

NIRS를 이용한 참깨 리그난 함량분석

목포대학교 : 김관수[†], 박시형, 김시정

삼척대학교 : 정명근

Determination of Lignan Content in Sesame Seed by Near Infrared Reflectance Spectroscopy

Mokpo Nat'l University : Kwan-Su Kim*, Si-Hyung Park, Si-Jeong Kim

Samcheok Nat'l University : Myoung-Gun Choung

실험목적

참깨(*Sesame indicum* L.) 종실에는 항산화물질인 lignan이 함유되어 있으며 참깨 품질 평가에서 중요한 지표성분으로 알려져 있다. 항산화물질의 정량법은 주로 HPLC법을 이용하고 있으나, 실제 육종이나 품질평가에서 시료들의 리그난 함량을 측정하는데 시료 1 점당 10-30분 정도의 분석시간이 필요하며 컬럼, 용매 등의 분석재료가 소비된다. 본 실험은 참깨 성분육종이나 품질관리에 있어서 고속액체크로마토그라피(HPLC)법 보다 좀더 쉽고 빠르게 분석할 수 있으면서 실용적인 방법인 근적외분광분석기(NIRS)를 이용하여 리그난성분에 대한 비파괴 정량방법을 개발하고자 수행하였다.

재료 및 방법

○ 공시재료 및 리그난 추출

- 참깨 유전자원 84점

- 추출방법: 참깨 종실 1-4g → 전량분쇄(Homogenizer 이용) → n-Hexane, 1일 3회 상온 진탕추출 → 최종 100ml로 맞춤 (Hexane 추출물)

○ 전처리

- Hexane 추출물 10ml → 농축 → Methanol 3ml 첨가 및 추출(가온) → 냉동저장 1일(충분리) → 상층액 HPLC 기기주입

○ HPLC 조건

- 분석기기 : HPLC Agilent 1100 Series (Agilent Techn. Co.)

- 검출기 : UV 290 nm (1100 Series Diode-Array Detector)

- 컬럼 : Capcell Pak C18 UG 120 (5μm, 4.6×150mm, Shiseido co.)

- 이동상 : 75% Methanol /Water

- 유 속 : 1.0 ml/min.

○ 비파괴 NIRS 분석

- 기기: NIRSystem 6500 (Foss, Silver Spring, MD, USA)

- 스펙트럼 수집 파장: 400-2500nm, 2nm 간격

- 소프트웨어: WinISI II Ver. 1.60 (Infrasoft Int. Limited, PortMatilda, PA)

- Calibration set 시료: Mahalanobis' distance (H-distance) < 0.6

- 회귀분석: 변형부분최소자승법 MPLS (Modified partial least squares) regression

- Validation set 시료: Calibration set에서 사용되지 않은 미지의 시료

[†] Corresponding author: (Phone) 061-450-2661 (E-mail) kskim@mokpo.ac.kr

* 본 연구는 농촌진흥청 바이오그린21사업에 지원에 의해 수행되었음.

실험 결과

- 참깨 sesamin, sesamolin의 NIRS 분석을 위한 검량선은 수처리(math treatment) 2, 4, 4, 1 (2nd derivative, 4 nm gap, 4 points smoothing, and 1 point second smoothing) 조건과 변형부분최소자승법(MPLS)을 사용하여 작성하였다.
- 참깨 육종이나 품질평가에서 종실 시료를 비파괴 NIRS법으로 간단히 리그난 성분을 정량할 수 있어 계통선발 및 품질관리의 효율성을 높일 수 있는 것으로 판단되었다.

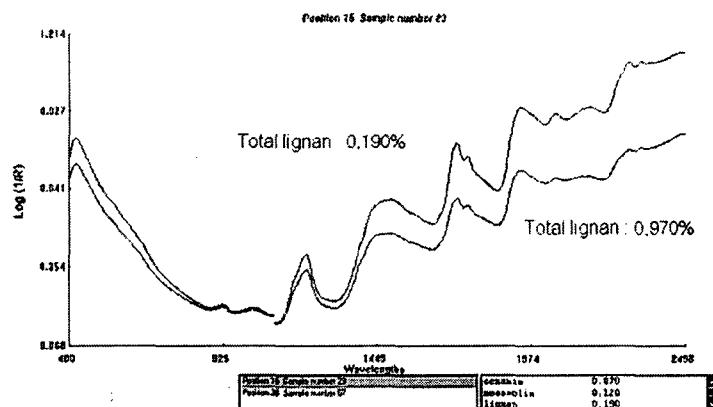


Fig. Raw spectra of NIRS with different lignan content in intact sesame seed samples.

Table. Parameters for optimal calibration and validation of sesamin, sesamolin and total lignan content from MPLS regression method.

Math treatment [¶]	Compound	Calibration set(n=49)		Validation set(n=35)	
		R ²	SEC	R ²	SEP
2,4,4,1	Sesamin	0.869	0.044	0.731	0.053
2,4,4,1	Sesamolin	0.815	0.032	0.694	0.041
2,4,4,1	Total	0.907	0.058	0.801	0.076

¶ Math treatment condition was 2nd derivative, 4 nm gap, 4 points smoothing, and 1 point second smoothing. R²: coefficient of determination, SEC: standard error of calibration, SEP: standard error of prediction.

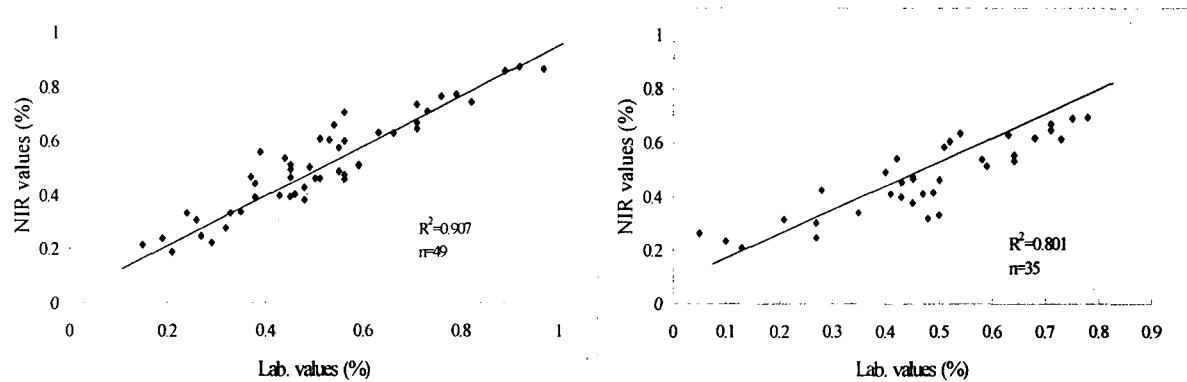


Fig. Scatter plots of total lignan content by HPLC versus by NIRS for calibration(left) and validation(right) sample set. Total lignan content is the sum of sesamin and sesamolin content.