



51. ročník
2014/2015

KRAJSKÉ KOLO
kategorie A a E

ŘEŠENÍ SOUTĚŽNÍCH ÚLOH

TEORETICKÁ ČÁST (60 BODŮ)

ANORGANICKÁ CHEMIE

16 BODŮ

Úloha 1 Stříbrnosný galenit

6,75 bodu

1. Z důvodu zachování elektroneutality jsou přítomné vakance sulfidových aniontů. 0,25 bodu

2. Pokud ve vzorci PbS nahradíme 14 % olovnatých iontů ionty stříbrnými, získáme vzorec:
 $\text{Pb}_{0,86}\text{Ag}_{0,14}\text{S}_{0,93}$.

1,5 bodu

3. Výpočet obsahu stříbra:

$$w = \frac{M(\text{Ag}_{0,14})}{M(\text{Pb}_{0,86}\text{Ag}_{0,14}\text{S}_{0,93})} = \frac{107,9 \cdot 0,14}{207,2 \cdot 0,86 + 107,9 \cdot 0,14 + 32,1 \cdot 0,93} = 0,0677 = 6,77 \% \text{ hm.}$$

za jakýkoliv správný postup výpočtu 2 body

4. Výpočet:

$$r = \frac{Z \cdot M(\text{Pb}_{0,86}\text{Ag}_{0,14}\text{S}_{0,93})}{a^3 \cdot N_A} = \frac{4 \cdot 223,2 \cdot 10^{-3}}{(594 \cdot 10^{-12})^3 \cdot 6,022 \cdot 10^{23}} = 7072 \text{ kg m}^{-3} = 7,07 \text{ g cm}^{-3}$$

za jakýkoliv správný postup výpočtu 3 body

Úloha 2 Kyseliny H_2SO_x

9,25 bodu

1. Doplněná tabulka:

Název kyseliny	Vzorec kyseliny	Oxidační číslo síry
„sírnatá“	H_2SO_2	+II
siřičitá	H_2SO_3	+IV
sírová	H_2SO_4	+VI
peroxosírová	H_2SO_5	+VI

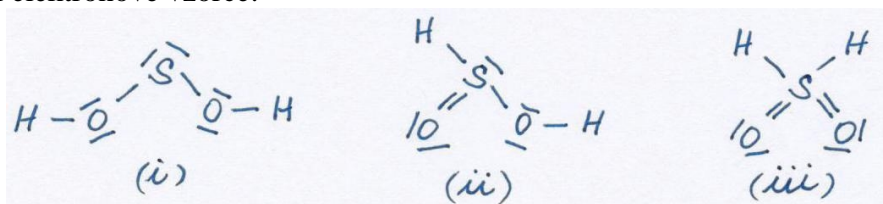
každé doplněné políčko 0,25 bodu; celkem 1,75 bodu

2.

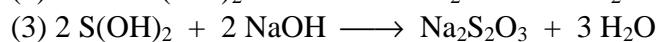
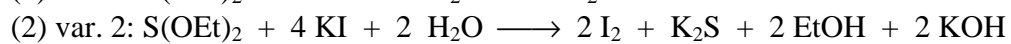
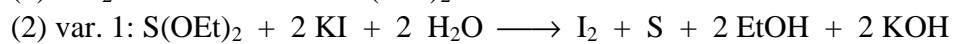
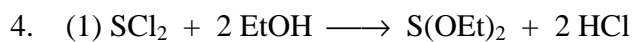
- a) $3 \text{S} + 6 \text{OH}^- \longrightarrow 2 \text{S}^{2-} + \text{SO}_3^{2-} + 3 \text{H}_2\text{O}$
 b) $\text{Cu} + 2 \text{H}_2\text{SO}_4 \longrightarrow \text{CuSO}_4 + \text{SO}_2 + 2 \text{H}_2\text{O}$
 c) $\text{H}_2\text{SO}_5 + \text{H}_2\text{O} \longrightarrow \text{H}_2\text{SO}_4 + \text{H}_2\text{O}_2$

každá správně vyčíslená rovnice 0,75 bodu; celkem 2,25 bodu

3. Strukturní elektronové vzorce:



každá struktura včetně všech elektronových párů 0,75 bodu; celkem 2,25 bodu

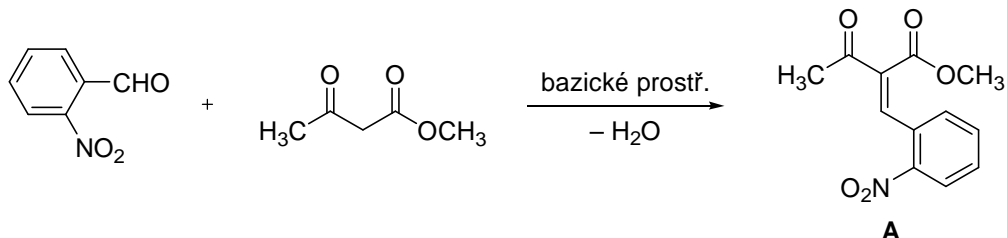


každá správně vyčíslená rovnice 1 bod; celkem 3 body

Úloha 1 Antagonisté vápníkových iontů

8 bodů

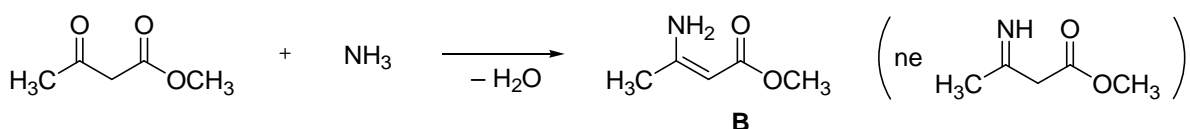
1.



Knoevenagelova reakce (kondenzace).

1 bod za strukturu, 1 bod za jméno reakce; celkem 2 body

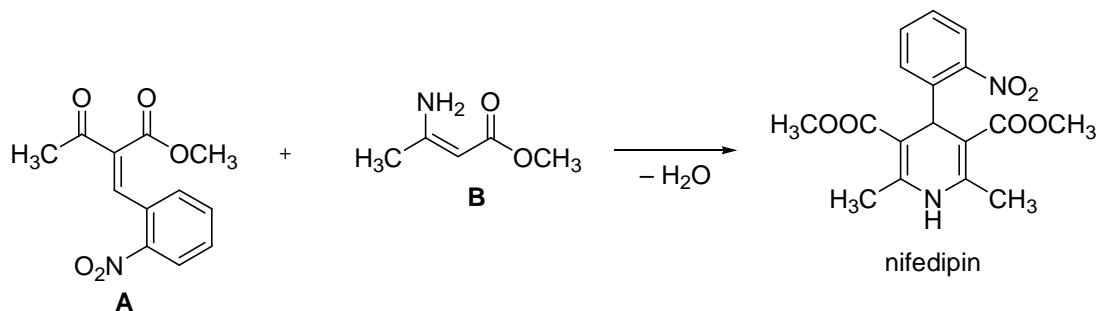
2.



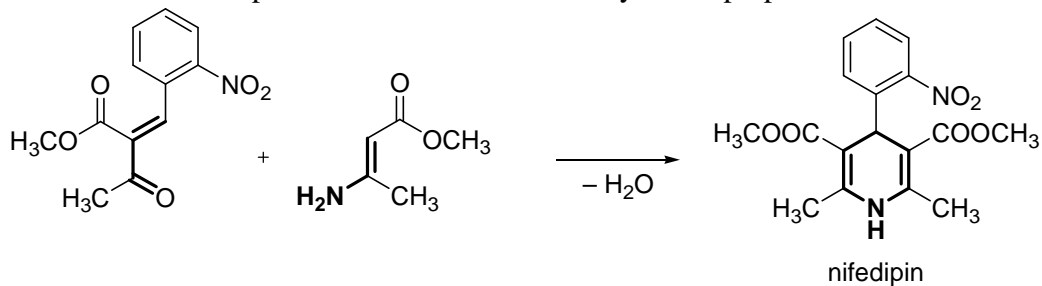
Přednostně vznikají konjugované dvojně vazby, navíc stabilizované intramolekulárním vodíkovým můstkem -NH₂ ... O=.

1 bod za strukturu, 0,5 bodu za uvedení správného izomeru; celkem 1,5 bodu

3.

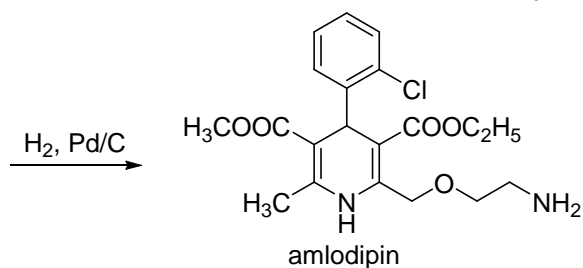
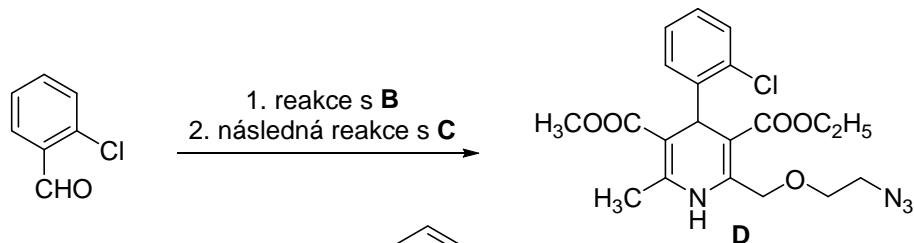
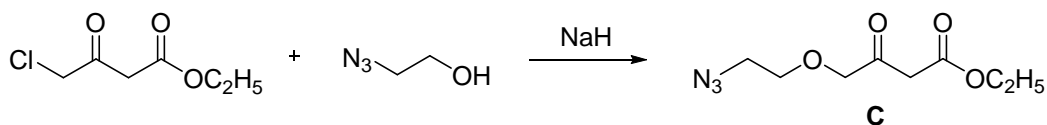


Pozn. Pro snazší určení produktu kondenzace lze látky **A** a **B** přepsat takto:



1,5 bodu

4.



1 bod za **C**, 1,5 bodu za **D**, 0,5 bodu za amlodipin; celkem 3 body

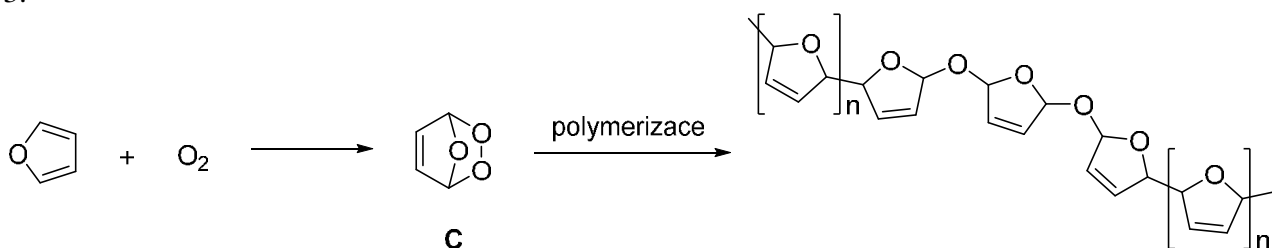
Úloha 2 Diels-Alderovy reakce

3,5 bodu

- Endo- produkt je *kinetický* produkt reakce, ve schématu odpovídá označení *produkt A*.
- Exo- produkt je *termodynamický* produkt reakce, ve schématu odpovídá označení *produkt B*.

1 bod za správné doplnění dvojice *kinetický/termodynamický*,
1 bod za správné doplnění dvojice *produkt A / produkt B*; celkem 2 body

3.

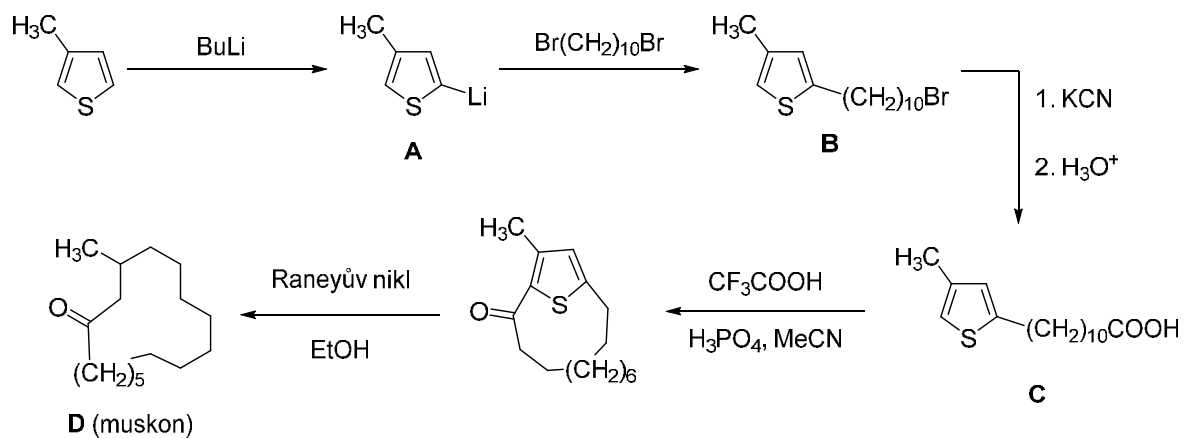


Reakce probíhá radikálovým mechanismem.

1 bod za **C**, 0,5 bodu za určení mechanismu; celkem 1,5 bodu

Úloha 3 Syntéza muskonu

4,5 bodu



za správný každý správný vzorec látek **A**, **B**, **C** po 1 bodu, za správný vzorec **D** 1,5 bodu celkem 4,5 bodu

Výsledná hodnota $\Delta G_{\text{Mg}}^{0'}$ je pak dána součtem Gibbsových volných energií podle termodynamického kruhu:

$$\Delta G_{\text{Mg}}^{0'} = \Delta G_{\text{noMg}}^{0'} + \Delta G_2 + \Delta G_3 - \Delta G_1$$

Po dosažení předchozí rovnice definujících $\Delta G_{1,2,a}$ lze rovnici upravit na:

$$\Delta G_{\text{Mg}}^{0'} = \Delta G_{\text{noMg}}^{0'} + RT \ln \left(\frac{K_2 \cdot K_3}{K_1} \right)$$

$$\Delta G_{\text{Mg}}^{0'} = -30,5 + 8,314 \cdot 310 \cdot \ln \left(\frac{2,2 \cdot 10^{-3} \cdot 1,2 \cdot 10^{-2}}{3,8 \cdot 10^{-2}} \right) = -49,2 \text{ kJ} \cdot \text{mol}^{-1}$$

za správnou ideu vztahu mezi Gibbsovými energiemi 1,5 bodu
za vyjádření pomocí jednotlivých rovnovážných konstant 2 body
za numericky správné řešení 0,5 bodu
celkem tedy 4 body

Úloha 2 Stabilita helikálních proteinů

8 bodů

- Z obrázku, případně znalosti struktury helixu je to $n - 4$ vodíkových vazeb, pokud je $n > 4$.
za správné určení počtu vodíkových vazeb 1 bod
- Vlivem vodíkových vazeb jsou rigidní všechna rezidua, která nejsou terminální, tedy zablokovaný pohyb má $n - 2$ reziduí.
za správné určení počtu zablokovaných reziduí 1 bod
- Výraz pro změnu Gibbsovy energie při stabilizaci helixu vodíkovými vazbami je pak dán jako:

$$\Delta G = (n - 4) \cdot \Delta_{\text{Hb}} H - (n - 2) \cdot T \cdot \Delta_{\text{Hb}} S$$

Pro heptapeptid (Ala)₇ platí $n = 7$, pro dekaeptid (Ala)₁₀ je $n = 10$. Denuraci můžeme popsat jako stav, kdy se sekundární struktura peptidu začne samovolně rozpadat, tedy kdy platí $\Delta G = 0$. Pro řetězec délky n můžeme z výše uvedeného vztahu vyjádřit teplotu denaturace:

$$\Delta G = (n - 4) \cdot \Delta_{\text{Hb}} H - (n - 2) \cdot T \cdot \Delta_{\text{Hb}} S \rightarrow T_d = \frac{(n - 4) \cdot \Delta_{\text{Hb}} H}{(n - 2) \cdot \Delta_{\text{Hb}} S}, \text{ alternativně viz } \dagger$$

[†] Alternativně za použití nápovědy v zadání:

$$\Delta G = (n - 6) \cdot \Delta_{\text{Hb}} H - (n - 4) \cdot T \cdot \Delta_{\text{Hb}} S$$

T_d je pak

$$\Delta G = (n - 6) \cdot \Delta_{\text{Hb}} H - (n - 4) \cdot T \cdot \Delta_{\text{Hb}} S \rightarrow T_d = \frac{(n - 6) \cdot \Delta_{\text{Hb}} H}{(n - 4) \cdot \Delta_{\text{Hb}} S}$$

Pro heptapeptid tedy:

$$T_d = \frac{(n - 6) \cdot \Delta_{\text{Hb}} H}{(n - 4) \cdot \Delta_{\text{Hb}} S} = \frac{(7 - 6) \cdot (-30 \cdot 10^3)}{(7 - 4) \cdot (-76)} = 132 \text{ K}$$

Pro dekaeptid:

Pro heptapeptid tedy:

$$T_d = \frac{(n-4) \cdot \Delta_{\text{Hb}} H}{(n-2) \cdot \Delta_{\text{Hb}} S} = \frac{(7-4) \cdot (-30 \cdot 10^3)}{(7-2) \cdot (-76)} = \underline{236\text{K}}$$

Pro dekapeptid:

$$T_d = \frac{(n-4) \cdot \Delta_{\text{Hb}} H}{(n-2) \cdot \Delta_{\text{Hb}} S} = \frac{(10-4) \cdot (-30 \cdot 10^3)}{(10-2) \cdot (-76)} = \underline{296\text{K}}$$

za určení vztahu pro Gibbsovu energii 1 bod
za určení teploty denaturace proteinu 0,5 bodu
za oba numericky správné výsledky (i když budou vycházet z nesprávného vztahu) po 0,5 bodu
celkem tedy 2,5 bodu

4. Správný tvar racionální lomené funkce, která vyjadřuje funkci $T_d = f(n)$, určuje graf C.
za správné určení tvaru grafu 1 bod
5. Pro teploty denaturace peptidu délky n a $n+1$ platí

$$T_d(n) = \frac{(n-4) \cdot \Delta_{\text{Hb}} H}{(n-2) \cdot \Delta_{\text{Hb}} S} \quad T_d(n+1) = \frac{(n-3) \cdot \Delta_{\text{Hb}} H}{(n-1) \cdot \Delta_{\text{Hb}} S}$$

Požadujeme, aby chyba mezi $T_d(n)$ a $T_d(n+1)$ byla menší, než $\Delta_T = 1\% = 0,01$ z $T_d(n)$. Tedy aby platilo:

$$T_d(n+1) - T_d(n) \leq \Delta_T \cdot T_d(n)$$

Rozepsáním a řešením této nerovnice obdržíme:

$$T_d(n+1) - T_d(n) \leq \Delta_T \cdot T_d(n) \rightarrow \frac{(n-3) \cdot \Delta_{\text{Hb}} H}{(n-1) \cdot \Delta_{\text{Hb}} S} - \frac{(n-4) \cdot \Delta_{\text{Hb}} H}{(n-2) \cdot \Delta_{\text{Hb}} S} \leq \Delta_T \cdot \frac{(n-4) \cdot \Delta_{\text{Hb}} H}{(n-2) \cdot \Delta_{\text{Hb}} S}$$

$$\frac{n-3}{n-1} - \frac{n-4}{n-2} \leq \Delta_T \cdot \frac{n-4}{n-2} \rightarrow 2 \leq \Delta_T \cdot (n^2 - 5n + 4) \rightarrow n^2 - 5n + 4 - \frac{2}{\Delta_T} \geq 0$$

Pro $\Delta_T = 1\% = 0,01$ obdržíme kvadratickou nerovnici, přičemž biologický smysl má jen kladný člen řešení:

$$n^2 - 5n + 4 - \frac{2}{\Delta_T} \geq 0 \rightarrow n^2 - 5n + 4 - \frac{2}{0,01} \geq 0 \rightarrow n^2 - 5n + 4 - 196 \geq 0 \rightarrow \underline{n \geq 17}$$

Chyba odhadu teploty denaturace bude méně než jedno procento hodnoty předchozího odhadu pro heptadekapeptid a dále.

za smysluplné zavedení podmínky pro odhad počtu reziduí 0,5 bodu
za sestavení nerovnice pro počet reziduí 0,5 bodu
za numericky správné řešení 0,5 bodu
celkem tedy 1,5 bodu

$$T_d = \frac{(n-6) \cdot \Delta_{\text{Hb}} H}{(n-4) \cdot \Delta_{\text{Hb}} S} = \frac{(10-6) \cdot (-30 \cdot 10^3)}{(10-4) \cdot (-76)} = \underline{263\text{K}}$$

alternativně viz ‡

6. Pro velká n lze podíl $(n-4)/(n-2)$ brát rovný jedné a pro velká n tedy platí:[§]

$$T_d(n \rightarrow \infty) = \lim_{n \rightarrow \infty} \frac{(n-4) \cdot \Delta_{\text{Hb}} H}{(n-2) \cdot \Delta_{\text{Hb}} S} = \frac{\Delta_{\text{Hb}} H}{\Delta_{\text{Hb}} S} = \frac{-30 \cdot 10^3}{-76} = \underline{395 \text{ K}}$$

Při neznalosti limitního počtu to mohou zkusit započítat dosazováním velkých čísel, např. 100, 1000 reziduí a podobně. V takovém případě by jim mělo vyjít T_d kolem 400 K.

Další možností je řešení pomocí odhadu limity z grafu C, kdy jim opět může vyjít:

$$T_d(n \rightarrow \infty) = 400 \text{ K}$$

za T_d v rozmezí 390 – 400 celkem 0,5 bodu
za každých dalších 10 K mimo tento interval ztráta 0,1 bodu

‡ Alternativně pro napovězené hodnoty:

$$T_d(n) = \frac{(n-6) \cdot \Delta_{\text{Hb}} H}{(n-4) \cdot \Delta_{\text{Hb}} S} \quad T_d(n+1) = \frac{(n-5) \cdot \Delta_{\text{Hb}} H}{(n-3) \cdot \Delta_{\text{Hb}} S}$$

$$T_d(n+1) - T_d(n) \leq \Delta_T \cdot T_d(n)$$

$$T_d(n+1) - T_d(n) \leq \Delta_T \cdot T_d(n) \rightarrow \frac{(n-5) \cdot \Delta_{\text{Hb}} H}{(n-3) \cdot \Delta_{\text{Hb}} S} - \frac{(n-6) \cdot \Delta_{\text{Hb}} H}{(n-4) \cdot \Delta_{\text{Hb}} S} \leq \Delta_T \cdot \frac{(n-6) \cdot \Delta_{\text{Hb}} H}{(n-4) \cdot \Delta_{\text{Hb}} S}$$

$$\frac{n-5}{n-3} - \frac{n-6}{n-4} \leq \Delta_T \cdot \frac{n-6}{n-4} \rightarrow 2 \leq \Delta_T \cdot (n^2 - 9n + 18) \rightarrow n^2 - 9n + 18 - \frac{2}{\Delta_T} \geq 0$$

Pro $\Delta_T = 1\% = 0,01$ obdržíme kvadratickou nerovnici, přičemž biologický smysl má jen kladný člen řešení:

$$n^2 - 9n + 18 - \frac{2}{\Delta_T} \geq 0 \rightarrow n^2 - 9n + 18 - \frac{2}{0,01} \geq 0 \rightarrow n^2 - 9n + 18 - 196 \geq 0 \rightarrow \underline{n \geq 19}$$

Chyba odhadu teploty denaturace bude méně, než jedno procento hodnoty předchozího odhadu pro nonadekapeptid a dále.

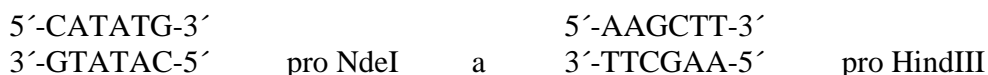
§ Alternativně pro nápovědu platí samozřejmě totéž, že pro velká n lze podíl $(n-6)/(n-4)$ brát rovný jedné a pro velká n tedy platí:

$$T_d(n \rightarrow \infty) = \lim_{n \rightarrow \infty} \frac{(n-6) \cdot \Delta_{\text{Hb}} H}{(n-4) \cdot \Delta_{\text{Hb}} S} = \frac{\Delta_{\text{Hb}} H}{\Delta_{\text{Hb}} S} = \frac{-30 \cdot 10^3}{-76} = \underline{395 \text{ K}}$$

Úloha 1

8 bodů

1. V nepravém palindromu musí být identická sekvence obou vláken při pohledu od stejného konce. Proto např. pro NdeI musí obě vlákna začínat sekvencí 5'-CAT, z čehož plyne, že musí pokračovat sekvencí ATG. Celé místo potom je:



1 bod

2. Při samotném návrhu primerů si musíme nejprve uvědomit, že přímý (forward) primer, tedy ten na začátku sekvence, má stejnou orientaci konců jako vlákno DNA, které je zapsáno v zadání. Proto se nebude párovat s tímto vláknem, ale s vláknem k němu komplementárním, které doplňuje DNA na dvojšroubovici. Z tohoto důvodu má ovšem sekvenci stejnou, jako prvních 18 bází zapsaného vlákna, tedy 5'-ATGGCAGCACCTAGAATA-3'. Naopak zpětný (reverse) primer, tedy ten na konci sekvence, je orientován obráceně než zapsané vlákno DNA, proto se páruje přímo s ním a jeho sekvence je tedy komplementární k posledním 18 bázím genu. Navíc ji musíme otočit, abychom dostali konvenční orientaci zápisu od 5'- k 3'-konci. Sekvence tedy bude 5'-TTATTTAGCCCTTCCTAA-3'.

Za správnou úvahu udělit 3 body, resp. 1,5 bodu za každý primer. Za zápis správného primeru v jiné než konvenční orientaci snížit hodnocení o 0,5 bodu u každého takto napsaného primeru.

Nyní na obě sekvence doplníme štěpící místa restričních endonukleas, která budou umístěna na 5'-koncích. Abychom primery navrhli co nejúsporněji, využijeme toho, že v sekvenci genu už máme části restričních míst. Gen začíná iniciačním kodonem ATG, který je ale součástí restričního místa NdeI (CATATG). Naopak na konci máme stop kodon TAA, jehož poslední dvě báze AA tvoří začátek restričního místa HindIII (AAGCTT). Proto stačí primery doplnit o zbylé báze, čímž dostaneme:

Forward primer: 5'-CATATGGCAGCACCTAGAATA-3'

Reverse primer: 5'-AAGCTTATTTAGCCCTTCCTAA-3'

Přidané báze jsou vyznačeny tučně, celé restriční místo je podtrženo. Nyní ještě přidáme na konec každého primeru dvě libovolné báze, aby restriční místa neležela na koncích, čímž je řešení dokončeno. Celé sekvence mohou tedy být (první dvě báze na 5'-konci jsou však libovolné) např.:

Forward primer: 5'-**CACATATGGCAGCACCTAGAATA**-3'

Reverse primer: 5'-**GTAAGCTTATTTAGCCCTTCCTAA**-3'

za správné řešení udělit další 3 body, resp. po 1,5 bodu za každý primer. Pokud budou přesahující sekvence na 5'-konci delší, uznávat za správné řešení, pokud budou chybět, snížit hodnocení o 0,5 bodu za daný primer.

U forward primeru musí být iniciační ATG kodon již součástí štěpícího místa, není možné předřadit toto místo před sekvenci genu, tedy 5'-CACATATGATGGCAGCACCTAGAATA-3', v tomto případě by se totiž exprimovaly dva kodony pro methionin místo jednoho. Toto řešení není možné uznat. U reverse primeru je žádoucí uvedené řešení se začleněním části stop kodonu do restričního místa, primer je kratší a levnější (byť ne o mnoho). Varianta s vypsáním celého stop kodonu před restrič-

ní místo, tedy 5'-GTAAGCTTTTATTTAGCCCTTCCTAA-3' je sice méně efektivní, ale funkční, proto snižovat hodnocení jen o 0,5 bodu.

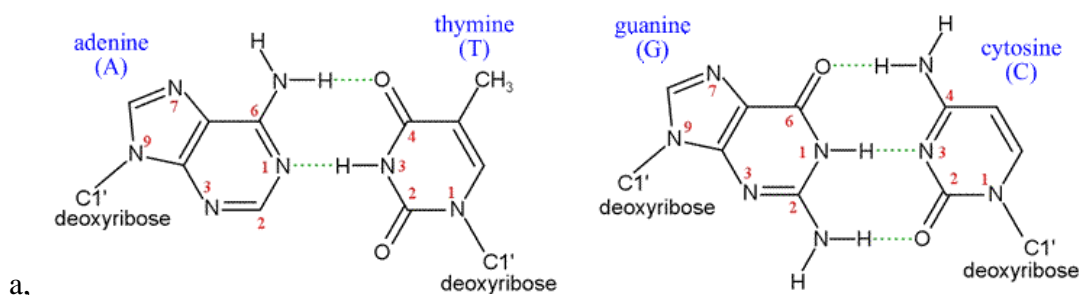
3. Jedná se o to, aby během PCR reakce ve fázi nasedání primeru na templát (tzv. annealing), kdy dochází k hybridizaci komplementárních řetězců DNA, byl vzniklý útvar (krátký úsek dvouvláknové DNA) dostatečně stabilní a umožnil tak DNA polymerase zahájit syntézu nového vlákna. Energie párování obou vláken je dána jednak délkou tohoto úseku, ale také poměrem AT párů ku GC párům v tomto úseku, protože GC páry jsou díky 3 vodíkovým můstkům (oproti 2 můstkům u AT párů) mnohem stabilnější. Délka 18 nukleotidů zde představuje minimální vhodnou délku primeru, pokud neuvažujeme jeho sekvenci. V praxi je nutné délku primerů optimalizovat s ohledem na jejich sekvenci tak, aby se výsledná teplota párování (nasedání) prodanou dvojicí primerů vzájemně významně nelišila.

1 bod

Úloha 2

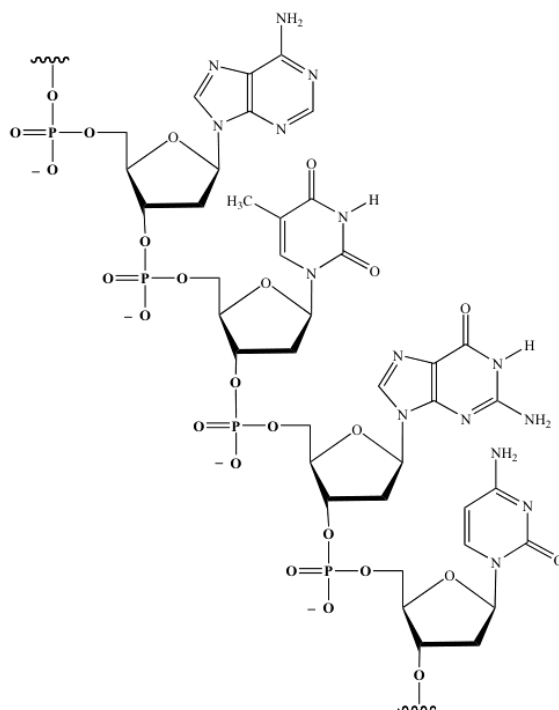
4 body

1.



1 bod

V nukleotidu ke každé bázi náleží ještě zbytek deoxyribosy a kyseliny fosforečné:



1 bod za kterýkoli správně nakreslený nukleotid

Řešení krajského kola ChO kat. A a E 2014/2015

Vzorek DNA ze zadání má hmotnostní koncentraci $w = A_{260} \cdot 50 \mu\text{g/ml} = 0,27 \cdot 50 = 13,5 \mu\text{g/ml}$.

V uvažované kapičce je tedy $m = w \cdot V = 13,5 \mu\text{g/ml} \cdot 0,003 \text{ ml} = 40,5 \text{ ng DNA}$.

Počet nukleotidových párů ve vzorku pak je:

$$N = m / (M / N_A) = 40,5 \cdot 10^{-9} \text{ g} / (660 \text{ g} \cdot \text{mol}^{-1} / 6,022 \cdot 10^{23} \text{ mol}^{-1}) = 3,6953 \cdot 10^{13},$$

kde M je molární hmotnost průměrného páru bází a N_A Avogadrova konstanta.

Celková délka tohoto počtu párů bází tedy je:

$$l = N \cdot l_0 = 3,6953 \cdot 10^{13} \cdot 3,4 \cdot 10^{-10} \text{ m} = 12564 \text{ m} = 12,5 \text{ km},$$

kde l_0 značí vzdálenost dvou párů bází. Výsledek se může jevit poněkud překvapivě, je ale třeba si uvědomit, že v jediné lidské buňce jsou asi 2 m DNA.

2 body

PRAKTICKÁ ČÁST (40 BODŮ)

Úloha 1 Jodometrické stanovení fenolu

40 bodů

1. Jodometrické stanovení

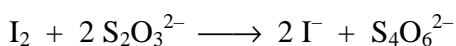
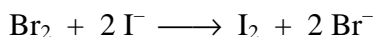
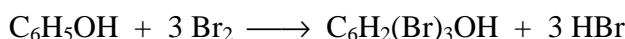
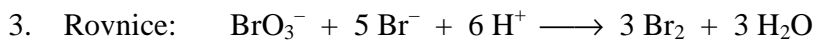
odchylka:	počet bodů:
0,0 – 0,3 ml	13
0,3 – 1,3 ml	$13 \times (1,3 - \text{odchylka [ml]})$
$\geq 1,3$ ml	0

Odchylka se udává v absolutní hodnotě v ml od hodnoty **experimentálně** zjištěné organizátory soutěže, body se uvádí s přesností na 0,25 bodu; celkem nejvýše 13 bodů

2. Slepý pokus:

odchylka:	počet bodů:
0,0 – 0,3 ml	13
0,3 – 1,3 ml	$13 \times (1,3 - \text{odchylka [ml]})$
$\geq 1,3$ ml	0

Odchylka se udává v absolutní hodnotě v ml od hodnoty **experimentálně** zjištěné organizátory soutěže, body se uvádí s přesností na 0,25 bodu; celkem nejvýše 13 bodů



za každou správně vyčíslenou rovnicí 1 bod; celkem 4 body

4. Výpočet:

$$m(\text{fenol}) = \frac{5}{6} \cdot M(\text{fenol}) \cdot c(\text{Na}_2\text{S}_2\text{O}_3) \cdot (V_0 - V_{\text{st}}) \quad [\text{mg}]$$

Konstanta $\frac{5}{6}$ zahrnuje zředovací faktor 5 (pipetováno 20 ml z celkových 100 ml) a stechiometrický poměr $\frac{n(\text{fenol})}{n(\text{Na}_2\text{S}_2\text{O}_3)} = \frac{1}{6}$ vyplývající ze stechiometrických koeficientů uvedených reakcí.

trický poměr $\frac{n(\text{fenol})}{n(\text{Na}_2\text{S}_2\text{O}_3)} = \frac{1}{6}$ vyplývající ze stechiometrických koeficientů uvedených reakcí.

$m(\text{fenol})$ [mg] hmotnost fenolu ve vzorku

$M(\text{fenol}) = 94,111 \text{ g} \cdot \text{mol}^{-1}$ molární hmotnost fenolu

$c(\text{Na}_2\text{S}_2\text{O}_3)$ [$\text{mol} \cdot \text{dm}^{-3}$] koncentrace odměrného roztoku thiosíranu

V_0 [ml] spotřeba při slepém pokusu

V_{st} [ml] spotřeba při stanovení

za správný výpočet 10 bodů

(pokud je výpočet proveden správně, ale s chybnými koeficienty z rovnic, body se strhávají pouze u rovnic, nikoliv zde)

POKYNY PRO PŘÍPRAVU PRAKTICKÉ ČÁSTI

Úloha 1 Jodometrické stanovení fenolu

Chemikálie:

- fenol p.a.
- $\text{Na}_2\text{S}_2\text{O}_3 \cdot 5\text{H}_2\text{O}$ p.a.
- KBrO_3 p.a.
- KBr p.a.
- H_2SO_4 p.a. 98%
- KI p.a.
- Na_2CO_3 p.a.
- škrob rozpustný p.a.
- destilovaná voda

Činidla (vždy pro 4 soutěžící dohromady):

Roztok jodidu draselného (0,75 mol·dm⁻³):

125 g jodidu draselného se rozpustí v 500 ml destilované vody a doplní na objem 1000 ml.

Roztok bromid-bromičnanu:

2,67 g bromičnanu draselného a 11,2 g bromidu draselného se rozpustí v destilované vodě a doplní na objem 2 000 ml.

Roztok thiosíranu sodného o koncentraci (cca 0,1 mol·dm⁻³):

V destilované vodě se rozpustí 50 gramů pentahydrátu thiosíranu sodného a 1 gramu uhličitanu sodného. Roztok se doplní na objem 2000 ml. *Roztok se připravuje týden před použitím.*

Pro účely úlohy není třeba roztok standardizovat (hodnotí se spotřeby), ale je třeba soutěžícím na zásobní láhev uvést nějakou hodnotu „přesné“ koncentrace v mol·dm⁻³ s přesností na 4 desetinná místa (např. 0,1027 mol dm⁻³).

Kyselina sírová, ředěná (1:5):

Do 1000 ml destilované vody se opatrně za míchání a chlazení vlije 200 ml kyseliny sírové.

Škrobový maz:

1 gram škrobu se smíchá s 50 ml destilované vody a suspenze se pomalu vlije do 500 ml vroucí vody. Je-li roztok kalný, okamžitě se ještě horký zfiltruje. Uchovává se v uzavřené reagenční láhvi. Pokud se škrobový maz barví jodem do fialova, je potřeba připravit čerstvý roztok. Škrobový maz připravujeme vždy čerstvý.

Zásobní roztok fenolu (cca 0,1 mol·dm⁻³):

0,94111 g fenolu se rozpustí v destilované vodě a doplní na objem 100 ml.

Předkládaný vzorek:

Do odměrné baňky 100 ml se napipetuje 15 ml zásobního roztoku a baňka se označí „VZOREK“.

Poznámky – v krajním případě lze použít:

- místo Erlenmayerovy baňky se zábrusem a zátkou varné baňky s plochým dnem se zábrusem a zátkou
- místo fenolu p.a. fenol čistý