

근적외 분광분석법을 이용한 완두 단백질 분석시 수분이
스펙트럼과 검량식에 미치는 영향
영남농업시험장 : 김병주, 정찬식, 권일찬, 한원영, 곽용호

**Effect of Moisture to NIR spectrum and Calibration Development
in Pea Protein Constituent Analysis Using
Near Infrared Reflectance Spectroscopy**

NYAES : B. J. Kim, C. S. Jung, Y. C. Kwon, W. Y. Han and Y. H. Kwack

연구목적

비파괴 분석이며 신속한 분석법인 근적외 분광분석법을 이용하여 완두 단백질함량을 분석하고자 할 때, 수분이 근적외 분광분석의 스펙트럼과 검량식작성에 미치는 영향을 구명하여 근적외 분광분석법의 기초자료로 이용하고자 실험을 실시하였다.

재료 및 방법

완두 90 계통을 Heico sample mill 을 이용하여 시료를 분쇄하고 일정량을 분배하여 화학분석 및 근적외 분광분석법을 실시하였다. 단백질에 대한 화학분석은 질소자동분석기(Leco 40) 을 이용하여 분석하였으며 근적외 분광분석은 근적외 분광광도계 NIR 6500 을 이용하여 스펙트럼을 얻고 NSAS 프로그램을 이용하여 미분변환 및 중회귀분석을 실시하여 검량식을 작성하였다. 그리고 수분이 미치는 영향을 구명하고자 근적외 분광분석을 실시한 시료를 다시 130℃ 건조기에 1시간 동안 건조시킨 후 위와 동일한 방법으로 근적외 분광분석을 실시하여 검량식을 작성하고 스펙트럼을 얻었다.

결과 및 고찰

1. 수분을 완전히 제거하기 전의 시료에 대해 Standard regression 방법과 Automatic regression 방법으로 검량식을 작성한 결과 단순상관계수(r)가 0.976 및 0.978 로 나타났으나 수분을 완전히 제거하고 난 후는 0.978 및 0.980 으로 나타나 수분을 완전히 제거하고 난 후에 작성한 검량식에서 다소 정확성이 향상된 검량식을 얻을 수 있었다.
2. PCA/PLS 방법으로 검량식을 작성한 결과 역시 수분을 제거하고 난 후의 검량식에서 단순상관계수가 0.982 를 나타내었으며 표준오차도 0.346 으로 나타나 정확성이 향상되는 경향을 나타내었다.
3. 근적외 스펙트럼에서도 1496 nm와 1978 nm에서 수분을 제거하고 난 후에 선명한 스펙트럼을 얻을 수 있어 수분을 완전히 제거하고 난 후에 검량식을 작성하는 것이 근적외 분광분석법을 이용한 완두 단백질분석시 용이할 것으로 생각되었다.

Table 1. Composition of pea sample sets

Constituent	Calibration(No. = 61)				Prediction(No. = 29)			
	High	Low	Mean	SD	High	Low	Mean	SD
Protein	34.4	23.1	27.7	2.5	31.1	23.4	27.6	2.3
Protein(dry)	30.4	20.5	24.5	2.2	27.6	20.7	24.4	2.1

SD = Standard deviation

Table 2. Near infrared reflectance(NIR) spectroscopy analysis of protein constituent in pea : Standard and automatic regression method

Constituent	NIR Method	Format	Wavelength(nm)	MR ¹	SEP ²	r ³
Protein	SR ⁴	D2OD ⁶	1976/1508/1606/898	0.994	0.488	0.976
	Auto ⁵	D2OD	1390/1990/2470/1900/1540/2020	0.962	0.467	0.978
Protein (dry)	SR	D2OD	1978/1508/2074/2148	0.994	0.430	0.978
	Auto	D2OD	1900/1630/1510/550/2410/1690/1990	0.957	0.408	0.980

¹ MR = Multiple correlation²SEP = Standard error of performance³r = Simple correlation⁴SR = Standard regression method⁵Auto = Automatic regression⁶D2OD= Second deviation of the log I/R signal**Table 3. Near infrared reflectance(NIR) spectroscopy analysis of protein constituent in pea : Principal component analysis(PCA)/partial least square regression(PLS)**

Constituent	Format	Wavelength(nm)	Factor	MR	SEP	r
Protein	D2OD(10/20) ¹	1100 ~ 2500	11	0.998	0.446	0.980
Protein(dry)	D2OD(10/20)	1100 ~ 2500	12	0.998	0.395	0.982

¹10/20 = Segment size : 10, Gap size : 20