

NIR와 濕式方法을 통한 麥酒보리의 蛋白質含量分析比較

김 병 주, 서 득 용, 서 형 수

Comparisons Between Micro-Kjeldahl and Near Infrared Reflectance Spectroscopy Protein Content Analysis of Malting Barley

Dyung-Joo Kim, Duck-Yong Suh, Hyung-Soo Suh

研究目的

麥酒보리 品質에 있어서 重要한 蛋白質의 分析을 濕式方法으로도 할수 있으나 NIR을 利用함으로 迅速, 定確하면서 多量을 分析할 수 있어서 品種 育成 過程에 있는 많은 後期系統들을 早期에 檢定하고자 함.

材料 및 方法

NIR分析機의 最適檢量線을 作成하고자 1992年 嶺試에서 育成하여 生本에 供試된 70系統에 대한 蛋白質含量을 Micro-Kjeldahl法으로 測定하고 이중 52系統으로 4個의 檢量線을 作成하였으며 나머지 18系統은 最適의 檢量線을 作成하는데 利用하였다. 이같이 作成된 檢量線으로 1993年 嶺試圃場에서 栽培된 31系統을 利用 蛋白質含量分析을 實施하였다. NIR Spectroscopy의 機種은 Filter-type instruments 인 Neotec102(1901-2320 nm)이며 檢量線作成方法은 MLR(Multipul-Linear Regression)方式으로 하였다.

結果 및 考察

1. NIR을 利用하여 檢量線을 作成한 52系統들의 蛋白質含量 波長은 각각 1941nm, 2086nm, 2095nm 및 2282nm였다.
2. 檢量線중 2086nm에서 蛋白質含量을 測定한 結果는 SEC 값이 0.328이었고 R^2 (Coefficient of Multipul Determination) 값은 0.949 로 高度의 有意相關이 認定되어 4個의 檢量線중 가장 優秀하였고 이 檢量線에서의 平均蛋白質含量은 Micro-Kjeldahl法이 10.6%, NIR法은 10.585%였고 範圍는 각각 8.663-12.658%, 8.797-12.349%을 보였다.
3. 波長 2086nm에서 測定한 檢量線으로 나머지 18系統을 比較한 結果 다른 檢量線에 비해 SDD가 0.467, SEP가 0.425, R^2 가 0.946 으로서 優秀함이 確認되었고 平均 蛋白質含量도 Micro-Kjeldahl法の 10.250%에 가까운 10.247%로 나타났다.
4. 最適의 檢量線으로 '93년에 供試된 31系統과 比較한 成績은 SDD가 0.685, SEP가 0.666, R(Simple Correlation)이 0.907 이었으며 Bias값은 0.645였다. 蛋白質含量은 Micro-Kjeldahl法은 平均 10.168%, NIR法은 10.814%였고 範圍는 각각 7.583-14.292%, 8.630-13.926%로 약간의 差異가 있었다.
5. 最適의 檢量線에서 Bias값을 補正해주었을때 SDD, SEP, R값은 變함이 없었으나 蛋白質含量은 Micro-Kjeldahl法은 平均 10.168%, NIR法은 10.085%, 範圍는 각각 7.583-14.292%, 7.901-13.197%로서 Bias값을 補正해주기 前보다 平均 蛋白質含量이 훨씬 近接된 값을 나타내었다.
6. R(Simple Correlation)값이 0.907 로서 高度의 有意性이 認定되므로 처음에 作成한 檢量線으로 Bias값만 補正해준다면 많은 系統들의 蛋白質含量을 分析할 수 있을 것으로 期待된다.

Table 1. Validation data of percent predict compared each calibration equation with 18 cultivars harvested in 1992

Calibration equation nm.	samples	laboratory	predicted	SDD	SEP	R ²	bias	slope
		\bar{x}	\bar{x}					
2095	18	10.250	10.238	0.497	0.464	0.935	-.127E-01	1.711
1941	18	10.250	10.272	0.460	0.430	0.945	.211E-01	1.152
2282	18	10.250	10.237	0.459	0.429	0.945	-.137E-01	1.151
2086	18	10.250	10.247	0.467	0.425	0.946	-.314E-01	1.186

SDD = standard deviation of differences SEP = standard error of performance
 R² = coefficient of multiple determination

Table 2. Comparisons of coefficient of multiple determination, means and range values between kjeldahl and NIR protein analysis of malting barley

Samples	R ²	Protein concentration		Percent range	
		\bar{x} (Kjeldahl)	\bar{x} (NIR)	(Kjeldahl)	(NIR)
52	0.949	10.600	10.585	8.663-12.658	8.797-12.349

Table 3. Validation data compared the best calibration equation with 31 cultivars harvested in 1993

Samples	Protein concentration				SDD	SEP	R	bias	slope
	\bar{x} (kjeldahl)	\bar{x} (NIR)	Percent range						
			(kjeldahl)	(NIR)					
31	10.168	10.814	7.583~14.292	8.630~13.926	0.685	0.666	0.907	0.645	1.125

R = simple correlation

Table 4. Validation data compared the best calibration equation after adjusted bias with 31 cultivars harvested in 1993

Samples	Protein concentration				SDD	SEP	R	bias	slope
	\bar{x} (kjeldahl)	\bar{x} (NIR)	Percent range						
			(kjeldahl)	(NIR)					
31	10.168	10.085	7.583~14.292	7.901~13.197	0.685	0.666	0.907	-.835E-01	1.125

R = simple correlation

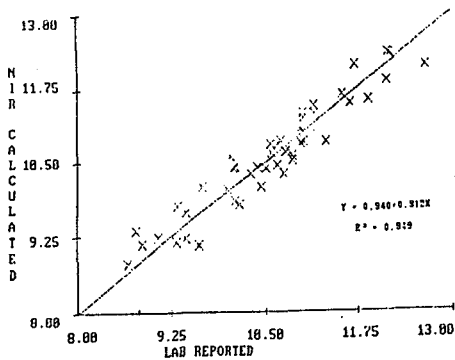
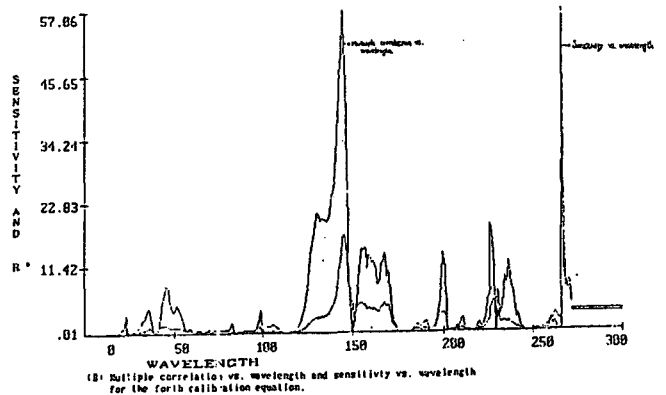


Fig. 1. (A) The curve obtained by plotting values derived from the NIR and kjeldahl assay.



(B) Multiple correlation vs. wavelength and sensitivity vs. wavelength for the fourth calibration equation.