

# การประเมินค่าสัมประสิทธิ์ทางพันธุกรรมของข้าว สำหรับแบบจำลอง CERES-Rice

จิรวัดณ์ เวชแพศย์<sup>1</sup>  
ศักดิ์ดา จงแก้ววัฒนา<sup>1</sup>  
และ อาพันธ์ ผลวัฒนะ<sup>2</sup>

## คำนำ

CERES-Rice เป็นแบบจำลองพืช (crop simulation model) หนึ่งในตระกูลแบบจำลองพืช CERES (Crop-Environment Resource Synthesis) บรรจุในโปรแกรมระบบสนับสนุนการตัดสินใจ DSSAT (Decision Support System for Agrotechnology Transfer) ที่พัฒนาโดยโครงการ IBNSAT (The International Benchmark Sites Network for Agrotechnology Transfer) (Uehara and Tsuji, 1998) แบบจำลองนี้ยึดกระบวนการทางสรีรวิทยาและการผสมน้ำหนักรวมของส่วนต่างๆ ของพืชในแต่ละช่วงเวลาเป็นหลัก และออกแบบขึ้นเพื่อที่จะให้สามารถใช้ได้กับทุกสภาพแวดล้อม เป็นอิสระจากสถานที่ ฤดูกาล และระบบการจัดการ (Jones et al., 1998) โดยก่อนที่จะนำแบบจำลองนี้มาใช้กับพืชพันธุ์ใดๆ ในสภาพแวดล้อมและระบบการจัดการต่างๆ ต้องมีข้อมูลที่เป็นปัจจัยนำเข้าที่เรียกว่าค่าสัมประสิทธิ์ทางพันธุกรรม (genetic coefficients) ของพันธุ์นั้นๆ ซึ่งเป็นค่าที่ประกอบด้วยตัวแปรชุดหนึ่งที่แบบจำลองกำหนดให้ เป็นค่าเฉพาะพันธุ์และเป็นส่วนที่กำหนดศักยภาพของแต่ละพันธุ์ในการตอบสนองต่อข้อมูลนำเข้าที่เป็นข้อมูลเชิงพื้นที่อันได้แก่ ข้อมูลทางภูมิอากาศ ดิน และข้อมูลที่เกี่ยวข้องกับการจัดการ

งานวิจัยนี้เป็นส่วนหนึ่งของโครงการวิจัยระบบสนับสนุนการตัดสินใจการผลิตพืช: ข้าวในภาคเหนือ ที่ได้รับการสนับสนุนจากสำนักงานกองทุนสนับสนุนการวิจัย โดยมีวัตถุประสงค์หลักคือการประเมินค่าสัมประสิทธิ์ทางพันธุกรรมสำหรับ CERES-Rice ของพันธุ์ข้าวที่ปลูกในพื้นที่ภาคเหนือ เพื่อนำไปสู่การทดสอบใช้แบบจำลองนี้ในสภาพแวดล้อมและการจัดการต่างๆ ที่รายงานโดยศักดิ์ดาและคณะ (2543) และเพื่อนำแบบจำลองพร้อมกับสัมประสิทธิ์ที่ประเมินได้รวมทั้งเงื่อนไขไปใช้ในระบบการตัดสินใจการผลิตข้าวที่เชื่อมโยงกับระบบฐานข้อมูลเชิงพื้นที่และข้อมูลการจัดการภายใต้โครงการเดียวกันนี้ต่อไป นอกจากนี้ยังมีวัตถุประสงค์เพื่อการศึกษาและทดสอบวิธีการหาค่าสัมประสิทธิ์ทางพันธุกรรมสำหรับแบบจำลอง CERES-Rice ของข้าวพันธุ์ต่างๆ ที่ปลูกในภาคเหนือที่มีความแตกต่างทางสรีรวิทยาโดยเฉพาะในเรื่องการตอบสนองต่อช่วงแสงและอุณหภูมิ ด้วยชุดโปรแกรม GENCALC (Hunt and Pararajasingham, 1994) พร้อมทั้งศึกษาถึงข้อจำกัดและความแตกต่างของผลการจำลองกับค่าที่วัดได้จริง เพื่อประโยชน์ในการใช้แบบจำลองในงานวิจัยและพัฒนา และในการพัฒนาตัวแบบจำลองต่อไป

<sup>1</sup>ภาควิชาพืชไร่ คณะเกษตรศาสตร์ มหาวิทยาลัยเชียงใหม่

<sup>2</sup>ศูนย์วิจัยข้าวพิษณุโลก กรมวิชาการเกษตร

## ค่าสัมประสิทธิ์ทางพันธุกรรมของข้าว

ค่าสัมประสิทธิ์ทางพันธุกรรมคือข้อมูลเฉพาะพันธุ์ข้าวที่ได้อธิบายไว้ในไฟล์สัมประสิทธิ์ทางพันธุกรรม RICER980.CUL ของแบบจำลอง CERES-Rice ประกอบด้วยค่าสัมประสิทธิ์ของระยะพัฒนาการ (Development coefficients) ซึ่งเป็นตัวแปรที่กำหนดการเปลี่ยนแปลงทางสรีรวิทยาของข้าว เช่น การออกดอกและการสุกแก่ทางสรีรวิทยา มีทั้งหมด 4 ค่า (P1, P20, P2R และ P5) และค่าสัมประสิทธิ์ของการเจริญเติบโต (Growth coefficients) ที่ควบคุมการเปลี่ยนแปลงเชิงปริมาณหรือการสร้างผลผลิตข้าว 4 ค่า (G1, G2, G3 และ G4) Hoogenboom et al. (1994) ได้นิยามค่าสัมประสิทธิ์ต่างๆ ไว้ดังนี้

**P1** คือระยะเวลา (growing degree days, GDD (องศาเซลเซียส ; °C)) ที่เกินจากอุณหภูมิพื้นฐาน (base temperature) เท่ากับ 9 องศาเซลเซียส ตั้งแต่ระยะกลางออกจนถึงระยะสิ้นสุดการเจริญพื้นฐาน (basic vegetative phase) หรือเป็นระยะที่ข้าวไม่ตอบสนองต่อช่วงความยาวแสง

**P20** เป็นค่าความยาววันวิกฤติ (critical photoperiod) หรือช่วงเวลากลางวันที่ยาวที่สุด (ชั่วโมง) ที่ทำให้การกำเนิดช่อรวงเกิดขึ้นในอัตราสูงสุด ถ้าค่าความยาววันมากกว่า P20 อัตราการพัฒนาจะลดลง

**P2R** เป็นระยะเวลาที่มีการชะลอการเกิดช่อรวง (panicle initiation, PI) (GDD เป็นองศาเซลเซียส) ต่อเวลา 1 ชั่วโมงของความยาววันที่เกิน P20

**P5** คือระยะเวลาเป็น GDD (องศาเซลเซียส) ตั้งแต่เริ่มสะสมน้ำหนักเมล็ด (grain filling) (3-4 วันหลังจากออกดอก) จนสุกแก่ทางสรีรวิทยาที่มี base temperature เท่ากับ 9 องศาเซลเซียส

**G1** คือจำนวน Potential spikelet ที่ประมาณจากจำนวนดอกย่อย (spikelet) ต่อน้ำหนักแห้งของต้นแม่ (main culm) 1 กรัม (โดยที่ไม่รวมแผ่นใบและกาบใบและ spikes) ในช่วง anthesis ค่าต้นแบบ (typical value) คือ 55

**G2** คือน้ำหนักเมล็ดหนึ่งเมล็ด (g) ภายใต้สภาพการปลูกแบบ ideal growing condition หมายถึงไม่มีข้อจำกัดทางแสง น้ำ ธาตุอาหาร และไม่มีแมลงศัตรูและโรค

**G3** คือค่าสัมประสิทธิ์การแตกกอ Tillering coefficient (scaler value) โดยเทียบกับพันธุ์ IR64 ภายใต้สภาพไม่มีข้อจำกัดของสภาพแวดล้อม พันธุ์ที่มีการแตกกอสูงกว่าพันธุ์ดังกล่าวจะมีค่าสัมประสิทธิ์มากกว่า 1.0

**G4** คือสัมประสิทธิ์ความทนทานเชิงอุณหภูมิ ค่าปกติ 1.0 สำหรับพันธุ์ที่ปลูกในสภาพปกติ ค่า G4 สำหรับข้าวชนิด Japonica ที่ปลูกในสภาพที่ร้อนจะเท่ากับหรือมากกว่า 1.0 และค่า G4 สำหรับข้าวชนิด Indica ในสภาพอากาศเย็นมากจะน้อยกว่า 1.0

ฐานข้อมูลในโปรแกรม DSSAT3.5 ได้บรรจุค่าสัมประสิทธิ์ทางพันธุกรรมทั้ง 8 ค่าดังกล่าวข้างต้นของข้าว 41 พันธุ์ไว้ในไฟล์ RICER980.CUL

อย่างไรก็ตามเมื่อพิจารณานิยามสัมประสิทธิ์ทางพันธุกรรมข้าวและค่าสัมประสิทธิ์ตัวอย่างที่บรรจุในไฟล์ RICER980.CUL สามารถตั้งข้อสังเกตได้ว่าค่า P1, P2R และ P5 เป็น GDD ซึ่งอยู่ในรูปของ thermal time ที่มีหน่วยเป็นองศาเซลเซียส เป็นการบอกระยะเวลาในรูปเป็นอุณหภูมิสะสมของแต่ละวันซึ่งสัมพันธ์กับกระบวนการทางชีวเคมีของพืชมากกว่าเวลาที่มีหน่วยเป็นชั่วโมงหรือวันแบบปกติ ผลรวมของค่า [(อุณหภูมิสูงสุด + อุณหภูมิต่ำสุด)/2 - base temperature] ของแต่ละวัน (Ritchie and Nesmith, 1991) เมื่อ base temperature เป็นอุณหภูมิต่ำสุดที่กระบวนการทางสรีรวิทยายังไม่หยุดชะงักเท่ากับ 9 องศาเซลเซียส สำหรับจังหวัดเชียงใหม่ในปี 2541 ที่มีช่วงอุณหภูมิ 10-40 องศาเซลเซียส ระยะเวลาหนึ่งวันอาจเท่ากับระยะเวลาที่เป็น GDD อยู่ระหว่าง 15-25 องศาเซลเซียส

สำหรับค่าสัมประสิทธิ์ที่เกี่ยวข้องกับความไวต่อช่วงแสงนั้นมีสองค่าคือ P20 และ P2R ที่ต้องพิจารณาประกอบกันตามนิยามข้างต้น โดยอาศัยลักษณะการเป็นพืชวันสั้น (short-day plant) ของข้าว P2R มีหน่วยเป็นองศาเซลเซียส เป็นค่าที่ผันแปรตามระดับความไวต่อช่วงแสงโดยนิยามนั้นจะสัมพันธ์กับค่า P20 ที่มีหน่วยเป็นชั่วโมงของความยาววัน กล่าวคือถ้าข้าวพันธุ์หนึ่งมี P2R เท่ากับ 200 องศาเซลเซียส และ P20 เท่ากับ 12.0 ชั่วโมง หมายความว่าถ้าข้าวพันธุ์นั้นเจริญผ่านระยะ P1 หรือ basic vegetative phase แล้ว เวลาการเกิดรวงสำหรับข้าวจะชะลอไปเท่ากับ 200 องศาเซลเซียส ถ้าความยาววันในช่วงนั้นเท่ากับ 13.0 ชั่วโมง หรือจะชะลอไป 400 องศาเซลเซียสในช่วงเวลาที่ความยาววันเท่ากับ 14.0 ชั่วโมง หรือถ้าความยาววันในขณะนั้นเท่ากับ 12.0 ชั่วโมง ข้าวจะกำเนิดช่อรวงทันกำหนดพอดี

ค่า P2R มีช่วงค่ากว้างกว่าค่าสัมประสิทธิ์ทางพันธุกรรมอื่นๆ กล่าวคือตั้งแต่ 5-300 องศาเซลเซียส แสดงให้เห็นถึงความแตกต่างที่มีช่วงห่างมากของการตอบสนองต่อช่วงแสงของพันธุ์ข้าว แต่สังเกตได้ว่าพันธุ์ข้าวที่บรรจุใน RICER980.CUL เป็นข้าวที่ไม่ไวต่อช่วงแสงหรือไว น้อยมาก เพราะเมื่อเทียบกับข้าวพันธุ์ชาวดอกมะลิที่ประมาณค่าโดย Jintrawet (1989) ได้เท่ากับ 1200 องศาเซลเซียส

เมื่อพิจารณาค่า G3 ที่เป็นสัมประสิทธิ์การแตกกอของข้าวจำนวน 41 พันธุ์ มีเพียง 2 พันธุ์ที่มีค่าไม่เท่ากับ 1.0 คือมีค่า 0.6 สำหรับพันธุ์ UPLRI5 (พันธุ์ที่ 10) และ 1.1 สำหรับพันธุ์ IR64 (พันธุ์ที่ 34)

จากคำจำกัดความของ G4 ที่อธิบายว่า G4 สำหรับข้าวประเภท Japonica ที่ปลูกในสภาพอากาศร้อนจะเท่ากับหรือมากกว่า 1.0 และค่า G4 สำหรับข้าวประเภท Indica ในสภาพอากาศเย็นมากจะน้อยกว่า 1.0 แสดงว่า G4 ไม่เป็นอิสระจากสภาพแวดล้อมอย่างที่ควรจะเป็น แต่ขึ้นอยู่กับสภาพอุณหภูมิที่ปลูกด้วย

จากการตรวจสอบฐานข้อมูลค่าสัมประสิทธิ์ทางพันธุกรรมของโปรแกรม DSSAT พบว่าไม่มีข้อมูลของข้าวพันธุ์ที่ปลูกแพร่หลายในภาคเหนือ ดังนั้นจึงมีความจำเป็นต้องประเมินค่า

สัมพันธ์ทางพันธุกรรมของพันธุ์ข้าวที่ไม่ได้ถูกบรรจุในฐานะข้อมูลเหล่านั้นด้วยการทดสอบในแปลงทดลองภายใต้สภาพที่ไม่มีข้อจำกัดการเจริญเติบโตของข้าว

## วิธีการศึกษา

ขั้นตอนหลักในการศึกษาและประเมินค่าสัมพันธ์ทางพันธุกรรมของโครงการนี้ประกอบด้วย การทดลองปลูกข้าวในแปลงปลูก (field experiment) เพื่อนำข้อมูลระยะพัฒนาการและการเจริญเติบโตมาเปรียบเทียบกับข้อมูลที่ได้จากการจำลองงานทดลองในแปลงด้วยแบบจำลอง CERES-Rice version RICER980 modified โดยใช้ข้อมูลดิน อากาศ และการจัดการต่างๆ ตามสภาพที่ทำการทดลองในแปลงปลูกจริงๆ เพื่อปรับหาค่าสัมพันธ์ทางพันธุกรรมทั้ง 8 ค่าของพันธุ์ที่ทดสอบ ซึ่งจะทำได้ค่าจากการจำลองที่สอดคล้องกับค่าที่วัดได้จากแปลงปลูกจริงมากที่สุดโดยโปรแกรม GENCALC3.5 ภายใต้ระบบสนับสนุนการตัดสินใจ DSSAT3.5

## พันธุ์ข้าวที่เลือกใช้ในการประเมินค่าสัมพันธ์ทางพันธุกรรม

หลักเกณฑ์ในการเลือกพันธุ์ข้าวเพื่อการศึกษาของโครงการนี้คือเป็นพันธุ์ที่นิยมปลูกและได้รับการส่งเสริมให้ปลูกได้ในพื้นที่นาภาคเหนือ และแต่ละพันธุ์ที่เลือกควรจะมี ความแตกต่างทางพันธุกรรมกันอย่างชัดเจนและเป็นตัวแทนของพันธุ์ข้าวชนิดต่างๆ ที่ปลูกในพื้นที่นาภาคเหนือได้

เมื่อเริ่มโครงการในปี 2540 ทางโครงการได้เลือกพันธุ์ข้าว 4 พันธุ์ เพื่อนำมาศึกษาประเมินค่าสัมพันธ์ทางพันธุกรรม ได้แก่ ขาวดอกมะลิ 105, เหนียวสันป่าตอง, ชัยนาท 1 และ ก.วก.1 (ชาซานิชิกิ) โดยข้าวทั้งสี่พันธุ์เป็นพันธุ์ข้าวแนะนำโดยกรมวิชาการเกษตร ข้าวขาวดอกมะลิ 105 เป็นข้าวเจ้าที่ไวต่อช่วงแสง มีกลิ่นหอม เป็นที่นิยมของผู้บริโภค และได้รับการส่งเสริมให้ปลูกมากที่สุดสำหรับน่าน้ำฝน นอกจากนั้นค่าสัมพันธ์ทางพันธุกรรมของข้าวขาวดอกมะลิ 105 สามารถนำไปใช้ได้กับข้าว กข6 ที่เป็นข้าวเหนียวที่นิยมปลูกมากที่สุด เนื่องจาก กข6 คือข้าวดอกมะลิ 105 ที่ฉายรังสีเพื่อให้เปลี่ยนเป็นข้าวเหนียว ข้าวเหนียวสันป่าตองถูกเลือกให้เป็นตัวแทนของข้าวเหนียวที่ไวต่อช่วงแสง ข้าวชัยนาท 1 เป็นข้าวเจ้าที่ไม่ไวต่อช่วงแสงซึ่งได้รับการรับรองเป็นพันธุ์แนะนำและได้รับการส่งเสริมอย่างแพร่หลายตั้งแต่ปี 2540 นิยมปลูกกันมากในขณะนี้ในเขตภาคเหนือตอนล่างและภาคกลางตอนบน สำหรับข้าว ก.วก.1 เป็นข้าวญี่ปุ่นประเภท Japonica ซึ่งมีลักษณะทางสรีรวิทยาและสัณฐานวิทยาที่แตกต่างกับข้าวพันธุ์อื่นๆ ข้างต้นที่เป็นประเภท Indica โดย ก.วก.1 ได้รับการคัดเลือกจากพันธุ์ข้าวญี่ปุ่นหลายพันธุ์ว่าสามารถทนอากาศร้อนในประเทศไทยได้และมีการปลูกเพื่อเป็นการค้าในหลายพื้นที่ในภาคเหนือ

ในปีที่สองของการดำเนินงานคือปี พ.ศ. 2541 ทางโครงการได้เพิ่มการประเมินหาค่าสัมพันธ์ทางพันธุกรรมของพันธุ์สุพรรณบุรี 60 เพิ่มขึ้นอีกพันธุ์หนึ่ง เนื่องจากว่าเป็นข้าวนาชลประทานที่ไม่ไวต่อช่วงแสงอีกพันธุ์หนึ่งที่นิยมปลูกในเขตพื้นที่ภาคเหนือตอนล่างและมีลักษณะทางสรีรวิทยาที่ต่างจากพันธุ์ชัยนาท 1 หลายประการ

## การทดลองในแปลง

หลักการประเมินและศึกษาค่าสัมประสิทธิ์ทางพันธุกรรมที่จะใช้ในการจำลองการเจริญเติบโตของพันธุ์พืชหนึ่งๆ กับสภาพแวดล้อมต่างๆ คือ ต้องมีข้อมูลงานทดลองในแปลงเพาะปลูกที่มีทรีตเมนต์ครอบคลุมการตอบสนองของพืชต่อสภาพแวดล้อมอย่างหลากหลายมาเปรียบเทียบ (Hunt and Boote, 1989) ในการศึกษานี้ได้เลือกใช้พันธุ์ข้าวที่ทราบในเบื้องต้นแล้วว่ามีการตอบสนองต่อช่วงแสงและอุณหภูมิที่ต่างกันอย่างชัดเจน และเพื่อให้อยู่ในสภาพแวดล้อมภูมิอากาศของการปลูกที่แตกต่างกันในสภาพแปลงปลูกจริงๆ จึงออกแบบการทดลองเพื่อศึกษาเปรียบเทียบข้าวแต่ละพันธุ์ที่ปลูกเมื่อเวลาต่างๆ กันในรอบปี ซึ่งหมายถึงการให้ต้นข้าวมีการเจริญในช่วงความยาววันและอุณหภูมิต่างๆ กัน ในขณะที่ควบคุมปัจจัยอื่นให้เหมือนกันมากที่สุด

การทดลองวางแผนแบบ Split plot design จำนวน 3 ซ้ำ โดยวันปลูก (ปักดำ) เป็น main plot มี 12 วันปลูก ระยะห่างกันหนึ่งเดือน และพันธุ์ข้าว 4 พันธุ์เป็น sub-plot ได้แก่ ขาวดอกมะลิ 105, เหนียวสันป่าตอง, ชัยนาท 1 และ กว.ก.1 (ชาซานิซิกิ) ขนาดแปลงทดลองย่อย 4.5×6.0 ตารางเมตร ทำการทดลองที่แปลงทดลองศูนย์วิจัยเพิ่มผลผลิตทางเกษตร มหาวิทยาลัยเชียงใหม่ เริ่มปักดำข้าวสำหรับวันปลูกที่หนึ่งเมื่อวันที่ 24 มิถุนายน 2540 และครั้งสุดท้ายหรือวันปลูกที่ 12 เมื่อวันที่ 24 พฤษภาคม 2541 ใช้อายุกล้า 24-30 วัน ระยะปักดำ 25×25 เซนติเมตร จำนวนกล้า 3 ต้นต่อจับ

การจัดการหรือดูแลรักษาให้อยู่ในระดับที่เหมาะสมสำหรับแต่ละพันธุ์และแต่ละระยะเวลาพัฒนาการ โดยปฏิบัติตามคำแนะนำของสถาบันวิจัยข้าว กรมวิชาการเกษตร ได้แก่ ควบคุมระดับน้ำซึ่งในแปลงให้สูงประมาณ 5 เซนติเมตรตลอดฤดูปลูก หว่านปุ๋ยสูตร 15-15-15 ในอัตรา 25 กิโลกรัมต่อไร่หลังปักดำ และหว่านปุ๋ยยูเรียในอัตรา 5 กิโลกรัมต่อไร่สำหรับข้าวขาวดอกมะลิ 105 และเหนียวสันป่าตอง และ 10 กิโลกรัมต่อไร่สำหรับชัยนาท 1 และ กว.ก.1 เมื่อข้าวถึงระยะกำเนิดช่อดอก รวมถึงการใช้สารเคมีป้องกันและกำจัดโรคและแมลงตามสมควร ป้องกันนกจากการทำลายข้าวเมื่อเริ่มออกรวง และทำค้ำค้ำยันป้องกันการหักล้ม เป็นต้น

## การบันทึกข้อมูล

ทำการบันทึกข้อมูลตามแบบฟอร์มของ IBNSAT (1988) โดยบันทึกระยะพัฒนาการ (phenology) ของข้าวตามระยะการเจริญเติบโตที่สำคัญคือ วันออกดอก 80% และวันสุกแก่ 80% และข้อมูลการเจริญเติบโต (growth) อันได้แก่ การเปลี่ยนแปลง น้ำหนักต้น น้ำหนักใบ น้ำหนักรวง จำนวนหน่อ (tiller) จำนวนรวงต่อตารางเมตรและน้ำหนัก และจำนวนเมล็ดดี-เมล็ดลีบต่อรวง ชุดดินที่ปลูก ข้อมูลไนโตรเจนในดินก่อนปลูก และข้อมูลภูมิอากาศรายวัน ได้แก่ ข้อมูลพลังงานแสงอาทิตย์ อุณหภูมิสูงสุด อุณหภูมิต่ำสุด และปริมาณน้ำฝน โดยอาศัยเครื่องวัดภูมิอากาศอัตโนมัติ (Data Logger) นอกจากนั้นยังต้องบันทึกข้อสังเกตสภาพการเจริญเติบโตที่น่าจะส่งผลถึงการเจริญเติบโตของข้าว ได้แก่ อาการผิดปกติต่างๆ ของข้าว เช่น การขาดน้ำ หรือน้ำท่วม การถูกทำลายโดยโรคแมลง และศัตรูข้าวอื่นๆ เช่น นก หรือการหักล้ม เป็นต้น

## การเตรียมไฟล์และข้อมูลนำเข้า (input files/data) สำหรับการประเมินค่าสัมประสิทธิ์ทางพันธุกรรม

เมื่อได้ข้อมูลจากแปลงทดลองตามที่ต้องการแล้ว ขั้นตอนต่อไปของการประเมินค่าสัมประสิทธิ์ทางพันธุกรรมของแต่ละพันธุ์โดยการใช้โปรแกรม DSSAT3.5 ที่มี CERES-Rice (RICER980 (modified date: 30 June 1999)) บรรจุอยู่ และมีการเตรียมไฟล์ต่างๆ ที่จำเป็นในการประเมินค่าสัมประสิทธิ์ทางพันธุกรรมดังต่อไปนี้

1. สร้างไฟล์แสดงรายละเอียดของการทดลอง FILEX (Experiment details file) และไฟล์ที่เกี่ยวข้อง FILEX ระบุถึงการจัดการต่างๆ ในงานทดลองที่รวมถึงสถานที่และเวลาของข้อมูลอากาศ ชุดดิน และพันธุ์ที่ใช้ในการจำลอง ซึ่งเชื่อมโยงไปยังไฟล์ข้อมูลนำเข้าต่างๆ ที่ต้องเตรียมไว้เช่นกัน ได้แก่ ไฟล์ข้อมูลอากาศขณะที่ทำการทดลอง (\*.WTH) และไฟล์ข้อมูลดิน SOIL.SOL ที่มีชุดดินที่ใช้ในการทดลอง และไฟล์ข้อมูลทางพันธุกรรมซึ่งจะได้กล่าวโดยละเอียดต่อไป รูปแบบการสร้าง FILEX ดูรายละเอียดได้ในคู่มือ DSSAT3.0 Volume 2-1 (Jones et al., 1994)
2. สร้างไฟล์แสดงค่าเฉลี่ยผลการทดลอง FILEA (Average value of experiment performance data file) ที่เป็นไฟล์เก็บข้อมูลที่ได้จากการวัดหรือสังเกตจากแปลงทดลอง สร้างตามฟอร์มและรายละเอียดในคู่มือ DSSAT3.0 Volume 2-1 (Jones et al., 1994)
3. เตรียมพันธุ์ข้าวที่ต้องการหาค่าสัมประสิทธิ์และกำหนดค่าตั้งต้นหรือค่าประมาณของสัมประสิทธิ์ทางพันธุกรรมของพันธุ์นั้นๆ ในไฟล์สัมประสิทธิ์พันธุกรรมของข้าวที่บรรจุอยู่ใน DSSAT3.5 สำหรับแบบจำลอง RICER980 modified คือ RICER980.CUL

## การใช้โปรแกรม GENCALC ในการประเมินค่าสัมประสิทธิ์

การประเมินหาค่าสัมประสิทธิ์จากไฟล์ที่เตรียมไว้ข้างต้นนั้น อาจใช้วิธีการลองผิดลองถูกปรับค่าสัมประสิทธิ์ จนกว่าจะให้ค่าจำลองที่พอใจหรือสอดคล้องกับค่าที่วัดได้จากการทดลอง แต่เนื่องจากสัมประสิทธิ์พันธุกรรมของข้าวมีจำนวนมากถึง 8 ตัว และการปรับค่าใดค่าหนึ่งของตัวหนึ่งมีผลกระทบหรือสัมพันธ์กับสัมประสิทธิ์ตัวอื่นด้วย ในการประเมินค่าสัมประสิทธิ์ในรายงานนี้จึงได้ทดลองใช้โปรแกรม GENCALC3.5 ใน DSSAT3.5 ซึ่งเป็นชุดโปรแกรมที่สร้างขึ้นเพื่อใช้ช่วยในการหาค่าสัมประสิทธิ์ทางพันธุกรรมของแบบจำลองพืชได้อย่างสะดวก รวดเร็ว และเป็นระบบที่อาศัยข้อมูลในไฟล์ที่เตรียมไว้ในหัวข้อข้างต้น

โครงสร้างและการทำงานของ GENCALC โดยสรุปคือ GENCALC จะเรียก FILEX และไฟล์ สัมประสิทธิ์ทางพันธุกรรมที่เตรียมไว้ แล้วสั่งให้แบบจำลองเริ่มทำงานโดยใช้สัมประสิทธิ์พันธุกรรม ตั้งต้น ซึ่งจะได้ผลลัพธ์เป็น OVERVIEW.OUT โดยส่วนหนึ่งของไฟล์นี้จะมีค่าที่สังเกตของตัวแปร ต่างๆ ที่ดึงมาจาก FILEA ที่เตรียมไว้เพื่อมาเทียบกับค่าจากการจำลองตั้งตัวอย่างในตารางที่ 6-1 ซึ่งโปรแกรมจะปรับค่าสัมประสิทธิ์พร้อมทั้งสั่งให้แบบจำลองทำงานและเปรียบเทียบกับค่าวัดจริง ไปเรื่อยๆ จนกว่าจะได้ค่าจำลองที่ใกล้เคียงกับค่าสังเกตภายใต้การควบคุมค่าเงื่อนไขต่างๆ ของ การ run ด้วยไฟล์ GCRULES.CTR ซึ่งเป็นไฟล์ชั่วคราวที่คัดลอกมาจาก GCRULES.FLE อัน ประกอบด้วยค่าควบคุมการทำงานของ GENCALC ของพืชทุกชนิดใน DSSAT ดังตัวอย่างที่แสดง ส่วนที่เป็นข่าวในตารางที่ 6-2

**ตารางที่ 6-1** ส่วนหนึ่งของไฟล์ OVERVIEW.OUT ซึ่งแสดงการเปรียบเทียบค่าจากการจำลอง กับค่าสังเกตของข้าวขาวดอกมะลิ 105 ที่ปลูกเมื่อวันที่ 25 กันยายน

@	VARIABLE	PREDICTED	MEASURED
	-----	-----	-----
	FLOWERING DATE	61	63
	PHYSIOL. MATURITY	94	94
	GRAIN YIELD (kg/ha) AT 14% H2O	3035	2424
	WT. PER GRAIN (g)	.027	0.027
	GRAIN NUMBER (GRAIN/m <sup>2</sup> )	9665	08996
	PANICLE NUMBER (PANICLE/m <sup>2</sup> )	625.42	-99
	MAXIMUM LAI (m <sup>2</sup> /m <sup>2</sup> )	1.17	-99
	BIOMASS (kg/ha) AT ANTHESIS	2792	-99
	BIOMASS N (kg N/ha) AT ANTHESIS	44	-99
	BIOMASS (kg/ha) AT HARVEST MAT.	4058	6096
	STALK (kg/ha) AT HARVEST MAT.	1448	-99
	HARVEST INDEX (kg/kg)	.643	-99
	FINAL LEAF NUMBER	16	-99
	GRAIN N (kg N/ha)	58	-99
	BIOMASS N (kg N/ha)	71	-99
	STALK N (kg N/ha)	13	-99
	SEED N (%)	2.22	-99

**หมายเหตุ** VARIABLE คือตัวแปรที่เกี่ยวข้องกับพัฒนาผลผลิตและองค์ประกอบผลผลิตของข้าว  
 PREDICTED คือข้อมูลที่ได้จากการจำลอง  
 MEASURED คือข้อมูลที่ได้จากแปลงปลูกจริง  
 -99 หมายถึงไม่มีข้อมูลจากแปลงมาเปรียบเทียบ

ค่าใน GCRULES.FLE หรือ GCRULES.CTR ประกอบด้วยค่าที่กำหนดลำดับการทำงานของแบบจำลองและตัวแปรต่างๆ ที่ให้ผู้ใช้ปรับเปลี่ยนได้ ได้แก่ ค่าช่วงห่างการเปลี่ยนค่า สัมประสิทธิ์ในการคำนวณ ระดับความคลาดเคลื่อนต่ำสุดที่ยอมรับ จำนวนการทำงานของแบบจำลองสูงสุด ค่าสัมประสิทธิ์ต่ำสุดและสูงสุด และไฟล์นี้ยังแสดงค่า REFERENCED TRAITS ที่ บ่งบอกถึงความสัมพันธ์ของสัมประสิทธิ์กับค่าระยะพัฒนาการและองค์ประกอบผลผลิตของข้าวดัง ได้กล่าวมาแล้วข้างต้น

**ตารางที่ 6-2** แสดงตัวแปรและโครงสร้างของไฟล์ GRULES.FLE หรือ GENOTYPE COEFFICIENT RULES FILE ส่วนที่เกี่ยวกับข้าว

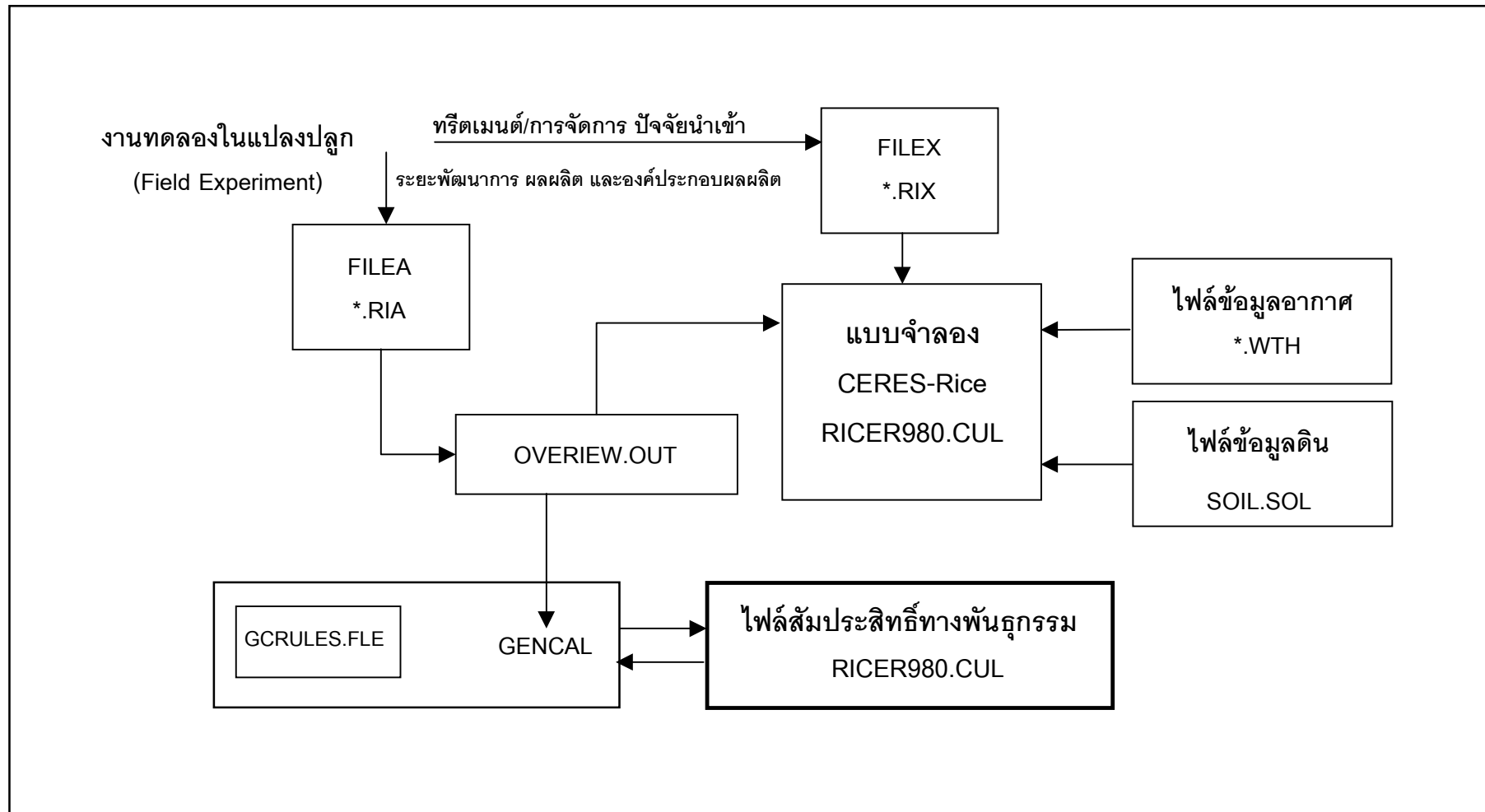
@C#	CNAME	REF_NOS	STEP	ERRMX	RMX	MNCEF	MXCEF	REFERENCE_TRAIT(S)
*	RICER980_1_RICE							
2	DESP(P2R)	1/00*00	20.0	1.0	20	50.0	2500.0	HEADING DATE
4	DETP(P20)	1/00*00	0.5	1.0	9	8.0	15.0	HEADING DATE
1	DUJU(P1)	1/00*00	50.0	1.0	9	0.0	1000.0	HEADING DATE
3	DUGF(P5)	2/00*00	10.0	1.0	9	100.0	1000.0	MATURITY DATE
5	GNUM(G1)	5/00*00	20.0	500.0	40	10.0	200.0	GRAINS M-2
6	GGRO(G2)	4/00*00	0.01	0.002	9	0.0	0.05	GRAIN WEIGHT
7	TNUM(G3)	6/00*00	0.1	25.0	9	0.3	1.5	PANICLES M-2
8	GNST(G4)	5/00*00	0.05	500.0	40	0.2	1.7	GRAINS M-2

- หมายเหตุ**
- COEFF = สัมประสิทธิ์ (ตัวเลขในสองคอลัมน์แรกแสดงถึงลำดับในไฟล์สัมประสิทธิ์)
  - REF = ลักษณะอ้างอิง (REFERENCE TRAIT)
  - STEP = ระยะห่างของค่าของสัมประสิทธิ์ที่เปลี่ยนไป
  - ERRMX = ความคลาดเคลื่อนสูงสุดที่ยอมรับได้
  - RMX = จำนวนการ run สูงสุด
  - MNCEF = ค่าสัมประสิทธิ์ต่ำสุด
  - MXCEF = ค่าสัมประสิทธิ์สูงสุด

โปรแกรม GENCALC จะคำนวณหาค่าสัมประสิทธิ์พัฒนาการแต่ละตัวตามลำดับที่กำหนดของแต่ละทรีตเมนต์ที่เลือกมาใช้ ภายใต้ข้อกำหนดใน GRULES.CTR แล้วจะแสดงค่าสัมประสิทธิ์ที่ทำได้ของแต่ละทรีตเมนต์ ซึ่งอาจจะมีการค้างของโปรแกรม หรือหากยังไม่สามารถหาค่าที่เหมาะสมได้ ก็ให้ลองปรับเปลี่ยนค่าสัมประสิทธิ์ตั้งต้น หรือปรับค่าใน GRULES.CTR หรือเลือกทรีตเมนต์ที่เหมาะสม และสั่งให้โปรแกรมคำนวณใหม่จนกว่าจะได้ค่าที่พอใจ

เมื่อได้ค่าสัมประสิทธิ์ที่น่าพอใจแล้ว โปรแกรมจะคำนวณค่าเฉลี่ยเฉพาะค่าสัมประสิทธิ์ที่สามารถหาค่าที่ใกล้เคียงกับค่าจริงในระดับที่โปรแกรมยอมรับได้ของแต่ละทรีตเมนต์ และจะแสดงผลเปรียบเทียบระหว่างชุดสัมประสิทธิ์เก่ากับชุดสัมประสิทธิ์ใหม่ รวมทั้งแสดงค่า CV (coefficient of variation = standard deviation/mean) ของสัมประสิทธิ์ใหม่แต่ละตัวด้วย ค่าเฉลี่ยชุดที่มีค่า SD แสดงความแปรปรวนของสัมประสิทธิ์หนึ่งๆ ของทรีตเมนต์ต่างๆ ที่เฉลี่ยจะเป็นข้อมูลช่วยในการตัดสินใจเลือกชุดสัมประสิทธิ์ที่น่าจะเหมาะสมที่สุดของพันธุ์นั้นๆ ได้ โดยที่รายละเอียดวิธีการใช้ GENCALC และตัวอย่างดูได้จาก Hunt and Pararajasingham (1994) และจิรวัดณ์และคณะ (2542) ซึ่งสรุปเป็นโครงสร้างไฟล์ที่เกี่ยวข้องกับการประเมินค่าสัมประสิทธิ์ดังรูปที่ 6-1





รูปที่ 6-1 โครงสร้างของไฟล์ที่เกี่ยวข้องของงานประเมินค่าสัมประสิทธิ์ทางพันธุกรรมในระบบ DSSAT3.5

## การทดสอบค่าที่ประเมินได้กับค่าจริงที่ได้จากทรีตเมนต์ทั้งหมดของการทดลอง 12 วันปลูก

การทดสอบดังกล่าวนี้เป็นการทดสอบแบบจำลองข้าวที่ใช้ค่าสัมประสิทธิ์ที่ประเมินได้ในเบื้องต้นว่าค่าสัมประสิทธิ์จะให้ค่าจำลองในระดับที่น่าพอใจเมื่อเปรียบเทียบกับค่าจริงของการปลูกข้าวทั้ง 12 วันปลูกต่างๆ ได้หรือไม่ เพื่อเป็นแนวทางในการปรับแก้ไขค่าสัมประสิทธิ์หรือการกำหนดเงื่อนไขการใช้แบบจำลองและ/หรือค่าสัมประสิทธิ์ได้อย่างถูกต้องยิ่งขึ้น ก่อนที่จะนำไปทดสอบความถูกต้องใช้ได้ (validation) กับงานทดลองอื่น ดังที่จะนำเสนอในเรื่องการทดสอบแบบจำลองกับการทดลองอื่นๆ ต่อไป

## ผลการศึกษา

### กระบวนการประเมินสัมประสิทธิ์ของข้าว 4 พันธุ์กับงานทดลอง 12 วันปลูก

#### FILEX และ FILEA

จากรายละเอียดการวางแผนและการจัดการงานทดลองปลูกข้าว 12 วันปลูกของข้าว 4 พันธุ์ ได้นำมาออกแบบสร้างเป็นไฟล์การทดลองหรือ FILEX ที่แยกแต่ละพันธุ์สำหรับ FILEX หนึ่งๆ ดังตัวอย่าง FILEX ของพันธุ์ข้าวขาวดอกมะลิ 105 ในตารางที่ 6-3 ซึ่งไฟล์นี้ได้กำหนดรายละเอียดในการทดลองที่สำคัญ ได้แก่ ส่วนทรีตเมนต์ \*TREATMENT ที่มี 12 วันปลูก \*CULTIVAR ที่เป็นการระบุโค๊ดของพันธุ์นั้นๆ ที่ตรงกันใน RICER980.CUL โดยที่ \*PLANTING DETAIL จะกำหนดวันปลูกและรายละเอียดเกี่ยวกับวิธีการปลูกต่างๆ สำหรับการให้น้ำ \*IRRIGATION ในที่นี้กำหนดเป็นแบบอัตโนมัติให้มีระดับน้ำสูง 5 เซนติเมตร (คันทาสสูง 10 เซนติเมตร) ตลอดฤดูปลูกตั้งแต่วันปักดำ ควบคุมวัน ชนิดและอัตราปุ๋ยใน \*FERTILIZATION ตรงตามที่ได้จริง รวมทั้งกำหนดรายละเอียดการจำลอง \*SIMULATION สำหรับแต่ละวันปลูกด้วย และชุดข้อมูลจากการสังเกตที่ได้จากการทดลองจริงนั้น นำค่าเฉลี่ยของระยะพัฒนาการและองค์ประกอบผลผลิตและผลผลิตมาสร้างเป็น FILEA ที่เป็นตัวอย่างของข้าวขาวดอกมะลิ 105 ของการทดลอง 12 วันปลูก (ตารางที่ 6-4)

### การกำหนดค่าตั้งต้นของสัมประสิทธิ์ทางพันธุกรรมใน RICER980.CUL

การกำหนดค่าประมาณตั้งต้นของสัมประสิทธิ์ของข้าวทั้งสี่พันธุ์ที่ศึกษานั้น พันธุ์ขาวดอกมะลิ 105 ได้จากรายงานของ Jintrawet (1989) เหนียวสันป่าตองใช้ค่าตั้งต้นที่คล้ายคลึงกับขาวดอกมะลิ 105 ยกเว้นน้ำหนักเมล็ดที่กำหนดให้มากกว่า กำหนดค่าสัมประสิทธิ์ตั้งต้นของพันธุ์ชัยนาท 1 เท่ากับ RD23 และ ก.วก.1 กำหนดค่าตั้งต้นเท่ากับข้าวญี่ปุ่น การกำหนดค่าสัมประสิทธิ์บางค่าสามารถประมาณจากลักษณะประจำพันธุ์ที่เราทราบแล้ว เช่น น้ำหนักเมล็ดที่เป็นค่าคงที่ประจำพันธุ์หรือค่าสัมประสิทธิ์ G4 (temperature tolerance) ความคงทนต่ออุณหภูมิต่ำ เช่น พันธุ์ ก.วก.1 มีความทนต่ออุณหภูมิต่ำดี จึงกำหนดให้มากกว่า 1.0 ตามพันธุ์ตัวอย่างที่ให้มา

**ตารางที่ 6-3** FILEX ที่ใช้ในการ run CERES-Rice model ของการทดลองปลูกข้าวชาวดอกมะลิ 105  
 ทั้ง 12 วันปลูก

```

*EXP. DETAILS: CMMC9705RI PLANTING DATE/KDML105
*GENERAL
@PEOPLE
  SAKDA JONGKAEWATTANA AND CHIRAWAT VEJPAS
@ADDRESS
  MULTIPLE CROPPING CENTER, CHIANG MAI UNIVERSITY, THAILAND
@SITE
  CHIANG MAI, THAILAND. 18.78 N. 98.95 E
@ PAREA PRNO PLEN PLDR PLSP PLAY HAREA HRNO HLEN HARM.....
  27.0 18 6.0 -99 150 N-S 5.0 4 5.0 HAND HARVEST
@NOTES
  Planting date experiment with 4 cultivars of rice; KDML105, SPT, CNT1,
  and DOA1 with 12 planting dates of 1-month interval

*TREATMENTS
-----FACTOR LEVELS-----
@N R O C TNAME..... CU FL SA IC MP MI MF MR MC MT ME MH SM
1 1 0 0 PD1 1 1 0 0 1 1 1 0 0 0 0 0 0 1
2 1 0 0 PD2 1 1 0 0 2 2 2 0 0 0 0 0 0 2
3 1 0 0 PD3 1 1 0 0 3 3 3 0 0 0 0 0 0 3
4 1 0 0 PD4 1 1 0 0 4 4 4 0 0 0 0 0 0 4
5 1 0 0 PD5 1 1 0 0 5 5 5 0 0 0 0 0 0 5
6 1 0 0 PD6 1 1 0 0 6 6 6 0 0 0 0 0 0 6
7 1 0 0 PD7 1 1 0 0 7 7 7 0 0 0 0 0 0 7
8 1 0 0 PD8 1 2 0 0 8 8 8 0 0 0 0 0 0 8
9 1 0 0 PD9 1 2 0 0 9 9 9 0 0 0 0 0 0 9
10 1 0 0 PD10 1 2 0 0 10 10 10 0 0 0 0 0 0 10
11 1 0 0 PD11 1 2 0 0 11 11 11 0 0 0 0 0 0 11
12 1 0 0 PD12 1 2 0 0 12 12 12 0 0 0 0 0 0 12

*CULTIVARS
@C CR INGENO CNAME
  1 RI TRO007 KDML

*FIELDS
@L ID_FIELD WSTA... FLSA FLOB FLDT FLDD FLDS FLST SLTX SLDP ID_SOIL
  1 CMMC0001 CMMC9701 -99 0 DR000 0 0 0 -99 51 IB00630001
  2 CMMC0001 CMMC9801 -99 0 DR000 0 0 0 -99 51 IB00630001

*PLANTING DETAILS
@P PDATE EDATE PPOP PPOE PLME PLDS PLRS PLRD PLDP PLWT PAGE PENV PLPH
  1 97172 -99 48.0 48.0 T H 25 0 5.0 30 30 25.0 3.0
  2 97204 -99 48.0 48.0 T H 25 0 5.0 110 31 25.0 3.0
  3 97237 -99 48.0 48.0 T H 25 0 5.0 30 31 25.0 3.0
  4 97268 -99 48.0 48.0 T H 25 0 5.0 25 27 25.0
  5 97297 -99 48.0 48.0 T H 25 0 5.0 29 25 25.0 3.0
  3.0
  6 97328 -99 48.0 48.0 T H 25 0 5.0 32 26 25.0
    
```

ตารางที่ 6-3 (ต่อ)

3.0													
7	97358	-99	48.0	48.0	T	H	25	0	5.0	30	25	25.0	3.0
8	98023	-99	48.0	48.0	T	H	25	0	5.0	30	25	25.0	3.0
9	98055	-99	48.0	48.0	T	H	25	0	5.0	30	25	25.0	3.0
10	98083	-99	48.0	48.0	T	H	25	0	5.0	30	25	25.0	3.0
11	98114	-99	48.0	48.0	T	H	25	0	5.0	30	25	25.0	3.0
12	98145	-99	48.0	48.0	T	H	25	0	5.0	30	25	25.0	3.0
*IRRIGATION AND WATER MANAGEMENT													
@I	EFIR	IDEP	ITHR	I EPT	I OFF	I AME	I AMT						
1	-99	-99	-99	-99	-99	-99	-99						
@I	IDATE	IROP	I RVAL										
1	97172	I R010	0										
1	97172	I R008	2										
1	97172	I R009	100										
1	97172	I R006	50										
.													
.													
@I	EFIR	IDEP	ITHR	I EPT	I OFF	I AME	I AMT						
12	-99	-99	-99	-99	-99	-99	-99						
@I	IDATE	IROP	I RVAL										
12	98145	I R010	0										
12	98145	I R008	2										
12	98145	I R009	100										
12	98145	I R006	50										
*FERTILIZERS (INORGANIC)													
@F	FDATE	FMCD	FACD	FDEP	FAMN	FAMP	FAMK	FAMC	FAMO	FOCD			
1	97178	FE002	AP01	0	23	-99	-99	-99	-99	-99			
1	97257	FE005	AP01	0	14	-99	-99	-99	-99	-99			
2	97210	FE002	AP01	0	23	-99	-99	-99	-99	-99			
2	97262	FE005	AP01	0	14	-99	-99	-99	-99	-99			
3	97243	FE002	AP01	0	23	-99	-99	-99	-99	-99			
3	97262	FE005	AP01	0	14	-99	-99	-99	-99	-99			
4	97274	FE002	AP01	0	23	-99	-99	-99	-99	-99			
4	97299	FE005	AP01	0	14	-99	-99	-99	-99	-99			
5	97304	FE002	AP01	0	23	-99	-99	-99	-99	-99			
5	97334	FE005	AP01	0	14	-99	-99	-99	-99	-99			
6	97334	FE002	AP01	0	23	-99	-99	-99	-99	-99			
6	97365	FE005	AP01	0	14	-99	-99	-99	-99	-99			
7	97365	FE002	AP01	0	23	-99	-99	-99	-99	-99			
7	98030	FE005	AP01	0	14	-99	-99	-99	-99	-99			
8	98030	FE002	AP01	0	23	-99	-99	-99	-99	-99			
8	98063	FE005	AP01	0	14	-99	-99	-99	-99	-99			
9	98063	FE002	AP01	0	23	-99	-99	-99	-99	-99			
9	98093	FE005	AP01	0	14	-99	-99	-99	-99	-99			
10	98090	FE002	AP01	0	23	-99	-99	-99	-99	-99			
10	98240	FE005	AP01	0	14	-99	-99	-99	-99	-99			
11	98121	FE002	AP01	0	23	-99	-99	-99	-99	-99			
11	98240	FE005	AP01	0	14	-99	-99	-99	-99	-99			
12	98152	FE002	AP01	0	23	-99	-99	-99	-99	-99			
12	98240	FE005	AP01	0	14	-99	-99	-99	-99	-99			

ตารางที่ 6-3 (ต่อ)

```

*SIMULATION CONTROLS
@N GENERAL      NYERS NREPS START SDATE RSEED SNAME.....
 1 GE           1    1    S 97172 2150 VALIDATION OF CERES-RICE
@N OPTIONS      WATER NI TRO SYMBI PHOSP POTAS DI SES
 1 OP           Y    Y    Y    N    N    N
@N METHODS      WTHER INCON LI GHT EVAPO INFI L PHOTO
 1 ME           M    M    E    R    S    C
@N MANAGEMENT  PLANT IRRIG FERTI RESI D HARVS
 1 MA           R    A    R    R    M
@N OUTPUTS      FNAME OVVEW SUMRY FROPT GROUT CAOUT WAOUT NI OUT MI OUT DI OUT LONG
 1 OU           N    Y    Y    3    Y    N    Y    Y    N    N    Y

@ AUTOMATIC MANAGEMENT
@N PLANTING     PFRST PLAST PH20L PH20U PH20D PSTMX PSTMN
 1 PL           155  200  40  100  30  40  10
@N IRRIGATION  IMDEP ITHRL ITHRU IROFF IMETH IRAMT IREFF
 1 IR           30   50  100 GS000 IR001  10  0.50
@N NITROGEN     NMDEP NMTHR NAMNT NCODE NAOFF
 1 NI           30   50  25 FE001 GS001
@N RESIDUES     RI PCN RTIME RI DEP
 1 RE           100   1  20
@N HARVEST      HFRST HLAST HPCNP HPCNR
 1 HA           0   365  100  0

.
.
@N GENERAL      NYERS NREPS START SDATE RSEED SNAME.....
12 GE           1    1    S 98145 2150 VALIDATION OF CERES-RICE
@N OPTIONS      WATER NI TRO SYMBI PHOSP POTAS DI SES
12 OP           Y    Y    Y    N    N    N
@N METHODS      WTHER INCON LI GHT EVAPO INFI L PHOTO
12 ME           M    M    E    R    S    C
@N MANAGEMENT  PLANT IRRIG FERTI RESI D HARVS
12 MA           R    A    R    R    M
@N OUTPUTS      FNAME OVVEW SUMRY FROPT GROUT CAOUT WAOUT NI OUT MI OUT DI OUT LONG
12 OU           N    Y    Y    3    Y    N    Y    Y    N    N    Y

@ AUTOMATIC MANAGEMENT
@N PLANTING     PFRST PLAST PH20L PH20U PH20D PSTMX PSTMN
12 PL           155  200  40  100  30  40  10
@N IRRIGATION  IMDEP ITHRL ITHRU IROFF IMETH IRAMT IREFF
12 IR           30   50  100 GS000 IR001  10  0.50
@N NITROGEN     NMDEP NMTHR NAMNT NCODE NAOFF
12 NI           30   50  25 FE001 GS001
@N RESIDUES     RI PCN RTIME RI DEP
12 RE           100   1  20
@N HARVEST      HFRST HLAST HPCNP HPCNR
12 HA           0   365  100  0

```

**ตารางที่ 6-4** ตัวอย่าง FILEA ชื่อ CMMC9705.RIA ที่ใช้ในการทำงานของโปรแกรม GENCALC สำหรับข้าวพันธุ์ข้าวดอกมะลิ 105 ทั้ง 12 วันปลูก ปี 2540-2541

@TRNO	HWAM	HWUM	H#AM	H#UM	LAIX	CWAM	BWAH	ADAT	MDAT	GN%M	CNAM	SNAM	GNAM
1	2699	0.027	11596	149	-99	10014	-99	292	322	-99	-99	-99	-99
2	4103	0.027	15111	140	-99	8509	-99	295	329	-99	-99	-99	-99
3	3697	0.027	13788	156	-99	7535	-99	299	330	-99	-99	-99	-99
4	2424	0.027	08996	115	-99	6096	-99	331	362	-99	-99	-99	-99
5	1950	0.026	7900	284	-99	4208	-99	356	34	-99	-99	-99	-99
6	693	0.025	2972	188	-99	1311	-99	29	65	-99	-99	-99	-99
7	2806	0.026	10224	255	-99	5003	-99	71	100	-99	-99	-99	-99
8	2457	0.026	9828	232	-99	5405	-99	102	132	-99	-99	-99	-99
9	1882	0.024	7620	269	-99	3853	-99	120	151	-99	-99	-99	-99
10	5804	0.027	22416	258	-99	20152	-99	284	313	-99	-99	-99	-99
11	5588	0.027	22252	323	-99	17362	-99	285	314	-99	-99	-99	-99
12	6271	0.027	23084	304	-99	14005	-99	285	314	-99	-99	-99	-99

คำอธิบายตัวแปรเฉพาะที่เป็นตัวหนาซึ่งบันทึกจากการทดลอง :

@TRNO ทริตเมนต์ที่ 1-12 ในที่นี้หมายถึงวันปักดำแรก 20 มิถุนายน 2540 ถึงวันปักดำสุดท้ายครั้งที่ 12 คือ 24 พฤษภาคม 2541 ปลูกห่างกันประมาณ 1 เดือน

HWAM MAT YIELD kg/ha	ผลผลิตเมื่อสุกแก่(kg dm/ha)
HWUM WEIGHT mg/unit	น้ำหนักเมล็ดเมื่อสุกแก่ (mg dm/unit)
H#AM NUMBER #/m <sup>2</sup>	จำนวนเมล็ดเมื่อสุกแก่ (no/m <sup>2</sup> )
H#UM NUMBER #/unit	จำนวนรวงเมื่อสุกแก่ (no/unit)
LAIX LAI MAXIMUM	ดัชนีพื้นที่ใบสูงสุด
CWAM TOPS WT kg/ha	น้ำหนักส่วนเหนือดินเมื่อสุกแก่ (kg dm/ha)
BWAH BYPRODUCT kg/ha	By-product harvest (kg dm/ha)
ADAT ANTHESIS day	วันออกดอก (YrDoy)
MDAT MATURITY day	วันสุกแก่ทางสรีรวิทยา (YrDoy)

### ผลการใช้ GENCALC ประเมินค่าสัมประสิทธิ์

การประเมินหรือคำนวณค่าสัมประสิทธิ์ทำโดยใช้ GENCALC คำนวณหาสัมประสิทธิ์พัฒนาการก่อน แล้วจึงใช้สัมประสิทธิ์พัฒนาการที่ได้ใหม่มาประเมินสัมประสิทธิ์ทางการเจริญเติบโต ดังตารางที่ 6-5

**ตารางที่ 6-5** ค่าสัมประสิทธิ์ทางพันธุกรรมที่ได้จากการคำนวณโดย GENCALC สำหรับข้าวพันธุ์ชาวดอกมะลิ 105 โดยที่ชุดแรกเป็นค่าสัมประสิทธิ์ทางพัฒนาการและชุดที่สองเป็นค่าสัมประสิทธิ์การเจริญเติบโต

ผลการคำนวณค่าสัมประสิทธิ์ทางพัฒนาการ													
@NGENO	EXPMENT	R	RUN	T	ETYPE	P1	P2R	P5	P20	G1	G2	G3	G4
TRO007	CMMC9705	2	1	1	I B0001	480.	1293.	380.	12. 70	75. 00U.	0270U.	7000U1.	000U
TRO007	CMMC9705	2	1	2	I B0001	480.	1080.	400.	12. 70	75. 00U.	0270U.	7000U1.	000U
TRO007	CMMC9705	2	1	3	I B0001	480.	640.	360.	12. 70	75. 00U.	0270U.	7000U1.	000U
TRO007	CMMC9705	2	1	4	I B0001	500.	1200. N	370.	15. 00N	75. 00U.	0270U.	7000U1.	000U
TRO007	CMMC9705	2	1	5	I B0001	430.	400. N	470.	15. 00N	75. 00U.	0270U.	7000U1.	000U
TRO007	CMMC9705	2	1	6	I B0001	430.	400. N	400.	15. 00N	75. 00U.	0270U.	7000U1.	000U
TRO007	CMMC9705	2	1	7	I B0001	597.	1200. N	350.	15. 00N	75. 00U.	0270U.	7000U1.	000U
TRO007	CMMC9705	2	1	8	I B0001	681.	1200. N	380.	15. 00N	75. 00U.	0270U.	7000U1.	000U
TRO007	CMMC9705	2	1	9	I B0001	480.	348.	380.	12. 70	75. 00U.	0270U.	7000U1.	000U
TRO007	CMMC9705	2	1	10	I B0001	480.	2312.	380.	12. 70	75. 00U.	0270U.	7000U1.	000U
TRO007	CMMC9705	2	1	11	I B0001	480.	1747.	380.	12. 70	75. 00U.	0270U.	7000U1.	000U
TRO007	CMMC9705	2	1	12	I B0001	480.	1414.	380.	12. 70	75. 00U.	0270U.	7000U1.	000U

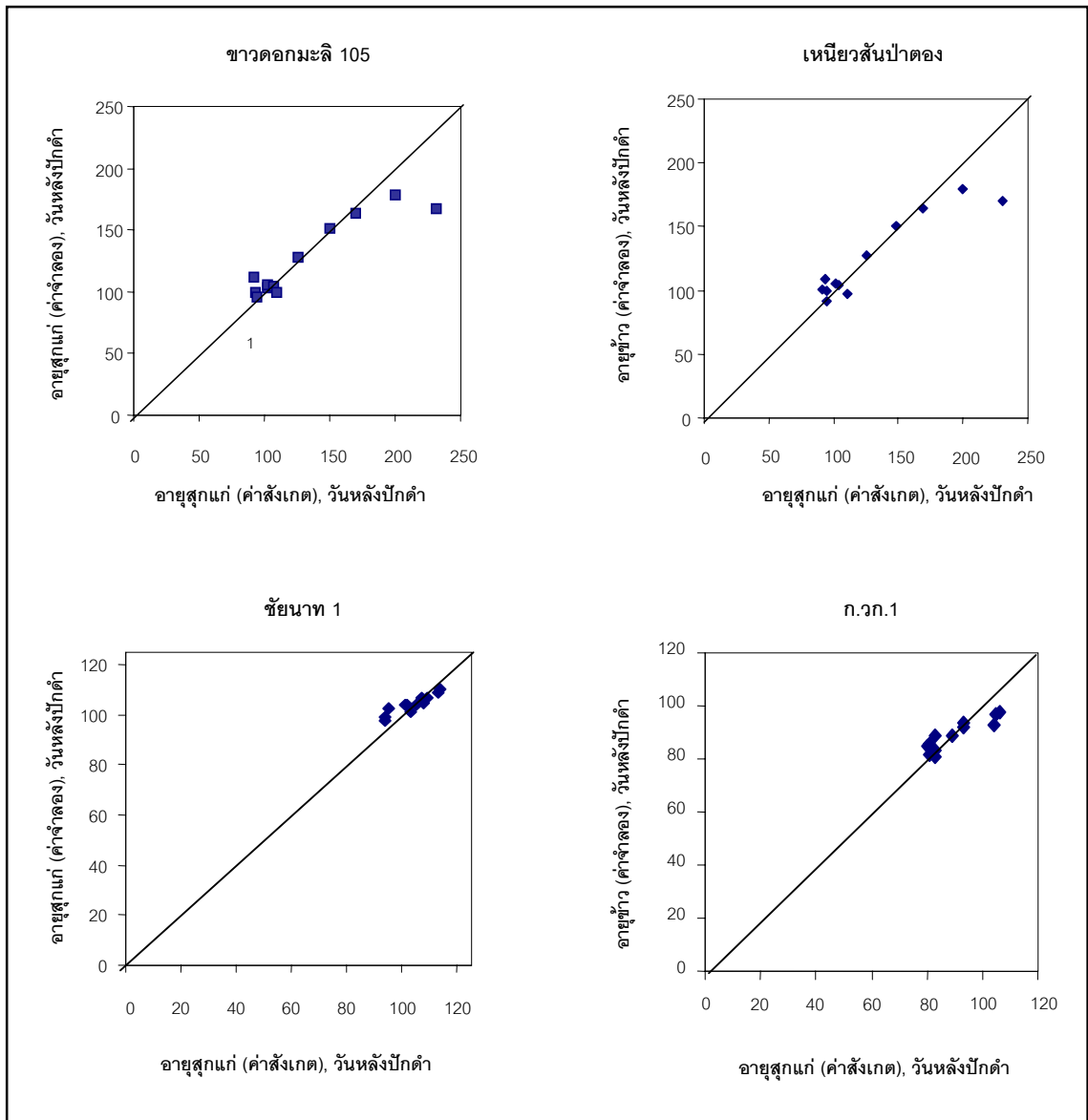
ผลการคำนวณค่าสัมประสิทธิ์การเจริญเติบโตจากค่าพัฒนาการข้างต้น													
TRO007	CMMC9705	3	2	1	I B0001	502. U	800. U	387. U	12. 70U	35. 20	. 0270	. 7000D1.	000
TRO007	CMMC9705	3	2	2	I B0001	502. U	800. U	387. U	12. 70U	48. 69	. 0270	. 7000D1.	000
TRO007	CMMC9705	3	2	3	I B0001	502. U	800. U	387. U	12. 70U	75. 00	. 0270	. 7000D1.	000
TRO007	CMMC9705	3	2	4	I B0001	502. U	800. U	387. U	12. 70U	200. M	. 0270	. 7000D.	9307R
TRO007	CMMC9705	3	2	5	I B0001	502. U	800. U	387. U	12. 70U	14. 65	. 0245	. 7000D1.	000
TRO007	CMMC9705	3	2	6	I B0001	502. U	800. U	387. U	12. 70U	14. 65	. 0245	. 7000D1.	000
TRO007	CMMC9705	3	2	7	I B0001	502. U	800. U	387. U	12. 70U	37. 97	. 0270	. 7000D1.	000
TRO007	CMMC9705	3	2	8	I B0001	502. U	800. U	387. U	12. 70U	37. 42	. 0270	. 7000D1.	000
TRO007	CMMC9705	3	2	9	I B0001	502. U	800. U	387. U	12. 70U	28. 66	. 0238	. 7000D.	6208
TRO007	CMMC9705	3	2	10	I B0001	502. U	800. U	387. U	12. 70U	52. 48R	. 0270	. 7000D.	8357N
TRO007	CMMC9705	3	2	11	I B0001	502. U	800. U	387. U	12. 70U	55. 00	. 0270	. 7000D1.	000
TRO007	CMMC9705	3	2	12	I B0001	502. U	800. U	387. U	12. 70U	75. 00	. 0270	. 7000D1.	000

**คำอธิบายคำย่อที่ใช้**

- @NGENO คือโค๊ดของพันธุ์ TRO007 ในที่นี้คือชาวดอกมะลิ 105
- EXPMENT เป็นไฟล์การทดลองหรือ FILEX
- R คือลำดับการคำนวณค่าสัมประสิทธิ์ หมายถึงข้อมูลนี้ได้จากการคำนวณครั้งที่ 2 และ 3
- ETYPE เป็น ecotype (ยังไม่มีมีการใช้)
- P1, P2R, P5 ถึง G4 คือค่าสัมประสิทธิ์ทางพันธุกรรมตามนิยามข้างต้น
- T เป็นทริตเมนต์ หมายถึงวันปลูกที่ 1-12 คือ 20 มี.ย. 40, 20 ก.ค. 40, 20 ส.ค. 40, 24 ก.พ. 41

**ตัวย่อหลังตัวเลขสัมประสิทธิ์แต่ละสัมประสิทธิ์ในแต่ละทริตเมนต์**

- D ไม่มีข้อมูลเปรียบเทียบ
- M ค่าสูงสุดหรือต่ำสุด
- N ไม่มีการตอบสนองต่อการเปลี่ยนแปลงค่าสัมประสิทธิ์
- R ทำการ run จนถึงจำนวนการ run สูงสุด
- U สัมประสิทธิ์ไม่ได้คำนวณ



**รูปที่ 6-2** เปรียบเทียบอายุสุกแก่ของข้าว (จำนวนวันหลังปักดำ) ระหว่างค่าสังเกตกับค่าจำลองของข้าว 4 พันธุ์, 12 วันปลูก ศูนย์วิจัยเพื่อเพิ่มผลผลิตทางเกษตร มหาวิทยาลัยเชียงใหม่, 2540-41

**ผลการทดสอบค่าสัมประสิทธิ์ทางพันธุกรรมที่ได้จาก GENCALC กับงานทดลอง 12 วันปลูก และการกำหนดเงื่อนไขการใช้สัมประสิทธิ์ที่เหมาะสม**

เมื่อทดสอบการใช้ค่าสัมประสิทธิ์ทางพันธุกรรมที่ได้จากการประเมินทั้ง 12 วันปลูกในการจำลองการเจริญเติบโตของข้าวทั้ง 4 พันธุ์ทั้ง 12 วันปลูก ด้วยแบบจำลอง RICER980 แล้วพบว่าแบบจำลองประเมินวันสุกแก่ได้ใกล้เคียงกับค่าสังเกตในข้าวไม่วางแสงทุกพันธุ์ (ชัยนาท 1 และ ก.ว.ก.1) แต่สำหรับข้าวที่วางแสง (ขาวดอกมะลิ 105 และเหนียวสันป่าตอง) แบบจำลองประเมินวันสุกแก่ช้ามากเกินไปสำหรับข้าวที่ปักดำปลายเดือนกุมภาพันธ์ (23 วัน) และเร็วเกินไปสำหรับที่ปักดำไปปลายเดือนมีนาคมและปลายเดือนเมษายน (62 วัน และ 22 วัน ตามลำดับ) ดังแสดงในรูปที่ 6-2 จึงทำให้ต้องกลับไปศึกษาทบทวนความแตกต่างของชุดสัมประสิทธิ์ระหว่างทรีตเมนต์ก่อนที่จะเฉลี่ยจากตารางที่ 6-5



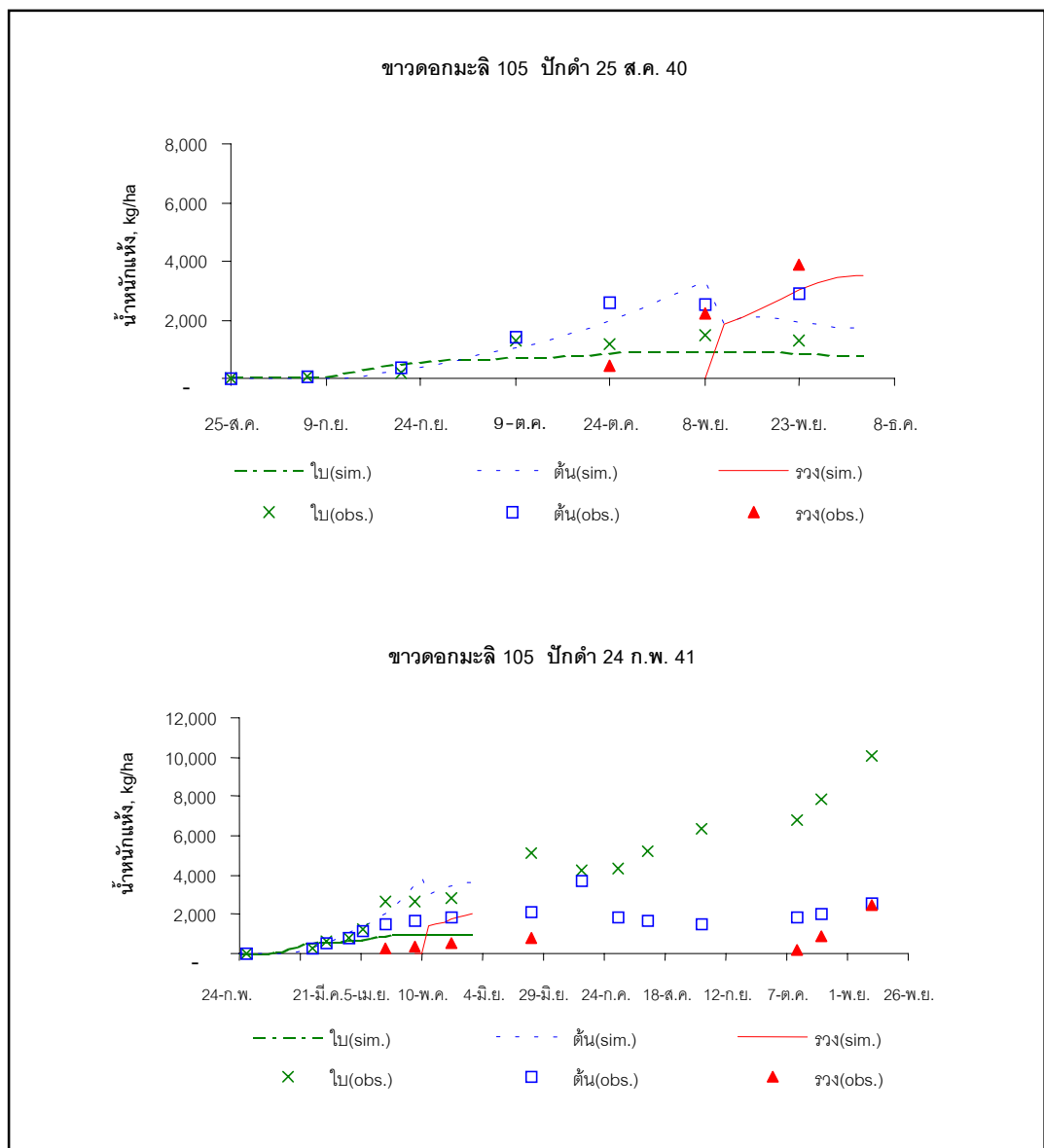
พบว่าค่าสัมประสิทธิ์ P2R ที่แสดงถึงความไวต่อช่วงแสงนั้นมีความแปรปรวนระหว่างทรีตเมนต์มากที่สุด โดยสามารถแบ่งออกเป็นสองกลุ่มด้วยกันคือกลุ่มที่แสดงการตอบสนองต่อช่วงแสงและที่ไม่ตอบสนองต่อช่วงแสงคือที่ติดค่า N แต่กลุ่มที่ตอบสนองต่อช่วงแสงมีค่า P2R ต่างกันมากตั้งแต่ 1000 ถึง 2600 ซึ่งถ้านำมาเฉลี่ยแล้วจะทำให้การนำค่าที่ได้นี้ไปใช้ในการทำนายสูงเกินไป ดังนั้นจึงต้องแบ่งเป็นอีกสองกลุ่มคือกลุ่ม T1-8 และ T12 (ปักดำปลาย พฤษภาคมถึงปลายกันยายน) ที่มีค่า P2R อยู่ระหว่าง 1000-1500 และรวมที่ไม่ตอบสนองต่อช่วงแสง และที่มากกว่า 1800 สำหรับ T10-11 คือที่มีปลูกต้นฤดูมาก ๆ การเจริญทางต้นและใบมากกว่าจะออกดอก

ส่วนข้าวขาวดอกมะลิ T9 ที่ปักดำครั้งที่ 9 หรือในวันที่ 24 กุมภาพันธ์ 2541 และการจำลองให้ค่าวันออกดอกช้ากว่าค่าที่สังเกตจริง 23 วัน มีค่า P2R ต่ำกว่าทรีตเมนต์อื่น แต่ต้องแยกเป็นกรณีพิเศษ (ตารางที่ 6-7) เพราะพบว่าในการปลูกจริงนั้นมีการออกดอกเป็นสองช่วงแยกกันชัดเจนนานกว่า 6 เดือน กล่าวคือมีการออกดอกโดยต้นแม่ครั้งแรกในเดือนเมษายน และอีกครั้งโดยหน่อลูกรุ่นที่เกิดทีหลังในเดือนตุลาคม ซึ่งแบบจำลองไม่สามารถจำลองสภาพนี้ได้จากการสังเกตพบว่าหน่อรุ่นลูกและต้นแม่จะอยู่ในระยะกำเนิดช่อดอก (PI) วันที่ 20-22 มีนาคม และออกดอกครั้งแรกเฉพาะต้นแม่ในวันที่ 24 เมษายน เนื่องจากเป็นระยะที่ต้นแม่มีอายุการเจริญทางต้นและใบพื้นฐานพอเพียงประกอบกับเป็นวันที่ความยาวของวันหรือช่วงแสงยังสั้นกว่าช่วงวิกฤติของความยาววัน (critical day length) ของข้าวขาวดอกมะลิ 105 ซึ่งมีค่าประมาณ 12 ชั่วโมง (อานันท์ และคณะ, 2539) เมื่อถึงวันที่ 21 มีนาคม (equinox) และหลังจากวันนั้นความยาววันจะมากขึ้นจนเกินระยะช่วงวิกฤติของความยาววัน มีผลทำให้หน่อที่เกิดทีหลังเป็นส่วนใหญ่อายุยังอ่อนเกินไปที่จะกำเนิดช่อดอกได้ทันวันที่ 21 มีนาคม ทำให้ไม่สามารถกำเนิดช่อดอกได้ ซึ่งหน่อรุ่นหลังนี้จะเจริญทางต้นและใบต่อไปจนถึงประมาณวันที่ 21 เดือนกันยายนซึ่งเป็นวันที่ความยาววันลดต่ำกว่า 12 ชั่วโมงอีกครั้ง ทำให้ข้าวขาวดอกมะลิ 105 หรือเหนียวสันป่าตองสามารถกำเนิดช่อดอกได้พร้อมๆ กับที่ปลูกในวันถัดไป ดังนั้นจึงพบว่าแบบจำลองไม่สามารถจำลองพัฒนาการของข้าวทั้งพันธุ์ขาวดอกมะลิ 105 และเหนียวสันป่าตองได้อย่างสภาพที่พบในแปลงทดลองดังกล่าวข้างต้นได้เลย จากการใช้ค่าสัมประสิทธิ์ทางพันธุกรรมชุดที่ประเมินได้พบว่าแบบจำลองสามารถจำลองการสะสมน้ำหนักรากแห้งได้เพียงช่วงแรกของการเจริญเติบโตเพียงช่วงเดียว แต่สภาพความเป็นจริงของพืชนั้น การสะสมน้ำหนักรากแห้งของส่วนต้น ใบ และรวงของต้นแม่มีการสะสมที่ยาวนานกว่าดังแสดงในรูปที่ 6-3

สำหรับค่า P1 ระยะ basic vegetative ในความเป็นจริงนั้นควรจะใกล้เคียงกันตามทฤษฎีอุณหภูมิมิสะสม แต่ผลจากการทดสอบด้วยโปรแกรม GENCALC ในตารางที่ 6-5 สังเกตได้ว่าค่า P1 ของข้าวที่ปลูกฤดูหนาว (T7 และ T8 หรือปลายธันวาคมและปลายมกราคม) จะมากกว่าช่วงอื่นๆ ทั้งนี้อาจเนื่องจากข้าวขาวดอกมะลิ 105 มีความอ่อนไหวอย่างมากต่ออุณหภูมิต่ำ ทำให้เกิดชะงักการเจริญเติบโต จึงต้องการเวลาที่เป็นอุณหภูมิมิสะสมที่นานมากขึ้น ไม่สัมพันธ์เป็น linear relationship แบบทฤษฎี

ดังนั้นในการหาสัมประสิทธิ์พันธุกรรมทางสำหรับข้าวดอกมะลิ 105 หรือข้าวเหนียวสันป่าตอง จึงเลือกที่จะเฉลี่ยเฉพาะทรีตเมนต์ที่ 1, 2, 3, 4, 5, 6 และ 12 สำหรับการหาสัมประสิทธิ์พัฒนาการและการเจริญเติบโตในช่วงฤดูกาลนาปีที่มีการปลูกข้าวพันธุ์นี้อย่างแพร่หลาย

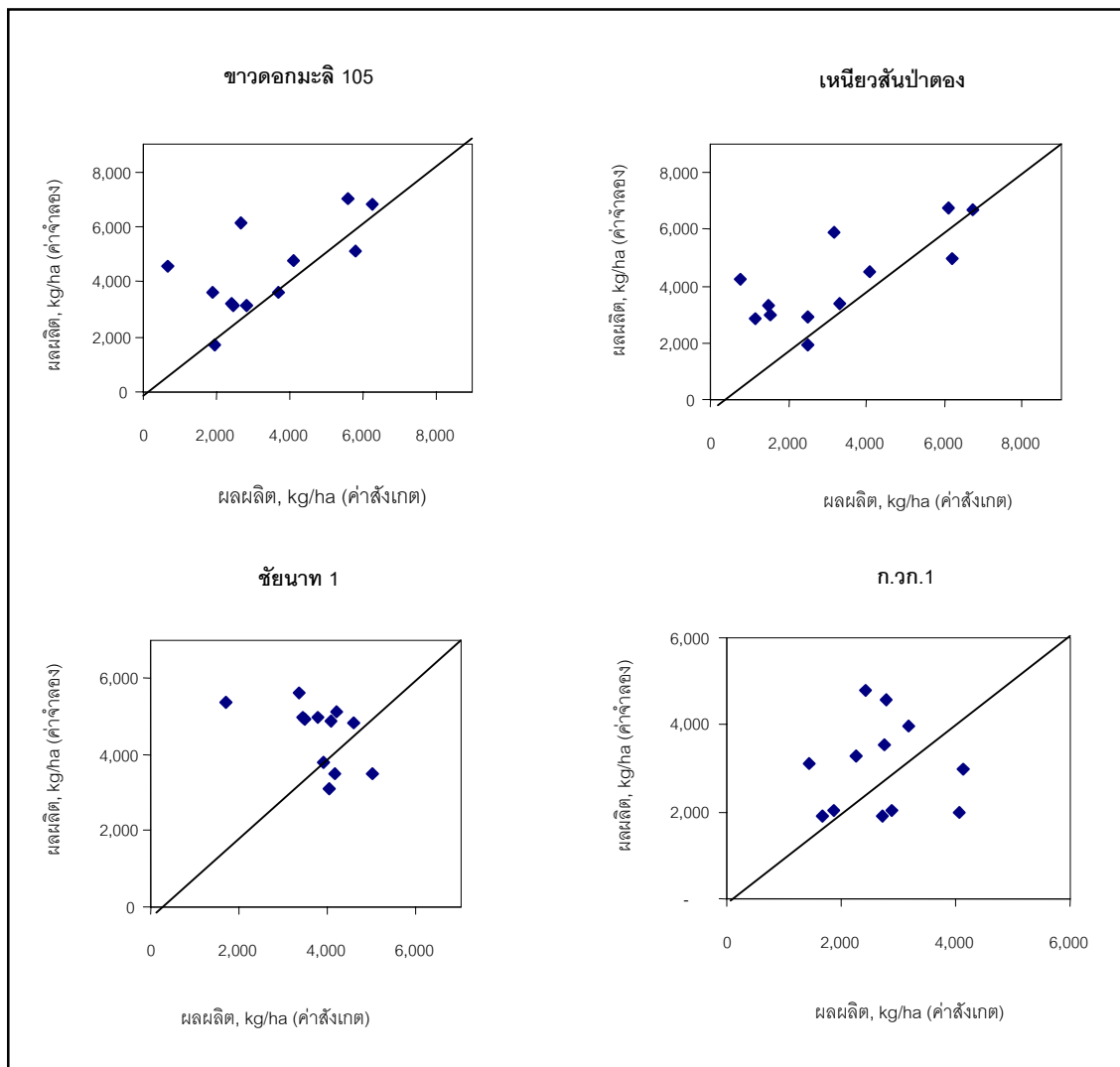
ส่วนการหาสัมประสิทธิ์การเจริญเติบโตของข้าวข้าวดอกมะลิ 105 และเหนียวสันป่าตอง พบว่า T5 และ T6 ในการทดลองปลูกจริงให้ผลผลิตที่ต่ำมาก และให้ค่า G1 และ G2 ที่ต่ำกว่าทรีตเมนต์อื่นๆ แสดงว่าข้าวหน้าจะถูกจำกัดการเจริญเติบโตอย่างมากโดยอุณหภูมิที่ต่ำในช่วงออกดอกและสะสมน้ำหนักเมล็ด ดังนั้นในการหาสัมประสิทธิ์การเจริญเติบโตจึงตัดสองวันปลูกนี้ออกไปจากการเฉลี่ย



**รูปที่ 6-3** เปรียบเทียบการเจริญเติบโตของข้าวระหว่างค่าสังเกตกับค่าจำลองของข้าวข้าวดอกมะลิ 105 ที่ปีถัดมาเมื่อวันที่ 25 ส.ค. 40 กับวันที่ 24 ก.พ. 41

จากผลการทดลองอาจสรุปได้ว่าในกรณีของข้าวพันธุ์ขาวดอกมะลิ 105 และเหนียวสันป่าตอง ควรที่จะต้องแบ่งชุดค่าสัมประสิทธิ์ทางพันธุกรรมออกเป็น 3 ชุด โดยชุดแรกเป็นค่าสัมประสิทธิ์ทางพันธุกรรมของวันปลูกเดือนกุมภาพันธ์ ชุดที่สองเป็นค่าสัมประสิทธิ์ทางพันธุกรรมของวันปลูกเดือนมีนาคมและเมษายน และชุดที่สามเป็นค่าสัมประสิทธิ์ทางพันธุกรรมของวันปลูกของเดือนอื่นๆ ในรอบปี

สำหรับผลผลิตนั้นควรที่จะเลือกเฉลี่ยตามสัมประสิทธิ์ทางพัฒนาการและตัดทริตเมนต์ 5 และ 6 ออก พบว่าแบบจำลองประเมินค่าผลผลิตสูงกว่าค่าสังเกตสำหรับวันปลูกส่วนใหญ่ (รูปที่ 6-4)



รูปที่ 6-4 เปรียบเทียบการเจริญเติบโตระหว่างค่าผลผลิตกับค่าจำลองของข้าวพันธุ์ขาวดอกมะลิ 105 ที่ปักดำเมื่อวันที่ 24 ก.พ. 41 ศูนย์วิจัยเพื่อเพิ่มผลผลิตทางเกษตร มหาวิทยาลัยเชียงใหม่

โดยหลักการแล้วในการหาค่าสัมประสิทธิ์ทางการเจริญเติบโตควรจะต้องตัดทริตเมนต์ที่มีค่าสังเกตของผลผลิตที่ต่ำเกินไปอันเนื่องมาจากปัจจัยอื่นที่แบบจำลองไม่ครอบคลุมถึง เช่น มีการทำลายของโรค แมลง หรือการหักล้ม

นอกจากนี้ยังพบว่าแบบจำลองไม่สามารถจำลองสภาพการเกิดตรงที่ไม่พร้อมกันหรือห่างกันหลาย ๆ วัน เช่น การปลูกในอุณหภูมิต่ำ หรือการปลูกในสภาพวันสั้นมาก ๆ เนื่องจากแบบจำลองใช้สมมติฐานว่าข้าวต้นเดียวกันจะออกดอกวันเดียวกัน

สำหรับการหาค่าสัมประสิทธิ์ทางพันธุกรรมของข้าวพันธุ์สุพรรณบุรี 60 ที่ไม่ได้ระบุในงานทดลอง 12 วันปลูกนั้น สามารถหาได้โดยประมาณค่าสัมประสิทธิ์ตั้งต้นจาก กข7 ที่มีอายุใกล้เคียงแล้วใช้ GENCALC ทำการประเมินค่าสัมประสิทธิ์โดยเปรียบเทียบกับงานทดลองเพื่อการทดสอบแบบจำลองที่เปรียบเทียบวิธีการหว่านน้ำตมหลายอัตราปลูกกับวิธีปักดำ ซึ่งทำในปี 2541 และ 2542 ที่มหาวิทยาลัยเชียงใหม่และศูนย์วิจัยข้าวพิษณุโลก โดยรายละเอียดการทดลองจะแสดงในส่วนที่ว่าด้วยการทดสอบความถูกต้องใช้ได้ของแบบจำลองในบทต่อไป

**ตารางที่ 6-6** ค่าสัมประสิทธิ์ทางพันธุกรรมที่ประเมินได้ของข้าวที่ศึกษาถูกบรรจุไว้ในไฟล์ RICER980.CUL

@VAR#	VRNAME. . . . .	ECO#	P1	P2R	P5	P20	G1	G2	G3	G4
IB0001	IR 8	IB0001	880.0	52.0	550.0	12.1	65.0	.0280	1.00	1.00
TRO001	KDML105	IB0001	502.11233	0.386	5.12.7	45.7	.0270	0.35	0.95	
TRO002	KDML-9	IB0001	502.0	159.0	364.0	12.7	28.5	.0238	0.35	1.00
TRO003	KDML105-EARLYPLT	IB0001	480.02100	0.385	0.12.7	86.0	.0270	0.35	1.00	
TRO004	NIEW SANPATONG	IB0001	495.81283	4.364	2.12.7	40.7	.0277	0.30	0.85	
TRO005	NSPT-9	IB0001	495.0	159.0	364.0	12.7	21.2	.0277	0.30	0.85
TRO006	NSPT-EARLYPLT	IB0001	495.02100	0.389	0.12.7	32.2	.0277	0.30	0.85	
TRO007	CHAINAT 1	IB0001	570.0	122.8	334.8	11.9	63.1	.0278	0.45	1.00
TRO008	DOA 1	IB0001	388.5	20.00	381.8	12.0	73.8	.0275	0.60	1.15
TRO009	SUPANBURI 60	IB0001	540.0	154.7	497.0	11.9	77.7	.0280	0.28	1.03

**หมายเหตุ**

- KDML105 และ NIEW SANPATONG หมายถึงข้าวดอกมะลิ 105 และเหนียวสันป่าตองที่ปักดำเดือนพฤษภาคมถึงเดือนมกราคม
- SUPANBURI60, CHAINAT1, DOA1 หมายถึงสุพรรณบุรี 60, ชัยนาท 1, ก.วก.1
- KDML105-EARLYPLR, NSPT-EARLYPLT หมายถึงข้าวดอกมะลิ 105 และเหนียวสันป่าตองที่ปลูกในเดือนมีนาคมและเมษายน
- KDML-9 และ NSPT-9 หมายถึงข้าวดอกมะลิ 105 และเหนียวสันป่าตองที่ปลูกในเดือนกุมภาพันธ์

## ปัญหาการประเมินสัมประสิทธิ์ทางพันธุกรรมที่เกี่ยวข้องกับการทำงานของแบบจำลอง CERES-Rice เวอร์ชันต่าง ๆ

การหาสัมประสิทธิ์ที่เหมาะสมด้วย GENCALC อาจไม่สามารถแก้ไขได้ด้วยวิธีการออกแบบการทดลองหรือเลือกทรีตเมนต์ใหม่ เพราะปัญหาของความคลาดเคลื่อนที่เกิดขึ้นอาจจะมาจากเงื่อนไขหรือกลไกการคำนวณของแบบจำลองเอง ซึ่งต้องปรับแก้ที่ตัวแบบจำลองหรือกำหนดเงื่อนไขในการใช้ให้สอดคล้องกับความเป็นจริง ตัวอย่างเช่น ในการทำนายพัฒนาการโดยเฉพาะเรื่องวันออกดอกของข้าวที่ไวต่อช่วงแสงอย่างมากเช่นข้าวดอกมะลิ 105 นั้น และความอ่อนไหวต่ออุณหภูมิต่ำ ทำให้เห็นว่าไม่สามารถหาค่าสัมประสิทธิ์ชุดเดียวกันสำหรับข้าวพันธุ์เดียวกันที่ปลูกในสภาพแวดล้อมต่างกันได้อย่างที่ควรจะเป็น ทั้งนี้เนื่องมาจากแบบจำลองยังมีข้อจำกัด เช่น การที่ไม่ไวต่ออุณหภูมิสูงหรือต่ำ หรือฟังก์ชันการคำนวณการตอบสนองต่อช่วงแสงไม่ครอบคลุมข้าวที่ตอบสนองต่อช่วงแสงอย่างมาก

สำหรับปัญหาค่าสัมประสิทธิ์ G3 นั้น เมื่อใช้แบบจำลอง RICER940 และ RICER980 จะไม่สามารถปรับค่า G3 นี้ด้วย GENCALC เพราะโปรแกรมไม่สามารถดึงข้อมูลจำนวนรวงต่อตารางเมตรที่เป็นค่าสังเกตมาเปรียบเทียบกับค่าจากการจำลองใน OVERVIEW.OUT ได้ ซึ่งเป็นความคลาดเคลื่อนของระบบ input/output ระหว่างโปรแกรมแบบจำลองกับ FILEA และปัญหาที่สำคัญคือค่าสัมประสิทธิ์พันธุกรรม G3 ใน RICER940 ใน DSSAT 3.0 และ RICER980 (266 KB , modified date: 15 Nov 1998) ที่พัฒนาโดย Singha et al. (1998) ที่อยู่ใน DSSAT3.5 ไม่สามารถปรับเปลี่ยนให้ G3 อยู่ในระดับต่ำมากๆ ( $<0.7$ ) เพื่อที่จะให้อัตราการแตกกอใกล้เคียงกับค่าที่วัดจริง เนื่องจากค่า G3 ที่ต่ำลงนั้น มีผลทำให้ได้ผลผลิตที่เพิ่มขึ้นจนคลาดเคลื่อนมากเกินไป แต่แบบจำลอง RICER980 (modified) (267 KB, modified date 30 June 1999) นั้นได้แก้ไขปัญหาดังกล่าวที่เกี่ยวกับเรื่อง input/output และการคำนวณการแตกกอ โดยสามารถปรับค่าสัมประสิทธิ์ G3 ให้มีค่าต่ำๆ ได้ และให้ค่าการแตกกอหรือความหนาแน่นของรวงที่ใกล้เคียงกับค่าจริง รวมทั้งไม่ทำให้การคำนวณผลผลิตคลาดเคลื่อนมากเกินไป

เนื่องจากในการศึกษาวิจัยนี้เริ่มต้นด้วยการใช้แบบจำลองการเจริญเติบโตของข้าว CERES-Rice ใน version RICER940 ที่บรรจุใน DSSAT3.0 ในการรายงานความก้าวหน้าของโครงการตั้งแต่ฉบับที่ 1 ถึง 4 แต่เนื่องจากในขณะดำเนินงานโครงการได้มีการปรับปรุงแบบจำลองเป็น RICER980 ที่บรรจุใน DSSAT3.5 ซึ่งออกมาเมื่อ 11 พฤศจิกายน 2541 และหลังจากนั้นยังได้มีการปรับปรุงแก้ไข RICER980 ที่ได้ทำการปรับปรุงครั้งล่าสุดเมื่อวันที่ 30 กรกฎาคม 2542 ในที่นี้เรียกว่าเป็น RICER980 modified เป็นเวอร์ชันที่นำมาศึกษาในครั้งนี้

เมื่อทดสอบเบื้องต้นถึงการจำลองการเจริญเติบโตของข้าวทั้งสามเวอร์ชันของแบบจำลอง CERES-Rice โดยใช้ข้อมูลจากการศึกษาภาคสนามและโดยการเปรียบเทียบผลลัพธ์ของแบบจำลองเวอร์ชันต่างๆ ทำให้ได้ข้อสังเกตบางอย่างดังต่อไปนี้

1. แบบจำลอง RICER980 หรือ RICER980 modifeid ที่อยู่ใน DSSAT3.5 มีการปรับปรุงระบบรายละเอียดการนำเข้าและแสดงผลลัพธ์ของการจำลองบางอย่างที่แตกต่างจาก RICER940 ใน DSSAT3.0 แต่สามารถนำมาใช้แทนกันได้ในระบบ DSSAT3.5 ด้วย FILEX และ FILEA เดียวกัน
2. RICER980 modified ที่จัดทำขึ้นเพื่อแก้ไขการที่ไม่สามารถปรับค่าสัมประสิทธิ์ทางพันธุกรรมที่เกี่ยวข้องกับการแตกกอ (G3) ให้อยู่ในระดับต่ำๆ ได้โดยไม่ทำให้ผลผลิตคลาดเคลื่อนมากเกินไป จากการเปรียบเทียบการจำลองค่าผลผลิตและการแตกกอในรูปของจำนวนรวงต่อตารางเมตรของทั้งสามแบบจำลองโดยปรับค่า G3 ตั้งแต่ 0.1–1.2 ในตารางที่ 6–7 แสดงให้เห็นว่าการปรับค่า G3 ลดลงจาก 1.0 เพื่อให้การแตกกอใกล้เคียงกับค่าจริงที่วัดได้จากแปลงทดลองของ RICER940 จะทำให้ผลผลิตสูงขึ้นในทำนองเดียวกับแบบจำลอง RICER980 เนื่องจากค่าสัมประสิทธิ์ G3 ไม่เพียงจะกำหนดศักยภาพของการแตกกอของแต่ละพันธุ์ในสมการคำนวณจำนวนกอกสูงสุดแล้วยังเป็นสัมประสิทธิ์ในสมการคำนวณผลผลิตต่อต้นอีกด้วย (ศึกษาจาก source code ที่เป็นภาษาฟอร์แทรน RICER940) ซึ่งแบบจำลอง RICER980 modified ได้ปรับปรุงขึ้นเพื่อให้สามารถปรับค่า G3 ลดลง เป็นผลให้การแตกกอลดลงใกล้เคียงกับค่าจริง โดยที่ไม่มีผลต่อการเปลี่ยนแปลงของค่าผลผลิตมากเกินไปเหมือนในเวอร์ชันเดิม
3. แบบจำลอง RICER980 และ RICER980 modified จะคำนวณค่าไนโตรเจนจากดินและการให้น้ำชลประทานแบบอัตโนมัติที่ต่างกับ RICER940 ค่าไนโตรเจนในดินเมื่อเริ่มทำการจำลองที่คำนวณจากข้อมูล soil profile ของชุดดินหนึ่งๆ โดยแบบจำลอง RICER980 จะน้อยกว่าที่ได้จากแบบจำลอง RICER940 ค่อนข้างมาก ตัวอย่างเช่น ชุดดินสันทรายที่สภาพแวดล้อมเดียวกัน แบบจำลอง RICER940 คำนวณค่า total Nitrogen ตั้งต้นได้ในอัตรา 6.5 กิโลกรัมต่อเฮกตาร์ และแอมโมเนียม 2.9 กิโลกรัมต่อเฮกตาร์ ในขณะที่ RICER980 คำนวณได้ 1.9 และ 2.1 กิโลกรัมต่อเฮกตาร์ ตามลำดับ ซึ่งน่าจะเป็นสาเหตุหนึ่งที่ทำให้ค่าผลผลิตจากการจำลองของ RICER980 ต่ำกว่าที่ได้จาก RICER940 ในกรณีมีการให้ปุ๋ยไนโตรเจนระดับต่ำ (แต่จากการเปรียบเทียบกับผลการจำลองไนโตรเจนระดับต่างๆ พบว่า RICER980 มีการตอบสนองต่อระดับปุ๋ยไนโตรเจนมากกว่า RICER940 โดยเฉพาะที่ระดับปุ๋ยสูงๆ ที่ค่า G3 เดียวกัน)

จากข้อสังเกตดังกล่าวนี้ สรุปได้ว่าแบบจำลอง RICER980 modified สามารถปรับค่า G3 ให้อยู่ในระดับต่ำสามารถให้การจำลองได้ทั้งค่าผลผลิตและการแตกกอ ในขณะที่ RICER940 หรือ RICER980 ที่แม้จะไม่สามารถปรับให้มีจำลองการแตกกอได้ใกล้เคียงแต่สามารถใช้ในการทำนายการเจริญเติบโตและผลผลิตของข้าวได้เช่นกัน

**ตารางที่ 6-7** เปรียบเทียบผลผลิตและจำนวนรวงต่อตารางเมตรของข้าวขาวดอกมะลิ 105 ที่จำลองด้วย CERES-Rice เวอร์ชันต่างๆ ด้วยค่าประสิทธิภาพทางพันธุกรรม G3 ตั้งแต่ 0.1-1.2

G3	RICER940		RICER980 original		RICER980modified	
	ผลผลิต (kg/ha)	รวงต่อตารางเมตร	ผลผลิต (kg/ha)	รวงต่อตารางเมตร	ผลผลิต (kg/ha)	รวงต่อตารางเมตร
0.1	11,987	271	9628	283	5819	264
0.2	8843	398	7277	423	5982	384
0.3	7730	526	6512	561	5938	505
0.4	6974	657	5729	702	5897	625
0.5	6323	791	5221	841	5545	745
0.6	5936	921	4853	915	5220	865
0.7	5695	882	4630	833	4998	882
0.8	5517	834	4487	777	4831	826
0.9	5375	810	4376	742	4700	792
1.0	5239	816	4304	730	4711	786

## สรุป

การประเมินค่าสัมประสิทธิ์ของแบบจำลองข้าวให้ถูกต้องและสามารถนำไปใช้ได้นั้นต้องมีการเตรียมไฟล์องค์ประกอบที่สำคัญคือ ไฟล์ควบคุมการทดลอง (FILEX) และไฟล์ผลการทดลอง (FILEA) ในการกำหนดค่าตั้งต้นของสัมประสิทธิ์พันธุกรรมในไฟล์สัมประสิทธิ์ทางพันธุกรรม ต้องมีการพิจารณาปรับค่าในไฟล์ข้อบังคับ GCRULE.CTR สำหรับค่าที่วัดได้จากการทดสอบปลูกข้าวจริงที่จะนำมาเปรียบเทียบกับค่าจำลองนั้นอาจเลือกจากการทดลองที่มีอยู่แล้วหรือจะทำการออกแบบงานทดลองใหม่ก็ได้ แต่ต้องมีการคัดเลือกทริตเมนต์ที่เหมาะสมในการหาสัมประสิทธิ์สำหรับแต่ละทริตเมนต์ ซึ่งต้องพิจารณาสภาพเงื่อนไขและข้อมูลที่ได้จากการทดลองจริงประกอบด้วย ทั้งนี้เพื่อให้ได้ค่าเฉลี่ยสัมประสิทธิ์ที่เป็นตัวแทนที่ดีของพันธุ์นั้นๆ สำหรับใช้เป็นตัวแปรนำเข้าในการจำลองต่อไป หรือถ้าจำเป็นอาจต้องปรับแก้ไขตัวแบบจำลองเพื่อให้สามารถจำลองการเจริญเติบโตของข้าวได้ถูกต้องตามความเป็นจริงและในสภาพที่หลากหลายมากขึ้น

จากผลการประเมินหาค่าสัมประสิทธิ์และการทดสอบกลับกับข้อมูลจริงของแบบจำลองการเจริญเติบโตของข้าว CERES-Rice ด้วยค่าสัมประสิทธิ์ทางพันธุกรรมที่ประเมินได้ สรุปได้ว่าแบบจำลองมีความสามารถที่จะจำลองการเจริญเติบโต การพัฒนาการ และการให้ผลผลิตของข้าวได้ผลดีในระดับที่น่าพอใจระดับหนึ่ง อย่างไรก็ตามการที่จะนำแบบจำลอง CERES-Rice มาใช้งานไม่ว่าจะเป็นเครื่องมือในการประกอบการตัดสินใจการผลิตข้าว การประเมินผลผลิตข้าว หรือการหากลยุทธ์การจัดการ หรือการเปลี่ยนพันธุ์ ฯลฯ จะต้องคำนึงถึงความถูกต้องของข้อมูลนำเข้า และต้องมีความเข้าใจในข้อจำกัดของแบบจำลองและเงื่อนไขของการใช้ชุดสัมประสิทธิ์นั้นๆ ด้วย

## เอกสารอ้างอิง

จิรวัดณ์ เวชแพศย์ และ ศักดิ์ดีดา จงแก้ววัฒนา. 2542. คู่มือการหาค่าสัมประสิทธิ์พันธุกรรมพืชด้วยโปรแกรม GENCALC ภายใต้ DSSAT กรณีตัวอย่างการหาค่าสัมประสิทธิ์พันธุกรรมข้าวขาวดอกมะลิ 105. หน้า 98-120. ใน เมธี เอกะสิงห์ และคณะ. รายงานความก้าวหน้าฉบับที่ 5. โครงการวิจัยระบบสนับสนุนการตัดสินใจการผลิตพืช : ข้าวในภาคเหนือ. ศูนย์วิจัยเพื่อเพิ่มผลผลิตทางเกษตร คณะเกษตรศาสตร์ มหาวิทยาลัยเชียงใหม่.

ศักดิ์ดีดา จงแก้ววัฒนา และ จิรวัดณ์ เวชแพศย์. 2541. ผลของวันปลูกที่มีต่อพัฒนาการของข้าว. หน้า 109-125. ใน เมธี เอกะสิงห์ และคณะ. รายงานความก้าวหน้าฉบับที่ 2. โครงการวิจัยระบบสนับสนุนการตัดสินใจการผลิตพืช : ข้าวในภาคเหนือ. ศูนย์วิจัยเพื่อเพิ่มผลผลิตทางเกษตร คณะเกษตรศาสตร์ มหาวิทยาลัยเชียงใหม่.

ศักดิ์ดีดา จงแก้ววัฒนา, จิรวัดณ์ เวชแพศย์ และ อานันท์ ผลวัฒน์. 2542. การประเมินสัมประสิทธิ์พันธุกรรมข้าวโดยใช้ Genotype Coefficient Calculator (GenCalc). หน้า 84-111. ใน เมธี เอกะสิงห์ และคณะ. รายงานความก้าวหน้าฉบับที่ 4. โครงการวิจัยระบบสนับสนุนการตัดสินใจการผลิตพืช : ข้าวในภาคเหนือ. ศูนย์วิจัยเพื่อเพิ่มผลผลิตทางเกษตร คณะเกษตรศาสตร์ มหาวิทยาลัยเชียงใหม่.

ศักดิ์ดีดา จงแก้ววัฒนา, จิรวัดณ์ เวชแพศย์ และ อานันท์ ผลวัฒน์. 2543. การทดสอบแบบจำลองการเจริญเติบโตของข้าว CERES-Rice ภายใต้การจัดการน้ำและระดับปุ๋ยไนโตรเจนที่ต่างกัน. หน้า 167-189. ใน เมธี เอกะสิงห์ และคณะ (บรรณาธิการ). ระบบสนับสนุนการตัดสินใจการผลิตข้าว รายงานผลการวิจัยฉบับสมบูรณ์ส่วนที่ 1 โครงการวิจัยระบบสนับสนุนการตัดสินใจการผลิตพืช : ข้าวในภาคเหนือ. ศูนย์วิจัยเพื่อเพิ่มผลผลิตทางเกษตร คณะเกษตรศาสตร์ มหาวิทยาลัยเชียงใหม่.

ศักดิ์ดีดา จงแก้ววัฒนา, จิรวัดณ์ เวชแพศย์ และ อานันท์ ผลวัฒน์. 2543. การทดสอบแบบจำลองการเจริญเติบโตของข้าว CERES-Rice ภายใต้วิธีเพาะปลูกแบบปักดำและนาหว่านน้ำตมที่อัตราเมล็ดพันธุ์ต่างกัน. หน้า 191-211. ใน เมธี เอกะสิงห์ และคณะ (บรรณาธิการ). ระบบสนับสนุนการตัดสินใจการผลิตข้าว รายงานผลการวิจัยฉบับสมบูรณ์ส่วนที่ 1 โครงการวิจัยระบบสนับสนุนการตัดสินใจการผลิตพืช : ข้าวในภาคเหนือ. ศูนย์วิจัยเพื่อเพิ่มผลผลิตทางเกษตร คณะเกษตรศาสตร์ มหาวิทยาลัยเชียงใหม่.

อานันท์ ผลวัฒน์, สุเทพ นุชสวาท, ประภา ทองเสน, วิญญู วงศ์อุบล และ บุญโฮม ชำนาญกุล. 2536. การเจริญเติบโตและดัชนีการเก็บเกี่ยวของข้าวหอมที่ปลูกในช่วงแสงต่างๆ กัน. เอกสารประกอบการสัมมนาทางวิชาการเรื่องข้าวและธัญพืชเมืองหนาวครั้งที่ 4. ศูนย์วิจัยข้าวพิษณุโลก. 13-14 กุมภาพันธ์ 2536.

Hoogenboom, G., J.W.J ones, P.W. Wilkens, W.D. Batchelor, W.T. Bowen, L.A. Hunt, N.B. Pickering, U. Singh, D.C. Godwin, B. Baer, K.J. Boote, J.T. Ritchie and J.W. White. 1994. DSSAT version 3 Volume 2-2 Crop models. International Benchmark Sites Network for Agrotechnology Transfer. University of Hawaii, Honolulu, HI. p.95-244.



- Hunt, L.A., S. Pararajasingham, J.W. Jones, G. Hoogenboom, D.T. Imamura and R.M. Ogoshi. 1993. GENCALC—software to facilitate the use of crop models for analyzing field experiments. *Agron. J.* 85:1090–1094.
- Hunt, L.A. and S. Pararajasingham. 1994. GENCALC : Genotype Coefficient Calculator USER’S GUIDE Version 3.0. Department of Crop Science, University of Guelph. Publication No. LAH-01-94. Crop Simulation Series No.3.
- Hunt, L.A. and K.J. Boote. 1989. Data for model operation, calibration, and evaluation. p.9–39. *In* G.Y. Tsuji et al. (eds.). *Understanding options for agricultural production.* Kluwer Academic Publishers.
- IBSNAT. 1988. Experimental Design and Data Collection Procedures for IBSNAT. IBSNAT Technical Report 1, Third Edition, Revised 1988. International Benchmark Sites Network for Agrotechnology Transfer. University of Hawaii, Honolulu, HI.
- Jones, J.W., L.A. Hunt, G. Hoogenboom, D.C. Godwin, U. Singh, G.Y. Tsuji, N.B. Pickering, P.K. Thornton, W.T. Bowen, K.J. Boote, and J.T. Ritchie. 1994. DSSAT version 3. Volume 2–1 Input and Output Files. International Benchmark Sites Network for Agrotechnology Transfer. University of Hawaii, Honolulu, HI. 94 p.
- Jones, J.W., G.Y. Tsuji, G. Hoogenboom, L.A. Hunt, P.K. Thornton, P.W. Wilkens, D.T. Imamura, W.T. Bowen and U. Singh. 1998. Decision support system for agrotechnology transfer: DSSAT v3. p.157–177 *In* G.Y. Tsuji et al. (eds.). *Understanding options for agricultural production.* Kluwer Academic Publishers.
- Jones, J.W. 1993. Decision support systems for agricultural development. p. 459–471. *In* F.W.T. Penning de Vries et al. (eds.). *Systems approaches for agricultural development.*
- Ritchie, J.T., E.C. Alocilja, and G. Uehara. 1986. IBSNAT/CERES Rice Model. *Agrotechnology Transfer.* 3:1–5.
- Ritchie, J.T. and D.S. Nesmith. 1991. Temperature and Crop Development. p.5–27. *In* Hank and Ritchie (eds.). *Modeling Plant and Soil Systems—Agronomy Monograph No.31.* ASA–CSSA–SSSA, Madison, WI.
- Ritchie, J.T. 1993. Genetic specific data for crop modeling. p.77–93. *In* F.W.T. Penning de Vries et al. (eds.). *Systems approaches for agricultural development.*
- Singh, U., D.C. Godwin, J.T. Ritchie, W.T. Bowen, P.W. Wilkens, B. Baer, G. Hoogenboom and L.A. Hunt. 1998. CERES–RICE 3.5 (98.0) International Fertilizer Development Research Center. [RICER980.EXE Program file].
- Uehara, G., and G.Y. Tsuji. 1998. Overview of IBSNAT. p.1–7. *In* G.Y. Tsuji et al. (eds.). *Understanding options for agricultural production.* Kluwer Academic Publishers.