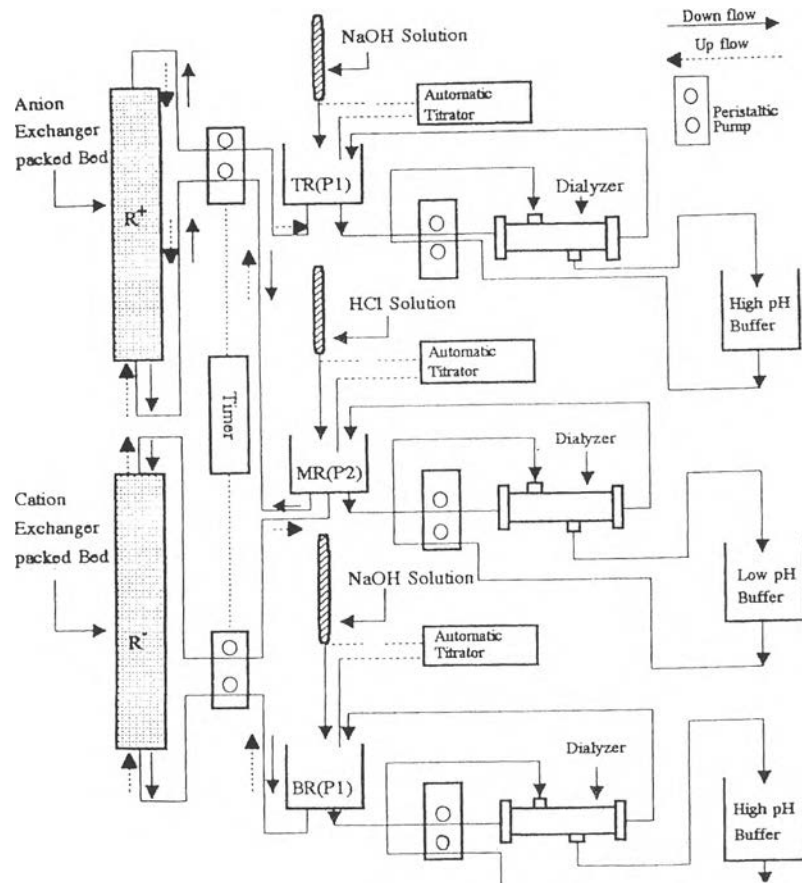


บทที่ 3

การทดลอง และวิธีการพัฒนาโปรแกรม

3.1 การทดลอง และเครื่องมือที่ใช้ในการทดลอง

ภาพแสดงการจัดวางอุปกรณ์สำหรับการทดลองในระบบสองคอลัมน์ ตามวิธีที่ 1 แสดงไว้ในรูปที่ 12 ชุดทดลอง จะถูกควบคุมอุณหภูมิไว้ที่ 4.5°C (40°F) โดยประกอบไปด้วย โครมาโตกราฟี คอลัมน์สองอัน คอลัมน์หนึ่งจะถูกบรรจุไว้ด้วย DEAE-Sephrose (ทำหน้าที่เป็นตัวแลกเปลี่ยนประจุลบ) ส่วนอีกคอลัมน์หนึ่งจะถูกบรรจุไว้ด้วย CM-Sephrose (ทำหน้าที่เป็นตัวแลกเปลี่ยนประจุบวก) คอลัมน์ทั้งสองจะต่ออยู่กับถังพักทั้งหมด 3 ถัง คือ ถังพักด้านบน (TR), ถังพักตรงกลาง (MR) และถังพักด้านล่าง (BR)



รูปที่ 3.1 เครื่องมือที่ใช้ในการทดลองกระบวนการ พิเศษ พารามetriก บั่มบึง ระบบสองคอลัมน์

สารผสมจะถูกทำให้ไหลกลับไปกลับมาในคอลัมน์ โดยใช้เพอร์สเตรติกบีจำนวน 2 ตัว ซึ่งจะถูกควบคุมให้ทำงานโดยอัตโนมัติด้วยเครื่องจับเวลา ส่วนค่าพีเอชในถังพักทั้งสาม จะถูกควบคุมโดยการ ติเตรตด้วยกรดไฮโดรคลอริก และสารละลายโซเดียมไฮดรอกไซด์ ความแรงของกรดและเบสได้ถูกเลือกให้มีผลกระทบต่อความเข้มข้นของผลิตภัณฑ์น้อยที่สุด สารผสมในถังพักจะถูกคนด้วยเครื่องคนแม่เหล็ก เพื่อให้มั่นใจว่าเข้ากันกับสารตีแตรนทเป็นอย่างดี ส่วนประจุของสารผสมจะถูกรักษาให้คงที่โดยใช้ฮอลโลไฟเบอร์ไดอะไลเซอร์ การจัดอุปกรณ์ที่แสดงในรูปที่ 3.1 สามารถนำมาใช้ในการทดลองวิธีที่ 2 และวิธีที่ 4

สารละลายบัฟเฟอร์ สำหรับค่า พีเอช P_1 และ P_2 จะใช้สารละลายผสมระหว่าง tris (hydroxy methyl) aminomethane maleate sodium hydroxide กับ โซเดียมคลอไรด์ ส่วนสารละลายบัฟเฟอร์สำหรับค่าพีเอช P_3 จะใช้สารละลายผสมระหว่าง กรดอะซีติก กับ โซเดียมอะซีเตต และ โซเดียมคลอไรด์

สารผสมระหว่างโปรตีนสองชนิดที่ใช้ในการทดลองได้แก่

	ชนิดของโปรตีน	น้ำหนักโมเลกุล	น้ำหนักไอโซอิเล็กตริก
A	ฮีโมโกลบิน	63000	6.7
B	อัลบูมิน	69000	4.7

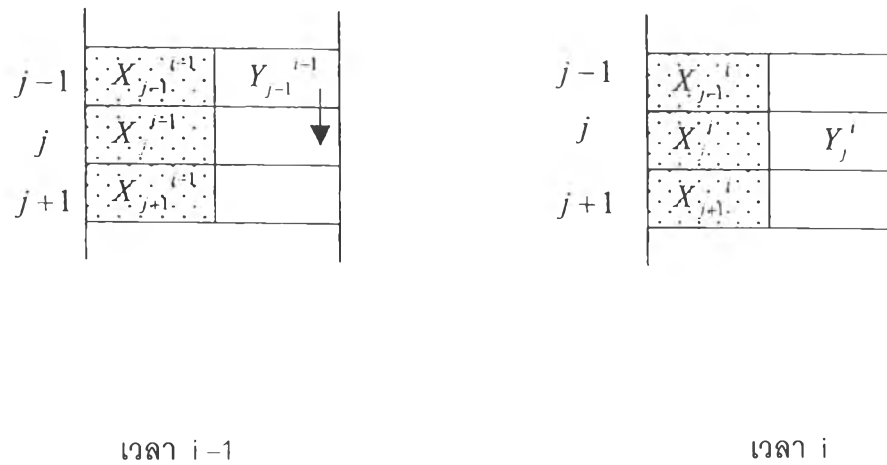
ฮีโมโกลบินที่ใช้ในการทดลองเป็น Worthington human haemoglobin และ ส่วนอัลบูมินเป็น Human serum albumin

ค่าพีเอชที่เลือกใช้ จะต้องเลือกให้เหมาะสมกับจุดไอโซอิเล็กตริกของโปรตีนทั้งสองชนิด กล่าวคือ $P_3 < I_B < P_2 < I_A < P_1$

ตัวแลกเปลี่ยนประจุ CM- และ DEAE-Sepharose ซึ่งเป็นอนุพันธ์ของ cross-linked agarose gel Sepharose CL-6B มีลักษณะเป็นเม็ดที่มีรูพรุนขนาดใหญ่ ทำให้มีประสิทธิภาพในการแลกเปลี่ยนประจุสูง

3.2 การพัฒนาโปรแกรมเพื่อการคำนวณตามหลักการทางพีชคณิต

ในการศึกษาการแยกสารโปรตีนโดยใช้กระบวนการ พีเอช พาราเมตริก บัมป์ การคำนวณหาค่าความเข้มข้นสารโปรตีนในถังพักของแต่ละรอบการทดลอง ใช้หลักการตามหลักพีชคณิตเชิงเส้น โดยการแบ่งคอลัมน์ที่บรรจุตัวแลกเปลี่ยนประจุออกเป็นส่วยย่อย ๆ แล้วทำการสมดุลมวลสารรอบส่วยย่อยต่าง ๆ ในขณะที่สารโปรตีนไหลลงสู่ด้านล่างจากถังพักด้านบน

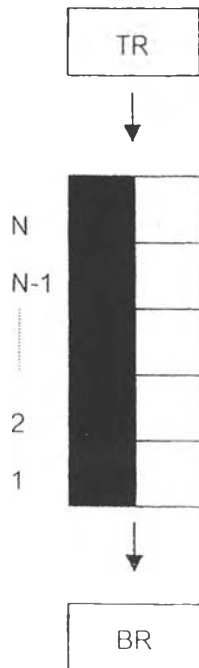


input = output

$$\bar{v}x_j^{i-1} + vy_{j-1}^{i-1} = \bar{v}x_j^i + vy_j^i \dots\dots\dots 3.1$$

- ซึ่ง \bar{v} = ปริมาตรของตัวแลกเปลี่ยนประจุ
- v = ปริมาตรของของเหลว
- x = ความเข้มข้นสารโปรตีนในวัฏภาคของแข็ง
- y = ความเข้มข้นสารโปรตีนในวัฏภาคของเหลว
- i = เวลา
- j = ส่วนย่อยในคอลัมน์

ถ้าศึกษาทั้งคอลัมน์ โดยการแบ่งแต่ละคอลัมน์ออกเป็น N ส่วนย่อย และ ทางด้านบนประกอบด้วยถึงพิกัดด้านบน ส่วนด้านล่างประกอบด้วยถึงพิกัดด้านล่างจะได้



$$\begin{aligned} \bar{v}x^0_N + vy^0_T &= \bar{v}x^1_N + vy^1_N \\ \bar{v}x^0_{N-1} + vy^0_N &= \bar{v}x^1_{N-1} + vy^1_{N-1} \\ &\vdots \\ \bar{v}x^0_2 + vy^0_3 &= \bar{v}x^1_2 + vy^1_2 \\ \bar{v}x^0_1 + vy^0_2 &= \bar{v}x^1_1 + vy^1_1 \\ y^0_1 &= y^1_B \dots\dots\dots 3.2 \end{aligned}$$

ในการศึกษาของ Chen ได้กำหนดให้ x เป็นฟังก์ชันเชิงเส้นกับ y ตามความสัมพันธ์

$$x = k y \dots\dots\dots 3.3$$

หรือ $k = x/y \dots\dots\dots 3.4$

ซึ่ง Chen ได้ตั้งสมมติฐานกำหนดให้ค่า k เป็นค่าคงที่ตลอดการทดลอง แต่ในงานวิจัยนี้ได้กำหนดให้ x เป็นฟังก์ชันโพลิโนเมียลกับ y โดยมีความสัมพันธ์แตกต่างกันในคอลัมน์ที่บรรจุตัวแลกเปลี่ยนประจุที่ต่างกัน ในคอลัมน์ที่บรรจุตัวแลกเปลี่ยนประจุบวก ความสัมพันธ์แสดงได้ดังสมการ

$$x = f(y) = Ay^3 + By^2 + Cy + D \dots\dots\dots 3.5$$

ส่วนในคอลัมน์ที่บรรทัดตัวแรกเปลี่ยนไประบุค่า ความสัมพันธ์จะแสดงได้ดังนี้

$$x = f(y) = Ay^2 + By + C + D/y \quad \dots\dots\dots 3.6$$

ดังนั้นค่าของ k ในงานวิจัยนี้จึงมีค่าไม่คงที่ โดยจะเปลี่ยนแปลงตามค่าความเข้มข้นของโปรตีน y_i ที่มีการเปลี่ยนแปลงตลอดเวลาที่ทำการทดลอง ซึ่งค่า k_i ในแต่ละรอบของการทดลองสามารถหาได้จากสมการ

$$k_i^+ = \frac{f(y_{i-1})}{y_{i-1}} = \Delta y_{i-1}^{-2} + By_{i-1} + C + \frac{D}{y_{i-1}} \quad \dots 3.7$$

$$k_i^- = \frac{f(y_{i-1})}{y_{i-1}} = \Delta y_{i-1}^{-2} + By_{i-1}^{-1} + C + \frac{D}{y_{i-1}^{-1}} \quad \dots 3.8$$

i รอบของการทดลอง

k_i ค่าสมมูลในการทดลองครั้งที่ i

y_{i-1} ค่าความเข้มข้นของสารโปรตีน ในวิฏภาคของเหลวในการทดลองครั้งที่ $i-1$

สมการค่าสมมูล (k_i) ที่ใช้ในโปรแกรมสำหรับการคำนวณหาค่าความเข้มข้นของโปรตีนประกอบด้วย 2 สมการความสัมพันธ์ที่แตกต่างกัน คือในคอลัมน์ที่บรรทัดตัวแรกเปลี่ยนไประบุค่า (R^+) มีความสัมพันธ์ดังนี้

$$k_i = Ay_i^2 + By_i + C + \frac{D}{y_i} \quad \dots\dots\dots 3.9$$

ส่วนในคอลัมน์ที่บรรทัดแถวแรกเปลี่ยนประจุลบ (R) มีความสัมพันธ์ดังนี้

$$k_i = Ay_i^{-2} + By_i^{-1} + C + \frac{D}{y_i^{-1}} \dots\dots\dots 3.10$$

โดยที่ค่า A, B, C และ D เป็นค่าที่คงที่ของแต่ละสมการค่าสมดุล ซึ่งในการศึกษาจะทำการหาค่าของค่าคงที่ A, B, C และ D เพื่อทำให้ผลของการคำนวณหาค่าความเข้มข้นของโปรตีนจากโปรแกรมที่พัฒนาขึ้นนั้นมีค่าใกล้เคียงกับค่าที่ได้จากการทดลองต่อไป

ในการเริ่มต้นการคำนวณ สามารถหาค่า k_1 สำหรับใช้ในการคำนวณหาค่าความเข้มข้นของโปรตีน ในวิภาคของเหลว y_1 จากค่าความเข้มข้นเริ่มต้นของสารโปรตีน ในวิภาคของเหลว y_0

$$\begin{aligned} \bar{V}k_1y_N^0 + Vy_T^0 &= \bar{V}k_1y_N^1 + Vy_N^1 \\ \bar{V}k_1y_{N-1}^0 + Vy_N^0 &= \bar{V}k_1y_{N-1}^1 + Vy_{N-1}^1 \\ &\vdots \\ \bar{V}k_1y_2^0 + Vy_3^0 &= \bar{V}k_1y_2^1 + Vy_2^1 \\ \bar{V}k_1y_1^0 + Vy_2^0 &= \bar{V}k_1y_1^1 + Vy_1^1 \\ y_1^0 &= y_{B1}^1 \end{aligned} \dots\dots\dots 3.11$$

สมการดังกล่าวสามารถหาค่าความเข้มข้นสารโปรตีนในถังพักทางด้านล่าง y_{B1} ได้ จากนั้นสามารถใช้ค่า y_{B1} เพื่อหาค่าของ k_2 โดยการแทนค่าในสมการที่ 3.9 หรือสมการที่ 3.10 ในลักษณะเดียวกันสามารถหาค่าความเข้มข้นสารโปรตีนในถังพักทางด้านล่างในการทำงานรอบที่ 2 คือ y_{B2} ได้เช่นเดียวกัน

$$\begin{aligned}
\bar{V}k_2y_N^0 + Vy_T^0 &= \bar{V}k_2y_N^1 + Vy_N^1 \\
\bar{V}k_2y_{N-1}^0 + Vy_N^0 &= \bar{V}k_2y_{N-1}^1 + Vy_{N-1}^1 \\
&\vdots \\
\bar{V}k_2y_2^0 + Vy_3^0 &= \bar{V}k_2y_2^1 + Vy_2^1 \\
\bar{V}k_2y_1^0 + Vy_2^0 &= \bar{V}k_2y_1^1 + Vy_1^1 \\
y_1^0 &= y_{B2}^1
\end{aligned}$$

ในการทำงานเดียวกันก็สามารถหาค่าความเข้มข้นสารโปรตีน y_i ในการคำนวณรอบที่ i ใดๆ ได้โดยการหาค่า k_i จากค่าความเข้มข้นของสารโปรตีนในวิฏภาคของเหลว y_{i-1} จากสมการที่ 3.9 และสมการที่ 3.10 หลังจากนั้นจึงนำค่า k_i ที่หาได้จากสมการ 3.9 หรือ 3.10 ไปใช้แทนในสมการที่ 3.2 จะได้

$$\begin{aligned}
\bar{v}ky^0_N + vy^0_T &= \bar{v}ky^1_N + vy^1_N \\
\bar{v}ky^0_{N-1} + vy^0_N &= \bar{v}ky^1_{N-1} + vy^1_{N-1} \\
&\vdots \\
\bar{v}ky^0_2 + vy^0_3 &= \bar{v}ky^1_2 + vy^1_2 \\
\bar{v}ky^0_1 + vy^0_2 &= \bar{v}ky^1_1 + vy^1_1 \\
y^0_1 &= y^1_B \quad \dots\dots\dots 3.13
\end{aligned}$$

นิยามให้

$$A = \bar{v}k + v \dots\dots\dots 3.14$$

จัดรูปสมการข้างต้นให้อยู่ในระบบเมตริกซ์จะได้ดังนี้

$$\begin{bmatrix} v & \bar{v}k & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & v & \bar{v}k & 0 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & v & \bar{v}k & 0 & 0 & 0 \\ \vdots & \vdots & \vdots & \vdots & \vdots & \vdots & \vdots \\ 0 & 0 & 0 & 0 & v & \bar{v}k & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & v & \bar{v}k \\ 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & v \end{bmatrix} \begin{bmatrix} y^0_T \\ y^0_N \\ y^0_{N-1} \\ \vdots \\ y^0_3 \\ y^0_2 \\ y^0_1 \end{bmatrix} = A \begin{bmatrix} y^1_N \\ y^1_{N-1} \\ y^1_{N-2} \\ \vdots \\ y^1_2 \\ y^1_1 \\ y^1_B \end{bmatrix}$$

$$Py_j^{i-1} = Ay_j^i \dots\dots\dots 3.15$$

โดย P และ A เป็นเมตริกซ์ค่าคงที่

ส่วนในการป้อนสารโปรตีนให้ไหลกลับขึ้นทางด้านบน ก็สามารถเขียนสมการได้ในลักษณะเดียวกัน คือ

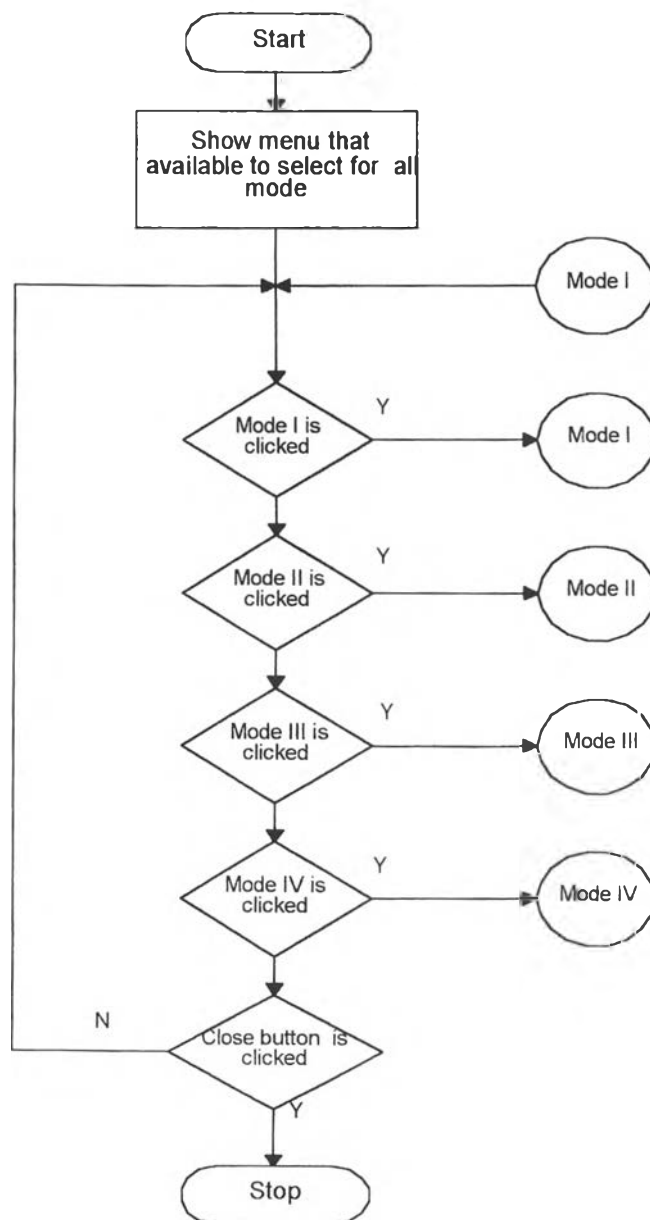
$$\begin{aligned} \bar{v}ky^0_1 + vy^0_B &= \bar{v}ky^1_1 + vy^1_1 \\ \bar{v}ky^0_2 + vy^0_1 &= \bar{v}ky^1_2 + vy^1_2 \\ &\vdots \\ \bar{v}ky^0_{N-1} + vy^0_{N-2} &= \bar{v}ky^1_{N-1} + vy^1_{N-1} \\ \bar{v}ky^0_N + vy^0_{N-1} &= \bar{v}ky^1_N + vy^1_N \\ y^0_N &= y^1_T \dots\dots\dots 3.16 \end{aligned}$$

จัดรูปให้อยู่ในระบบเมตริกซ์จะได้

$$\begin{bmatrix}
 v & \bar{v}k & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 \\
 0 & v & \bar{v}k & 0 & 0 & 0 & 0 \\
 0 & 0 & v & \bar{v}k & 0 & 0 & 0 \\
 \vdots & \vdots & \vdots & \vdots & \vdots & \vdots & \vdots \\
 0 & 0 & 0 & 0 & v & \bar{v}k & 0 \\
 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & v & \bar{v}k \\
 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & A
 \end{bmatrix}
 \begin{bmatrix}
 y^0_B \\
 y^0_1 \\
 y^0_2 \\
 \vdots \\
 y^0_{N-2} \\
 y^0_{N-1} \\
 y^0_N
 \end{bmatrix}
 = A
 \begin{bmatrix}
 y^1_1 \\
 y^1_2 \\
 y^1_3 \\
 \vdots \\
 y^1_{N-1} \\
 y^1_N \\
 y^1_T
 \end{bmatrix}$$

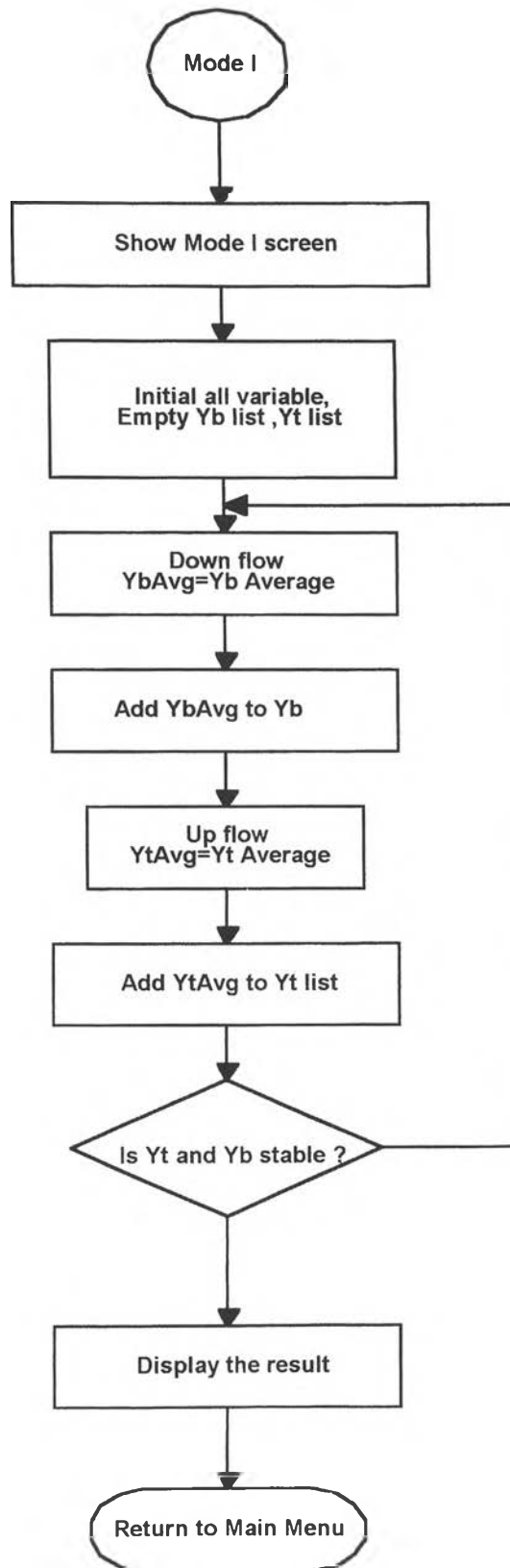
$$P y_j'^{-1} = A y_j' \dots\dots\dots 3.17$$

เมื่อสามารถเขียนสมการได้ดังแสดงข้างต้น ก็นำสมการที่เขียนได้ไปใช้กับการทดลองในรูปแบบการทดลองต่างได้ โดยการเปลี่ยนถึงพักที่จุดเริ่มต้นกับถึงพักที่จุดปลายของคอลัมน์เท่านั้น รูปแบบสมการทั้งหมดยังคงเหมือนเดิม เพราะในการทำงานของกระบวนการพีเอช พาราเมตริก บีมป์ นั้นต้องทำการทดลองกลับไปกลับมาซ้ำๆกัน ดังนั้นเพื่อการง่ายต่อการคำนวณ ผู้วิจัยจึงได้เขียนโปรแกรมคอมพิวเตอร์ขึ้นเพื่อช่วยในการคำนวณ เพิ่มความสะดวกและรวดเร็วซึ่งจะเขียนขึ้นโดยใช้ภาษาปาสคาล ตามขั้นตอนต่อไปนี้

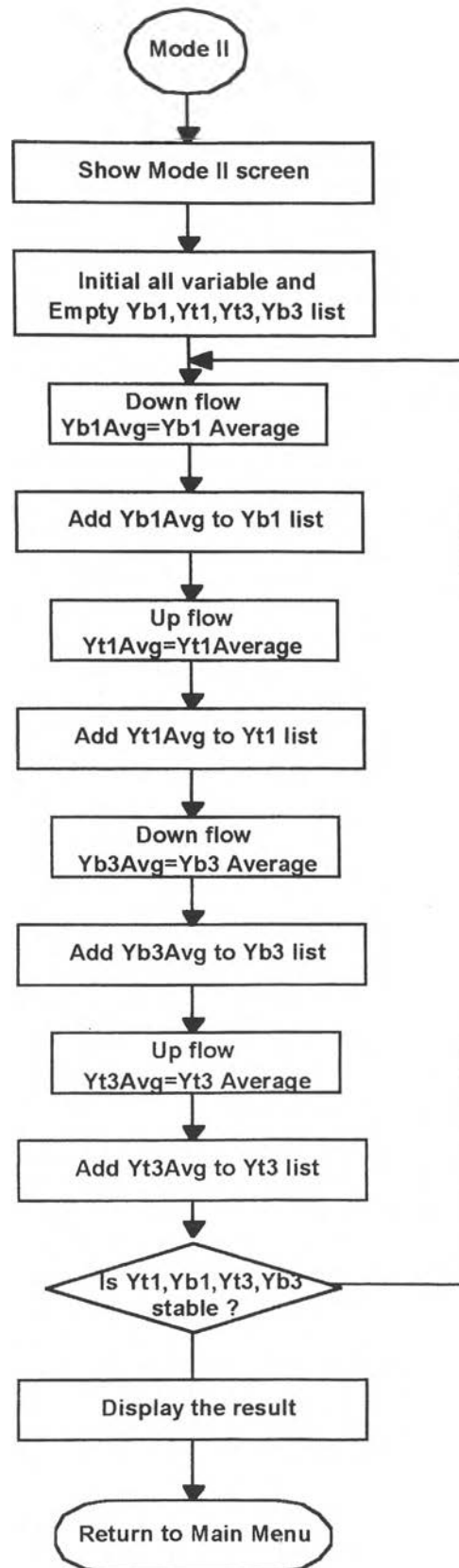


Flow chart for main menu (Main.pas)

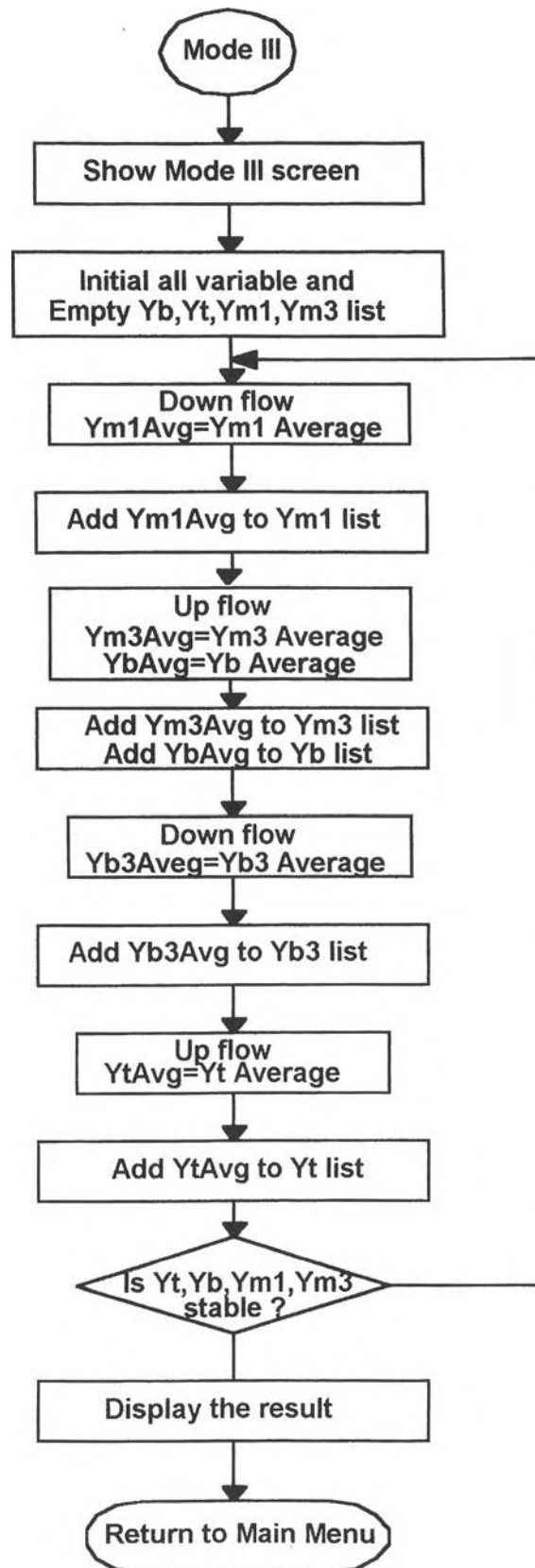
รูปที่ 3.2 แผนภาพแสดงวิธีการทำงานของโปรแกรมคำนวณหาค่าความเข้มข้น



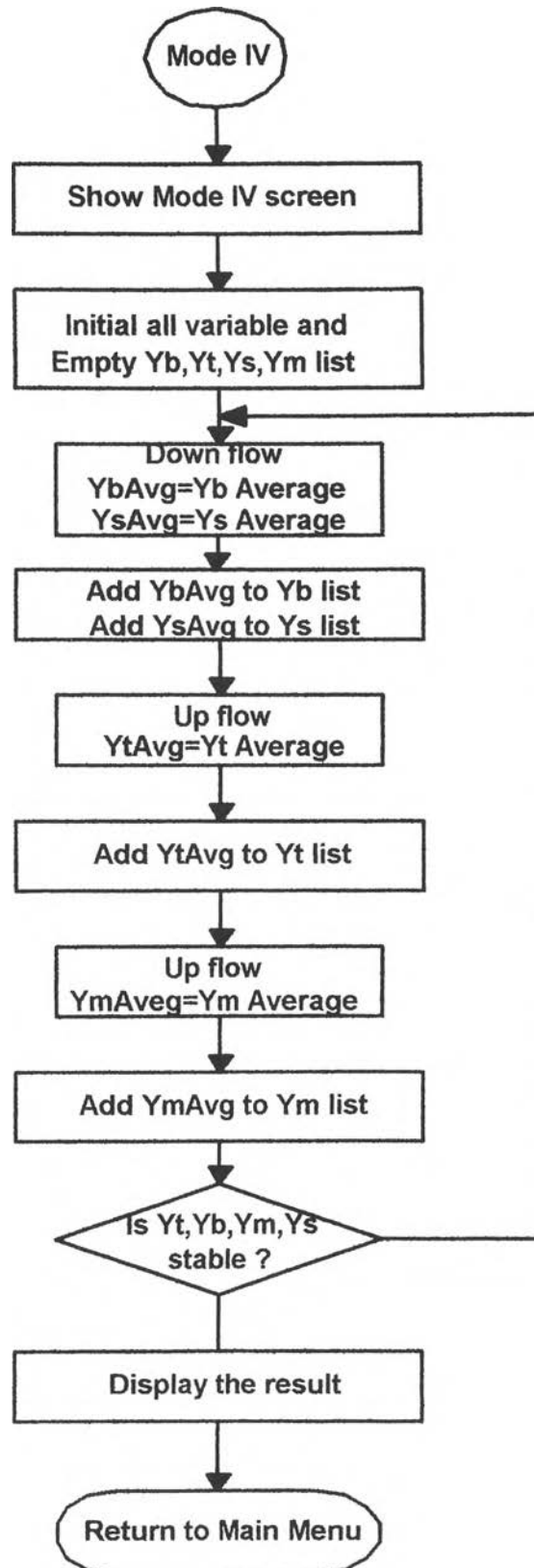
Flow chart for Mode I



Flow chart for Mode II



Flow chart for Mode III



Flow chart for Mode IV