

# ESTIMACIÓN DE LOS EFECTOS GÉNICOS EN LÍNEAS PURAS E HÍBRIDOS DE MAÍZ FORRAJERO DE ALTO VALOR NUTRITIVO

Estimation of Gene Effects of Forage Maize Inbred Lines and Hybrids for High Forage Quality

L. CAMPO RAMÍREZ y J. MORENO-GONZÁLEZ

Departamento de Pastos y Cultivos. CIAM-INGACAL. Apartado 10, 15080 A Coruña (España), laura.campo.ramirez@xunta.es

**Resumen:** El objetivo de este estudio fue estimar los efectos de aptitud combinatoria general (ACG) y aptitud combinatoria específica (ACE) en los cruzamientos de dos grupos heteróticos de líneas puras (LP) de maíz, con objeto de valorar su potencial en el programa de selección de maíz forrajero del CIAM. En el año 2009 se realizaron los cruzamientos entre los dos grupos heteróticos, "A" relacionado con germoplasma liso Europeo y *Sure Crop Lancaster* y "B" relacionado con el germoplasma *Reid Yellow Dent*. En los años 2010 y 2011 se evaluaron los cruzamientos para valor nutritivo. Las ACG y ACE fueron estimadas mediante un diseño North Carolina II. En el grupo "A" destacaron por su alta ACG para los caracteres de valor nutritivo las líneas puras H99 y EC47, y en el grupo "B" fueron las LP EC151, EC136 y EC168. Los mayores efectos de ACE para la digestibilidad de la materia orgánica in vitro (IVMOD) fueron para los cruzamientos relacionados con las LP americanas más tardías y los mayores efectos de ACE en relación al alto contenido en almidón con LP del CIAM tempranas. Los resultados indicaron que existe una amplia variación genética entre las LP evaluadas como para iniciar un programa de mejora genético efectivo con el fin de conseguir híbridos de alta calidad nutritiva.

**Palabras clave:** *Zea mays* L., cruzamientos, Aptitud Combinatoria General, Aptitud Combinatoria Específica

**Abstract:** The objective of this study was to estimate the effects of general combining ability (GCA) and specific combining ability (SCA) in 24 maize inbred lines belonging to two heterotic groups for assessing their potential in a breeding program. In 2009, crosses were made between the two heterotic groups: "A" with germplasm related to European flint and *Lancaster Sure Crop*, and "B" related to *Reid Yellow Dent* germplasm. Crosses were evaluated for forage quality in years 2010 and 2011. The genetic parameters GCA and SCA were estimated by a North Carolina II design. Inbreds H99 and EC47 showed the highest GCA effects for forage quality in group "A", whereas inbreds EC151, EC136 and EC168 did it in group "B". The major SCA effects for in vitro dry organic matter digestibility were showed in crosses related to American late maturity inbreds, and the highest ACE effects for starch content were present in early flint CIAM inbreds. The results showed that a wide genetic variation exists among the evaluated inbreds, which may be used for effective genetic improvement of high forage quality hybrids.

**Key words:** *Zea mays* L., hybrids, specific combining ability and general combining ability.

## INTRODUCCIÓN

La necesidad de abaratar costes en las explotaciones lecheras gallegas ha hecho que la demanda de forraje para la alimentación animal sea cada vez mayor, lo que ha incrementado el cultivo de maíz forrajero para ensilado en Galicia. Los híbridos forrajeros se diferencian de los híbridos grano por el desarrollo de la parte verde, el llenado de grano, el mantenimiento de la planta verde en el momento de corte, el porcentaje de materia seca y la digestibilidad de la planta entera. Un buen indicador de la calidad nutritiva del forraje es su digestibilidad, que está directamente relacionada con el contenido de materia seca de la mazorca y el valor nutritivo de la parte verde (Barrière *et al.*, 1993; Argillier *et al.*, 1995). Por lo tanto evaluar la calidad del forraje es fundamental para la selección de progenitores e híbridos, ya que existen diferencias en contenidos proteicos, fibra y digestibilidad de la materia seca entre los híbridos de maíz para forraje (Allen *et al.*, 1995). En definitiva, es importante buscar genotipos que aseguren altos rendimientos forrajeros y mayor calidad nutritiva (Clark *et al.*, 2002).

El éxito de cualquier programa de mejora diseñado para desarrollar LP para la formación de híbridos de alto rendimiento y calidad, dependerá de la elección del germoplasma base. El estimar los efectos de ACG y ACE, nos permiten conocer los tipos de acción génica que controlan a los diferentes caracteres (Hallauer y Miranda, 1988). La ACG explica la proporción de la varianza genética debida a los efectos aditivos de los genes, mientras que la ACE explica la proporción de la varianza genotípica debida principalmente a efectos de dominancia. La mejora genética por hibridación tendrá éxito si las dos o al menos una de las LP del híbrido presentan alta ACG, condición que por sí misma asegura un alto rendimiento. Si además el cruzamiento presenta un alto efecto positivo de ACE, su capacidad de rendimiento aumentará (Guerrero *et al.*, 2011). El objetivo de este estudio fue estimar los efectos de ACG entre LP de endospermo liso europeo y germoplasma LSC y LP dentadas relacionado con el germoplasma RYD, y estimar la ACE de sus cruzamientos para alto valor nutritivo.

## MATERIAL Y MÉTODOS

Dos grupos heteróticos de maíz A y B se evaluaron mediante un Diseño North Carolina II (NCII) en dos años. El grupo A incluía material de mejora procedente de germoplasma liso Europeo y germoplasma de USA *Sure Crop*

*Lancaster* (LSC), mientras que el grupo B estaba formado por material relacionado con el germoplasma *Reid Yellow Dent* (RYD) del Corn Belt de USA. Doce LP élite de cada grupo se utilizaron en este estudio. Las LP se dividieron en tres bloques de cuatro líneas y se cruzaron en el año 2009 de acuerdo con el diseño NCII dentro de cada conjunto (Tabla 1), obteniéndose 48 cruces (Tabla 4). El Grupo A incluía dos LP americanas, Mo17 y H99, además de otras 10 líneas del CIAM relacionadas con germoplasma liso europeo y LSC. El Grupo B incluía cuatro líneas de Norte América, B73, A632, CM105 y B37, ampliamente utilizados como progenitores híbridos en todo el mundo, además de ocho líneas derivadas de poblaciones dentadas adaptados a las regiones frías de Europa desarrolladas en el CIAM.

El diseño experimental fue un diseño NCII con tres repeticiones y fue sembrado en un ambiente en el año 2010 y dos ambientes en el 2011. Se realizó un análisis estadístico combinado con los datos recogidos en los tres ensayos mediante el Proc GLM del paquete estadístico SAS. Los componentes de la varianza se estimaron mediante el diseño propuesto por Comstock y Robinson (1948). Se estimaron los efectos de aptitud combinatoria general (ACG) y específica (ACE) para los grupos A y B y sus cruzamientos para cada variable de calidad estudiada en la planta entera de maíz forrajero (Ordás y Malvar, 2012). En los tres ensayos se determinó el contenido de proteína bruta (PB), fibra neutro detergente (FND), carbohidratos solubles en agua y no estructurales (CSA y CNET), almidón (ALM) y la digestibilidad de la materia orgánica in vitro (IVMOD), mediante espectroscopía de reflectancia en el infrarrojo cercano, previamente calibrado mediante los análisis químicos tradicionales (Campo *et al.*, 2007). En la comparación de medias se utilizó la prueba de mínimas diferencias significativas (LSD) al 0,05 de probabilidad.

**Tabla 1.** Cruzamientos realizados en el año 2009 entre dos grupos heteróticos de líneas.

Grupo heterótico A: material de mejora procedente de germoplasma liso europeo y LSC			Grupo heterótico B: material de mejora relacionado con el germoplasma RYD		
Macho			Hembra		
Bloque 1	Bloque 2	Bloque 3	Bloque 1	Bloque 2	Bloque 3
EC49	EC49A	EC215A	EC136	EC169	EC151
EC213	EC47	EC220	EC149B	EC133A	A632
EC212	EC218	H99	EC175	EC168	B73
EC214	EC18	Mo17	EC179	CM105	B37

**Tabla 3.** Valores medios de los efectos genéticos de las líneas puras de los grupos heteróticos A y B dentro de cada bloque en un diseño NCII evaluado en tres ambientes para la calidad forrajera analizada mediante NIRS en la planta entera: proteína bruta (PB), digestibilidad de la materia orgánica *in vitro* (IVMOD), fibra neutro detergente (FND), carbohidratos solubles en agua y no estructurales (CSA y CNET) y almidón (ALM).

Grupo								
Heterotico	Bloque	Línea pura	PB	IVOMD	FND	CSA	CNET	ALM
A	1	EC212	0,00	0,83 ***	-0,33	0,90 ***	0,58	-0,25
		EC213	-0,036	-0,19	-0,11 * *	-0,41	-0,02	0,68
		EC214	0,15 **	-0,47 *	-0,08	-0,39	-0,32	-0,22
		EC49	-0,11 *	-0,17	0,52	-0,09	-0,23	-0,21
	2	EC18	-0,22 ***	-0,29	-0,65 *	-0,05	0,80 *	0,71
		EC218A	0,030	-0,50 *	1,50 ***	0,14	-1,78 ***	-1,58 ***
		EC47	0,05	0,83 ***	-0,92 **	1,20 ***	0,52	-0,93 *
		EC49A	0,14 **	-0,04	0,07	-1,29 ***	0,45	1,80 ***
	3	EC215A	-0,27 ***	-0,89 ***	0,47	0,05	0,45	0,45
		EC220	-0,10	-1,19 ***	0,98 **	-0,90 ***	-0,47	0,06
		H99	0,29 ***	1,27 ***	-1,60 ***	0,34	0,21	-0,21
		Mo17	0,07	0,80 ***	0,14	0,51 *	-0,19	-0,30
B	1	EC136	-0,13 *	0,05	-1,4 ***	-1,03 ***	1,94 ***	2,59 ***
		EC149B	-0,02	0,29	0,14	0,92	-0,60	-1,33 **
		EC175	-0,03	0,17	0,11	1,26 ***	-0,41	-1,62 ***
		EC179	0,18 **	-0,51 *	1,17 ***	-1,16 ***	-0,93 *	0,35
	2	CM105	0,20 ***	-0,91 ***	1,32 ***	-0,93 ***	-1,24 ***	-0,23
		EC133A	-0,38 ***	0,96 ***	-0,48	1,88 ***	0,68	-1,31 **
		EC168	0,01	0,47 *	-1,14 ***	0,60 *	0,76 *	-0,18
		EC169	0,17 **	-0,53 *	0,30	-1,55 ***	-0,19	1,71 ***
	3	A632	0,22 ***	-0,59 **	1,25 ***	-1,60 ***	-1,20 ***	0,69
		B37	-0,17 **	0,26	0,49	1,61 ***	-0,37	-2,29 ***
		B73	-0,34 ***	0,13	-0,69 *	0,77 **	0,84 *	0,06
		EC151	0,29 ***	0,20	-1,06 ***	-0,77 **	0,73 *	1,54 ***
Error		0,05	0,21	0,30	0,24	0,36	0,44	

\*, \*\* y \*\*\*diferencias significativas al  $p < 0,05$ ,  $0,001$  and  $0,001$ , respectivamente. † Los efectos genéticos fueron estimados mediante funciones lineales entre las líneas puras y los cruzamientos dentro de cada bloque. ‡ Medias entre los tres híbridos comerciales y los cruzamientos NCII seguidas de la misma letra no fueron significativamente diferentes al  $p < =0,05$

Las diferencias en la digestibilidad entre el bloque uno y tres, 68,2 y 68,1% respectivamente, no fueron significativas, pero si que lo fueron con el bloque dos (66,6%) (Tabla 4). Para la  $ACE_{A(E)}$  y  $ACE_{B(E)}$  se encontraron diferencias significativas en todas las variables evaluadas. De la Cruz Lázaro *et al* (2007) también hallaron diferencias estadísticas para la ACE en todas las variables agronómicas y de calidad forrajera evaluadas excepto IVMOD, en un análisis de varianza dialélico. La no significancia para IVMOD en los cruzamientos indica la escasa variación genética existente en este carácter de valor nutritivo, tal como señalan Nuñez *et al* (2001) en poblaciones de maíz grano normal, Peña *et al* (2004) en poblaciones de maíz grano de alto contenido protéico (ACP) y De la Cruz-Lázaro *et al* (2007) en poblaciones de

## RESULTADOS Y DISCUSIÓN

Con base en la descomposición de la suma de cuadrados de la fuente de variación (Tabla 2), la  $ACG_A$  del grupo A fue significativa ( $p < 0,05$ ) para los caracteres de PB e IVMOD, lo que indica que debido a las diferencias entre las líneas lisas en sus cruzamientos con el grupo dentado, se pueden seleccionar aquellas líneas que transmiten a sus cruzamientos contenidos más altos de proteína y mayor digestibilidad. Las LP que presentaron mayores efectos positivos para el carácter de contenido proteico fueron EC151, H99, CM105 y A632 ( $p < 0,001$ ). Las LP con efectos positivos significativos para la digestibilidad fueron H99, EC133A, EC47, EC212 y Mo17 ( $p < 0,001$ ) (Tabla 3).

**Tabla 2.** Análisis de varianza de un diseño de cruzamientos North Carolina II entre líneas puras de dos grupos heteróticos A y B para valor nutritivo: proteína bruta (PB), digestibilidad de la materia orgánica in vitro (IVMOD), fibra neutro detergente (FND), carbohidratos solubles en agua y no estructurales (CSA y CNET) y almidón (ALM).

	Cuadrados medios esperados						
	gl	PB	IVMOD	FND	CSA	CNET	ALM
Ambiente (E)	2	2,88	417,9***	629,7***	249,79*	1885,8***	2317***
Rep(E)	6	2,19**	14,82*	27,21*	7,69	30,71	16,11
Bloque(E*Rep)	12	0,39**	4,50*	8,57*	3,89	10,32	9,34
$ACG_A$	9	1,11*	25,80*	30,69	21,77	21,11	32,14
$ACG_B$	9	2,12	12,31	40,64*	72,94	42,81*	97,87
$ACE_{AxB}$	27	0,2	3,29	7,89*	6,2	10,11*	17,83
$ACE_{A(E)}$	18	0,36**	8,67***	15,34***	11,10**	15,82**	20,78*
$ACE_{B(E)}$	18	1,46***	9,23***	12,89***	35,41***	13,31**	36,85***
$E*A*B$ (Bloque)	54	0,13	2,03	4,22	4,51**	5,62	10,91
Error	270	0,14	2,19	4,34	2,52	6,19	8,86

gl: grados de libertad; ACG: aptitud combinatoria general; ACE: aptitud combinatoria específica. Significación estadística \*  $p < 0,05$ ; \*\*  $p < 0,01$ ; \*\*\*  $p < 0,001$

En cuanto a los caracteres PB, IVMOD, CSA y ALM, no se han encontrado diferencias significativas en la  $ACE_{AxB}$  lo que sugiere que los cruzamientos dentro de cada bloque poseen el mismo contenido proteico, carbohidratos solubles en agua, almidón y similar digestibilidad. La interacción positiva Bloque (E\*R) para los caracteres PB, FND e IVMOD señala que el contenido de PB, FND y la digestibilidad entre los bloques evaluados si que es diferente. Las diferencias entre los bloques dos y tres no fueron significativas para los caracteres PB y FND con valores de 5,6 y 5,7% para PB y 49,6 y 49,5% para FND, pero sí con el bloque uno (6,1 y 47,2% respectivamente) que es el bloque más temprano.

maíz forrajero y ACP. Argillier *et al* (2000) si que encontraron diferencias significativas en los cruzamientos de maíz normal.

Los cruzamientos con mejor digestibilidad están relacionados con las LP H99, EC133A, EC47, EC212 y Mo17, y los cruzamientos con mayor contenido en ALM con las LP EC136, EC49A, EC169 y EC151 ( $p < 0,001$ , Tabla 3).

**Tabla 4.** Valores medios de los cruzamientos evaluados en tres ambientes para los caracteres de calidad nutritiva.

<b>Cruzamiento B1</b>	<b>PB</b>	<b>IVMOD</b>	<b>FND</b>	<b>CSA</b>	<b>CNET</b>	<b>ALM</b>	<b>Cruzamiento B2</b>	<b>PB</b>	<b>IVMOD</b>	<b>FND</b>	<b>CSA</b>	<b>CNET</b>	<b>ALM</b>
EC212xEC136	5,9	68,4	44,4	8,2	43,8	35,1	EC18xCM105	5,4	64,6	50,4	8,3	37,9	29,3
EC212xEC149B	6,2	68,2	47,4	10,2	39,5	29,8	EC18xEC133A	4,9	65,5	48,7	9,8	39,8	29,3
EC212xEC175	6,0	68,3	47,0	11,7	40,9	29,2	EC18xEC168	5,6	65,5	47,3	8,6	40,4	30,7
EC212xEC179	6,2	67,2	48,7	8,7	39,2	30,6	EC18xEC169	5,8	64,5	49,6	6,7	38,3	31,4
EC213xEC136	6,0	67,1	45,4	7,8	42,2	34,3	EC218AxCM105	5,7	63,4	53,6	8,4	33,9	25,6
EC213xEC149B	6,1	67,1	47,7	9,5	39,0	29,8	EC218AxEC133A	5,4	65,9	49,7	9,9	37,8	27,8
EC213xEC175	6,0	66,4	47,9	8,4	39,6	31,8	EC218AxEC168	5,7	65,6	50,2	9,4	37,2	27,6
EC213xEC179	6,1	67,3	47,5	7,9	40,1	32,5	EC218AxEC169	5,8	64,2	51,2	6,5	37,2	30,6
EC214xEC136	6,0	66,4	46,5	7,6	41,4	33,1	EC47xCM105	6,1	66,0	47,9	7,7	40,1	31,5
EC214xEC149B	6,1	67,5	46,3	9,6	40,5	30,7	EC47xEC133A	5,3	67,4	49,2	12,8	38,5	24,9
EC214xEC175	6,3	66,8	47,0	9,0	39,5	30,0	EC47xEC168	5,7	65,9	48,3	9,7	38,7	28,0
EC214xEC179	6,5	66,0	48,8	7,4	38,4	30,9	EC47xEC169	5,6	65,2	49,5	8,1	38,1	29,7
EC49xEC136	5,9	67,0	46,9	7,5	41,4	33,4	EC49AxCM105	6,0	63,6	52,1	5,5	36,3	30,6
EC49xEC149B	5,8	67,1	48,0	9,5	39,6	30,1	EC49AxEC133A	5,4	66,2	49,0	8,6	39,8	30,6
EC49xEC175	6,0	67,8	47,4	11,2	39,5	28,2	EC49AxEC168	5,6	66,0	48,3	8,3	40,0	30,8
EC49xEC179	6,3	66,1	48,7	6,6	39,6	33,1	EC49AxEC169	6,0	65,2	49,5	6,1	38,8	32,9
<b>Media B1</b>	<b>6,1</b>	<b>67,2</b>	<b>47,2</b>	<b>8,8</b>	<b>40,2</b>	<b>31,4</b>	<b>Media B2</b>	<b>5,6</b>	<b>65,3</b>	<b>49,7</b>	<b>8,4</b>	<b>38,3</b>	<b>29,5</b>

  

<b>Cruzamiento B3</b>	<b>PB</b>	<b>IVMOD</b>	<b>FND</b>	<b>CSA</b>	<b>CNET</b>	<b>ALM</b>
EC215AxA632	5,6	65,4	51,0	7,9	37,6	30,1
EC215AxB37	5,3	66,8	50,8	12,5	36,9	24,1
EC215AxB73	5,2	65,9	50,0	9,8	37,6	27,9
EC215AxEC151	5,7	67,5	48,2	8,6	39,2	31,0
EC220xA632	5,9	66,5	51,3	7,7	36,1	28,3
EC220xB37	5,3	66,1	50,2	9,9	37,6	27,1
EC220xB73	5,2	65,8	50,9	9,1	37,0	27,5
EC220xEC151	6,1	66,1	49,8	8,2	37,0	28,6
H99xA632	6,2	68,2	49,0	8,8	36,4	27,9
H99xB37	6,0	68,9	48,5	10,4	37,4	26,9
H99xB73	5,7	68,9	46,7	11,5	38,8	27,0
H99xEC151	6,2	68,3	47,6	9,1	37,9	28,6
Mo17xA632	6,1	66,7	52,0	7,7	34,7	27,7
Mo17xB37	5,6	68,5	50,6	12,2	36,1	24,0
Mo17xB73	5,4	69,1	47,8	11,2	39,7	29,1
Mo17xEC151	6,0	68,1	48,4	9,5	38,3	29,3
<b>Media B3</b>	<b>5,7</b>	<b>67,3</b>	<b>49,6</b>	<b>9,6</b>	<b>37,4</b>	<b>27,8</b>

B: bloque; PB: proteína bruta; IVMOD: digestibilidad de la materia orgánica in vitro; CSA y CNET: carbohidratos solubles en agua y no estructurales; ALM: almidón; FND: fibra neutro detergente.

En general han destacado por su alto potencial nutritivo la LP americana H99, con alta ACG para contenido PB e IVMOD y bajo contenido en FND, y la LP del CIAM EC151 con alta ACG en el carácter PB, ALM, CNET y bajo contenido en FND. La LP EC133A también ha destacado por su alto potencial para conseguir cruzamientos con buena digestibilidad y altos contenidos en CSA. Esta LP ya ha sido relacionada con cruzamientos de alto potencial para la producción de forraje (Campo *et al.*, 2012). La LP EC136 ha mostrado un gran potencial para la producción de cruzamientos con alta ACG para los caracteres ALM, CNET y FND. Esta LP ha sido relacionada con caracteres de precocidad y alto contenido de materia seca (Campo *et al.*, 2012). Los valores de todos los caracteres de calidad nutritiva en los cruzamientos evaluados, se muestran en la Tabla 4. En cuando a la ACE que determina el potencial del cruzamiento, para la digestibilidad los mayores efectos fueron para los cruzamientos relacionados con las LP americanas más tardías: Mo17xB73 (69,1%), H99xB73 y H99xB37 (68,9%), Mo17xB37 (68,5%) y los mayores efectos de ACE en relación al alto contenido en almidón con LP del CIAM tempranas: EC212xEC136 (35,1%), EC213xEC136 (34,3%), EC49xEC136 (33,4%) y EC214xEC136 (33,1%) (Tabla 4).

## CONCLUSIONES

Los resultados obtenidos indican que existe una amplia variación genética entre las LP evaluadas como para iniciar un programa de mejora genético efectivo con el fin de conseguir híbridos de alta calidad nutritiva.

Se han identificado LP con altos potenciales para la selección de caracteres de valor nutritivo en planta entera de maíz forrajero. La LP americana H99 y la LP del CIAM EC151 han destacado tanto por su alta ACG como ACE de sus cruzamientos y, por lo tanto, poseen un gran potencial para la producción de cruzamientos con un alto valor nutritivo ya que han destacado en la mayoría de los caracteres de calidad deseables en los híbridos forrajeros.

## REFERENCIAS BIBLIOGRÁFICAS

ALLEN M., FORD S., HARRISON J., HUNT J., LAUER J., MUCK R. Y SODERLUND S. (1995) *Corn silage production, management and feeding*. Madison, USA: American Soc. of Agronomy, Crop Science Society of America, Soil Sci. of America.

- ARGILLIER O., HÈBERT Y. Y BARRIÈRE Y. (1995) Relationships between biomass yield grain production, lodging susceptibility and feeding value in silage maize. *Maydica*, 40, 125-136.
- ARGILLIER O., MÉCHIN V. Y BARRIÈRE Y. (2000) Inbred line evaluation and breeding for digestibility-related traits in forage maize. *Crop Sci.* 40(6), 1596-1600.
- BARRIÈRE Y., HÈBERT Y., JULIER B., YOUNG E., FURTOSS V. (1993) Genetic variation for silage and NIRS traits in a half-diallel desing of 21 inbred lines of maize. *Maydica*, 38, 7-13.
- CAMPO RAMÍREZ L., CASTRO GARCÍA P., MORENO-GONZÁLEZ J. (2007) Calibración NIRS para estimar la digestibilidad de la materia orgánica de la planta entera de maíz en híbridos seleccionados para forraje. En: Sociedad Española para el Estudio de los Pastos (Eds) *Los sistemas forrajeros: Entre la producción y el paisaje*, pp 461-467. Vitoria-Gasteiz, España.
- CAMPO RAMIREZ, L., MONTEAGUDO A.B. Y MORENO-GONZÁLEZ, J. (2012) Aptitud combinatoria entre líneas puras de maíz para alto rendimiento forrajero. *Acta Hort*, 62, 43-45.
- CLARK P.W., KELM S. Y ENDRES M.L. (2002) Effect of feeding a corn hybrid selected for leafiness as silage or grain to lactating dairy cattle. *J. dairy Sci.*, 85, 607-612.
- COMSTOCK R.E. Y ROBINSON H.F. (1948) The componets of genetic variance in populations of biparental progenie and their use in estimating the average degrees of dominance. *Biometrics*, 4, 254-266.
- DE LA CRUZ-LÁZARO E., RODRÍGUEZ-HERRERA S.A., PALOMO-GIL A., LÓPEZ BENÍTEZ A., ROBLEDO-TORRES V., GÓMEZ-VÁZQUEZ A. Y OSORIO-OSORIO R. (2007) Combining ability of protein high quality maize inbred lines for forage characteristics. [www.ujat.mx/publicaciones/uciencia](http://www.ujat.mx/publicaciones/uciencia), 23 (1), 57-68.
- GUERRERO C., ESPINOZA A., PALOMO A., GUTIÉRREZ E., ZERMEÑO H. Y GONZÁLEZ M.P. (2011) Aptitud combinatoria del rendimiento y sus componentes en dos grupos de líneas de maíz. *Agronomía Mesoamericana*, 22(2), 257-267.
- HALLAUER A.R. Y MIRANDA FILHO J.B. (1988) *Quantitative genetics in Plant breeding*. Ames, Iowa, USA: Iowa State University Press.
- NÚÑEZ H.G., FAZ C.R., TOVAR G.M.R. Y ZAVALA G.A. (2001) Híbridos de maíz para la producción de forraje con alta digestibilidad en el norte de México. *Téc. Pecu. Mex.* 39(2), 77-88
- ORDÁS B. Y MALVAR R.A. (2012). Métodos clásicos de análisis de caracteres cuantitativos en plantas. En: Ferreira J.J. *et al.* (Eds) *La genética de los caracteres cuantitativos en la mejora vegetal del siglo XXI*, pp. 81-119. Asturias, España: Sociedad Española de Genética.
- PEÑA R.A., GONZÁLEZ C.F., NÚÑEZ H.G. Y JIMÉNEZ G.C. (2004) Aptitud combinatoria de líneas de maíz para alta producción y calidad forrajera. *Rev. Fitotec. Mex.* 27(1), 1-6.