

การใช้โดยเนียร์อินฟราเรดรีเฟลกแทนซ์สเปกโทรสโกปี เพื่อหาองค์ประกอบทางเคมีของข้าว ได้แก่ ปริมาณอมิโลส ปริมาณโปรตีน ปริมาณไขมันโดยรวม และปริมาณความชื้นของข้าวสาร 5 พันธุ์ ได้แก่ ชัยนาท 1 ปทุมธานี 1 ข้าวเจ้าหอมสุพรรณบุรี กข15 และขาวดอกมะลิ 105 โดยสร้างสมการทำนายปริมาณองค์ประกอบทางเคมีของข้าว และเปรียบเทียบความแม่นยำของเทคนิคเนียร์อินฟราเรดรีเฟลกแทนซ์สเปกโทรสโกปีกับวิธีทางเคมี ทำการสุ่มข้าวสารแต่ละพันธุ์มาวัดสเปกตรัมด้วยเครื่อง NIRSystem 6500 โดยวัดการสะท้อนกลับของแสงในช่วงความยาวคลื่น 1100-2500 นาโนเมตร นำข้าวสารที่วัดสเปกตรัมมาวิเคราะห์คุณภาพทางเคมีที่กล่าวมา ด้วยวิธีมาตรฐาน สร้างสมการถดถอยเชิงเส้นด้วยเทคนิค partial least squares regression (PLSR) พบว่า สมการที่สร้างขึ้นในการทำนายปริมาณอมิโลส ปริมาณโปรตีน ปริมาณไขมันโดยรวม และปริมาณความชื้น มีจำนวนแฟกเตอร์ (F) ที่ใช้ในการสร้างสมการ เท่ากับ 7, 6, 4 และ 4 ตามลำดับ ค่าสัมประสิทธิ์สหสัมพันธ์ (R) เท่ากับ 0.97, 0.95, 0.95 และ 0.93 ตามลำดับ ค่าผิดพลาดมาตรฐานในกลุ่มสร้างสมการ (SEC) เท่ากับ 1.57%, 0.15%, 0.13% และ 0.16% ตามลำดับ ค่าผิดพลาดมาตรฐานในกลุ่มทดสอบสมการ (SEP) เท่ากับ 1.81%, 0.19%, 0.14% และ 0.16% ตามลำดับ ค่าเฉลี่ยของผลต่างระหว่างค่าที่ได้จากวิธีอ้างอิงกับค่าที่ได้จาก NIR (bias) เท่ากับ 0.09%, 0.04%, 0.02% และ 0.02% ตามลำดับ และค่าอัตราส่วนของค่าเบี่ยงเบนมาตรฐานของกลุ่มทดสอบสมการต่อค่า SEP (RPD) เท่ากับ 3.30, 2.52, 3.01 และ 2.67 ตามลำดับ

จากการสร้างสมการทำนายปริมาณอมิโลสมีความแม่นยำสูงสุด รองลงมาคือ สมการทำนายปริมาณไขมันโดยรวม สมการทำนายปริมาณโปรตีน และสมการทำนายปริมาณความชื้นตามลำดับ

เมื่อทดสอบความแม่นยำของสมการด้วยข้าวจากแหล่งอื่น (unknown sample) จากการทำนายปริมาณอมิโลสมีค่า R, SEP และ bias เท่ากับ 0.96, 2.07% และ -1.17% ตามลำดับ ปริมาณไขมันโดยรวมมีค่า R, SEP และ bias เท่ากับ 0.27, 0.23% และ -0.59% ตามลำดับ และปริมาณความชื้นมีค่า R, SEP และ bias เท่ากับ 0.54, 0.56% และ -0.24% ตามลำดับ เมื่อเปรียบเทียบกับกลุ่มทดสอบสมการพบว่า สมการทำนายปริมาณอมิโลสมีความแม่นยำ ส่วนสมการทำนายปริมาณไขมันโดยรวมและปริมาณความชื้นไม่มีความแม่นยำ

Using near-infrared (NIR) reflectance spectroscopy determined rice chemical compositions such as amylose, protein, crude lipid and moisture content of 5 milled rice cultivars which were Chai Nat 1, Pathum Thani 1, Khao' Jow Hawm Suphan Buri, RD15 and Khao Dawk Mali 105. The calibration equations to predict chemical compositions of milled rice were developed and compared the precision of NIR reflectance spectroscopy to the reference of standard chemical analysis data. Each milled rice cultivars were random and measured the spectrum by NIRSystems 6500 in reflectance mode, wavelength range from 1100-2500 nm. Samples were analysed chemical compositions by standard method. Partial least squares regression (PLSR) was used to develop amylose, protein, crude lipid and moisture content calibration equations. The number of factors (F) used in the calibration equations were 7, 6, 4 and 4, respectively. The correlation coefficients (R) were 0.97, 0.95, 0.95 and 0.93, respectively. The standard errors of calibration (SEC) were 1.57%, 0.15%, 0.13% and 0.16%, respectively. The standard errors of prediction (SEP) were 1.81%, 0.19%, 0.14% and 0.16%, respectively. The averages of difference between actual and NIR values (bias) were 0.09%, 0.04%, 0.02% and 0.02%, respectively. In addition, the ratios of standard deviation of reference data in validation set to SEP (RPD) were 3.30, 2.52, 3.01 and 2.67, respectively.

These results indicated that the most precise calibration equation was the amylose content equation, followed by crude lipid, protein and moisture content equations, respectively.

The developed calibration equation was tested with the unknown sample set for their precision. Prediction values from the amylose content equation R, SEP and bias were 0.96, 2.07% and -1.17%, respectively, from the crude lipid were -0.27, 0.23% and -0.59%, respectively and from the moisture content were 0.54, 0.56% and -0.24%, respectively. Afterward, they were compared with the validation sample set. The amylose content calibration equation display the most precise results, in contrast to the crude lipid and moisture content calibration equations, which lack precision.