ชื่อเรื่องวิทยานิพนธ์ การประยุกต์ใช้เทคนิควิสิเบิลและเนียร์อินฟราเรดสเปกโทรสโกปีเพื่อตรวจสอบการปนเปื้อนของเชื้อ *Aspergillus flavus* บนเมล็ดข้าวโพด

ผู้เขียน นาย ธวัชชัย เพชรแก้ว

ปริญญา วิทยาศาสตรมหาบัณฑิต (เกษตรศาสตร์) พืชไร่

คณะกรรมการที่ปรึกษาวิทยานิพนธ์

รศ.ดร. สุชาดา เวียรศิลป์	อาจารย์ที่ปรึกษาหลัก
ผศ.ดร. สงวนศักดิ์ ธนาพรพูนพงษ์	อาจารย์ที่ปรึกษาร่วม
ผศ. ดร. เกวลิน คุณาศักดากุล	อาจารย์ที่ปรึกษาร่วม

บทคัดย่อ

การวิจัยนี้มีวัตถุประสงค์เพื่อหาวิธีการตรวจสอบเชื้อรา *A. flavus* ที่ปนเปื้อนในเมล็ดข้าวโพดโดยประยุกต์ใช้เทคนิค VIS/NIR spectroscopy โดยการวัดสเปกตรัมของเส้นใยเชื้อรา *A. flavus* เปรียบเทียบกับเส้นใยของเชื้อรา *A. niger* ด้วยเครื่อง NIRSystem6500 ในช่วงความยาวคลื่น 400-2500 นาโนเมตร พบว่าช่วงความยาวคลื่น 400-700 นาโนเมตร เชื้อรา *A. flavus* มีค่าการดูดกลืนแสงต่ำกว่าเชื้อรา *A. niger* ส่วนที่ความยาวคลื่น 700-2500 นาโนเมตร เชื้อรา *A. flavus* มีค่าการดูดกลืนแสงสูงกว่าเชื้อรา *A. niger* เมื่อนำข้อมูลสเปกตรัมของเชื้อราทั้งสองชนิดมาวิเคราะห์ด้วยเทคนิค principle component analysis (PCA) พบว่าสเปกตรัมของเชื้อรา *A. flavus* และ *A. niger* สามารถแยกออกจากกันได้อย่างชัดเจน และเมื่อนำสปอร์ของเชื้อรา *A. flavus* เลี้ยงบนเมล็ดข้าวโพด แล้วจึงนำเมล็ดปกติผสมกับเมล็ดที่มีการเข้าทำลายของเชื้อราที่ระดับ 5, 10, 15 และ 20 %โดยน้ำหนัก วัดสเปกตรัมของส่วนผสมในเมล็ดไม่บดด้วยอุปกรณ์เสริม transportation module with coarse sample cell, transportation module with pasting cell และบดด้วยอุปกรณ์เสริม transportation module with pasting cell, spinning module with standard cup สร้างสมการ

ลิขสิทธิ์มหาวิทยาลัยเชียงใหม่
Copyright© by Chiang Mai University
All rights reserved

เทียบมาตรฐานด้วยเทคนิค PLSR ทำนายปริมาณการผสมเมล็ดข้าวโพดที่ปนเปื้อนเชื้อราพบว่ามีค่าสัมประสิทธิ์สหสัมพันธ์ (R) เท่ากับ 0.94, 0.80, 0.98 และ 0.97 ตามลำดับ ค่าความคลาดเคลื่อนจากการประเมิน (SEC) เท่ากับ2.29, 4.18, 1.17 และ 1.52 % ตามลำดับ ค่าความคลาดเคลื่อนจากการทำนาย (SEP) เท่ากับ 4.18, 2.51, 1.32 และ 1.64 % ตามลำดับ และค่าอัตราส่วนของค่าเบี่ยงเบนมาตรฐานของกลุ่มทดสอบต่อค่า SEP (RPD) เท่ากับ 2.68, 1.74, 5.36 และ 4.21 ตามลำดับ

เมล็ดข้าวโพดไม่บด และบดปกติกับเมล็ดข้าวโพดไม่บด และบดที่ผสมด้วยเมล็ดที่ถูกเชื้อราเข้าทำลายสามารถแยกออกจากกันอย่างชัดเจนด้วยเทคนิค PCA โดยแยกได้ตั้งแต่ระดับการผสมด้วยเมล็ดที่ถูกเชื้อราเข้าทำลายที่ 10, 5, 5 และ 5 % ขึ้นไปตามลำดับ จากสมการทำนายปริมาณการผสมเมล็ดข้าวโพดที่ถูก เชื้อราเข้าทำลาย พบว่าเมล็ดไม่บดสามารถตรวจสอบการเข้าทำลายของเชื้อรา *A. flavus* ได้ โดยอุปกรณ์เสริม transportation module with coarse sample cell มีความแม่นยำสูงกว่า transportation module with pasting cell แต่อย่างไรก็ตามเมล็ดบดสามารถตรวจสอบการเข้าทำลายของเชื้อรา *A. flavus* ได้โดยอุปกรณ์เสริม transportation module with pasting cell มีความแม่นยำสูงกว่า spinning module with standard cup ตามลำดับ

สร้างสมการโดยหาความสัมพันธ์ระหว่างข้อมูลสเปกตรัมและปริมาณสารพิษอะฟลาทอกซินที่วิเคราะห์ได้จากวิธีเคมีของตัวอย่างข้าวโพดที่เก็บรักษาไว้ 0, 1, 2 และ 3 เดือนโดยมีตัวอย่าง ไม่บดและบด แปลงข้อมูลสเปกตรัมของตัวอย่าง พบว่ามีค่า R, SEC, SEP และ RPD เท่ากับ 0.30 และ 0.44, 13.98 % และ 13.04 %, 14.88 % และ 15.86 %, 0.28 และ 0.40 ตามลำดับ ค่า RPD และ ค่า R ของสมการปริมาณอะฟลาทอกซินของข้าวโพด อยู่ในระดับต่ำ ไม่สามารถทำนายปริมาณสารพิษอะฟลาทอกซินได้ รวมทั้งไม่สามารถทดสอบสมการที่สร้างขึ้นด้วยข้าวโพดจากแหล่งอื่นได้

ลิขสิทธิ์มหาวิทยาลัยเชียงใหม่
Copyright© by Chiang Mai University
All rights reserved

Thesis Title	Application of Visible/Near Infrared Spectroscopy Technique for Detecting Contamination of *Aspergillus flavus* on Maize Seed
Author	Mr. Thawatchai Phetkaeo
Degree	Master of Science (Agriculture) Agronomy
Thesis Advisory Committee	Assoc. Prof. Dr. Suchada Vearasilp — Advisor Asst. Prof. Dr. Sa-nguansak Thanapornpoonpong — Co-advisor Asst. Prof. Dr. Kaewalin Kunasakdakul — Co-advisor

Abstract

The objective of this study was application of visible/near infrared spectroscopy technique for detection of *Aspergillus flavus* contaminated on maize seed. The spectra of *A. flavus* and *A. niger* hyphae were measured by NIRSystem6500 in wavelength range 400-2500 nm. The absorbance of *A. flavus* hyphae was lower than *A. niger* in wavelength range 400-700 nm and it was higher than *A. niger* in 700-2500 nm. The principle component analysis (PCA) showed clear separation of *A. flavus* and *A. niger* spectrums. The spore of *A. flavus* was inoculated on maize seed. After that the infected seed were mixed into normal seed at 5, 10, 15 and 20% by weight. Whole grain and ground grain sample were scanned spectral data with transportation module with coarse sample cell, transportation module with pasting cell and transportation module with pasting cell, spinning module with standard cup. The calibration equations to predict the infected quantities of contaminated seed were developed by partial least squares regression (PLSR). PLSR model of whole grain and ground grain sample obtained the value of the correlation coefficient (R) were 0.94, 0.80, 0.98 and 0.97 respectively, the standard errors of calibration (SEC) were 2.29, 4.18, 1.17 and 1.52 % respectively, the standard errors of prediction

ลิขสิทธิ์มหาวิทยาลัยเชียงใหม่
Copyright© by Chiang Mai University
All rights reserved

(SEP) were 4.18, 2.51, 1.32 and 1.64 % respectively. In addition the ratios of standard deviation of reflectance data in validation set to SEP (RPD) were 2.68, 1.74, 5.36 and 4.21 respectively.

PCA technique could clearly separated the spectra at each level. Mixing at 10, 5, 5 and 5% by weight were the lowest determination levels of whole grain and ground grain sample respectively. The calibration equation to predict the amount of corn that has been mixed with fungal infection was whole grain sample and used the accessories with transportation module with pasting cell more precisely than spinning module with standard cup. However, the calibration equation of ground grain sample can predict the amount of corn that has been mixed with fungal infection and used the accessories with transportation module with pasting cell more precisely than spinning module with standard cup respectively.

The calibrations equation to correlation between spectral data and aflatoxin value of maize seed sample stored for 0, 1, 2 and 3 months. It was found that the calibration equation of whole grain and ground grain samples were 0.30 and 0.44, 13.98 % and 13.04 %, 14.88 % and 15.86 %, 0.28 and 0.40 respectively. The low RPD and R values of the equation for aflatoxin content of whole grain and ground grain and can't predict the amount of aflatoxin, as well as to developed calibration equation was tested with the unknown sample set.

ลิขสิทธิ์มหาวิทยาลัยเชียงใหม่
Copyright© by Chiang Mai University
All rights reserved