

การระบุอัตลักษณ์ทางชีวโมเลกุลของผลิตภัณฑ์เกษตรอินทรีย์ด้วยเทคโนโลยีเมตาโบลิมิกส์ Metabolomics as an Emerging Technology for Molecular Authentication of Organic Food Products

ศานต์ เศรษฐชัยมงคล^{1, 2, 3, *} และ มาริสา คงบุญเกิด^{1, 3}
Sarn Settachaimongkon^{a, b, *} and Marisa Kongboonkird¹

Received: September 9, 2020

Revised: November 16, 2020

Accepted: December 12, 2020

บทคัดย่อ

กระแสความนิยมของกลุ่มผู้บริโภคที่ใส่ใจต่อสุขภาพและคำนึงถึงการอนุรักษ์สิ่งแวดล้อมในปัจจุบัน ส่งผลให้แนวโน้มการตลาดของผลิตภัณฑ์ “เกษตรอินทรีย์” หรือ “ออร์แกนิก” เติบโตอย่างต่อเนื่องและจัดอยู่ในกลุ่มผลิตภัณฑ์ “พรีเมียม” ที่มีมูลค่าสูง จึงจำเป็นต้องมีการพัฒนาวิธีตรวจสอบคุณภาพสำหรับป้องกันการปลอมปนสินค้าเกษตรทั่วไปเพื่อขายเป็นสินค้าเกษตรอินทรีย์ เมตาโบลิมิกส์ (metabolomics) คือ การวิเคราะห์ข้อมูลสารเมตาบอไลต์โดยรวม (metabolite profile) หรือ เมตาโบลอม (metabolome) ซึ่งเปรียบเสมือนลายพิมพ์ระดับโมเลกุล (molecular fingerprint) ของระบบชีวภาพที่สนใจ ในบทความปริทัศน์นี้จะนำเสนอความก้าวหน้าทางวิชาการในการระบุอัตลักษณ์ทางชีวโมเลกุลของผลิตภัณฑ์เกษตรและอาหารอินทรีย์ด้วยเทคโนโลยีดังกล่าว โดยครอบคลุมหลักการเบื้องต้นของการผลิตในระบบเกษตรอินทรีย์ การประยุกต์ใช้เทคโนโลยีเมตาโบลิมิกส์ในการศึกษาวิจัยทางด้านเกษตรและอาหาร (foodomics) การอภิปรายตัวอย่างงานวิจัยที่แสดงให้เห็นถึงอิทธิพลของการผลิตแบบเกษตรอินทรีย์ต่อการเปลี่ยนแปลงองค์ประกอบสารเมตาบอไลต์ในผลิตภัณฑ์เกษตรและอาหารแปรรูปทั้งที่ได้จากพืชและปศุสัตว์ การวิเคราะห์สารเมตาบอไลต์ที่สามารถใช้เป็นตัวบ่งชี้ชีวภาพ (biomarker) เพื่อแยกความแตกต่างระหว่างผลิตภัณฑ์เกษตรอินทรีย์และผลิตภัณฑ์ทั่วไป รวมทั้งผลกระทบของการเปลี่ยนแปลงปริมาณสารดังกล่าวต่อคุณภาพและคุณค่าทางโภชนาการของผลิตภัณฑ์ โดยข้อมูลเชิงลึกที่ได้จะเป็นพื้นฐานสำคัญในการพัฒนาวิธีตรวจสอบคุณภาพเพื่อระบุอัตลักษณ์ทางชีวโมเลกุล (food authentication) ของผลิตภัณฑ์เกษตรและอาหารอินทรีย์ในอนาคตต่อไป

คำสำคัญ: เกษตรอินทรีย์ เมตาโบลิมิกส์ อัตลักษณ์ทางชีวโมเลกุล อาหารอินทรีย์ เคมีเมตริกซ์

ABSTRACT

Nowadays, the popularity of organic agricultural and food products has increased towards trends in healthy food consumption and environmental concerns. At present, organic products are generally sold for much higher values than conventional products and are an attractive target for food fraud malpractices. Therefore, analytical methods for verifying the quality and authenticity of organic products are widely in demand. Metabolomics is recognized as an effective tool for investigating the overall metabolite profile or metabolome of complex biological systems including food matrices. Current studies attempting to assess differences in the metabolite profile of organic and conventional agricultural and food products using various high-throughput analytical platforms in combination with chemometric analysis have been progressively documented. Therefore, this review aims to provide an overview of the studies in which metabolomics approach has been applied for molecular authentication and discrimination between organic and conventional products. The organic food metabolome databases should be further extended and validated in order to apply for organic food authentication and traceability in the future.

Keywords: organic agricultural products, metabolomics, molecular authentication, organic food, chemometrics

* Corresponding author. e-mail: sarn.s@chula.ac.th

¹ภาควิชาเทคโนโลยีทางอาหาร คณะวิทยาศาสตร์ จุฬาลงกรณ์มหาวิทยาลัย กรุงเทพมหานคร

²ศูนย์วิทยาศาสตร์โอมิกส์และชีวสารสนเทศ คณะวิทยาศาสตร์ จุฬาลงกรณ์มหาวิทยาลัย กรุงเทพมหานคร

³หน่วยปฏิบัติการวิจัยกระบวนการผลิตเพื่อออกแบบสมบัติเชิงหน้าที่ของอาหาร คณะวิทยาศาสตร์ จุฬาลงกรณ์มหาวิทยาลัย กรุงเทพมหานคร

บทนำ

ความนิยมของกลุ่มผู้บริโภคที่ใส่ใจต่อสุขภาพ และคำนึงถึงความปลอดภัยของอาหาร ร่วมกับแนวคิดการอนุรักษ์ธรรมชาติและสิ่งแวดล้อมในปัจจุบัน ส่งผลให้แนวโน้มการตลาดของผลิตภัณฑ์เกษตรอินทรีย์ (organic products) ทั้งในและต่างประเทศเพิ่มสูงขึ้น [1] ทำให้เกษตรกรส่วนหนึ่งมีการปรับเปลี่ยนแนวทางการผลิตพืชอาหารและปศุสัตว์จากระบบอุตสาหกรรม ซึ่งมักเป็นการเกษตรแบบเชิงเดี่ยวที่เน้นให้ได้ผลผลิตปริมาณมาก มีการใช้สารเคมี ฮอร์โมนและยาปฏิชีวนะ ในระดับที่เกินความจำเป็น มาเป็นการผลิตในรูปแบบเกษตรอินทรีย์ (organic agriculture) ที่เกื้อหนุนต่อระบบนิเวศและสิ่งแวดล้อม หลีกเลี่ยงการใช้สารเคมีสังเคราะห์ ส่งเสริมสวัสดิภาพสัตว์ รักษาความหลากหลายทางชีวภาพ หลีกเลี่ยงการปฏิบัติที่ก่อให้เกิดมลพิษ ซึ่งก่อให้เกิดการพัฒนากระบวนการเกษตรกรรมแบบผสมผสาน และยั่งยืนตามแนวทางเศรษฐกิจแบบพอเพียง สร้างความมั่นคงด้านอาหารให้กับประเทศ และสร้างความมั่นใจด้านความปลอดภัยต่อสุขภาพให้กับผู้บริโภค [1] เนื่องจากความจำเป็นที่ต้องรักษาความเป็นเกษตรอินทรีย์ให้คงอยู่ตลอดห่วงโซ่การผลิต การแปรรูป การบรรจุ การเก็บรักษา การขนส่งและจัดจำหน่าย [2] ส่งผลให้ต้นทุนการผลิตแบบเกษตรอินทรีย์มีแนวโน้มค่อนข้างสูงเมื่อเปรียบเทียบกับการผลิตแบบเกษตรอุตสาหกรรมหรือเกษตรเคมี จึงพบว่าสินค้าเกษตรอินทรีย์ส่วนมากจัดอยู่ในกลุ่มผลิตภัณฑ์ “พรีเมียม (premium)” ที่มีมูลค่าสูง [1] ปัจจุบันมีการตรวจพบปัญหาการปลอมปนสินค้าเกษตรทั่วไปเพื่อขายเป็นสินค้าเกษตรอินทรีย์ โดยกลุ่มผู้ผลิตที่ไร้จริยธรรม ส่งผลให้หน่วยงานที่ทำหน้าที่กำหนดและรับรองมาตรฐานสินค้าเกษตรอินทรีย์ทั้งในและต่างประเทศ พยายามส่งเสริมให้มีการวิจัยและพัฒนาวิธีตรวจสอบคุณภาพ โดยเฉพาะการวิเคราะห์หาตัวบ่งชี้ชีวภาพ (biomarker) เพื่อระบุอัตลักษณ์ทางชีวโมเลกุล (molecular authentication) ของผลิตภัณฑ์เกษตรและอาหารที่เป็นผลมาจากระบบการผลิตแบบอินทรีย์ สำหรับนำมาใช้ตรวจสอบและควบคุมการกระทำที่ละเมิดกฎหมายดังกล่าว [3] เมตาโบโลมิกส์ (metabolomics)

เป็นศาสตร์หนึ่งในวิทยาศาสตร์โอมิกส์ (~omics) ที่มีการนำมาประยุกต์ใช้ในการศึกษาวิจัยทางด้านการเกษตรและอาหาร (foodomics) อย่างกว้างขวาง [3] โดยผลที่ได้จากการวิเคราะห์จะอยู่ในรูปของข้อมูลสารเมตาบอไลต์โดยรวม (metabolite profile) หรือเมตาโบโลม (metabolome) ซึ่งเปรียบเสมือนลายพิมพ์ระดับโมเลกุล (molecular fingerprint) ของตัวอย่างนั้น [4, 5] และเมื่อผ่านการประมวลผลร่วมกับเทคนิคทางเคมีเมตริกซ์ (chemometrics) จะสามารถวิเคราะห์รูปแบบและเปรียบเทียบข้อมูลแบบแผนทางชีวโมเลกุล (biomolecular profiling) ระหว่างกลุ่มตัวอย่างที่สนใจได้ [3] ดังนั้น ในบทความปริทัศน์นี้ จึงขอเสนอความก้าวหน้าทางวิชาการในช่วงทศวรรษที่ผ่านมาเกี่ยวกับการวิเคราะห์ระบุอัตลักษณ์ทางชีวโมเลกุลของผลิตภัณฑ์เกษตรและอาหารอินทรีย์ด้วยเทคโนโลยีดังกล่าว

ความหมายของเกษตรอินทรีย์

สหพันธ์เกษตรอินทรีย์นานาชาติ (International Federation of Organic Agriculture Movement หรือ IFOAM) ซึ่งเป็นเครือข่ายขององค์กรด้านเกษตรอินทรีย์ระหว่างประเทศ ได้ให้คำนิยามของ “เกษตรอินทรีย์” ว่าเป็น ระบบการเกษตรที่ให้ความสำคัญกับความยั่งยืนของทรัพยากรธรรมชาติ ได้แก่ ความอุดมสมบูรณ์ของดินและแหล่งน้ำ สมดุลของระบบนิเวศ และความปลอดภัยต่อสุขภาพของมนุษย์ โดยการประยุกต์ใช้องค์ความรู้ในกระบวนการทางนิเวศวิทยา ความหลากหลายทางชีวภาพ และวงจรธรรมชาติ ที่มีลักษณะเฉพาะในแต่ละพื้นที่ เพื่อทดแทนปัจจัยในกระบวนการผลิตที่ก่อให้เกิดผลกระทบในเชิงลบต่อระบบนิเวศ สิ่งแวดล้อม และสุขภาพของมนุษย์ [1, 6]

สำหรับประเทศไทย สำนักงานมาตรฐานสินค้าเกษตรและอาหารแห่งชาติ (มกอช.) กระทรวงเกษตรและสหกรณ์ ได้ให้คำนิยามของ “เกษตรอินทรีย์” ว่าเป็น ระบบจัดการการผลิตด้านการเกษตรแบบองค์รวมที่เกื้อหนุนต่อระบบนิเวศ รวมถึงความหลากหลายทางชีวภาพ วงจรชีวภาพ โดยเน้นการใช้วัสดุธรรมชาติ หลีกเลี่ยงการใช้วัตถุจากการสังเคราะห์ และไม่ใช้

* Corresponding author. e-mail: sarn.s@chula.ac.th

¹ภาควิชาเทคโนโลยีทางอาหาร คณะวิทยาศาสตร์ จุฬาลงกรณ์มหาวิทยาลัย กรุงเทพมหานคร

²ศูนย์วิทยาศาสตร์โอมิกส์และชีวสารสนเทศ คณะวิทยาศาสตร์ จุฬาลงกรณ์มหาวิทยาลัย กรุงเทพมหานคร

³หน่วยปฏิบัติการวิจัยกระบวนการผลิตเพื่อออกแบบสมบัติเชิงหน้าที่ของอาหาร คณะวิทยาศาสตร์ จุฬาลงกรณ์มหาวิทยาลัย กรุงเทพมหานคร

พืช สัตว์ หรือจุลินทรีย์ที่ได้มาจากเทคนิคการดัดแปรพันธุกรรม (genetic modification) มีการจัดการกับผลิตภัณฑ์โดยเน้นการแปรรูปด้วยความระมัดระวังเพื่อรักษาสภาพการเป็นเกษตรอินทรีย์และคุณภาพที่สำคัญของผลิตภัณฑ์ในทุกขั้นตอน [2] โดยหน่วยงานดังกล่าวได้ดำเนินการจัดทำมาตรฐานเกษตรอินทรีย์มาตั้งแต่ปี 2546 [1] จนถึงปัจจุบัน (พฤษภาคม 2563) มีมาตรฐานสินค้าเกษตรและแนวปฏิบัติในการใช้มาตรฐานดังกล่าวเพื่อกำหนดวิธีการผลิต แปรรูป แสดงฉลาก และจำหน่ายผลิตภัณฑ์และผลิตภัณฑ์จากพืชอินทรีย์ ปศุสัตว์อินทรีย์ แมลงอินทรีย์ สัตว์น้ำและอาหารสัตว์น้ำอินทรีย์ รวมทั้งสิ้น 9 รายการ [7] โดยผู้ผลิตที่ได้รับการรับรองมาตรฐานจะได้รับอนุญาตให้ใช้ตราสัญลักษณ์ “Organic Thailand” ซึ่งถือเป็นตรามาตรฐานของประเทศไทยเพื่อแสดงว่าเป็นสินค้าเกษตรอินทรีย์ [1] จากข้อมูลของกองนโยบายและแผนพัฒนาการเกษตร สำนักงานเศรษฐกิจการเกษตร กระทรวงเกษตรและสหกรณ์ ในปี 2562 ประเทศไทยมีเกษตรกรที่ผ่านการรับรองมาตรฐานเกษตรอินทรีย์จำนวน 40,774 ราย โดยสินค้าเกษตรอินทรีย์ส่งออกที่สำคัญของไทย ได้แก่ ข้าว มะพร้าวอ่อน มังคุดทุเรียน ใบชาเขียว และกะทิสำเร็จรูป [8] ทั้งนี้ การที่เกษตรอินทรีย์ตั้งอยู่บนแนวคิดพื้นฐานในการผลิตที่สอดคล้องกับวิถีธรรมชาติในแต่ละพื้นที่ซึ่งมีลักษณะเฉพาะตัว จึงส่งผลให้คุณภาพด้านต่างๆ ของผลิตภัณฑ์เกษตรและอาหารอินทรีย์มีความแตกต่างจากผลิตภัณฑ์ทั่วไป [9]

อิทธิพลของการผลิตโดยใช้ระบบเกษตรอินทรีย์ต่อคุณภาพของผลิตภัณฑ์

การผลิตโดยใช้ระบบเกษตรอินทรีย์ส่งเสริมให้เกิดการหมุนเวียนของวงจรธาตุอาหารและสร้างความอุดมสมบูรณ์ของดินและแหล่งน้ำ ส่งเสริมความสัมพันธ์แบบสมดุลของสิ่งมีชีวิตที่หลากหลาย ทั้งพืช สัตว์ จุลินทรีย์ และการอนุรักษ์และฟื้นฟูระบบนิเวศเกษตรโดยการปฏิเสธการใช้สารเคมีสังเคราะห์ทุกชนิดที่เป็นสาเหตุสำคัญในการทำลายความอุดมสมบูรณ์และสมดุล

ของระบบนิเวศและสิ่งแวดล้อม [1] ปัจจัยในการผลิตขั้นต้นดังกล่าวส่งผลให้ลักษณะทางคุณภาพ ความปลอดภัยและคุณค่าทางโภชนาการของผลิตภัณฑ์เกษตรอินทรีย์มีความแตกต่างจากผลิตภัณฑ์เกษตรทั่วไป (Figure 1) [10-12] สำหรับผลิตภัณฑ์พืชอาหารที่ผลิตด้วยระบบเกษตรอินทรีย์ มักพบรายงานการเพิ่มสูงขึ้นของปริมาณสารประกอบในกลุ่ม vitamin C, vitamin E, polyphenol, flavonoid และ carotenoid เมื่อเทียบกับผลิตภัณฑ์เกษตรทั่วไป ซึ่งสารพฤกษเคมีเหล่านี้มีสมบัติการเป็นสารต้านออกซิเดชันซึ่งเป็นประโยชน์ต่อร่างกาย [10-14] ทั้งนี้ ผู้อ่านสามารถศึกษาข้อมูลเพิ่มเติมเกี่ยวกับอิทธิพลของระบบการจัดการฟาร์มต่อสมบัติทางเคมีกายภาพ คุณภาพทางประสาทสัมผัส ความปลอดภัยทางเคมี และคุณภาพทางจุลชีววิทยาของผลิตภัณฑ์ผลไม้อินทรีย์ ได้จากบทความปริทัศน์ของ Mditshwa et al. (2017) [14] สำหรับผลิตภัณฑ์ปศุสัตว์อินทรีย์พบว่า ข้อมูลที่รายงานมีความหลากหลายขึ้นอยู่กับชนิดและสายพันธุ์สัตว์ (โค กระบือ สุกร เป็ด ไก่ สัตว์น้ำ แมลง) และประเภทของผลิตภัณฑ์ (เนื้อ นม ไข่ สัตว์น้ำ และผลิตภัณฑ์แปรรูป) โดยมักพบรายงานความแตกต่างในส่วนองค์ประกอบไขมันในผลิตภัณฑ์ อันเป็นผลสืบเนื่องมาจากส่วนผสมในอาหารสัตว์และระบบการจัดการฟาร์มแบบอินทรีย์ที่เอื้อต่อการส่งเสริมสุขภาพและสวัสดิภาพสัตว์ [10-13] นอกจากปริมาณองค์ประกอบทางเคมีหลักและคุณค่าทางโภชนาการดังที่กล่าวมาแล้ว ความก้าวหน้าของเทคโนโลยีเคมีวิเคราะห์ด้วยเครื่องมือขั้นสูงในปัจจุบันสามารถแสดงให้เห็นข้อมูลการเปลี่ยนแปลงขององค์ประกอบย่อยหรือสารเมตาบอไลต์ในระบบอาหาร อันเนื่องมาจากอิทธิพลของการผลิตในระบบเกษตรอินทรีย์ได้อย่างชัดเจน (Figure 1) [3, 11]

* Corresponding author. e-mail: sarn.s@chula.ac.th

¹Department of Food Technology, Faculty of Science, Chulalongkorn University, Bangkok

²Omics Sciences and Bioinformatics Center, Faculty of Science, Chulalongkorn University, Bangkok

³Emerging Process for Food Functionality Design (EPFFD) Research Unit, Faculty of Science, Chulalongkorn University, Bangkok

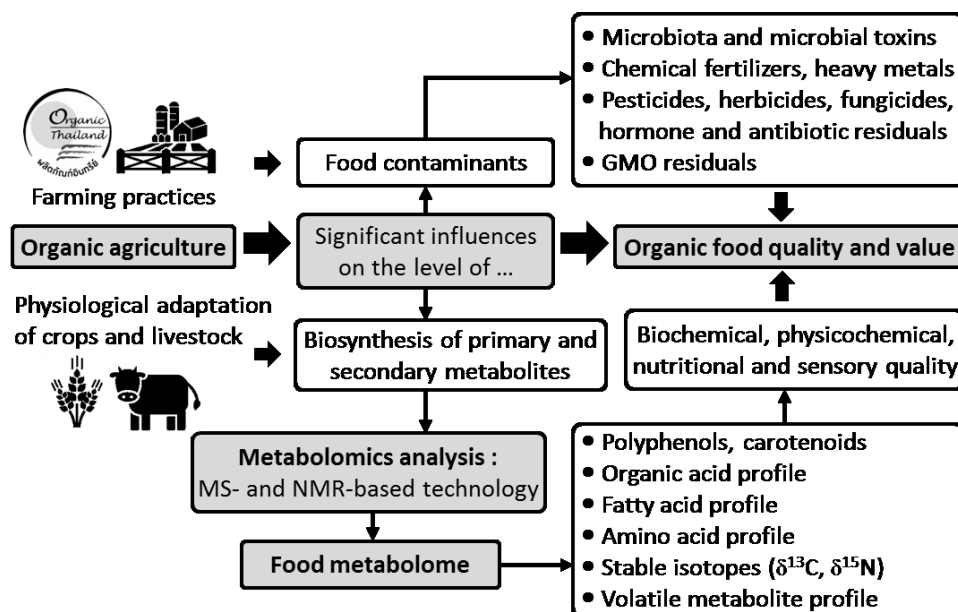


Figure 1 Impacts of organic production on the overall quality of agricultural and food products and a metabolomics challenge associated with molecular authentication of organic foods. Information adapted from Mditshwa et al. (2017) [14] and Popa et al. (2019) [10].

ความรู้เบื้องต้นเกี่ยวกับเทคโนโลยีเมตาโบโลมิกส์และการประยุกต์ด้านวิทยาศาสตร์การอาหาร

ผู้เขียนได้อธิบายความหมายเบื้องต้นของ “เมตาโบโลมิกส์” ไว้ในบทความปริทัศน์ฉบับก่อนหน้า [5] กล่าวโดยสรุป คือ เมตาโบโลมิกส์เป็นการรวบรวมข้อมูลสารชีวโมเลกุลขนาดเล็ก (โดยทั่วไปมีขนาดต่ำกว่า 1.5 กิโลดาลตัน) ที่เป็นองค์ประกอบของระบบชีวภาพชนิดใดชนิดหนึ่ง ณ ช่วงเวลาใดเวลา โดยข้อมูลดังกล่าวสะท้อนให้เห็นถึงการเปลี่ยนแปลงของกระบวนการเมตาบอลิซึมในระบบชีวภาพนั้นๆ ซึ่งเป็นผลมาจากกระบวนการแสดงออกทางพันธุกรรม (gene expression) ร่วมกับการตอบสนองต่อสภาวะแวดล้อม (adaptive response) [5] การศึกษาด้านเมตาโบโลมิกส์จำเป็นต้องอาศัยความก้าวหน้าของเทคโนโลยีเคมีวิเคราะห์ด้วยเครื่องมือขั้นสูง ตัวอย่างเช่น nuclear magnetic resonance (NMR) spectroscopy, gas chromatography-mass spectrometry (GC-MS), (liquid chromatography-mass spectrometry (LC-MS), capillary electrophoresis-mass spectrometry (CE-MS), ion mobility-mass spectrometry (IM-MS), direct infusion-mass spectrometry (DI-MS), matrix-assisted

laser desorption ionization-mass spectrometry (MALDI-MS), mass spectrometry imaging (MSI) และ direct analysis in real time-mass spectrometry (DART-MS) [15-17] เพื่อให้ได้มาซึ่งข้อมูล “สารเมตาบอลิต์ทั้งหมด” หรือ “เมตาโบโลม” ในระบบชีวภาพที่สนใจ [5, 15] หลังจากนั้นจะนำข้อมูลที่ได้อิงวิเคราะห์ด้วยเทคนิคทางเคโมเมตริกซ์ซึ่งเป็นการใช้สถิติพหุตัวแปร (multivariate statistics) มาอธิบายรูปแบบและศึกษาความสัมพันธ์ของข้อมูลเมตาโบโลมกับคุณลักษณะที่สนใจ [15]

ปัจจุบันมีการนำเทคโนโลยีเมตาโบโลมิกส์มาใช้ในการศึกษาองค์ประกอบทางชีวเคมีในผลิตภัณฑ์เกษตรและอาหารอย่างกว้างขวาง [15] ทั้งในด้านการตรวจสอบความปลอดภัย เช่น ตรวจสอบติดตามการปนเปื้อนและการปลอมปนจากอันตรายทางชีวภาพและทางเคมี ที่ส่งผลให้เกิดความผิดปกติของข้อมูลแบบแผนทางชีวโมเลกุลในผลิตภัณฑ์ [15, 16] รวมทั้งประยุกต์ใช้ในการตรวจวิเคราะห์คุณภาพและการตรวจสอบย้อนกลับ โดยติดตามการเปลี่ยนแปลงข้อมูลแบบแผนทางชีวโมเลกุลของผลิตภัณฑ์ อันเป็นผลมาจากการผลิตเบื้องต้นในระดับฟาร์ม การเก็บเกี่ยว การ

* Corresponding author. e-mail: sarn.s@chula.ac.th

¹Department of Food Technology, Faculty of Science, Chulalongkorn University, Bangkok

²Omics Sciences and Bioinformatics Center, Faculty of Science, Chulalongkorn University, Bangkok

³Emerging Process for Food Functionality Design (EPFFD) Research Unit, Faculty of Science, Chulalongkorn University, Bangkok

แปรรูป การขนส่งและเก็บรักษา [15, 17] ตลอดจนคุณค่าทางโภชนาการและอิทธิพลของสารอาหารต่อการแสดงออกของยีนในร่างกายผู้บริโภค หรือ โภชนพันธุศาสตร์ (nutrigenomics) อันจะนำไปสู่การพัฒนาด้านโภชนาการเฉพาะบุคคล (personalized nutrition) ซึ่งเป็นการวิจัยขั้นแนวหน้าที่เป็นผลจากการบูรณาการองค์ความรู้ด้านวิทยาศาสตร์การอาหาร โภชนศาสตร์ พันธุศาสตร์ และวิทยาศาสตร์การแพทย์เข้าด้วยกัน [18] ปัจจุบันในฐานข้อมูล The Food Database (FoodDB) (<https://foodb.ca/>) ได้แสดงรายละเอียดของสารเมตาบอไลต์ที่ตรวจพบในระบบอาหารและสารประกอบที่ใช้เป็นวัตถุเจือปนอาหารไว้ถึง 70,926 รายการ [19] ในฐานข้อมูล Livestock Metabolome Database (LMDB) (<http://lmdb.ca/>) และ Milk Composition Database (MCDB) (<https://mcdm.ca/>) ได้แสดงรายละเอียดของสารเมตาบอไลต์ที่ตรวจพบในปศุสัตว์และน้ำนมไว้มากกว่า 2,300 รายการ [20, 21] โดยผู้อ่านสามารถศึกษาข้อมูลเพิ่มเติมเกี่ยวกับเทคโนโลยีเมตาโบโลมิกส์ในงานวิจัยด้านเกษตรและ

อาหาร ได้จากเอกสารอ้างอิงตามที่ระบุไว้ในเนื้อความข้างต้นและจากบทความปริทัศน์ของผู้เขียน [5, 22] ทั้งนี้ เทคโนโลยีดังกล่าวสามารถประยุกต์ใช้ในการวิเคราะห์ระบุอัตลักษณ์ทางชีวโมเลกุลของผลิตภัณฑ์เกษตรอินทรีย์ [3, 11] ทั้งกลุ่มผลิตภัณฑ์จากพืชและผลิตภัณฑ์จากสัตว์ (Table 1) โดยตัวอย่างใน Figure 2 แสดงให้เห็นถึงขั้นตอนการศึกษาเปรียบเทียบข้อมูลเมตาโบโลมระหว่างน้ำนมดิบที่ได้จากฟาร์มโคนมอินทรีย์และฟาร์มโคนมทั่วไปในงานวิจัยของ Kongboonkerd (2019) ตั้งแต่ขั้นตอนการคัดเลือกและเก็บตัวอย่าง การวิเคราะห์ข้อมูลสารเมตาบอไลต์ชนิดระเหยยาก (non-volatile metabolite) และข้อมูลกรดไขมัน การวิเคราะห์ผลทางสถิติและระบุชนิดสารเมตาบอไลต์ที่สามารถใช้เป็นตัวบ่งชี้ชีวภาพ รวมทั้งคำนวณหาวิธีเมตาบอไลซึมที่เกี่ยวข้องกับกระบวนการสังเคราะห์สารในกลุ่มดังกล่าว อันเนื่องมาจากอิทธิพลของระบบการจัดการฟาร์มโคนมแบบอินทรีย์ [23]

Table 1 List of representative reports where a metabolomics approach was applied for molecular authentication of organic agricultural and food commodities.

Food commodity	Chemical groups or metabolites suggested for organic authentication	Analytical platform*	Chemometric analysis**	Statistical authentication performance	Reference
<i>Plant-based food</i>					
Cabbage	Sugars, flavonoids, iberin conjugates, certain unidentified metabolites	LC-MS	OPLS-DA	>80% correct classification	[50]
Carrot	Sedoheptulose, l-arginine, chlorogenic acid, citric acid, sedoheptulose, l-arginine, chlorogenic acid, citric acid, fatty acid ester, jasmonate derivative, glycosylated terpene	UHPLC-MS	OPLS-DA	>75% correct classification	[31]
Coffee	Fatty acids, β -(1-3)-d-galactopyranose, β -(1-4)-d-mannopyranose, quinic acid, cyclic esters	¹ H-NMR	OPLS-DA	>50% correct classification	[34]

* Corresponding author. e-mail: sarn.s@chula.ac.th

¹Department of Food Technology, Faculty of Science, Chulalongkorn University, Bangkok

²Omics Sciences and Bioinformatics Center, Faculty of Science, Chulalongkorn University, Bangkok

³Emerging Process for Food Functionality Design (EPFFD) Research Unit, Faculty of Science, Chulalongkorn University, Bangkok

Food commodity	Chemical groups or metabolites suggested for organic authentication	Analytical platform*	Chemometric analysis**	Statistical authentication performance	Reference
Grape juice	Na, Sn, P, K, Sm, Nd element profile	ICP-MS	SVM, neural networks, decision trees	>85% differentiation accuracy	[51]
Maize	Malic acid, myo-inositol, phosphate	GC-MS	PCA	58% variance explained	[26]
Orange juice	9,10,13-trihydroxystearic acid, 9R,10S,18-trihydroxystearic acid, phloionolic acid, 4-oxoglutarate semialdehyde, dehydroascorbic acid, γ -terpinene, β -myrcene	HPLC-HR-MS, HS-SPME-GC-MS	HCA, PCA, OPLS-DA	>60% correct classification	[32]
Plum	Aldehyde compounds	HS-SPME-GC-MS	PLS-DA	>95% correct classification	[33]
Potato	Glucose, amylose, alanine, isoleucine, lysine, proline, valine, lysine, γ -aminobutyric acid (GABA)	^1H -HRMS-NMR	PCA, PLS-DA	>60% correct classification	[52]
Rice	Histidinol, pinoresinol, coumarin 106	UHPLC-Q-ToF-MS	HCA, PCA, PLS-DA, OPLS-DA	>80% correct classification	[29]
Strawberry	Flavonoid, kaempferol, sapogenin	LC-qTOF-ESI-MS	PCA, PLS-DA	>75% correct classification	[24]
Tomato	Malic acid, asparagine, aspartic acid, fructose, glucose, histidine, choline, threonine, trigonelline, adenosine monophosphate	^1H -NMR	PCA, PLS-DA, LDA	>70% correct classification	[53]
	Threonine, trilobatin, phloridzin, tomatine, phloretin, echinenone	HPLC-HRAMS	PCA	>80% variance explained	[54]
Wheat grains	Myo-inositol, malate, amino acids	GC-MS	PCA	>50% variance explained	[25]
	Overall GC-MS based metabolomic profile	GC-MS	PCA, t-SNE, SVM	>55% correct classification	[28]
	Flavonoids, secondary plant metabolites	GC-Q-TOF, UHPLC-Q-TOF	PCA	>50% variance explained	[55]

* Corresponding author. e-mail: sam.s@chula.ac.th

¹Department of Food Technology, Faculty of Science, Chulalongkorn University, Bangkok²Omics Sciences and Bioinformatics Center, Faculty of Science, Chulalongkorn University, Bangkok³Emerging Process for Food Functionality Design (EPFFD) Research Unit, Faculty of Science, Chulalongkorn University, Bangkok

Food commodity	Chemical groups or metabolites suggested for organic authentication	Analytical platform*	Chemometric analysis**	Statistical authentication performance	Reference
<i>Animal-based food</i>					
Chicken eggs	ω -3 fatty acids, PUFAs	¹ H-NMR	PCA, LDA	>90% correct classification	[42]
Honey	Succinate, acetate, formate, kynurate	¹ H-NMR	PCA, PLS-DA	>70% correct classification	[35]
Meat	PUFA n-3, PUFA n-6, MUFAs, EPA, Vitamin A	GC-FID	One-way ANOVA	Significantly different level at $p < 0.05$	[37]
	Stable isotope ratios ($\delta^{13}\text{C}$, $\delta^{15}\text{N}$) Na, K, Mg, Ca, Fe, Cu, Se element profile	IRMS ICP-MS	PCS, OPLS-DA	>80% correct classification	[39]
Milk and mozzarella cheese	Aldehydes, ketones, unsaturated fatty acids, pentanoic acid, decanoic acid, 1-pentanol, 2-ethyl-1-hexanol, hexanal, ethyl acetate, toluene, dimethyl sulfide, acetoin, 2-butanone, nonanoic acid.	SPME-GC-MS	PLS-DA	>60% correct classification	[56]
Milk and ripened cheese	FTIR spectra, NIR spectra, Fatty acid profile	FTIR, NIR, GC-FID, PTR-ToF-MS	LDA	>60% correct classification	[45]
Pasteurized liquid milk	Acetate, acetoacetate, betaine, isoleucine, lactate, threonine, valerate	¹ H-NMR	HCA, PCA	>65% variance explained	[49]
Raw milk	Fatty acid profile	GC-FID, GC-MS	PLS-DA	>70% correct classification	[47]
	Myristic acid, linoleic acid, stearic acid, oleic acid, α -tocopherol alanine, isoleucine threonine, serine	GC-C-IRMS	PCA, PLS-DA, OPLS-DA	>70% correct classification	[46]
	Oleic acid, linoleic acid, linolenic acid, MUFAs, PUFAs	GC-FID	PCA, PLS-DA	>80% correct classification	[48]
	1,6-anhydro- β -D-glucose, betaine, N-acetyl amino acid, histidine, acetoacetate, formate, 4-pyridoxate, acetyl carnitine, N-acetyl glutamate, hippurate, arachidic acid, stearic acid, linolenic acid, conjugated linoleic acid	GC-FID, ¹ H-NMR	HCA, PCA, PLS-DA	>60% correct classification	[23]

* Corresponding author. e-mail: sam.s@chula.ac.th

¹Department of Food Technology, Faculty of Science, Chulalongkorn University, Bangkok²Omics Sciences and Bioinformatics Center, Faculty of Science, Chulalongkorn University, Bangkok³Emerging Process for Food Functionality Design (EPFFD) Research Unit, Faculty of Science, Chulalongkorn University, Bangkok

Food commodity	Chemical groups or metabolites suggested for organic authentication	Analytical platform*	Chemometric analysis**	Statistical authentication performance	Reference
Salmon and Trout fish	Linoleic acid, myristic acid, oleic acid, gondoic acid, stable isotope ratios ($\delta^{15}\text{N}$, non-lipid $\delta^{13}\text{C}$)	HPLC, GC-FID, IRMS	PCA	>50% variance explained	[41]
Sausages (pork)	2-butanol, acetic acid, 2-butanone, ethanol, acetone, 3-hydroxy-2-butanone, 2-pentyl-furan, pentanal, PUFAs	SPME-GC-MS	One-way ANOVA	Significantly different level at $p < 0.05$	[38]
Shrimp	α -linolenic acid, docosapentaenoic acid, pentadecanoic acid, heptadecanoic acid, monounsaturated gondoic acid, stable isotope ratios ($\delta^{15}\text{N}$, $\delta^{13}\text{C}$)	HPLC, GC-FID, IRMS	PLS-DA	>85% correct classification	[40]

* FTIR: Fourier-transform infrared spectroscopy

GC-C-IRMS: gas chromatography–combustion–isotope ratio coupled with mass spectrometer

GC-FID: Gas chromatography coupled with flame ionization detector

GC-MS: Gas chromatography coupled with mass spectrometry

GC-Q-TOF-MS: Gas chromatography coupled with quadrupole–time-of-flight–mass spectrometer

^1H -HRMS-NMR: Proton high resolution magic angle spinning-NMR

^1H -NMR: Proton nuclear magnetic resonance spectroscopy

HPLC-HR-MS: High performance liquid chromatography coupled with high resolution mass spectrometry

HPLC-HRAMS: High performance liquid chromatography coupled with high resolution accurate mass spectrometry

HS-SPME-GC-MS: Headspace solid phase micro-extraction gas chromatography coupled with mass spectrometry

ICP-MS: Inductively coupled plasma mass spectrometry

IRMS: Isotope ratio mass spectrometry

LC-qTOF-ESI-MS: Liquid chromatography connected with negative electrospray ionization in quadrupole–time-of-flight–mass spectrometer

NIR: Near-infrared spectrometry

PTR-ToF-MS: Proton-transfer-reaction time-of-flight mass spectrometry

UHPLC-MS: Ultra high performance liquid chromatography coupled with mass spectrometry

UHPLC-Q-ToF-MS: Ultra high performance liquid chromatography coupled with quadrupole–time-of-flight–mass spectrometer

** HCA: hierarchical cluster analysis

LDA: linear discriminant analysis

OPLS-DA: Orthogonal projections to latent structures discriminant analysis

PCA: Principal component analysis

PLS-DA: Partial least squares discriminant analysis

t-SNE: T-distribution stochastic neighbor embedding

SVM: Support vector machine

* Corresponding author. e-mail: sarn.s@chula.ac.th

¹Department of Food Technology, Faculty of Science, Chulalongkorn University, Bangkok

²Omics Sciences and Bioinformatics Center, Faculty of Science, Chulalongkorn University, Bangkok

³Emerging Process for Food Functionality Design (EPFFD) Research Unit, Faculty of Science, Chulalongkorn University, Bangkok

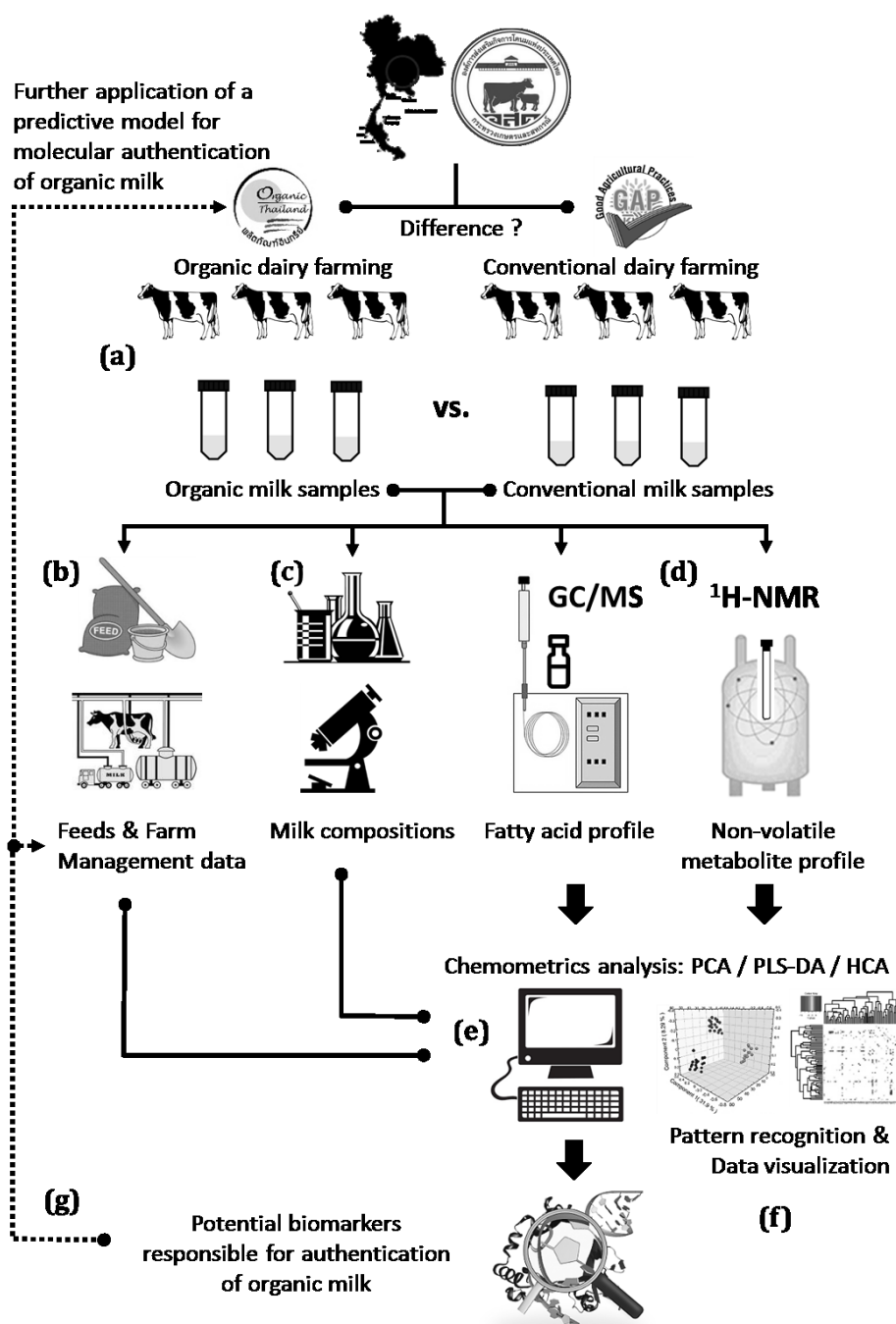


Figure 2 Metabolomics workflow applied in the molecular authentication of organic bovine milk in the study of Kongboonkird (2019) comprising of sample collection and preparation (a), collection of data on organic farming practices (b), gross chemical composition analysis (c), metabolomics analysis (d), data acquisition, pretreatment and processing (e), data reduction, metabolite fingerprint authentication and biomarker identification (f) and further validation and extension of database (g) [23].

* Corresponding author. e-mail: sam.s@chula.ac.th

¹Department of Food Technology, Faculty of Science, Chulalongkorn University, Bangkok

²Omics Sciences and Bioinformatics Center, Faculty of Science, Chulalongkorn University, Bangkok

³Emerging Process for Food Functionality Design (EPFFD) Research Unit, Faculty of Science, Chulalongkorn University, Bangkok

การวิเคราะห์อัตลักษณ์ทางชีวโมเลกุลของผลิตภัณฑ์พืชเกษตรอินทรีย์ด้วยเทคโนโลยีเมตาโบโลมิกส์

การประยุกต์ใช้เทคโนโลยีเมตาโบโลมิกส์เพื่อวิเคราะห์อัตลักษณ์ทางชีวโมเลกุลของผลิตภัณฑ์เกษตรและอาหารอินทรีย์ได้รับการตีพิมพ์เผยแพร่ในวารสารวิชาการอย่างต่อเนื่องในช่วงทศวรรษที่ผ่านมา โดยเทคโนโลยีดังกล่าวมีข้อดี คือ สามารถวิเคราะห์ข้อมูลสารเมตาบอไลต์แบบไม่จำเพาะ (non-targeted metabolite profiling) ทำให้สามารถติดตามการเปลี่ยนแปลงของข้อมูลดังกล่าว อันเป็นผลสืบเนื่องจากระบบการผลิตแบบอินทรีย์ โดยที่ยังไม่มีองค์ความรู้หรือสมมุติฐาน (*a priori* hypothesis) ว่ากระบวนการผลิตดังกล่าวจะส่งผลต่อการเปลี่ยนแปลงของสารกลุ่มใดในระบบอาหารนั้น [3] สำหรับผลิตภัณฑ์พืชอาหารที่ผลิตด้วยระบบเกษตรอินทรีย์ มีรายงานว่าปัจจัยในกระบวนการผลิต โดยเฉพาะการละเว้นการใช้ปุ๋ยเคมีและสารเคมีควบคุมแมลงศัตรูพืช มีอิทธิพลอย่างมีนัยสำคัญต่อสมดุลของระบบสิ่งแวดล้อม โดยเฉพาะนิเวศวิทยาของดินและแหล่งน้ำในบริเวณสถานที่เพาะปลูก ซึ่งชักนำให้เกิดการปรับตัวทางด้านสรีรวิทยาของพืชเพื่อตอบสนองต่อความเครียดต่างๆ (adaptive stress response) ที่เกิดขึ้นจากระบบการผลิตแบบเกษตรอินทรีย์ เช่น ปริมาณสารอาหารที่ค่อนข้างจำกัดในดิน การรุกรานของโรคและแมลงศัตรูพืช การตอบสนองของพืชต่อสภาวะความเครียดดังกล่าว มีอิทธิพลโดยตรงต่อรูปแบบกระบวนการสังเคราะห์สารเมตาบอไลต์ทั้งชนิดปฐมภูมิและทุติยภูมิ โดยเฉพาะสารประกอบ polyphenol ซึ่งเป็นผลผลิตจากวิถี pentose phosphate, shikimate และ phenylpropanoid เมตาบอลิซึมในพืช [10, 14] การเปลี่ยนแปลงปริมาณสารเมตาบอไลต์ดังกล่าวส่งผลโดยตรงสมบัติทางเคมี คุณค่าทางโภชนาการ และคุณภาพด้านประสาทสัมผัสของผลิตภัณฑ์ [14, 24] ดังนั้นงานวิจัยที่แสดงให้เห็นถึงประสิทธิภาพของการประยุกต์ใช้เทคโนโลยีเมตาโบโลมิกส์ในการวิเคราะห์ระบุอัตลักษณ์ทางชีวโมเลกุลของผลิตภัณฑ์พืชเกษตรอินทรีย์ จึงได้รับความสนใจและมีการตีพิมพ์เผยแพร่เพิ่มขึ้นอย่างต่อเนื่องในปัจจุบัน (Table 1)

สำหรับตัวอย่างการศึกษาอัตลักษณ์ทางชีวโมเลกุลของธัญพืช (Table 1) ที่ผลิตในระบบเกษตรอินทรีย์ Bonte et al. (2014) เปรียบเทียบความแตกต่างของข้อมูลสารเมตาบอไลต์ในข้าวสาลี (*Triticum aestivum* L.) จำนวน 11 สายพันธุ์ ที่ปลูกในฟาร์มเกษตรอินทรีย์และฟาร์มทั่วไปด้วยเทคนิค GC-MS [25] คณะผู้วิจัยสามารถแยกความแตกต่างของข้อมูลสารเมตาบอไลต์ระหว่างตัวอย่างข้าวสาลีทั้ง 2 กลุ่ม ได้อย่างชัดเจนด้วยการวิเคราะห์องค์ประกอบหลัก (principal component analysis; PCA) โดยพบว่าปริมาณสัมพัทธ์ของ *myo*-inositol และ malate มีค่าสูงในเมล็ดข้าวสาลีที่ปลูกแบบอินทรีย์ และปริมาณสัมพัทธ์ของ adenosine, aspartate, asparagine, arabinose, alanine, urea, ethanolamine และ tryptophan มีค่าสูงในเมล็ดข้าวสาลีที่ปลูกแบบทั่วไป ซึ่งคณะผู้วิจัยอภิปรายว่าปริมาณสารประกอบไนโตรเจนที่มีค่าสูงกว่าเหล่านี้ น่าจะเป็นผลมาจากการใช้ปุ๋ยไนโตรเจนในปริมาณที่สูงกว่าถึง 2 เท่า ในการเพาะปลูกข้าวสาลีแบบทั่วไป เมื่อนำปัจจัยด้านความแตกต่างทางพันธุกรรมของข้าวสาลีทั้ง 11 สายพันธุ์มาประกอบการประมวลผล คณะผู้วิจัยเสนอให้ใช้ปริมาณสัมพัทธ์ของ *myo*-inositol เป็นตัวบ่งชี้ชีวภาพสำหรับข้าวสาลีแบบอินทรีย์ ซึ่งสอดคล้องกับรายงานก่อนหน้านี้ในข้าวสาลีและข้าวโพด [26, 27] โดยสารดังกล่าวเป็นผลผลิตจากการสะสมฟอสเฟตในรูปของ *myo*-inositol-1,2,3,4,5,6-hexakis phosphate (Ins P6) หรือ phytic acid ซึ่งเป็นผลมาจากปริมาณอินทรีย์ฟอสเฟตที่มีค่าสูงจากการใช้ปุ๋ยชีวภาพและความสมบูรณ์ของนิเวศจุลินทรีย์ในดินบริเวณพื้นที่เกษตรอินทรีย์ [25] นอกจากนี้ Kessler et al. (2015) แสดงให้เห็นว่าสามารถประยุกต์ใช้การวิเคราะห์ทางสถิติฟิวต์แปรร่วมกับอัลกอริทึมการเรียนรู้ของเครื่อง (machine-learning algorithm) เพื่อพัฒนาวิธีการตรวจพิสูจน์อัตลักษณ์ทางชีวโมเลกุลของข้าวสาลีอินทรีย์ได้อย่างมีประสิทธิภาพ [28] ในส่วนของข้าวเจ้า (*Oryza sativa* L.) ซึ่งเป็นอาหารหลักของประชากรในแถบภูมิภาคเอเชีย Xiao et al. (2018) ติดตามความแตกต่างของข้อมูลสารเมตาบอไลต์ในข้าวจากแปลงนาเกษตร

* Corresponding author. e-mail: sarn.s@chula.ac.th

¹ภาควิชาเทคโนโลยีทางอาหาร คณะวิทยาศาสตร์ จุฬาลงกรณ์มหาวิทยาลัย กรุงเทพมหานคร

²ศูนย์วิทยาศาสตร์โอมิกส์และชีวสารสนเทศ คณะวิทยาศาสตร์ จุฬาลงกรณ์มหาวิทยาลัย กรุงเทพมหานคร

³หน่วยปฏิบัติการวิจัยกระบวนการผลิตเพื่อออกแบบสมบัติเชิงหน้าที่ของอาหาร คณะวิทยาศาสตร์ จุฬาลงกรณ์มหาวิทยาลัย กรุงเทพมหานคร

อินทรีย์และแปลงนาทั่วไปเป็นระยะเวลา 2 ปี [29] โดยสามารถแยกข้อมูลสารเมตาบอไลต์ในตัวอย่างข้าวทั้ง 2 กลุ่ม ออกจากกันได้อย่างชัดเจนด้วยเทคนิค UHPLC-Q-TOF-MS ร่วมกับการวิเคราะห์ทางเคมีเมตริกซ์ คณะผู้วิจัยเสนอว่าสามารถใช้ปริมาณสัมพัทธ์ที่มีค่าสูงของ histidinol, pinoresinol และ coumarin 106 เป็นตัวบ่งชี้ชีวภาพสำหรับตัวอย่างข้าวที่ได้จากแปลงนาระบบเกษตรอินทรีย์ได้ โดยอภิปรายเพิ่มเติมถึงการสะสมของสารเมตาบอไลต์ดังกล่าวว่าเกี่ยวข้องกับวิถี histidine biosynthesis, lignan biosynthesis และ phenylpropanoid metabolism ซึ่งเป็นกลไกการตอบสนองทางสรีรวิทยาของพืชต่อความเครียด โดยเฉพาะปัจจัยด้านความอุดมสมบูรณ์ของธาตุอาหารและการรุกรานจากโรคและแมลง ที่พบได้สูงกว่าในแปลงนาระบบเกษตรอินทรีย์ [29] และเพื่อให้ได้ข้อมูลเชิงลึกมากขึ้น Xiao et al. (2019) ประยุกต์ใช้เทคโนโลยีโปรตีโอมิกส์ (proteomics) ในการศึกษาการแสดงออกของโปรตีน (up/down-regulated proteins) ซึ่งมีบทบาทสำคัญในการควบคุมวิถีเมตาบอลิซึม (metabolic regulation) และกลไกการตอบสนองของข้าวต่อสภาวะความเครียดในแปลงนาเกษตรอินทรีย์เพิ่มเติมด้วย [30]

มีรายงานอิทธิพลของการผลิตในระบบเกษตรอินทรีย์ต่อข้อมูลแบบแผนทางชีวโมเลกุลของผลิตภัณฑ์กลุ่มผักและผลไม้ (Table 1) ตัวอย่างเช่น Cubero-Leon et al. (2018) วิเคราะห์เปรียบเทียบข้อมูลสารเมตาบอไลต์ในแครอท (*Daucus carota* L.) สายพันธุ์ Nerac และ Namur ที่ผลิตจากฟาร์มอินทรีย์และฟาร์มทั่วไปโดยใช้เทคนิค non-targeted LC-MS อีกทั้งติดตามการเปลี่ยนแปลงของข้อมูลเมตาโบโลมในตัวอย่างแครอทที่ผลิตจากฟาร์มทั้งสองรูปแบบ อย่างต่อเนื่องเป็นระยะเวลา 4 ปี [31] โดยคณะผู้วิจัยพบว่าสามารถใช้การเพิ่มขึ้นของปริมาณ sedoheptulose, L-arginine, chlorogenic acid, citric acid และสารเมตาบอไลต์ในกลุ่ม carbohydrate, fatty acid ester, jasmonate derivative และ glycosylated terpene เพื่อระบุความแตกต่างระหว่างแครอทอินทรีย์และแครอททั่วไปได้ โดยคณะผู้วิจัยอภิปรายว่าการเปลี่ยนแปลงของสารดังกล่าวมีความสัมพันธ์

กับวิถีเมตาบอลิซึมของคาร์โบไฮเดรต กลไกการต้านทานโรคของพืช และความเครียดต่อสภาพแวดล้อม สืบเนื่องจากการใช้ปุ๋ยชีวภาพที่มีความสมบูรณ์ของธาตุอาหารน้อยกว่าปุ๋ยเคมี การเปลี่ยนแปลงของนิเวจุลินทรีย์ในดิน (soil microbiota) การรุกรานของโรคและแมลง ซึ่งพืชต้องเผชิญมากกว่าในระบบการผลิตแบบเกษตรอินทรีย์ [31] สำหรับการศึกษาอิทธิพลของการผลิตแบบเกษตรอินทรีย์ในตัวอย่างผลไม้สด Karlund et al. (2015) วิเคราะห์ความแตกต่างของข้อมูลสารเมตาบอไลต์ในสตรอเบอร์รี่ (*Fragaria x ananassa* Duch) จำนวน 3 สายพันธุ์ที่ปลูกในฟาร์มเกษตรอินทรีย์และฟาร์มทั่วไปด้วยเทคนิค LC-qTOF-ESI-MS ร่วมกับการประเมินความแตกต่างด้านคุณภาพทางประสาทสัมผัสระหว่างตัวอย่างสตรอเบอร์รี่ทั้ง 2 กลุ่ม [24] โดยผลการวิจัยพบว่าความแตกต่างระหว่างสายพันธุ์มีอิทธิพลต่อความผันแปรของข้อมูลสารเมตาบอไลต์ ในสตรอเบอร์รี่มากกว่าอิทธิพลของระบบการจัดการฟาร์ม อย่างไรก็ตาม ปริมาณของสารเมตาบอไลต์ในกลุ่ม flavonoid, kaempferol และ sapogenin มีแนวโน้มเพิ่มสูงขึ้นในกลุ่มตัวอย่างสตรอเบอร์รี่ที่ได้จากฟาร์มเกษตรอินทรีย์ ซึ่งกระบวนการสังเคราะห์สารเมตาบอไลต์เหล่านี้ เป็นผลมาจากกลไกการตอบสนองต่อความเครียดของพืชในระบบการผลิตดังกล่าว นอกจากนี้คณะผู้วิจัยรายงานว่าร้อยละ 79 ของสารเมตาบอไลต์ที่ตรวจวิเคราะห์ได้มีความสัมพันธ์กับคุณภาพทางประสาทสัมผัสด้านกลิ่นรสของสตรอเบอร์รี่ โดยเฉพาะสารในกลุ่ม flavonoid, tannin, sucrose, organic acid และ fatty acid ซึ่งผู้บริโภคสามารถรับรู้ได้ถึงความแตกต่างดังกล่าวเมื่อได้ทดสอบรับประทานผลิตภัณฑ์ [24]

นอกเหนือจากการศึกษาในวัตถุดิบทางการเกษตรแล้ว มีรายงานแสดงให้เห็นว่าอิทธิพลของการผลิตในระบบเกษตรอินทรีย์ต่อข้อมูลแบบแผนทางชีวโมเลกุลของพืชอาหาร ยังคงความแตกต่างในผลิตภัณฑ์ที่ผ่านกระบวนการแปรรูปด้วยความร้อนและสามารถตรวจวิเคราะห์ได้เช่นเดียวกัน (Table 1) โดยในตัวอย่างผลิตภัณฑ์น้ำผลไม้ที่ผ่านกระบวนการให้ความร้อนสูงในระยะเวลาสั้น Cuevas et al. (2017) วิเคราะห์เปรียบเทียบ

* Corresponding author. e-mail: sarn.s@chula.ac.th

¹Department of Food Technology, Faculty of Science, Chulalongkorn University, Bangkok

²Omics Sciences and Bioinformatics Center, Faculty of Science, Chulalongkorn University, Bangkok

³Emerging Process for Food Functionality Design (EPFFD) Research Unit, Faculty of Science, Chulalongkorn University, Bangkok

ข้อมูลสารเมตาบอไลต์ทั้งชนิดระเหยยาก (non-volatile) และระเหยง่าย (volatile) ในผลิตภัณฑ์น้ำส้มอินทรีย์พาสเจอร์ไรส์และน้ำส้มพาสเจอร์ไรส์ทางการค้าทั่วไป โดยใช้เทคนิค HPLC-HR-MS และเทคนิค headspace SPME-GC-MS [32] โดยคณะผู้วิจัยพบว่าสารเมตาบอไลต์ชนิดระเหยยากในกลุ่ม amino acid, peptide, fatty acid, organic acid และ flavonoid มีปริมาณเพิ่มสูงขึ้นอย่างมีนัยสำคัญ ($p < 0.05$) ในผลิตภัณฑ์น้ำส้มแบบอินทรีย์เมื่อเทียบกับน้ำส้มทางการค้าทั่วไป โดยสามารถใช้ปริมาณสัมพัทธ์ของ 9,10,13-trihydroxy stearic acid, 9R,10S,18-trihydroxy-stearic acid, phloionolic acid, 4-oxoglutarate semialdehyde, dehydroascorbic acid เป็นตัวบ่งชี้ชีวภาพของน้ำส้มแบบอินทรีย์ได้ เมื่อพิจารณาข้อมูลสารเมตาบอไลต์ชนิดระเหยง่าย คณะผู้วิจัยพบว่าปริมาณของสารประกอบกลุ่ม aldehyde และ ester ที่ตรวจพบในตัวอย่างผลิตภัณฑ์น้ำส้มทั้ง 2 ชนิด มีความแตกต่างกันอย่างมีนัยสำคัญ ($p < 0.05$) ซึ่งสอดคล้องกับรายงานก่อนหน้านี้ [11, 33] โดยสามารถใช้ปริมาณสัมพัทธ์ที่สูงกว่าของ γ -terpinene และ β -myrcene เป็นตัวบ่งชี้ชีวภาพของน้ำส้มแบบอินทรีย์ และยังพบว่าปริมาณสัมพัทธ์ของ hexanal, 3-hexenal, 6-methyl-5-octen-3-one, limonene และ ethyl butanoate ในตัวอย่างน้ำส้มทางการค้าทั่วไปมีค่าสูงกว่าในตัวอย่างน้ำส้มแบบอินทรีย์ถึง 0.5-1.0 เท่า [32] สำหรับตัวอย่างการศึกษาอิทธิพลของการผลิตแบบเกษตรอินทรีย์ในผลิตภัณฑ์ที่ผ่านการแปรรูปด้วยความร้อนสูงเป็นระยะเวลานาน Consonni et al. (2018) เปรียบเทียบความแตกต่างของข้อมูลสารเมตาบอไลต์ในเมล็ดกาแฟคั่วสายพันธุ์อาราบิก้า (*Coffea arabica*) แบบอินทรีย์และแบบทั่วไปโดยใช้เทคนิค $^1\text{H-NMR}$ spectroscopy [34] โดยคณะผู้วิจัยพบว่าสามารถใช้ค่าการเพิ่มสูงขึ้นของปริมาณ fatty acids, β -(1-3)-d-galactopyranose, β -(1-4)-d-manno pyranose, quinic acid และ cyclic ester ของกรดดังกล่าวเป็นตัวบ่งชี้ชีวภาพของเมล็ดกาแฟที่ผลิตในระบบเกษตรอินทรีย์ และสามารถใช้ปริมาณที่สูงกว่าของ trigonelline, caffeoyl/feruloyl-quinic acid isomers, caffeine

และ acetic acid เป็นตัวบ่งชี้ชีวภาพของเมล็ดกาแฟที่ปลูกแบบทั่วไป นอกจากนี้อิทธิพลหลักจากระบบการผลิตแบบเกษตรอินทรีย์แล้ว คณะผู้วิจัยยังพบความผันแปรของข้อมูลสารเมตาบอไลต์ระหว่างกลุ่มตัวอย่างเมล็ดกาแฟอินทรีย์จากเขตพื้นที่การผลิตที่แตกต่างกันด้วย [34]

อีกหนึ่งประเด็นที่น่าสนใจ เกี่ยวข้องกับอิทธิพลของการปลูกพืชเกษตรเพื่อเป็นแหล่งน้ำหวานในฟาร์มผึ้งแบบอินทรีย์ที่ส่งผลต่อคุณภาพของน้ำผึ้งที่ได้ โดย Consonni et al. (2019) วิเคราะห์ความแตกต่างของข้อมูลสารเมตาบอไลต์ในน้ำผึ้งที่ได้จากการเลี้ยงในระบบฟาร์มเกษตรอินทรีย์และฟาร์มทั่วไปด้วยเทคนิค $^1\text{H-NMR}$ spectroscopy [35] คณะผู้วิจัยพบว่าปริมาณสัมพัทธ์ของ acetate และ succinate มีค่าสูงอย่างมีนัยสำคัญ ($p < 0.05$) ในตัวอย่างน้ำผึ้งที่ได้จากฟาร์มแบบทั่วไป ในขณะที่ปริมาณสัมพัทธ์ของ kynurate มีค่าสูงอย่างมีนัยสำคัญ ($p < 0.05$) ในตัวอย่างน้ำผึ้งที่ได้จากฟาร์มแบบอินทรีย์ โดยคณะผู้วิจัยอภิปรายว่า kynurate เป็นสารเมตาบอไลต์ทุติภูมิที่พืชสังเคราะห์ขึ้นเพื่อตอบสนองต่อความเครียดจากการรุกรานของโรคและแมลง ทำให้สารดังกล่าวถูกส่งผ่านมายังผลิตภัณฑ์น้ำผึ้งและมีสมบัติการต้านแบคทีเรีย อย่างไรก็ตาม คณะผู้วิจัยพบว่าชนิดของพืชดอกที่ปลูกในฟาร์มผึ้งส่งผลต่อความผันแปรของปริมาณสารเมตาบอไลต์ดังกล่าวด้วยเช่นกัน จึงต้องมีการศึกษาวิจัยเกี่ยวกับประเด็นนี้เพิ่มเติมเพื่อให้มีความชัดเจนต่อไป [35]

การวิเคราะห์อัตลักษณ์ทางชีวโมเลกุลของผลิตภัณฑ์ปศุสัตว์และสัตว์น้ำอินทรีย์ด้วยเทคโนโลยีเมตาโบโลมิกส์

ปศุสัตว์อินทรีย์ หมายถึง สัตว์ที่เลี้ยงไว้สำหรับใช้เป็นอาหารหรือผลิตภัณฑ์อาหารที่ผลิตโดยใช้ระบบเกษตรอินทรีย์ [36] ปัจจุบันสำนักงาน มกอช. มีการกำหนดมาตรฐานสินค้าเกษตรเฉพาะสำหรับระบบการผลิตปศุสัตว์อินทรีย์ ผึ้งอินทรีย์ ปลาสดอินทรีย์ การเลี้ยงกุ้งทะเลระบบอินทรีย์ และอาหารสัตว์น้ำอินทรีย์ [7] สำหรับอิทธิพลของการผลิตในระบบเกษตรอินทรีย์ต่อการเปลี่ยนแปลงขององค์ประกอบทางเคมีและคุณค่าทางโภชนาการของผลิตภัณฑ์ปศุสัตว์ มีรายงานว่าอิทธิพล

* Corresponding author. e-mail: sam.s@chula.ac.th

¹Department of Food Technology, Faculty of Science, Chulalongkorn University, Bangkok

²Omics Sciences and Bioinformatics Center, Faculty of Science, Chulalongkorn University, Bangkok

³Emerging Process for Food Functionality Design (EPFFD) Research Unit, Faculty of Science, Chulalongkorn University, Bangkok

ของอาหารสัตว์ซึ่งมีปริมาณสัดส่วนอาหารหยาบและพืชสดมากขึ้น ส่งผลโดยตรงต่อการเปลี่ยนแปลงองค์ประกอบและปริมาณของกรดไขมันโดยเฉพาะกลุ่ม polyunsaturated fatty acid (PUFA) และ conjugated linoleic acid (CLA) ในผลิตภัณฑ์เนื้อสัตว์ นม และไข่ [9, 10] (Table 1) และมีรายงานการเพิ่มสูงขึ้นของปริมาณสารเมตาบอไลต์ชนิดระเหยง่าย (volatile metabolite) ในกลุ่ม terpene และ aldehyde ที่มีแหล่งที่มาจากพืชอาหารสัตว์ในน้ำนมและผลิตภัณฑ์นมอินทรีย์ [9] อย่างไรก็ตาม มีงานวิจัยเพียงบางส่วนเท่านั้นที่แสดงให้เห็นถึงอิทธิพลของการผลิตแบบเกษตรอินทรีย์ต่อการเปลี่ยนแปลงองค์ประกอบและปริมาณของกรดอะมิโนและโปรตีนในผลิตภัณฑ์ปศุสัตว์อินทรีย์ [10]

สำหรับตัวอย่างการศึกษาอัตลักษณ์ทางชีวโมเลกุลของผลิตภัณฑ์เนื้อสัตว์ที่ผลิตในระบบเกษตรอินทรีย์ (Table 1) Tomazin et al. (2019) วิเคราะห์ความแตกต่างของข้อมูลกรดไขมันในเนื้อสันนอกส่วนหลัง (longissimus lumborum) และไขมันแข็งส่วนหลัง (backfat) ของสุกรที่เลี้ยงในฟาร์มปศุสัตว์อินทรีย์และฟาร์มทั่วไป โดยใช้เทคนิค GC/FID [37] ซึ่งพบว่าเนื้อสันนอกของสุกรอินทรีย์มีปริมาณกรดไขมันกลุ่ม MUFAs โดยเฉพาะ stearic acid (C18:0) และ oleic acids (C18:1) สูงกว่าเนื้อสันนอกจากสุกรที่เลี้ยงในฟาร์มทั่วไปอย่างมีนัยสำคัญ ($p < 0.05$) และพบว่าไขมันแข็งส่วนหลังของสุกรอินทรีย์มีปริมาณกรดไขมันกลุ่ม PUFA n-3 และ PUFA n-6 โดยเฉพาะ linoleic acid (C18:2n-6), linolenic acid (C18:3n-3), arachidonic acid (C20:4n-6), EPA (C20:5n-3) acids และ vitamin A สูงกว่าไขมันแข็งจากสุกรที่เลี้ยงในฟาร์มทั่วไปอย่างมีนัยสำคัญ ($p < 0.05$) โดยคณะผู้วิจัยอภิปรายว่าการสะสมของกรดไขมันกลุ่ม PUFAs น่าจะเกี่ยวข้องกับอาหารสัตว์ โดยเฉพาะการได้รับ dietary lysine และหญ้า alfalfa ประกอบกับสุกรได้ออกกำลังระหว่างช่วงปล่อยให้หากินอิสระภายนอกโรงเรือน (green feed) ในระบบการผลิตปศุสัตว์อินทรีย์ [37] อย่างไรก็ตาม คณะผู้วิจัยพบว่าเมื่อนำเนื้อสุกรอินทรีย์ไปแปรรูปเป็นผลิตภัณฑ์ไส้กรอกหมักแบบแห้ง (dry-fermented

sausage) ปริมาณกรดไขมันกลุ่ม PUFAs ที่สูงส่งผลให้ผลิตภัณฑ์เกิดการเหม็นหืนจากปฏิกิริยาออกซิเดชันของไขมันได้ง่ายกว่าไส้กรอกจากเนื้อหมูทั่วไป ซึ่งจำเป็นต้องมีการพัฒนาผลิตภัณฑ์เพื่อปรับปรุงคุณภาพต่อไป [38] นอกจากนี้ข้อมูลกรดไขมันแล้ว Zhao et al. (2020) สามารถใช้การวิเคราะห์ข้อมูลไอโซโทปเสถียร (stable isotope) ของคาร์บอน ($\delta^{13}\text{C}$) ไนโตรเจน ($\delta^{15}\text{N}$) ออกซิเจน ($\delta^{18}\text{O}$) และไฮโดรเจน ($\delta^2\text{H}$) ด้วยเทคนิค isotope ratio mass spectrometry (IRMS) ร่วมกับการวิเคราะห์ธาตุองค์ประกอบ ได้แก่ Na, K, Mg, Ca, Fe, Cu และ Se ด้วยเทคนิค inductively coupled plasma mass spectrometry (ICP-MS) เพื่อระบุอัตลักษณ์ของเนื้อสุกรอินทรีย์ได้อย่างมีประสิทธิภาพ [39]

นอกจากความแตกต่างของข้อมูลกรดไขมันในผลิตภัณฑ์เนื้อสัตว์แล้ว มีรายงานอิทธิพลของการผลิตในระบบเกษตรอินทรีย์ต่อข้อมูลกรดไขมันในผลิตภัณฑ์จากสัตว์น้ำด้วยเช่นกัน (Table 1) ตัวอย่างเช่น Ostermeyer et al. (2014) วิเคราะห์เปรียบเทียบข้อมูลกรดไขมันในกุ้งกุลาดำ (*Penaeus monodon*) และกุ้งขาว (*Litopenaeus vannamei*) ที่เพาะเลี้ยงในฟาร์มแบบอินทรีย์และฟาร์มแบบทั่วไปโดยใช้เทคนิค GC-FID ร่วมกับการวิเคราะห์สารประกอบกลุ่มแคโรทีนอยด์ด้วยเทคนิค HPLC และการวิเคราะห์ข้อมูลไอโซโทปเสถียรของคาร์บอน ($\delta^{13}\text{C}$) และไนโตรเจน ($\delta^{15}\text{N}$) ในส่วนไขมันและของแข็งที่ไม่รวมไขมันที่สกัดได้จากตัวอย่างกุ้งตามลำดับ ด้วยเทคนิค IRMS [40] คณะผู้วิจัยพบว่าสามารถใช้ปริมาณสัมพัทธ์ของกรดไขมัน α -linolenic acid (C18:3n3), docosapentaenoic acid (C22:5n3), pentadecanoic acid (C15:0) heptadecanoic acid (17:0) และ monounsaturated gondoic acid (C20:1n9) เป็นตัวบ่งชี้ชีวภาพเพื่อแยกความแตกต่างระหว่างตัวอย่างกุ้งที่ได้จากการเพาะเลี้ยงในฟาร์มแบบอินทรีย์และแบบทั่วไปได้ โดยคณะผู้วิจัยอภิปรายว่าเป็นผลมาจากความแตกต่างของปริมาณและสัดส่วนของน้ำมันพืชที่เป็นองค์ประกอบในอาหารกุ้ง ทั้งนี้ข้อมูล $\delta^{15}\text{N}_{\text{DDM}}$ และ $\Delta\delta^{13}\text{C}$ สามารถนำมาใช้ประมวลผลทางสถิติร่วมกับข้อมูลกรดไขมันเพื่อให้การระบุอัตลักษณ์ของ

* Corresponding author. e-mail: sam.s@chula.ac.th

¹Department of Food Technology, Faculty of Science, Chulalongkorn University, Bangkok

²Omics Sciences and Bioinformatics Center, Faculty of Science, Chulalongkorn University, Bangkok

³Emerging Process for Food Functionality Design (EPFFD) Research Unit, Faculty of Science, Chulalongkorn University, Bangkok

ตัวอย่างกุ้งอินทรีย์มีความถูกต้องชัดเจนมากยิ่งขึ้น [40] ซึ่งค่อนข้างสอดคล้องกับผลงานวิจัยของ Molkentin et al. (2015) ที่พบว่าสามารถแยกความแตกต่างระหว่างปลาแซลมอน (*Salmo salar*) และปลาเทราต์ (*Salmo trutta*) ที่เพาะเลี้ยงในฟาร์มแบบอินทรีย์และฟาร์มแบบทั่วไปได้ ด้วยปริมาณสัมพัทธ์ของกรดไขมัน linoleic acid (C18:2n6), myristic acid (C14:0), oleic acid (C18:1n9) และ gondoic acid (C20:1n9) ร่วมกับการตรวจวิเคราะห์ข้อมูลไอโซโทปเสถียรของ $\delta^{15}\text{N}$ และ non-lipid $\delta^{13}\text{C}$ ในส่วนของแข็งที่ไม่รวมไขมันจากเนื้อปลาทั้ง 2 ชนิด โดยคณะผู้วิจัยอภิปรายว่าน่าจะเป็นผลจากการสะสมของแพลงก์ตอนสัตว์ในระบบห่วงโซ่อาหารบริเวณบ่อเพาะเลี้ยง ร่วมกับปริมาณส่วนผสมที่เป็นผลิตภัณฑ์จากสัตว์ที่ค่อนข้างสูงในสูตรอาหารที่ใช้สำหรับการเพาะเลี้ยงปลาแซลมอนแบบอินทรีย์ [41]

การเพิ่มสัดส่วนของอาหารหยาบและพืชสดในระบบการผลิตปศุสัตว์อินทรีย์ไม่ได้ส่งผลต่อการเปลี่ยนแปลงต่อปริมาณกรดไขมันเฉพาะในส่วนกล้ามเนื้อของสัตว์ที่นำมาเป็นอาหารเท่านั้น แต่ยังสามารถพบความผันแปรของข้อมูลกรดไขมันในผลิตภัณฑ์จากปศุสัตว์ในกลุ่มไข่และน้ำมันอินทรีย์ด้วย ตัวอย่างเช่น Ackermann et al. (2019) ศึกษาเปรียบเทียบข้อมูลกรดไขมันในส่วนไข่แดงของตัวอย่างไข่ไก่สดทางการค้าที่ได้จากฟาร์มปศุสัตว์อินทรีย์และฟาร์มทั่วไป โดยใช้เทคนิค ^1H -NMR spectroscopy [42] คณะผู้วิจัยพบว่าสามารถใช้ปริมาณสัมพัทธ์ของกรดไขมันกลุ่ม ω -3 fatty acids และ PUFAs เป็นตัวบ่งชี้ชีวภาพของไข่ไก่ที่ผลิตจากระบบปศุสัตว์อินทรีย์ได้ โดยอภิปรายว่าการเพิ่มสูงขึ้นของปริมาณกรดไขมันดังกล่าวน่าจะได้รับอิทธิพลจากการจัดการอาหารสัตว์ และการเลี้ยงสัตว์แบบปล่อยทำให้ไก่ได้มีโอกาสได้รับอาหารจำพวกพืชและหญ้าสดมากขึ้น (grass pasture) ซึ่งสอดคล้องกับผลการวิจัยของ Mierlita (2020) และ Mugnai (2014) ที่ตรวจพบอิทธิพลของระบบการจัดการฟาร์มแบบอินทรีย์ต่อการเพิ่มขึ้นของปริมาณกรดไขมันกลุ่ม PUFA n-3 ในไข่แดงเช่นเดียวกัน [43, 44] นอกจากนี้ยังมีรายงานถึงเพิ่มขึ้นของปริมาณ $\delta^{15}\text{N}$ ในไข่ไก่อินทรีย์อันเนื่องมาจากการ

เลี้ยงแบบปล่อยทำให้ไก่ได้รับโปรตีนจากการกินแมลงและการใช้ปุ๋ยคอกในฟาร์มมากกว่าการเลี้ยงแบบทั่วไป [11] สำหรับการศึกษาอิทธิพลของการผลิตแบบเกษตรอินทรีย์ในตัวอย่างน้ำมันและผลิตภัณฑ์นม Bergamaschi et al. (2020) เปรียบเทียบความแตกต่างของข้อมูลแบบแผนทางชีวโมเลกุลในน้ำมันดิบที่ได้จากฟาร์มโคนมอินทรีย์และฟาร์มโคนมทั่วไป พร้อมทั้งตรวจติดตามการเปลี่ยนแปลงเมื่อน้ำมันดังกล่าวถูกนำมาแปรรูปเป็นเนยแข็ง (cheese) และผ่านการบ่มเป็นระยะเวลา 60 วัน โดยการบูรณาการเทคนิคทางเคมีวิเคราะห์หลายรูปแบบ ได้แก่ NIR spectroscopy, FTIR spectroscopy, GC และ PTR-ToF-MS ร่วมกันเพื่อให้ได้ข้อมูลครอบคลุมองค์ประกอบทั้งหมดในระบบอาหาร และเปรียบเทียบประสิทธิภาพในการระบุอัตลักษณ์ของน้ำมันและเนยแข็งอินทรีย์จากเทคนิคทางเคมีวิเคราะห์แต่ละประเภทที่ได้จากการวิเคราะห์ทางเคโมเมตริกซ์ [45] ผลการวิจัยแสดงให้เห็นว่า ข้อมูลแบบแผนทางชีวโมเลกุลของน้ำมันดิบอินทรีย์และน้ำมันดิบทั่วไปมีความแตกต่างกันอย่างค่อนข้างชัดเจน อย่างไรก็ตามความแตกต่างดังกล่าวมีแนวโน้มลดลงในผลิตภัณฑ์เนยแข็งที่ผ่านการบ่ม โดยคณะผู้วิจัยเสนอแนะว่าสามารถใช้ข้อมูลกรดไขมันเพื่อระบุอัตลักษณ์ทางชีวโมเลกุลระหว่างน้ำมันดิบอินทรีย์และน้ำมันดิบทั่วไป ซึ่งสอดคล้องกับผลการวิจัยก่อนหน้านี้รายงานความสัมพันธ์ระหว่างอิทธิพลของอาหารสัตว์ในระบบการผลิตปศุสัตว์อินทรีย์ต่อการเปลี่ยนแปลงข้อมูลกรดไขมันในน้ำมัน [46-48] ซึ่งเป็นผลมาจากการส่งผ่านสารดังกล่าวจากพืชอาหารสัตว์สู่น้ำมันโดยตรง ร่วมกับกิจกรรมทางเมตาบอลิซึมของจุลินทรีย์ในกระเพาะหมัก (ruminal biohydrogenation) และเมตาบอลิซึมการสังเคราะห์ไขมันในโค [47, 48] ทั้งนี้คณะผู้วิจัยให้ข้อคิดเห็นเพิ่มเติมว่าข้อมูลสารเมตาบอไลต์ชนิดระเหยง่าย (volatile metabolite profile) ซึ่งเกิดขึ้นเนื่องจากกิจกรรมของเอนไซม์และเมตาบอลิซึมของจุลินทรีย์ในระหว่างกระบวนการบ่ม น่าจะมีความเหมาะสมสำหรับใช้พัฒนาเป็นวิธีวิเคราะห์เพื่อระบุความแตกต่างระหว่างเนยแข็งที่ผลิตจากน้ำมันดิบอินทรีย์และน้ำมันดิบทั่วไป [45]

* Corresponding author. e-mail: sam.s@chula.ac.th

¹Department of Food Technology, Faculty of Science, Chulalongkorn University, Bangkok

²Omics Sciences and Bioinformatics Center, Faculty of Science, Chulalongkorn University, Bangkok

³Emerging Process for Food Functionality Design (EPFFD) Research Unit, Faculty of Science, Chulalongkorn University, Bangkok

สำหรับในประเทศไทย Kongboonkird et al. (2018) วิเคราะห์เปรียบเทียบข้อมูลสารเมตาบอไลต์ระหว่างผลิตภัณฑ์นมอินทรีย์พาสเจอร์ไรส์ และนมพาสเจอร์ไรส์ทั่วไปทางการค้าจำนวน 10 ตราสินค้า ด้วยเทคนิค $^1\text{H-NMR}$ spectroscopy [49] โดยคณะผู้วิจัยสามารถระบุความแตกต่างของข้อมูลสารเมตาบอไลต์ระหว่างตัวอย่างทั้ง 2 กลุ่ม ได้อย่างชัดเจนจากการวิเคราะห์ด้วยสถิติพหุตัวแปร และเสนอว่าสามารถใช้ปริมาณสัมพัทธ์ของ acetate, acetoacetate, betaine, lactate, threonine, isoleucine และ valerate เป็นตัวบ่งชี้ทางชีวภาพของผลิตภัณฑ์นมอินทรีย์พาสเจอร์ไรส์ได้ [49] นอกจากนี้คณะผู้วิจัยได้ขยายขอบเขตของการศึกษาไปสู่การผลิตที่ระดับต้นน้ำ โดยศึกษาความแตกต่างของข้อมูลสารเมตาบอไลต์และข้อมูลกรดไขมันในน้ำมันดิบจากฟาร์มโคนมที่ได้รับการรับรองมาตรฐานปศุสัตว์อินทรีย์จากกรมปศุสัตว์ โดยเปรียบเทียบกับน้ำมันดิบที่ได้จากฟาร์มโคนมทั่วไปในเขตพื้นที่เดียวกัน (อ.มวกเหล็ก จ.สระบุรี) ภายใต้ความร่วมมือกับฝ่ายวิจัยและพัฒนาการเลี้ยงโคนม องค์การส่งเสริมกิจการโคนมแห่งประเทศไทย (อ.ส.ค.) (Figure 2) [23] ผลการวิจัยแสดงให้เห็นว่าอิทธิพลของการจัดการฟาร์มโคนมแบบอินทรีย์ โดยเฉพาะส่วนประกอบของอาหารสัตว์ การจัดการสุขภาวะและสวัสดิภาพสัตว์ มีอิทธิพลต่อข้อมูลเมตาโบโลมของน้ำมันอย่างชัดเจน โดยสามารถใช้ปริมาณสัมพัทธ์ของสารเมตาบอไลต์ชนิด 1,6-anhydro- β -D-glucose, betaine, *N*-acetyl amino acid, histidine, acetoacetate, formate, 4-pyridoxate, acetylcarnitine, *N*-acetylglutamate, hippurate และกรดไขมันโดยเฉพาะในกลุ่ม arachidic acid (C20:0), stearic acid (C18:0), linolenic acid (C18:3n3) และ octadecadinenoic acid (T9, T11) หรือ conjugated linoleic acid (CLA) เป็นตัวบ่งชี้ชีวภาพเพื่อแยกความแตกต่างระหว่างน้ำมันดิบที่ได้จากฟาร์มโคนมอินทรีย์และฟาร์มโคนมทั่วไปได้ (Figure 3) [23] การตรวจพบปริมาณที่เพิ่มสูงขึ้นของกรดไขมันเหล่านี้จะส่งผลดีต่อคุณค่าทางโภชนาการของน้ำมันและผลิตภัณฑ์นมที่ได้จากการแปรรูปน้ำมันอินทรีย์ อย่างไรก็ตาม งานวิจัยนี้ยังคงต้องพัฒนาต่อ

ยอดโดยการขยายฐานข้อมูลและติดตามความสม่ำเสมอของผลการวิจัยที่ได้ ซึ่งคณะผู้วิจัยหวังเป็นอย่างยิ่งว่าจะเป็นประโยชน์ในการส่งเสริมการเลี้ยงโคนมและอุตสาหกรรมนมในประเทศอย่างยั่งยืนต่อไป

บทสรุป

กระแสนิยมการหันมาบริโภคผลิตภัณฑ์ “เกษตรอินทรีย์” หรือ “ออร์แกนิก” ทั้งจากกลุ่มผู้ที่ใส่ใจต่อสุขภาพและผู้ตระหนักถึงปัญหาด้านสิ่งแวดล้อมในปัจจุบัน ส่งผลให้แนวโน้มการตลาดและมูลค่าของสินค้าเกษตรและอาหารอินทรีย์มีอัตราการเติบโตเพิ่มขึ้นอย่างต่อเนื่อง เพื่อสร้างความมั่นใจให้แก่ภาคอุตสาหกรรมอาหารและผู้บริโภค นักวิทยาศาสตร์จึงพยายามค้นคว้าหาวิธีการที่เหมาะสม สำหรับใช้วิเคราะห์เพื่อยืนยันสถานะความเป็น “เกษตรอินทรีย์” ในขั้นตอนการควบคุมคุณภาพของผลิตภัณฑ์ดังกล่าว การประยุกต์ใช้เทคโนโลยีเมตาโบโลมิกส์เป็นอีกหนึ่งทางเลือกที่ได้รับความนิยมเป็นอย่างมาก โดยสามารถวิเคราะห์ข้อมูลสารเมตาบอไลต์แบบไม่จำเพาะ ทำให้สามารถรวบรวมข้อมูลสารเมตาบอไลต์โดยรวม หรือเมตาโบโลม ซึ่งเปรียบเสมือนลายพิมพ์ระดับโมเลกุลของระบบตัวอย่างนั้น และเมื่อผ่านการประมวลผลด้วยเทคนิคทางเคโมเมตริกซ์จะสามารถวิเคราะห์ระบุตัวลักษณะทางชีวโมเลกุลของผลิตภัณฑ์เกษตรและอาหารที่ผลิตโดยใช้ระบบเกษตรอินทรีย์ได้ อย่างไรก็ตาม ข้อมูลที่นำเสนอในงานวิจัยส่วนมากยังแสดงให้เห็นถึงข้อจำกัดหลายประการ โดยเฉพาะอิทธิพลร่วมจาก (i) ลักษณะเฉพาะทางภูมิศาสตร์ของแหล่งผลิต (ii) ความผันแปรของสภาพภูมิอากาศและสิ่งแวดล้อมในแต่ละช่วงฤดูกาล/ปี (iii) ความหลากหลายของสายพันธุ์พืชและปศุสัตว์ (iv) ความแตกต่างของระบบการจัดการฟาร์มเกษตรอินทรีย์ (v) รูปแบบการเก็บเกี่ยวผลผลิต (vi) กระบวนการแปรรูป (vii) การจัดการระหว่างการขนส่งและการเก็บรักษา ซึ่งล้วนส่งผลต่อการเปลี่ยนแปลงขององค์ประกอบทางชีวเคมีในผลิตภัณฑ์ การพัฒนาเทคโนโลยีเมตาโบโลมิกส์ให้สามารถใช้เป็นวิธีทดสอบมาตรฐานได้นั้น จำเป็นต้องมีกระบวนการสร้างและพัฒนาฐานข้อมูลเมตาโบโลม

* Corresponding author. e-mail: sarn.s@chula.ac.th

¹Department of Food Technology, Faculty of Science, Chulalongkorn University, Bangkok

²Omics Sciences and Bioinformatics Center, Faculty of Science, Chulalongkorn University, Bangkok

³Emerging Process for Food Functionality Design (EPFFD) Research Unit, Faculty of Science, Chulalongkorn University, Bangkok

(metabolome database) ของผลิตภัณฑ์เกษตรและอาหารอินทรีย์อย่างเป็นระบบ พร้อมทั้งตรวจสอบและยืนยันความถูกต้องของข้อมูลดังกล่าว (validation) ด้วยวิธีการทางคณิตศาสตร์และสถิติที่เหมาะสม อีกทั้ง

พัฒนาเทคโนโลยีดังกล่าวให้มีค่าใช้จ่ายลดลงจึงจะเป็นการวิเคราะห์ที่มีประโยชน์และได้รับความนิยมในอนาคตต่อไป

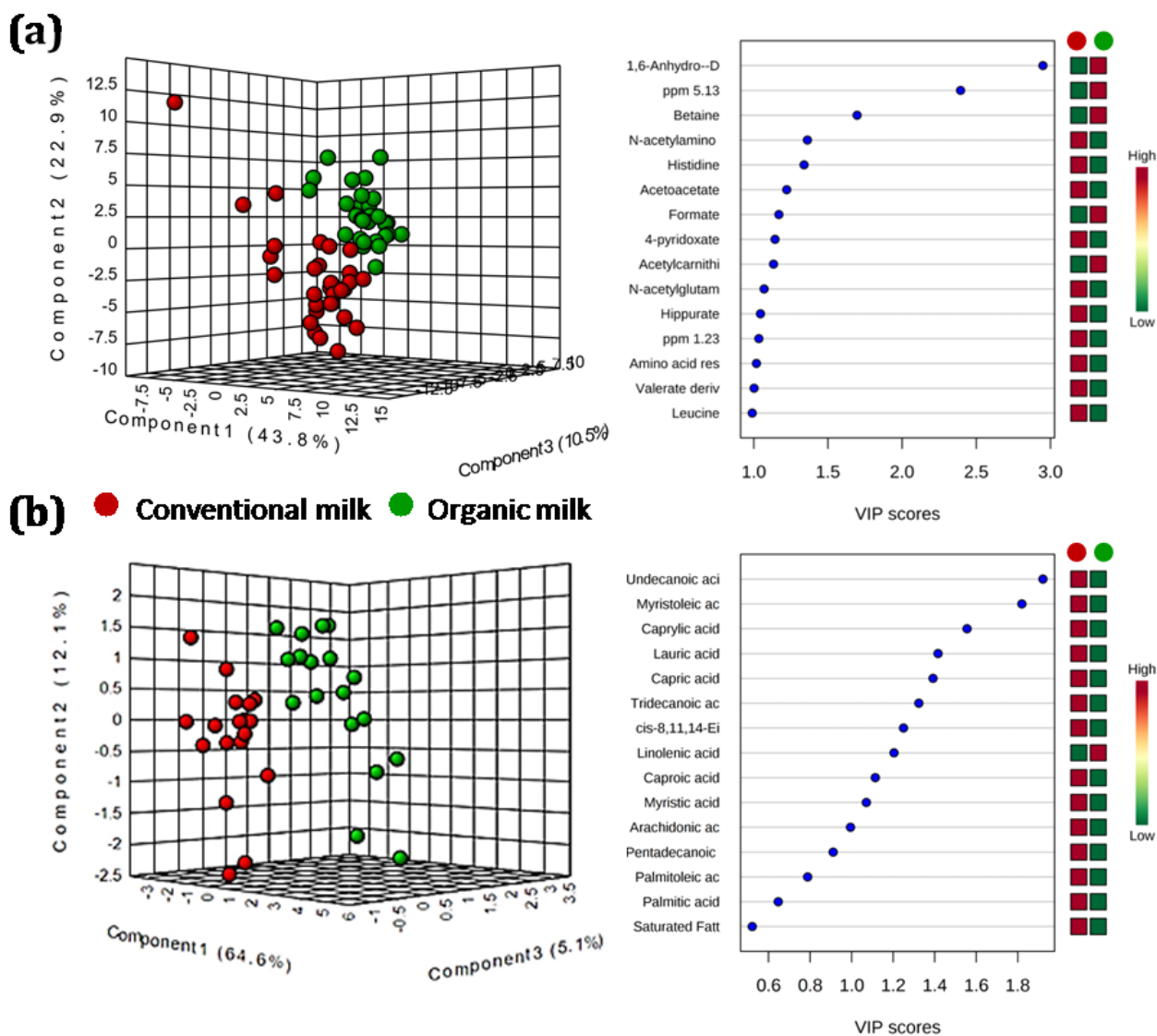


Figure 3 Partial least squares discriminant analysis (PLS-DA) score plots and VIP scores of potential biomarkers accountable for the discrimination of non-volatile polar metabolite profiles (a) and fatty acid profiles (b) of raw milk collected from organic (●) and conventional (●) dairy farms in the study of Kongboonkird (2019) [23].

* Corresponding author. e-mail: sarn.s@chula.ac.th

¹Department of Food Technology, Faculty of Science, Chulalongkorn University, Bangkok

²Omics Sciences and Bioinformatics Center, Faculty of Science, Chulalongkorn University, Bangkok

³Emerging Process for Food Functionality Design (EPFFD) Research Unit, Faculty of Science, Chulalongkorn University, Bangkok

เอกสารอ้างอิง

- [1] Commission on Thai Organic Agriculture. (2017). The strategies for development of Thai organic agriculture (2017-2021). Office of Agricultural Economics, Ministry of Agriculture and Cooperatives. [Online] Available from <http://planning.dld.go.th/th/images/stories/section-5/2560/strategy11.pdf> [Accessed August 12, 2020] (in Thai).
- [2] National Bureau of Agricultural Commodity and Food Standards. (2009). TAS 9000 PART 1-2009, Organic agriculture part 1: The production, processing, labelling and marketing of produce and products from organic agriculture. Ministry of Agriculture and Cooperatives. [Online] Available from https://www.acfs.go.th/files/files/commodity-standard/20190607104352_589820.pdf [Accessed August 12, 2020] (in Thai).
- [3] Vallverdú-Queralt, A. and Lamuela-Raventós, R.M. (2016). Foodomics: A new tool to differentiate between organic and conventional foods. *Electrophoresis*. 37(13): 1784-1794.
- [4] Wishart, D.S. (2008). Metabolomics: applications to food science and nutrition research. *Trends in Food Science & Technology*. 19(9): 482-493.
- [5] Settachaimogkon, S. and Luangwilai, M. (2017). Application of metabolomics technology for investigation of biomolecular profile of milk and dairy products. *Journal of Food Technology, Siam University*. 12(1): 1-16. (in Thai).
- [6] IFOAM. (2008). Principles of organic agriculture. International Federation of Organic Agriculture Movements. [Online] Available from <https://www.ifoam.bio/why-organic/organic-landmarks/definition-organic> [Accessed August 12, 2020].
- [7] National Bureau of Agricultural Commodity and Food Standards. (2020). Voluntary organic agriculture standards. [Online] Available from <https://www.acfs.go.th/#/standard-commodity/general> [Accessed August 12, 2020] (in Thai).
- [8] Office of Agricultural Economics. (2019). Annual report of the office of agricultural economics 2019. Ministry of Agriculture and Cooperatives. [Online] Available from <http://www.oae.go.th/view/1/เอกสารเผยแพร่/TH-TH> [Accessed August 12, 2020] (in Thai).
- [9] Paoletti, F. (2015). Chemical composition of organic food products. In: P.C.K. Cheung and B.M. Mehta, (eds.), *Handbook of Food Chemistry*. Springer, Berlin. 555-584.
- [10] Popa, M.E., Mitelut, A.C., Popa, E.E., Stan, A., and Popa, V.I. (2019). Organic foods contribution to nutritional quality and value. *Trends in Food Science and Technology*. 84: 15-18.
- [11] Capuano, E., Boerrigter-Eenling, R., van der Veer, G., and van Ruth, S.M. (2013). Analytical authentication of organic products: An overview of markers. *Journal of the Science of Food and Agriculture*. 93(1): 12-28.
- [12] Zheng, Y., Yu, X., Yang, H., and Wang, S. (2019). From a perspective of nutrition:

* Corresponding author. e-mail: sarn.s@chula.ac.th

¹ภาควิชาเทคโนโลยีทางอาหาร คณะวิทยาศาสตร์ จุฬาลงกรณ์มหาวิทยาลัย กรุงเทพมหานคร

²ศูนย์วิทยาศาสตร์โอมิกส์และชีวสารสนเทศ คณะวิทยาศาสตร์ จุฬาลงกรณ์มหาวิทยาลัย กรุงเทพมหานคร

³หน่วยปฏิบัติการวิจัยกระบวนการผลิตเพื่อออกแบบสมบัติเชิงหน้าที่ของอาหาร คณะวิทยาศาสตร์ จุฬาลงกรณ์มหาวิทยาลัย กรุงเทพมหานคร

- Importance of organic foods over conventional counterparts. In: D. Biswas and S.A. Micallef, (eds.), *Safety and Practice for Organic Food*. Elsevier Academic Press, London. 75-134.
- [13] Gomiero, T. (2018). Food quality assessment in organic vs. conventional agricultural produce: Findings and issues. *Applied Soil Ecology*. 123: 714-728.
- [14] Mdithswa, A., Magwaza, L.S., Tesfay, S.Z., and Mbili, N. (2017). Postharvest quality and composition of organically and conventionally produced fruits: A review. *Scientia Horticulturae*. 216: 148-159.
- [15] Li, S., Tian, Y., Jiang, P., Lin, Y., Liu, X., and Yang, H. (2020). Recent advances in the application of metabolomics for food safety control and food quality analyses. *Critical Reviews in Food Science and Nutrition*. *in press*.
- [16] Castro-Puyana, M., Pérez-Míguez, R., Montero, L., and Herrero, M. (2017). Application of mass spectrometry-based metabolomics approaches for food safety, quality and traceability. *TrAC - Trends in Analytical Chemistry*. 93: 102-118.
- [17] Kim, S., Kim, J., Yun, E.J., and Kim, K.H. (2016). Food metabolomics: From farm to human. *Current Opinion in Biotechnology*. 37: 16-23.
- [18] Marcum, J.A. (2020). Nutrigenetics/nutrigenomics, personalized nutrition, and precision healthcare. *Current Nutrition Reports*. *in press*.
- [19] Medina-Franco, J.L., Naveja, J.J., and Rico-Hidalgo, M.P. (2018). Analysis of a large food chemical database: Chemical space, diversity, and complexity. *F1000Research*. 7: Article No. 993.
- [20] Goldansaz, S.A., Guo, A.C., Sajed, T., Steele, M.A., Plastow, G.S., and Wishart, D.S. (2017). Livestock metabolomics and the livestock metabolome: A systematic review. *PLoS ONE*. 12(5): Article No. e0177675.
- [21] Foroutan, A., Guo, A.C., Vazquez-Fresno, R., Lipfert, M., Zhang, L., Zheng, J., Badran, H., Budinski, Z., Mandal, R., Ametaj, B.N., and Wishart, D.S. (2019). Chemical composition of commercial cow's milk. *Journal of Agricultural and Food Chemistry*. 67(17): 4897-4914.
- [22] Settachaimongkon, S. and Kuntaveesuk, A. (2018). Kefir: Biotechnology from “~omics” perspectives. *Journal of Food Technology, Siam University*. 13(1): 1-18. (in Thai).
- [23] Kongboonkird, M. (2019). Comparison of biomolecular profiles between organic and conventional bovine milk using metabolomics technology. Master's thesis, Chulalongkorn University. Thailand, (in Thai). [Online] Available from <http://cuir.car.chula.ac.th/handle/123456789/65002>. [Accessed August 12, 2020]
- [24] Karlund, A., Hanhineva, K., Lehtonen, M., Karjalainen, R.O., and Sandell, M. (2015). Nontargeted metabolite profiles and sensory properties of strawberry cultivars grown both organically and

* Corresponding author. e-mail: sarn.s@chula.ac.th

¹Department of Food Technology, Faculty of Science, Chulalongkorn University, Bangkok

²Omics Sciences and Bioinformatics Center, Faculty of Science, Chulalongkorn University, Bangkok

³Emerging Process for Food Functionality Design (EPFFD) Research Unit, Faculty of Science, Chulalongkorn University, Bangkok

- conventionally. *Journal of Agricultural and Food Chemistry*. 63(3): 1010-1019.
- [25] Bonte, A., Neuweiger, H., Goesmann, A., Thonar, C., Mäder, P., Langenkämper, G., and Niehaus, K. (2014). Metabolite profiling on wheat grain to enable a distinction of samples from organic and conventional farming systems. *Journal of the Science of Food and Agriculture*. 94(13): 2605-2612.
- [26] Rohlig, R.M. and Engel, K.H. (2010). Influence of the input system (conventional vs. organic farming) on metabolite profiles of maize (*Zea mays*) kernels. *Journal of Agricultural and Food Chemistry*. 58(5): 3022-3030.
- [27] Zörb, C., Langenkämper, G., Betsche, T., Niehaus, K., and Barsch, A. (2006). Metabolite profiling of wheat grains (*Triticum aestivum* L.) from organic and conventional agriculture. *Journal of Agricultural and Food Chemistry*. 54(21): 8301-8306.
- [28] Kessler, N., Bonte, A., Albaum, S.P., Mäder, P., Messmer, M., Goesmann, A., Niehaus, K., Langenkämper, G., and Nattkemper, T.W. (2015). Learning to classify organic and conventional wheat - A machine learning driven approach using the MeltDB 2.0 metabolomics analysis platform. *Frontiers in Bioengineering and Biotechnology*. 3: Article No. 35.
- [29] Xiao, R., Ma, Y., Zhang, D., and Qian, L. (2018). Discrimination of conventional and organic rice using untargeted LC-MS-based metabolomics. *Journal of Cereal Science*. 82: 73-81.
- [30] Xiao, R., Li, L., and Ma, Y. (2019). A label-free proteomic approach differentiates between conventional and organic rice. *Journal of Food Composition and Analysis*. 80: 51-61.
- [31] Cubero-Leon, E., De Rudder, O., and Maquet, A. (2018). Metabolomics for organic food authentication: Results from a long-term field study in carrots. *Food Chemistry*. 239: 760-770.
- [32] Cuevas, F.J., Pereira-Caro, G., Moreno-Rojas, J.M., Muñoz-Redondo, J.M., and Ruiz-Moreno, M.J. (2017). Assessment of premium organic orange juices authenticity using HPLC-HR-MS and HS-SPME-GC-MS combining data fusion and chemometrics. *Food Control*. 82: 203-211.
- [33] Cuevas, F.J., Moreno-Rojas, J.M., Arroyo, F., Daza, A., and Ruiz-Moreno, M.J. (2016). Effect of management (organic vs conventional) on volatile profiles of six plum cultivars (*Prunus salicina* Lindl.). A chemometric approach for varietal classification and determination of potential markers. *Food Chemistry*. 199: 479-484.
- [34] Consonni, R., Polla, D., and Cagliani, L.R. (2018). Organic and conventional coffee differentiation by NMR spectroscopy. *Food Control*. 94: 284-288.
- [35] Consonni, R., Bernareggi, F., and Cagliani, L.R. (2019). NMR-based metabolomic approach to differentiate organic and conventional Italian honey. *Food Control*. 98: 133-140.

* Corresponding author. e-mail: sarn.s@chula.ac.th

¹Department of Food Technology, Faculty of Science, Chulalongkorn University, Bangkok

²Omics Sciences and Bioinformatics Center, Faculty of Science, Chulalongkorn University, Bangkok

³Emerging Process for Food Functionality Design (EPFFD) Research Unit, Faculty of Science, Chulalongkorn University, Bangkok

- [36] National Bureau of Agricultural Commodity and Food Standards. (2018). TAS 9000 PART 2-2018, Organic agriculture part 2 : Organic livestock. Ministry of Agriculture and Cooperatives. [Online] Available from https://www.acfs.go.th/files/files/commodity-standard/20190625122638_657298.pdf [Accessed August 12, 2020] (in Thai).
- [37] Tomazin, U., Batorek-Lukac, N., Skrlep, M., Prevotnik-Povse, M., and Candek-Potokar, M. (2019). Meat and fat quality of krškopolje pigs reared in conventional and organic production systems. *Animal*. 13(5): 1103-1110.
- [38] Skrlep, M., Candek-Potokar, M., Atorek-Lukac, N.B., Tomazin, U., and Flores, M. (2019). Aromatic profile, physicochemical and sensory traits of dry-fermented sausages produced without nitrites using pork from krškopolje pig reared in organic and conventional husbandry. *Animals*. 9: Article No. 55.
- [39] Zhao, Y., Tu, T., Tang, X., Zhao, S., Qie, M., Chen, A., and Yang, S. (2020). Authentication of organic pork and identification of geographical origins of pork in four regions of China by combined analysis of stable isotopes and multi-elements. *Meat Science*. 165: Article No. 108129.
- [40] Ostermeyer, U., Molkentin, J., Lehmann, I., Rehbein, H., and Walte, H.G. (2014). Suitability of instrumental analysis for the discrimination between wild-caught and conventionally and organically farmed shrimps. *European Food Research and Technology*. 239(6): 1015-1029.
- [41] Molkentin, J., Lehmann, I., Ostermeyer, U., and Rehbein, H. (2015). Traceability of organic fish - Authenticating the production origin of salmonids by chemical and isotopic analyses. *Food Control*. 53: 55-66.
- [42] Ackermann, S.M., Lachenmeier, D.W., Kuballa, T., Schütz, B., Spraul, M., and Bunzel, M. (2019). NMR-based differentiation of conventionally from organically produced chicken eggs in Germany. *Magnetic Resonance in Chemistry*. 57(9): 579-588.
- [43] Mierlita, D. (2020). Fatty acid profile and oxidative stability of egg yolks from hens under different production systems. *South African Journal of Animal Sciences*. 50(2): 196-206.
- [44] Mugnai, C., Sossidou, E.N., Dal Bosco, A., Ruggeri, S., Mattioli, S., and Castellini, C. (2014). The effects of husbandry system on the grass intake and egg nutritive characteristics of laying hens. *Journal of the Science of Food and Agriculture*. 94(3): 459-467.
- [45] Bergamaschi, M., Cipolat-Gotet, C., Cecchinato, A., Schiavon, S., and Bittante, G. (2020). Chemometric authentication of farming systems of origin of food (milk and ripened cheese) using infrared spectra, fatty acid profiles, flavor fingerprints, and sensory descriptions. *Food Chemistry*. 305: Article No. 125480.

* Corresponding author. e-mail: sarn.s@chula.ac.th

¹Department of Food Technology, Faculty of Science, Chulalongkorn University, Bangkok

²Omics Sciences and Bioinformatics Center, Faculty of Science, Chulalongkorn University, Bangkok

³Emerging Process for Food Functionality Design (EPFFD) Research Unit, Faculty of Science, Chulalongkorn University, Bangkok

- [46] Chung, I.M., Kim, J.K., Yarnes, C.T., An, Y.J., Kwon, C., Kim, S.Y., Yang, Y.J., Chi, H.Y., and Kim, S.H. (2019). Fatty acid- and amino acid-specific isotope analysis for accurate authentication and traceability in organic milk. *Journal of Agricultural and Food Chemistry*. 67(2): 711-722.
- [47] Capuano, E., Van Der Veer, G., Boerrigter-Eenling, R., Elgersma, A., Rademaker, J., Sterian, A., and Van Ruth, S.M. (2014). Verification of fresh grass feeding, pasture grazing and organic farming by cows farm milk fatty acid profile. *Food Chemistry*. 164: 234-241.
- [48] Liu, N., Pustjens, A.M., Erasmus, S.W., Yang, Y., Hettinga, K., and van Ruth, S.M. (2020). Dairy farming system markers: The correlation of forage and milk fatty acid profiles from organic, pasture and conventional systems in the Netherlands. *Food Chemistry*. 314: Article No. 126153.
- [49] Kongboonkird, M., Duangmal, K., Chantaprasan, N., and Settachaimongkon, S. (2018). Molecular authentication of pasteurized organic milk products in Thailand using ^1H -NMR-based metabolomics approach. In *Proceedings of the 30th Annual Meeting of the Thai Society for Biotechnology and International Conference (TSB2018)*, CSB-P-03-1-11. November 22-23, 2018. Bangkok, Thailand.
- [50] Mie, A., Laursen, K.H., Aberg, K.M., Forshed, J., Lindahl, A., Thorup-Kristensen, K., Olsson, M., Knuthsen, P., Larsen, E.H., and Husted, S. (2014). Discrimination of conventional and organic white cabbage from a long-term field trial study using untargeted LC-MS-based metabolomics. *Analytical and Bioanalytical Chemistry*. 406(12): 2885-2897.
- [51] Maione, C., De Paula, E.S., Gallimberti, M., Batista, B.L., Campiglia, A.D., Barbosa, F., Jr., and Barbosa, R.M. (2016). Comparative study of data mining techniques for the authentication of organic grape juice based on ICP-MS analysis. *Expert Systems with Applications*. 49: 60-73.
- [52] Pacifico, D., Casciani, L., Ritota, M., Mandolino, G., Onofri, C., Moschella, A., Parisi, B., Cafiero, C., and Valentini, M. (2013). NMR-based metabolomics for organic farming traceability of early potatoes. *Journal of Agricultural and Food Chemistry*. 61(46): 11201-11211.
- [53] Hohmann, M., Christoph, N., Wachter, H., and Holzgrabe, U. (2014). ^1H NMR profiling as an approach to differentiate conventionally and organically grown tomatoes. *Journal of Agricultural and Food Chemistry*. 62(33): 8530-8540.
- [54] Martínez Bueno, M.J., Díaz-Galiano, F.J., Rajski, Ł., Cutillas, V., and Fernández-Alba, A.R. (2018). A non-targeted metabolomic approach to identify food markers to support discrimination between organic and conventional tomato crops. *Journal of Chromatography A*. 1546: 66-76.
- [55] Zhang, Y., Cao, S., Zhang, Z., Meng, X., Hsiaoping, C., Yin, C., Jiang, H., and Wang, S. (2020). Nutritional quality and health risks of wheat grains from organic and

* Corresponding author. e-mail: sarn.s@chula.ac.th

¹Department of Food Technology, Faculty of Science, Chulalongkorn University, Bangkok

²Omics Sciences and Bioinformatics Center, Faculty of Science, Chulalongkorn University, Bangkok

³Emerging Process for Food Functionality Design (EPFFD) Research Unit, Faculty of Science, Chulalongkorn University, Bangkok

conventional cropping systems. Food Chemistry. 308: Article No. 125584.

- [56] Natrella, G., Gambacorta, G., De Palo, P., Maggiolino, A., and Faccia, M. (2020). Volatile organic compounds in milk and mozzarella: Comparison between two different farming systems. International Journal of Food Science and Technology. 5(11): 3403-3411.

* Corresponding author. e-mail: sam.s@chula.ac.th

¹Department of Food Technology, Faculty of Science, Chulalongkorn University, Bangkok

²Omics Sciences and Bioinformatics Center, Faculty of Science, Chulalongkorn University, Bangkok

³Emerging Process for Food Functionality Design (EPFFD) Research Unit, Faculty of Science, Chulalongkorn University, Bangkok