

## دراسة تأثير البورون باستخدام GGE biplot في ست أصناف من فستق الحقل

عادل يوسف نصر الله\* ، انتصار هادي الحلفي\* و علي فدعم المحمدي\*\*

\* كلية الزراعة/ جامعة بغداد

\*\* كلية الزراعة/ جامعة الانبار

### الخلاصة

تميز الاصناف ذات الرتب المتقدمة ضمن بيئات متعددة ومدخلات كيميائية بمستويات مختلفة على اساس صفات متعددة. توضح الدراسة تأثير مستويات مختلفة من المدخل الكيميائي (البورون) في ستة اصناف من فستق الحقل باستخدام GT biplot و GGE biplot . فسر تحليل GGE biplot بيانات حاصل البذور لفستق الحقل لموسمين 99% و 99.6% من التباين الكلي بالتتابع. فقد كانت أفضل مستويات البورن هي B<sub>300</sub> . وأكثر الاصناف تميزاً مع زيادة التركيز هو G<sub>4</sub> . في حين كان تغير الاصناف G<sub>1</sub> و G<sub>2</sub> و G<sub>3</sub> طفيف مما يدل على انها اكثر ثباتاً وراثياً. وفسر تحليل GT biplot 86.1% و 85.3% من التباين الكلي للموسمين، بالتتابع. فيوضح التحليل بالرسم العلاقات المتداخلة ضمن الصفات (Y<sub>1</sub> و Y<sub>6</sub>) و (Y<sub>3</sub> و Y<sub>7</sub>) ومع صفات أخرى مما يسهل مقارنة الاصناف والانتخاب لبيئات ومدخلات نمو كيميائية معينة.

### Study of Boron Effect on six peanut cultivars using GGE biplot

Adel Y. Nasralla\* , Intesar H. Alhilfy\* and Ali F. Almehemdi\*\*

\* College of Agriculture/ University of Baghdad

\*\* College of Agriculture/ University of Al-Anbar

### Abstract

Superior cultivars have to be identified through multienvironment trials (MET) and chemicals factors in different levels on basis of multiple traits. The study revealed effect of different levels of boron, the chemicals factor, on six peanut cultivars using GGE biplot and GT biplot. GGE biplot analysis of peanut yield explained 99% and 99.6% of over all variance, for each season, respectively B<sub>300</sub> was the highest one. G<sub>4</sub> was more variant than others with increase of levels. While G<sub>1</sub> , G<sub>2</sub> and G<sub>3</sub> had slowly variance meant that were more stable. GT biplot illustrated 86.1% and 85.3% of over all variance, for each season, respectively. It graphically displayed the interrelationships among (Y<sub>1</sub> and Y<sub>6</sub>) and ( Y<sub>3</sub> , and Y<sub>7</sub>) and among other traits facilitated visual cultivar comparison and selection for certain environments and chemical growth factors.

### المقدمة

يجب تقييم الاصناف الفائقة على أساس التجارب في بيئات متعددة وخصائص عديدة لضمان أداء مقبول لأصناف معينة في بيئات متباينة ضمن منطقة الهدف وتلبية جوانب متعددة لطلبات المنتجين والمعالجين والمستهلكين. لذا فتجارب البيئات المتعددة (MET) تنفذ في كل انحاء العالم للمحاصيل الرئيسية سنوياً، فمنها تؤخذ بيانات لصفات متعددة (1، 2 و 3). على أية حال فالتفسير والاستغلال الفعالين لبيانات التجارب المتعددة

البيئات (MET) في صنع قرارات اختيار صنف سيبقى تحدي كبير للباحثين. أصبح التحليل الفعال لبيانات (MET) جزء متكامل للتحسين الفعال لمحصول ماء، فهناك مهمتين رئيسيتين لتحليل بيانات (MET)، الأولى: تحديد فيما اذا كانت منطقة الهدف متماثلة أو يجب تقسيمها الى بيئات كبرى مختلفة، أما الثانية: اختبار الاصناف الفائقة لبيئات كبرى معينة على أساس صفات عديدة فضلا عن الحاصل نفسه (4). تتطلب المهمتين فهم خط تداخل GE لـ MET المركز في دراسات عديدة (5) وتداخل العلاقة بين أهداف الانتاج والتربية والتحسين (6 و 7). افترض Blanche وآخرون (8) و Campbel و Jones (9) GGE biplot اذ تسمح بالاختبار المرئي لنمط تداخل GE لبيانات MET، (10). يؤكد GGE biplot مفهومين: الأول. على الرغم من ان الحاصل ناتج من تأثير (G) التركيب الوراثي و (E) البيئة والتداخل بين التركيب الوراثي والبيئة (GE) فقط، يتضح تأثير G و GE في تقييم الصنف، والثاني، طورت تقنية biplot من قبل (11) المنفذة لتقريب وعرض GGE خاص ببيانات MET. يتألف GGE biplot من اول مكونين رئيسيين (PC<sub>1</sub> و PC<sub>2</sub> وايضا يشار اليها بالتأثيرات الاولية والثانوية، بالتتابع) المشتقة من اخضاع بيانات الحاصل للمركز على أساس البيئة بتغيير آخر، فتباين الحاصل بسبب GGE ناتج من تحليل القيمة الشاذة (SVD) singular decomposition (13).value يظهر GGE biplot فعالية في تمييز نمط تداخل GE للبيانات. فمن الواضح انه يظهر فوز أي صنف وفي أي بيئة (WWW) which won where، هذا يسهل تمييز البيئات المناسبة. تعرف البيئات الكبرى Mega environment بأنها مجموعة من المواقع التي تتقاسم نفس الأصناف الفضلى. يوجد متطلب أساسي آخر لتمييز البيئات الكبرى وهو تكرارية نمط (WWW)، لذا فتجارب مواقع متعددة multi-site trials (MST)، منفذة في سنوات يعد ضرورة ملحة للجدي في قضية البيئة الكبرى (13 و 14)

يملك GGE biplot فائدة في اختبار الاصناف الفائقة وبيئات الاختبار لبيئة معينة مدعماً ان قيم PC<sub>1</sub> للتركيب الوراثي تملك ارتباط تام تقريبا مع التأثيرات الرئيسية للتركيب الوراثي، كما ان الاصناف المثالية يجب ان تملك قيمة PC<sub>1</sub> كبيرة (قابلية انتاج حاصل عالية) وقيمة PC<sub>2</sub> منخفضة (مطلقة وثباتية عالية). وبالتماثل، فبيئات الاختبار المثالية يجب ان تملك قيم PC<sub>1</sub> كبيرة (اكثر تميزاً للتركيب الوراثي باعتماد تأثيره الرئيسي وقيم PC<sub>2</sub> منخفضة ومطلقة (اكثر تمثيلاً للبيئة اجمالاً)، (15 و 16). ان شرط الارتباط التام تقريبا (NPC) بين قيم PC<sub>1</sub> للتركيب الوراثي والتأثيرات الرئيسية له عادةً ماتكون مستويات لتجارب (MET) (17) لكن ليس لكل مجاميع البيئات. افترض GGE biplot بديل لتغطية استثناءات ممكنة، اذ يستبدل PC<sub>1</sub> بالانحدارات الحاصل الممرز بيئياً في تأثيرات التركيب الوراثي الرئيسية لكي تمثل القيم الاولية للتركيب الوراثي بالضبط تأثيراته الرئيسية (18)، هذا يكون هذا الموديل اكثر تفسيراً لكن يتم اكبر تفسير بشيء من الشدة للبيئات المختزلة، اذ توضح بعمل bip lot.

استخدم العديد من الباحثين تحليل المكون الرئيسي لتفسير نتائج بيانات تحليل العناصر في النبات و التربة مثل البورون (19) والكاربون والنتروجين (20) وتوزيع الفسفور في التربة الخصبة (21) وتحليل خواص التربة (22). لسهولة الاستنتاج والاستقراء من تحليل biplot analysis تم تطبيق برنامج GGE biplot لتحليل بيانات تراكيب وراثية لفسنق الحقل تحت تأثير مستويات مختلفة من البورون لسنتين.

## المواد وطرائق العمل

## GGE Biplot

طبقت طريقة GGE biplot (1-4 و 23) لدراسة تداخل التركيب الوراثي مع تراكيز من البورون في حاصل فستق الحقل بأعتماد الصيغة:

$$Y_{ij} - \bar{y} = \lambda_1 \xi_{i1} n_{j1} + \lambda_2 \xi_{i2} n_{j2} + \epsilon_{ij} \quad \dots\dots\dots(1a)$$

اذ تمثل  $Y_{ij}$  متوسط حاصل التركيب الوراثي تحت التركيز  $j$

$\bar{y}_j$  متوسط حاصل كل التراكيب الوراثية تحت التركيز  $j$

$\lambda_1 \xi_{i1} n_{j1}$  ,  $\lambda_2 \xi_{i2} n_{j2}$  تسمى المكون الرئيسي الاول PC1 والمكون الرئيسي الثاني

$\lambda_1$  ,  $\lambda_2$  القيمتان الشاذتان للمكونين الرئيسيين الاول والثاني PC1 و PC2 بالتتابع.

$\xi_{i1}$  ,  $\xi_{i2}$  قيم PC1 و PC2 بالتتابع للتركيب  $j$ .

$n_{j1}$  و  $n_{j2}$  قيم PC1 و PC2 بالتتابع للتركيب  $j$ .

$\epsilon_{ij}$  المتبقي من الموديل الخاص بالتركيب الوراثي فوالتركيز  $j$ .

عرض PC1 و PC2 بشكل biplot تمثل قيم التركيب الوراثي والتركيز لكي يمكن كتابة المعادلة

كالآتي:

$$Y_{ij} - \bar{y}_j = \xi_{i1} n_{j1} + \xi_{i2} n_{j2} + \epsilon_{ij} \quad \dots\dots\dots (1b)$$

إذ أن:

$$\lambda_n^{1/2} n_{jn} = n_{jn} \quad , \quad \lambda_n^{1/2} \xi_{in} = \xi_{in}$$

$n = 1$  و  $2$

تمتلك طريقة scaling هذه فائدة اذ أن PC1 و PC2 يمتلكان نفس الوحدة ( الجذر التربيعي للوحدة

الاصلية كغم. دونم للحاصل).

ينشأ GGE biplot برسم  $\xi_{i1}$  ,  $\xi_{i2}$  مع  $n_{j1}$  و  $n_{j2}$  بالتتابع.

لكي يتمثل كل تركيب وراثي أو تركيز بمؤشر في biplot.

### تحليل التركيب الوراثي - صفة (GT) Trait Biplot

استخدمت الصيغة ادناه لعرض بيانات التراكيب الوراثية - صفات باتجاهين بالرسم biplot:

$$\frac{T_{ij} - \bar{T}_j}{S_j} = \lambda_1 \zeta_{i1} T_{j1} + \lambda_2 \zeta_{i2} T_{j2} + \epsilon_{ij} \quad \dots\dots\dots (2)$$

إذ ان  $T_{ij}$  متوسط قيمة التركيب الوراثي  $i$  للصفة  $j$  ،  $\bar{T}_j$  متوسط قيمة الصفة  $j$  لكل التراكيب الوراثية،

$S_j$  الانحراف القياسي للصفة  $j$  بين متوسطات التركيب الوراثي،  $\zeta_{i1}$  ,  $\zeta_{i2}$  قيم  $pc_1$  ,  $pc_2$  بالتتابع للصفة  $j$  ،

$\epsilon_{ij} \in$  المتبقي من الموديل أو قيمة الخطأ.

هذه المعادلة هي تحليل مكون رئيسي لبيانات قياسية بمكونين رئيسيين.

يجب تعديل البيانات لأزالة الوحدات، اذ تأخذ الصفات وحدات مختلفة، تعدل قيم  $PC_2$  (scaled) كما في المعادلة (1) كي تتوزع قيمة 1 بالتجانس بين قيم التراكيب الوراثية وقيم الصفات. ينشأ GT biplot برسم قيم  $PC_1$  على محور x وقيم  $PC_2$  على محور y لكل من التراكيب الوراثية والصفات.

### النتائج والمناقشة

تحليل GGE على أساس متوسطات الحاصل تحت مستويات البورون للموسمين 2005 و 2006 تشير نتائج تحليل GGE biplot بالرسم الى ان تحليل المكون الرئيسي الاول فسر 82.2% من التباين وتحليل المكون الرئيسي الثاني ( $PC_2$ ) قد فسر 18.8% من التباين وأن مجموع تباينها 99.0% من التباين الكلي 82.9 , 16.7 والتباين الكلي 99.6% للموسمين على التوالي.

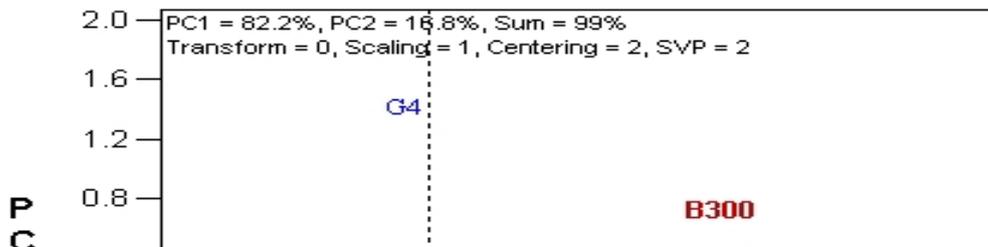
فقد وقعت مستويات البورون في الجانب الموجب من الرسم اذ اعطى المستوى  $S_{13}$  ( 300 ملغ B/التر) أعلى معدل للحاصل وأعطى المستوى  $S_{10}$  (000ملغ B/التر) للتراكيب الوراثية  $G_1$  و  $G_2$  و  $G_3$  تلاه المستوى  $S_{11}$  (100ملغ B/التر) للموسمين بالتتابع. كما يشير تحليل GGE biplot ان أكثر التراكيب ثباتاً كانت  $G_1$  و  $G_2$  و  $G_3$  كونها وقعت قرب الخط المثالي للتراكيب الوراثي بأضافة مستويات البورون. أما التركيب الوراثي  $G_4$  أعطى أعلى حاصل وقد وقع أعلى الخط الموازي لخط المكون الرئيسي الثاني  $PC_2$  مع مستويات البورون.

جدول (1) حاصل (كغم/ هـ) ستة تراكيب وراثية من فستق الحقل بتأثير البورون للموسم 2005

الصنف/ البورون	0	100	200	300
كرز	2898.1	2595.4	2916.3	2934.2
MH383	2850.3	2821.9	2829.7	2861.0
مدني	2780.1	2734.7	2809.7	2859.3
ICCV-86230	1053	2372	2253	2974
4/C9713	1911	1947	1969	1980
R211/86868	1662	1816	1912	1927

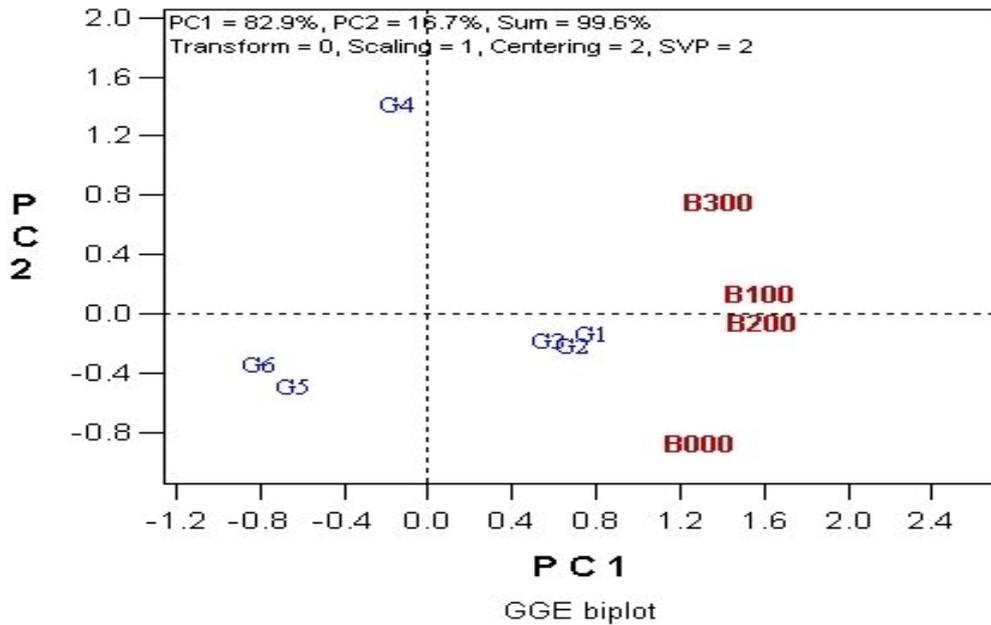
جدول (2) حاصل (كغم/ هـ) ستة تراكيب وراثية من فستق الحقل بتأثير البورون للموسم 2006

الصنف/ البورون	0	100	200	300
كرز	2901.2	2988.1	2938.2	2957.4
MH383	2900.3	2901.2	2867.3	2892
مدني	2804.5	2692.6	2862.7	2891.4
ICCV-86230	1056	2406	2274.9	2997.9
4/C9713	1936	1978	1989	2001
R211/86868	1686.4	1858.1	1912	1959.1



**شكل (1) سلوك التراكيب الوراثية تحت مستويات البورون في لوحة GGE في الموسم 2005**

وهذا يدل على انه أكثر تأثيراً بمستويات البورون بما يؤكد تحليل المكون الرئيسي الاول بنسبة تباين 82.2 , 82.99 بالتتابع حيث التركيب  $G_4$  يستجيب للرش بالبورون اكثر من بقية التراكيب، كما يظهر من تحليل GGE biplot . وقد تأكدت هذه النتائج باستخدام رتبة الفاحص المعتمدة على قابلية التمييز والتمثيل وكذلك محور متوسط الفاحص (ATC) معطية نفس التحليل بالرسم بنفس اتجاه تحليل GGE على اساس متوسطات الحاصل تحت مستويات البورون ذات تباين متشابه.



**شكل (2) سلوك التراكيب الوراثية تحت مستويات البورون في لوحة GGE في الموسم 2006**

**تحليل GGE على اس التركيب الوراثي-صفة (GT) The genotype by trait biplot**

اعتمد GT biplot لكل سنتين على المعادلة (2) ان يوضح تحليل المكون الرئيسي الاول  $PC_1$  69.1% وتحليل المكون الرئيسي الثاني  $PC_2$  17% من التباين الكلي (86.1) للموسم 2005 , 68% , 17.3 للمكونين الاول والثاني للموسم 2006 من مجموع التباين الكلي 85.3% على التوالي. تعد نسبة التباين مرتفعة نسبياً، فهي تعكس التعقيدات في العلاقة بين الصفات المقاسة.

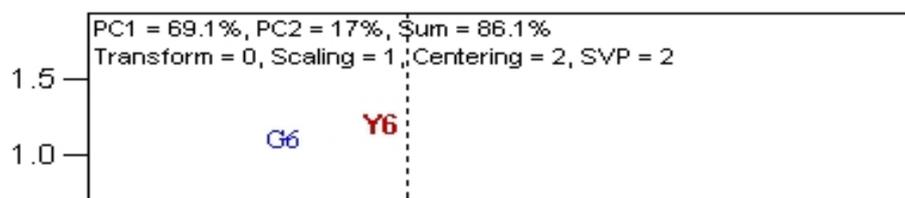
جدول (3) معدل قيم بعض الصفات لستة تراكيب وراثية من فستق الحقل بتأثير البورون للموسم 2005

بروتين %	زيت %	وزن الف بذرة	عدد البذور	وزن القرنات	عدد القرنات	الحاصل	
23.22	47.45	44.6	82.2	59.78	49.16	2925.7	كرز
22.93	49.05	42.8	71.6	56.70	46.36	2840.7	MH383
23.91	49.34	42.4	71.9	56.26	45.88	2795.9	مدني
22.58	47.59	65.88	54.49	71.78	32.6	2163	ICCV-86230
25.6	48.31	64.4	48.94	74.4	33.38	1952	4/C9713
22.69	50.25	61.16	45.09	73.82	33.46	1827	R211/86868

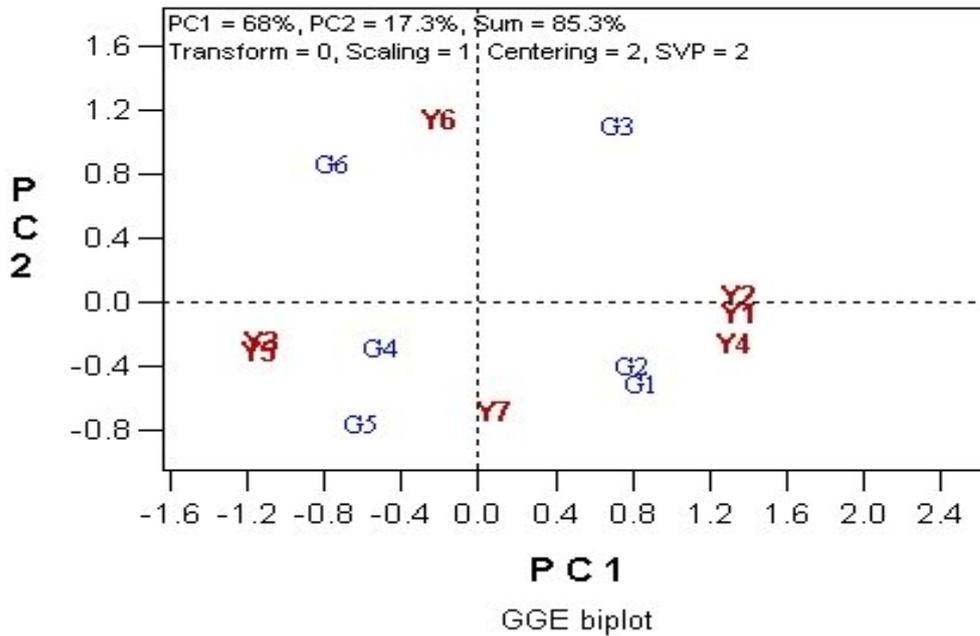
جدول (4) معدل قيم بعض الصفات لستة تراكيب وراثية من فستق الحقل بتأثير البورون للموسم 2006

بروتين %	زيت %	وزن الف بذرة	عدد البذور	وزن القرنات	عدد القرنات	الحاصل	
22.48	46.6	48.6	76.7	62.9	47.6	2946.2	كرز
25.7	48.2	47.1	70.6	56.8	46.0	2890.1	MH383
22.67	50.22	45.2	68.9	56.5	45.4	2812.8	مدني
22.56	47.65	67.4	56.46	72.42	32.81	2183.9	ICCV-86230
25.65	48.12	66.01	54.79	75.18	34.07	1976	4/C9713
22.72	50.26	62.74	47.4	74.56	33.69	1853.9	R211/86868

فقد مسك biplot الانماط الاساسية بين الصفات. يشير GT biplot الى امكانية استخدامه لمقارنة التراكيب الوراثية على اساس صفات متعددة وتمييز التراكيب الجيدة في آفاق حديثة، بذا يمكن ان ترشح كآباء في تربية فستق الحقل. بالتمائل مع تحليل GGE biplot على اساس حاصل للتراكيب الوراثية سابقاً، قارن GT biplot يمكن ان يقارن من خلال التراكيب الوراثية- ضد الصفات (  $Y_1$  = الحاصل و  $Y_2$  = عدد القرنات و  $Y_3$  = وزن القرنات و  $Y_4$  = عدد البذور و  $Y_5$  = وزن الف بذرة و  $Y_6$  = زيت % و  $Y_7$  = بروتين %). اذ ان التباين الكبير كان بسبب  $Y_1, Y_2, Y_3, Y_4, Y_6, Y_7$  للموسمين بالتتابع. فقد كانت التراكيب  $G_1$  و  $G_2$  و  $G_3$  أفضل في صفات  $Y_1$  و  $Y_2$  و  $Y_4$  في حين كان التركيب  $G_6$  افضل في صفة  $Y_6$ . أما التركيبان  $G_4$  و  $G_5$  فكانا أفضل في صفات  $Y_3$  و  $Y_5$  و  $Y_7$  للموسم الاول. وفي الموسم الثاني كانا التركيبان  $G_1$  و  $G_2$  أفضل في صفات  $Y_1$  و  $Y_2$  و  $Y_4$  و  $Y_7$ ، بينما كان التركيبان  $G_3$  و  $G_6$  افضل في صفة  $Y_6$  أما التركيبان  $G_4$  ,  $G_5$  فكانا أفضل في صفتي  $Y_3$  و  $Y_5$  كما يشير GT biplot. ان من الصفات التي ارتبطت بالحاصل  $Y_1$  وللموسمين هما صفتا  $Y_2$  (عدد القرنات) و  $Y_4$  (عدد البذور).



شكل (3) سلوك المكونات الوراثية(الصفات) لست تراكيب وراثية في لوحة GT في الموسم 2005



شكل -4- سلوك المكونات الوراثية(الصفات) لست تراكيب وراثية في لوحة GT في الموسم 2006

توضح هذه الدراسة أن GT biplot أداة ممتازة لعرض بيانات التركيب الوراثي - صفة، فهو يظهر العلاقات المتداخلة بين الصفات بفعالية، كما يكون أداة لعرض المقارنات بين التراكيب الوراثية على أساس صفات متعددة، فضلا عن استخدامه في الغريلة أو الانتخاب المستقل اعتمادا على صفات متعددة وفي برامج

الانتخاب، فباعتقاد علاقات الصفات فالانتخاب لحاصل البذور لوحده ليس فقط هي الآلية البسيطة، الا انها الاكثر فعالية في المراحل المبكرة من برامج التربية لأي محصول لاسيما فستق الحقل بتأثير عوامل نمو متغيرة ومنها جهد العناصر الغذائية ومنها البورون الضروري لعملية التزهير .

### المصادر

- 1- Yan , W., M. S. Kang , B. Ma, S. Woods and P. L. Cornelius. 2007. GGE- Biplot Vs. AMMI analysis of genotype by environment data. *Crop sci.* 47i b41-653.
- 2- Yan, W. 2001. GGE- biplot-A windows application for graphical analysis of multienvironment. *Trial data and other types of two way data. Agron. J.* 93: 1111- 1118.
- 3- Yan, W. , L. A. Hunt, Q. Sheng and Z. Szlarnics. 2000. Cultivar evaluation and mega- environment investigation based on GGE- Biplot, *crop sci-* 40i 597-605.
- 4- Yan, W. and N. A. Tinker. 2005. An integrated biplot analysis system for displaying, interpreting and exploring genotype x environment interaction. *Crop Sci.* 45i 1004- 1016.
- 5- Cassanoves, F. J. Baldessari and M. Balzarini. 2005. Evaluation of multienvironment Trials of peanut cultivars. *Crop sci.* 45: 18- 26.
- 6- Ogunbedede, B. A. 1997. Multivariate analysis of genetic diversity in kenaf, *Hibiscus connabinus L. Afric. Crop sci. J.* 2: 127- 133.
- 7- Peterson, D. M. , D. M. Wesenberg, D. E. Buvrup and C. A. Erickson. 2005. Relationships among agronomic traits and grain composition in out genotypes grown in different environments. *Crop sci.* 45: 1249- 1255.
- 8- Blanche, S. B. , G. O. Meyers, J. Z. Zumba, D. Coldwell and J. Haeyes. 2006. stability comparisons between conventional and near- isogenic transgenic cotton cultivars. *Cotton sci. J.* 10: 17-28.
- 9- Campbell, B. T. and M. A. Jones. 2005. Assessment of genotype x environment interaction for yield and fiber quality in cotton performance trials. *Euphytica* 144: 69-78.
- 10- Yan, W. and L. A. hunt. 2002. Biplot analysis of diallel data *crop sci.* 42: 21-30.
- 11- Gabriel, K. R. 1971. The biplot graphic display of matrices with application to principal component analysis- *Biometrica* 58 (3): 453- 467.
- 12- Yan, W. 2002. singular- value partitioning in biplot analysis of multienvironment trial data. *Agron. J.* 94: 990-996.
- 13- Ebdon, J. S. and H. G. Gauch. 2002. Additive main effect and multiplication interaction analysis of nation turfgrass performance trial. I. Interpretation of genotype x environment interaction. *Crop sci.* 42: 489- 496.
- 14- Egesi, C. N. and R. Asiedu. 2002. analysis of yan yields using the additive main effects and multiplicative interaction (AMMI) model. *Afric. Crop sci.* 10 (3): 195- 201.
- 15- Gebeyehu, S. and H. Assefa. 2003. Genotype x environment interaction and stability analysis of seed in navy bean genotypes. *Afric. Crop sci.* 11 (1): 1-7.
- 16- Pixley, K. V. and M. S. Bjarnason. 2002. stability of grain yield endosperm modification and protein quality of hybrid and open- pollinated quality protein maize (QPM) cultivars *crop sci.* 42: 1882- 1890.

- 17- Kaya, Y., M. Akurra and S. Taner. 2006. GGE- biplot analysis of multienvironment yield trials in bread wheat. *Turk. J. Agric.* 30: 325-337.
- 18- Kaya, Y., C. Palta and S. Taner. 2002. Additive main effects and multiplicative interactions analysis of yield performances in bread wheat genotypes across environments. *Turk. J. Agric.* 26: 275- 279.
- 19- Roessner, U., J. H. Patterson, M. G. Forbes, G. B. Fincher, P. Langridge and A. Bacic. 2006. An Investigation of Boron Toxicity in Barley using Metabolomics. *Plant physiol.* 142: 1087-1101.
- 20- Ruffo, M. L. and G. A. Bollero. 2003. Residue Decomposition and prediction of Carbon and Nitrogen Release Rates Based on Biochemical Fractions using principal component Regression. *Agron. J.* 95:1034-1040.
- 21- Lombi, E. , K. G. Scheckel, R. D. Armstrong, S. Forrester, J. N. Cutler and D. Paterson. 2006. Speciation and Distribution of Phosphorus in a Fertilized soil: A Synchrotron- Based Investigation. *Soil sci. Soc. J.* 70: 2038-2048.
- 22- Fox, G.A. and R. Metla. 2005. Soil property analysis using principal component analysis, soil line, and Regression models. *Soil sci. soc. Am.J.* 69:1782-1788.
- 23- Elshahookie, M. M. , A. F. Almehemdi. 2008. principal component analysis to test stability of cultivars across environments: A tutorial Review Article. *Iraq. J. Agric. Sci.* 39(1): 102-115.