

การปรับค่าสัมประสิทธิ์ทางพันธุกรรมของข้าวโดยใช้ GENCALC และ GLUE
Rice Genetic Coefficient Calibration by Using GENCALC and GLUE Estimators

ชิตนุชา บุคตาบุญ¹ อรรถชัย จินตะเวช² และเกอร์ริต ฮูเกนบูม³
Chitnucha Buddhagoon¹ Attachai Jintrawet² and Gerrit Hoogenboom³

บทคัดย่อ

งานวิจัยการปรับค่าสัมประสิทธิ์ทางพันธุกรรมของข้าว ดำเนินการในพื้นที่ของโครงการพัฒนาส่วนพระองค์ ตำบลบางแตน อำเภอบ้านสร้าง จังหวัดปราจีนบุรี ในปี 2552 วางแผนการทดลองแบบ Split plot จำนวน 4 ซ้ำ ประกอบด้วย วันปลูก เป็น main plot และ พันธุ์ข้าวเป็น sub plot ปลูกทั้งในฤดูก่อนน้ำท่วมและหลังน้ำลด เก็บข้อมูลความอุดมสมบูรณ์ของดิน ข้อมูลอากาศ ข้อมูลการจัดการการผลิตข้าว รวมถึงข้อมูลพัฒนาการของข้าว เช่น วันกำเนิดช่อดอก วันออกดอก วันเก็บเกี่ยว พร้อมน้ำหนักแห้งในแต่ละช่วงของการเจริญเติบโต นำข้อมูลทั้งหมดมาจัดรูปแบบให้สามารถใช้ได้กับ โปรแกรม DSSATv45 เพื่อปรับค่าสัมประสิทธิ์ทางพันธุกรรมของข้าว ด้วย GENCALC และ GLUE ซึ่งเป็นโปรแกรมย่อยที่ใช้ปรับค่าสัมประสิทธิ์ทางพันธุกรรมใน DSSATv45package ผลการศึกษาพบว่า ค่าจำลองวันออกดอก วันเก็บเกี่ยว และน้ำหนักเมล็ดจากการใช้ GENCALC ให้ค่า RMSEn 3.97 3.69 และ 3.68 ตามลำดับ ในขณะที่ การใช้ GLUE ให้ค่า RMSEn 3.67, 2.50 และ 3.68 ตามลำดับ จำนวนเมล็ดและผลผลิตไม่แตกต่างกันทางสถิติเมื่อเปรียบเทียบกับค่าจากแปลงทดลอง โดยที่ GENCALC ให้ผลผลิต 603 กิโลกรัมต่อไร่ GLUE ให้ผลผลิต 565 กิโลกรัมต่อไร่ เปรียบเทียบกับ 597 กิโลกรัมต่อไร่ของผลผลิตจากแบบจำลอง ปริมาณน้ำหนักแห้งจากการจำลองมีค่าสูงกว่าค่าจากแปลงทดลองกล่าวคือมีน้ำหนักแห้ง 1,876 และ 1,847 กิโลกรัมต่อไร่ ตามลำดับเปรียบเทียบกับน้ำหนักแห้ง 1,362 กิโลกรัมต่อไร่จากแปลงทดลอง นอกจากนี้ยังพบว่า ค่าจำลองปริมาณไนโตรเจนในใบใกล้เคียงกับค่าวิเคราะห์จากใบข้าวที่เก็บจากแปลงทดลอง ที่ 1.69 และ 1.67 เปอร์เซ็นต์จาก GENCALC และ GLUE ตามลำดับ เปรียบเทียบกับ 1.56 เปอร์เซ็นต์จากการวิเคราะห์ โดยมีค่า d-Stat 0.96 และ 0.97 สำหรับ GENCALC และ GLUE ตามลำดับ งานวิจัยแสดงให้เห็นว่าทั้ง GENCALC และ GLUE สามารถใช้ปรับค่าสัมประสิทธิ์ทางพันธุกรรมของข้าวได้

คำสำคัญ: สัมประสิทธิ์ทางพันธุกรรมข้าว, แบบจำลอง, ผลผลิต, ไนโตรเจน

¹ ศูนย์วิจัยข้าวปราจีนบุรี อำเภอบ้านสร้าง จังหวัดปราจีนบุรี 25150

² ศูนย์วิจัยเพื่อเพิ่มผลผลิตทางเกษตร คณะเกษตรศาสตร์ มหาวิทยาลัยเชียงใหม่ตำบลสุเทพ อำเภอเมือง จังหวัดเชียงใหม่ 50200

³ AgWeatherNet, Washington State University, Prosser, Washington 99350-8694, USA.

Abstract

Flooded rice genetic coefficient calibration research was conducted in 2009 on deepwater area in the Bang Taen His Majesty Private Development Project, Prachin Buri, Thailand. The experimental design was a split plot with four replications of four main plots (planting dates) and three sub plots (flooded rice varieties). The field experiments were conducted in both early rainy season before flooding and dry season after flooding. The data sets needed for DSSATv45 CSM-CERES-Rice model operation and calibration were collected. GENCALC and GLUE genetic coefficient estimators in the DSSATv45 package were used to calibrate genetic coefficients of three flooded rice varieties. The research found that simulated values of anthesis day, maturity day and grain weight using GENCALC produced RMSEn values of 3.97, 3.69, and 3.68, respectively while GLUE produced RMSEn values of 3.67, 2.50, and 3.68, respectively. They were good agreement as compared to observed values. The grain number and grain yield of observation and simulation was not significant difference. Simulated yield values were 3,769 and 3,532 kg ha⁻¹ from GENCALC and GLUE estimator, respectively compared to 3,729 kg ha⁻¹ from observation. The simulation values of above ground biomass from both GENCALC (11,727 kg ha⁻¹) and GLUE (11,544 kg ha⁻¹) were higher than observation value (8,512 kg ha⁻¹). In addition, the research results indicated that the simulation values of leaf N concentration were 1.69% for GENACALC and 1.67% for GLUE estimators, respectively as compared to 1.56% for observation values. The d-stat values were 0.94 and 0.96 for GENCALC and GLUE, respectively. The results indicate that GENCALC and GLUE estimators can be used to estimate flooded rice GC under deepwater area environment.

Keywords: flooded rice, calibration, biomass, maturity, yield

บทนำ

แบบจำลองพืชพัฒนามาจากระบวนการด้านสรีรวิทยาและนิเวศวิทยาของพืชและดิน หรือที่เรียกว่าเป็นแบบจำลองประเภท Process-oriented simulation model ทำให้แบบจำลองพืชประเภทนี้จำลองอิทธิพลของ ภูมิอากาศ ดิน พันธุกรรมพืช และการจัดการในการผลิตพืช ที่มีต่อผลผลิตพืชในพื้นที่ที่หลากหลายหลังการทดสอบและการประเมินในสภาพพื้นที่ที่ต้องการ (Jiang and Zhi-qing, 2009; Jones et al., 2003) พื้นฐานการจำลองการเจริญเติบโตและผลผลิตข้าวประกอบด้วย กระบวนการพัฒนาการของพืช อายุสะสมของใบ การแตกกอ การสะสมน้ำหนักราก และพัฒนาการของรวง (Gao et al., 1992) แบบจำลองพืชใช้อธิบายระบบและกระบวนการในหลายระดับของระบบเกษตร ตั้งแต่ระดับต้นพืช ระดับแปลง ระดับฟาร์ม ระดับภูมิภาค จนถึงระดับโลก (Matthews et al., 2002) โดยเฉพาะปัจจุบันมีการใช้แบบจำลองเพื่อประเมินผลกระทบของการเปลี่ยนแปลงภูมิอากาศต่อการผลิตพืชเศรษฐกิจที่สำคัญเพื่อช่วยประกอบการตัดสินใจและวางแผนของผู้มีหน้าที่ในการตัดสินใจระดับนโยบาย (Timsina and Humphreya, 2006; Yao et al., 2007) ที่สำคัญแบบจำลองเป็นเครื่องมือที่สามารถลดทั้งระยะเวลาและงบประมาณในการทำแปลงทดลองได้ (Timsina et al., 2004) ในการจำลองการเจริญเติบโตและผลผลิตของข้าวโดยใช้แบบจำลอง DSSAT (CSM-CERES-Rice) จำเป็นต้องใช้ข้อมูลนำเข้าสี่ประเภท ประกอบด้วย ข้อมูลดิน ข้อมูลอากาศ ข้อมูลการจัดการ และ สัมประสิทธิ์ทางพันธุกรรมของข้าว (Hoogenboom et al., 1999) อย่างไรก็ตามข้อมูลสัมประสิทธิ์ทางพันธุกรรมพันธุ์ข้าวที่เกษตรกรปลูกในประเทศไทยในปัจจุบันมีจำกัด การประเมินสัมประสิทธิ์ทางพันธุกรรมของข้าวมีสองวิธี ได้แก่ การปรับด้วยการเปลี่ยนค่าสัมประสิทธิ์แต่ละค่าแล้วเปรียบเทียบจนได้ค่าที่ใกล้เคียง และการใช้โปรแกรมช่วยในการคำนวณ งานวิจัยนี้คำนวณเพื่อปรับค่าสัมประสิทธิ์ทางพันธุกรรมของข้าวด้วยการใช้โปรแกรม GENCALC และ GLUE

วัตถุประสงค์

เพื่อคำนวณค่าสัมประสิทธิ์ทางพันธุกรรมของข้าวนาชลประทานสำหรับแบบจำลองข้าว CSM-CERES-rice โดยใช้ โปรแกรม GENCALC และ GLUE ในพื้นที่เขตนาน้ำลึก

วิธีการศึกษา

แปลงทดลอง

จัดทำแปลงทดลองข้าวในพื้นที่โครงการพัฒนาส่วนพระองค์ ตำบลบางแตง อำเภอบ้านสร้าง จังหวัดปราจีนบุรี ที่พิกัดเส้นรุ้งที่ $13^{\circ} 52' 15.9''$ เหนือ และที่เส้นแวงที่ $101^{\circ} 09' 13.2''$ ตะวันออก พื้นที่มีความสูงจากระดับน้ำทะเลปานกลางประมาณ 2 เมตร วางแผนการทดลองแบบ split plot โดยให้ วันปลูกเป็น main plot และ พันธุ์ข้าวเป็น sup plot ขนาดแปลงย่อย 7.0×2.8 ม.ทำการทดลองในช่วงก่อนน้ำท่วม ในเดือนพฤษภาคม ถึง เดือนกันยายน ประกอบด้วย 4 วันปลูก ใช้พันธุ์ข้าวจำนวน 3 พันธุ์คือ ชัยนาท1 ปทุมธานี1 และ พิษณุโลก2 ปลูกด้วยวิธีปักดำ ระยะ 20×20 ซม. ระหว่างกอข้าว จำนวน 3 ต้นต่อกอ ใส่ปุ๋ยเคมี 2 ครั้ง ครั้งที่ 1 อัตรา 4.8 กิโลกรัมไนโตรเจนต่อไร่ และ 5.8 กิโลกรัม ฟอสฟอรัสต่อไร่ โดยหว่านหลังปักดำ 1 สัปดาห์ ครั้งที่ 2 อัตรา 4.8 กิโลกรัมไนโตรเจนต่อไร่ หว่านในระยะกำเนิดช่อดอก ดูแลป้องกันกำจัดโรคแมลง และวัชพืชตลอดช่วงการเจริญเติบโตด้วยวิธีกล รักษาระดับน้ำในแปลงย่อยตลอดฤดูการผลิตในระดับประมาณ 10 ซม. ถึงประมาณ 2 สัปดาห์ก่อนการเก็บเกี่ยวและทำการปล่อยน้ำออกเพื่อเตรียมการเก็บเกี่ยว

การเก็บข้อมูล

ดำเนินการเก็บตัวอย่างดินและตัวอย่างมวลชีวภาพของข้าวที่มีอยู่ในพื้นที่ก่อนการเตรียมดินที่ประกอบด้วยฟางข้าว ต้นข้าวที่งอกจากเมล็ดข้าวที่ร่วงจากการเก็บเกี่ยวฤดูที่ผ่านมา และวัชพืช หลังจากนั้นได้เก็บตัวอย่างข้าวเพื่อประเมินการเจริญเติบโตและผลผลิตจำนวน 5 ครั้ง ประกอบด้วย การเก็บตัวอย่างที่ ระยะกล้าก่อนการปักดำ ระยะกำเนิดช่อดอก ระยะออกรวง ระยะน้ำนม และระยะเก็บเกี่ยว โดยระยะกล้าสุ่มเก็บต้นข้าวจำนวน 100 ต้นต่อพันธุ์ ที่ระยะกำเนิดช่อดอก ระยะออกรวง ระยะน้ำนม เก็บตัวอย่างจำนวน 15 กอ และระยะเก็บเกี่ยวเก็บจำนวน 25 กอ นับจำนวนต้น ตัดแยกกล้าต้นและแผ่นใบ ประเมินผลผลิต และองค์ประกอบผลผลิตในระยะเก็บเกี่ยว นำต้นและใบข้าวเข้าตูบ ที่อุณหภูมิ 75 องศาเซลเซียส เป็นเวลา 72 ชั่วโมง จนน้ำหนักคงที่ก่อนนำไปชั่งเพื่อประเมินการเจริญเติบโต สุ่มใบข้าวเพื่อวิเคราะห์ปริมาณธาตุไนโตรเจนในใบที่ห้องปฏิบัติการของศูนย์วิจัยข้าวปทุมธานี พร้อมด้วยการวิเคราะห์ตัวอย่างดิน นอกจากนี้ได้ขอความอนุเคราะห์ข้อมูลอากาศจากสถานีอุตุนิยมวิทยาปราจีนบุรี และข้อมูลปริมาณน้ำฝนจากโครงการพัฒนาส่วนพระองค์ ตำบลบางแตน ซึ่งเป็นสถานที่ทำแปลงทดลอง

การเตรียมข้อมูลนำเข้า

ข้อมูลที่ได้จากการเก็บรวบรวม และจากการวิเคราะห์นำเข้าสำหรับการประเมินค่าสัมประสิทธิ์ทางพันธุกรรมของข้าวด้วยการใช้โปรแกรม GENCALC และ GLUE ที่เป็น sub model อยู่ในโปรแกรม DSSAT v4.5 package ประกอบด้วยไฟล์ข้อมูลต่างๆ ดังต่อไปนี้ ข้อมูลการจัดการ ประกอบด้วยรายละเอียดในการปลูก การใส่ปุ๋ย การจัดการน้ำ และอื่นๆ เรียกว่า FileX ข้อมูลดิน เป็นการนำข้อมูลที่ได้จากการวิเคราะห์ให้อยู่ในรูปแบบที่โปรแกรมอ่านได้ ข้อมูลกาลอากาศ ประกอบด้วยอุณหภูมิสูงสุด-ต่ำสุด ปริมาณน้ำฝน และปริมาณแสง รายวัน ข้อมูลสัมประสิทธิ์ทางพันธุกรรมที่เป็นค่าเริ่มต้นอาจใช้จากค่าของพันธุ์ที่มีลักษณะใกล้เคียงกันที่มีอยู่แล้วในโปรแกรมหรือกำหนดขึ้นโดยประมาณ เพื่อเป็นฐานข้อมูลในการเปรียบเทียบระหว่างข้อมูลจริงจากแปลงทดลองกับข้อมูลที่ได้จากการจำลอง จำเป็นต้องมีชุดข้อมูลต่อไปนี้ คือ FileA ที่ประกอบไปด้วยรายละเอียดของวันออกดอก วันเก็บเกี่ยว ผลผลิต น้ำหนักชีวมวลเป็นต้น และ FileT จะประกอบด้วยรายละเอียดของการเปลี่ยนแปลงค่าที่ตรวจวัดในแต่ละระยะเวลา เช่น น้ำหนักกล้าต้น น้ำหนักใบ การแตกกอ น้ำหนักเมล็ด ค่าการสะสมของธาตุไนโตรเจนที่ใบข้าวในแต่ละอายุของการเจริญเติบโตของข้าว เป็นต้น ที่สำคัญคือค่าต่างๆ ที่นำมาจัดทำไฟล์เพื่อนำเข้าไปในแบบจำลองต้องได้รับการตรวจสอบ และมั่นใจในความถูกต้อง สมบูรณ์ ปราศจากข้อสงสัย ซึ่งจะนำไปสู่ความมั่นใจในผลของการจำลองต่อไป

การปรับค่าสัมประสิทธิ์ทางพันธุกรรมข้าวด้วย GENCALC

ในการปรับค่า GC ของข้าวด้วยการใช้ GENCALC ผู้ใช้สามารถกำหนดค่าการเปลี่ยนแปลงของค่าสัมประสิทธิ์ในการคำนวณ ได้ โดยเข้าไปที่ File GENCALC2.RUL ซึ่งอยู่ใน Directory C:\DSSAT45\Tools\GenCalc จากนั้นกำหนด ค่าสัมประสิทธิ์ที่ต้องการปรับ เปรอ์เซ็นต์ของการเปลี่ยนแปลงค่า และจำนวนรอบที่ต้องการคำนวณ รายละเอียดของ File GENCALC2.RULสำหรับแสดงใน ตาราง 1

Table 1: A section of the GENCALC2.RUL IRICER045 DSCSM045 RICE

| @TARGET..... | STEP, | COEFF, | LOOPS | | | |
|-----------------|-------|--------|-------|-----------------------------|-----------------------------|----------|
| IADAP ANTHESIS | 3.0, | P1, | 5 | 3.0,P2O,5 | 3.0,P2R,5 | 3.0,P5,5 |
| IADAP ANTHESIS | 3.0, | P1, | 10 | | | |
| IADAP ANTHESIS | 3.0, | P2O, | 10 | | | |
| IADAP ANTHESIS | 3.0, | P2R, | 10 | | | |
| IMDAP MATURITY | 3.0, | P5, | 10 | | | |
| IHWAM GRAIN YLD | | 3.0, | G1, | 5 | 3.0,G2,5 | 3.0,G3,5 |
| HWAM GRAIN YLD | 3.0, | G1, | 10 | | | |
| IHWAM GRAIN YLD | | 3.0, | G2, | 10 | | |
| IH#AM GRAIN NO | 3.0, | G1, | 10 | ! Needs yield analysis data | | |
| IHWUM GRAIN WT | | 3.0, | G2, | 10 | ! Needs yield analysis data | |
| IT#AM TILLER NO | 3.0, | G3, | 10 | ! Needs tiller # data | | |

โดยทั่วไปการปรับค่าค่าสัมประสิทธิ์จะเริ่มจากค่า P1 ตามลำดับจนถึงค่า G3 จาก File GENCALC2.RUL จะเห็นว่ากำหนดให้ปรับค่าสัมประสิทธิ์ G1 ซึ่งจะส่งผลต่อค่าผลผลิต โดยไม่ให้มีเครื่องหมายอัศเจรีย์ ! (exclamation mark) ด้านหน้าของบรรทัดค่าที่ต้องการปรับ (TARGET) ซึ่งมีคำอธิบายค่าที่ปรับจะมีผลต่อพัฒนาการหรือผลผลิต เช่น วันออกดอก วันสุกแก่ทางสรีรวิทยา จำนวนการแตกกอ น้ำหนักเมล็ด จำนวน เมล็ด และผลผลิต จากตัวอย่างกำหนดให้มีการประเมินค่าสัมประสิทธิ์เพื่อปรับค่าผลผลิตให้ใกล้เคียงกับค่าที่ได้จากแปลงทดลอง ใน Column STEP จะกำหนดการเปลี่ยนแปลงของค่าสัมประสิทธิ์นั้นในการคำนวณแต่ละครั้ง โดยกำหนดเป็นร้อยละ ในกรณีนี้กำหนดให้มีการเปลี่ยนแปลงครั้งละร้อยละ 3 Column สุดท้าย คือ LOOPS เป็นการกำหนดจำนวนรอบในการคำนวณแต่ละครั้ง ในกรณีนี้กำหนดให้มีการคำนวณ 10 รอบ จากนั้นโปรแกรมจะเลือกรอบที่มีค่า เปอร์เซนต์ RMSE ที่ต่ำที่สุดมาแสดงเปรียบเทียบ สามารถแสดงได้ในแต่ละช่วงของการคำนวณ หากค่าที่ได้ยังไม่เป็นที่พอใจสามารถคำนวณต่อได้โดยใช้ค่าสัมประสิทธิ์ที่ได้จากการคำนวณครั้งที่ผ่านมาในไฟล์ RICER045.CUL ซึ่งสามารถใส่ได้ทั้งแบบอัตโนมัติและแบบใส่โดยพิมพ์ตัวเลขลงไปโดยตรง ทำเช่นนี้จนกว่าจะได้ค่าที่เห็นว่าดีที่สุดสำหรับค่าสัมประสิทธิ์นั้น จากนั้นก็ปรับค่าอื่นจนกว่าจะแล้วเสร็จ ข้อสังเกตสำหรับ GENCALC ได้แก่ โปรแกรมไม่มีการปรับค่า G4

การปรับค่าสัมประสิทธิ์ทางพันธุกรรมข้าวด้วย GLUE

ในการปรับค่าสัมประสิทธิ์ทางพันธุกรรมข้าวด้วยการใช้ GLUE จะเป็นการคำนวณแบบสุ่มในการเปลี่ยนแปลงค่าสัมประสิทธิ์ภายใต้ค่าสูงสุดและค่าต่ำสุดของที่กำหนดของสัมประสิทธิ์นั้น ผู้ใช้สามารถเลือกให้ปรับค่าพัฒนาการ (Phenology) หรือ ค่าการเจริญเติบโตหรือผลผลิต (Growth) หรือทั้งสองอย่างพร้อมกันได้ ในการกำหนดค่าสูงสุดต่ำสุดของสัมประสิทธิ์ทางพันธุกรรมแต่ละค่าสามารถกำหนดได้ที่ C:\DSSAT45\Tools\GLUE ไฟล์ ParameterProperty.xls (ตาราง 2) จะประกอบด้วย Column ของ ค่าสัมประสิทธิ์ ค่าสูงสุด ค่าต่ำสุด และ Column Flag ที่จะกำหนดว่า ค่าสัมประสิทธิ์นั้นเป็นค่าสัมประสิทธิ์ทางพัฒนาการ (1) หรือ ทางการเจริญเติบโตหรือผลผลิต (2) ส่วน 0 หมายถึง กำหนดให้ไม่มีการคำนวณค่าสัมประสิทธิ์นั้น ดังแสดงรายละเอียดของแฟ้มข้อมูล จากการคำนวณเพื่อปรับค่าสัมประสิทธิ์โดยใช้ GLUE และรวมการปรับค่า G4 เข้าไปด้วยพบว่า จะไม่ได้ค่าที่เหมาะสมเนื่องจากการเปลี่ยนแปลงของค่า G4 จะมีผลทำให้ ค่าสัมประสิทธิ์อื่นกระทบไปด้วย ดังนั้นจึงต้องมีการปรับค่าดังกล่าวด้วยวิธีการลองผิดลองถูก (Trial and error) และสิ้นสุดการปรับเมื่อได้ค่าสัมประสิทธิ์ที่เหมาะสมที่สุด และกำหนดค่า Flag ให้เป็น 0 แล้วจึงทำการปรับด้วยโปรแกรม จำนวนรอบในการปรับเพื่อให้ได้ค่าสัมประสิทธิ์ที่เหมาะสมนั้น ผู้พัฒนาโปรแกรม

แนะนำให้เริ่มต้นที่ 6000 ซึ่งหมายถึง 12,000 สำหรับการปรับที่สัมพันธ์ด้านพัฒนาการ (Phenology coefficients) และด้านการเจริญเติบโตหรือผลผลิต (Growth coefficients) ซึ่งต้องใช้เวลามากในการคำนวณ

Table 2: A section of ParameterProperty.XLS file, showing minimum and maximum ranges of each rice genetic coefficient.

| Coefficient | Minimum | Maximum | Flag |
|-------------|---------|---------|------|
| RI | 8 | 8 | 8 |
| RI_P1 | 210 | 900 | 1 |
| RI_P2R | 30 | 200 | 1 |
| RI_P5 | 330 | 580 | 1 |
| RI_P20 | 10.4 | 13 | 1 |
| RI_G1 | 50 | 80 | 2 |
| RI_G2 | 0.02 | 0.03 | 2 |
| RI_G3 | 0.3 | 1 | 2 |
| RI_G4 | 0.8 | 1.25 | 0 |

ผลการศึกษา

สัมประสิทธิ์ทางพันธุกรรมของข้าวนาชลประทานทั้ง 3 พันธุ์ได้แก่ ชัยนาท1 ปทุมธานี1 และพิษณุโลก 2 ซึ่งคำนวณโดยใช้ GENCALC และ GLUE พบว่า ค่า P1 ที่ได้จาก GENCALC มีค่าสูงกว่า ค่า P1 ที่ได้จาก GLUE ในขณะที่ค่า P2R ที่ได้จาก GLUE มีค่า สูงกว่า ค่า P2R ที่ได้จาก GENCALC ค่า P5 จากทั้งสองโปรแกรม มีค่าใกล้เคียงกันเช่นเดียวกับค่า P20 และ G2 ที่น่าสังเกตได้แก่ ค่า G1, G3, และ G4 ที่พบว่า ค่า G1 ที่ได้จาก GENCALC มีค่าต่ำกว่า ค่า G1 ที่ได้จาก GLUE แต่ ค่า G3 ที่ได้จาก GENCALC มีค่าสูงกว่า ค่า G3 ที่ได้จาก GLUE ส่วนค่า G4 จาก GENCALC เป็นค่าสัมประสิทธิ์เดิมจากค่าเริ่มต้น (Default values) ซึ่งต่ำกว่าค่าที่ได้และแตกต่างจากค่าที่ได้จากการลองผิดลองถูกก่อนการคำนวณด้วย GLUE (ตาราง 3)

Table 3 Calculated genetic coefficient of three flooded rice varieties based on GENCALC and GLUE estimators.

| Estimator | Variety | Phenology coefficient | | | | Growth coefficient | | | |
|-----------|---------|-----------------------|-------|-------|-------|--------------------|--------|-------|------|
| | | P1 | P2R | P5 | P20 | G1 | G2 | G3 | G4 |
| GENCALC | CNT1 | 742.6 | 25.0 | 445.5 | 11.74 | 37.06 | 0.0278 | 1.00 | 1.00 |
| | PTT1 | 769.0 | 28.7 | 414.7 | 12.07 | 37.67 | 0.0266 | 1.00 | 1.00 |
| | PSL2 | 712.2 | 23.5 | 422.8 | 11.90 | 40.38 | 0.0267 | 1.00 | 0.90 |
| GLUE | CNT1 | 465.5 | 161.2 | 400.6 | 12.67 | 64.67 | 0.0270 | 0.346 | 1.25 |
| | PTT1 | 561.2 | 41.16 | 374.3 | 11.80 | 74.83 | 0.0250 | 0.510 | 1.25 |
| | PSL2 | 320.3 | 187.4 | 426.4 | 12.33 | 55.33 | 0.0260 | 0.425 | 1.25 |

Note: CNT1 = Chai Nat 1 PTT1 = Pathun Thani 1 PSL2 = Pitsanulok 2

จากความแตกต่างกันทั้งในส่วนของ สัมประสิทธิ์ทางพัฒนาการ และสัมประสิทธิ์ทางการเจริญเติบโต ที่ได้จากการคำนวณโดย GENCALC และ GLUE แต่เมื่อนำสัมประสิทธิ์ทั้งสองชุดประกอบการจำลองโดย

แบบจำลองข้าว CSM-CERES-Rice และนำค่าที่ได้จากการจำลองของแบบจำลองข้าวมาเปรียบเทียบกับค่าจริงที่ได้จากแปลงทดลองพบว่า วันออกดอก และวันสุกแก่ทางสรีระวิทยาที่ได้จาก GENCALC คือ 64 และ 93 วัน หลังจากปลูก ที่ได้จาก GLUE คือ 63 และ 93 วันหลังจากปลูก เปรียบเทียบกับ 63 และ 93 วันหลังจากปักดำ จากแปลงทดลอง โดยมีค่า RMSEn ที่ 3.97 และ 3.67 สำหรับ GENCALC และ 3.97 และ 2.50 สำหรับ GLUE จะเห็นว่าค่าสัมประสิทธิ์ทางพันธุกรรมด้านพัฒนาการของข้าว จากการคำนวณโดย GENCALC และ GLUE อยู่ในเกณฑ์ที่ยอมรับได้เนื่องจากค่า RMSEn มีค่าต่ำกว่า 10 (ตารางที่ 4)

Table 4 GENCALC and GLUE comparison against observation values of flooding rice production in deepwater area, Prachin Buri, Thailand 2009

| Variables | Observation | Mean | | RMSE | | RMSEn | | d-Stat | |
|-----------------------------------|-------------|---------|--------|----------|----------|---------|-------|---------|------|
| | | GENCALC | GLUE | GENCALC | GLUE | GENCALC | GLUE | GENCALC | GLUE |
| Anthesis (day) | 63 | 64 | 63 | 2.50 | 2.31 | 3.97 | 3.67 | 0.74 | 0.79 |
| Maturity (day) | 93 | 93 | 93 | 3.42 | 3.33 | 3.67 | 2.50 | 0.50 | 0.66 |
| Grain weight (g) | 0.027 | 0.027 | 0.027 | 0.001 | 0.001 | 3.68 | 3.68 | 0.71 | 0.81 |
| Grain number m ⁻² | 13,743 | 13,957 | 12,954 | 1,139.22 | 1,426.58 | 8.29 | 10.38 | 0.63 | 0.47 |
| Yield (kg ha ⁻¹) | 3,729 | 3,769 | 3,532 | 320.00 | 372.05 | 8.57 | 9.98 | 0.47 | 0.33 |
| Top weight (kg ha ⁻¹) | 8,512 | 11,727 | 11,544 | 3,264.15 | 3,084.68 | 38.35 | 36.24 | 0.22 | 0.22 |
| Leaf N (%) | 1.56 | 1.69 | 1.67 | 0.56 | 0.47 | 35.87 | 29.95 | 0.94 | 0.96 |

ในส่วนของ ผลผลิตและและองค์ประกอบผลผลิตข้าว พบว่าค่า RMSEn ของน้ำหนักเมล็ด จำนวนเมล็ดต่อตารางเมตร และผลผลิตข้าว ที่ได้จากการจำลองด้วยการใช้สัมประสิทธิ์ทางพันธุกรรม ชุดที่ได้จากการคำนวณของ GENCALC และ GLUE อยู่ในเกณฑ์ที่ยอมรับได้ ผลผลิตข้าวไม่แตกต่างกันทางสถิติเมื่อเปรียบเทียบกับค่าจากแปลงทดลอง โดยที่ GENCALC ให้ผลผลิต 603 กิโลกรัมต่อไร่ GLUE ให้ผลผลิต 565 กิโลกรัมต่อไร่ เปรียบเทียบกับ 597 กิโลกรัมต่อไร่ ของผลผลิตจากแปลงทดลอง ปริมาณน้ำหนักแห้งเหนือผิวดินจากการจำลองมีค่าสูงกว่าค่าจากแปลงทดลองกล่าวคือมีน้ำหนักแห้งเหนือผิวดิน 1,876 และ 1,847 กิโลกรัมต่อไร่ ตามลำดับเปรียบเทียบกับน้ำหนักแห้ง 1,362 กิโลกรัมต่อไร่จากแปลงทดลอง ในส่วนของน้ำหนักแห้ง มีค่า RMSEn สูงแสดงให้เห็นว่าค่าที่ได้จากการจำลองมีค่าสูงกว่าค่าจริง ซึ่งอาจมีสาเหตุจากหลายปัจจัย อย่างไรก็ตามจากตาราง 4 ค่าร้อยละของไนโตรเจนในใบข้าว มีค่า RMSEn สูงแต่ค่าร้อยละของไนโตรเจนในใบข้าวมีค่าไม่เกินร้อยละ 2 ค่าที่เปลี่ยนแปลงเพียงเล็กน้อยเมื่อนำมาคิดเป็นร้อยละทำให้ได้ค่าร้อยละที่ค่อนข้างสูง เมื่อพิจารณาค่า d-Stat พบว่ามีค่าสูง 0.94 และ 0.96 สำหรับ GENCALC และ GLUE ตามลำดับ แสดงว่าแต่ละช่วงอายุข้าวของการเก็บตัวอย่าง ค่าร้อยละของไนโตรเจนในใบข้าวที่ได้จากการวิเคราะห์มีความสอดคล้องกับค่าที่ได้จากแบบจำลองสูงมาก (ตารางที่ 4)

วิจารณ์และสรุปผล

การคำนวณค่าสัมประสิทธิ์ทางพันธุกรรมของข้าวด้วยการใช้โปรแกรม GENCALC และ GLUE พบว่าสัมประสิทธิ์ที่มีผลกระทบต่อค่าสัมประสิทธิ์ทางพันธุกรรมอื่นๆ ของข้าว ได้แก่ ค่า G4 จะเห็นว่าใน GENCALC2.RUL ของ GENCALC ไม่มีการปรับค่า G4 ในขณะที่การใช้ GLUE จำเป็นต้องปรับค่า G4 ให้เหมาะสมก่อน แล้วกำหนดตัวเลขใน Column Flag ให้เป็น 0 หมายถึงไม่มีการเปลี่ยนแปลงของค่า G4 ในระหว่างการคำนวณ ข้อแตกต่างในการใช้ GENCALC และ GLUE เพื่อคำนวณค่าสัมประสิทธิ์ทางพันธุกรรมของข้าว คือ การใช้ GENCALC ผู้ใช้ต้องมีความชำนาญและทักษะในการปรับค่าสัมประสิทธิ์เนื่องจากต้องพิจารณาว่าควรจะหยุดการคำนวณที่ค่าใดจึงจะเหมาะสมและดีที่สุด ข้อดีคือใช้เวลาในการคำนวณน้อยกว่า ในขณะที่การใช้ GLUE ใช้สะดวกกว่า GENCALC แต่ต้องใช้เวลามาก ขึ้นอยู่กับจำนวน การทดลองและกรรมวิธีที่นำมาเป็นข้อมูลนำเข้าในการคำนวณ ข้อสังเกตได้แก่ทั้งสองโปรแกรมให้ค่าสัมประสิทธิ์ทางพันธุกรรมข้าวที่แตกต่างกัน และผลการจำลองให้ค่าน้ำหนักมวลชีวภาพสูงกว่าค่าจากแปลงทดลองมาก ส่วนนี้อาจเนื่องมาจากแบบจำลองไม่มีกระบวนการการทำลายของโรคและแมลง (pest damage processes) และการเก็บตัวอย่างอาจมีใบข้าวที่แก่และย่อยสลายไปก่อนการสุ่มเก็บ อย่างไรก็ตาม ทั้ง GENCALC และ GLUE สามารถใช้คำนวณ ค่าสัมประสิทธิ์ทางพันธุกรรมของข้าวได้

กิตติกรรมประกาศ

งานวิจัยนี้ได้รับการสนับสนุนงบประมาณจากสำนักงานกองทุนสนับสนุนการวิจัย สัญญาเลขที่ RDG51O0004-DSSPHD/001/2551 คณะผู้วิจัยขอขอบคุณมา ณ โอกาสนี้ และขอขอบคุณหลายหน่วยงานที่ให้การสนับสนุน ได้แก่ มหาวิทยาลัยเชียงใหม่, กรมการข้าว, The University of Georgia, และ Washington State University ที่ให้ความสะดวกด้านต่างๆ ระหว่างการดำเนินงานวิจัย

เอกสารอ้างอิง

- Gao, L., Zhiqing, J., Huang, Y., and Zhang, L. Rice clock model - a computer model to simulate rice development. *Agricultural and Forest Meteorology*. 1992; 60: 1-16.
- Hoogenboom, G., Wilkens, P.W. and Tsuji, G.Y. DSSAT version 3, volume 4. University of Hawaii, Honolulu, Hawaii. 1999.
- Jiang, M., and Zhi-qing, J. A Method for Upscaling Genetic Parameters of CERES-Rice in Regional Applications. *Rice Science*. 2009; 16: 292-300.
- Jones, C.A., Koenig, R.T., Ellsworth, J.W., Brown, B.D., and Jackson, G.D. Management of urea fertilizer to minimize volatilization. *Montana State University Extension Bull.* EB173; Bozeman, MT. 2007.
- Matthews, R.B., and William, S. *Crop-soil simulation models: applications in developing countries*. New York: CAB International. 2002.
- Timkina, J., Pathak H., Humphreys, E., Godwin, D., Bijay-Singh, Shukla, A.K., and Singh, U. Evaluation of and yield gap analysis in rice using CERES-Rice vers. 4.0 in north-west India. Proc. (CD-ROM) of 4th Intl. Crop Sci. Cong., 26 September-1 October, Brisbane, Australia. 2004.
- Yao, F., Xu, Y., Lin, E., Yokozawa, M., and Zhang, J. Assessing the impacts of climate change on rice yields in the main rice areas of China. *Climatic Change*. 2007; 80: 395-409.