Sari Agriculture Sciences and Natural Resources University

Journal of Crop Breeding Vol. 18, Issue 2, 2026 p: 16-23

OPEN ACCESS

Research Paper

Estimation of Narrow-sense Heritability and Selection Gain using Poly-cross Progenies Test in Iranian Alfalfa (*Medicago sativa* L.) Ecotypes

Ali Moghaddam[1] and Seyed Mohammad Ali Mofidian[2]

1- Associate professor, Seed and Plant Improvement Institute, Agricultural Research, Education and Extension Organization (AREEO), Karaj, Iran, (Corresponding author: moghaddam_ali@yahoo.com)
2- Assistant professor, Seed and Plant Improvement Institute, Agricultural Research, Education and Extension Organization (AREEO), Karaj, Iran

Received: 12 August, 2025 Revised: 18 November, 2025 Accepted: 20 December, 2025

Extended Abstract

Background: Iran is recognized as one of the regions of alfalfa origin in the world, possessing a wide genetic diversity related to this crop. In general, alfalfa yield improvement is the main goal of all alfalfa breeding programs. To start a breeding program for one or more traits in a crop, such as alfalfa, it is essential to have information about the heritability of traits, especially the narrow-sense heritability (h^2_n). By definition, the narrow-sense heritability is the ratio of additive genetic variance to phenotypic variance in a population or set of genotypes. In general, information about the narrow-sense heritability of the interested traits helps the breeder to have a good understanding of the potential of trait improvement through selection. Therefore, an important application of the narrow-sense heritability estimation is to predict the genetic gain from selection among the studied genetic material. One of the most widely used methods in forage crops, such as alfalfa, to estimate additive genetic variance and narrow-sense heritability is the poly-cross test, which is especially used in the production of synthetic cultivars. This study aimed to estimate the narrow-sense heritability and predict the genetic yield of selection among Iranian alfalfa cultivar/ecotypes to produce and release one or more synthetic varieties.

Methods: An experiment was conducted with 10 half-sib families (progenies from poly-cross) derived from poly-crosses between 10 genotypes. These genotypes included two Bami and Yazdi alfalfa ecotypes, two released cultivars (Ahang and Mandegar), and ecotypes from cold and temperate regions, including KFA3, KFA15, KFA13, KFA11, KFA4, and KFA16. The experiment was executed in a randomized complete block design with three replications in Karaj during the years 2020-2022. The experiment was conducted in the research fields of the Seed and Plant Improvement Institute, Karaj, in September 2020, and the traits were recorded in 2021 and 2022. The studied traits included plant height (cm), number of stems per square meter, regrowth rate (cm), fall dormancy score, and annual yields of dry and fresh forage (t ha^{-1}) over 2 years. Combined variance analysis of the data related to the measured traits was performed based on a split-plot experiment in time. Genotype and year were considered fixed factors, and replication was taken as a random factor. To calculate additive variance, the genetic variance among half-sib families was first estimated using the expectation of the mean squares. The genetic variance among half-sib families is equal to the covariance within half-sib families and represents additive variance. For autotetraploid plants such as alfalfa, the genetic variance among half-sib families equals one-fourth of the additive variance and one-thirty-sixth of dominance variance. The narrow-sense heritability was estimated based on the 2-year phenotypic mean of half-sib families, followed by predicting genetic gain from selection among the families. Additionally, phenotypic and genotypic coefficients of variation were calculated for various traits.

Results: Statistical analysis results revealed significant differences among half-sib families for the regrowth rate ($\alpha \leq 0.01$), fall dormancy score ($\alpha \leq 0.01$), and dry forage yield ($\alpha \leq 0.05$). Two half-sib families, Poly-Yazdi and Poly-KFA3, with 8.7 and 8.6 scores, and two half-sib families, Poly-KFA11 and Poly-KFA15, with 5.07 and 5.13 scores, gained the maximum and minimum fall dormancy scores, respectively. Poly-KFA3 and Poly-KFA15 exhibited the highest (22.91 t ha^{-1}) and lowest (19.48 t ha^{-1}) dry forage yields, respectively. Narrow-sense heritability estimates for traits, such as plant height, the number of stems per square meter, regrowth rate, fall dormancy score, fresh forage yield, and dry forage yield, were 0.24, 0.25, 0.94, 0.87, 0.42, and 0.61, respectively. The highest genotypic coefficient of variation was

Copyright ©2026. Moghaddam and Mofidian. Published by Sari Agricultural Sciences and Natural Resources University.
This work is licensed under a Creative Commons Attribution-Non-Commercial 4.0 Unported License, which allows users to read, copy, distribute, and make derivative works for non-commercial purposes from the material, as long as the author of the original work is cited properly.

[Downloaded from jcb.sanru.ac.ir on 2026-11-01]

[DOI: 10.66224/jcb.2026.1612]

observed for fall dormancy score (19.65%), regrowth rate (10.46%), and dry and fresh forage yields (3.80% and 3.02%, respectively). Conversely, the lowest variation was noticed for plant height (1.08%) and the number of stems per square meter (1.63%). Regarding the phenotypic coefficient of variation, the highest values were associated with the fall dormancy score (21.07%), regrowth rate (10.80%), and dry and fresh forage yields (4.85% and 4.65%, respectively), while the lowest values were observed for plant height (2.23%) and the number of stems per square meter (3.29%).

Conclusion: According to the results of this study, the expected genetic gain from selection, using a 50% selection intensity and a parental control factor of 2, was estimated for the traits. These included fresh forage yield (1.52 tons per hectare), dry forage yield (0.62 tons per hectare), plant height (0.4 cm), number of stems per square meter (4.21 stems), regrowth rate 14 days post-harvest (3.68 cm), and fall dormancy score (1.17). Finally, five populations, Bami, Yazdi, KFA3, KFA13, and KFA16, were selected for mean comparison results, narrow-sense heritability estimations, and genetic gain from selection to create a new synthetic population after crossing in an isolated field and multi-location forage yield trial.

Keywords: Yield comparison, Poly-cross progenies, Ecotype, Narrow-sense heritability, Selection gain

How to Cite This Article: Moghaddam, A., & Mofidian, S. M. A. (2026). Estimation of Narrow-sense Heritability and Selection Gain using Poly-cross Progenies Test in Iranian Alfalfa (*Medicago sativa* L.) Ecotypes. *J Crop Breed,* 18(2), 16-23. DOI: 10.61882/jcb.2026.1612

[Downloaded from jcb.sanru.ac.ir on 2026-11-01]

[DOI: 10.66224/jcb.2026.1612]

دانشگاه علوم کشاورزی و منابع طبیعی ساری

مقاله پژوهشی

برآورد وراثت‌پذیری خصوصی و بازده ژنتیکی با استفاده از آزمون پلی‌کراس در اکوتیپ‌های ایرانی یونجه

علی مقدم و سید محمدعلی مفیدیان

۱- دانشیار، مؤسسه تحقیقات اصلاح و تهیه نهال و بذر، کرج، ایران، (نویسنده مسوول: moghaddam_ali@yahoo.com)
۲- استادیار، مؤسسه تحقیقات اصلاح و تهیه نهال و بذر، کرج، ایران

تاریخ دریافت: ۱۴۰۴/۰۵/۲۱ تاریخ ویرایش: ۱۴۰۴/۰۸/۲۷ تاریخ پذیرش: ۱۴۰۴/۰۹/۲۹
صفحه: ۱۶ تا ۲۳

چکیده مبسوط

مقدمه و هدف: ایران به‌عنوان یکی از مناطق پیدایش یونجه در جهان دارای تنوع وسیع ژنتیکی در ارتباط با این محصول است. به‌طور عمومی، افزایش عملکرد یونجه هدف عمده تمام برنامه‌های اصلاحی یونجه است. برای شروع یک برنامه به‌نژادی در خصوص یک یا چند صفت در یک محصول همانند یونجه، داشتن اطلاعات در خصوص وراثت‌پذیری صفات به‌ویژه وراثت‌پذیری خصوصی (h^2_n) امری ضروری و مهم است. طبق تعریف، وراثت‌پذیری خصوصی عبارت از نسبت واریانس ژنتیکی افزایشی به واریانس فنوتیپی در یک جمعیت یا مجموعه‌ای از ژنوتیپ‌ها است. به‌طور کلی، اطلاعات در خصوص وراثت‌پذیری خصوصی صفات زراعی به به‌نژادگر کمک می‌کند که درک خوبی از پتانسیل اصلاح صفت به روش گزینش داشته باشد. بنابر این، یکی از کاربردهای مهم از برآوردهای وراثت‌پذیری خصوصی، پیش‌بینی بازده ژنتیکی حاصل از گزینش بین مواد ژنتیکی مورد بررسی است. این بررسی، با هدف برآورد وراثت‌پذیری خصوصی و پیش‌بینی بازده ژنتیکی حاصل از گزینش در بین رقم/ اکوتیپ‌های داخلی یونجه جهت ایجاد جمعیت ترکیبی یا سنتتیک اجرا شد.

مواد و روش‌ها: آزمایشی با ۱۰ خانواده ناتنی (نتاج پلی‌کراس) حاصل از تلاقی پلی‌کراس بین ۱۰ ژنوتیپ شامل دو اکوتیپ از یونجه بمی و یزدی، دو رقم معرفی شده آهنگ و ماندگار و همچنین اکوتیپ‌های یونجه مناطق سرد و معتدل شامل KFA3، KFA15،KFA11 KFA13، KFA4 و KFA16 در قالب طرح بلوک کامل تصادفی با سه تکرار در کرج طی سال‌های ۱۴۰۱-۱۳۹۹ اجرا شد. آزمایش در شهریور ۱۳۹۹ در مزرعه ۴۰۰ هکتاری موسسه تحقیقات اصلاح و تهیه نهال و بذر در کرج کشت شد و یادداشت‌برداری‌ها طی دو سال ۱۴۰۰ و ۱۴۰۱ انجام شدند. صفات مورد بررسی شامل ارتفاع بوته، تعداد ساقه در مترمربع، سرعت رشد مجدد، نمره خواب پاییزی و عملکرد علوفه خشک و تر بودند. تجزیه واریانس دوساله داده‌های مربوط به صفات مورد اندازه‌گیری برمبنای آزمایش کرت خردشده در زمان انجام شد. عوامل ژنوتیپ و سال به‌عنوان عوامل ثابت و عامل تکرار تصادفی در نظر گرفته شد. جهت محاسبه واریانس افزایشی، ابتدا با استفاده از امید ریاضی میانگین مربعات، واریانس ژنتیکی بین خانواده‌های ناتنی محاسبه گردید. واریانس ژنتیکی بین خانواده‌های ناتنی برابر با کواریانس درون‌خانواده ناتنی و نشان‌دهنده واریانس افزایشی است. در گیاهان اتوتتراپلوئید همانند یونجه، واریانس ژنتیکی بین خانواده‌های ناتنی برابر با یک چهارم واریانس افزایشی و یک سی و ششم واریانس غالبیت است. برآورد وراثت‌پذیری خصوصی بر اساس میانگین فنوتیپی دوساله خانواده‌های ناتنی و همچنین پیش‌بینی بازده ژنتیکی حاصل از گزینش بین خانواده‌ها انجام گرفت. همچنین، ضرایب تغییر فنوتیپی و ژنوتیپی در صفات مختلف محاسبه شدند.

یافته‌ها: نتایج تجزیه و تحلیل‌های آماری نشان دادند که تفاوت معنی‌داری بین میانگین نتاج پلی‌کراس برای صفات سرعت رشد مجدد و نمره خواب پاییزی در سطح احتمال یک درصد و برای عملکرد علوفه خشک در سطح احتمال پنج درصد وجود داشت. دو خانواده ناتنی Poly-Yazdi و Poly-KFA3 به‌ترتیب با میانگین ۸/۷ و ۸/۶ بیشترین و دو خانواده ناتنی Poly-KFA11 وPoly-KFA15 به‌ترتیب با میانگین ۵/۰۷ و ۵/۱۳ کمترین نمره خواب پاییزی را دارا بودند. خانواده ناتنی Poly-KFA3 با عملکرد ۲۲/۹۱ تن در هکتار بیشترین و Poly-KFA15 با میانگین ۱۹/۴۸ تن در هکتار کمترین میزان عملکرد علوفه خشک را داشتند. وراثت‌پذیری خصوصی در صفات ارتفاع بوته، تعداد ساقه در متر مربع، سرعت رشد مجدد، نمره خواب پاییزی، عملکرد علوفه تر و خشک به‌ترتیب برابر با ۰/۲۴، ۰/۲۵، ۰/۹۴، ۰/۸۷، ۰/۴۲ و ۰/۶۱ درصد برآورد گردید. بیشترین ضریب تغییرات ژنوتیپی به‌ترتیب مربوط به صفات نمره خواب پاییزی، سرعت رشد مجدد، عملکرد علوفه خشک و تر با ۱۹/۶۵، ۱۰/۴۶، ۳/۸۰ و ۳/۰۲ درصد و کمترین مربوط به صفات ارتفاع بوته و تعداد ساقه در متر مربع به ترتیب با ۱/۰۸ و ۱/۶۳ درصد بودند. در خصوص ضریب تغییرات فنوتیپی، بیشترین تغییرات مربوط به صفات نمره خواب پاییزی، سرعت رشد مجدد، عملکرد علوفه خشک و تر با ۲۱/۰۷، ۱۰/۸۰، ۴/۸۵ و ۴/۶۵ درصد و کمترین مربوط به صفات ارتفاع بوته و تعداد ساقه در مترمربع به‌ترتیب با ۲/۲۳ و ۳/۲۹ درصد بودند.

نتیجه‌گیری: با توجه به نتایج حاصل از این بررسی در خصوص صفات مختلف، میزان بازده مورد انتظار حاصل از گزینش با استفاده از شدت گزینش ۵۰ درصد و ضریب کنترل والدین ۲، برای صفات عملکرد علوفه تر، عملکرد علوفه خشک، ارتفاع و تعداد ساقه در متر مربع، سرعت رشد مجدد ۱۴ روز پس از برداشت و نمره خواب پاییزی به‌ترتیب برابر با ۱/۵۲ تن در هکتار، ۰/۶۲ تن در هکتار، ۰/۴ سانتی متر، ۴/۲۱ ساقه در متر مربع، ۳/۶۸ سانتی متر و ۱/۱۷ برآورد گردیدند. در مجموع، با توجه به نتایج مقایسه میانگین، برآوردهای صورت‌گرفته در خصوص وراثت‌پذیری خصوصی و بازده حاصل از گزینش در صفات مختلف، پنج جمعیت Bami، Yazdi، KFA3، KFA13 و KFA16 جهت ایجاد جمعیت سنتتیک جدید انتخاب شدند تا در یک مزرعه ایزوله ابتدا با هم تلاقی یابند.

واژه‌های کلیدی: اکوتیپ، بازده گزینش، مقایسه عملکرد، نتاج پلی‌کراس، وراثت‌پذیری خصوصی

مقدمه

ایران به‌عنوان یکی از مناطق پیدایش یونجه در جهان با تنوع وسیع ژنتیکی است. یونجه گیاهی چندساله، اتوتتراپلوئید (۲n = ۴× =۳۲) و دگرگرده‌افشان است که گرده‌افشانی آن به‌وسیله حشرات به‌ویژه زنبورها صورت می‌پذیرد. به‌طور کلی، از نظر ژنتیکی و به‌نژادی، ارقام مورد کشت در کشور و دنیا، توده یا جمعیت‌های آزاد گرده افشان- با میزان تنوع یا پایه ژنتیکی متفاوت- هستند. بیشتر ارقام معرفی شده یونجه در دهه‌های گذشته ارقام ترکیبی یا سنتتیک با پایه ژنتیکی گسترده هستند، به‌طوری‌که می‌توانند به‌عنوان جمعیتی

[Downloaded from jcb.sanru.ac.ir on 2026-11-01]

[DOI: 10.66224/jcb.2026.1612]

هتروژن (ناهمگون) از افراد هتروزیگوت در نظر گرفته شوند. این ناهمگنی موجب بهبود عملکرد و پایداری این جمعیت‌ها می‌شود (Fehr, 1987).

هرچند که روش‌های اصلاحی مورد استفاده در گیاهان دگرگشن در اصلاح یونجه مورد استفاده قرار می‌گیرند، با این‌حال، به‌علت اتوتتراپلوئید بودن، یونجه اثرات سوء درون‌زادآوری (خویش‌آمیزی) شدیدتری نسبت به گیاهان دیپلوئید از خود نشان می‌دهد. بنابر این، باید در استفاده از روش‌های اصلاحی که اشکال مختلف درون‌زادآوری به‌ویژه خودگشنی در آنها به‌کار رفته باشد، احتیاط نمود. گزینش توده‌ای و دوره‌های متوالی آن (گزینش دوره‌ای فنوتیپی) و همچنین روش تولید ارقام سنتتیک یا ترکیبی از پرکاربردترین روش‌های اصلاحی مورد استفاده در یونجه هستند.

به‌طور عمومی، افزایش عملکرد یونجه هدف عمده تمام برنامه‌های اصلاحی یونجه است (Brummer *et al*., 2000). اصلاح عملکرد در یونجه همراه با دوره‌های طولانی گزینش، وراثت تترازومیک، پسروی بالای درون‌زادآوری و اثر متقابل قابل‌توجه ژنوتیپ در محیط برای این صفت پیچیده است.

بولی و کریستی (Bowley & Christy, 1981) میزان وراثت‌پذیری خصوصی عملکرد ماده خشک در یونجه را ۰/۱۵ گزارش کردند. آنها بازده گزینش را در صورت انتخاب ۱۰ درصدی مواد مورد بررسی معادل ۲۳ درصد میانگین کل عملکرد ماده خشک محاسبه کردند. در بررسی دیگری، وراثت‌پذیری خصوصی محاسبه شده برای ۱۱ چین برداشتی برای عملکرد علوفه خشک بین ۰/۱۵ تا ۰/۵۳ با میانگین ۰/۴۱ و برای ارتفاع کانوپی (پوشش گیاهی) بین ۰/۰۸ تا ۰/۳۷ با میانگین ۰/۲۱ گزارش گردید (Acharya *et. al*., 2020). در بررسی دیگری که در سه چین برداشت شده صورت گرفت، وراثت‌پذیری خصوصی عملکرد علوفه بین ۰/۱۲ تا ۰/۳۴ گزارش گردید. در همان بررسی، وراثت‌پذیری ارتفاع بوته بین ۰/۴۰ تا ۰/۴۶ گزارش شد (Riday & Brummer, 2005).

یکی از روش‌های پر کاربرد در گیاهان علوفه‌ای همانند یونجه جهت برآورد واریانس ژنتیکی افزایشی و وراثت‌پذیری خصوصی، آزمون پلی‌کراس است که به‌ویژه در تولید ارقام ترکیبی یا سنتتیک مورد استفاده قرار می‌گیرد (Riday *et al*., 2013; Mohammadzadeh Jalali *et al*., 2017; Monirifar *et al*., 2006) در پژوهشی با هدف ارزیابی نتاج پلی‌کراس یونجه با استفاده از تجزیه چندمتغیره، بر اساس صفات آگرومورفولوژیکی، صفات ارتفاع گیاه، عملکرد ماده خشک، و محتوای پروتئین خام، ژنوتیپ‌هایی با خصوصیات برتر شناسایی شدند. این مطالعه اهمیت نتاج‌های پلی‌کراس را در انتخاب والدین مناسب و پیشبرد برنامه‌های اصلاح نژادی برای دستیابی به ژنوتیپ‌های با عملکرد بالا و کیفیت بهتر نشان می‌دهد (Marinova *et al*., 2024). در تحقیق دیگر، آزمون نتاج پلی‌کراس برای ارزیابی توانایی ترکیب‌پذیری عمومی (GCA) با استفاده از پانزده ژنوتیپ یونجه بومی هند برای به‌نژادی یونجه به‌کار گرفته شد. نتایج نشان دادند که آزمون نتاج پلی‌کراس ابزاری موثر برای شناسایی ژنوتیپ‌های با پتانسیل بالا در تولید علوفه و توسعه واریته‌های سنتتیک جدید بود (Mitra & Natarajan, 2002).

مواد و روش‌ها

به‌منظور برآورد وراثت‌پذیری خصوصی و بازده حاصل از گزینش ژنوتیپ‌های والدی مناسب جهت تولید جمعیت سنتتیک، این بررسی با استفاده از ۱۰ نتاج پلی‌کراس تولیدی (خانواده ناتنی) حاصل از تلاقی ۱۰ رقم/ اکوتیپ برتر داخلی (جدول ۱) در قالب طرح بلوک کامل تصادفی با سه تکرار در مزرعه ۴۰۰ هکتاری مؤسسه تحقیقات اصلاح و تهیه نهال و بذر در کرج در شهریور ۱۳۹۹ صورت گرفت. هر ژنوتیپ در چهار خط دو-ردیفه به‌طول ۵ متر و فاصله خطوط ۵۰ سانتی‌متر کاشته شد.

آماده‌سازی زمین شامل شخم عمود برهم در سال قبل کاشت، دیسک و تسطیح کننده قبل از کاشت و مراقبت‌های زراعی پس از کاشت شامل آبیاری منظم، حذف علف‌های هرز و مبارزه با آفت سرخرطومی برگ یونجه قبل از شروع رشد سال دوم مطابق با عرف آزمایشات یونجه انجام گرفت. میزان بذر مصرفی برمبنای ۲۵ کیلوگرم در هکتار محاسبه شد. آبیاری به‌صورت جوی و پشته و با فاصله هفت تا ۱۰ روز یک‌بار صورت گرفت. سال اول (۱۳۹۹) به‌عنوان سال استقرار در نظر گرفته شد و یادداشت‌برداری‌ها از بهار ۱۴۰۰ به‌مدت ۲ سال صورت گرفت. صفات مورد بررسی شامل ارتفاع بوته در زمان برداشت، تعداد ساقه در مترمربع، سرعت رشد مجدد پس از ۱۴ روز از برداشت، نمره خواب پاییزی، عملکرد علوفه خشک و تر بودند. تجزیه واریانس و مقایسه میانگین صفات اندازه‌گیری شده با نرم‌افزار SPSS ver 21 و مقایسه میانگین با روش SNK (آزمون مقایسه چندگانه مرحله‌ای استیودنت-نیومن-کلز) در سطح احتمال پنج درصد انجام گرفت. تجزیه واریانس دوساله داده‌های مربوط به صفات مورد اندازه‌گیری بر مبنای آزمایش کرت خردشده در زمان انجام شد. عوامل ژنوتیپ و سال به‌عنوان عوامل ثابت و عامل تکرار تصادفی در نظر گرفته شدند. جهت محاسبه واریانس افزایشی (σ_A^2)، ابتدا با استفاده از امید ریاضی میانگین مربعات (EMS) (جدول ۲)، واریانس ژنتیکی بین خانواده‌های ناتنی (σ^2_{HS}) محاسبه گردید. واریانس ژنتیکی بین خانواده‌های ناتنی برابر با کواریانس درون‌خانواده ناتنی و نشان‌دهنده واریانس افزایشی است. در گیاهان اتوتتراپلوئید همانند یونجه، واریانس ژنتیکی بین خانواده‌های ناتنی برابر با یک چهارم واریانس افزایشی ($^1/_4\,\sigma^2_A$) و یک سی و ششم واریانس غالبیت ($^1/_{36}\,\sigma^2_D$) است. با توجه به تأثیر ناچیز غالبیت، واریانس افزایشی از طریق فرمول زیر محاسبه گردید (Falconer, 1983):

رابطه ۱ :

$$\sigma^2_{HS} = {}^1/_4\,\sigma^2_A$$

[Downloaded from jcb.sanru.ac.ir on 2026-11-01]

[DOI: 10.66224/jcb.2026.1612]

جدول ۱- اطلاعات مربوط به والدین مورد استفاده در ایجاد نتاج پلی‌کراس (خانواده‌های ناتنی) در آزمایش
Table 1. Some information of the parents used in poly cross progenies (half-sib families) production in the study

ردیف (NO)	والدین (Parents)	خصوصیت (Characteristic)	محدوده کشت و کار (Planting region)
1	Bami	معتدل گرم-گرم (Warm-Warm temperate)	بم- کرمان (Bam-Kerman)
2	Yazdi	معتدل (Temperate)	یزد (Yazd)
3	Ahang	سردسیری- همدانی (Cold region- Hamedani)	اقلیم سرد و معتدل سرد (Cold climate)
4	KFA16	سردسیری- همدانی (Cold region- Hamedani)	قهاوند- همدان (Ghahavand- Hamedan)
5	KFA4	سردسیری- همدانی (Cold region- Hamedani)	کوزره، همدان (Kozareh- Hamedan)
6	Mandegar	سردسیری- قره یونجه (Cold region- Gharayonjeh)	اقلیم سرد و معتدل سرد (Cold climate)
7	KFA3	سردسیری - قره یونجه (Cold region- Gharayonjeh)	ملکان آذر بایجان شرقی (Malekan- East Azarbayejan)
8	KFA13	سردسیری - قره یونجه (Cold region- Gharayonjeh)	سلماس، آذربایجان غربی (Salmas- West Azarbayejan)
9	KFA11	سردسیری - قره یونجه (Cold region- Gharayonjeh)	پلدشت، آذربایجان غربی (Poldasht- Wesr Azarbayehan)
10	KFA15	سردسیری-قره یونجه (Cold region- Gharayonjeh)	تیکمه داش، آذربایجان شرقی (Tikmadash- East Azarbayejan)

برآورد وراثت‌پذیری خصوصی(h_n^2) بر اساس میانگین فنوتیپی دوساله خانواده‌های ناتنی و همچنین پیش‌بینی بازده ژنتیکی حاصل از گزینش بین خانواده‌ها (ΔG) (و سپس تلاقی بین والدین انتخابی و تشکیل جمعیت جدید) از طریق روابط زیر صورت گرفت (Nguyen and Sleper, 1983) :

رابطه ۲:
$$h^2 = \frac{\sigma^2_{HS}}{\sigma^2_{HS} + \frac{\sigma^2_{RHS}}{r} + \frac{\sigma^2_e}{ry}}$$

رابطه ۳:
$$\Delta G = c\,k\,h^2\,\sigma_{PHS} = c\,k\,\frac{\sigma^2_{HS}}{\sigma_{PHS}}$$

در روابط بالا، r و y به‌ترتیب برابر با تعداد تکرار و سال، σ^2_{HS}، σ^2_{RHS}، σ^2_e و σ_{PHS} به‌ترتیب برابر با واریانس بین نتاج پلی‌کراس (خانواده‌های ناتنی)، واریانس اثر متقابل بین تکرار و نتاج پلی‌کراس، واریانس اشتباه آزمایشی و انحراف‌استاندارد فنوتیپی بین نتاج پلی‌کراس و در انتها، c و k به‌ترتیب برابر با عامل کنترل والدینی و دیفرانسیل استاندارد شده گزینش هستند. در اینجا، با توجه به این که جهت ایجاد جمعیت جدید سنتتیک، تنها والدین انتخابی موردتلاقی قرار خواهند گرفت، مقدار عددی عامل c برابر با ۲ و همچنین با توجه به انتخاب ۵۰ درصد از والدین مورد بررسی، مقدار عددی k برابر ۰/۵ در نظر گرفته شد.

جدول ۲- جدول تجزیه واریانس و امید ریاضی میانگین مربعات جهت محاسبه واریانس افزایشی
Table 2. Analysis of the variance and expected value of the mean square for additive variance calculation

منبع تغییرات Sources of variation	درجه آزادی Degrees of freedom	امید ریاضی میانگین مربعات Expected mean squares
تکرار Replication (R)	(r-1)	
خانواده ناتنی Half-sibs (HS)	(hs-1)	$\sigma^2_e+y\sigma^2_{RHS}+ry\sigma^2_{HS}$
تکرار× خانواده R×HS	(r-1)(hs-1)	$\sigma^2_e+ y\,\sigma^2_{RHS}$
سال Year (Y)	(y-1)	
سال × خانواده ناتنی Y × HS	(y-1)(hs-1)	
سال x تکرار R x Y	(r-1)(y-1)	
اشتباه Error(e)	(r-1)(hs-1)(y-1)	σ^2_e

جهت محاسبه ضرایب تغییر فنوتیپی ($CV_{Phen.}$) و ژنوتیپی ($CV_{Geno.}$) در صفات مختلف، ابتدا اجزای واریانس فنوتیپی و ژنوتیپی از طریق امید ریاضی میانگین مربعات (جدول ۴) استخراج و محاسبه شدند. سپس، با استفاده از میانگین دوساله کل آزمایش ($\bar{Y}$) بر اساس روابط زیر ضرایب تغییرات فنوتیپی و ژنوتیپی نیز برآورد گردیدند:

رابطه ۴:
$$CV_{Phen} = \frac{\sqrt{V_{phen}}}{\bar{Y}} \times 100$$

رابطه ۵:
$$CV_{Geno} = \frac{\sqrt{V_{Geno}}}{\bar{Y}} \times 100$$

نتایج و بحث

نتایج تجزیه واریانس دوساله صفات مورد بررسی براساس طرح کرت خرد شده در زمان برای نتاج پلی‌کراس (خانواده‌های ناتنی) در جدول ۳ آورده شده‌اند. بر اساس نتایج، تفاوت میانگین خانواده‌های ناتنی برای صفات سرعت رشد مجدد ۱۴ روز پس از برداشت و نمره خواب پاییزی در سطح احتمال یک درصد، برای عملکرد علوفه خشک در سطح احتمال پنج درصد معنی‌دار بودند. تفاوت میانگین ژنوتیپ‌ها برای سایر صفات مورد بررسی معنی‌دار نگردید. عامل سال برای صفات سرعت رشد مجدد ۱۴ روز پس از برداشت و نمره خواب پاییزی در سطح احتمال یک درصد، برای صفت تعداد ساقه در مترمربع در سطح احتمال پنج درصد و برای صفت درصد رطوبت در سطح احتمال ۱۰ درصد معنی‌دار بود. عامل سال برای صفات عملکرد علوفه تر و خشک و ارتفاع بوته معنی‌دار نگردید. این تفاوت نتایج برای عامل سال نشان داد که تغییر شرایط اقلیمی بین دو سال، که حاصل چین‌های برداشت مختلف است، منجر به سرعت رشد رویشی متفاوت شد اگرچه ارتفاع نهایی بوته در زمان برداشت طی دو سال تفاوت معنی‌دار نداشت. اثر متقابل خانواده ناتنی در سال تنها برای صفات سرعت رشد مجدد ۱۴ روز پس از برداشت در سطح احتمال پنج درصد و صفت ارتفاع بوته در سطح احتمال ۱۰ درصد معنی‌دار بود.

[Downloaded from jcb.sanru.ac.ir on 2026-11-01]
[DOI: 10.66224/jcb.2026.1612]

میانگین دوساله کلیه صفات و همچنین مقایسه میانگین خانواده‌های ناتنی برای صفات معنی‌دار شده با استفاده از روش SNK در سطح احتمال پنج درصد در جدول ۴ آورده شده‌اند. در خصوص ارتفاع بوته (سانتی‌متر)، نتاج پلی‌کراس (خانواده‌های ناتنی) Poly-KFA3، Poly-Yazdi و Poly-Bami به‌ترتیب با میانگین ۷۸/۵۸، ۷۷/۳۶ و۷۶/۰۴ سانتی‌متر بیشترین و Poly-KFA15 با میانگین ۷۲/۶۳ سانتی‌متر کمترین ارتفاع را داشتند. در خصوص صفت تعداد ساقه در مترمربع، خانواده‌های ناتنی Poly-KFA13، Poly-KFA4 و Poly-KFA15 به‌ترتیب با میانگین ۵۵۰/۱۳، ۵۳۳/۵۷ و ۵۲۸/۴۷ ساقه در مترمربع بیشترین و Poly-Bami با میانگین۴۹۶/۵۷ کمترین تعداد ساقه در مترمربع را داشتند. خانواده‌های ناتنی Poly-Yazdi و Poly-KFA3 به‌ترتیب با ۴۴/۱۵ و ۴۲/۴۳ سانتی‌متر رشد مجدد ۱۴ روز پس از برداشت بیشترین و Poly-KFA15 و Poly-KFA11 به‌ترتیب با میانگین ۳۲/۵۱ و ۳۲/۷۵ سانتی‌متر کمترین میزان رشد مجدد ۱۴ روز پس از برداشت را داشتند. در خصوص صفت نمره خواب پاییزی، دو خانواده ناتنی Poly-Yazdi و Poly-KFA3 به‌ترتیب با میانگین ۸/۷ و ۸/۶ بیشترین و دو خانواده ناتنی Poly-KFA11 و Poly-KFA15 به‌ترتیب با میانگین ۵/۰۷ و ۵/۱۳ کمترین نمره خواب پاییزی را دارا بودند. در ارتباط با صفت عملکرد علوفه تر، دو خانواده ناتنیPoly-KFA3 و Poly-KFA13 به‌ترتیب با میانگین ۸۴/۱۶ و ۸۰/۱۳ تن در هکتار بیشترین و دو خانواده ناتنی Poly- KFA15 و Poly-KFA16 به‌ترتیب با میانگین ۷۱/۵۷ و ۷۴/۰۲ کمترین عملکرد علوفه تر را داشتند. در خصوص عملکرد علوفه خشک، Poly-KFA3 با عملکرد ۲۲/۹۱ تن در هکتار بیشترین و Poly-KFA15 و Poly-KFA16 به‌ترتیب با میانگین ۱۹/۴۸ و ۱۹/۷۴ کمترین میزان عملکرد علوفه خشک را داشتند. در یک بررسی دوساله بر روی ۱۰ ژنوتیپ گرمسیری یونجه در منطقه سیستان، بیشترین عملکرد علوفه خشک، عملکرد علوفه تر و ارتفاع بوته به‌ترتیب برابر با ۲۸/۳۲ تن در هکتار، ۱۰۷/۵۹ تن در هکتار و ۷۱/۵ سانتی‌متر گزارش گردید که مربوط به رقم امید بود (Ghasemi *et al*., 2024).

محاسبه اجزای واریانس ژنتیکی بر مبنای امید ریاضی میانگین مربعات (جدول ۲) صورت گرفت که متعاقب آن ضریب تغییرات فنوتیپی (رابطه ۴)، ضریب تغییرات ژنوتیپی (رابطه ۵) و وراثت‌پذیری خصوصی (رابطه ۲) محاسبه شدند و نتایج در جدول ۵ درج گردیده‌اند. بیشترین ضریب تغییرات فنوتیپی به ترتیب مربوط به صفات نمره خواب پاییزی، سرعت رشد مجدد، عملکرد علوفه خشک و تر با ۱۹/۶۵، ۱۰/۴۶، ۳/۸۰ و۳/۰۲ درصد و کمترین مربوط به صفات ارتفاع بوته و تعداد ساقه در متر مربع به ترتیب با ۱/۰۸ و ۱/۶۳ در صد بودند. در خصوص ضریب تغییرات ژنوتیپی، همانند ضریب تغییرات فنوتیپی، بیشترین تغییرات مربوط به صفات نمره خواب پاییزی، سرعت رشد مجدد، عملکرد علوفه خشک و تر با ۲۱/۰۷۶۵، ۱۰/۸۰، ۴/۸۵ و۴/۶۵ درصد و کمترین مربوط به صفات ارتفاع بوته و تعداد ساقه در متر مربع به ترتیب با ۲/۲۳ و ۳/۲۹ درصد بودند.

در محاسبه وراثت‌پذیری خصوصی، همان طور که در بخش مواد و روش آزمایش توضیح داده شد، این نکته قابل ذکر است که واریانس بین خانواده ناتنی (و یا کوواریانس درون خانواده‌های ناتنی)، علاوه بر یک‌چهارم واریانس افزایشی، شامل یک سی و ششم واریانس غالبیت نیز می‌شود که به دلیل کوچک بودن، مد نظر قرار نمی‌گیرد. بنابر این، برآورد واریانس افزایشی و در نتیجه وراثت‌پذیری خصوصی همواره با یک خطای مثبت صورت می‌پذیرد (Falconer, 1983). بیشترین وراثت‌پذیری خصوصی مربوط به صفات سرعت رشد مجدد و نمره خواب پاییزی به ترتیب با ۰/۹۴ و ۰/۸۷ درصد بود که بیانگر این نکته است که انجام گزینش فنوتیپی همانند روش گزینش توده‌ای برای این صفات می‌تواند با موفقیت خوبی همراه باشد. برآورد وراثت‌پذیری خصوصی برای صفات ارتفاع بوته، تعداد ساقه در متر مربع، عملکرد علوفه تر و عملکرد علوفه خشک به ترتیب برابر با ۰/۲۴، ۰/۲۵، ۰/۴۲ و ۰/۶۱ درصد بود. پایین بودن وراثت‌پذیری خصوصی در برخی از صفات می‌تواند ناشی از تاثیر واریانس غیر افزایشی و یا اثرات محیطی و غیر ژنتیکی بر صفت مورد مطالعه باشد. Monirifar (2023) در آزمایشی سه–ساله در آذربایجان شرقی، با استفاده از ۳۰ والد و ایجاد ۳۰ خانواده ناتنی جهت تولید و معرفی رقم نفیس، وراثت‌پذیری خصوصی ارتفاع بوته، عملکرد علوفه تر و خشک را به ترتیب ۴۶، ۵۱ و ۵۰ درصد گزارش کرد.

نتایج مربوط به برآورد بازده ژنتیکی حاصل از گزینش والدین برتر بر اساس وضعیت و عملکرد نتاج پلی‌کراس (خانواده ناتنی) مربوطه در صفات مختلف در جدول ۶ درج شده است. در گزینش بر اساس آزمون نتاج پلی‌کراس یا خانواده‌های ناتنی (Half-sib progeny test selection)، والدین برتر بر اساس عملکرد نتاج پلی‌کراس یاخانواده‌های ناتنی انتخاب می‌شوند و در یک بلوک تلاقی ایزوله با یکدیگر تلاقی می–یابند که در این صورت ضریب کنترل والدین برابربا ۲ خواهد بود. در روش گزینش خانواده ناتنی (Half-sib family selection)، خانواده‌های برتر بر اساس میانگین عملکرد صفات مورد نظر انتخاب می‌شوند و با هم تلاقی می‌یابند تا جمعیت جدیدی ایجاد گردد که در این حالت با توجه به نحوه عمل، ضریب کنترل والدین ۱/۲ یا ۱ خواهد بود. بنابر این، مهم‌ترین تفاوت روش گزینش خانواده‌های ناتنی (Half-sib family selection) با روش گزینش بر اساس آزمون نتاج پلی‌کراس یا ناتنی(Half-sib progeny test selection)، واحد نوترکیبی است، که در روش اول خانواده‌های ناتنی با هم تلاقی می‌یابند و در روش دوم والدین انتخابی با هم تلاقی می‌یابند.

[Downloaded from jcb.sanru.ac.ir on 2026-11-01]
[DOI: 10.66224/jcb.2026.1612]

جدول ۳- تجزیه واریانس صفات اندازه‌گیری شده در خانواده‌های ناتنی طی دو سال ۰۱-۱۴۰۰
Table 3. ANOVA of the studied traits for half-sib families during two years (2021-22)

منبع تغییرات S.O.V	درجه آزادی df	ارتفاع بوته Plant height (cm)	تعداد ساقه در مترمربع Stem no. per m^2	سرعت رشد مجدد Regrowth rate (cm)	نمره خواب پاییزی Fall dormancy score	عملکرد علوفه تر Fresh forage yield (t ha^{-1})	عملکرد علوفه خشک Dry forage yield (t ha^{-1})	در صد رطوبت Moisture %
تکرار Replication (R)	2	271.36	2337.92	63.22	5.62	382.00	7.06	14.25
خانواده ناتنی H.S. family (HSF)	9	17.01^{ns}	1478.73^{ns}	92.38**	10.66**	78.37^{ns}	6.19*	1.39^{ns}
تکرار× ناتنی خانواده HSF×R	18	13.00	1048.14	5.71	1.15	45.35	2.39	1.44
سال Year (Y)	1	584.06^{ns}	50089.48*	456.78**	111.52*	1007.62^{ns}	139.96^{ns}	16.01^{+}
خانواده ناتنی × سال Y×HSF	9	14.20^{+}	1656.71^{ns}	7.18*	1.14^{ns}	44.13^{ns}	1.16^{ns}	1.36^{ns}
تکرار × سال Y×R	2	121.91**	795.76^{ns}	0.89^{ns}	1.87^{ns}	466.77**	26.21**	1.42^{ns}
باقیمانده Residual	18	5.84	1312.62	2.85	1.43	31.02	1.78	1.03
ضریب تغییرات (CV٪)		3.21	6.98	4.65	18.63	7.16	6.37	1.39

*، ** ، + و ns به ترتیب بیانگر اختلاف معنی‌دار در سطوح احتمال اشتباه ۵ ٪، ۱٪، ۱۰٪ و عدم اختلاف معنی‌دار هستند.
*, ** and ns represent significant difference at 5%, 1%, and 10% probability levels and non-significant difference, respectively.

جدول ۴- مقایسه میانگین دوساله صفات مورد بررسی در خانواده های ناتنی مورد آزمایش
Table 4. Comparison of two-years mean of studied characters in tested half-sib families.

خانواده ناتنی Half-sib family	ارتفاع بوته Plant Height (cm)	تعداد ساقه در متر مربع Stem no. per m	سرعت رشد مجدد Regrowth rate (cm)	نمره خواب پاییزی Fall dormancy score	عملکرد علوفه تر Fresh forage yield (t ha^{-1})	عملکرد علوفه خشک Dry forage yield (t ha^{-1})
Poly-Bami	76.041 a	496.57 a	36.67 b	6.80 b	78.62 a	21.06 ab
Poly-Yazdi	77.36 a	510.13 a	44.15 a	8.70 a	79.74 a	22.11 ab
Poly-Ahang	74.08 a	521.00 a	35.68 b	6.07 b	77.21 a	20.80 ab
Poly-KFA16	75.23 a	519.83 a	35.74 b	6.37 b	74.02 a	19.74 b
Poly-KFA4	74.99 a	533.57 a	35.11 b	6.63 b	78.05 a	20.77 ab
Poly-Mandegar	75.74 a	502.53 a	33.44 b	5.47 b	74.55 a	20.35 ab
Poly-KFA3	78.58 a	511.10 a	42.43 a	8.60 a	84.11 a	22.91 a
Poly-KFA13	74.35 a	550.13 a	34.87 b	5.27 b	80.13 a	21.11 ab
Poly-KFA11	74.87 a	513.73 a	32.75 b	5.07 b	79.76 a	20.88 ab
Poly-KFA15	72.63 a	528.47 a	32.51 b	5.13 b	71.57 a	19.48 b

میانگین‌های با حداقل یک حرف مشابه در هر ستون، در سطح احتمال ۵٪ با هم تفاوت معنی‌دار ندارند.
Means with at least one similar letter in each column are not significantly different at the 5% probability level.

جدول ۵- برآورد ضریب تغییرات، واریانس افزایشی، وراثت‌پذیری خصوصی و بازده حاصل از گزینش نتاج پلی‌کراس در صفات مورد مطالعه
Table 5. Estimation of the coefficient of variation, additive genetic variance, narrow-sense heritability, and selection gain of polycross progenies for studied traits

صفت Character	میانگین Mean	ضریب تغییرات ژنوتیپی Genotypic coefficient of variation(%)	ضریب تغییرات فنوتیپی Phenotypic coefficient of Variation (%)	واریانس فنوتیپی Phenotypic variance	واریانس افزایشی Additive genetic variance	وراثت‌پذیری خصوصی Narrow-sense heritability	بازده گزینش نتاج پلی کراس Genetic gain of progeny test half-sib selection
ارتفاع بوته Plant height (cm)	75.39	1.08	2.23	2.82	2.67	0.24	0.40
تعداد ساقه در متر مربع Stem no. per m^2	518.71	1.63	3.29	291.14	287.06	0.25	4.21
سرعت رشد مجدد Regrowth rate (cm)	36.33	10.46	10.80	15.38	57.78	0.94	3.68
نمره خواب پاییزی Fall dormancy score	6.41	19.65	21.07	1.82	6.34	0.87	1.17
عملکرد علوفه تر Fresh forage yield (t ha^{-1})	77.78	3.02	4.65	13.09	22.02	0.42	1.52
عملکرد علوفه خشک Dry forage yield (t ha^{-1})	20.92	3.80	4.85	1.03	2.53	0.61	0.62

روش گزینش بر اساس آزمون نتاج پلی‌کراس یا ناتنی (Half-sib progeny test selection)، توسط فالکونر (Falconer, 1983) به‌عنوان شکلی از گزینش خانواده‌ای ارایه شده است ولی علیرغم بازده بسیار مؤثر، به یک سال اضافی برای تشکیل خانواده‌های ناتنی در هر چرخه گزینش نیاز دارد (Nguyen & Sleeper, 1983). میزان بازده مورد انتظار حاصل از گزینش با استفاده از این روش گزینشی با شدت گزینش ۵۰ درصد و ضریب کنترل والدین ۲، برای صفات عملکرد علوفه تر، عملکرد علوفه خشک، ارتفاع و تعداد ساقه در مترمربع، سرعت رشد مجدد ۱۴ روز پس از برداشت و نمره خواب پاییزی به‌ترتیب برابر با ۱/۵۲ تن در هکتار، ۰/۶۲ تن در هکتار، ۰/۴ سانتی‌متر، ۴/۲۱ ساقه در مترمربع، ۳/۶۸ سانتی‌متر و ۱/۱۷ امتیاز برآورد گردید. منیری‌فر (Monirifar, 2023) میزان بازده گزینش برای صفات عملکرد علوفه تر،

[Downloaded from jcb.sanru.ac.ir on 2026-11-01]
[DOI: 10.66224/jcb.2026.1612]

عملکرد علوفه خشک و ارتفاع بوته را به‌ترتیب ۳/۲ تن در هکتار، ۱/۵۸ تن در هکتار و ۳/۸۶ سانتی‌متر گزارش کرد.

نتیجه‌گیری کلی

با توجه به نتایج حاصل از این پژوهش، وراثت‌پذیری خصوصی بالا (>۰/۸۷) در صفات سرعت رشد مجدد و نمره خواب پاییزی نشان‌دهنده امکان اصلاح موثر این صفات از طریق گزینش فنوتیپی است. بازده ژنتیکی پیش‌بینی شده برای صفات عملکرد علوفه و صفات رویشی حاکی از کارایی روش آزمون نتاج پلی‌کراس در انتخاب والدین برتر و بهبود کمی ژنوتیپ‌ها است. با بررسی صفات مختلف، پنج جمعیت Bami، Yazdi، KFA3، KFA13 و KFA16 جهت ایجاد جمعیت سنتتیک جدید انتخاب شدند تا در یک مزرعه ایزوله ابتدا با هم تلاقی یابند. این نتایج مبنایی علمی و عملی را برای برنامه‌های اصلاحی یونجه جهت توسعه ارقام با عملکرد بالا و سازگاری بهتر در شرایط محیطی متغیر فراهم می‌کنند.

References

Acharya, J. P., Lopez, Y., Gouveia, B. T., Ivone de Bem Oliveira, I. B., Resende Jr. M. F. R., Muñoz, P. R., & Rios, E. F. (2020). Breeding Alfalfa *(Medicago sativa* L.) Adapted to Subtropical Agroecosystems. *Agronomy*, 10, 742-755.

Brummer, E.C. (1999). Capturing heterosis in forage crop cultivar development. *Crop Science*, 39, 943–954.

Brummer, E.C., Naroofshah, M., & Luth, D. (2000). Re-examining the relationship between fall dormancy and winter hardiness in alfalfa. *Crop Science*, 40(4), 971-977.

Bowley, S. R., & Christie, B. R. (1981). Inheritance of Dry Matter yield in a Heterozygous Population of Alfalfa. *Canadian Journal of Plant Science*, 61, 313–318.

Falconer, D. S. (1983). Introduction to quantitative genetics. Second edition, Longman Group Limited Co., New York, USA.

Fehr, W. R. (1987). Principles of cultivar development. Vol II, Macmillan Publication Company, New York.

Ghasemi, A., Narouierad, M., Mohammadghasemi, M & Bakhshi, B (2024). Evaluation of the Yield and Agronomic Traits of Tropical alfalfa Cultivars in Sistan's Warm and Dry Climate. *Journal of Crop Breeding*, 16(3), 125-136. DOI: 10.61186/jcb.16.3.125 [In Persian]

Li, X., & Brummer, E. C. (2012). Applied genetics and genomics in alfalfa breeding. *Agronomy*, 2, 40–61.

Marinova, D., Dyakova, G., & Mincheva, R. (2024). Breeding Evaluation of Alfalfa (*Medicago sativa* L.) Polycross Progenies by Multivariate Analysis Based on Agro-morphological Traits. *Agricultural Sciences*, 77(12), 1870-1878.

Mitra, J., & Natarajan, S. (2002). Polycross progeny test for fodder yield in alfalfa (*Medicago sativa* L.). *Indian Journal of Genetics and Plant Breeding*, 62(04), 371–372.

Mohammadzadeh Jalaly, H., Valizadeh, M., Nasrollahzade, V., Emaratpardaz, J., Yusefi, M., & Moharramnejad, S. (2017). A Study of Genetic Diversity and Heritability in some of Agronomic Traits in Alfalfa Half-Sib Families. *Journal of Crop Breeding*, 921, 82-88. [In Persian]

Monirifar, H., Kanani Notash, R., Sadeghzadeh, M. E., & Zahi, N. (2023). Introduction of "Nafis" the First Iranian Improved Alfalfa Synthetic Variety. *Journal of Crop Breeding*. 15(47), 30- 40, [In Persian]

Monirifar, H., Valizadeh, M., Moghaddam, M., & Rahimzadeh Khoie, F. (2006). Inheritance of yield and morphological traits in Iranian alfalfa germplasm. *Pajouhesh & Sazandegi*, 62, 96-102. [In Persian]

Nguyen, H. T. & Sleper, A. (1983). Theory and application of half-sib matings in forage breeding. *Theoretical and Applied Genetics*, 64, 187-196.

Riday, H. &. Brummer, E.C. (2005). Crop breeding, genetics & cytology: Heterosis in a broad range of alfalfa germplasm. *Crop Science*, 45, 8–17.

Riday, H., Johnson, D. W., Heyduk, K., Raasch, J. A., Darling, M. E., & Sandman, J. M. (2013). Paternity testing in an autotetraploid alfalfa breeding polycross. *Euphytica*, 194(3), 335-349

[Downloaded from jcb.sanru.ac.ir on 2026-11-01]

[DOI: 10.66224/jcb.2026.1612]