

Doplňující návod na zpracování experimentálních dat v předmětu

Metody chemického výzkumu – praktikum

Ve všech úlohách, kde se stanovuje koncentrace analytu ve vzorku, je třeba prezentovat výsledek odpovídajícím způsobem. Uvádíme tedy interval spolehlivosti, který vypočítáme v závislosti na tom, zda byla nebo nebyla ke kvantifikaci použita kalibrační závislost. Změříme-li několikrát signál vzorku a koncentraci analytu v něm vypočítáme z rovnice kalibrační závislosti, nestačí výpočet nejistoty dle Dean-Dixona, Horna, Studentova rozdělení nebo jiného přímého postupu pro zpracování souboru opakovaných měření. Tím bychom zanedbali velmi významný příspěvek rozptylu bodů v kalibrační závislosti. Proto je třeba použít vztahy na str. 163 skript Metody chemického výzkumu – praktikum, které platí pro kalibrační přímku. Má-li kalibrační přímka kladný úsek, použijeme horní vztah, prochází-li počátkem soustavy souřadnic (úsek je nulový – je třeba otestovat), použijeme vztah dolní. Nezapomeneme vynést do grafu (a rovněž zahrnout do výpočtu) všechny body kalibrační závislosti. To znamená, že měřil-li se každý bod vícekrát (např. 3×), nevynášíme průměry těchto bodů ani chybové úsečky (pokud nejsou přímo požadovány), ale vyneseme pro jednu koncentraci všechny hodnoty signálu nad sebou. Počet bodů v grafu nebude roven počtu proměřených koncentrací, ale počtu opakování měření každé koncentrace násobený počtem koncentrací (např. 3 opakování krát 5 koncentrací, tj. $n = 15$ bodů). Z technických důvodů se může stát, že různé koncentrace nejsou proměřeny se stejným počtem opakování. Některé např. 5×, některé 3×, jiné zase 2×. To však nijak nemění postup zpracování dat. Jen celkový počet bodů v grafu nebude násobkem počtu proměřených koncentrací, ale součtem zahrnujícím opakovaná měření všech koncentrací. Můžeme tudíž statisticky vyhodnotit i kalibrační přímku ze dvou koncentrací, kdy jedna byla proměřena 2× a druhá jen jednou, protože již máme k dispozici 3 body, které mají vzhledem k přímce nenulový rozptyl. V Excelu nebo Originu můžeme vícekrát zapsat do levého sloupce stejnou hodnotu koncentrace a do pravého sloupce příslušné signály, např.:

c [mg l ⁻¹]	Signál
0	2487
0	2451
0	2508
10	6602
10	6584
10	6633
10	6592
20	10538
20	10499
30	14685
30	14546
30	14472
30	14710
40	18544
40	18613

Označíme data v obou sloupcích a proložíme je (podle příslušného programu: přidat spojnici trendu v Excelu nebo lineární fit v Originu) přímkou. Z m opakovaných měření signálu vzorku vypočítáme jeho průměr, který dosadíme do rovnice kalibrační přímky, z níž vypočítáme příslušnou koncentraci. Ze vztahů na str. 163 skript plyne, že převažujícím příspěvkem k nejistotě je rozptyl bodů kalibrační

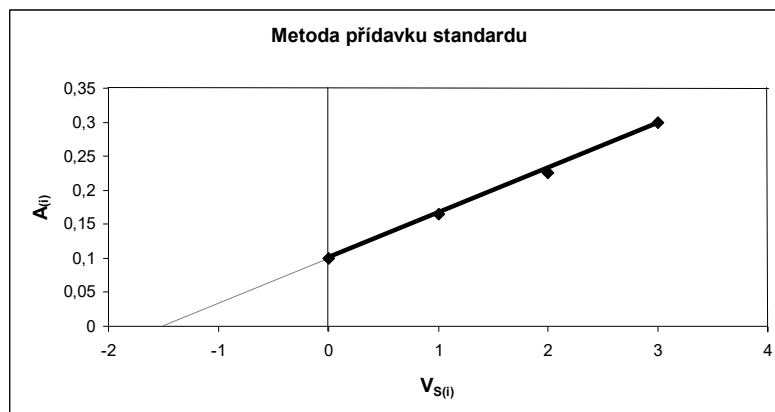
přímky. Je možné využít i složitějších vztahů, které zahrnují též rozptyl opakovaného měření signálu vzorku. Většinou však nebývá nárůst nejistoty oproti vztahům ve skriptech významný.

Stejná pravidla platí i pro sestavení a vyhodnocení grafu kalibrační závislosti z přídavek standardu. Nejistotu je však třeba vypočítat podle příslušného vztahu.

Přídavek více standardů ke vzorku – zpracování lineární regrese

Algoritmus měření:

1. odměření objemu vzorku $V_{(i)}$ do (i) odměrných baněk
2. přídavek $V_{S(i)}$ standardu o koncentraci c_S do všech odměrných baněk (přídavek standardu do první baňky $V_{S(1)} = 0$)
3. doplnění všech baněk na stejný konečný objem!
4. měření signálu $A_{(i)}$
5. lineární regrese (obrázek 1)



Obr.1. Zobrazení metody přídavku standardu do vzorku

Rovnice měření:

$$c_{vz} = \frac{c_S}{V_{vz}} \cdot \frac{a}{b}$$

kde: c_{vz} je koncentrace analytu ve stanovovaném vzorku, c_S je koncentrace standardu, V_{vz} je objem stanovovaného vzorku, a je úsek a b směrnice kalibrační rovnice.

Standardní nejistota objemu při $y_c = 0$:

$$u_v = \frac{s_{yx}}{b} \cdot \sqrt{\frac{1}{n} + \frac{(y_c - \bar{y})^2}{b^2 Q_{xx}}}$$

Kde $y_c = 0$ a $Q_{xx} = \sum \cdot (x_i - \bar{x})^2$

Standardní nejistota vypočtené koncentrace u_c :

$$u_c = \frac{b \cdot c_{vz} \cdot u_v}{a}$$

Tu je třeba pro 95% interval spolehlivosti (hladina významnosti 0,05) upravit vynásobením příslušným koeficientem t . Tento vztah je uveden pro přídavky standardu v jednotkách objemu. Jestliže máme kalibrační závislost přídavků standardu v jednotkách koncentrace, pak již nebudeme přepočítávat nejistotu z objemu na koncentraci.

Pokud provádíme jen jeden přídavek standardu, uijeme následující vztahy, které se týkají např.

Elektromigrační separační metody – ITP, TLC, stanovení acetonu GC

Podle počtu přídavků standardu rozlišujeme:

Přídavek jednoho standardu ke vzorku, kdy celkový objem je či není konstantní

Tyto metody se využívají pro početní výpočet koncentrace neznámého vzorku.

aa) V případě přídavku standardu ke vzorku, kdy celkový objem **není** konstantní, počítáme koncentraci tohoto vzorku podle rovnice:

$$c_i = \frac{V_s}{V_i} \cdot \frac{c_s}{\frac{A_{i+s}}{A_i} \cdot \frac{(V_i + V_s)}{V_i} - 1}$$

neboli

$$c_i = \frac{c_s \cdot V_s \cdot A_i}{(V_i + V_s) \cdot A_{i+s} - V_i \cdot A_i}$$

kde: c_i je koncentrace analytu ve stanovovaném vzorku, c_s je koncentrace standardu, V_i je objem stanovovaného vzorku, V_s je objem přidaného standardu, A_i je hodnota kvantitativního parametru stanovovaného vzorku a A_{i+s} je hodnota kvantitativního parametru obohaceného vzorku (neznámý vzorek a přídavek standardu).

Algoritmus měření:

1. měření signálu A_i ve vzorku o objemu V_i
2. přídavek V_s standardu o koncentraci c_s ke vzorku o objemu V_i
3. měření signálu A_{i+s}

ab) Je-li přídavek standardu ke vzorku a celkový objem je konstantní (vzorku i vzorku s přídavkem), počítáme koncentraci vzorku podle rovnice:

$$c_i = \frac{c_s \cdot V_s \cdot A'_i}{V_i \cdot (A'_{i+S} - A'_i)}$$

$$A'_i = A_i \cdot \frac{V_i}{V_R}; \quad A'_{i+S} = A_{i+S} \cdot \left(\frac{V_i + V_s}{V_R} \right)$$

kde: c_i je koncentrace analytu ve stanovovaném vzorku, c_s je koncentrace původního standardu (né po naředění do výsledného objemu), V_i je objem stanovovaného vzorku, V_s je objem přidaného standardu, V_R je objem celého připraveného roztoku ($V_i + V_s +$ rozpouštědlo), A_i a A'_i je hodnota a korigovaná hodnota kvantitativního parametru stanovovaného vzorku na objem, A_{i+S} a A'_{i+S} je hodnota a korigovaná hodnota kvantitativního parametru obohaceného vzorku (neznámý vzorek a přídavek standardu) na objem.

U takto vypočtené koncentrace se již do výpočtu nezohledňuje použité ředění vzorku.

Pozor! Pokud provádíme jeden přídavek standardu aspoň 2×, tj. 2× opakujeme měření stejného přídavku standardu, obdržíme 2 výsledky, které statisticky zpracujeme dle Dean-Dixona.

Nezapomeneme započítat ředění vzorku, a to i při stanovení nejistoty podle vztahů na str. 163. Byl-li vzorek zředěn např. 100×, musíme 100× vynásobit nejen koncentraci, ale i její nejistotu. Pokud se měla zjistit hmotnost analytu ve vzorku, musíme přepočítat zjištěnou koncentraci na mg nebo g. Opět je třeba stejně přepočítat i nejistotu z koncentrace na hmotnost. I když někdy pracujeme při analýze s látkovým množstvím, obsah ve vzorku převedeme i s nejistotou na hmotnost v mg nebo g.

Jestliže provádíme opakované měření pro stanovení veličin bez použití kalibrační závislosti (např. retenční faktor, kapacitní faktor, počet teoretických pater a jejich výškový ekvivalent), použijeme pro odhad nejistoty Dean-Dixonův (pro malý počet opakování) nebo jiný odpovídající přímý postup. Platí to i pro výpočet koncentrace bílkovin ve vzorku z empirických vzorců. Pro každou vlnovou délku vypočítáme průměrnou absorbanci z jejího opakovaného měření. Do vzorce pak dosazujeme průměry příslušných absorbancí. Dean-Dixonovým postupem vypočítáme nejistotu ke každé absorbanci. Nejistotu koncentrace vypočítáme ze zákona šíření chyb. Zde postačí pro stanovení relativní nejistoty koncentrace odmocnina ze součtu kvadrátů relativních nejistot dosazených absorbancí. Kdybychom počítali koncentraci z příslušného empirického vzorce dosazováním různých dílčích absorbancí, pak nevíme, jaké kombinace vlastně zvolit, případně jestli dosadit všechny možné kombinace absorbancí do vzorce. To by ovšem počet vypočtených dílčích koncentrací převýšil počet opakovaného měření absorbancí.

Zaokrouhlování IS

Nejistotu zaokrouhlíme na 2 platné číslice. Na stejný řád, v jakém je druhá platná číslice (zleva) nejistoty, zaokrouhlíme i výslednou hodnotu, kterou je nejčastěji aritmetický průměr, někdy medián.

Uvádění více číslic nejistoty by mohlo vést k paradoxu, že snad známe hodnotu nejistoty přesněji než samotného výsledku. Je to vlastně odhad, i když se musí vypočítat. Nejde o počet desetinných míst. Např. u čísla $(257,3 \pm 1,2)$ Vs je nejistota 1,2 Vs menší než půl procenta, u výsledku $(0,0026 \pm 0,0012)$ mg l⁻¹ činí nejistota již 46 %. Je tudíž dosti nepřesný. Nastavení zobrazení určitého počtu desetinných míst v buňce Excelu nemá se správným zápisem nic společného. Někdy to může být náhodou správně, jindy nikoliv. Je to jen estetická záležitost. Nicméně u dílčích výpočtů pracujeme s mnohem větším počtem číslic a zaokrouhlujeme až výslednou hodnotu, abychom do výsledku nevnášeli chyby dílčích zaokrouhlování. Je také třeba si uvědomit, že standardizace odměrného roztoku by měla zpřesnit znalost jeho aktuální koncentrace, proto nedává smysl zaokrouhlit faktor odměrného roztoku jen na 1 nebo 2 číslice, i když jeho stanovení je také zatíženo experimentální chybou. Uvádíme jej na 4 platné číslice.

Testy shodnosti výsledků

Ve skriptech je uvedeno několik testů shody výsledků. Jejich použití je však omezeno na dvojici hodnot (párové testy) a neměli bychom testovat více výsledků po dvojicích systémem „každý s každým“. Dopustili bychom se určité chyby ve vyhodnocení. Měli bychom správně testovat všechny hodnoty navzájem najednou. Tento postup se nazývá analýza rozptylu, neboli ANOVA (Analysis of Variance). V tomto cvičení si ale dovolíme tuto skutečnost zanedbat. Je tu ještě další problém s využitelností „běžných“ párových testů ve skriptech. Nejsou vhodné tam, kde jsme dospěli k výsledku využitím kalibrační závislosti a nejistota je dána převážně jejím příspěvkem. Obecnějším kritériem shody může být vztah:

$$|x_1 - x_2| < \sqrt{(\delta x_1)^2 + (\delta x_2)^2}$$

kde x_1, x_2 jsou testované hodnoty a $\delta x_1, \delta x_2$ jsou jejich nejistoty. Když zjišťujeme pomocí statistických testů shodu dvou výsledků, měly by se jejich nejistoty vztahovat ke stejné pravděpodobnosti, obvykle 95 %. Pokud víme, že tomu tak není, musíme některou z nejistot přepočítat na stejnou pravděpodobnost. To nemusí být snadné, jestliže neznáme způsob jejího výpočtu a počet opakování. I když v případě výpočtu dle Dean-Dixona nebo Studentova rozdělení vyměníme koeficient K nebo t za jiný, odpovídající požadované pravděpodobnosti, nezískáme vzhledem k zaokrouhlování bez znalosti původních dat také původní rozpětí nebo směrodatnou odchylku. Takto přepočítaný interval spolehlivosti bude zatížen určitou početní chybou.

Testy významnosti trendů, úseků, směrnice

V tomto praktiku se použijí zejména tam, kde je třeba zjistit, zda je úsek lineární kalibrační závislosti významný. Jednak v případě, že je po provedení lineární regrese záporný, a také tam, kde je i po odečtení pozadí či blanku kladný, ale teoreticky by měl být nulový. Záporný úsek smysl nedává, a tudíž by měl po otestování vyjít jako nevýznamný. Regrese by se měla poté provést znovu se zafixovaným nulovým úsekem. Významný záporný úsek může vyjít z důvodu malé citlivosti pro nízké koncentrace. Směrnice je nižší než pro vyšší koncentrace a proložení celé závislosti přímkou nedává smysl. Je třeba koncentrační rozmezí rozdělit a proložit jen část, kterou je možno považovat za lineární a do níž spadají signály analytu, pokud to z hlediska limitu kvantifikace a rozptylu bodů dává smysl. Testování významnosti směrnice se využije např. při zjišťování míry interference osnovy vzorku. To je případ např. stanovení mědi ve víně metodou AAS. Zkoumáme vliv přítomnosti etanolu, draselné a vápenaté soli na signál analytu. Závislost signálu analytu na koncentraci interferentu

nemusí být lineární, dokonce ani monotónní ve vyšetřovaném intervalu koncentrací. Přesto můžeme celou nebo postupně části této závislosti proložit přímkou a testovat, zda se její směrnice významně liší od nuly. Pokud tedy t-test ukáže, že je směrnice statisticky významná, pak lze říci, že je významná i matriční interference. Může být kladná i záporná, zvyšuje nebo snižuje signál analytu.

Limit detekce (LOD)

Tento pojem by měl vyjadřovat skutečnost, že signál analytu už je spolehlivě rozlišitelný od kolísavého signálu pozadí. Existuje mnoho vztahů pro jeho výpočet. Pokud jsou založeny na rozptylu bodů kalibrační přímky, nebývají u námi využívaných metod prakticky použitelné. Vystupuje v nich např. úsek kalibrační přímky nebo predikční pásy. Body kolem kalibrační přímky nemusejí být na pohled příliš rozptýleny, přesto však *LOD* vyjde nesmyslně vysoký, např. jednotky až desítky mg l⁻¹, což bývá i uprostřed kalibrační závislosti. Rozptyl těchto bodů nemusí vůbec souviset s citlivostí kolem úrovně pozadí. Je mnohem lepší využít definici 3-sigma:

$$LOD = \frac{3\sigma}{S}$$

kde σ je směrodatná odchylka z 10 opakovaných měření signálu pozadí a S je směrnice kalibrační závislosti pro nízké koncentrace. Pro koncentrační rozsahy kalibračních závislostí pro roztoky zhruba od 0,1 mg l⁻¹ u metod v našem praktiku je vhodné vypočítat S přímkou tvořenou jen nulovou a první nenulovou koncentrací (např. 0 a 0,1 mg l⁻¹). Není vhodné použít směrnici celé kalibrační přímky, která zahrnuje koncentrace i o 2–3 řády vyšší než *LOD*, a tedy nevypovídá nic o citlivosti kolem *LOD*. Použitím jen 1 koncentračního bodu je sice S formálně nepřesnější, ale s velkou nejistotou i půl řádu se u *LOD* počítá. Vzhledem k zachování matrice vzorku je někdy vhodné zjišťovat *LOD* z dostatečně zředěného vzorku, u něhož již známe koncentraci analytu. V chromatografii se vychází z maximálního rozkmitu h základní linie v okolí píku, přičemž šířka tohoto okolí je desetinásobek šířky píku v základně na každou stranu od středu píku. Tento rozkmit se vynásobí příslušným koeficientem k , jehož velikost závisí na dohodě (někdy 2, 3). Koncentrace odpovídající této výšce $k \cdot h$ je *LOD*. Pracuje se s výškou píku, nikoliv plochou.

Vyjde-li množství analytu ve vzorku nulové, když nenaměříme žádný nebo téměř žádný signál, měli bychom uvést hodnotu *LOD* a napsat, že množství analytu je < *LOD*. Vzorek by totiž mohl obsahovat naší metodou již nezjistitelné množství analytu, čímž bychom se dopustili chyby. Také hodnotu pod limitem kvantifikace (*LOQ*) bychom měli náležitě okomentovat, neboť je zatížena poměrně velkou chybou, jak již význam *LOQ* napovídá.

Další doplnění je na následujících stránkách.

DOPLNĚNÍ TEORIE

Chromatografické metody – HPLC a GC

Úlohy: č. 1 – Analýza směsi methylxantinů pomocí kapalinové chromatografie

č. 4 – Stanovení acetonu pomocí plynové chromatografie

Volba samotného výpočtu chromatografických parametrů - počtu efektivních teoretických pater N_{ef} a rozlišení R - závisí na získaném chromatografickém záznamu.

Je-li eluční křivka chromatogramu souběžná se základnou (tedy rovná a bez vzrůstající tendence) využívá se pro výpočet šířka píku při základně, podle níže uvedených vzorců.

Hodnota rozlišení R , představující míru separace dvou chromatografických píku je vypočtena:

$$R_{1,2} = \frac{2 \cdot (t_{R2} - t_{R1})^2}{w_1 + w_2}$$

kde: t_R je retenční čas příslušného analytu

w je délka základny příslušného píku

Pro počet efektivních (vztaženo k inertnímu analytu) teoretických pater N_{ef} , které udává míru účinnosti separační kolony, použijeme následující vzorec:

$$N_{\text{ef}} = 16 \cdot \left(\frac{t_R - t_M}{w} \right)^2$$

kde: t_R je retenční čas příslušného analytu

t_M je mrtvý čas

w je délka základny příslušného píku

Má-li však eluční křivka tendenci růstu a není její profil souběžný s časovou osou (základnou), bylo by v tomto případě využití šířky píku při základně nesprávné, provádíme výpočty závisle proměnných parametrů ze šířky píku v polovině jeho výšky. Tato metoda stejně jako u inflexní metody (ve výšce 60,7 % pro normální Gaussův pík) není ovlivněna asymetrií píku.

Následují příslušné vzorce pro výpočet rozlišení R a počet efektivních teoretických pater N_{ef} :

$$R_{1,2} = \frac{1,177 \cdot (t_{R2} - t_{R1})^2}{(w_{0,5})_1 + (w_{0,5})_2}$$

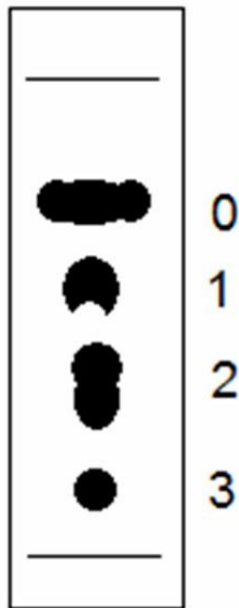
$$N_{ef} = 5,545 \cdot \left(\frac{t_R - t_M}{w_{0,5}} \right)^2$$

Vyhodnocení dat - TLC

Úlohy: č.2 – Stanovení kyseliny glutamové pomocí metod kapilární izotachofórey a tenkovrstvé chromatografie

č.3 – Analýza syntetických a rostlinných barviv pomocí tenkovrstvé chromatografie

Separace ve zvoleném chromatografickém systému probíhá na základě afinity analytu (hydrofobicita, funkční skupiny, atd.) k ukotvené stacionární fázi na vhodném nosiči. Eluční profil získaných zón, představující za vhodně zvolených podmínek stanovovaný separovaný analyt, může nabývat různých forem/tvarů. Ne vždy získáme symetrický kruhovitý profil zóny po eluci analytu v systému. Profil zóny se nejčastěji vyskytuje jako ovál, příp. chvostuje, nebo se rozpívá do stran (obrázek 2).



Obr.2. Nejčastější příklady profilů zón vzorku po chromatografické separaci. Zóna difunduje do strany (0), chvostuje (1), rozmývá se podélně do oválného tvaru (2), má symetrický kulovitý tvar (3).

Existují různé způsoby jak zobrazenou zónu vyhodnotit a získat tím příslušnou vzdálenost její migrace v separačním systému:

- i) ve středu zóny
- ii) v těžišti zóny
- iii) proložením ve vrcholu zóny

Zvolenou metodu pro výpočet retenčního faktoru je třeba v každém případě pro celé vyhodnocení záznamu sjednotit!

Vyhodnocení dat - PAGE

Úlohy: č.6 – Stanovení vaječných proteinů pomocí gelové elektroforézy

Separace vaječných proteinů probíhá při této úloze v nativním prostředí, tedy bez přítomnosti denaturujícího činidla a denaturace samotných proteinů.

Nativní nebo také nedenaturující elektroforéza v polyakrylamidovém gelu je metoda, která se používá pro separaci látek (biologicky aktivních proteinů). V nativní gelové elektroforéze mobilita závisí na tvaru/velikosti, ale i na náboji látek, důležitými parametry tedy jsou pH elektroforetického pufru a pI separovaných látek. Hodnota pH pufru ovlivňuje nejen náboj molekuly, ale i její velikost a rychlost pohybu v gelu. Jeho volbou se upřednostňuje kvalita separace a její rychlost.

Po ukončení separace za použití vhodné vodící barvičky se vyhodnocuje získaný elektroforegram. Vodící barvičku, která se přidává ke vzorku při jeho přípravě, volíme podle typu separace – katodická nebo anodická. Elektroforéza může tedy být prováděna vždy pouze v jednom směru a v této podobě poté i vyhodnocena (katodická separace = migrace kladně nabitých proteinů ke katodě, anodická separace naopak).

Při praktickém provedení se setkáváme s jevem, kdy lysozym ve vaječném bílku při separaci na komerčním Sebia gelu jako jediný migruje ke katodě. Samozřejmě jedním z faktorů je pH pufracího prostředí, ale také samotné chování lysozymu vzhledem jeho pI hodnotě. Lysozym při vyšších hodnotách pH putuje lépe ke katodě. Uplatňuje se zde vyšší náboj. Naopak při nižších pH hodnotách, kdy se uplatňuje menší náboj, putuje ke katodě hůře. Za těchto podmínek (použití bromfenolové modři jako vodící barvičky, která pouze zaznamenává celou migrační dráhu proteinů; použitého elektroforetického pufru) nemůže být separace vyhodnocena podle postupu, který je uvedený ve skriptech u návodu úlohy.

ŘEŠENÍ:

Pro uniformní separaci proteinů v GE lze využít zvláštní typ nativní gelové elektroforézy tzv. modrou nativní gelovou elektroforézu (BN-GE).

BN-GE

Tato GE využívá CNN G-250, který se často přidává ke vzorku krátce před elektroforézou a také se anion této barvičky vyskytuje v pufru. CBB G-250 stejně jako dodecylsírán sodný (u denaturující GE; avšak na jiném mechanismu) udělí proteinům záporný náboj a proteiny migrují k anodě. Přirozený tvar, vnitřní náboj, ale i vaznost CBB G-250 na protein ovlivňuje chování proteinů při elektroforéze. CBB není detergentem, používá se v minimálním množství a poměr vázání CBB/protein a náboj/molekulová hmotnost není u BN-GE stálý. Hodnota pH použitého elektroforetického pufru bývá 7,5. Za těchto podmínek můžeme aplikovat kalibrační závislost pro vyhodnocení molekulové hmotnosti proteinů pro:

i) proteiny s $pI < 8,6$, které váží CBB G-250

ii) proteiny s $pI \leq 5,4$, které neváží CBB G-250

Reference:

Tracy McLellan, Electrophoresis Buffers for Polyacrylamide Gels at Various pH, *Analytical Biochemistry*, 1982, 126, 94-99

F. Krause, Detection and analysis of protein–protein interactions in organellar and prokaryotic proteomes by native gel electrophoresis: (Membrane) protein complexes and supercomplexes, *Electrophoresis*, 2006, 27, 2759–2781