichnen
LC oder GC mit IR-spektrometrischer Detektion	Gruppen A und B	Spezifische Anforderungen an die Absorption bei der IR-Spektrometrie müssen erfüllt sein
LC-Full-Scan-DAD	Gruppe B	Spezifische Anforderungen an die Absorption bei der UV-Spektrometrie müssen erfüllt sein
LC — Fluoreszenz	Gruppe B	Nur für Moleküle, die eine natürliche Fluoreszenz zeigen, und Moleküle, die eine Fluoreszenz nach Transformation oder Derivatisierung zeigen
2D-TLC — Full-Scan-UV/VIS	Gruppe B	Nur, wenn zwei Säulen mit unterschiedlicher Polarität verwendet werden
GC-Elektroneneinfangdetektion	Gruppe B	Nur, wenn zwei Säulen mit unterschiedlicher Polarität verwendet werden
LC-Immunogramm	Gruppe B	Nur, wenn mindestens zwei verschiedene Chromatographiesysteme oder eine zweite unabhängige Nachweismethode verwendet werden
LC-UV/VIS (vaste golflengte)	Gruppe B	Nur, wenn mindestens zwei verschiedene Chromatographiesysteme oder eine zweite unabhängige Nachweismethode verwendet werden

2.3.1. Gemeinsame Leistungskriterien und Anforderungen

Bestätigungsmethoden sollen Aufschluss über die chemische Struktur des Analyten geben. Wenn mehrere Verbindungen das gleiche Signal liefern, kann die Methode nicht zwischen diesen Verbindungen unterscheiden. Methoden, die sich ausschließlich auf die Chromatografie ohne zusätzlichen spektrometrischen Nachweis stützen, sind allein nicht als Bestätigungsmethoden geeignet.

Bei Verwendung eines geeigneten internen Standards in einer Methode muss dieser am Anfang des Extraktionsverfahrens der Analysenprobe zugesetzt werden. Je nach Verfügbarkeit werden entweder stabile isotoopenmarkierte Formen des Analyten, die besonders für die massenspektrometrische Detektion geeignet sind, oder Verbindungen, die mit dem Analyten strukturell verwandt sind, verwendet.

▼B

Wenn kein geeigneter interner Standard verwendet werden kann, muss die Identifizierung des Analyten durch Co-Chromatografie bestätigt werden. In diesem Fall darf nur ein Peak gewonnen werden, wobei die verstärkte Peakhöhe (oder -fläche) der Menge des zugefügten Analyten entspricht. Bei der Gaschromatografie (GC) oder Flüssigchromatografie (LC) muss sich die Peakbreite bei der Hälfte der maximalen Höhe im Bereich von 90-110 % der Originalbreite bewegen, und die Retentionszeiten müssen mit einer Toleranz von 5 % identisch sein. Bei Dünnschichtchromatografie-(TLC-)Methoden muss sich nur der vermutlich durch den Analyten bedingte Fleck verstärken. Es darf kein neuer Fleck erscheinen, und auch das Erscheinungsbild darf sich nicht verändern.

Referenzmaterial oder dotiertes Material, das bekannte Analytmengen an oder nahe der zulässigen Grenze oder der Entscheidungsgrenze (positive Kontrollprobe) enthält, sowie negatives Kontrollmaterial und Reagenzleerwerte sollten vorzugsweise während des gesamten Verfahrens parallel zu jeder Serie von Untersuchungsproben analysiert werden. Die empfohlene Reihenfolge für die Injektion der Extrakte in das Analysengerät ist: Reagenzleerwert, negative Kontrollprobe, zu bestätigende Probe(n), erneute negative Kontrollprobe und schließlich die positive Kontrollprobe. Abweichungen von dieser Reihenfolge müssen begründet werden.

2.3.2. **Zusätzliche Leistungskriterien und sonstige Anforderungen für quantitative Analysemethoden**

2.3.2.1. *Richtigkeit von quantitativen Methoden*

Bei wiederholten Analysen eines zertifizierten Referenzmaterials gelten folgende Richtbereiche für die Abweichung des experimentell bestimmten wiederfindungskorrigierten mittleren Masseanteils vom zertifizierten Wert:

Tabelle 2

Mindestwerte der Richtigkeit von quantitativen Methoden

Massenanteil	Bereich
≤ 1 µg/kg	– 50 % bis + 20 %
> 1 µg/kg bis 10 µg/kg	– 30 % bis + 10 %
≥ 10 µg/kg	– 20 % bis + 10 %

Wenn keine solchen zertifizierten Referenzmaterialien zur Verfügung stehen, ist die Bestimmung der Richtigkeit der Messungen durch Wiederfindung von zugesetzten bekannten Mengen des Analyten (bzw. der Analyte) zu einer Leerwertmatrix akzeptabel. Mit der mittleren Wiederfindung korrigierte Daten sind nur dann akzeptabel, wenn sie innerhalb der Bereiche in Tabelle 2 liegen.

2.3.2.2. *Präzision von quantitativen Methoden*

Bei wiederholter Analyse eines Referenzmaterials oder dotierten Materials darf der Variationskoeffizient (CV) zwischen Laboratorien unter Reproduzierbarkeitsbedingungen den mit der Horwitz-Gleichung berechneten Wert nicht überschreiten. Diese Gleichung lautet:

$$CV = 2^{(1 - 0,5 \log C)}$$

Dabei ist C der Massenanteil, ausgedrückt als Zehnerpotenz (Exponent) (z. B. 1 mg/g = 10⁻³). Tabelle 3 zeigt Beispiele.



Tabelle 3

Beispiele für Reproduzierbarkeits-CVs für quantitative Methoden bei einem Bereich von Massenanteilen des Analyten

Massenanteil	Reproduzierbarkeits-CV (%)
1 µg/kg	(*)
10 µg/kg	(*)
100 µg/kg	23
1 000 µg/kg (1 mg/kg)	16

(*) Für Massenanteile von weniger als 100 µg/kg liefert die Horwitz-Gleichung inakzeptabel hohe Werte. Deshalb müssen die Variationskoeffizienten (CVs) für Konzentrationen unter 100 µg/kg möglichst klein sein.

Bei Analysen unter Wiederholbedingungen sollte der laborinterne Variationskoeffizient typischerweise zwischen der Hälfte und zwei Dritteln der obigen Werte liegen. Bei Analysen unter laborinternen Reproduzierbarkeitsbedingungen darf der laborinterne Variationskoeffizient nicht größer als der Reproduzierbarkeits-CV sein.

Bei Stoffen mit einem festgelegten zulässigen Grenzwert muss die Methode eine laborinterne Reproduzierbarkeit erreichen, die nicht größer als der Reproduzierbarkeits-CV bei einer Konzentration von $0,5 \times$ der zulässige Grenzwert ist.

2.3.3. Leistungskriterien und sonstige Anforderungen für den massenspektrometrischen Nachweis

Massenspektrometrische Methoden kommen nur nach chromatografischer Online- oder Offline-Trennung als Bestätigungsmethoden in Betracht.

2.3.3.1. Chromatografische scheidung

Bei GC-MS-Verfahren muss die gaschromatografische Trennung mit Kapillarsäulen durchgeführt werden. Bei LC-MS-Verfahren muss die chromatografische Trennung mit geeigneten LC-Säulen durchgeführt werden. In jedem Fall beträgt die akzeptable Mindestretentionszeit für den untersuchten Analyten das Doppelte der Retentionszeit für das Totvolumen der Säule. Die Retentionszeit (bzw. relative Retentionszeit) des Analyten in der Analysenprobe muss derjenigen des Kalibrierstandards innerhalb eines vorgegebenen Retentionszeitfensters entsprechen. Das Retentionszeitfenster muss dem Auflösungsvermögen des Chromatografie-systems entsprechen. Das Verhältnis der chromatografischen Retentionszeit des Analyten zu der des internen Standards, d. h. die relative Retentionszeit des Analyten, muss derjenigen der Kalibrierlösung entsprechen, bei einer Toleranz von $\pm 0,5\%$ für die GC und $\pm 2,5\%$ für die LC.

2.3.3.2. Massenspektrometrischer Nachweis

Der massenspektrometrische Nachweis muss mit MS-Verfahren wie beispielsweise der Aufzeichnung von vollen Massenspektren (Full Scan) oder der Einzelmassenregistrierung (SIM) sowie MS-MS_n-Verfahren wie dem Selected Reaction Monitoring (SRM) oder anderen geeigneten MS- oder MS-MS_n-Verfahren in Kombination mit entsprechenden Ionisierungsarten durchgeführt werden. Bei der hochauflösenden Massenspektrometrie (HRMS) muss die Auflösung für den gesamten Massenbereich bei 10 % Tal typischerweise größer als 10 000 sein.

▼B

Full scan: Wenn die massenspektrometrische Bestimmung durch die Aufzeichnung von vollständigen Spektren erfolgt, ist das Vorhandensein aller gemessenen diagnostischen Ionen (Molekül-Ion, charakteristische Addukte des Molekül-Ions, charakteristische Fragment-Ionen und Isotopen-Ionen) mit einer relativen Intensität von mehr als 10 % im Referenzspektrum des Kalibrierstandards obligatorisch.

SIM: Erfolgt die massenspektrometrische Bestimmung mittels Fragmentografie, muss das Molekül-Ion vorzugsweise eines der ausgewählten diagnostischen Ionen sein (Molekül-Ion, charakteristische Addukte des Molekül-Ions, charakteristische Fragment-Ionen und alle ihre Isotopen-Ionen). Die gewählten diagnostischen Ionen sollten nicht ausschließlich aus demselben Teil des Moleküls stammen. Das Signal-Rausch-Verhältnis für jedes diagnostische Ion muss $\geq 3:1$ sein.

Full scan en SIM: Die relativen Intensitäten der nachgewiesenen Ionen, ausgedrückt in Prozent der Intensität des intensivsten Ions oder Übergangs, müssen denjenigen des Kalibrierstandards entsprechen, und zwar entweder aus Kalibrierstandardlösungen oder aus dotierten Proben in vergleichbaren Konzentrationen, gemessen unter den gleichen Bedingungen innerhalb der folgenden Toleranzen:

Tabelle 4**Zulässige Höchsttoleranzen für relative Ionenintensitäten bei einer Reihe von massenspektrometrischen Verfahren**

Relative Intensität (% des Basispeaks)	EI-GC-MS (relativ)	CI-GC-MS, GC-MS ⁿ LC-MS, LC-MS ⁿ (relativ)
> 50 %	±10 %	±20 %
> 20 % - 50 %	±15 %	±25 %
> 10 % - 20 %	±20 %	±30 %
≤ 10 %	±50 %	±50 %

Auswertung von Massenspektren: Die relativen Intensitäten der diagnostischen Ionen und/oder Vorläufer-/Produkt-Ionenpaare müssen durch Vergleich von Spektren oder durch Integration der Signale der Einzelmassen ermittelt werden. Wenn eine Hintergrundkorrektur angewandt wird, muss diese gleichmäßig über die gesamte Probenserie angewandt (siehe 2.3.1, Absatz 4) und eindeutig angegeben werden.

Full scan: Wenn vollständige Spektren in einer Einzelmassenspektrometrie aufgezeichnet werden, müssen mindestens vier Ionen mit einer relativen Intensität von ≥ 10 % des Basispeaks vorhanden sein. Das Molekül-Ion sollte eingeschlossen sein, wenn es im Referenzspektrum mit einer relativen Intensität von ≥ 10 % vorhanden ist. Mindestens vier Ionen müssen innerhalb der zulässigen Höchsttoleranzen für relative Ionenintensitäten liegen (Tabelle 5). Eine computergestützte Bibliotheksuche kann durchgeführt werden. In diesem Fall muss das Ergebnis des Vergleichs der Massenspektren der Untersuchungsproben mit dem der Kalibrierlösung einen kritischen Abgleichfaktor überschreiten. Dieser Faktor wird bei der Validierung für jeden Analyten auf der Basis von Spektren bestimmt, für welche die unten beschriebenen Kriterien erfüllt sind. Schwankungen in den Spektren, die durch die Probenmatrix und die Leistungsfähigkeit des Detektors verursacht werden können, müssen überprüft werden.

▼ B

SIM: Wenn Massenfragmente nicht mit Full-Scan-Verfahren gemessen werden, muss ein System von Identifizierungspunkten zur Auswertung der Daten verwendet werden. Zur Bestätigung von Stoffen in Gruppe A des Anhangs I der Richtlinie 96/23/EG werden mindestens 4 Identifizierungspunkte benötigt. Zur Bestätigung von Stoffen in Gruppe B von Anhang I der Richtlinie 96/23/EG werden mindestens 3 Identifizierungspunkte benötigt. Die folgende Tabelle zeigt die Anzahl der Identifizierungspunkte, die jedes der massenspektrometrischen Basisverfahren liefern kann. Damit jedoch die für die Bestätigung erforderlichen Identifizierungspunkte vergeben und die Summe der Identifizierungspunkte berechnet werden kann, müssen folgende Voraussetzungen erfüllt sein:

- a) Mindestens ein Ionenverhältnis muss gemessen werden und
- 6) alle relevanten gemessenen Ionenverhältnisse müssen die oben beschriebenen Kriterien erfüllen und
- b) maximal drei separate Verfahren können kombiniert werden, um die Mindestanzahl an Identifizierungspunkten zu erhalten.

Tabelle 5**Zusammenhang zwischen einer Reihe von Massenfragment-Klassen und erzielten Identifizierungspunkten**

MS-Verfahren	Erzielte Identifizierungspunkte pro Ion
Niedrig auflösende Massenspektrometrie (LR-MS)	1,0
LR-MS ⁿ Vorläufer-Ion	1,0
LR-MS ⁿ Übergangsprodukte	1,5
HRMS	2,0
HR-MS ⁿ Vorläufer-Ion	2,0
HR-MS ⁿ Übergangsprodukte	2,5

Anmerkungen:

- (1) Jedes Ion kann nur einmal gezählt werden.
- (2) Die GC-MS mit Elektronenstoßionisierung gilt als ein anderes Verfahren als die GC-MS mit chemischer Ionisierung.
- (3) Verschiedene Analyte können nur dann verwendet werden, um die Anzahl der Identifizierungspunkte zu erhöhen, wenn die Derivate verschiedene Reagenzien verwenden.
- (4) Wenn für Stoffe in Gruppe A des Anhangs I der Richtlinie 96/23/EG die folgenden Verfahren bei der Analyse verwendet werden, können diese maximal einen Identifizierungspunkt liefern, sofern die einschlägigen Kriterien für diese Verfahren erfüllt sind: HPLC gekoppelt mit Full-Scan-Diodenarray-Spektrofotometrie (DAD), HPLC gekoppelt mit Fluoreszenzdetektion, HPLC gekoppelt mit einem Immunogramm oder zweidimensionale TLC gekoppelt mit spektrometrischem Nachweis.
- (5) Übergangsprodukte schließen sowohl Tochter- als auch Enkeltochter-Produkte ein.

Tabelle 6**Beispiele für die Anzahl der Identifizierungspunkte für eine Reihe von Verfahren und deren Kombinationen (n = ganze Zahl)**

Verfahren	Anzahl der Ionen	Identifizierungspunkte
GC-MS (EI oder CI)	N	n
GC-MS (EI und CI)	2 (EI) + 2 (CI)	4
GC-MS (EI oder CI) 2 Derivate	2 (Derivat A) + 2 (Derivat B)	4

▼ **B**

Verfahren	Anzahl der Ionen	Identifizierungspunkte
LC-MS	N	n
GC-MS-MS	1 Vorläufer und 2 Töchter	4
LC-MS-MS	1 Vorläufer und 2 tütarprodukti	4
GC-MS-MS	2 Vorläufer-Ionen, mit je 1 Tochter	5
LC-MS-MS	2 Vorläufer-Ione, mit je 1 Tochter	5
LC-MS-MS-MS	1 Vorläufer- 1 ochter und 2 Enkel- töchter	5,5
HRMS	N	2 n
GC-MS und LC-MS	2 + 2	4
GC-MS und HRMS	2 + 1	4

2.3.4. Leistungskriterien und sonstige Anforderungen für die Chromatografie gekoppelt mit Infrarotdetektion

Adäquate Peaks: Adäquate Peaks sind Absorptionsmaxima im Infrarotspektrum eines Kalibrierstandards, welche die folgenden Anforderungen erfüllen.

2.3.4.1. Infrarotdetektion

Absorptionsmaximum: Muss im Wellenzahlbereich von 4 000–500 cm^{-1} liegen.

Absorptionsintensität: Darf nicht kleiner sein als

a) ein spezifisches molares Absorptionsmaß von 40 bezogen auf das Grundrauschen; oder

b) eine relative Absorption von 12,5 % der Absorption des intensivsten Peaks im Bereich von 4 000—500 cm^{-1} ,

wenn beide bezogen auf Nullabsorption gemessen werden, und von 5 % der Absorption des intensivsten Peaks im Bereich von 4 000—500 cm^{-1} , wenn beide bezogen auf ihr Grundrauschen gemessen werden.

Obwohl adäquate Peaks gemäß Buchstabe a) theoretisch vorzuziehen wären, sind in der Praxis die Peaks entsprechend Buchstabe b) leichter zu bestimmen.

Es wird die Anzahl der Peaks im Infrarotspektrum des Analyten ermittelt, deren Frequenzen denen eines adäquaten Peaks im Spektrum des Kalibrierstandards mit einer Toleranz von $\pm 1 \text{ cm}^{-1}$ entsprechen.

2.3.4.2. Auswertung von Infrarotspektren

Eine Absorption muss in allen Bereichen des Analytspektrums auftreten, die einem adäquaten Peak im Referenzspektrum des Kalibrierstandards entsprechen. Mindestens sechs adäquate Peaks im Infrarotspektrum des Kalibrierstandards sind erforderlich. Wenn weniger als sechs adäquate Peaks vorhanden sind (7), kann das betreffende Spektrum nicht als Referenzspektrum verwendet werden. Der «Score», d. h. der Anteil der adäquaten Peaks, der im Infrarotspektrum des Analyten gefunden wird, muss mindestens 50 betragen. Wo eine genaue Bestimmung des adäquaten Peaks nicht möglich ist, darf der entsprechende Bereich des Analytspektrums das Vorhandensein eines passenden Peaks nicht ausschließen. Das Verfahren ist nur für Absorptions-Peaks im Probenspektrum anwendbar, deren Intensität mindestens das Dreifache des Rauschens zwischen zwei Peaks beträgt.

▼ B**2.3.5. Leistungskriterien und sonstige Anforderungen für die Bestimmung eines Analyten mittels LC mit anderen Detektionsverfahren****2.3.5.1. Chromatografische Trennung**

Ein interner Standard muss verwendet werden, wenn ein für diesen Zweck geeignetes Material zur Verfügung steht. Es muss vorzugsweise ein verwandter Standard mit einer Retentionszeit nahe der des Analyten sein. Der Analyt muss bei der Retentionszeit eluieren, die für den entsprechenden Kalibrierstandard unter den gleichen Versuchsbedingungen typisch ist. Die akzeptable Mindestretentionszeit für einen Analyten muss das Zweifache der Retentionszeit des Totvolumens der Säule betragen. Das Verhältnis der Retentionszeit des Analyten zu der des internen Standards, d. h. die relative Retentionszeit des Analyten, muss mit einer Toleranz von $\pm 2,5\%$ mit der des Kalibrierstandards in der entsprechenden Matrix identisch sein.

2.3.5.2. Full-Scan-UV-Detektion

Die Leistungskriterien für LC-Methoden müssen erfüllt sein.

Die Absorptionsmaxima im Spektrum des Analyten müssen mit einer Toleranz, die durch das Auflösungsvermögen des Detektionssystems bestimmt wird, bei denselben Wellenlängen wie die des Kalibrierstandards liegen. Bei der Dioden-Array-Detektion beträgt das Auflösungsvermögen typischerweise ± 2 nm. Das Analytspektrum oberhalb von 220 nm darf sich im Bereich mit einem relativen Absorptionsvermögen von $\geq 10\%$ optisch nicht vom Spektrum des Kalibrierstandards unterscheiden. Dieses Kriterium ist erfüllt, wenn zum einen die gleichen Maxima vorliegen und zum anderen der Unterschied zwischen den beiden Spektren an keinem Punkt mehr als 10% des Absorptionsvermögens des Kalibrierstandards beträgt. Wenn eine computergestützte Bibliothekssuche und Anpassung durchgeführt wird, muss das Ergebnis des Vergleichs der Spektren der Untersuchungsproben mit dem der Kalibrierlösung einen kritischen Abgleichfaktor überschreiten. Dieser Faktor wird bei der Validierung für jeden Analyten auf der Basis von Spektren bestimmt, für welche die oben beschriebenen Kriterien erfüllt sind. Schwankungen in den Spektren, die durch die Probenmatrix und die Leistungsfähigkeit des Detektors verursacht werden können, müssen überprüft werden.

2.3.5.3. Leistungskriterien für die fluorometrische Detektion

Die Leistungskriterien für LC-Methoden müssen erfüllt sein.

Dies betrifft Moleküle, die eine natürliche Fluoreszenz aufweisen, und Moleküle, die nach Transformation oder Derivatisierung eine Fluoreszenz zeigen. Die Anregungs- und Emissionswellenlängen müssen in Verbindung mit den chromatografischen Bedingungen so gewählt werden, dass das Auftreten von störenden Bestandteilen in Leerwertprobenextrakten auf ein Mindestmaß reduziert wird.

Das nächstgelegene Peakmaximum im Chromatogramm muss bei 10% der maximalen Höhe des Analytpeaks mindestens eine volle Peakbreite vom festgestellten Peak des Analyten getrennt sein.

2.3.5.4. Leistungskriterien für die Bestimmung eines Analyten mit einem LC-Immunogramm

Ein LC-Immunogramm ist für sich allein nicht als Bestätigungsmethode geeignet.

▼B

Die einschlägigen Kriterien für LC-Methoden müssen erfüllt sein.

Die vorgegebenen Qualitätskontrollparameter, z. B. unspezifische Bindung, relative Bindung der Kontrollproben und der Absorptionswert der Leerwertbestimmung, müssen innerhalb der bei der Validierung des Assays ermittelten Grenzwerte liegen.

Das Immunogramm muss durch mindestens fünf Fraktionen zustande kommen.

Jede Fraktion muss kleiner als die Hälfte der Peakbreite sein.

Die Fraktion mit dem höchsten Gehalt des Analyten muss für die Testprobe, die positive Kontrollprobe und den Standard die gleiche sein.

2.3.5.5. Bestimmung eines Analyten mittels LC mit UV/VIS-Detektion (eine Wellenlänge)

Die LC mit UV/VIS-Detektion (eine Wellenlänge) ist für sich allein nicht als Bestätigungsmethode geeignet.

Das nächstgelegene Peakmaximum im Chromatogramm muss bei 10 % der maximalen Höhe des Analytpeaks mindestens eine volle Peakbreite vom festgestellten Peak des Analyten getrennt sein.

2.3.6. Leistungskriterien und sonstige Anforderungen für die Bestimmung eines Analyten mittels 2D-TLC gekoppelt mit Full-Scan-UV/VIS-spektrometrischer Detektion

Die zweidimensionale HPTLC und die Co-Chromatografie sind obligatorisch.

Die RF-Werte des Analyten müssen mit den RF-Werten der Standards innerhalb einer Toleranz von $\pm 5\%$ übereinstimmen.

Das Erscheinungsbild des Analyten darf sich von dem des Standards nicht unterscheiden.

Bei Flecken der gleichen Farbe muss das Zentrum des Flecks, der dem Zentrum des Flecks des Analyten am nächsten liegt, von diesem mindestens die Hälfte der Summe der Fleckdurchmesser entfernt sein.

Das Spektrum des Analyten darf sich, wie für die Full-Scan-UV/VIS-Detektion beschrieben, in seinem Erscheinungsbild nicht vom Spektrum des Standards unterscheiden.

Wenn eine computergestützte Bibliothekssuche und Anpassung durchgeführt wird, muss das Ergebnis des Vergleichs der Spektren der Untersuchungsproben mit dem der Kalibrierlösung einen kritischen Abgleichfaktor überschreiten. Dieser Faktor wird bei der Validierung für jeden Analyten auf der Basis von Spektren bestimmt, für welche die oben beschriebenen Kriterien erfüllt sind. Schwankungen in den Spektren, die durch die Probenmatrix und die Leistungsfähigkeit des Detektors verursacht werden können, müssen überprüft werden.

▼ B**2.3.7. Leistungskriterien und Anforderungen für die Bestimmung eines Analyten mittels GC in Kombination mit der Elektroneneinfangdetektion (ECD)**

Ein interner Standard muss verwendet werden, wenn ein für diesen Zweck geeignetes Material zur Verfügung steht. Es muss vorzugsweise ein verwandter Standard mit einer Retentionszeit nahe der des Analyten sein. Der Analyt muss bei der Retentionszeit eluieren, die für den entsprechenden Kalibrierstandard unter den gleichen Versuchsbedingungen typisch ist. Die akzeptable Mindestretentionszeit für einen Analyten muss das Zweifache der Retentionszeit des Totvolumens der Säule betragen. Das Verhältnis der Retentionszeit des Analyten zu der des internen Standards, d. h. die relative Retentionszeit des Analyten, muss mit einer Toleranz von $\pm 0,5\%$ mit der des Kalibrierstandards in der entsprechenden Matrix identisch sein. Das nächstgelegene Peakmaximum im Chromatogramm muss bei 10 % der maximalen Höhe des Analytpeaks mindestens eine volle Peakbreite vom festgestellten Peak des Analyten getrennt sein. Zusätzliche Informationen können durch Co-Chromatografie gewonnen werden.

2.4. BESTÄTIGUNGSMETHODEN FÜR ELEMENTE

Bestätigungsanalysen für chemische Elemente müssen auf der eindeutigen Identifizierung und der genauen und präzisen Quantifizierung mit Hilfe von chemisch-physikalischen Eigenschaften beruhen, die für das betreffende chemische Element in der interessierenden Konzentration einzigartig sind (z. B. elementcharakteristische Wellenlänge der emittierten oder absorbierten Strahlung, Atommasse).

Die folgenden Methoden oder Methodenkombinationen gelten als geeignet für die Identifizierung von chemischen Elementen:

Tabel 7**Geeignete Bestätigungsmethoden für chemische Elemente**

Verfahren	Messparameter
Differentielle anodische Stripping-Pulsvoltammetrie	Elektrisches Signal
Atomabsorptionsspektrometrie	
Flamme	Absorptionswellenlänge
Hydriderzeugung	Absorptionswellenlänge
Kaldampf	Absorptionswellenlänge
Elektrothermische Atomisierung (Graphitofen)	Absorptionswellenlänge
Atomemissionsspektrometrie	
Induktiv gekoppeltes Plasma	Emissionswellenlänge
Massenspektrometrie	
Induktiv gekoppeltes Plasma	Masse-Ladungs-Verhältnis

2.4.1. Gemeinsame Leistungskriterien und sonstige Anforderungen für Bestätigungsmethoden

Referenzmaterial oder dotiertes Material, das bekannte Analytmengen an oder nahe der zulässigen Höchstmenge oder der Entscheidungsgrenze (positive Kontrollprobe) enthält, sowie negatives Kontrollmaterial und Reagenzleerwerte sollten vorzugsweise während des gesamten Verfahrens parallel zu jeder Serie von Untersuchungsproben analysiert werden. Die empfohlene Reihenfolge für die Injektion der Extrakte in das Analysengerät ist: Reagenzleerwert, negative Kontrollprobe, zu bestätigende Probe, negative Kontrollprobe und schließlich die positive Kontrollprobe. Jede Abweichung von dieser Reihenfolge muss begründet werden.

▼ B

Im Allgemeinen muss bei den meisten Analyseverfahren die organische Matrix vollständig aufgeschlossen werden, um vor der Bestimmung des Analyten Lösungen zu erhalten. Dazu können Mikrowellen-Mineralisationsverfahren verwendet werden, die das Risiko eines Verlustes und/oder einer Verunreinigung der interessierenden Analyte auf ein Mindestmaß reduzieren. Dekontaminierte Teflongefäße von guter Qualität müssen verwendet werden. Wenn andere Nass- oder Trockenaufschlussmethoden herangezogen werden, sollten dokumentierte Belege vorliegen, die potentielle Analytverluste oder -verunreinigungen ausschließen. Als Alternative zum Aufschluss können unter Umständen Trennverfahren (beispielsweise die Extraktion) gewählt werden, um Analyte von Matrixbestandteilen zu trennen und/oder Analyte zu konzentrieren, bevor sie dem Analysengerät zugeführt werden.

Bei der Kalibrierung, sei es extern oder anhand der Methode der Standardaddition, ist sorgfältig darauf zu achten, dass der für die Analyse festgelegte Arbeitsbereich nicht überschritten wird. Bei der externen Kalibrierung müssen die Kalibrierstandards unbedingt in einer Lösung hergestellt werden, die der Zusammensetzung der Probenlösung möglichst genau entspricht. Eine Hintergrundkorrektur muss ebenfalls angewandt werden, falls aufgrund der speziellen Gegebenheiten der Analyse erforderlichlich.

2.4.2. **Zusätzliche Leistungskriterien und sonstige Anforderungen für quantitative Analysemethoden**

2.4.2.1. *Richtigkeit von quantitativen Methoden*

Bij herhaalde analyses van een gecertificeerd referentiemateriaal voor elementen mag het experimenteel bepaalde gemiddelde gehalte niet meer dan $\pm 10\%$ van de gecertificeerde waarde afwijken. Zijn geen gecertificeerde referentiematerialen beschikbaar, dan mag de juistheid van de metingen worden beoordeeld aan de hand van de terugvinding van toevoegingen van bekende hoeveelheden van het element aan de onbekende monsters. Er wordt op gewezen dat het toegevoegde element niet chemisch in de echte matrix gebonden is, wat met de analyt wel het geval is; daarom zijn de op deze manier verkregen resultaten minder valide dan met behulp van gecertificeerde referentiematerialen verkregen resultaten. Terugvindingsgegevens zijn alleen aanvaardbaar als zij binnen $\pm 10\%$ van de doelwaarde liggen.

2.4.2.2. *Präzision von quantitativen Methoden*

Bei wiederholter Analyse einer Probe unter laborinternen Reproduzierbarkeitsbedingungen darf der laborinterne Variationskoeffizient (CV) des Mittelwerts die folgenden Werte nicht überschreiten:

Tabelle 8

CVs für quantitative Methoden bei einer Reihe von Elementmassenanteilen

Massafraction	VC (%)
$\geq 10 \mu\text{g/kg}$ bis $100 \mu\text{g/kg}$	20
$> 100 \mu\text{g/kg}$ bis $1\,000 \mu\text{g/kg}$	15
$\geq 1\,000 \mu\text{g/kg}$	10

2.4.3. **Spezifische Anforderungen für die differenzielle anodische Stripping-Pulsvoltammetrie (DPASV)**

Vor einer DPASV-Bestimmung ist eine vollständige Zerstörung von organischen Stoffen von größter Bedeutung. Im Voltammogramm dürfen keine breiten Signale wegen des Vorhandenseins von organischen Stoffen auftreten. Anorganische Matrixbestandteile können die Peakhöhen bei der DPASV beeinflussen. Deshalb muss die Quantifizierung mit der Methode der Standardaddition erfolgen. Beispiele von typischen Voltammogrammen einer Probenlösung müssen der Methode beigelegt werden.

▼ B**2.4.4. Spezifische Anforderungen für die Atomabsorptionsspektrometrie (AAS)**

Dieses Verfahren ist grundsätzlich ein Eielementverfahren und erfordert deshalb eine Optimierung der Analysenbedingungen in Abhängigkeit von dem zu quantifizierenden Element. Die Ergebnisse müssen nach Möglichkeit qualitativ und quantitativ anhand von alternativen Absorptionslinien kontrolliert werden (im Idealfall sollten zwei verschiedene Linien gewählt werden). Kalibrierstandards müssen in einer Lösungsmatrix hergestellt werden, die derjenigen der Probenmesslösung möglichst genau entspricht (z. B. in der Säurekonzentration oder der Zusammensetzung des Modifikators). Um Leerwerte auf ein Mindestmaß zu reduzieren, müssen alle Reagenzien von höchstmöglicher Reinheit sein. Je nach gewählter Methode der Verdampfung bzw. Atomisierung der Probe lassen sich verschiedene Arten der AAS unterscheiden.

2.4.4.1. Spezifische Anforderungen für die Flammen-AAS

Die empfohlenen Geräteeinstellungen müssen für jedes Element optimiert werden. Vor allem die Gaszusammensetzung und die Fließgeschwindigkeiten müssen überprüft werden. Ein Kontinuumstrahler-Korrektursystem muss verwendet werden, um Störungen durch die Hintergrundabsorption zu vermeiden. Bei unbekanntem Matrices muss überprüft werden, ob eine Hintergrundkorrektur erforderlich ist.

2.4.4.2. Spezifische Anforderungen für die Graphitrohrofen-AAS

Eine Verunreinigung im Labor beeinflusst häufig die Genauigkeit bei Analysen im Ultraspurenbereich im Graphitrohrofen. Deshalb sollten hochreine Reagenzien, deionisiertes Wasser und inerte Kunststoffgeräte zur Handhabung der Proben und Reagenzien verwendet werden. Die empfohlenen Geräteeinstellungen müssen für jedes Element optimiert werden. Vor allem die Vorbehandlungs- und Atomisierungsbedingungen (Temperatur, Zeit) und die Matrixmodifikation müssen überprüft werden.

Das Arbeiten unter isothermischen Atomisierungsbedingungen (z. B. im quergeheizten Graphitrohrofen mit integrierter Lvov-Plattform (8)) verringert den Einfluss der Matrix auf die Atomisierung des Analyten. In Verbindung mit der Matrixmodifikation und der Zeeman-Hintergrundkorrektur (9) ist eine Quantifizierung anhand einer Kalibrierkurve möglich, die auf der Messung von wässrigen Standardlösungen basiert.

2.4.5. Spezifische Anforderungen für die Atomabsorptionsspektrometrie mit Hydridherzeugung

Organische Verbindungen, die Elemente wie Arsen, Wismut, Germanium, Blei, Antimon, Selen, Zinn und Tellur enthalten, können sehr stabil sein und müssen oxidativ zerlegt werden, damit korrekte Ergebnisse für den Gesamtelementgehalt gewonnen werden. Deshalb wird ein Mikrowellenaufschluss oder eine Hochdruckveraschung unter starken oxidativen Bedingungen empfohlen. Dabei sollte äußerst sorgfältig auf die vollständige und reproduzierbare Umwandlung der Elemente in ihre entsprechenden Hydride geachtet werden.

Die Bildung von Arsenhydrid in Salzsäurelösung mit NaBH_4 hängt vom Oxidationszustand von Arsen ab (As III: schnelle Bildung, As V: längere Bildungszeit). Um eine Empfindlichkeitseinbuße bei der Bestimmung von As V mit der Fließinjektionstechnik aufgrund der kurzen Reaktionszeit in diesem System zu vermeiden, muss As V nach der oxidativen Zerlegung zu As III reduziert werden. Hierfür sind Kaliumiodid/Ascorbinsäure oder Cystein geeignet. Leerwert-, Kalibrier- und Probenlösungen müssen in der gleichen Weise behandelt werden. Der Einsatz eines Chargensystems ermöglicht die Bestimmung beider Arsenpezies, ohne dass die Genauigkeit beeinträchtigt wird. Aufgrund der verzögerten Bildung von As-V-Hydrid muss die Kalibrierung durch Peakflächenintegration erfolgen. Die empfohlenen Geräteeinstellungen müssen optimiert werden. Vor allem der Gasfluss, der das Hydrid in den Atomisator befördert, muss überprüft werden.

▼ B**2.4.6. Spezifische Anforderungen für die Kaltdampf-Atomabsorptionsspektrometrie**

Kaltdampf wird nur für die Bestimmung von Quecksilber verwendet. Aufgrund von Verflüchtigungs- und Adsorptionsverlusten von elementarem Quecksilber ist während der gesamten Analyse besondere Sorgfalt geboten. Eine Verunreinigung durch Reagenzien oder die Umgebung muss sorgfältig vermieden werden.

Organische Verbindungen, die Quecksilber enthalten, müssen oxidativ zerlegt werden, damit korrekte Ergebnisse für den Gesamtquecksilbergehalt erzielt werden. Zur Zerlegung werden geschlossene Systeme mit Mikrowellenaufschluss oder Hochdruckveraschung empfohlen. Besondere Sorgfalt ist bei der Reinigung der Geräte geboten, die mit Quecksilber in Kontakt kamen.

Der Einsatz der Fließinjektionstechnik ist von Vorteil. Bei niedrigeren Entscheidungsgrenzen empfiehlt sich eine Adsorption von elementarem Quecksilber an Gold-/Platinabsorber mit anschließender thermischer Desorption. Ein Kontakt des Adsorbers oder der Küvette mit Feuchtigkeit stört die Messung und muss deshalb vermieden werden.

2.4.7. Spezifische Anforderungen für die Atomemissionsspektrometrie mit induktiv gekoppeltem Plasma (ICP-AES)

Die Atomemissionsspektrometrie mit induktiv gekoppeltem Plasma (10) ist eine Multielementmethode zur gleichzeitigen Messung verschiedener Elemente. Für die ICP-AES müssen die Proben zunächst aufgeschlossen werden, um organische Matrices zu ersetzen. Hierfür müssen geschlossene Systeme mit Mikrowellenaufschluss oder Hochdruckveraschung verwendet werden. Für eine aussagefähige ICP-AES-Analyse spielen die Gerätekalibrierung und die Element- bzw. Wellenlängenwahl eine wesentliche Rolle. Bei der Gerätekalibrierung müssen im Fall von linearen Kalibrierkurven normalerweise Kalibrierlösungen mit nur vier Konzentrationen gemessen werden, weil ICP-AES-Kalibrierkurven im Allgemeinen über vier bis sechs Konzentrationsgrößenordnungen linear sind. Die Kalibrierung des ICP-AES-Systems sollte normalerweise mit einem Multielementstandard durchgeführt werden, der in einer Lösung hergestellt werden muss, welche die gleiche Säurekonzentration wie die Messlösung enthält. Für die lineare Kurve müssen die Elementkonzentrationen überprüft werden.

Die Wahl der Wellenlängen zur Messung der Emission der Analyte richtet sich nach den Konzentrationen der zu bestimmenden Analyte. Wenn die Analytkonzentration außerhalb des Arbeitsbereichs einer Emissionslinie liegt, muss eine andere Emissionslinie verwendet werden. Zunächst muss die empfindlichste Emissionslinie (nicht gestört) gewählt werden, dann eine weniger empfindliche Linie. Bei Analysen an oder nahe der Nachweisgrenze ist die empfindlichste Linie für den betreffenden Analyten normalerweise am besten geeignet. Spektrale Störungen und Hintergrundstörungen bereiten bei der ICP-AES die größten Schwierigkeiten. Mögliche Störungen sind z. B. die einfache Hintergrundverschiebung, die ansteigende Hintergrundverschiebung, die direkte spektrale Überlappung und die komplexe Hintergrundverschiebung. Für jede dieser Störungen gibt es bestimmte Ursachen und Abhilfemaßnahmen. Je nach den Matrices muss sowohl eine Korrektur der Störungen als auch eine Optimierung der Betriebsparameter vorgenommen werden. Einige Störungen lassen sich durch Verdünnung oder Anpassung der Matrices vermeiden. Mit jeder Serie von Untersuchungsproben müssen Referenzmaterialien und dotierte Materialien mit bekannten Analytmengen sowie Leerwertmaterial in der gleichen Weise wie die Untersuchungsproben analysiert werden. Zur Prüfung auf eine Drift muss der Standard z. B. nach 10 Proben überprüft werden. Alle Reagenzien sowie das Plasmagas müssen von höchstmöglicher Reinheit sein.

▼ B**2.4.8. Spezifische Anforderungen für die Massenspektrometrie mit induktiv gekoppeltem Plasma (ICP-MS) (11)**

Die Bestimmung von Spurenelementen mit durchschnittlicher Atommasse, wie zum Beispiel Chrom, Kupfer und Nickel, kann starken Störungen durch andere isobare und mehratomige Ionen unterliegen. Diese lassen sich nur vermeiden, wenn ein Auflösungsvermögen von mindestens 7 000—8 000. gegeben ist. Schwierigkeiten bei den MS-Verfahren sind die instrumentelle Drift, Matrixeffekte und Molekülionen-Störungen ($m/z < 80$). Zur Korrektur der instrumentellen Drift und der Matrixeffekte ist eine mehrfache interne Standardisierung erforderlich, die denselben Massenbereich wie die zu bestimmenden Elemente abdeckt.

Vor den ICP-MS-Messungen ist eine vollständige Zersetzung von organischen Stoffen in den Proben erforderlich. Wie bei der AAS müssen flüchtige Elemente wie z. B. Iod nach Aufschluss in geschlossenen Gefäßen in einen stabilen Oxidationszustand überführt werden. Sehr starke Störungen kommen durch Molekülion-Kombinationen von Argon (Plasmagas), Wasserstoff, Kohlenstoff, Stickstoff und Sauerstoff (Auflösungssäuren, Verunreinigungen des Plasmagases und mitgeschleppte Luftgase) und der Probenmatrix zustande. Zur Vermeidung von Störungen sind ein vollständiger Aufschluss, Hintergrundmessungen, eine entsprechende Wahl von analytischen Massen, die mitunter in geringerer Häufigkeit vorkommen (schlechtere Nachweisgrenze), und von Auflösungssäuren, beispielsweise Salpetersäure, erforderlich.

Für die zu bestimmenden Elemente sind Störungen durch entsprechende Wahl von spezifischen analytischen Massen einschließlich der Bestätigung von Isotopenverhältnissen auszuschließen. Das Geräteverhalten unter Berücksichtigung von Fano-Faktoren muss für jede Messung mit Hilfe von internen Standards überprüft werden.

3. VALIDIERUNG

Die Validierung muss nachweisen, dass die Analysemethode die für die einschlägigen Leistungsmerkmale gültigen Kriterien erfüllt.

Unterschiedliche Kontrollzwecke erfordern verschiedene Kategorien von Methoden. Aus der folgenden Tabelle geht hervor, welche Leistungsmerkmale für welchen Methodentyp verifiziert werden müssen.

Tabelle 9**Klassifikation von Analysemethoden nach den Leistungsmerkmalen, die bestimmt werden müssen**

		Nachweisgrenze $CC\beta$	Entscheidungsgrenze $CC\alpha$	Richtigkeit/Wiederfindung	Präzision	Selektivität/Spezifität	Anwendbarkeit/Robustheit/Stabilität
Qualitative Methoden	S	+	–	–	–	+	+
	C	+	+	–	–	+	+
Quantitative Methoden	S	+	–	–	+	+	+
	C	+	+	+	+	+	+

S = screeningmethoden; C = bevestigingsmethoden; + = bepaling is verplicht.

3.1. VALIDIERUNGSVERFAHREN

Dieses Kapitel enthält Beispiele für bzw. Verweise auf Validierungsverfahren für Analysemethoden. Andere Ansätze zum Nachweis, dass die Analysemethode die Leistungskriterien für Leistungsmerkmale erfüllt, können verwendet werden, sofern sie denselben Informationsgehalt liefern.

▼B

Die Validierung kann auch vorgenommen werden, indem eine Laborvergleichsuntersuchung gemäß Codex Alimentarius, ISO oder IUPAC (12) durchgeführt wird, oder mit alternativen Methoden, wie zum Beispiel laborinternen Validierungsstudien (13) (14). Dieses Kapitel konzentriert sich auf die laborinterne Validierung mit einem modularen Ansatz. Dieser Ansatz umfasst:

1. eine Reihe von allgemeinen Leistungsmerkmalen, die vom verwendeten Validierungsmodell unabhängig sind, und
2. spezifischere modellabhängige Verfahren (siehe Tabelle 10).

Tabelle 10
Modellunabhängige und modellabhängige Leistungsparameter

Validierung	
Modellunabhängige Leistungsparameter	Modellabhängige Leistungsparameter
Allgemeine Leistungsmerkmale (3.1.1)	Herkömmlicher Validierungsansatz (3.1.2) Laborinterner Validierungsansatz (3.1.3)
Spezifität	Wiederfindung Wiederfindung
Richtigkeit	Wiederholpräzision Wiederholpräzision
Robustheit: geringfügige Änderungen	Laborinterne Reproduzierbarkeit Laborinterne Reproduzierbarkeit
Stabilität	Reproduzierbarkeit Reproduzierbarkeit
	Entscheidungsgrenze ($CC\alpha$) Entscheidungsgrenze ($CC\alpha$)
	Nachweisvermögen ($CC\beta$) Nachweisvermögen ($CC\beta$)
	Kalibrierkurven Kalibrierkurve
	Robustheit: größere Änderungen Robustheit

3.1.1. Modellunabhängige Leistungsmerkmale

Unabhängig vom gewählten Validierungsansatz müssen die folgenden Leistungsmerkmale bestimmt werden. Um den Arbeitsaufwand auf ein Mindestmaß zu reduzieren, können die durchgeführten Untersuchungen sorgfältig durchdacht und statistisch fundiert kombiniert werden, um verschiedene Parameter zu bestimmen.

3.1.1.1. Spezifität

Für Analysemethoden ist das Unterscheidungsvermögen zwischen dem Analyten und eng verwandten Stoffen (Isomeren, Metaboliten, Abbauprodukten, endogenen Stoffen, Matrixbestandteilen usw.) wichtig. Zwei Ansätze sind zur Prüfung auf Störungen notwendig.

Deshalb müssen potenziell störende Substanzen ausgewählt und geeignete Leerwertproben analysiert werden, um das Vorhandensein möglicher Störungen nachzuweisen und die Auswirkung dieser Störungen abzuschätzen:

- eine Reihe von chemisch verwandten Verbindungen (Metabolite, Derivate usw.) oder andere Substanzen auswählen, die möglicherweise zusammen mit der interessierenden Verbindung, die in den Proben vorhanden sein kann, vorkommen;
- eine geeignete Anzahl an repräsentativen Leerwertproben ($n \geq 20$) analysieren und in dem interessierenden Bereich, in dem die Elution des Zielanalyten zu erwarten ist, auf Störungen (Signale, Peaks, Ionenspuren) untersuchen;

▼B

- zusätzlich müssen repräsentative Leerwertproben in einer entsprechenden Konzentration mit Substanzen, welche die Identifizierung bzw. die Quantifizierung stören könnten, dotiert werden;
- nach der Analyse ist zu untersuchen, ob:
 - das Vorhandensein zu einer falschen Identifizierung führen kann,
 - die Identifizierung des Zielanalyten durch das Vorhandensein von einer oder mehreren Störungen beeinträchtigt wird oder
 - die Quantifizierung nennenswert beeinflusst wird.

3.1.1.2. *Richtigkeit*

In diesem Abschnitt wird die Bestimmung der Richtigkeit (eine Komponente der Genauigkeit) beschrieben. Die Richtigkeit kann nur mit Hilfe eines zertifizierten Referenzmaterials (CRM) bestimmt werden. Ein CRM muss verwendet werden, wenn es zur Verfügung steht. Das Verfahren ist im Einzelnen in ISO 5725-4 beschrieben (5). Im Folgenden ist ein Beispiel aufgeführt:

- 6 Bestimmungen des CRM gemäß der Testvorschrift für die Methode analysieren;
- die Konzentration des Analyten in jeder der Bestimmungen ermitteln;
- den Mittelwert, die Standardabweichung und den Variationskoeffizienten (%) für diese Konzentrationen berechnen;
- die Richtigkeit berechnen, indem die gemessene mittlere Konzentration durch den zertifizierten Wert (gemessen als Konzentration) dividiert und mit 100 multipliziert und das Ergebnis als Prozentwert angegeben wird.

Richtigkeit (%) = mittlere wiederfindungskorrigierte gemessene Konzentration x 100/zertifizierter Wert.

Wenn kein CRM zur Verfügung steht, kann anstelle der Richtigkeit die Wiederfindung bestimmt werden, wie unter 4.1.2.1 weiter unten beschrieben.

3.1.1.3. *Anwendbarkeit/Robustheit (kleinere Änderungen)*

In solchen Studien werden gezielt geringfügige vertretbare Veränderungen durch das Labor vorgenommen und ihre Folgen beobachtet.

Vor den Untersuchungen müssen Faktoren der Probenvorbereitung, des Clean-up und der Analyse bestimmt werden, welche die Messergebnisse beeinflussen können. Solche Faktoren können der Analytiker, die Quelle und das Alter der Reagenzien, Lösungsmittel, Standards und Probenextrakte, die Heizrate, die Temperatur, der pH-Wert sowie viele weitere Faktoren sein, die im Labor vorkommen können. Diese Faktoren sollten in einer Größenordnung verändert werden, die den normalerweise zwischen Laboratorien feststellbaren Abweichungen entspricht.

- Mögliche Faktoren ermitteln, welche die Ergebnisse beeinflussen können;
- jeden Faktor leicht variieren;
- einen Robustheitstest nach der Methode von Youden durchführen (15) (16). (Hier können auch andere zulässige Methoden verwendet werden. Die Methode nach Youden beschränkt jedoch den erforderlichen Zeit- und Arbeitsaufwand auf ein Minimum.) Die Methode nach Youden ist ein gebrochenes Faktormodell. Wechselwirkungen zwischen den verschiedenen Faktoren können nicht festgestellt werden;

▼B

- Wanneer blijkt dat een factor de meetresultaten in significante mate beïnvloedt, moeten nadere tests gedaan worden om de aanvaardbaarheidsgrenzen van deze factor te bepalen.

- Factoren die de resultaten in significante mate beïnvloeden, moeten in het protocol van de methode duidelijk vermeld worden.

Grundsätzlich sollte aber nicht eine Veränderung nach der anderen untersucht werden, sondern es sollten mehrere Veränderungen gleichzeitig ins Spiel gebracht werden. So seien beispielsweise A, B, C, D, E, F, G die Nennwerte für sieben verschiedene Faktoren, welche die Ergebnisse beeinflussen könnten, wenn ihre Nennwerte leicht verändert werden. Ihre alternativen Werte seien die entsprechenden Kleinbuchstaben a, b, c, d, e, f und g. Dies ergibt $2(7)$ oder 128 verschiedene mögliche Kombinationen.

Es ist nun möglich, daraus acht Kombinationen auszuwählen, in denen Groß- und Kleinbuchstaben ausgewogen verteilt sind (Tabelle 11). Acht Bestimmungen müssen durchgeführt werden, die eine Kombination der gewählten Faktoren (A-G) verwenden. Die Ergebnisse der Bestimmungen sind in Tabelle 11 als S-Z angegeben.

Tabelle 11
Versuchsanordnung für Robustheitsstudien (geringfügige Änderungen)

Faktorwert F	Bestimmungen							
	1	2	3	4	5	6	7	8
A/a	A	A	A	A	a	a	a	a
B/b	b	B	b	b	B	B	b	b
C/c	C	c	C	c	C	c	c	c
D/d	D	D	d	d	d	d	D	D
E/e	E	e	E	e	e	E	e	E
F/f	F	f	f	F	F	f	f	F
G/g	G	g	g	G	g	G	G	g
Ergebnis R	S	T	U	V	W	X	Y	Z

Berechnungen siehe Beispiele für Robustheitstests in Abschnitt 3.3.

3.1.1.4. Stabilität

Es ist beobachtet worden, dass eine unzureichende Stabilität des Analyten oder von Matrixbestandteilen in der Probe während der Lagerung oder Analyse zu erheblichen Abweichungen im Analysenergebnis führen kann. Des Weiteren sollte die Stabilität des Kalibrierstandards in Lösung überprüft werden. Normalerweise ist die Analytstabilität unter verschiedenen Lagerungsbedingungen gut charakterisiert. Die Überwachung der Lagerungsbedingungen ist Bestandteil des normalen Laborakkreditierungssystems. Wenn die Stabilität nicht bekannt ist, kann sie entsprechend den folgenden Beispielen bestimmt werden.

▼ B

Stabilität des Analyten in Lösung

- Frische Stammlösungen des (der) Analyte(n) herstellen und gemäß den Angaben in der Testvorschrift verdünnen, um genügend Aliquots (z. B. 40) jeder gewählten Konzentration (im Bereich der geforderten Mindestleistungsgrenze bei Stoffen, für die kein zulässiger Grenzwert festgelegt worden ist, oder im Bereich des zulässigen Grenzwerts bei anderen Stoffen) zu erhalten. Sowohl Lösungen des für die Dotierung und in der endgültigen Analyselösung verwendeten Analyten als auch sonstige interessierende Lösungen (z. B. derivatisierte Standards) herstellen;
- den Analytgehalt in der frisch hergestellten Lösung gemäß der Testvorschrift messen;
- entsprechende Volumina in geeignete Behältnisse pipettieren, etikettieren und nach folgendem Schema lagern:

Tabelle 12

Lagerungsschema für die Bestimmung der Analytstabilität in Lösung

	-20 °C	+4 °C	+20 °C
Dunkel	10 Aliquots	10 Aliquots	10 Aliquots
Hell			10 Aliquots

- Als Lagerungszeiten können 1, 2, 3 und 4 Wochen gewählt werden oder länger, falls erforderlich, z. B. bis die ersten Zerfallserscheinungen bei der Identifizierung bzw. Quantifizierung zu beobachten sind. Die maximale Lagerungszeit und die optimalen Lagerungsbedingungen müssen dokumentiert werden.
- Die Konzentration des (der) Analyte(n) in jedem Aliquot sollte berechnet werden, indem die zum Zeitpunkt der Analyse frisch hergestellte Lösung des Analyten als 100 % angenommen wird.

$$\text{Resterende analysand(\%)} = C_i \times 100 / C_{\text{frisch}}$$

C_i = Konzentration zum Zeitpunkt

C_{frisch} = Konzentration der frischen Lösung

Stabilität des Analyten in Matrix

- Nach Möglichkeit sollten eingesandte Proben verwendet werden. Wenn kein eingesandtes Material verfügbar ist, sollte mit dem Analyten dotierte Matrix verwendet werden.
- Wenn eingesandtes Material zur Verfügung steht, sollte die Konzentration in diesem Material bestimmt werden, solange das Material noch frisch ist. Die Konzentration in weiteren Aliquots des Materials könnte nach 1, 2, 4 und 20 Wochen bestimmt werden. Das Gewebe sollte bei mindestens minus 20 °C gelagert werden, falls erforderlich, auch bei niedrigeren Temperaturen.
- Wenn kein eingesandtes Material verfügbar ist, sollte etwas Leerwertmaterial homogenisiert werden. Das Material in 5 Aliquots aufteilen. Jedes Aliquot mit dem Analyten dotieren, der vorzugsweise in einer geringen Menge wässriger Lösung zubereitet werden sollte. Ein Aliquot sofort analysieren. Die restlichen Aliquots bei mindestens minus 20 °C oder, falls erforderlich, auch bei niedrigeren Temperaturen lagern und nach 1, 2, 4 und 20 Wochen analysieren.

▼B3.1.1.5. *Kalibrierkurven*

Wenn Kalibrierkurven zur Quantifizierung verwendet werden, gilt Folgendes:

- Mindestens fünf Konzentrationsstufen (einschließlich null) sollten zur Erstellung der Kurve verwendet werden.
- Der Messbereich der Kurve sollte beschrieben werden.
- Die mathematische Formel der Kurve und die Anpassungsgüte der Daten an die Kurve sollten beschrieben werden.
- Akzeptanzbereiche für die Parameter der Kurve sollten beschrieben werden.

Wenn eine serielle Kalibrierung auf der Basis einer Standardlösung erforderlich ist, müssen zulässige Bereiche für die Parameter der Kalibrierkurve, die von Serie zu Serie schwanken können, angegeben werden.

3.1.2. **Herkömmliche Validierungsverfahren**

Für die Berechnung der Parameter gemäß den herkömmlichen Methoden müssen mehrere Einzeluntersuchungen durchgeführt werden. Jedes Leistungsmerkmal muss für jede größere Änderung bestimmt werden (siehe unter Anwendbarkeit/Robustheit weiter oben). Bei Multianalytmethoden können mehrere Analyte gleichzeitig analysiert werden, sofern mögliche relevante Störungen zuvor ausgeschlossen werden. Mehrere Leistungsmerkmale können auf ähnliche Weise bestimmt werden. So empfiehlt es sich, zur Reduzierung des Aufwands die Untersuchungen soweit wie möglich zu kombinieren (z. B. Wiederholpräzision und laborinterne Reproduzierbarkeit mit der Spezifität, die Analyse von Leerwertproben zur Bestimmung der Entscheidungsgrenze und die Prüfung auf Spezifität).

3.1.2.1. *Wiederfindung*

Wenn kein zertifiziertes Referenzmaterial (CRM) zur Verfügung steht, muss die Wiederfindung durch Untersuchungen mit dotierter Leerwertmatrix bestimmt werden, z. B. nach folgendem Plan:

- 18 Aliquots eines Leerwertmaterials nehmen und je 6 Aliquots auf das 1-, 1,5- und 2fache der geforderten Mindestleistungsgrenze oder das 0,5-, 1- und 1,5fache des zulässigen Grenzwerts dotieren;
- die Proben analysieren und die Konzentration in jeder Probe berechnen;
- mit der unten angegebenen Gleichung die Wiederfindung für jede Probe berechnen;
- die mittlere Wiederfindung und den Variationskoeffizienten (CV) aus den 6 Ergebnissen jeder Konzentration berechnen;
- $\% \text{ Wiederfindung} = 100 \times \text{gemessener Gehalt/Dotierung}$.

Diese herkömmliche Methode der Bestimmung der Wiederfindung ist eine Variante der im Abschnitt 3.5 beschriebenen Standardadditionsmethode, wenn

▼ B

- die Probe als Leerwertprobe und nicht als zu analysierende Probe betrachtet wird,
- angenommen wird, dass Ausbeute ⁽¹⁾ und Wiederfindung ⁽²⁾ für die beiden Analysenproben vergleichbar sind,
- die Untersuchungsproben die gleichen Massen haben und die Analysenprobe die gleichen Volumina extrahiert,
- die Menge des Kalibrierstandards, der zur zweiten (dotierten) Analysenprobe gegeben wird, x_{ADD} . ($x_{\text{ADD}} = \rho_A \cdot V_A$);
- x_1 der gemessene Wert für die Leerwertprobe und x_2 der gemessene Wert für die zweite (dotierte) Analysenprobe ist,
- dann gilt: % Wiederfindung = $100 (x_2 - x_1) / x_{\text{ADD}}$.

Wenn eine der oben genannten Bedingungen nicht (oder vermutlich nicht) herzustellen ist, muss das im Abschnitt 3.5 beschriebene vollständige Verfahren zur Bestimmung der Wiederfindung mit der Methode der Standardaddition durchgeführt werden.

3.1.2.2. *Wiederholpräzision*

- Einen Satz von Proben mit identischer Matrix, dotiert mit dem Analyten zu Konzentrationen entsprechend dem 1-, 1,5- und 2fachen der geforderten Mindestleistungsgrenze oder dem 0,5-, 1- und 1,5fachen des zulässigen Grenzwerts, herstellen.
- In jeder Konzentration sollte die Analyse mit mindestens sechs Bestimmungen durchgeführt werden.
- Die Proben analysieren.
- Die in jeder Probe gefundene Konzentration berechnen.
- Die mittlere Konzentration, die Standardabweichung und den Variationskoeffizienten (%) der dotierten Proben ermitteln.
- Diese Schritte mindestens zwei weitere Male wiederholen.
- Die mittleren Konzentrationen und CVs der dotierten Proben insgesamt berechnen.

3.1.2.3. *Laborinterne Reproduzierbarkeit*

- Einen Satz von Proben mit spezifiziertem Prüfmaterial (identische oder verschiedene Matrices), dotiert mit dem(den) Analyten zu Konzentrationen entsprechend dem 1-, 1,5- und 2fachen der geforderten Mindestleistungsgrenze oder dem 0,5-, 1- und 1,5fachen des zulässigen Grenzwerts, herstellen.
- In jeder Konzentration sollte die Analyse mit mindestens sechs Bestimmungen durchgeführt werden.
- Diese Schritte mindestens zwei weitere Male möglichst mit anderen Analytikern und anderen Umgebungsbedingungen, beispielsweise anderen Chargen von Reagenzien, Lösungsmitteln usw., anderen Raumtemperaturen, anderen Geräten usw., wiederholen.
- Die Proben analysieren.
- Die in jeder Probe gefundene Konzentration berechnen.
- Die mittlere Konzentration, die Standardabweichung und den Variationskoeffizienten (%) der dotierten Proben berechnen.

3.1.2.4. *Reproduzierbarkeit*

Wenn die Reproduzierbarkeit verifiziert werden muss, sollten die Laboratorien an Methodenvergleichsstudien gemäß ISO 5725-2 teilnehmen (5).

3.1.2.5. *Entscheidungsgrenze (CCa)*

Die Entscheidungsgrenze muss gemäß den Anforderungen für die Identifizierung oder die Identifizierung plus Quantifizierung, die unter «Leistungskriterien und sonstige Anforderungen für Analysemethoden» (Teil 2) definiert sind, festgelegt werden.

Im Fall von Stoffen, für die kein zulässiger Grenzwert festgelegt worden ist, kann die Entscheidungsgrenze CCa wie folgt bestimmt werden:

⁽¹⁾ Ausbeute: der Massenanteil des in der Probe enthaltenen Analyten, der im Endextrakt vorhanden ist.

⁽²⁾ Wiederfindung (hier): der Massenanteil des der Probe zugesetzten Analyten, der im Endextrakt vorhanden ist. Im weiteren Verlauf des Dokuments wird vorausgesetzt, dass Ausbeute und Wiederfindung gleich sind, weshalb nur der Begriff «Wiederfindung» verwendet wird.

▼ B

- Entweder durch das Verfahren der Kalibrierkurve gemäß ISO 11843 (17) (hier als kritischer Wert der Nettokonzentration des Analyten bezeichnet). In diesem Fall muss Leerwertmaterial verwendet werden, das in gleichmäßigen Schritten in der Konzentration der geforderten Mindestleistungsgrenze und höheren Konzentrationen dotiert ist. Die Proben analysieren. Nach der Identifizierung das Signal gegen die zugesetzte Konzentration auftragen. Die entsprechende Konzentration am y-Abschnitt plus das 2,33fache der Standardabweichung der laborinternen Reproduzierbarkeit des Achsenabschnitts ist gleich der Entscheidungsgrenze. Dieses Verfahren ist nur auf quantitative Bestimmungen anwendbar ($\alpha = 1 \%$);
- Oder durch Analysieren von mindestens 20 Leerwertproben pro Matrix, um das Signal-Rausch-Verhältnis im Zeitfenster, in dem der Analyt zu erwarten ist, zu berechnen. Das Dreifache des Signal-Rausch-Verhältnisses kann als Entscheidungsgrenze verwendet werden. Dieses Verfahren ist auf quantitative und qualitative Bestimmungen anwendbar.

Im Fall von Stoffen mit einem festgelegten zulässigen Grenzwert kann die Entscheidungsgrenze $CC\alpha$ wie folgt bestimmt werden:

- Entweder durch das Verfahren der Kalibrierkurve gemäß ISO 11843 (17) (hier als kritischer Wert der Nettokonzentration des Analyten bezeichnet). In diesem Fall muss Leerwertmaterial verwendet werden, das in gleichmäßigen Schritten in Konzentrationen um den zulässigen Grenzwert dotiert ist. Die Proben analysieren. Nach der Identifizierung das Signal gegen die zugesetzte Konzentration auftragen. Die entsprechende Konzentration am zulässigen Grenzwert plus das 1,64fache der Standardabweichung der laborinternen Reproduzierbarkeit ist gleich der Entscheidungsgrenze ($\alpha = 5 \%$);
- oder durch Analysieren von mindestens 20 Leerwertproben pro Matrix, dotiert mit dem(den) Analyten in der Konzentration des zulässigen Grenzwerts. Die Konzentration am zulässigen Grenzwert plus das 1,64fache der entsprechenden Standardabweichung ist gleich der Entscheidungsgrenze ($\alpha = 5 \%$).

Siehe auch Artikel 5 und Abschnitt 3.2.

3.1.2.6. *Nachweisvermögen ($CC\beta$)*

Das Nachweisvermögen sollte gemäß den festgelegten Anforderungen für das Screening, die Identifizierung oder die Identifizierung plus Quantifizierung (siehe Teil 2) bestimmt werden.

Im Fall von Stoffen, für die kein zulässiger Grenzwert festgelegt worden ist, kann das Nachweisvermögen $CC\beta$ wie folgt bestimmt werden:

- Durch das Verfahren der Kalibrierkurve gemäß ISO 11843 (17) (hier als kleinster nachweisbarer Wert der Nettokonzentration des Analyten bezeichnet). In diesem Fall muss Leerwertmaterial verwendet werden, das in gleichmäßigen Schritten in der Konzentration der geforderten Mindestleistungsgrenze und niedrigeren Konzentrationen dotiert ist. Die Proben analysieren. Nach der Identifizierung das Signal gegen die zugesetzte Konzentration auftragen. Die entsprechende Konzentration an der Entscheidungsgrenze plus das 1,64fache der Standardabweichung der laborinternen Reproduzierbarkeit des mittleren gemessenen Gehalts an der Entscheidungsgrenze ist gleich dem Nachweisvermögen ($\beta = 5 \%$);
- Durch Analysieren von mindestens 20 Leerwertproben pro Matrix, dotiert mit dem(den) Analyten in der Konzentration der Entscheidungsgrenze. Die Proben analysieren und die Analyte identifizieren. Der Wert der Entscheidungsgrenze plus das 1,64fache der Standardabweichung der laborinternen Reproduzierbarkeit des gemessenen Gehalts ist gleich dem Nachweisvermögen ($\beta = 5 \%$);
- Wenn keine quantitativen Ergebnisse vorliegen, kann das Nachweisvermögen durch Analysieren von Leerwertmaterial bestimmt werden, das in der Konzentration der Entscheidungsgrenze und höheren Konzentrationen dotiert ist. In diesem Fall ist die Konzentration, bei der nur $\leq 5 \%$ falsch negative Ergebnisse verbleiben, gleich dem Nachweisvermögen der Methode. Deshalb müssen mindestens 20 Analysen für mindestens eine Konzentrationsstufe durchgeführt werden, um eine zuverlässige Basis für diese Bestimmung sicherzustellen.

▼B

Im Fall von Stoffen, für die ein zulässiger Grenzwert festgelegt worden ist, kann das Nachweisvermögen $CC\beta$ wie folgt bestimmt werden:

- Entweder durch das Verfahren der Kalibrierkurve gemäß ISO 11843 (17) (hier als kleinster nachweisbarer Wert der Nettokonzentration des Analyten bezeichnet). In diesem Fall muss repräsentatives Leerwertmaterial verwendet werden, das in gleichmäßigen Schritten in Konzentrationen um den zulässigen Grenzwert dotiert ist. Die Proben analysieren und den (die) Analyte(n) identifizieren. Die Standardabweichung des mittleren gemessenen Gehalts an der Entscheidungsgrenze berechnen. Die entsprechende Konzentration am Wert der Entscheidungsgrenze plus das 1,64fache der Standardabweichung der laborinternen Reproduzierbarkeit ist gleich dem Nachweisvermögen ($\beta = 5\%$);
- Oder durch Analysieren von mindestens 20 Leerwertproben pro Matrix, dotiert mit dem (den) Analyten in der Konzentration der Entscheidungsgrenze. Der Wert der Entscheidungsgrenze plus das 1,64fache der entsprechenden Standardabweichung ist gleich dem Nachweisvermögen ($\beta = 5\%$).

Siehe auch Abschnitt 3.2.

3.1.2.7. *Robustheit (größere Änderungen)*

Die Analysenmethode sollte unter unterschiedlichen Versuchsbedingungen, unter anderem zum Beispiel verschiedene Spezies, verschiedene Matrices oder verschiedene Probennahmebedingungen, geprüft werden. Die vorgenommenen Änderungen sollten wesentlich sein. Die Bedeutung dieser Änderungen kann beispielsweise mit der Methode von Youden beurteilt werden (15) (16). Jedes Leistungsmerkmal sollte für alle größeren Änderungen bestimmt werden, die nachweislich einen wesentlichen Einfluss auf die Leistungsfähigkeit des Tests haben.

3.1.3. **Validierung nach alternativen Modellen**

Wenn alternative Validierungsverfahren praktiziert werden, müssen das zugrunde liegende Modell und die Validierungsstrategie sowie die jeweiligen Voraussetzungen, Annahmen und Formeln im Validierungsplan dargelegt oder zumindest muss auf die entsprechenden Quellen verwiesen werden. Im Folgenden wird ein Beispiel für einen alternativen Validierungsansatz gegeben. Wenn z. B. das Modell der laborinternen Validierung angewandt wird, werden die Leistungsmerkmale so bestimmt, dass im Rahmen desselben Validierungsverfahrens eine Validierung für größere Änderungen möglich ist. Hierzu muss ein Versuchsplan für die Validierung erstellt werden.

3.1.3.1. *Versuchsplan*

Ein Versuchsplan muss erstellt werden, der die Anzahl der verschiedenen Tierarten und der verschiedenen untersuchten Faktoren berücksichtigt. Deshalb muss im ersten Schritt des Validierungsverfahrens geprüft werden, welche Probenpopulationen künftig im Laboratorium analysiert werden, um die wichtigsten Tierarten und jene Faktoren auswählen zu können, welche die Messergebnisse beeinflussen können. Anschließend muss der Konzentrationsbereich zweckbezogen entsprechend dem interessierenden Wert gewählt werden.

Beispiel:

- Mehrere Analyte können gleichzeitig mit der zu validierenden Analyseverfahren untersucht werden.
- Zwei Varianten des Leitfaktors sind ermittelt worden (A und B). Leitfaktoren bilden die Grundlage, auf der die Faktorausprägungen kombiniert werden. Diese Leitfaktoren können Faktoren wie Tierarten oder die Matrix sein. Im vorliegenden Beispiel wurde der Leitfaktor in zwei Ausprägungen variiert, d. h. zwei verschiedene Tierarten (A und B) wurden untersucht. Im Allgemeinen ist es möglich, die Leitfaktoren in mehr als zwei Ausprägungen zu variieren, so dass sich nur die Anzahl der durchzuführenden Analysen erhöht.
- Die gewählten Faktoren sind in zwei Ausprägungen zu variieren (die als + oder - angegeben werden).

▼B**Tabelle 13****Beispiele für Faktoren, die für ein Validierungsverfahren als wichtig erachtet werden**

Geschlecht des Tieres	(Faktor 1)
Rasse	(Faktor 2)
Transportbedingungen	(Faktor 3)
Lagerungsbedingungen	(Faktor 4)
Frische der Probe	(Faktor 5)
Mastbedingungen	(Faktor 6)
Verschiedene Analytiker mit unterschiedlicher Erfahrung	(Faktor 7)

Tabelle 14**Möglicher Versuchsplan für das oben genannte Beispiel**

Tierart	Faktor 1	Faktor 2	Faktor 3	Faktor 4	Faktor 5	Faktor 6	Faktor 7	Probe Nr.
A	+	+	+	+	-	+	-	1
A	+	+	-	-	+	-	-	2
A	+	-	+	-	-	-	+	3
A	+	-	-	+	+	+	+	4
A	-	+	+	-	+	+	+	5
A	-	+	-	+	-	-	+	6
A	-	-	+	+	+	-	-	7
A	-	-	-	-	-	+	-	8
B	+	+	+	+	+	-	+	9
B	+	+	-	-	-	+	+	10
B	+	-	+	-	+	+	-	11
B	+	-	-	+	-	-	-	12
B	-	+	+	-	-	-	-	13
B	-	+	-	+	+	+	-	14
B	-	-	+	+	-	+	+	15
B	-	-	-	-	+	-	+	16

Da jede Probe (jede Kombination von Faktorausprägungen) mit 4 verschiedenen Konzentrationen im Bereich des interessierenden Werts dotiert und eine Leerwertprobe für jede Kombination analysiert werden muss, sind $5 \times 16 = 80$ Analysen für die gesamte Validierungsstudie durchzuführen.

Aus diesen 80 Messergebnissen können folgende Leistungsmerkmale berechnet werden (13) (14).

Wiederfindung

- Wiederholpräzision pro Konzentrationsstufe (s_r),
- laborinterne Reproduzierbarkeit pro Konzentrationsstufe (s_{lr}),
- Entscheidungsgrenze ($CC\alpha$),
- Nachweisvermögen ($CC\beta$),
- Gütekurve (β -Fehlerrate versus Konzentration, siehe Abschnitt 3.1.3.2),

▼ B

- Robustheit gegenüber größeren Änderungen (die Robustheit gegenüber geringfügigen Änderungen kann gemäß Abschnitt 3.1.1.3 bestimmt werden),
- 16 probenbezogene Kalibrierkurven,
- 1 Gesamtkalibrierkurve,
- Vorhersageintervall der Gesamtkalibrierkurve,
- matrixinduzierte Abweichungen (smat),
- lafinduzierte Abweichungen (srn),
- Auswirkung der einzelnen Faktoren auf die Messergebnisse.

Diese Leistungsmerkmale erlauben die umfassende Bewertung des Leistungsgrads der Methode, da nicht nur der Einfluss der einzelnen Faktoren untersucht wird, sondern auch derjenige der einschlägigen Kombinationen dieser Faktoren. Mit Hilfe dieses Versuchsdesigns kann festgestellt werden, ob irgendeiner der gewählten Faktoren aus der Gesamtkalibrierkurve ausgeschlossen werden muss, weil er wesentlich von den Standardabweichungen der anderen Faktoren abweicht.

3.1.3.2. Gütekurve

Die Gütekurve gibt Aufschluss über das Nachweisvermögen der Methode innerhalb des gewählten Konzentrationsbereichs. Sie bezieht sich auf die β -Fehlerwahrscheinlichkeit beim Einsatz der untersuchten Methode. Die Gütekurve erlaubt die Berechnung des Nachweisvermögens für die jeweiligen Kategorien (Screening, Bestätigung) oder Arten (qualitativ oder quantitativ) von Methoden für einen bestimmten β -Fehler (z. B. 5 %).

Abbildung 1
Gütekurve

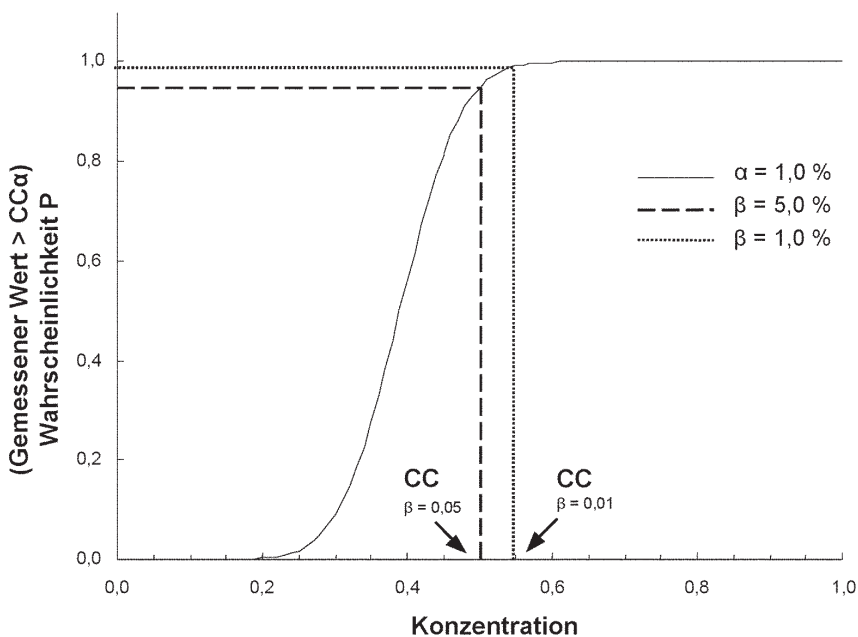


Abbildung 1 zeigt ein Beispiel für die grafische Darstellung des Nachweisvermögens ($CC\beta$) einer Analysemethode. Für die betreffende Methode besteht bei einer Konzentration von $0,50 \mu\text{g}/\text{kg}$ eine Restwahrscheinlichkeit von 5 %, dass eine falsche Entscheidung getroffen wird. Bei einer Konzentration von $0,55 \mu\text{g}/\text{kg}$ nimmt die Wahrscheinlichkeit einer falsch negativen Entscheidung auf 1 % ab.

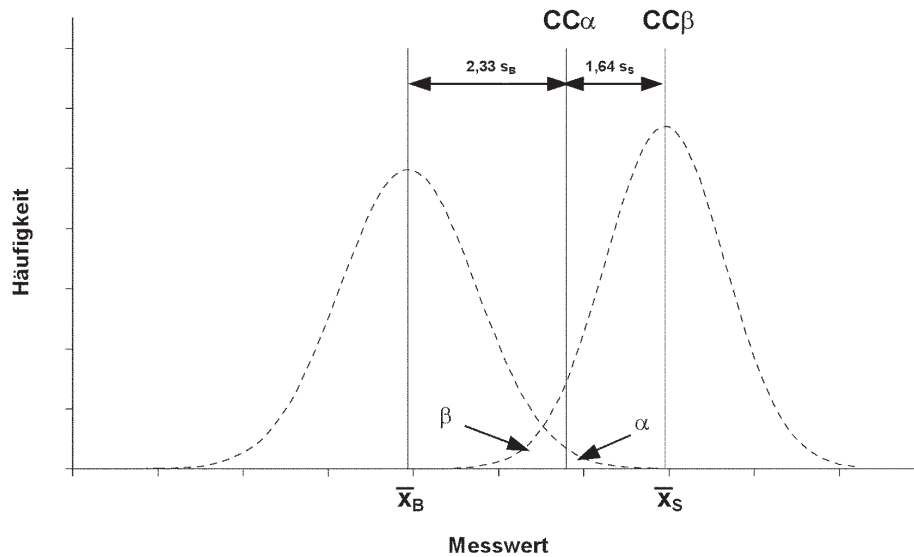
▼ B3.1.3.3. *Reproduzierbarkeit*

Die Bestimmung der Reproduzierbarkeit einer Methode nach dem Konzept der laborinternen Validierung erfordert die wiederholte Teilnahme an Laboreignungsprüfungen gemäß ISO-Leitfaden 43-1 (3) und 43-2 (4). Die Laboratorien können ihre Methoden selbst wählen, sofern diese Methoden unter Routinebedingungen eingesetzt werden. Die Standardabweichung des Laboratoriums kann zur Bewertung der Reproduzierbarkeit der Methode herangezogen werden.

3.2. GRAFISCHE DARSTELLUNG DER VERSCHIEDENEN ANALYTISCHEN GRENZEN

Abbildung 2

Stoffe, für die kein zulässiger Grenzwert festgelegt worden ist

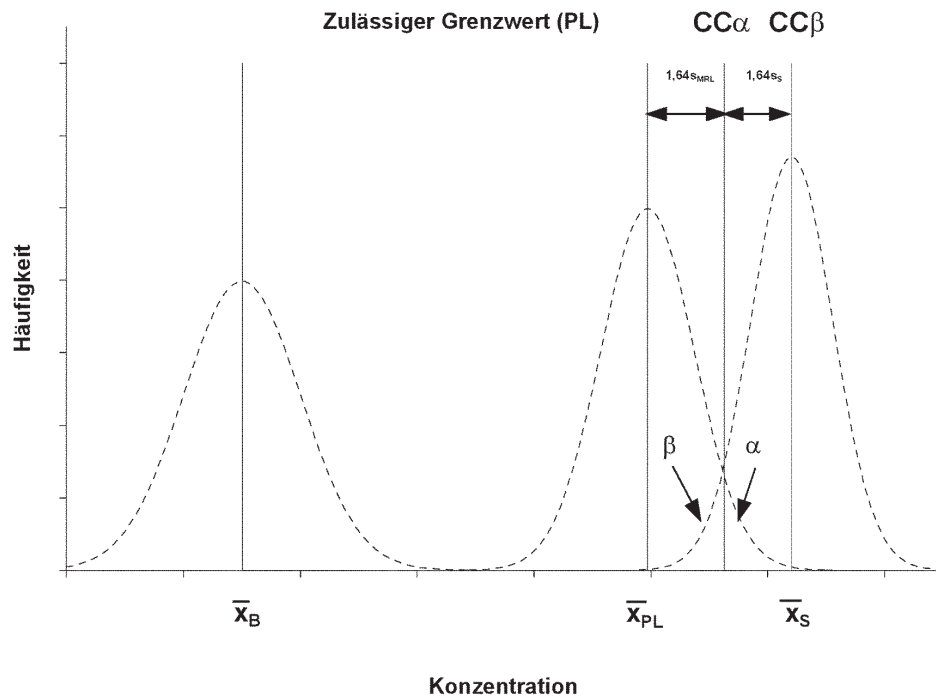


\bar{x}_S	mittlerer Messwert der verunreinigten Probe
s_B	Standardabweichung der Leerwertprobe (bestimmt unter laborinternen Reproduzierbarkeitsbedingungen)
s_S	Standardabweichung der verunreinigten Probe (bestimmt unter laborinternen Reproduzierbarkeitsbedingungen)
α	Rate falsch positiver Ergebnisse
β	Rate falsch negativer Ergebnisse
CC_α	Messwert mit einem gegebenen α -Fehler und 50%- β -Fehler
CC_β	Messwert mit einem sehr kleinen α -Fehler und einem gegebenen β -Fehler



Abbildung 3

Stoffe mit einem festgelegten zulässigen Grenzwert



\bar{x}_B	mittlere „Konzentration“ der Leerwertprobe
$\bar{x}_{ZUL. GRENZWERT}$	ittlere Konzentration der Probe, die den Analyten in der Konzentration des zulässigen Grenzwerts enthält
\bar{x}_S	mittlere Konzentration der verunreinigten Probe
$S_{ZUL. GRENZWERT}$	Standardabweichung der Probe, die den Analyten in der Konzentration des zulässigen Grenzwerts enthält (bestimmt unter laborinternen Reproduzierbarkeitsbedingungen)
s_S	Standardabweichung der verunreinigten Probe (bestimmt unter laborinternen Reproduzierbarkeitsbedingungen)
α	Rate falsch positiver Ergebnisse
β	Rate falsch negativer Ergebnisse
$CC\alpha$	Messwert mit einem gegebenen α -Fehler und 50% β -Fehler
$CC\beta$	Messwert mit einem sehr kleinen α -Fehler und einem gegebenen β -Fehler

▼ B

3.3. BERECHNUNGSBEISPIEL FÜR EINEN ROBUSTHEITSTEST GEGENÜBER GERINGFÜGIGEN ÄNDERUNGEN NACH DEM ANSATZ VON YOUNDEN (16)

Vergleich der Mittelwerte (A)

$$A_A = \Sigma(A_i)/4$$

$$A_B = \Sigma(B_i)/4$$

$$A_C = \Sigma(C_i)/4$$

$$A_D = \Sigma(D_i)/4$$

$$A_E = \Sigma(E_i)/4$$

$$A_F = \Sigma(F_i)/4$$

$$A_G = \Sigma(G_i)/4$$

$$A_a = \Sigma(a_i)/4$$

$$A_b = \Sigma(b_i)/4$$

$$A_c = \Sigma(c_i)/4$$

$$A_d = \Sigma(d_i)/4$$

$$A_e = \Sigma(e_i)/4$$

$$A_f = \Sigma(f_i)/4$$

$$A_g = \Sigma(g_i)/4$$

Die Mittelwerte der Großbuchstaben (A_A bis A_G) mit den Mittelwerten ihrer entsprechenden Kleinbuchstaben (A_a bis A_g) vergleichen. Wenn ein Faktor eine Auswirkung hat, ist der Unterschied wesentlich größer als die Unterschiede der anderen Faktoren.

Eine robuste Methode sollte nicht durch Veränderungen beeinflusst werden, die fast sicher zwischen Laboratorien zu beobachten sind.

Wenn kein auffallender Unterschied besteht, ist das reellste Maß des Zufallsfehlers durch die sieben Unterschiede angegeben.

Unterschiede (D_i)Unterschiedsquadrate (D_i^2)

$$D_a = A - a = \Sigma(A_i) - \Sigma(a_i)$$

$$D_a^2 = \text{Wert a}$$

$$D_b = B - b = \Sigma(B_i) - \Sigma(b_i)$$

$$D_b^2 = \text{Wert b}$$

$$D_c = C - c = \Sigma(C_i) - \Sigma(c_i)$$

$$D_c^2 = \text{Wert c}$$

$$D_d = D - d = \Sigma(D_i) - \Sigma(d_i)$$

$$D_d^2 = \text{Wert d}$$

$$D_e = E - e = \Sigma(E_i) - \Sigma(e_i)$$

$$D_e^2 = \text{Wert e}$$

$$D_f = F - f = \Sigma(F_i) - \Sigma(f_i)$$

$$D_f^2 = \text{Wert f}$$

$$D_g = G - g = \Sigma(G_i) - \Sigma(g_i)$$

$$D_g^2 = \text{Wert g}$$

Standardabweichung der Unterschiede D_i (S_{D_i}):

$$S_{D_i} = \sqrt{2 * \Sigma(D_i^2) / 7}$$

Wenn S_{D_i} wesentlich größer als die Standardabweichung der unter laborinternen Reproduzierbarkeitsbedingungen durchgeführten Methode (siehe oben) ist, so steht von vornherein fest, dass alle Faktoren zusammen eine Auswirkung auf das Ergebnis haben, auch wenn jeder einzelne Faktor keinen wesentlichen Einfluss zeigt, und dass die Methode somit nicht robust genug gegenüber den gewählten Veränderungen ist.

3.4. BERECHNUNGSBEISPIELE FÜR DAS LABORINTERNE VALIDIERUNGSVERFAHREN

Beispiele und Berechnungen für das laborinterne Validierungsmodell, das im Abschnitt 3.1.3, Validierung nach alternativen Modellen, beschrieben ist (13) (14).

▼ B

3.5. BEISPIELE FÜR DIE STANDARDADDITIONSMETHODE

Eine Untersuchungsprobe mit einem Gehalt T des Analyten wird in zwei Analysenproben 1 und 2 mit den Massen m_1 und m_2 geteilt. Die Analysenprobe 2 wird mit einem Volumen V_A einer Lösung der Konzentration ρ_A des Analyten dotiert. Zwei Extrakte der Analysenproben mit den Volumina V_1 und V_2 werden nach den Extraktions- und Aufreinigungsschritten der Methode gewonnen. Die Wiederfindung des Analyten soll rc sein. Beide Extrakte werden mit einer Messmethode mit der Empfindlichkeit b gemessen und liefern ein Analyseergebnis von x_1 , bzw. x_2 .

Angenommen rc und b sind gleich für den Analyten in der nativen Probe und in der dotierten Probe, dann lässt sich der Gehalt T wie folgt berechnen:

$$T = x_1 \cdot V_1 \cdot \rho_A \cdot V_A / (x_2 \cdot V_2 \cdot m_1 - x_1 \cdot V_1 \cdot m_2)$$

Die Methode erlaubt die Bestimmung der Wiederfindung rc . Dabei wird, zusätzlich zum oben beschriebenen Test, ein Teil des Extrakts der Analysenprobe 1 (Volumen V_3) mit einer bekannten Menge $\rho_B \cdot V_B$ des Analyten dotiert und analysiert. Das Analyseergebnis ist x_3 und die Wiederfindung ist:

$$rc = x_2 \cdot V_1 \cdot V_2 \cdot \rho_B \cdot V_B / [x_3 \cdot V_1 \cdot V_3 (T \cdot m_2 + \rho_A \cdot V_A) - x_2 \cdot V_2 \cdot T \cdot m_1 (V_3 - V_B)]$$

Außerdem kann die Empfindlichkeit b wie folgt berechnet werden:

$$b = x_1 \cdot V_1 / rc \cdot T \cdot m_1$$

Alle Anwendungsbedingungen und die Einzelheiten sind bereits beschrieben worden (18).

▼ M3**▼ M4**

▼ M1

ANHANG II

Mindestleistungsgrenzen

Stoff und/oder Metabolit	Matrix	MRPL
Chloramphenicol	Fleisch Eier Milch Urin Erzeugnisse der Aquakultur Honig	0,3 µg/kg
Medroxy-Progesteron-Acetat	Schweinenierenfett	1 µg/kg
Nitrofurantolinen: — Furazolidon — Furaltadon — Nitrofurantoin — Nitrofurantol	Geflügelfleisch Erzeugnisse der Aquakultur	1 µg/kg für alle
▼ <u>M2</u> Summe von Malachit- und Leukomalachitgrün	Fleisch von Erzeugnissen der Aquakultur	2 µg/kg