

การประยุกต์ใช้แบบจำลอง CSM-CROPGRO-Peanut สำหรับการปรับปรุงพันธุ์ถั่วลิสง ในประเทศไทย

Application of CSM-CROPGRO-Peanut for Peanut Breeding in Thailand

นิตยา ผกามาศ¹

คำนำ

แบบจำลองการเจริญเติบโตของถั่วลิสง (CSM-CROPGRO-Peanut) ถูกพัฒนาขึ้นโดยกลุ่มนักวิจัยจากหลายสาขาวิชาในมหาวิทยาลัยฟลอริดา ประเทศสหรัฐอเมริกา เป็นหนึ่งในแบบจำลองการเจริญเติบโตของพืช (crop simulation model) ที่ถูกบรรจุไว้ในโปรแกรมสำเร็จรูปชื่อว่า “ระบบสนับสนุนการตัดสินใจเพื่อการถ่ายทอดเทคโนโลยีทางการเกษตร (Decision Support System for Agrotechnology Transfer; DSSAT)” (Jones *et al.*, 2003; Hoogenboom *et al.*, 2004) ในปัจจุบันแบบจำลองการเจริญเติบโตของถั่วลิสง ได้มีการนำไปประยุกต์ใช้กันอย่างกว้างขวางทั่วโลก สำหรับประเทศไทยถือว่าเป็นประเทศหนึ่งที่ได้มีการนำแบบจำลองการเจริญเติบโตของถั่วลิสงเข้ามาประยุกต์ใช้ โดยเฉพาะงานทางด้านปรับปรุงพันธุ์ถั่วลิสง ซึ่งโดยทั่วไปในการปรับปรุงพันธุ์พืชเพื่อให้ได้พันธุ์ใหม่นั้น จะต้องใช้ทรัพยากร เวลา แรงงาน และงบประมาณในการดำเนินงานค่อนข้างสูง เพราะในการปรับปรุงพันธุ์มีขั้นตอนสำคัญหลายขั้นตอน เริ่มตั้งแต่การเลือกพันธุ์พ่อแม่ผสมที่ดี การผสมพันธุ์ การคัดเลือกและการทดสอบพันธุ์ ซึ่งจะเห็นว่ามีกระบวนการดำเนินงานหลายขั้นตอนก่อนที่จะได้พันธุ์ดีแนะนำสู่เกษตรกร

จากขั้นตอนที่ได้กล่าวมาแล้วข้างต้น ขั้นตอนของการทดสอบพันธุ์ถือว่าเป็นขั้นตอนหนึ่งที่มีข้อจำกัดค่อนข้างมาก เพราะการปลูกทดสอบพันธุ์ต้องให้ครอบคลุมแหล่งปลูกที่สำคัญทั้งหมด หรือในสภาพแวดล้อมที่มีความหลากหลาย เพื่อให้สามารถประเมินความสามารถในการแสดงลักษณะของพันธุ์พืชเหล่านั้นได้อย่างมีประสิทธิภาพ โดยปกตินักปรับปรุงพันธุ์จะดำเนินการโดยปลูกทดสอบในหลายสถานที่ หลายฤดู และหลายปี แต่อย่างไรก็ตามในสภาพความเป็นจริงนั้นไม่สามารถปลูกทดสอบให้ครอบคลุมแหล่งปลูกที่สำคัญได้ทั้งหมด อันเนื่องมาจากข้อจำกัดในการดำเนินงานดังที่ได้กล่าวไว้แล้วข้างต้น นอกจากนี้หากผลการทดสอบในแต่ละแหล่งปลูกเหมือนกันก็จะทำให้เป็นการสิ้นเปลืองทรัพยากรโดยเปล่าประโยชน์

จากข้อจำกัดต่าง ๆ เหล่านี้จึงทำให้กลุ่มนักวิจัยถั่วลิสงในประเทศไทยสนใจที่จะนำเอาแบบจำลองการเจริญเติบโตของถั่วลิสงมาประยุกต์ใช้ในโปรแกรมการปรับปรุงพันธุ์ถั่วลิสง เนื่องจากแบบจำลองดังกล่าวสามารถนำมาใช้เป็นเครื่องมือช่วยสนับสนุนการตัดสินใจและเพื่อแก้ไขข้อจำกัดต่าง ๆ เหล่านี้ได้ ดังนั้นจึงได้สรุปแนวทางการนำแบบจำลองการเจริญเติบโตของถั่วลิสงมาใช้ศึกษาวิจัยในโปรแกรมการปรับปรุงพันธุ์ถั่วลิสง เพื่อเป็นประโยชน์ต่อกลุ่มนักปรับปรุงพันธุ์พืชชนิดอื่นและผู้ที่เกี่ยวข้องต่อไป

1. การประเมินค่าสัมประสิทธิ์ทางพันธุกรรมของถั่วลิสง

โดยพื้นฐานแล้วแบบจำลองการเจริญเติบโตของถั่วลิสงจะสามารถทำงานได้ ต้องอาศัยข้อมูลตัวป้อน (input data) ทั้งหมด 4 ชนิด ประกอบด้วย ข้อมูลดิน สภาพอากาศรายวัน การจัดการ และค่าสัมประสิทธิ์ทางพันธุกรรมของพืช (genetic coefficients; GCs) ซึ่งจะเห็นว่าค่าสัมประสิทธิ์ทางพันธุกรรมเป็นข้อมูลชนิดหนึ่งที่ต้องมีความสำคัญมากต่อการนำแบบจำลองไปประยุกต์ใช้ ดังนั้นจึงจำเป็นต้องมีการประเมินในกรณีที่พันธุ์พืชที่เราต้องการศึกษานั้นยังไม่มีข้อมูล

¹สาขาวิชาเทคโนโลยีการผลิตพืช คณะเทคโนโลยีการเกษตร สถาบันเทคโนโลยีพระจอมเกล้าเจ้าคุณทหารลาดกระบัง กรุงเทพฯ 10520 โทรศัพท (02) 3298512, โทรสาร (02) 3298514, E-mail address ; kpnittay@kmitl.ac.th

สำหรับการประเมินค่าสัมประสิทธิ์ทางพันธุกรรมของถั่วลิสงในประเทศไทย เป็นงานศึกษาขั้นต้นที่นักปรับปรุงพันธุ์ถั่วลิสงของประเทศไทยได้นำเอาแบบจำลองมาประยุกต์ใช้ ซึ่งโดยปกติแล้วการประเมินค่าสัมประสิทธิ์ทางพันธุกรรมของพืชต้องดำเนินการในหลายสภาพแวดล้อม เพราะค่าที่เก็บบันทึกได้จากงานทดลองใดงานทดลองหนึ่ง สถานที่ใดสถานที่หนึ่ง หรือฤดูใดฤดูหนึ่ง มักไม่สามารถนำไปใช้ในการประเมินในงานทดลองอื่น และสถานที่หรือฤดูอื่นได้ ทั้งนี้เนื่องจากสภาพแวดล้อมที่เปลี่ยนแปลงไปอาจส่งผลให้แบบจำลองประเมินผลการทดลองผิดพลาดได้ ดังนั้นก่อนนำไปใช้กับชุดข้อมูลอื่น ๆ จึงควรมีการปรับค่า (calibration) สัมประสิทธิ์ทางพันธุกรรมก่อน ด้วยการจำลองสถานการณ์ภายใต้เงื่อนไขของสภาพแวดล้อมที่กำหนด โดยทำการปรับค่าสัมประสิทธิ์หลาย ๆ ครั้ง และเปรียบเทียบค่าที่ได้จากการประเมินและค่าที่ได้จากการสังเกตให้มีความคล้ายคลึงกันมากที่สุด โดยพิจารณาจากค่าทางสถิติ เช่น root mean square error (RMSE), modified forecasting efficiency (EF₁) และ index of agreement (d) เป็นต้น อย่างไรก็ตามภายหลังจากการปรับค่าและประเมินความสอดคล้องของข้อมูลจนได้ชุดข้อมูลที่จะนำไปใช้แล้ว จะต้องมีการนำชุดข้อมูลของค่าสัมประสิทธิ์ทางพันธุกรรมนี้ไปตรวจสอบ (validation) โดยทำการประเมินในสภาพแวดล้อมอื่น ๆ ที่ไม่ใช่ชุดข้อมูลเดิมและไม่มีการปรับค่าใด ๆ จากนั้นพิจารณาว่าแบบจำลองมีความสามารถในการทำนายถูกต้องและแม่นยำแค่ไหน ด้วยค่าทางสถิติเช่นเดียวกับการ calibration ก่อนที่จะนำค่าสัมประสิทธิ์เหล่านี้ไปใช้กับสภาพแวดล้อมอื่น ๆ ต่อไป

สำหรับการประเมินค่าสัมประสิทธิ์ทางพันธุกรรมของถั่วลิสงในประเทศไทย Banterng *et al.* (2004) รายงานว่าการประเมินค่าสัมประสิทธิ์ทางพันธุกรรมของถั่วลิสง เพื่อให้ได้ข้อมูลที่มีความเที่ยงตรงและสามารถนำไปใช้เป็นข้อมูลตัวบ่งชี้ให้กับแบบจำลองได้ สามารถประเมินได้ภายในระยะเวลา 2 ฤดูปลูก แต่อย่างไรก็ตามการศึกษาของเขายังมีข้อจำกัด เนื่องจากในจำนวนสายพันธุ์ที่นำมาใช้ในการปรับค่า (calibration) ทั้งหมด 26 สายพันธุ์นั้น ส่วนใหญ่เป็นสายพันธุ์ที่มีความใกล้ชิดกัน และมีเพียง 4 สายพันธุ์เท่านั้นที่เป็นชุดข้อมูลอิสระใช้สำหรับการตรวจสอบ (validation) ดังนั้นในเวลาต่อมา Suriham *et al.* (2007) จึงได้ทำการศึกษาซ้ำอีกครั้ง โดยทำการประเมินค่าสัมประสิทธิ์ทางพันธุกรรมของถั่วลิสงในระยะเวลา 2 ฤดูปลูก แต่ใช้สายพันธุ์ถั่วลิสงชุดใหม่จำนวน 17 สายพันธุ์ที่มีความหลากหลายทั้งในแง่ของขนาดเมล็ด อายุการเก็บเกี่ยว และระดับผลผลิต โดยทุกสายพันธุ์ที่ปลูกเพื่อการ calibration นั้นก็จะมีการปลูกเพื่อใช้เป็นข้อมูลสำหรับการ validation ด้วย ซึ่งผลการศึกษาของเขาสามารถยืนยันได้เป็นอย่างดีว่าการประเมินค่าสัมประสิทธิ์ทางพันธุกรรมของถั่วลิสงนั้น สามารถดำเนินการได้ภายในระยะเวลาเพียง 2 ฤดู แม้ว่าการทดลองนี้จะแสดงให้เห็นว่าการประเมินค่าสัมประสิทธิ์ทางพันธุกรรมของถั่วลิสงสามารถทำได้โดยใช้ระยะเวลาเพียง 2 ฤดูปลูก แต่ในการเก็บข้อมูลแต่ละฤดูปลูกนั้นจะต้องมีการจัดบันทึกข้อมูลตามแบบฟอร์มของ IBSNAT (1988) ประกอบด้วยข้อมูลพัฒนาการและการเจริญเติบโต สำหรับข้อมูลด้านพัฒนาการต้องมีการจัดบันทึกวันที่ของทุกระยะเริ่มตั้งแต่ววันที่ถั่วลิสงออก (VE), มีใบจริงขยายเต็มที่ 4 ใบ (V4), ออกดอกแรก (R1), สร้างเข็มแรก (R2), สร้างฝักแรก (R3), ฝักขยายเต็มที่ (R4), สร้างเมล็ดแรก (R5), เมล็ดเต็มฝัก (R6), สุกแก่ทางสรีรวิทยา (R7) และวันเก็บเกี่ยว (R8) ส่วนข้อมูลการเจริญเติบโตจะสุ่มเก็บตัวอย่างที่ระยะ V4, R4, R6, R7 และ R8 แล้วนำข้อมูลเหล่านั้นมาประเมินเพื่อให้ได้ค่าสัมประสิทธิ์ทางพันธุกรรมจำนวน 15 ค่า ดังแสดงใน Table 1

จะเห็นว่าการบันทึกข้อมูลสำหรับการประเมินค่าสัมประสิทธิ์ทางพันธุกรรมนั้นจะต้องใช้ระยะเวลา แรงงาน และงบประมาณค่อนข้างสูงเนื่องจากต้องเก็บบันทึกข้อมูลจำนวนหลายครั้ง ดังนั้น Anothai *et al.* (2008a) จึงได้เสนอแนวความคิดในการลดจำนวนครั้งของการจัดบันทึกข้อมูลลง และพบว่าการบันทึกข้อมูลด้านพัฒนาการเพียงแค่ระยะ R1 และ R8 และการบันทึกข้อมูลด้านการเจริญเติบโตที่ระยะ R6, R7 และ R8 ก็เพียงพอที่จะทำให้สามารถประเมินค่าสัมประสิทธิ์ทางพันธุกรรมของถั่วลิสงได้เช่นกัน นอกจากนี้เขายังได้เสนอแนวความคิดในการจัดบันทึกข้อมูลจาก yield trial เพื่อนำมาใช้ในการประเมิน เพียงแค่บันทึกข้อมูลวันที่ออกดอกและวันเก็บเกี่ยว และบันทึกข้อมูลน้ำหนักแห้งรวม, ผลผลิตฝักและเมล็ด, ขนาดเมล็ด, ดัชนีการเก็บเกี่ยวฝักและเมล็ด และเปอร์เซ็นต์การกะเทาะ (Anothai

et al., 2008b) ซึ่งนับว่าเป็นประโยชน์อย่างมาก เนื่องจากไม่จำเป็นต้องทำงานทดลองที่เฉพาะเจาะจงสำหรับการประเมินค่าสัมประสิทธิ์ทางพันธุกรรมเพียงอย่างเดียว

Table 1 Genetic coefficients (GCs) of the CSM-CROPGRO-Peanut model

Abbreviation	Definition	Unit
CSDL	Critical short day length below which reproductive development progresses with no daylength effect	h
PPSEN	Relative response of development to photoperiod with time	h ⁻¹
<i>Phenology parameters</i>		
EMFL	Time between plant emergence and flower appearance (R1)	Photothermal day
FLSH	Time between first flower and first pod (R3)	Photothermal day
FLSD	Time between first flower and first seed (R5)	Photothermal day
SDPM	Time between first seed (R5) and physiological maturity (R7)	Photothermal day
FLLF	Time between first flower (R1) and end of leaf expansion	Photothermal day
<i>Growth parameters</i>		
LFMAX	Maximum leaf photosynthesis rate at 30 °C, 350 vpm CO ₂ and high light	mg CO ₂ m ⁻² s ⁻¹
SLAVR	Specific leaf area of cultivar under standard growth conditions	cm ² g ⁻¹
SIZLF	Maximum size of full leaf (three leaflets)	cm ²
XFRT	Maximum fraction of daily growth that is partitioned to seed and shell	Fraction
WTPSD	Maximum weight per seed	g
SDPDV	Average seed per pod under standard growing conditions	No. pod ⁻¹
SFDUR	Seed filling duration for pod cohort at standard growth conditions	Photothermal day
PODUR	Time required for cultivar to reach final pod load under optimal conditions	Photothermal day

Source : Anothai *et al.* (2008a)

2. การประเมินความดีเด่นและเสถียรภาพของสายพันธุ์ถั่วลิสง

การประเมินการแสดงความสามารถของสายพันธุ์ถั่วลิสงในสภาพแวดล้อมต่าง ๆ นับว่ามีความสำคัญสำหรับโปรแกรมการปรับปรุงพันธุ์ เพราะจะช่วยให้นักปรับปรุงพันธุ์ตัดสินใจได้ว่าสายพันธุ์ใดมีความสามารถในการแสดงลักษณะและมีเสถียรภาพในการแสดงออกดีที่สุด ด้วยเหตุนี้จึงต้องมีการนำพันธุ์เหล่านั้นไปทดสอบในหลาย ๆ สภาพแวดล้อม ซึ่งมีข้อจำกัดหลายประการดังที่ได้กล่าวมาแล้วข้างต้น ดังนั้นจึงให้นักปรับปรุงพันธุ์สนใจที่จะนำเอาแบบจำลองการเจริญเติบโตของถั่วลิสงมาประยุกต์ใช้ เพื่อเป็นเครื่องมือช่วยสนับสนุนการตัดสินใจในการคัดเลือกพันธุ์ ทั้งนี้หากแบบจำลองสามารถนำมาใช้แล้วได้ผลดี จะเป็นประโยชน์อย่างมาก ตัวอย่างของการนำ

แบบจำลอง CSM-CROPGRO-Peanut มาประยุกต์ใช้ในการประเมินความดีเด่นและเสถียรภาพของสายพันธุ์ถั่วลิสง มีดังนี้

2.1 การประเมินความดีเด่นของสายพันธุ์ถั่วลิสง

การประเมินความดีเด่นของสายพันธุ์ถั่วลิสงปกติแล้วต้องประเมินในหลายสภาพแวดล้อม ดังนั้น Banterng *et al.* (2003) ศึกษาการนำแบบจำลอง CSM-CROPGRO-Peanut มาใช้ในการประเมินความดีเด่นของสายพันธุ์ถั่วลิสง 2 ชุด คือ กลุ่มเมล็ดโต (11 สายพันธุ์ และ 1 พันธุ์ตรวจสอบ) และเมล็ดเล็ก (11 สายพันธุ์ และ 3 พันธุ์ตรวจสอบ) ในสภาพแวดล้อมที่แตกต่างกันในภาคเหนือและภาคตะวันออกเฉียงเหนือของประเทศไทย โดยทำการเปรียบเทียบผลผลิตของถั่วลิสงจากการปลูกทดสอบจริงกับข้อมูลจากแบบจำลอง พบว่าแบบจำลองสามารถประเมินผลผลิตของถั่วลิสงคิดเป็นร้อยละ 27 ของผลที่ได้จากการทดลองจริงสำหรับถั่วลิสงกลุ่มเมล็ดโต และคิดเป็นร้อยละ 14 ของผลที่ได้จากการทดลองจริงสำหรับถั่วลิสงกลุ่มเมล็ดเล็ก และพบว่ามีความสัมพันธ์ (r) ระหว่างผลผลิตที่ได้จากการจำลองสถานการณ์และจากการปลูกทดสอบจริงค่อนข้างสูง ($r = 0.90$ สำหรับถั่วลิสงเมล็ดโต และ $r = 0.79$ สำหรับถั่วลิสงกลุ่มเมล็ดเล็ก) นอกจากนี้ยังพบว่าลำดับที่ของสายพันธุ์เรียงตามผลผลิตเฉลี่ยที่ได้จากการปลูกทดสอบจริงและการจำลองสถานการณ์ถึงแม้จะไม่เหมือนกันทุกสายพันธุ์ แต่อย่างไรก็ตามพันธุ์ที่ให้ผลผลิตสูง 6 สายพันธุ์แรกของกลุ่มถั่วลิสงเมล็ดโตจากการปลูกทดสอบจริงเป็น 6 สายพันธุ์เดียวกันกับที่ได้จากแบบจำลอง ส่วนกลุ่มพันธุ์เมล็ดเล็กสามารถคัดเลือกได้ 5 สายพันธุ์ตรงกัน

Suriham *et al.* (2008) ได้นำเอาแบบจำลอง CSM-CROPGRO-Peanut มาประเมินความดีเด่นของสายพันธุ์ถั่วลิสงเพื่อยืนยันผลการศึกษาของ Banterng *et al.* (2003) แต่ใช้ถั่วลิสงชุดใหม่ที่มีความแตกต่างกันทั้งระดับผลผลิต อายุ และขนาดเมล็ด จำนวน 17 สายพันธุ์ ผลการศึกษายืนยันว่าแบบจำลองสามารถนำมาช่วยในการประเมินความดีเด่นของสายพันธุ์ถั่วลิสงในหลายสภาพแวดล้อมได้ดี นอกจากนี้ Anothai *et al.* (2009) ใช้ค่าสัมประสิทธิ์ทางพันธุกรรมของชุดข้อมูลที่มีการลดจำนวนครั้งในการเก็บข้อมูล (reduced set) เพื่อการประเมินค่าสัมประสิทธิ์ทางพันธุกรรม ในการประเมินความดีเด่นของสายพันธุ์ถั่วลิสง และผลการศึกษาชี้ให้เห็นว่า แบบจำลองสามารถประเมินความดีเด่นของสายพันธุ์ได้สอดคล้องกับข้อมูลจริง ถึงแม้ว่าจะใช้ข้อมูลตัวป้อน คือ ค่าสัมประสิทธิ์ทางพันธุกรรมที่เป็นชุด reduced set ก็ตาม นอกจากนี้การศึกษาของเขายังชี้ให้เห็นว่าแบบจำลองสามารถนำมาใช้ประเมินความดีเด่นของสายพันธุ์ในการคัดเลือกช่วงต้น ๆ (early evaluation) ได้อีกด้วย ดังนั้นจากตัวอย่างการศึกษาข้างต้นแสดงให้เห็นถึงแนวทางของการนำแบบจำลองไปประยุกต์ให้เป็นเครื่องมือในการประเมินความดีเด่นและการจำแนกกลุ่มของสายพันธุ์ที่ให้ผลผลิตสูง ซึ่งนับว่าเป็นประโยชน์อย่างยิ่งสำหรับงานปรับปรุงพันธุ์ถั่วลิสง

2.2 การประเมินเสถียรภาพของสายพันธุ์ถั่วลิสง

Banterng *et al.* (2006) ประเมินความเสถียรภาพของสายพันธุ์ถั่วลิสงโดยเปรียบเทียบระหว่างการทดสอบจริงและการใช้แบบจำลอง CSM-CROPGRO-Peanut จำลองการให้ผลผลิตของถั่วลิสงกลุ่มเมล็ดโต 12 สายพันธุ์ ในหลายสถานที่ โดยปลูกทดสอบในแปลงเกษตรกรและสถานีวิจัยในภาคตะวันออกเฉียงเหนือและภาคเหนือของประเทศไทย ทั้งในฤดูฝนและฤดูแล้งปี 1998-1999 รวม 10 สภาพแวดล้อม พบว่าผลการประเมินเสถียรภาพของสายพันธุ์ถั่วลิสงโดยการวิเคราะห์ regression สำหรับผลที่ได้จากแบบจำลองมีความสอดคล้องกับผลการทดลองจริงในแปลงปลูก และ Suriham *et al.* (2008) ได้ทำการประเมินศักยภาพของแบบจำลอง CSM-CROPGRO-Peanut ในการประเมินเสถียรภาพของสายพันธุ์ถั่วลิสง 17 สายพันธุ์ ที่มีความแตกต่างกันทั้งระดับผลผลิต อายุ และขนาดเมล็ด ในปี 2002-2004 จำนวน 11 สภาพแวดล้อม ทำการวิเคราะห์ข้อมูลโดยใช้ GGE biplot พบว่า แบบจำลองทำนายการแสดงลักษณะและเสถียรภาพของสายพันธุ์ถั่วลิสงได้ดีและสอดคล้องกับผลการทดลองจริงในแปลงปลูก โดยในจำนวน 9 สายพันธุ์ที่มีเสถียรภาพสูงที่ประเมินได้จากการปลูกทดสอบจริง มีจำนวน 6 สายพันธุ์ที่ประเมินได้ตรงกับ

แบบจำลอง ดังนั้นสรุปได้ว่าแบบจำลอง CSM-CROPGRO-Peanut สามารถนำมาประยุกต์ใช้ในการประเมินเสถียรภาพของสายพันธุ์ถั่วลิสงได้

3. การศึกษาปฏิสัมพันธ์ระหว่างพันธุกรรมและสภาพแวดล้อมของถั่วลิสง

ปฏิสัมพันธ์ระหว่างพันธุกรรมและสภาพแวดล้อม (G x E interaction) นับว่าเป็นอุปสรรคสำคัญของงานการปรับปรุงพันธุ์พืช เพราะอาจทำให้การตัดสินใจในการคัดเลือกพันธุ์ตีผิดพลาดได้ ทั้งนี้เนื่องจากการแสดงลักษณะของพืชจะเปลี่ยนแปลงเมื่อสภาพแวดล้อมเปลี่ยนไป ดังนั้นจึงจำเป็นต้องประเมินการแสดงลักษณะของพันธุ์ในหลายสภาพแวดล้อม และต้องครอบคลุมแหล่งปลูกที่สำคัญ ซึ่งทำให้สิ้นเปลือง เวลา แรงงาน และค่าใช้จ่าย ดังนั้นนักปรับปรุงพันธุ์ถั่วลิสงจึงสนใจที่จะนำเอาแบบจำลองมาใช้เป็นเครื่องมือช่วยในการทำความเข้าใจเกี่ยวกับธรรมชาติของการเกิด G x E interaction เพื่อหาแนวทางวางแผนการดำเนินงานต่อไป ตัวอย่างของการนำไปประยุกต์ใช้ เช่น Phakamas *et al.* (2008) นำแบบจำลอง CSM-CROPGRO-Peanut มาทำการศึกษาคำถามความเข้าใจเกี่ยวกับการเปลี่ยนแปลงองค์ประกอบของ G x E interaction โดยจำลองการให้ผลผลิตของถั่วลิสง 17 สายพันธุ์ใน 112 สถานที่ ๆ ละ 3 ฤดูปลูก เป็นระยะเวลา 30 ปี พบว่ารูปแบบขององค์ประกอบของ G x E interaction มีการเปลี่ยนแปลงเมื่อจำนวนปีในการวิเคราะห์เพิ่มขึ้นตั้งแต่ 2-30 ปี และขนาดของปฏิสัมพันธ์ระหว่างพันธุกรรมและสถานที่ (G x L interaction) และปฏิสัมพันธ์ระหว่างพันธุกรรมและปีและสถานที่ (G x Y x L interaction) จะคงที่ต้องใช้ระยะเวลาถึง 6 ปีหรือมากกว่านั้น ก่อให้เกิดคำถามว่าการใช้สถานที่มาทดแทนปีในการทดสอบพันธุ์ที่นักปรับปรุงพันธุ์ปฏิบัติกันอยู่ในปัจจุบัน จะทำให้ประสิทธิภาพของการทดสอบพันธุ์เทียบเท่ากันหรือไม่ อย่างไรก็ตามข้อจำกัดในทางปฏิบัติเกี่ยวกับเรื่องของการประเมินสายพันธุ์พืชในจำนวนหลายปี อาจแก้ไขได้โดยการให้แบบจำลองการเจริญเติบโตของพืช นอกจากนี้ Phakamas *et al.* (2010) ได้นำแบบจำลอง CSM-CROPGRO-Peanut มาศึกษารูปแบบการตอบสนองของ G x L interaction โดยใช้ชุดข้อมูลข้างต้น พบว่าสามารถจำแนกรูปแบบของ G x L interaction ได้ 3 รูปแบบ คือ no interaction, non-crossover interaction และ crossover interaction (Figure 1) ซึ่งการวิเคราะห์ความอ่อนไหว (sensitivity analysis) สำหรับคู่ของพันธุ์ตามรูปแบบความแตกต่างของ G x L interaction น่าจะสามารถชี้ให้เห็นถึงลักษณะของพืชและปัจจัยทางสภาพแวดล้อมที่เป็นสาเหตุของ G x L interaction ได้ ทั้งนี้เพราะการวิเคราะห์ความอ่อนไหว โดยการตรวจหาลักษณะของพืชและปัจจัยทางสภาพแวดล้อมที่เป็นสาเหตุของ G x L interaction ในถั่วลิสงในประเทศไทย น่าจะเป็นประโยชน์อย่างยิ่งสำหรับนักปรับปรุงพันธุ์ จึงควรมีการศึกษาในรายละเอียดต่อไป

4. การประเมินประสิทธิภาพและคัดเลือกสถานที่สำหรับการทดสอบพันธุ์ถั่วลิสง

ปัญหาอีกประการหนึ่งของการปรับปรุงพันธุ์ คือ ถ้าสภาพแวดล้อมที่เลือกมาเป็นตัวแทนในการทดสอบไม่เพียงพอ อาจทำให้ผลการทดสอบที่ได้ไม่แตกต่างกันก็จะเป็นการสิ้นเปลืองทรัพยากรโดยเปล่าประโยชน์จากปัญหาดังกล่าว อาจสามารถแก้ไขได้โดยการนำแบบจำลอง CSM-CROPGRO-Peanut มาใช้เป็นเครื่องมือช่วยในการตัดสินใจคัดเลือกสถานที่สำหรับการทดสอบพันธุ์ถั่วลิสงให้มีประสิทธิภาพ

Putto *et al.* (2009) ใช้แบบจำลอง CSM-CROPGRO-Peanut ศึกษาประสิทธิภาพของสถานที่สำหรับการประเมินสายพันธุ์ถั่วลิสง โดยการจำลองผลผลิตของถั่วลิสง 17 สายพันธุ์ ที่มีฐานทางพันธุกรรมแตกต่างกัน ในแหล่งปลูกที่สำคัญทั่วประเทศไทย ใน 3 ฤดูปลูก เป็นระยะเวลา 30 ปี จากนั้นนำผลผลิตที่ได้จากการจำลองในแต่ละฤดูมาทำการวิเคราะห์การจับกลุ่มสถานที่ในการทดสอบพันธุ์ในแต่ละฤดู ซึ่งจะเป็นประโยชน์มากสำหรับนักปรับปรุงพันธุ์ในการคัดเลือกสถานที่ทดสอบพันธุ์ เพราะแบบจำลองสามารถนำมาใช้เพื่อเป็นเครื่องมือตัดสินใจในการเลือกสถานที่ทดสอบที่มีประสิทธิภาพสำหรับการประเมินสายพันธุ์ถั่วลิสงได้ เนื่องจากผลการศึกษาชี้ให้เห็นว่าสภาพแวดล้อมที่ถั่วลิสงมีการตอบสนองเหมือนกันนั้นกระจายอยู่ในสภาพภูมิประเทศที่แตกต่างกัน ดังนั้นหากนักปรับปรุงพันธุ์เลือกสถานที่ในการทดสอบพันธุ์ตามลักษณะภูมิประเทศอย่างเดียวย่อมไม่เพียงพอ

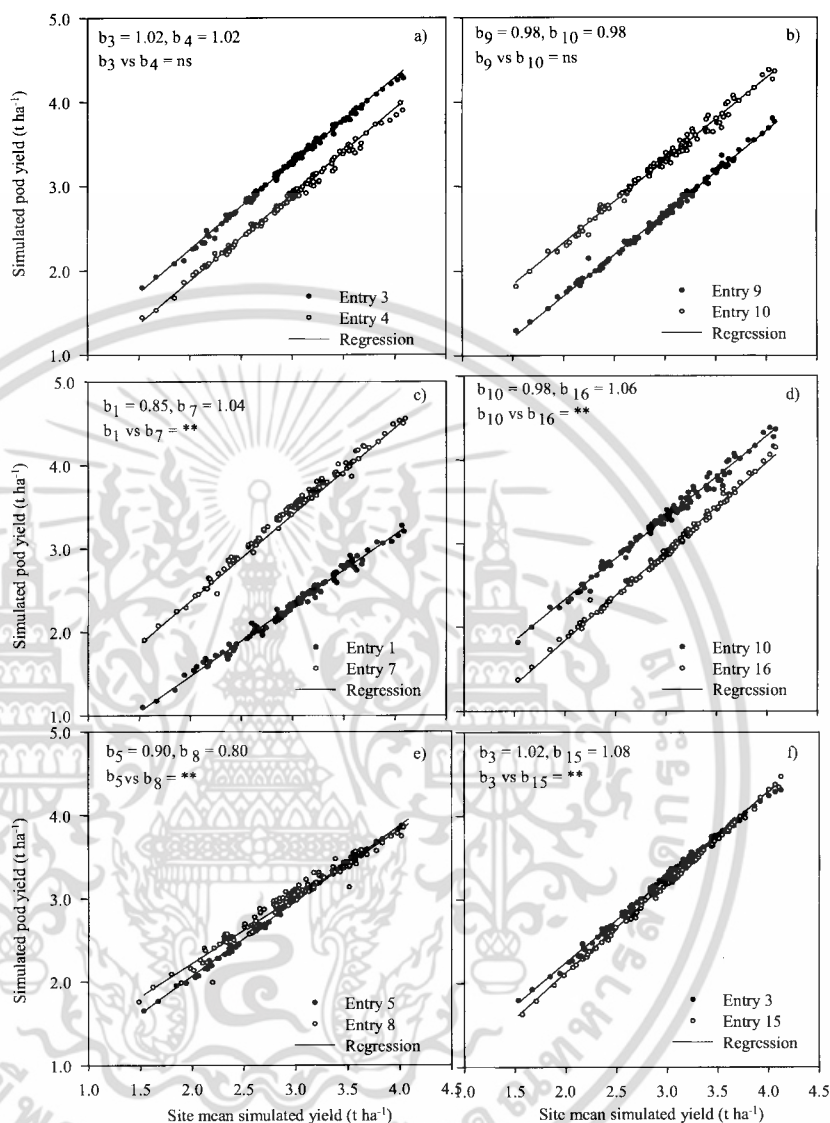


Figure 1 Patterns of genotype \times location (G \times L) interaction expressed by different pairs of selected genotypes: no interaction (a and b), non-crossover interaction (c and d), crossover interaction (e and f) (Phakamas *et al.*, 2010)

สรุป

แบบจำลอง CSM-CROPGRO-Peanut สามารถนำมาประยุกต์ใช้ในการปรับปรุงพันธุ์ถั่วลิสงในประเทศไทย เพื่อเป็นเครื่องมือช่วยสนับสนุนการตัดสินใจและแก้ไขข้อจำกัดในด้านการสืบเผือกทรัพยากร เวลา แรงงาน และ ค่าใช้จ่ายในการดำเนินงานในการปรับปรุงพันธุ์ถั่วลิสง โดยแนวทางในการประยุกต์ใช้ประกอบด้วย การประเมินค่าสัมประสิทธิ์ทางพันธุกรรมของสายพันธุ์ถั่วลิสง การประเมินความดีเด่นและเสถียรภาพของสายพันธุ์ การศึกษาเพื่อทำความเข้าใจเกี่ยวกับปฏิสัมพันธ์ระหว่างพันธุกรรมและสภาพแวดล้อม การประเมินประสิทธิภาพและการคัดเลือกสถานที่สำหรับการทดสอบพันธุ์ถั่วลิสง ซึ่งนับว่าเป็นประโยชน์อย่างยิ่งต่อการปรับปรุงพันธุ์ถั่วลิสง เนื่องจาก

แบบจำลองสามารถนำมาใช้ในการประเมินการเจริญเติบโตและผลผลิตของสายพันธุ์ถั่วลิสงในหลายสภาพแวดล้อม เช่น หลายสถานที่ หลายฤดู และหลายปี โดยไม่จำเป็นต้องปลูกทดสอบจริงในทุกสภาพแวดล้อม จึงทำให้สามารถดำเนินงานได้สะดวกและรวดเร็วมากขึ้น

เอกสารอ้างอิง

- Anothai, J., A. Patanothai, K. Pannangpetch, S. Jogloy, K.J. Boote, and G. Hoogenboom. 2008a. Reduction in data collection for determination of cultivar coefficients for breeding applications. *Agr. Syst.* 96: 195 - 206.
- Anothai, J., A. Patanothai, S. Jogloy, K. Pannangpetch, K.J. Boote, and G. Hoogenboom. 2008b. A sequential approach for determining the cultivar coefficients of peanut lines using end-of-season data of crop performance trials. *Field Crops Res.* 108: 169 - 178.
- Anothai, J., A. Patanothai, K. Pannangpetch, S. Jogloy, K.J. Boote, and G. Hoogenboom. 2009. Multi-environment evaluation of peanut lines by model simulation with the cultivar coefficients derived from a reduced set of observed field data. *Field Crops Res.* 110: 111 - 122.
- Banternrg, 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 J. Agric. Sci.* 37: 407-418.
- Banternrg, P., A. Patanothai, K. Pannangpetch, S. Jogloy, and G. Hoogenboom. 2004. Determination and evaluation of genetic coefficients for peanut lines for breeding applications. *Eur. J. Agron.* 21: 297 - 310.
- Banternrg, P., A. Patanothai, K. Pannangpetch, S. Jogloy, and G. Hoogenboom. 2006. Yield stability evaluation of peanut breeding lines: A comparison of an experimental versus a simulation approach. *Field Crops Res.* 96: 168 - 175.
- Hoogenboom, G., J.W. Jones, P.W. Wilkens, C.H. Porter, W.D. Batchelor, L.A. Hunt, K.J. Boote, U. Singh, O. Uryasev, W.T. Bowen, A.J. Gijsman, A.S. Du Toit, J.W. White, and G.Y. Tsuji. 2004. Decision Support System for Agrotechnology Transfer Version 4.0. [CD-ROM]. University of Hawaii, Honolulu, Hawaii.
- IBSNAT (Internation Benchmark Site Network for Agrotechnology Transfer Project). 1988. Technical Report 1: Experimental Design and Data Collection Procedure for IBSNAT. The Minimum Data Sets for Systems Analysis and Crop Simulation, third Ed. University of Hawaii, Honolulu, Hawaii.
- Jones, J.W., G. Hoogenboom, C.H. Porter, K.J. Boote, W.D. Batchelor, L.A. Hunt, P.W. Wilkens, U. Singh, A.J. Gijsman, and J.T. Ritchie. 2003. The DSSAT cropping system model. *Europ. J. Agron.* 18: 235-265.
- Phakamas, N., A. Patanothai, K. Pannangpetch, S. Jogloy, and G. Hoogenboom. 2008. Dynamic patterns of components of genotype x environment interaction for pod yield of peanut over multiple years: a simulation approach. *Field Crops Res.* 106: 9 - 21.
- 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. *Int. J. of Plant Production.* 4 (3): 223-234.
- Putto, C., A. Patanothai, S. Jogloy, K. Pannangpetch, K.J. Boote, and G. Hoogenboom. 2009. Determination of efficient test sites for evaluation of peanut breeding lines using the CSM-CROPGRO-Peanut model. *Field Crops Res.* 110: 272 - 281.
- Suriham, B., A. Patanothai, K. Pannangpetch, S. Jogloy, and G. Hoogenboom. 2007. Determination of cultivar coefficients of peanut lines for breeding applications of the CSM-CROPGRO-Peanut model. *Crop Sci.* 47: 607-621.
- Suriham, 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 Sci.* 48: 1365 - 1372.