บทที่ 5

สรุปผลการทดลอง

5.1 สรุปผลการทดลอง

1. เทคนิค VIS/NIR spectroscopy สามารถตรวจสอบการปนเปื้อนของเชื้อรา *A. flavus* ในเมล็ดข้าวโพดไม่บดและบดได้โดยสำหรับเมล็ดไม่บดสร้างสมการเทียบมาตรฐานด้วยเทคนิค PLSR ทำนายปริมาณการผสมเมล็ดข้าวโพดที่ปนเปื้อนเชื้อรา ด้วยอุปกรณ์เสริม transportation module with coarse sample cell และ transportation module with pasting cell แปลงข้อมูลสเปกตรัมด้วยวิธี smooting 10 ร่วมกับ 2^{nd} derivative 5 (5 nm averaging for left and right side) และวิธี 2^{nd} derivative 5 (5 nm averaging for left and right side) ที่ช่วงความยาวคลื่น 1130-2468 นาโนเมตรและ 1110-2450 นาโนเมตร พบว่ามีค่า R, SEC, SEP, Bias และ RPD เท่ากับ 0.94 และ 0.80, 2.29 % และ 4.18 %, 2.51 % และ 4.08 %, -0.02 % และ 0.54 %, 2.68 และ 1.74 ตามลำดับ เมล็ดข้าวโพดปกติกับเมล็ดข้าวโพดที่ผสมด้วยเมล็ดที่ปนเปื้อนเชื้อรา สามารถแยกออกจากกันอย่างชัดเจนด้วยเทคนิค PCA โดยแยกได้ตั้งแต่ระดับการผสมด้วยเมล็ดที่ปนเปื้อนเชื้อราที่ 10 % และ 5 % ขึ้นไปตามลำดับ

สำหรับเมล็ดข้าวโพดบดสร้างสมการเทียบมาตรฐานด้วยเทคนิค PLSR ทำนายปริมาณการผสมเมล็ดข้าวโพดที่ปนเปื้อนเชื้อรา ด้วยอุปกรณ์เสริม transportation module with pasting cell และ spinning module with standard cup แปลงข้อมูลสเปกตรัมด้วยวิธี MSC ร่วมกับ 2^{nd} derivative 5 (5 nm averaging for left and right side) และ 2^{nd} derivative 5 (5 nm averaging for left and right side) ที่ช่วงความยาวคลื่น 1110-2480 นาโนเมตรและ 1110-2488 นาโนเมตร พบว่ามีค่า R, SEC, SEP, Bias และ RPD เท่ากับ 0.98 และ 0.97 , 1.17 % และ 1.52 %, 1.32 % และ 1.64 % , 0.38 % และ 0.10 %, 5.36 และ 4.21 ตามลำดับ เมล็ดข้าวโพดบดปกติกับเมล็ดข้าวโพดบดที่ผสมด้วยเมล็ดที่ปนเปื้อนเชื้อราสามารถแยกออกจากกันอย่างชัดเจนด้วยเทคนิค PCA โดยแยกได้ตั้งแต่ระดับการผสมด้วยเมล็ดบดที่ปนเปื้อนเชื้อราที่ 5 % ขึ้นไป จากสมการทำนายปริมาณการผสมเมล็ดข้าวโพดที่ปนเปื้อนเชื้อรา พบว่าเมล็ดไม่บดสามารถตรวจสอบการปนเปื้อน ของเชื้อรา *A. flavus* ได้ โดยอุปกรณ์เสริม transportation module with coarse sample cell มีความแม่นยำสูงกว่า transportation module with pasting cell แต่อย่างไรก็ตามเมล็ดบดสามารถตรวจสอบการปนเปื้อนของเชื้อรา

ลิขสิทธิ์มหาวิทยาลัยเชียงใหม่
Copyright© by Chiang Mai University
All rights reserved

A. flavus ได้โดยอุปกรณ์เสริม transportation module with pasting cell มีความแม่นยำสูงกว่า spinning module with standard cup ตามลำดับ

2. การสร้างสมการโดยหาความสัมพันธ์ระหว่างข้อมูลสเปกตรัมและปริมาณสารพิษอะฟลาทอกซินที่วิเคราะห์ได้จากวิธีเคมีของตัวอย่างข้าวโพดที่เก็บรักษาไว้ 3 เดือนโดยมีตัวอย่างไม่บดและบด แปลงข้อมูลสเปกตรัมของตัวอย่างไม่บดและบด ด้วยวิธี วิธี MSC ร่วมกับ 1st derivative 10 (5 nm averaging for left and right side) สำหรับตัวอย่างไม่บดที่ช่วงความยาวคลื่น 1350-2478 นาโนเมตร พบว่ามีค่า R, SEC, SEP, Bias และ RPD เท่ากับ 0.30, 13.98 %, 14.88 %, 0.91% และ 0.28 ตามลำดับ สำหรับตัวอย่างบดที่ช่วงความยาวคลื่น 1150-2488 นาโนเมตร พบว่ามีค่า R, SEC, SEP, Bias และ RPD เท่ากับ 0.44, 13.04 %, 15.86 %, -0.70 % และ 0.40 ตามลำดับ

3. ค่า RPD และ ค่า R ของสมการปริมาณอะฟลาทอกซินของข้าวโพดกรรมวิธีที่ 1 และ 2 ของเดือนที่ 0, 1, 2 และ 3 อยู่ในระดับต่ำ ไม่สามารถทำนายปริมาณสารพิษอะฟลาทอกซินได้ รวมทั้งไม่สามารถทดสอบสมการที่สร้างขึ้นด้วยข้าวโพดจากแหล่งอื่นได้

5.2 ข้อเสนอแนะ

1. การวิเคราะห์ข้อมูลสเปกตรัมของเมล็ดข้าวโพดเลี้ยงสัตว์ที่ปนเปื้อนด้วยเชื้อ *A. flavus* ที่ระดับต่างๆในการศึกษาครั้งต่อไปควรผสมเมล็ดที่มีเชื้อเข้าทำลายมาผสมกับเมล็ดข้าวโพดปกติในอัตราส่วนน้อยกว่า 5 % เพื่อความแม่นยำในการทำนายมากยิ่งขึ้น

2. ควรมีการศึกษาการเข้าทำลายของเชื้อชนิดอื่นๆที่มีความสำคัญ เช่น *Penicillium sp.* เป็นต้น เพื่อความหลากหลายในการตรวจสอบการปนเปื้อนของเชื้อที่มีความสำคัญต่อข้าวโพด

3. การสร้างสมการเพื่อทำนายองค์ประกอบทางเคมี ควรคำนึงถึงข้อมูลที่ได้จากการวิเคราะห์ทางเคมีที่มีความแม่นยำและมีการกระจายของข้อมูลที่สม่ำเสมอจึงจะทำให้ได้สมการที่มีความแม่นยำสูง

ลิขสิทธิ์มหาวิทยาลัยเชียงใหม่
Copyright© by Chiang Mai University
All rights reserved