

การหาค่าสัมประสิทธิ์ทางพันธุกรรมของข้าวสายพันธุ์ฝาง 60  
โดยใช้แบบจำลอง CSM-CROPGRO-Wheat Model  
Determination of Genetic Coefficient of Fang 60 Cultivar  
by Using the CSM-CROPGRO-Wheat Model

สิปปวิชัย ปัญญาตุ้ย<sup>1\*</sup> จารูวี อันเซตา<sup>1</sup> อัญชลี ตาคำ<sup>2</sup> สุภาวิณี โลกคำลือ<sup>3</sup>  
สุทธกานต์ ใจกาวิล<sup>4</sup> พิชญ์นันท์ กังแฮ<sup>4</sup> กัลยา สานเสน<sup>5</sup> ดวงพร วิธูรจิตต์<sup>6</sup> และ ภัทรธีรา อินพลับ<sup>7</sup>  
Sippawit Punyatuy<sup>1\*</sup>, Jaruvee Uncheta<sup>1</sup>, Anchalee Takham<sup>2</sup>, Supawinee Lokkhamlue<sup>3</sup>,  
Suttakarn Jaikawin<sup>4</sup>, Pitchanan Kanghae<sup>4</sup>, Kanlaya Sansen<sup>5</sup>, Duangporn Vithoonjit<sup>6</sup>  
and Phattarateera Inplub<sup>7</sup>

บทคัดย่อ

ข้าวสายพันธุ์ฝาง 60 เป็นพันธุ์ที่มีการปรับตัวได้ดี และได้รับความนิยมปลูกในพื้นที่ภาคเหนือตอนบน การทดลองนี้จึงมีวัตถุประสงค์เพื่อหาค่าสัมประสิทธิ์ทางพันธุกรรมเพื่อประยุกต์ใช้ใน Decision Support System for Agrotechnology Transfer (DSSAT) โดยดำเนินการระหว่างปี 2564 – 2566 ใน 4 พื้นที่ ได้แก่ ศูนย์วิจัยข้าวสะเมิง ศูนย์วิจัยข้าวแม่ฮ่องสอน แปลงทดลองและผลิตเมล็ดพันธุ์ข้าวและธัญพืชเมืองหนาว ดงหลักหมื่น และโครงการพัฒนาพื้นที่สูงแบบโครงการหลวงบ่อเกลือ โดยศึกษาพัฒนาการและการเจริญเติบโต และเก็บชีวมวลแยกเป็นส่วนต้น ใบ และผลผลิต นำไปวิเคราะห์หาค่าสัมประสิทธิ์ของข้าวสายพันธุ์ โดยใช้แบบจำลองการเจริญเติบโตของพืช CSM-CROPGRO-Wheat ค่าสัมประสิทธิ์ทางพันธุกรรมของข้าวสายพันธุ์ฝาง 60 ที่ได้สามารถใช้ในการประมาณการพัฒนาของข้าวสายพันธุ์ได้แม่นยำใกล้เคียงกับแปลงทดลอง แต่การประมาณค่าการเจริญเติบโตของข้าวสายพันธุ์ทั้งมวลชีวภาพ และผลผลิตยังแตกต่างจากแปลงทดลอง

**คำสำคัญ:** ฝาง 60 แบบจำลองการเจริญเติบโตของพืช ระบบสนับสนุนการตัดสินใจ

Received: 25 September 2024; Accepted: 22 October 2024

<sup>1</sup> ศูนย์วิจัยข้าวสะเมิง อ.สะเมิง จ.เชียงใหม่ 50250

<sup>1</sup> Samoeng Rice Research Center, Samoeng, Chiang Mai, Thailand, 50250

<sup>2</sup> ศูนย์วิจัยข้าวเชียงใหม่ อ.สันป่าตอง จ.เชียงใหม่ 50120

<sup>2</sup> Chiang Mai Rice Research Center, San Pa Tong, Chiang Mai, Thailand, 50120.

<sup>3</sup> ศูนย์วิจัยข้าวแม่ฮ่องสอน อ.ปางมะผ้า จ.แม่ฮ่องสอน 50150

<sup>3</sup> Division of Food Science and Technology, Faculty of Agriculture, Ubon Ratchathani Rajabhat University.

<sup>4</sup> ศูนย์วิจัยข้าวแพร่ อ.เมืองแพร่ จ.แพร่ 54000

<sup>4</sup> Phrae Rice Research Center, Mueang Phrae, Phrae, Thailand, 54000

<sup>5</sup> ศูนย์วิจัยข้าวอุบลราชธานี อ.เมืองอุบลราชธานี จ.อุบลราชธานี 34000

<sup>5</sup> Ubon Ratchathani Rice Research Center, Mueang Ubon Ratchathani, Ubon Ratchathani, Thailand, 57120

<sup>6</sup> ศูนย์วิจัยข้าวชัยนาท อ.เมืองชัยนาท จ.ชัยนาท 17000

<sup>6</sup> Chainat Rice Research Center, Mueang Chainat, Chainat, Thailand, 17000

<sup>7</sup> สำนักงานเกษตรอำเภอบ่อไร่ อ.บ่อไร่ จ.ตราด 23140

<sup>7</sup> Bo Rai District Agricultural Extension Office, Bo Rai, Trat, Thailand, 23140

\* Corresponding author: [sippawit.p@rice.mail.co.th](mailto:sippawit.p@rice.mail.co.th)

## Abstract

Fang 60 has broad adaptation and popular among wheat growers in the upper northern region. The objective of this study was to determine the genetic coefficient for Decision Support System for Agrotechnology Transfer (DSSAT). The experiment was conducted during 2564 – 2566 at Samoeng Rice Research Center, Mae Hong Son Rice Research Center, Dong Lak Muen Experimental rice and temperate cereal and Bo Kluea Royal Project Development Project. Growth and development of the crop were studied. Data were recorded for growth characters and development characters at vegetative and reproductive phases. Biomass data were separated into stems, leaves and yield. The data were used in determining genetic coefficient of Fang 60 wheat cultivar using CSM-CROPGRO-Wheat in DSSAT 4.5, and the results were tested with the data from trial plots. The calculated genetic coefficient of wheat, Fang 60 cultivar, could accurately predict phenology of the cultivar as better as the observed values but it gave poor prediction for growth, biomass and yield.

**Keywords:** cultivar coefficient, Fang 60, crop simulation model, decision support system

## คำนำ

โปรแกรมระบบสนับสนุนการตัดสินใจเพื่อการถ่ายทอดเทคโนโลยีทางการเกษตร (Decision Support System for Agrotechnology Transfer; DSSAT) เป็นโปรแกรมที่ถูกพัฒนาขึ้นเพื่อจำลองการเจริญเติบโตและพัฒนาการของพืชที่ตอบสนองต่อปัจจัยสภาพแวดล้อมต่างๆ โดยจะอธิบายข้อมูลในรูปแบบของสมการทางคณิตศาสตร์ (Hoogenboom et al., 2015) ในปัจจุบันในประเทศไทยได้มีการประยุกต์ใช้แบบจำลองการเจริญเติบโตของพืชหลายชนิด เพื่อทำความเข้าใจปฏิสัมพันธ์ระหว่างพันธุกรรม สรีรวิทยา และสภาพแวดล้อม ที่มีผลต่อการเจริญเติบโต และการให้ผลผลิต ได้แก่ ข้าว ข้าวโพด ถั่วเหลือง ถั่วลิสง และมัน

สำปะหลัง แต่ยังไม่พบหลักฐานการประยุกต์ใช้แบบจำลองการเจริญเติบโตของข้าวสาลีในประเทศไทย (ลีปวิษญ์, 2566) อย่างไรก็ตามจากงานวิจัยของ Ibrahim et al. (2016) สามารถใช้เป็นค่าเริ่มต้นได้เนื่องจากเป็นกลุ่ม spring wheat เช่นเดียวกับกับกลุ่มพันธุ์ที่ปลูกในประเทศไทย (สุธีรา และคณะ, 2554) ซึ่งมีตัวอย่างการใช้ประโยชน์หลายด้านด้วยกัน เช่น ใช้เป็นเครื่องมือช่วยในการตัดสินใจปลูกพืช ทดสอบเปรียบเทียบพันธุ์พืชในหลากหลายสภาพแวดล้อม ศึกษาปฏิกริยาสัมพันธ์ระหว่างพันธุกรรมและสภาพแวดล้อม และการออกแบบพืชในอุดมคติ (Banterng et al., 2003) โดยข้อมูลที่จำเป็นสำหรับป้อนเข้าสู่แบบจำลอง ได้แก่ ข้อมูล

สภาพอากาศ ข้อมูลดิน ข้อมูลการจัดการ และข้อมูลพืช หรือค่าสัมประสิทธิ์พันธุกรรม (ลีปวิชัย และคณะ, 2562) จากงานวิจัยของ Jongkaewattana and Vejpas (1998) ได้ใช้ DSSAT ในข้าวซึ่งแบบจำลองได้คาดการณ์ วันออกดอกและวันสุกแก่ทางสรีระได้ดีมาก แต่คาดการณ์ ผลผลิตข้าวได้มากกว่าที่วัดได้จากแปลงทดลอง ส่วน Pathak et al. (2006) พบว่า แบบจำลองคาดคะเน ปริมาณการสูญเสียธาตุไนโตรเจนระหว่างพัฒนาการ การเจริญเติบโตของข้าว ได้แก่ denitrification, leaching และ volatilization ได้อย่างแม่นยำ อีกทั้งยังทำนาย ปริมาณไนโตรเจนที่ข้าวสามารถดูดใช้ในแต่ละกรรมวิธี ของการจัดการปุ๋ยไนโตรเจนได้เป็นที่น่าพอใจ ทำให้เห็นว่าแบบจำลองการเจริญเติบโตของพืช เป็นเครื่องมือหนึ่ง ที่ช่วยสนับสนุนการตัดสินใจซึ่งสามารถจำลองสถานการณ์ การเจริญเติบโตของพืชและผลผลิต ลดแรงงาน ระยะเวลา และค่าใช้จ่ายในงานวิจัย รวมถึงช่วยพัฒนาระบบการผลิต พืชทั้งในด้านของการปรับปรุงพันธุ์พืช และการเกษตรกรรม (Banterng et al., 2006; Suriham et al., 2008; Phakamas et al., 2010; Bingham and Wu, 2011) อย่างไรก็ตามจากงานวิจัยของสุนทร และเมธี (2530) ได้ใช้ CERES ใน DSSAT ในการศึกษาพัฒนาการของข้าว พันธุ์ต่างๆ แล้วเปรียบเทียบกับผลการทดลอง ที่จังหวัด เชียงใหม่ พบว่า มีความแตกต่างระหว่างค่าพยากรณ์ และ ค่าวัดจริงของผลผลิต และองค์ประกอบของผลผลิต เนื่องจาก genetic parameter ที่ใช้ไม่ถูกต้อง ซึ่งข้อมูลค่าสัมประสิทธิ์ ทางพันธุกรรมเป็นข้อมูลที่มีความจำเพาะ และแตกต่างกันในแต่ละชนิดของพืช สำหรับข้าวสาลีพันธุ์ฝาง 60 เป็นพันธุ์ที่ให้ผลผลิตสูง เหมาะสมสำหรับการแปรรูปเป็นแป้งอเนกประสงค์ รวมทั้งใช้เพาะงอกเป็นน้ำคั้นต้นอ่อนข้าวสาลี นิยมปลูกมากในพื้นที่ภาคเหนือตอนบนของประเทศไทย อย่างไรก็ตามหากต้องการใช้ข้าวสาลีพันธุ์ฝาง 60 เพื่อส่งเสริมปลูก ในพื้นที่อื่นๆ สามารถใช้ DSSAT ประเมินการเจริญเติบโต และการให้ผลผลิตได้ ซึ่งเป็นการลดงบประมาณหรือ ค่าใช้จ่าย รวมทั้งระยะเวลาในการทดลอง และคัดเลือก พื้นที่ปลูกเบื้องต้นได้ ดังนั้นจึงต้องการประเมินให้ได้ค่า สัมประสิทธิ์ทางพันธุกรรมของข้าวสาลีพันธุ์ฝาง 60 ให้

เหมาะสมกับการใช้งานสำหรับ CSM-CROPGRO-Wheat ใน DSSAT v4.7

## อุปกรณ์และวิธีการ

### การประมาณค่าสัมประสิทธิ์ทางพันธุกรรม

พันธุ์ข้าวสาลีพันธุ์ฝาง 60 เป็นข้าวสาลีขนมปัง ซึ่งได้รับการปรับปรุงพันธุ์จากศูนย์วิจัยการปรับปรุง ข้าวโพดและข้าวสาลีนานาชาติ (CIMMYT) ประเทศ เม็กซิโก นำมาที่สถานีทดลองพืชสวนฝาง ผ่านการศึกษา พันธุ์ และการเปรียบเทียบผลผลิต ซึ่งเป็นพันธุ์ที่ให้ผลผลิต สูง ต้านทานโรคราสนิมใบปานกลาง ปลูกในสภาพร้อน และแห้งแล้งได้ดีในภาคเหนือ เกษตรกรนิยมปลูกแม้ว่าจะ รับประทานธัญมาตั้งแต่ปี 2530 โดยมีน้ำหนักร 1,000 เมล็ด 37 กรัม มีขนาดเมล็ดค่อนข้างใหญ่ ปริมาณโปรตีนใน เมล็ด 10 – 11 % ผลผลิตประมาณ 280 กก./ไร่ เป็นที่ ต้องการของตลาด

วางแผนการทดลองแบบ randomized complete block (RCB) จำนวน 6 ซ้ำ กำหนดวันปลูก จำนวน 3 วันปลูกเป็นตำรับการทดลอง ได้แก่ วันที่ 15 พ.ย. 2564, 1 ธ.ค. 2564 และ 15 ธ.ค. 2564 ใช้พันธุ์ข้าว สาลีพันธุ์ฝาง 60 เป็นพันธุ์ทดสอบ ขนาดแปลงย่อย 2 x 6 ม. ด้วยวิธีการโรยเป็นแถว ยาว 6 ม. ระยะห่างระหว่าง แถว 20 ซม. ใช้อัตราเมล็ดพันธุ์ 20 กก./ไร่ ให้น้ำทันที หลังปลูกและให้น้ำทุก 10-14 วัน ใส่ปุ๋ย จำนวน 2 ครั้ง ประกอบด้วย ครั้งที่ 1 ให้ปุ๋ย N = 12 กก./ไร่ + ปุ๋ย P = 12 กก./ไร่ + ปุ๋ย K = 12 กก./ไร่ พร้อมปลูก และครั้งที่ 2 ให้ปุ๋ย N = 10 กก./ไร่ หลังปลูก 20 วัน การดูแลแปลงปลูกทำการกำจัดวัชพืช หลังปลูก 20-30 วัน และป้องกันกำจัดโรค แมลง โดยใช้สารเคมีตาม คำแนะนำของกรมวิชาการเกษตร

เก็บข้อมูลการเจริญเติบโตรายสัปดาห์ เริ่มเก็บ ข้อมูลหลังงอก 7 วัน ได้แก่ จำนวนต้น ความสูง น้ำหนัก แห้ง (แยกส่วนใบและกาบ ชั่งน้ำหนัก สำหรับช่วง vegetative phase และแยกส่วนใบ กาบ ต้น และผลผลิต ชั่งน้ำหนัก สำหรับช่วง reproductive phase) นำไปอบที่ อุณหภูมิ 80 °C เป็นเวลา 72 ชม. หรือจนกว่าน้ำหนักแห้ง จะคงที่ เก็บข้อมูลต่อไปทุกสัปดาห์จนข้าวสุกแก่ รวม 14

สัปดาห์ เมื่อเก็บเกี่ยวทำการเก็บข้อมูลผลผลิตพื้นที่ 1 x 5 ตร.ม. ชั่งน้ำหนักที่ความชื้น 12 % พร้อมทั้งบันทึกข้อมูล อุตุณิยมวิทยา ซึ่งประกอบด้วย อุณหภูมิสูงสุดและต่ำสุด รายวัน ปริมาณรังสีดวงอาทิตย์ และปริมาณน้ำฝนรายวัน จากสถานีตรวจวัดอากาศของอำเภอสะเมิง (กรมอุตุณิยมวิทยา, 2567) ตลอดจนการทดลอง

ทำการคำนวณค่าสัมประสิทธิ์ทางพันธุกรรม (model calibration) ของข้าวสาลีพันธุ์ฝาง 60 โดยการนำข้อมูลจากการทดลองการประมาณค่าสัมประสิทธิ์ทางพันธุกรรม ซึ่งประกอบด้วย ข้อมูลสภาพอากาศ (กรมอุตุณิยมวิทยา, 2567) ข้อมูลดิน (กรมพัฒนาที่ดิน, 2567) และข้อมูลการจัดการ ใช้เป็นข้อมูลตัวป้อนให้กับแบบจำลอง จากนั้นทำการจำลองสถานการณ์ด้วยแบบจำลอง CSM-CROPGRO-Wheat ซึ่งถูกบรรจุอยู่ในโปรแกรม DSSAT v4.7 ร่วมกับข้อมูลสัมประสิทธิ์ทางพันธุกรรมเริ่มต้นของข้าวสาลีที่มีการพัฒนาการและการเจริญเติบโตใกล้เคียงกับฝาง 60 ซึ่งมีอยู่แล้วในฐานข้อมูลของ DSSAT v4.7 (Hoogenboom et al., 2015) โดยแบบจำลองการเจริญเติบโตของข้าวสาลี มีค่าสัมประสิทธิ์ทางพันธุกรรมรวมทั้งหมด 7 ลักษณะ เมื่อทำการจำลองสถานการณ์แล้ว จึงนำผลที่ได้มาเปรียบเทียบกับค่าสังเกต

ที่ได้จากการทดลอง ประกอบด้วย น้ำหนักแห้งใบ ต้น เมล็ด และส่วนเหนือดิน หากค่าที่ได้จากการจำลองยังไม่มี ความสอดคล้องกับค่าสังเกตจะทำการปรับค่าสัมประสิทธิ์ทางพันธุกรรมทีละตัวแล้วให้แบบจำลองประมวลผลใหม่ โดยเป็นการคำนวณแบบสุ่มในการเปลี่ยนแปลงค่าสัมประสิทธิ์ภายใต้ค่าต่ำสุดและค่าสูงสุดของสัมประสิทธิ์นั้น ผู้ใช้สามารถเลือกให้ปรับค่าพัฒนาการ (phenology) หรือค่าการเจริญเติบโตหรือผลผลิต (growth) หรือทั้งสองอย่างพร้อมกันได้ (ซิซนุชา และคณะ, 2554) แล้วนำผลมาเปรียบเทียบกันจนกว่าทั้ง 2 ชุดข้อมูลจะมีความสอดคล้องกันมากที่สุด โดยประเมินความสอดคล้องของข้อมูลด้วยวิธีการวิเคราะห์ทางสถิติ ในโปรแกรม GLUE (Generalized Likelihood Uncertainty Estimation) ซึ่งเขียนโปรแกรมโดย Paul Wilkens (IFDC) (Hoogenboom et al., 2015) โดยนำค่าเฉลี่ยค่าสังเกต จากแปลงทดลอง (mean observed) มาเปรียบเทียบกับค่าเฉลี่ยที่ทำนายจากแบบจำลอง CROPGRO (mean simulated) ประกอบด้วยค่า root mean square error (RMSE) (Wallach and Goffinet, 1989) และ ค่า agreement index ( $d$ ) (Willmott, 1982)

$$RMSE = [N^{-1} \sum_{t=1}^n (p_i - o_i)^2]^{0.5}$$

Where:  $p_i$  = simulation value

$o_i$  = observed value

$N$  = number of observation (equal to number of simulation)

$$\text{agreement index } (d) = 1 - \left[ \frac{\sum_{t=1}^n (p_i - o_i)^2}{\sum_{t=1}^n (|p_i| + |o_i|)^2} \right]$$

Where:  $p'_i = p_i - \bar{o}$

#### การประเมินแบบจำลอง

ประเมินแบบจำลองโดยใช้ข้อมูลจากแบบจำลองสถานการณ์ด้วยค่าสัมประสิทธิ์ทางพันธุกรรม ที่ได้ข้างต้นร่วมกับข้อมูลที่ได้จากแปลงทดลองเปรียบเทียบผลผลิตข้าวสาลีในฤดูปลูกปี 2565/2566 ทั้ง 4 พื้นที่ๆ ละ

4 แปลง ได้แก่ 1) ศูนย์วิจัยข้าวสะเมิง อ.สะเมิง จ. เชียงใหม่ 2) ศูนย์วิจัยข้าวแม่ฮ่องสอน อ.ปางมะผ้า จ. แม่ฮ่องสอน 3) แปลงทดลองและผลิตเมล็ดพันธุ์ข้าวและ ธัญพืชเมืองหนาว ดงหลักหมื่น อ.ฝาง จ.เชียงใหม่ และ 4) โครงการพัฒนาพื้นที่สูงแบบโครงการหลวงบ่อเกลือ อ.บ่อ

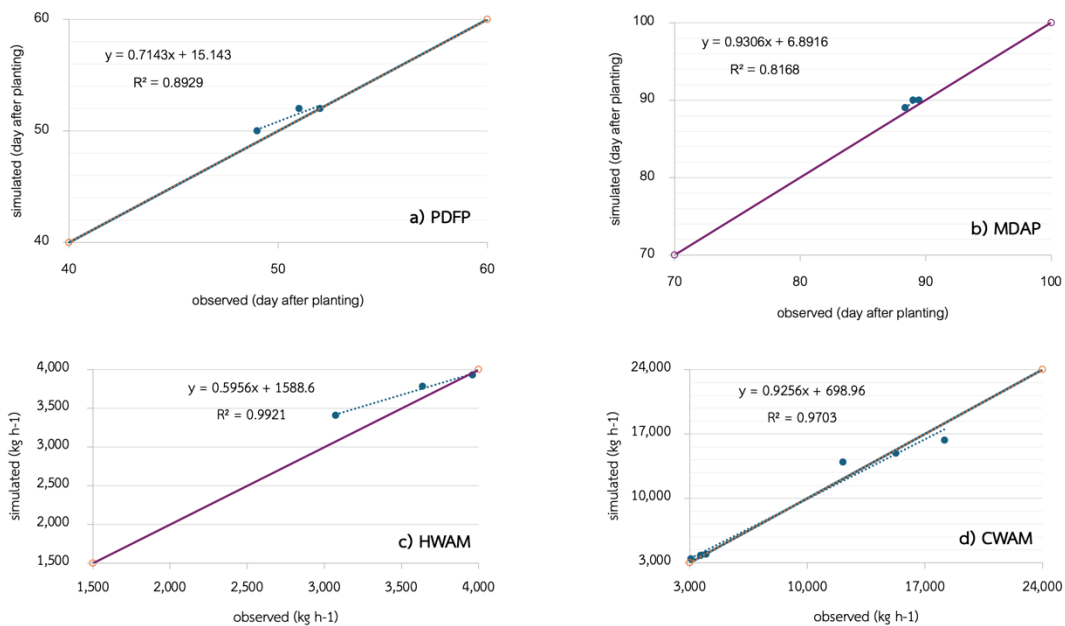
เกลือ จ.น่าน รวมทั้งหมด 16 แปลง ร่วมกับฐานข้อมูลดิน ภูมิอากาศ การจัดการของแต่ละแปลงทดลอง ตามมาตรฐานการปฏิบัติของแปลงทดสอบเปรียบเทียบ ผลผลิตข้าวสาลี เปรียบเทียบความแตกต่างระหว่างค่าที่ได้ จากแบบจำลองและค่าที่ได้จากแปลงทดลองโดยใช้ค่า RMSE และค่า  $d$

### ผลการทดลองและวิจารณ์

#### การประมาณค่าสัมประสิทธิ์ทางพันธุกรรม

การประมาณค่าสัมประสิทธิ์ทางพันธุกรรมของ ข้าวสาลีพันธุ์ฝาง 60 เบื้องต้นใช้ข้อมูลการทดลองของวัน ปลูกที่ 1 (15 พ.ย. 2564) ปรับค่าสัมประสิทธิ์ ทาง พันธุกรรมทั้ง 2 ส่วน ใช้ maturity group 3 ซึ่งอยู่ในกลุ่ม

เดียวกับพันธุ์ spring wheat มาปรับค่าสัมประสิทธิ์ต่างๆ เปรียบเทียบกับค่าที่ได้จากแปลงทดลอง แล้วจึงปรับค่า ด้วยข้อมูลจากอีก 2 วันปลูก (1 ธ.ค. 2564 และ 15 ธ.ค. 2564) ข้าวสาลีพันธุ์ฝาง 60 มีระยะพัฒนาการแตกต่างกัน ใน 3 วันปลูก โดยวันออกดอกอยู่ในช่วง 49-52 วัน ระยะ สุกแก่ทางสรีรวิทยาอยู่ระหว่าง 88-89 วัน ข้าวสาลีพันธุ์ ฝาง 60 ปลูกล่าช้าออกไปมีแนวโน้มออกดอกเร็วกว่าผล การเปรียบเทียบข้อมูลจากแบบจำลอง และข้อมูลจาก แปลงทดลองจริงแสดงดัง Figure 1 พบว่า แบบจำลอง สามารถประมาณค่าระยะการเจริญเติบโตของข้าวสาลี โดยเฉพาะวันออกดอก ( $r^2 = 0.89$ ) และวันสุกแก่ทาง สรีรวิทยา ( $r^2 = 0.82$ ) ได้ดี ส่วนการประมาณการ เจริญเติบโตของข้าวสาลีสามารถประมาณค่าน้ำหนักส่วน เหนือดิน ( $r^2 = 0.97$ ) รวมทั้งผลผลิต ( $r^2 = 0.99$ ) ได้ดี



**Figure 1** Simulation versus observed values (calibration process) for the number of days from planting to flowering (a; PDFF) to physiological maturity (b; MDAP) yield at harvest maturity (c; HWAM) and top dry weight (CWAM) of Fang 60 cultivar

#### การประเมินแบบจำลอง

การประเมินแบบจำลองใช้การเปรียบเทียบ ข้อมูล จากการจำลองและการทดลองด้วย RMSE และ  $d$  พบว่า สามารถประมาณค่าสูงแก่ได้ดีที่สุด RMSE และ  $d$  มีค่า 1.6 และ 0.99 ตามลำดับ ส่วนวันออกดอก RMSE

และ  $d$  มีค่า 1.9 และ 0.98 ตามลำดับ ส่วนการประมาณ การเจริญเติบโตของข้าวสาลีสามารถประมาณค่าน้ำหนัก ส่วนเหนือดินได้ดีที่สุด RMSE และ  $d$  มีค่า 1,037.1 และ 0.97 ตามลำดับ ส่วนการประมาณผลผลิตไม่แม่นยำ RMSE มีค่าสูง และ  $d$  มีค่าปานกลาง (Table 2)

**Table 2** Root mean square (RMSE) and agreement index (*d*) mean and standard deviation (sd) of simulated and observed values for crop character of Fang 60

Crop character	simulation		observation		RMSE	<i>d</i>
	mean	sd	mean	sd		
flowering (DAP)	49.4	2.6	50.7	3.2	1.9	0.98
physiological maturity (DAP)	89.9	5.7	90.2	7.1	1.6	0.99
yield at harvest maturity (kg h <sup>-1</sup> )	3,340.5	648.2	2,995.6	516.9	620.5	0.61
top weight at harvest maturity (kg h <sup>-1</sup> )	14,460.1	922.4	18,171.5	1,006.2	1,037.1	0.97

ส่วนการประเมินแบบจำลองใช้การเปรียบเทียบข้อมูลที่รวบรวมได้จากแปลงเปรียบเทียบผลผลิตข้าวสาลีจำนวน 16 แปลงทดลอง พบว่า สามารถประมาณค่าผลผลิตมีความแม่นยำลดลงจากแปลงขั้นต้น RMSE และ *d* มีค่า 601.8 และ 0.56 ตามลำดับ ส่วนการประมาณวันเก็บเกี่ยวสามารถประมาณได้ดี RMSE และ *d* มีค่า 8.7

และ 0.79 ตามลำดับ (Table 3) และเมื่อทดสอบกับค่าสัมประสิทธิ์ทางพันธุกรรมของ Ibrahim et al. (2016) (Table 4) ด้วยตัวอย่างเดียวกับพบว่า ประมาณค่าผลผลิตมีความแม่นยำต่ำ RMSE และ *d* มีค่า 2,701 และ 0.39 ตามลำดับ

**Table 3** Root mean square (RMSE) and agreement index (*d*) mean and standard deviation (sd) of simulated and observed values for crop character of Fang 60 from 16 yield trial experiments in the upper north region

Crop character	simulation		observation		RMSE	<i>d</i>
	mean	sd	mean	sd		
yield at harvest maturity (kg h <sup>-1</sup> )	4,330.8	517.2	3,258.1	411.2	601.8	0.56
physiological maturity (DAP)	90.2	6.2	89.8	8.4	8.7	0.79

**Table 4** Cultivar coefficients of Fang 60 used in the CSM-CROPGRO-Wheat model in DSSAT4.7

GC	P1V	P1D	P5	G1	G2	G3	PHINT
Fang 60 <sup>1</sup>	20	88	550	17	38	1.5	95
Ibrahim <sup>2</sup>	5	4	577	19	43	1.8	95

<sup>1</sup>adjusted GCs values

<sup>2</sup>Ibrahim et al. (2016)

Remake:

P1V = Days required for vernalization under optimum vernalizing temperature

P1D = Percentage reduction in rate/10 h drop in photoperiod relative to that at threshold, which is 20 h

P5 = Grain filling phase duration (°C day)

G1 = Kernel number per unit canopy weight at anthesis (# g<sup>-1</sup>)

G2 = Standard kernel size under optimum conditions (mg)

G3 = Standard and non-stressed mature tiller weight (including grain) (gram dry weight)

PHINT = Interval between subsequent leaf tip appearances (°C day)

การประมาณค่าสัมประสิทธิ์ทางพันธุกรรมของข้าวสาลีพันธุ์ฝาง 60 โดยใช้ Maturity group สูงกว่าการประมาณค่าด้วย Maturity group ของ Ibrahim *et al.* (2016) ในแต่ละพารามิเตอร์ทำให้ค่าที่ได้แตกต่างกัน โดยเฉพาะ Maturity group 1 เป็นช่วงเวลาในการสะสมอุณหภูมิเพื่อใช้ในการเจริญเติบโต เริ่มต้นตั้งแต่การงอกของเมล็ดเป็นต้นกล้า ถึงแม้การกำหนดค่าสัมประสิทธิ์ทางพันธุกรรม พื้นฐานจะเลือกใช้กลุ่มข้าวสาลีเดียวกัน แต่ค่าจากแบบจำลองมีค่าแตกต่างกันค่อนข้างมาก ดังนั้น Maturity group ของแต่ละพันธุ์ข้าวสาลีมีความเฉพาะเจาะจงเป็นอย่างมากไม่สามารถใช้ทดแทนกันได้ ถึงแม้จะใช้ base temperature of 9 °C ในการคำนวณเหมือนกัน จึงต้องใช้จำนวนวันที่ต้องผ่านกระบวนการ vernalization ภายใต้อุณหภูมิที่เหมาะสมที่สุดในแต่ละพันธุ์ รวมทั้ง Maturity group 2 แสดงเปอร์เซ็นต์การลดลงของอัตราการเจริญเติบโตต่อการลดลงของช่วงแสง 10 ซม. เทียบกับที่เกณฑ์เริ่มต้น (20 ซม.) กล่าวคือพันธุ์เริ่มต้นที่ใช้ในการคำนวณมีอัตราต่อการลดลงของช่วงแสงน้อยกว่าพันธุ์ฝาง 60 เป็นต้น จากข้อมูลในการทดลองนี้ชี้ให้เห็นว่าแบบจำลองสามารถจำลองสถานการณ์ได้สอดคล้องกับค่าสังเกตจริงจากแปลงทดลองได้ดีในบางพารามิเตอร์ โดยเฉพาะวันออกดอกและวันสุกแก่ทางสรีรวิทยาของข้าวสาลีพันธุ์ฝาง 60 เท่านั้น สอดคล้องกับรายงานการประเมินค่าสัมประสิทธิ์ทางพันธุกรรมของข้าวสาลีและข้าวโพดที่ได้รับบุเกนธ์การประเมินด้วยค่า nRMSE และ d-index ซึ่งความสอดคล้องจากข้อมูลอยู่ในระดับดีและปานกลาง เมื่อค่า nRMSE ต่ำกว่า ร้อยละ 15 และมีค่าระหว่าง ร้อยละ 15 - 30 รวมถึงความสอดคล้องจากข้อมูลอยู่ในระดับดีเยี่ยมและดี หากค่า d-index มีค่ามากกว่า 0.9 และอยู่ระหว่าง 0.8 - 0.9 ตามลำดับ (Li *et al.*, 2015)

อย่างไรก็ตามจากการรวบรวมข้อมูลจากแปลงเปรียบเทียบผลผลิตข้าวสาลี รวมทั้งงานวิจัยที่เกี่ยวข้อง งานวิจัยข้าวสาลีและแบบจำลองในประเทศไทยยังขาดข้อมูลที่จำเป็นที่ต้องใช้ในแบบจำลองอยู่มาก เช่น ข้อมูลดินต้องเก็บข้อมูลจริงจากแปลงทดลอง เพื่อเพิ่มเป็นข้อมูล soil profiles ในไฟล์ข้อมูลดิน (.SOL) ข้อมูลการจัดการ

ข้อมูลพัฒนาการที่มักไม่ปรากฏในรายงาน รวมทั้งข้อมูลภูมิอากาศในแปลงจริง ซึ่งการทดลองนี้ใช้จากสถานีอุตุนิยมวิทยาที่อยู่ใกล้เคียงซึ่งอาจทำให้ผลการจำลองแตกต่างจากข้อมูลแปลงทดลอง นอกจากนี้การสร้างไฟล์การทดลองก็มีความสำคัญโดยเฉพาะค่าเริ่มต้นของข้อมูลดิน การตรึงไนโตรเจนจำเป็นต้องได้รับการปรับปรุงให้เหมาะสม เนื่องจากการปลูกในสถานที่แตกต่างกันมีการตอบสนอง คุณภาพข้อมูลจากงานวิจัยที่จะนำมาใช้ในการศึกษาควรพิจารณาเป็นลำดับแรกๆ และการนำค่าสัมประสิทธิ์ของพันธุ์ฝาง 60 ไปใช้ในการศึกษาในสภาพแวดล้อมที่หลากหลายจำเป็นต้องมีการปรับค่าให้เหมาะสมอีกเพื่อให้สามารถนำไปใช้งานได้จริง ดังนั้นการประมาณการเจริญเติบโตของข้าวสาลี ยังจำเป็นที่จะต้องศึกษารวบรวมข้อมูลการเจริญเติบโตและพัฒนาของข้าวสาลีพันธุ์นี้เพิ่มเติม เพื่อปรับค่าสัมประสิทธิ์ที่เกี่ยวกับการเจริญเติบโตให้เหมาะสมต่อไป

#### สรุปผลการทดลอง

การประมาณค่าสัมประสิทธิ์ทางพันธุกรรมของข้าวสาลีพันธุ์ฝาง 60 โดยใช้ข้อมูลค่าสังเกตระยะพัฒนาการและการเจริญเติบโต ชีวมวลของส่วนต้น ใบ และเมล็ด จากแปลงทดลองที่ดำเนินการระหว่างฤดูปลูกปี 2564 – 2566 ในพื้นที่จังหวัดเชียงใหม่ แม่ฮ่องสอน และน่าน โดยใช้แบบจำลอง CSM-CROPGRO-Wheat พบว่าค่าสัมประสิทธิ์ทางพันธุกรรมของข้าวสาลีพันธุ์ฝาง 60 ที่ได้ สามารถประมาณระยะการเจริญเติบโตของข้าวสาลี โดยเฉพาะวันออกดอก และสุกแก่ทางสรีรวิทยาได้ค่อนข้างดี ส่วนการประมาณการเจริญเติบโตของข้าวสาลีสามารถประมาณค่าน้ำหนักส่วนเหนือดินได้ดี แต่ยังคงประมาณการผลผลิตได้ไม่แม่นยำ

#### คำขอบคุณ

งานวิจัยนี้ได้รับงบประมาณจากสำนักงานคณะกรรมการส่งเสริมวิทยาศาสตร์ วิจัยและนวัตกรรม

(สกสว.) และงบประมาณจากเงินรายได้จากการดำเนินงานวิจัยและส่งเสริมด้านข้าว กรมการข้าว

### เอกสารอ้างอิง

กรมพัฒนาที่ดิน. 2567. ข้อมูลสารสนเทศทรัพยากรดิน รายจังหวัด. ค้นเมื่อ 13 มิถุนายน 2567, [http://www.ldd.go.th/www/lek\\_web/web.jsp?id=17868](http://www.ldd.go.th/www/lek_web/web.jsp?id=17868).

กรมอุตุนิยมวิทยา. 2567. สภาพอากาศภาคเหนือ. ค้นเมื่อ 13 มิถุนายน 2567, <https://www.tmd.go.th/region.php?RegionID=1>.

ชิษณุชา บุคดาบุญ อรรถชัย จินตะเวช และ เกอร์ริต ฮูเกนบูม. 2554. การปรับค่าสัมประสิทธิ์ทางพันธุกรรมของข้าวโดยใช้ GENCALC และ GLUE. ใน: การประชุมวิชาการระบบเกษตรแห่งชาติ ครั้งที่ 7. วันที่ 8 - 10 สิงหาคม 2554. โรงแรมตักศิลา อำเภอเมือง จังหวัดมหาสารคาม.

สิปวิชญ์ ปัญญาตุ้ย. 2566. การประเมินศักยภาพเชิงพื้นที่และอิทธิพลของวันปลูกต่อการผลิตข้าวสาลีสายพันธุ์ดีเด่นในพื้นที่จังหวัดเชียงใหม่และแม่ฮ่องสอน. ดุษฎีนิพนธ์ สาขาพืชไร่ มหาวิทยาลัยแม่โจ้.

สิปวิชญ์ ปัญญาตุ้ย ศิริลักษณ์ ไญบุญทา สุทธกานต์ ใจกาวิล และ พิชญ์นันท์ กังแฮ. 2562. การคาดคะเนผลผลิตตามอัตราปุ๋ยไนโตรเจนสำหรับข้าวพันธุ์สันป่าตอง 1 โดยใช้แบบจำลอง DSSAT. ใน การสัมมนาวิชาการข้าวและธัญพืชเมืองหนาว กลุ่มศูนย์วิจัยข้าวภาคตะวันออกเฉียงเหนือและภาคเหนือ ประจำปี 2562. วันที่ 5-7 มีนาคม 2562. โรงแรมเมืองทองธานี รีสอร์ท โคราซ จังหวัดนครราชสีมา.

สุนทร บุรณะวีริยะกุล และ เมธี เอกะสิงห์. 2530. การทดสอบแบบจำลอง CERES-RICE สำหรับการผลิตรข้าวในสภาพของเชียงใหม่. เอกสารการวิจัย เล่มที่ 18. ศูนย์วิจัยเพื่อเพิ่มผลผลิตการเกษตร มหาวิทยาลัยเชียงใหม่.

สุธีรา มุลศรี, นงนุช ประดิษฐ์, พจน์ วัจนะภูมิ, นิตศน์ สิทธิวงศ์, ศิวะพงศ์ นฤบาล, ไพโรจน์ โชติตินสารณ์, กาญจนา พิบูลย์ และ สาธิต ปันมณี. 2554. ข้าวสาลีสายพันธุ์ดีเด่น. หน้า 380 - 387. ใน สัมมนาวิชาการกลุ่มศูนย์วิจัยข้าวภาคเหนือตอนบนและภาคเหนือตอนล่าง. วันที่ 14 - 16 กุมภาพันธ์ 2554. จังหวัดแพร่.

Bantern, P., A. Patanothai, K. Pannangpetch, S. Jogloy, and G. Hoogenboom. 2003. Applicability of the CROPGRO-Peanut model in assisting multi-location evaluation of peanut breeding lines. Thai Journal of Agricultural Science. 37, 407-418.

Bantern, P., A. Patanothai, K. Pannangpetch, S. Jogloy, and G. Hoogenboom. 2006. Yield stability evaluation of peanut lines: A comparison of an experimental versus a simulation approach. Field Crops Research. 96(1), 168-175.

Bingham, I.J., and L. Wu. 2011. Simulation of wheat growth using the 3D root architecture model SPACSYS: validation and sensitivity analysis. European Journal of Agronomy. 34(3), 181-189.

Hoogenboom, G., J.W. Jones, P.W. Wilkens, C.H. Porter, K.J. Boote, L.A. Hunt, U. Singh, J.I. Lizaso, J.W. White, O. Uryasev, R. Ogoshi, J. Koo, V. Shelia, and G.Y. Tsuji. 2015. Decision Support System for Agrotechnology Transfer (DSSAT) Version 4.6 (www.DSSAT.net). Prosser, Washington: DSSAT Foundation

Ibrahim, O.M., A.A. Gaafar, A.M. Wali, M.M. Tawfik, and M.M. El-Nahas. 2016. Estimating cultivar coefficients of a spring wheat using GenCalc and GLUE in DSSAT. Journal of Agronomy. 15(3), 130-135.



- Jongkaewattana, S. and C. Vejpas. 1998. Validation of CERES-RICE Model. Rice Decision Support System Project. Chiang Mai: Multiple Cropping Center, Chiang Mai University.
- Li, Z.T., J.Y. Yang, C.F. Drury, and G. Hoogenboom. 2015. Evaluation of the DSSAT-CSM for simulating yield and soil organic C and N of a long-term maize and wheat rotation experiment in the Loess Plateau of Northwestern China. *Agricultural Systems*. 135, 90–104.
- Pathak, H., C. Li, R. Wassmann, and J.K. Ladha. 2006. Simulation of Nitrogen Balance in Rice-Wheat Systems of the Indo-Gangetic Plains. *Soil Science Society of America Journal*. 70(5), 1612–1622.
- Phakamas, N., A. Patanothai, K. Pannangpetch, S. Jogloy and G. Hoogenboom. 2010. Determination of adaptive responses of peanut genotypes and patterns of genotype x location interaction using the CSM-CROPGRO-Peanut model. *International Journal of Plant Production*. 4(3), 223–234.
- Suriharn, B., A. Patanothai, K. Pannangpetch, S. Jogloy, and G. Hoogenboom. 2008. Yield performance and stability evaluation of peanut breeding lines with the CSM-CROPGRO-Peanut model. *Crop Science*. 48(4), 1365–1372.
- Wallach, D., and B. Goffinet. 1989. Mean squared error of prediction as a criterion for evaluating and comparing system models. *Ecological modelling*. 44(3–4), 299–306.
- Willmott, C.J. 1982. Some comments on the evaluation of model performance. *Bulletin of the American Meteorological Society*. 63(11), 1309–1313.
- Willmott, C.T. 1982. Some comments on the evaluation of model performance. *Bulletin of the American Meteorological Society*. 63:1309 - 1313.