

บทที่ 5

สรุปและวิจารณ์ผลการคำนวณ

5.1 วิจารณ์ผลการคำนวณ

ในการศึกษาเพื่อคำนวณหาค่าความเข้มข้นของสารโปรตีนในถังพักแต่ละถังของแต่ละรอบการทดลอง โดยการใช้โปรแกรมคอมพิวเตอร์ที่พัฒนาขึ้นตามหลักทางพีชคณิตเชิงเส้น ในการศึกษาครั้งนี้ได้กำหนดให้ค่าสมมูล (k_i) เป็นฟังก์ชันกับความเข้มข้นของสารโปรตีนในวัฏภาคของเหลว (y_i) ซึ่งมีค่าเปลี่ยนแปลงตลอดเวลา สมการความสัมพันธ์ดังกล่าวที่ได้จากการศึกษาจะได้สมการที่แตกต่างกันในคอลัมน์ทั้ง 2 คอลัมน์ ที่บรรจุตัวแลกเปลี่ยนประจุบวก และตัวแลกเปลี่ยนประจุลบ โดยในคอลัมน์ที่บรรจุตัวแลกเปลี่ยนประจุลบ ค่าสมมูล (k_i) เขียนเป็นฟังก์ชันของความเข้มข้นในวัฏภาคของเหลว (y_i) ได้ตามสมการ

$$k_i = Ay_i^2 + By_i + C + \frac{D}{y_i} \dots\dots\dots 4.1$$

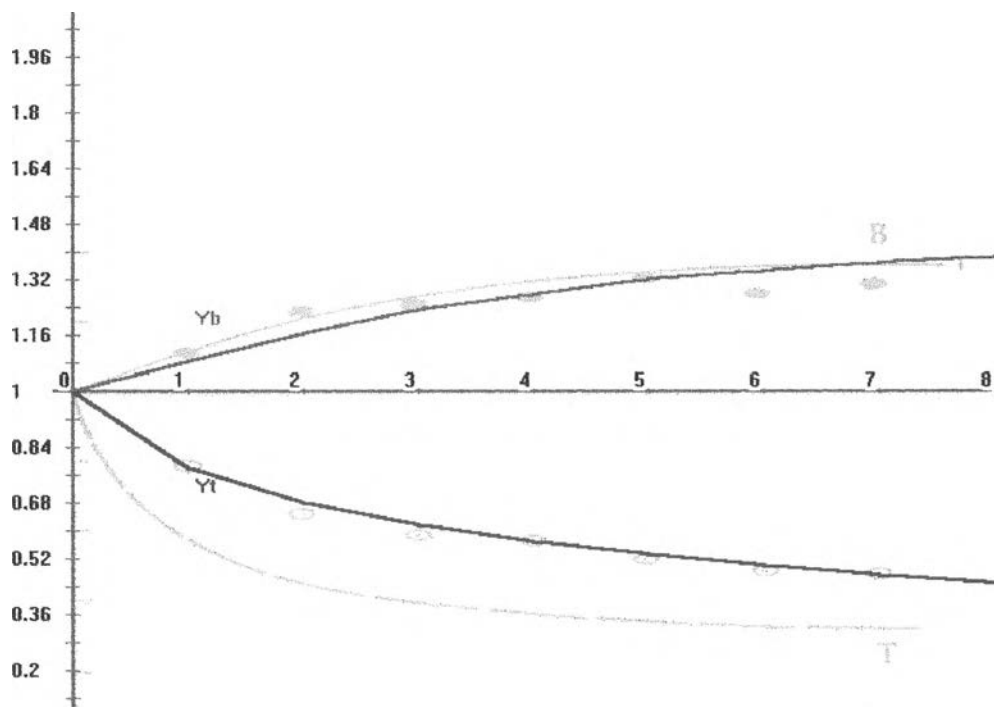
ส่วนในคอลัมน์ที่บรรจุ ตัวแลกเปลี่ยนประจุลบ ค่าสมมูล (k_i) สามารถเขียนเป็นฟังก์ชันของความเข้มข้นในวัฏภาคของเหลว (y_i) ได้ตามสมการ

$$k_i = Ay_i^{-2} + By_i^{-1} + C + \frac{D}{y_i^{-1}} \dots\dots\dots 4.2$$

โดยที่ A, B, C และ D เป็นค่าคงที่ในสมการ

จากสมการค่าสมมูลดังกล่าวได้ทำการทดลองให้โปรแกรมคำนวณหาค่าความเข้มข้นของสารโปรตีนในวัฏภาคของเหลว (y) เพื่อเปรียบเทียบกับค่าที่ได้จากการทดลองของ Chen [1980] โดยทำการปรับเปลี่ยนค่าคงที่ A, B, C และ D ที่สามารถแสดงผลการคำนวณหาค่าความเข้มข้นของสารโปรตีนในถังพักของแต่ละรอบการทดลองมีค่าใกล้เคียงกับค่าที่ได้จากผลการทดลองในทุกรูปแบบของการทดลอง

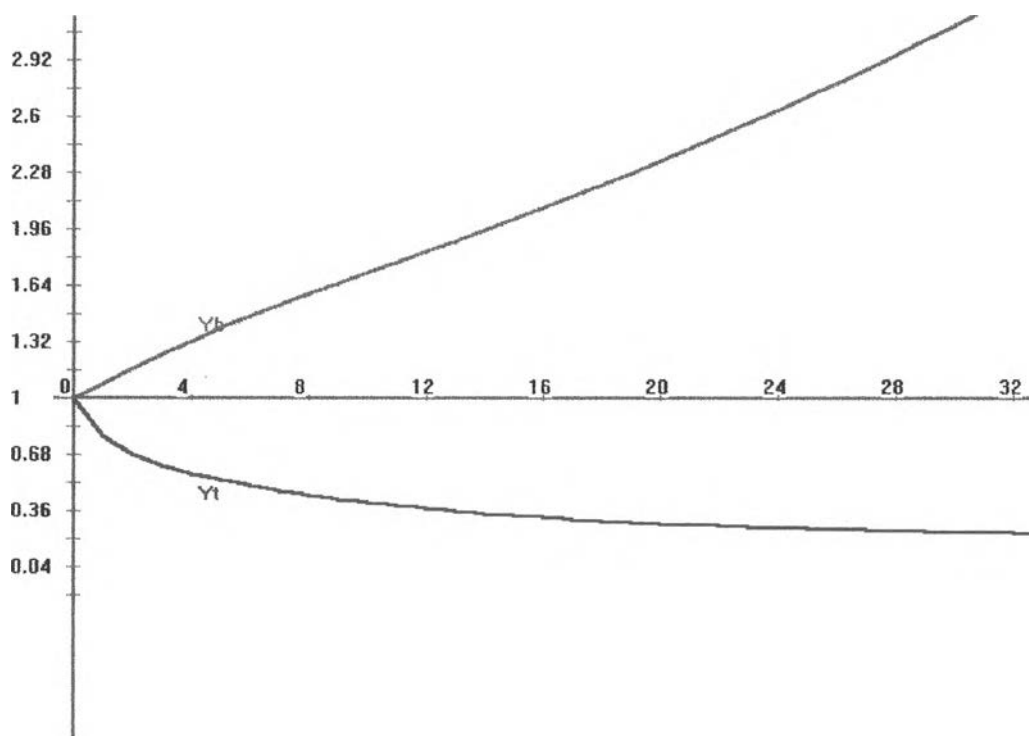
ในแต่ละค่าสมมูล (k) จะประกอบด้วยค่าคงที่ A, B, C และ D ที่แตกต่างกันดังแสดงในตารางที่ 4.6 และ 4.7 ในการใช้ค่า A, B, C และ D นี้ในการคำนวณหาค่าความเข้มข้นของสารโปรตีน ให้ผลการคำนวณเป็นที่น่าพอใจในทั้ง 3 รูปแบบการทดลอง คือทั้งในรูปแบบการทดลองที่ 1, 2 และ 4 เมื่อเปรียบเทียบกับค่าที่ได้จากการทดลองของ Chen [1980] ดังแสดงได้จากกราฟ



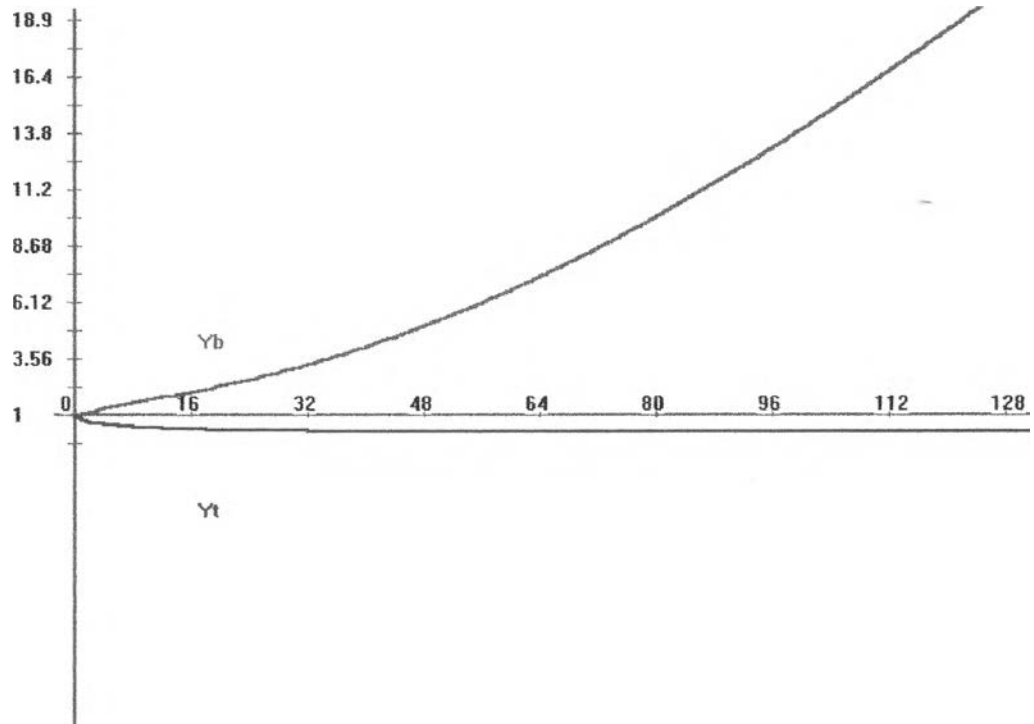
รูปที่ 5.1 กราฟแสดงการเปรียบเทียบค่าความผิดพลาดในการคำนวณ ของรูปแบบที่ 1 จำนวน 2 คอลัมน์

ในการแยกสารโปรตีน ฮีโมโกลมิน โดยทำการทดลองตามรูปแบบการทดลองที่ 1 ผลการคำนวณที่ได้จะมีค่าใกล้เคียงกับผลการทดลองที่ได้ทำการทดลองโดย Chen [1980] ส่วนสารโปรตีนอัลบูมิน ไม่สามารถแยกออกได้ ตามการทดลองรูปแบบที่ 1 นี้

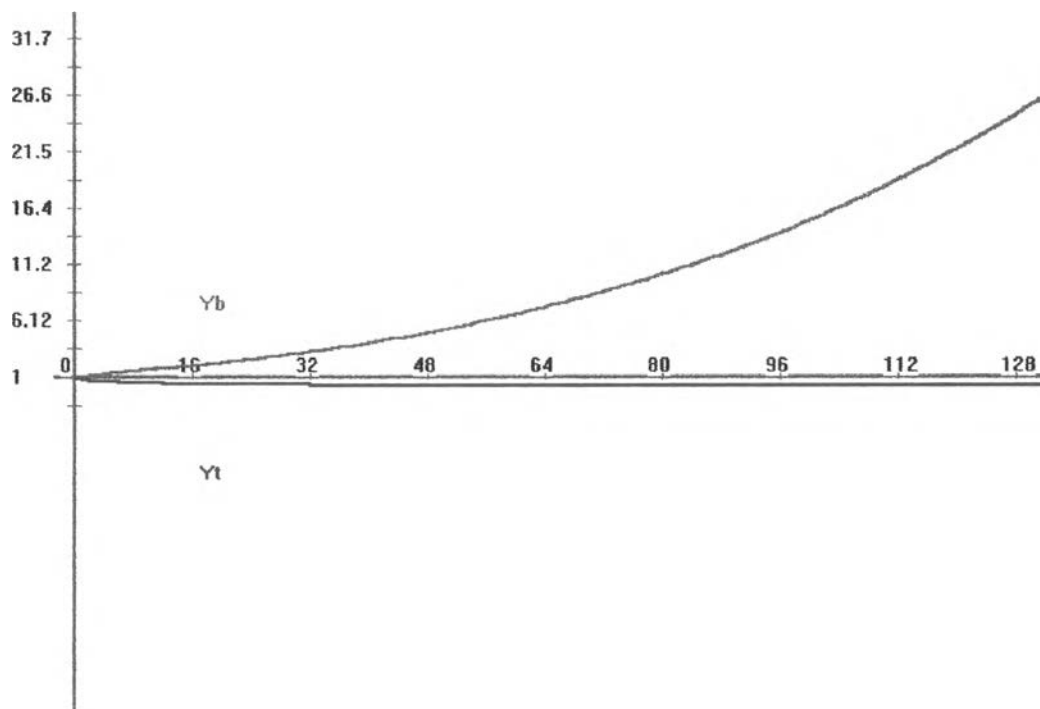
เนื่องจากผลการคำนวณ โดยการใช้โปรแกรมและค่าคงที่ A, B, C และ D ที่ได้มีค่าใกล้เคียงอย่างมากกับผลการทดลองที่ Chen [1980] ได้ทำได้ ผู้วิจัยจึงใช้ข้อมูลชุดดังกล่าว คำนวณหาค่าความเข้มข้นของสารโปรตีนโดยการดัดแปลงการทดลองรูปแบบที่ 1 ซึ่งมี 2 คอลัมน์ เป็นการใช้คอลัมน์เพิ่มขึ้นเป็น 4, 6 และ 8 คอลัมน์ ตามลำดับ กราฟต่อไปนี้ได้จากการคำนวณโดยการใช้ข้อมูลชุดดังกล่าวแล้วนำมาเขียนแสดงความสัมพันธ์ ระหว่างความเข้มข้นของสารโปรตีนในวัฏภาคของเหลว (y_1) กับ จำนวนรอบของการทดลอง



รูปที่ 5.2 กราฟแสดงการเปรียบเทียบค่าความผิดพลาดในการคำนวณของรูปแบบที่ 1 จำนวน 4 คอลัมน์



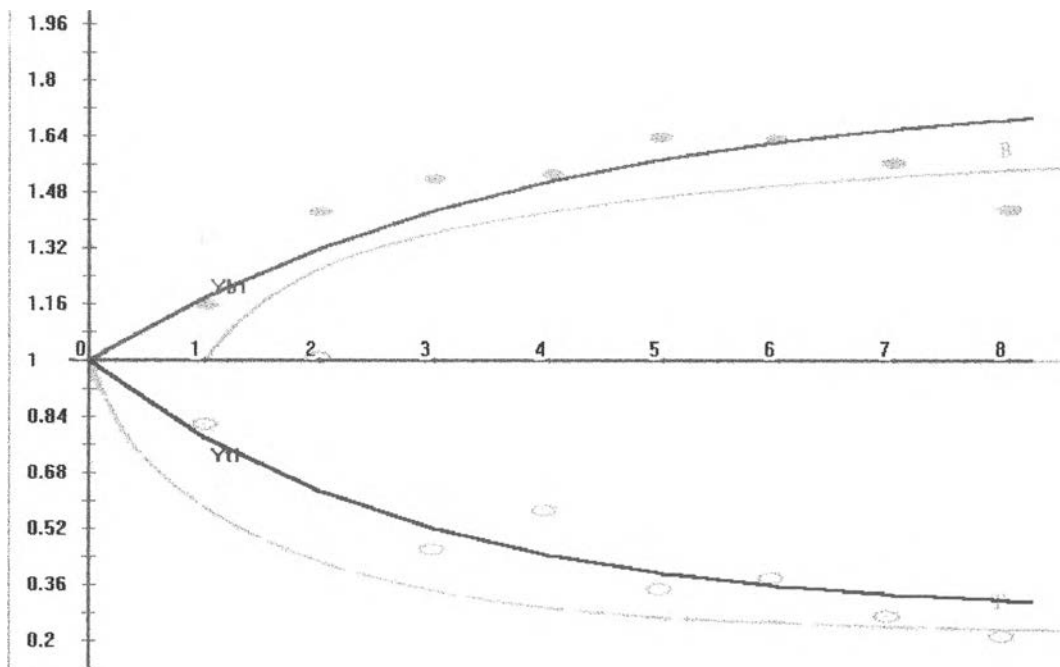
รูปที่ 5.3 กราฟแสดงการเปรียบเทียบค่าความผิดพลาดในการคำนวณของรูปแบบที่ 1 จำนวน 6 คอลัมน์



รูปที่ 5.4 กราฟแสดงการเปรียบเทียบค่าความผิดพลาดในการคำนวณของรูปแบบที่ 1 จำนวน 8 คอลัมน์

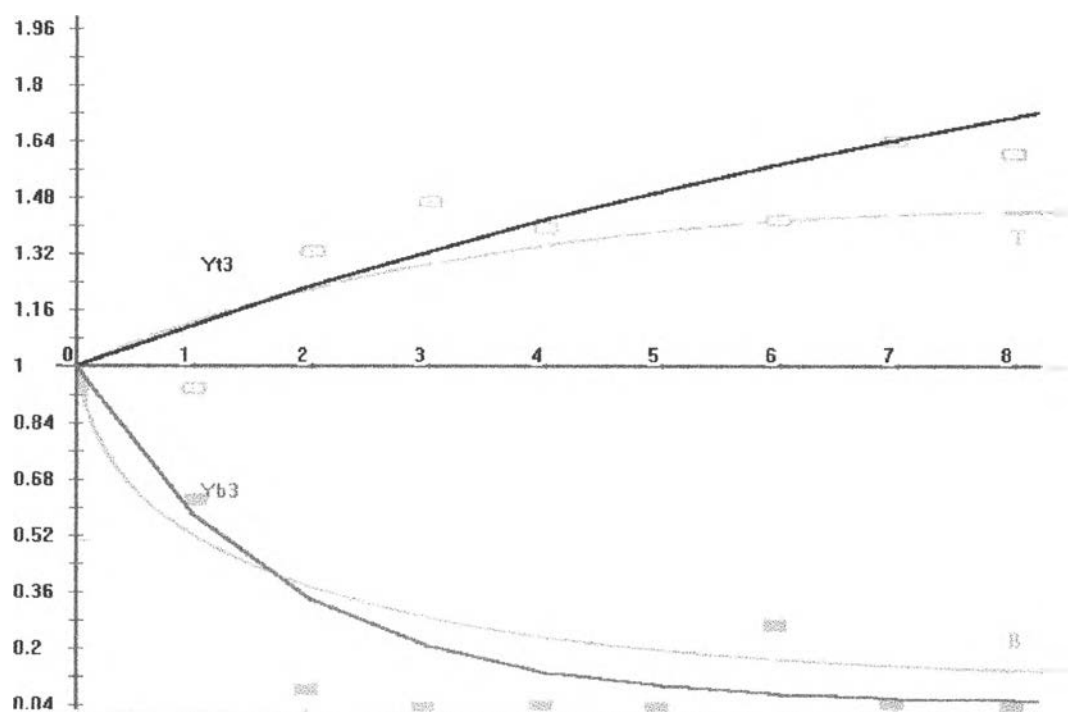
จากกราฟจะเห็นได้ว่า เมื่อมีการเพิ่มจำนวนคอลัมน์ที่ใช้ในการแยกโปรตีนตามรูปแบบการทดลองที่ 1 นั้น ประสิทธิภาพในการแยกของสารโปรตีนฮีโมโกลบิน จะเพิ่มขึ้นตามจำนวนคอลัมน์ที่ใช้เพิ่มขึ้น แต่การทำงานก็ต้องเพิ่มขึ้นด้วยตามจำนวนรอบของการทำงานที่ใช้ในการทดลอง

ส่วนในรูปแบบการทดลองที่ 2 ซึ่งประกอบด้วยจำนวนถึงพัก 5 ถึงในขั้นต้นแรก พิจารณาการแยกสารโปรตีนฮีโมโกลบิน แสดงผลโดยการเขียนกราฟความสัมพันธ์ระหว่างจำนวนรอบการทดลองกับความเข้มข้นของสารโปรตีนฮีโมโกลบินในถึงพัก 2 ถึง คือ ถึงพักด้านบนและถึงพักด้านล่างซึ่งจะใช้โปรแกรมการคำนวณและค่าสมมูล ชุดเดียวกับรูปแบบการทดลองที่ 1



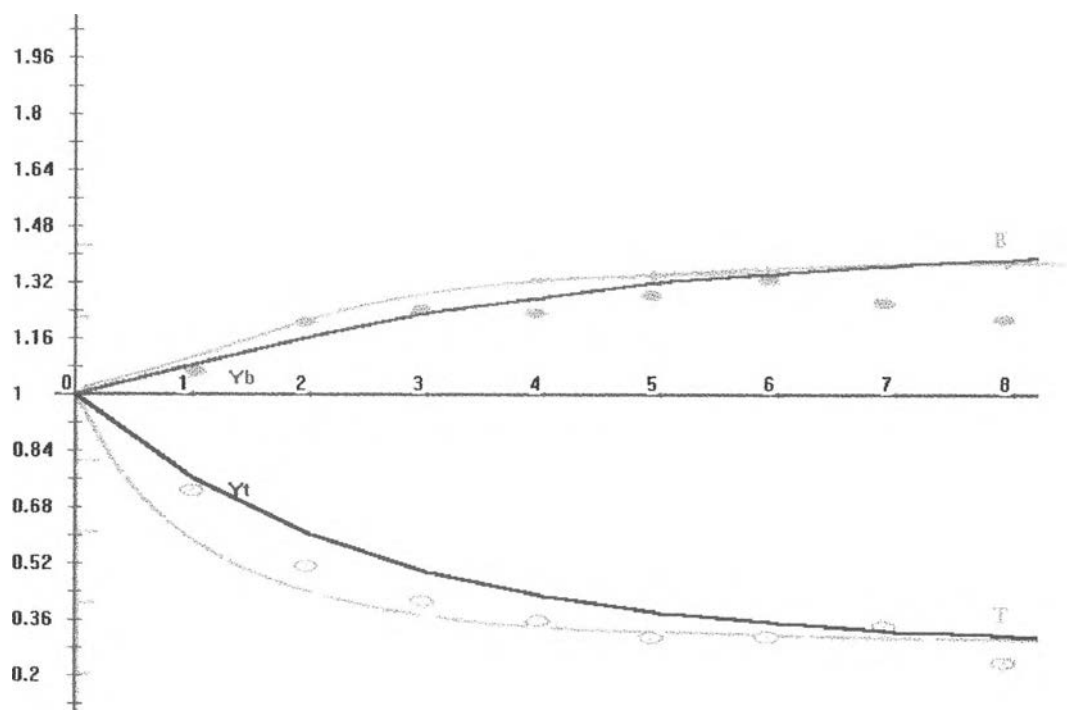
รูปที่ 5.5 กราฟแสดงการเปรียบเทียบค่าความผิดพลาดในการคำนวณของรูปแบบที่ 2 (ฮีโมโกลบิน)

สำหรับโปรตีนอัลบูมิน แสดงผลได้โดยการเขียนกราฟความสัมพันธ์ระหว่างจำนวนรอบการทดลองกับความเข้มข้นของสารโปรตีนอัลบูมิน ในถังพัก 2 ถึง คือ ถังพักด้านบน (TR : pH3) และถังพักด้านล่าง (BR : pH3)



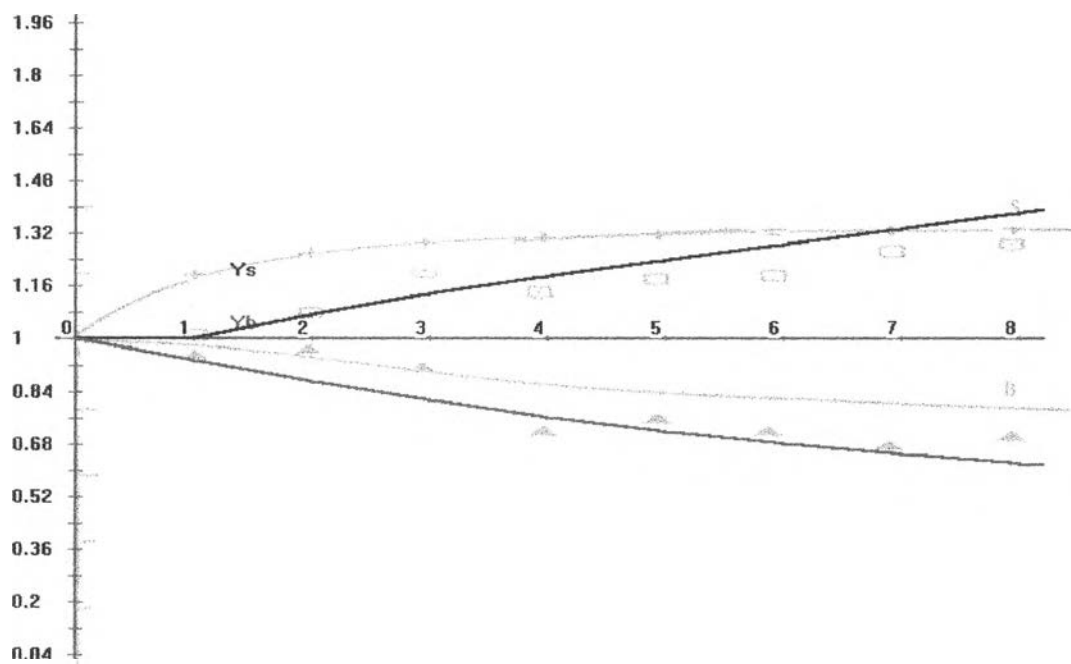
รูปที่ 5.6 กราฟแสดงการเปรียบเทียบค่าความผิดพลาดในการคำนวณของรูปแบบที่ 2 (อัลบูมิน)

ในลักษณะเดียวกันกับการทดลองในรูปแบบการทดลองที่ 4 ผลการคำนวณโดยใช้โปรแกรมที่พัฒนาขึ้น และค่าคงที่ชุดเดิม เขียนกราฟแสดงความสัมพันธ์ระหว่างจำนวนรอบการทดลองกับ ความเข้มข้นของสารโปรตีนฮีโมโกลบิน ในถังพัก 2 ถึงคือ ถังพักด้านบน (TR : pH1) และถังพักด้านล่าง (BR : pH1)



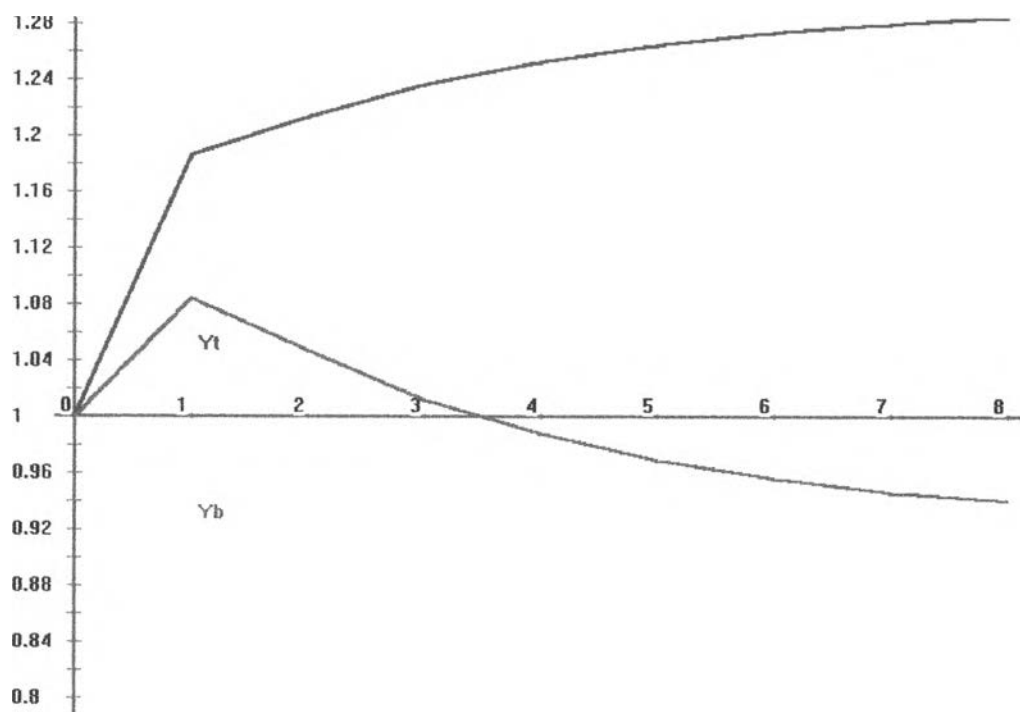
รูปที่ 5.7 กราฟแสดงการเปรียบเทียบค่าความผิดพลาดในการคำนวณของรูปแบบที่ 4 (ฮีโมโกลบิน)

สำหรับสารโปรตีนอัลบูมิน แสดงผลได้โดยการเขียนกราฟความสัมพันธ์ระหว่างจำนวนรอบการทดลองกับค่าความเข้มข้นของสารโปรตีนอัลบูมิน ในถังพัก 2 ถัง คือถังพักด้านล่าง (BR : pH1) และถังพักด้านข้าง (SR : pH3)



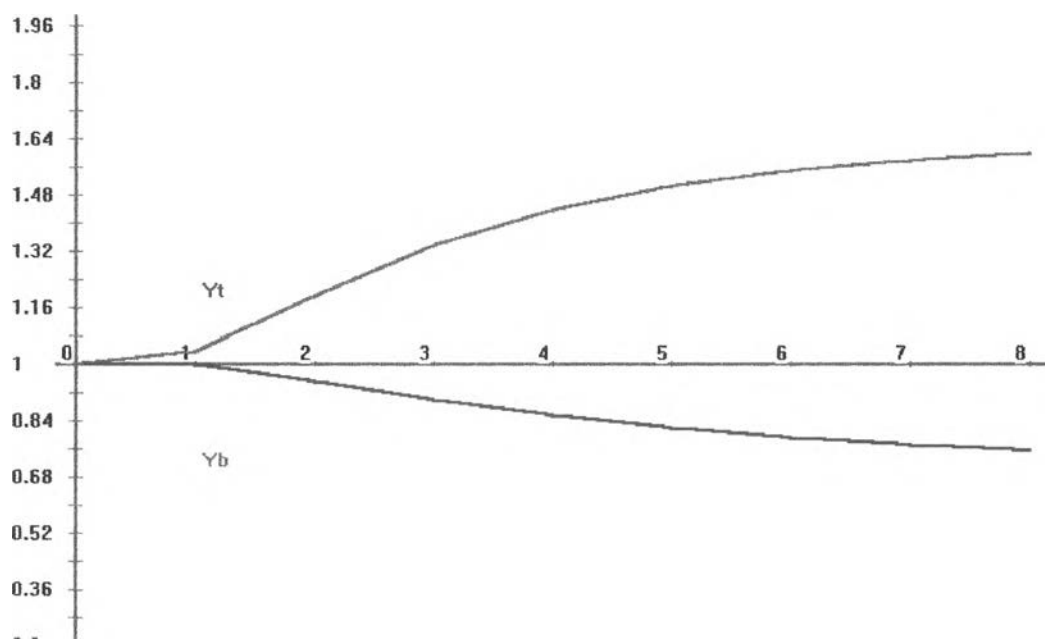
รูปที่ 5.8 กราฟแสดงการเปรียบเทียบค่าความผิดพลาดในการคำนวณของรูปแบบที่ 4 (อัลบูมิน)

จะเห็นว่าผลการคำนวณที่ได้ให้ผลใกล้เคียงกับค่าที่ได้จากการทดลองอย่างมาก ดังนั้นโปรแกรมที่ได้พัฒนาขึ้นมาตามหลักวิธีการทางพีชคณิตเชิงเส้น นั้นสามารถนำมาใช้ในการคำนวณหาค่าความเข้มข้นของสารโปรตีนในกระบวนการแยกด้วยระบบพีเอช พาราเมติก บั้มบิง ได้ และจากการเปรียบเทียบผลการคำนวณที่ได้ กับผลการทดลองได้ผลออกมาเป็นที่น่าพอใจ ทำให้ผู้วิจัยนำโปรแกรมดังกล่าวมาใช้ ในการทำนายผลที่น่าจะเกิดขึ้นกับ การทดลองตามรูปแบบการทดลองที่ 3 ซึ่ง Chen [1980] ไม่ได้แสดงผลการทดลองในรูปแบบการทดลองดังกล่าวไว้ นำผลการคำนวณที่ได้มาเขียนกราฟความสัมพันธ์ระหว่างจำนวนรอบของการทำงานกับความเข้มข้นสารโปรตีนฮีโมโกลบิน ในถังพักด้านบน (TR : pH2) และถังพักด้านล่าง (BR : pH2) แสดงได้ตามกราฟรูปที่ 5.9



รูปที่ 5.9 กราฟแสดงการเปรียบเทียบค่าความผิดพลาดในการคำนวณของรูปแบบที่ 3 (ฮีโมโกลบิน)

ในการทำงานเดียวกับสารโปรตีนอัลบูมิน จะถูกแยกโดยกระบวนการดังกล่าวตามกราฟรูปที่ 5.10



รูปที่ 5.10 กราฟแสดงการเปรียบเทียบค่าความผิดพลาดในการคำนวณของรูปแบบที่ 3 (อัลบูมิน)

ผู้วิจัยได้เลือกค่าคงที่ A, B, C และ D ที่ใช้ในการคำนวณหาค่าสมมูล (k_i) ชุดที่เหมาะสม เพื่อให้ผลการคำนวณที่ออกมามีค่าใกล้เคียงกับผลการทดลองให้มากที่สุด สำหรับทุกรูปแบบของการทดลอง ดังที่แสดงผลตามรูปกราฟที่แสดงไว้แล้วในข้างต้น

อย่างไรก็ดี โปรแกรมการคำนวณที่ผู้วิจัยได้พัฒนาขึ้นนี้สามารถทำการปรับเปลี่ยนค่าคงที่ A, B, C และ D ได้อย่างสะดวกและรวดเร็ว ดังนั้นผู้ใช้งานจึงสามารถเลือกใช้ค่าคงที่ A, B, C และ D ที่เหมาะสมได้ด้วยตนเอง

5.2 สรุปผลการคำนวณ

จากการศึกษาวิจัยในครั้งนี้ ผู้วิจัยได้ศึกษา หลักการทำงานในการแยกโปรตีนด้วยระบบพีเอช พาราเมตริก บีบีบิง และได้พัฒนาโปรแกรมคอมพิวเตอร์ ตามหลักการของพีชคณิตเชิงเส้นขึ้น เพื่อใช้ในการคำนวณหาค่าความเข้มข้นของสารโปรตีนที่บรรจุในถังพักของแต่ละรอบการทดลองแล้วเปรียบเทียบกับที่ได้จากการคำนวณกับค่าจากการทดลอง [Chen:1980] ที่ทำการทดลองแยกโปรตีน 2 ชนิด คือ ฮีโมโกลบิน และ อัลบูมิน ด้วยการทดลองรูปแบบต่าง ๆ แล้วแสดงผลการทดลองในรูปของกราฟความสัมพันธ์ระหว่างจำนวนรอบของการทดลองกับความเข้มข้นของสารโปรตีนในถังพักของแต่ละรอบ

การศึกษาพัฒนาโปรแกรมเพื่อใช้ในการคำนวณดังกล่าวได้กำหนดให้ความเข้มข้นของสารโปรตีนในวัฏภาคของแข็ง (x) เป็นฟังก์ชันโพลีโนเมียลกับความเข้มข้นของสารโปรตีนในวัฏภาคของเหลว (y) จากการศึกษาทำให้ทราบว่าความสัมพันธ์ของค่าสมมูลกับความเข้มข้นสารโปรตีนในวัฏภาคของเหลวในแต่ละรอบของการทดลองเป็นฟังก์ชันโพลีโนเมียล โดยแตกต่างกันในแต่ละคอลัมน์ที่บรรจุตัวแลกเปลี่ยนประจุที่แตกต่างกัน กล่าวคือในคอลัมน์ที่บรรจุตัวแลกเปลี่ยนประจุบวก ความสัมพันธ์ระหว่างค่าสมมูล (k_i) กับความเข้มข้นสารโปรตีนในวัฏภาคของเหลวในแต่ละรอบของการทดลอง (y_i) เป็นดังนี้

$$k_i = Ay_i^2 + By_i + C + \frac{D}{y_i} \quad \dots\dots\dots 4.1$$

ส่วนในคอลัมน์ที่บรรจุตัวแลกเปลี่ยนประจุลบ ค่าสมมูล (k_i) สามารถเขียนเป็นฟังก์ชันของความเข้มข้นในวัฏภาคของเหลว (y_i) ได้ตามสมการ

$$k_i = Ay_i^{-2} + By_i^{-1} + C + \frac{D}{y_i^{-1}} \quad \dots\dots\dots 4.2$$

โดยที่ A, B, C และ D คือค่าคงที่ ซึ่งจากการคำนวณและเปรียบเทียบกับค่าคงที่ที่ Chen ใช้ในการทดลอง ซึ่งได้แสดงค่าไว้ตามตารางที่ 5.1 และตารางที่ 5.2

ค่าคงที่	คอสมินที่บรรจุตัวแลกเปลี่ยน ประจุลบ (R^+)			คอสมินที่บรรจุตัวแลกเปลี่ยน ประจุบวก (R^-)		
	k_{p1}^+	k_{p2}^+	k_{p3}^+	k_{p1}^-	k_{p2}^-	k_{p3}^-
A	4	1	0.8	1.3	4	3
B	3	1	0.8	1.3	4	4
C	3	0.5	0.5	0	0	0
D	0	0	0	2.4	0.2	5
ค่าคงที่ของ Chen	3.0	1.0	0.3	1.4	2.0	4.0

ตารางที่ 5.1 ตารางเปรียบเทียบค่าคงที่ สำหรับสมการในการหาค่า k_i เพื่อใช้ในการคำนวณค่าความเข้มข้นของโปรตีน ฮีโมโกลบินกับค่าคงที่ของ Chen

ค่าคงที่	คอสมินที่บรรจุตัวแลกเปลี่ยน ประจุลบ (R^+)			คอสมินที่บรรจุตัวแลกเปลี่ยน ประจุบวก (R^-)		
	k_{p1}^+	k_{p2}^+	k_{p3}^+	k_{p1}^-	k_{p2}^-	k_{p3}^-
A	1	2.6	1	1.8	2	15
B	1.3	2	0.3	0.3	2.3	15
C	1.3	2	1.8	0	0	0
D	0	0	0	0.3	3	15
ค่าคงที่ของ Chen	2.5	2.5	2	1.5	1.5	4.5

ตารางที่ 5.2 ตารางเปรียบเทียบค่าคงที่ สำหรับสมการในการหาค่า k_i เพื่อใช้ในการคำนวณค่าความเข้มข้นของโปรตีน อัลบูมินกับค่าคงที่ของ Chen

นอกจากนี้ ผู้วิจัยยังได้นำโปรแกรมที่พัฒนาขึ้นมาใช้ในการทำนายผลการทดลองในระบบที่ไม่มีผลการทดลองแสดงไว้ อย่างเช่นรูปแบบการทดลองที่ 1 ที่ประกอบด้วยคอสม์น หลายคอสม์น รวมถึงการทดลองตามรูปแบบการทดลองที่ 3 ซึ่งจากผลการทำนายดังกล่าวทำให้ทราบว่า ระบบที่มีการเพิ่มจำนวนคอสม์น ในการทดลองจะทำให้ประสิทธิภาพในการแยกสารโปรตีนเพิ่มมากขึ้นตามลำดับด้วย