

## MELHORAMENTO GENÉTICO DE MILHO PARA ALTOS TEORES DE AMIOLOSE E AMILOPECTINA NOS GRÃOS

## GENETIC BREEDING OF MAIZE FOR HIGH LEVELS OF AMYLOSE AND AMYLOPECTIN IN THE GRAINS

## MEJORAMIENTO GENÉTICO DEL MAÍZ PARA OBTENER ALTOS NIVELES DE AMILOSA Y AMILOPECTINA EN LOS GRANOS

**Murilo Vieira Loro**

Doutor em Agronomia, Universidade Federal de Santa Maria, Brasil

E-mail: [muriloloro@gmail.com](mailto:muriloloro@gmail.com)

**Ivan Ricardo Carvalho**

Doutor em Agronomia, Universidade Regional do Noroeste do Estado do Rio  
Grande do Sul, Brasil

E-mail: [carvalho.irc@gmail.com](mailto:carvalho.irc@gmail.com)

**Giovanni Matheus Froehlich**

Graduando em Agronomia, Universidade Federal de Santa Maria, Brasil

E-mail: [giovannifroehlich635@gmail.com](mailto:giovannifroehlich635@gmail.com)

**Vitória Larrosa Bueno**

Graduanda em Agronomia, Universidade Federal de Santa Maria, Brasil

E-mail: [vitorialarrosabueno@icloud.com](mailto:vitorialarrosabueno@icloud.com)

**Mauro Maciel de Moraes**

Graduando em Agronomia, Universidade Federal de Santa Maria, Brasil

E-mail: [moraesmaciel@gmail.com](mailto:moraesmaciel@gmail.com)

**Diovana Thays Schlosser**

Graduanda em Agronomia, Universidade Federal de Santa Maria, Brasil

E-mail: [diovanaschlosser@gmail.com](mailto:diovanaschlosser@gmail.com)

**Angélica Guareschi**

Graduanda em Agronomia, Universidade Federal de Santa Maria, Brasil

E-mail: [angelicaguareschi@gmail.com](mailto:angelicaguareschi@gmail.com)

**Resumo:** Esta revisão bibliográfica explorou o melhoramento genético do milho para aumentar os teores de amilose e amilopectina em grãos de milho. A composição do amido, dividido entre amilose e amilopectina, afeta significativamente o desempenho animal e a qualidade de produtos derivados do milho. A síntese de amilose e amilopectina no milho, relacionada a diferentes genes mutantes como wx (para

amido ceroso) e *ae* (para alto teor de amilose) foi destacada. Foram abordadas as principais estratégias de melhoramento genético para os caracteres, como retrocruzamento e autofecundação, para desenvolver linhagens com diferentes teores de amilose e amilopectina. Também se explorou a influência dos fatores ambientais na expressão de amilose e amilopectina nos grãos de milho. As mudanças na temperatura, umidade e outras condições meteorológicas afetam a relação amilose/amilopectina e a estrutura molecular dos grãos. Destacou-se a importância desses estudos para otimizar a nutrição animal, melhorar a produção de alimentos e rações, bem como desenvolver produtos industriais a partir do milho, salientando o potencial do melhoramento genético para enfrentar desafios futuros na agricultura e na indústria alimentícia. O melhoramento genético do milho para altos teores de amilose e amilopectina promove soluções promissoras para reduzir, principalmente, os custos da produção de proteína animal.

**Palavras-chave:** *Zea mays*; *waxy*; *amylose extender*; mutação; qualidade nutricional.

**Abstract:** This literature review explored maize genetic breeding to increase amylose and amylopectin content in maize grains. The composition of starch, divided between amylose and amylopectin, significantly affects animal performance and the quality of maize-derived products. The synthesis of amylose and amylopectin in maize, relating it to different mutant genes such as *wx* (for waxy starch) and *ae* (for high amylose content), was highlighted. The main genetic breeding strategies for these traits were discussed, such as backcrossing and self-fertilization, to develop lines with different concentrations of amylose and amylopectin. The influence of environmental factors on the expression of amylose and amylopectin in maize grains was also explored. Changes in temperature, humidity, and other meteorological conditions affect the amylose/amylopectin ratio and the molecular structure of grains. The importance of these studies for optimizing animal nutrition, improving food and feed production, and developing industrial products from maize was highlighted, emphasizing the potential of genetic breeding to address future challenges in agriculture and the food industry. Genetic breeding of maize for high amylose and amylopectin content promotes promising solutions for reducing costs, especially in animal protein production.

**Keywords:** *Zea mays*; *waxy*; *amylose extender*; mutation; nutritional quality.

**Resumen:** Esta revisión de la literatura exploró el mejoramiento genético del maíz para aumentar el contenido de amilosa y amilopectina en los granos de maíz. La composición del almidón, dividida entre amilosa y amilopectina, afecta significativamente el rendimiento animal y la calidad de los productos derivados del maíz. Se destacó la síntesis de amilosa y amilopectina en maíz, relacionándola con diferentes genes mutantes como *wx* (para almidón ceroso) y *ae* (para alto contenido de amilosa). Se discutieron las principales estrategias de mejoramiento genético de estas características, como el retrocruzamiento y la autofecundación, para desarrollar líneas con diferentes concentraciones de amilosa y amilopectina. También se exploró la influencia de los factores ambientales en la expresión de amilosa y amilopectina en granos de maíz. Los cambios de temperatura, humedad y otras condiciones climáticas afectan la relación amilosa/amilopectina y la estructura molecular de los granos. Se destacó la importancia de estos estudios para optimizar la nutrición animal, mejorar la producción de alimentos y piensos y desarrollar productos industriales a partir del maíz, enfatizando el potencial del mejoramiento genético para abordar los desafíos futuros de la agricultura y la industria alimentaria. El mejoramiento genético del maíz para obtener altos niveles de amilosa y amilopectina ofrece soluciones prometedoras para reducir costos, especialmente en la producción de proteína animal.

**Palabras clave:** *Zea mays*; *waxy*; *amylose extender*; mutación; calidad nutricional.

## 1. Introdução

A maior parte das áreas cultivadas com milho destina-se à produção de grãos secos para múltiplas finalidades. O milho é uma *commodity*, ou seja, uma mercadoria

gerada diretamente pela atividade agropecuária, sendo produzido em larga escala, com características homogêneas e preço determinado pelo mercado internacional. Os milhos especiais são produtos diferenciados obtidos do milho, como milho pipoca, minimilho, canjica, milho doce, milho waxy, milho com alta amilose, milho forrageiro e milho-verde (LIMA; BORÉM, 2018). Os milhos especiais ocupam nichos próprios de mercado e resultam da expressiva variabilidade genética da espécie.

A significativa importância da produção de milho (*Zea mays* L.) ocorre devido à demanda global por seus grãos, destinados majoritariamente para a nutrição animal. Para a geração de proteína animal, a qualidade nutricional do grão de milho usado para a confecção das rações é determinante na análise dos custos de produção e precificação no mercado consumidor. Os grãos de milho são formados por ~72% de amido, que é o nutriente usado como fonte energética majoritária para a nutrição animal (BUTTS-WILMSMEYER et al., 2019).

Concomitante ao amido, quantidades menos expressivas de proteína (~10%), fibras, lipídios, aminoácidos e minerais também compõem a estrutura dos grãos (RODRIGUEZ et al., 2020). O amido do milho está presente em distintas cadeias estruturais, denominadas de amilose e amilopectina, que variam em proporção (DENARDIN; DA SILVA, 2009; PINEDA-HILDALGO et al., 2015). O amido no endosperma normal do milho contém aproximadamente 25% de amilose e 75% de amilopectina (PINEDA-HILDALGO et al., 2015). A proporção de amilose para amilopectina determina a aparência, estrutura e qualidade dos produtos alimentícios derivados do milho.

Na produção animal, mesmo fornecendo níveis semelhantes de amido total nas dietas, as variações nos teores de amilose e amilopectina influenciam as respostas metabólicas e o desempenho zootécnico dos animais (DENARDIN et al., 2012; LIU et al., 2014; MA et al., 2020; WANG et al., 2019). A maior concentração de amilopectina em dietas de suínos, aves e peixes promove melhorias no desempenho dos animais (LIU et al., 2014; MA et al., 2020; WANG et al., 2019). Os resultados relatados demonstram que a identificação de genótipos de milho a partir de suas características nutricionais intrínsecas, pode se refletir expressivamente sobre a eficiência do aproveitamento de nutrientes das rações, reduzindo custos e potencializando os ganhos

com a criação de animais. No entanto, a grande variabilidade genética desse cereal, aliada às interações entre genótipo e ambiente, podem causar alterações significativas nos teores de nutrientes dos grãos de milho (BUTTS-WILMSMEYER et al., 2019; MANSILLA et al., 2020; WANG et al., 2023), que se refletirão sobre o desempenho dos animais (MA et al., 2020).

Neste cenário, a compreensão da expressão da amilose e amilopectina pode ser usada para orientar programas de melhoramento e estratégias de engenharia genética voltadas para o desenvolvimento de culturas com novas características de amido, como concentrações altas ou baixas de amilose. A síntese de amilose e amilopectina no endosperma do milho envolve várias etapas, desde a quebra da sacarose até a atuação de diferentes enzimas (LI et al., 2018). Mutantes no gene *wx* resultam em milho ceroso (apenas amilopectina), enquanto o gene *ae* aumenta a concentração de amilose (LIMA; BORÉM, 2018). O conhecimento desses genes e sua relação com a síntese de amido é fundamental para desenvolver estratégias de engenharia e melhoramento genético.

Para obter linhagens de milho ceroso, são utilizadas técnicas de retrocruzamento e autofecundações sucessivas, visando obter indivíduos com o gene *waxy* e fixar as características desejadas (TALUKDER et al., 2022a; QI et al., 2020; YANG et al., 2013). No entanto, a expressão de genes monogênicos como *wx* e *ae* envolve um gene recessivo, o que requer cuidados no processo de obtenção de linhagens cerosas ou híbridos F<sub>1</sub> com essas características. O milho é um cereal de importância econômica significativa, e a compreensão de sua composição nutricional e bases genéticas é essencial para melhorar a produção de proteína animal, a fabricação de rações e a alimentação humana. O conhecimento desses aspectos é fundamental para otimizar o uso desse cereal em diferentes aplicações. Nesse sentido, o objetivo dessa revisão foi atualizar o conhecimento sobre as principais estratégias utilizadas nos programas de melhoramento genético de milho para o desenvolvimento e seleção de genótipos com altos teores de amilose ou amilopectina.

## 2. Revisão da Literatura

## 2.1 Composição nutricional dos grãos de milho

O avanço das pesquisas sobre a composição nutricional dos grãos foi determinante para evidenciar que os caracteres produtivos devem ser associados com qualidade mercadológica dos produtos resultantes. No caso do milho, majoritariamente destinado à produção escalonada de proteína animal, as pesquisas em melhoramento têm voltado esforços na melhoria de sua qualidade nutricional (LI et al., 2018; ZHONG et al., 2020), de modo a possibilitar sua maior eficiência de conversão no crescimento e terminação dos animais.

Devido ao seu elevado teor em amido (70 a 75%), associado a ausência de fatores antinutricionais intrínsecos, o milho é largamente usado como ingrediente energético nas rações (BUTTS-WILMSMEYER et al., 2019; RODRÍGUEZ et al., 2020). Outros nutrientes igualmente importantes, como proteínas (~10%) (JAHANGIRLOU et al., 2022), fibras, lipídios, vitaminas e minerais também são encontrados em menor teor neste cereal.

Ao longo dos anos foram desenvolvidas pesquisas associando atributos nutricionais deste cereal com o desempenho animal (LIU et al., 2014; MA et al., 2020; WANG et al., 2019). Contudo, a grande maioria dos estudos não aborda adequadamente as variantes do principal constituinte deste cereal - o amido - e seus efeitos sobre o metabolismo e desempenho dos animais. O amido é formado por amilose e amilopectina (BUTTS-WILMSMEYER et al., 2019). A amilose é uma molécula pela qual as plantas, preferencialmente, armazenam energia, em razão de sua cadeia de ligação linear que ocupa menor espaço, facilitando o armazenamento de amido nas plantas (TAIZ et al., 2017). Já a amilopectina apresenta uma cadeia ramificada sendo uma molécula que ocupa um maior espaço.

A natureza do amido (relação entre amilose e amilopectina) também altera a digestão do amido pelos animais. A amilopectina torna o amido mais solúvel o que promove uma digestão mais rápida do amido, quando comparado a maior concentração de amilose (LIANG et al., 2023). Cadeias de amilopectina mais longas foram positivamente correlacionadas com a taxa de digestão (ZHONG et al., 2020). Os maiores valores de amilopectina promovem ganhos na conversão alimentar de animais monogástricos, quando inserida nas dietas. A maior concentração de amilopectina na

dieta de suínos promoveu o maior peso médio diário em estágio de terminação (WANG et al., 2019). Resultados similares foram observados em aves, na qual a digestibilidade do amido aumentou quando a relação entre amilose e amilopectina diminui (MA et al., 2020). Em peixes, a menor relação entre amilose e amilopectina potencializou o ganho de peso (LIU et al., 2014). Esses estudos sugerem que a menor relação entre a amilose e amilopectina promove os maiores ganhos de peso diário em animais monogástricos.

Compreender o processo digestivo dos amidos permite explorar a capacidade de desenvolver genótipos com altos teores de amilose ou amilopectina. Por exemplo, com base nos estudos citados, o desenvolvimento de genótipos com maior potencial de amilopectina nos grãos é benéfico para indústrias de rações para animais monogástricos (ZHONG et al., 2020). Enquanto genótipos com maior expressão de amilose podem ser preferíveis no segmento de alimentação humana e desenvolvimento de subprodutos como filmes de amido (ZHAI et al., 2021).

## 2.2 Síntese de amilose e amilopectina no endosperma de grãos de milho

A cultura do milho apresenta uma variedade de genes mutantes que codificam proteínas e enzimas responsáveis pela produção de amidos especiais, tais como o amido ceroso (com ausência de amilose), o amido com alta proporção de amilose, e os mutantes açucarados (BROWN et al., 2015; FUJITA et al., 2007; TALUKDER et al., 2022a; YANG et al., 2013). Identificar os genes e alelos que determinam o desempenho produtivo, a concentração de amido e qualidade do amido é essencial para promover avanços na agricultura e indústrias.

O milho ceroso (sem amilose) é uma variação do amido do milho normal e foi primeiramente encontrado na China, em 1908. Essa característica é controlada geneticamente por um único gene recessivo, o gene *waxy* (*wx*) (LI et al., 2018). Já a presença do gene mutante *amylose extender* (*ae*), na forma homozigota, aumenta significativamente o conteúdo de amilose no endosperma (>50%) (ZHONG et al., 2020).

Nas últimas décadas, houve avanços significativos na compreensão da genética e biossíntese do amido, incluindo a identificação das principais enzimas envolvidas. O processo da síntese de amido no endosperma do milho inicia-se com



a conversão da sacarose, originada na fotossíntese, em frutose e UDP-glicose por meio da enzima sacarose sintase (LI et al., 2018). Posteriormente, a frutose e UDP-glicose são transformadas em ADP-glicose pela ação da enzima AGPase. Tanto a amilose quanto a amilopectina utilizam o ADP-glicose como doador de glicosil ativado para a síntese, porém, são produzidas por diferentes enzimas (DONG et al., 2019).

A amilose é sintetizada pela enzima amido sintase ligada a grânulos (GBSSI), enquanto a amilopectina requer a coordenação de um complexo de enzimas, incluindo as amido solúvel sintases, a enzima ramificadora de amido e a enzima desramificadora de amido, conforme indicado por Li et al. (2018). O gene recessivo *amylose extender* (*ae*) sintetiza uma enzima ramificadora de amido não funcional, o que promove o acúmulo de até 50% de amilose devido à menor produção de amilopectina (HAN et al., 2022). Já a presença do gene recessivo mutante (*waxy*) reduz a produção da enzima amido sintase ligada a grânulos, que produz amilose, resultando em teores de amilopectina no endosperma superior a 97% (DONG et al., 2019). Ambos os mutantes têm sido usados no melhoramento de milho para desenvolver linhagens e híbridos de milho com alto ou baixo teor de amilose para alterar as propriedades e a utilidade do amido.

O fenótipo de alta amilose no milho é controlado pelo gene *amylose extender* (*ae*) na forma recessiva. A presença de *ae* pode ser facilmente identificada na maioria das fontes de germoplasma, pela expressão de uma característica de endosperma vítreo e manchado, que são conferidas pelos alelos mutantes *ae* (LIMA; BORÉM, 2018). Esse gene é predominantemente expresso no endosperma e embriões durante o desenvolvimento do grão (HAN et al., 2022). A compreensão das relações entre a biossíntese e a estrutura molecular do amido é essencial para que melhoristas possam desenvolver estratégias previsíveis de melhoramento de culturas de amido, atendendo às importantes demandas da agricultura relacionadas ao rendimento, desempenho e funcionalidade do amido.

### 2.3 Métodos de melhoramento genético utilizados

Do conjunto de genes responsáveis pela síntese de amilose e amilopectina no endosperma dos grãos, a enzima sintase ligada aos grânulos é uma das mais importantes, uma vez que está envolvido na produção de amilose (BROWN et al., 2015). A forma funcional dominante do gene GBSSI é responsável pela síntese de amilose (BROWN et al., 2015). No entanto, mutações recessivas, causada por deriva genética, resultam na perda dessa função (SPRAGUE, 1939). A mutação foi originalmente identificada na China antes de 1760 (ZENG, 1987).

Logo, as plantas sem uma cópia funcional do GBSSI produzem grãos com amido formado majoritariamente por amilopectina (>97%) (BROWN et al., 2015) e são caracterizadas por apresentam o gene ceroso (*waxy* ou *wx*). O GBSSI demonstrou interações pleiotrópicas com outros genes envolvidos na biossíntese de amido e foi observado como sendo responsivo a alterações na expressão de outros genes (FUJITA et al., 2007).

A amilose é um caráter monogênico, ou seja, determinada por um único gene. Por isso, um dos métodos mais rápidos e eficientes para a obtenção de linhagens de milho ceroso (sem amilose) é o de retrocruzamento com sucessivas autofecundações (TALUKDER et al., 2022a; YANG et al., 2013). Pesquisas realizadas por Talukder et al. (2022b) e Yang et al. (2013) utilizam o retrocruzamento para inserir o gene *waxy* em populações recorrentes de milho. Além disso, realizaram cruzamentos entre linhagens elites com linhagens *waxy* realizando sucessivas autofecundações das progênies para a expressão do gene recessivo e, assim, desenvolvimento de linhagens cerosas. Convencionalmente, a avaliação do fenótipo *waxy* pode ser realizada no momento da emissão do pendão com uso do teste de iodeto de potássio nos grãos de pólen (LIMA; BORÉM, 2018; TALUKDER et al., 2022a). Com base nesse teste, é possível identificar, pela coloração dos grãos de pólen, se o indivíduo tem o gene *waxy*.

Estudos utilizam uma solução com iodeto de potássio para identificar a presença do gene *waxy* em progênies de milho (TALUKDER et al., 2022a; YANG et al.; 2013). Em estudo realizado com Quinoa (BROWN et al., 2015), os autores relataram que todos os genótipos testados coraram roxo-azulado, indicando a presença de amilose, ou seja, dada a natureza dominante do gene GBSSI esses



acessos possuíam pelo menos uma cópia funcional de GBSSI. Os autores identificaram que um dos genótipos tinha um alelo do gene mutante recessivo, apesar disso, o fenótipo era não ceroso, pois o gene dominante era funcional, consistente com a natureza dominante dos genes GBSSI.

O desenvolvimento e seleção de genótipos de milho ceroso (alta amilopectina) consiste inicialmente na obtenção de uma linhagem mutante que tenha o gene recessivo *waxy*. Essa linhagem pode ser obtida de outros programas de melhoramento genético ou realizando a mutação por meio de engenharia genética, conforme Qi et al. (2020). Após a obtenção da linhagem mutante o próximo passo é inserir o gene *waxy* na linhagem elite, de alto desempenho produtivo. Assim, realiza-se o cruzamento entre as duas linhagens, obtendo-se os indivíduos  $F_1$ .

Ao realizar cruzamentos de uma linhagem homozigota *waxy* (gene recessivo) com uma progênie homozigota sem o gene *waxy* (dominante), todas as sementes derivadas do cruzamento possuem o fenótipo não *waxy*, uma vez que os genótipos resultantes do cruzamento são híbridos  $F_1$  heterozigotos (RAMALHO et al., 2012). Esses indivíduos  $F_1$  apresentam o alelo do amido ceroso, no entanto não se expressa em razão do caráter ceroso ser homozigoto recessivo (*wxwx*).

As plantas da geração  $F_1$ , oriundas do cruzamento de dois homozigotos são todas heterozigotas, o que impede a expressão do gene recessivo. Isso indica, que realizando esse modelo de cruzamento não é possível desenvolver híbridos  $F_1$  com o fenótipo ceroso. Logo, a partir do cruzamento de uma linhagem elite com uma linhagem *waxy* é possível utilizar duas estratégias de melhoramento a partir da obtenção dos indivíduos  $F_1$ : realizar autofecundações dos indivíduos  $F_1$  para obter linhagens com o gene *waxy* ou proceder com retrocruzamentos para recuperar a constituição genética da linhagem elite com o gene *waxy*.

Autofecundar ou fazer um novo ciclo de cruzamento entre as plantas  $F_1$ s permite gerar sementes que tenham segregação para o amido ceroso (YANG et al., 2013). A segregação esperada é de três para um, sendo três partes com fenótipos sem *waxy*, portanto, não desejados, e apenas uma parte, 25%, com fenótipo *waxy* (RAMALHO et al., 2012). Assim, essas sementes são semeadas e,

convencionalmente, pode-se identificar os genótipos com o gene *waxy* a partir do florescimento masculino com o teste de iodeto de potássio. No entanto, essa estratégia resulta em linhagens homozigotas com o gene *waxy*, mas com elevada carga genética.

Já retrocruzamento consiste em inserir um gene de interesse, como o caráter *waxy*, em um material genético específico (linhagem elite), por meio do cruzamento com a fonte do gene desejado, seguidos por cruzamentos sucessivos com o material genético superior parental (linhagem elite) (BORÉM; MIRANDA; FRITSCHÉ-NETO, 2021). O objetivo do método é recuperar o genótipo do genitor recorrente, exceto para uma ou poucas características que o melhorista procura transferir a partir do genitor doador (LIMA; BORÉM, 2018). Assim, são realizados sucessivos retrocruzamentos dos indivíduos  $F_1$ , oriundos do cruzamento entre uma linhagem elite (genitor recorrente) com uma linhagem mutante *waxy*, com o genitor recorrente (linhagem elite).

Após são realizadas sucessivas autofecundações para identificar as progênes *waxy* e fixar os demais caracteres de interesse. Não há um número específico de retrocruzamentos a serem realizados. No entanto, alguns estudos utilizaram dois retrocruzamentos (TALUKDER et al., 2022; QI et al., 2020; YANG et al., 2013), obtendo uma recuperação do material genético da linhagem recorrente superior a 85% (QI et al., 2020). Após esse processo de retrocruzamentos e autofecundações tem-se a recuperação da linhagem elite, mas com o incremento do gene *waxy*, ou seja, uma linhagem de alto desempenho produtivo associado com a produção de amido ceroso (>97% de amilopectina).

O cruzamento entre uma linhagem elite e uma linhagem mutante *waxy* tem por objetivo introduzir um gene monogênico na linhagem elite ou desenvolver novas linhagens com o gene de interesse. No entanto, como o gene da característica cerosa é recessivo, não é possível desenvolver híbridos  $F_1$  a partir do cruzamento de uma linhagem elite e uma linhagem mutante *waxy*, visto que o híbrido  $F_1$  é heterozigoto dominante.

O desenvolvimento de híbridos  $F_1$  *waxy* só é possível realizando o cruzamento entre duas linhagens *waxy*, conforme realizado por Talukder et al.

(2022). Uma linhagem com gene recessivo *wx* ao cruzar com outra linhagem com gene recessivo *wx*, resulta em um híbrido F<sub>1</sub> com gene homozigoto *wxwx*. Portanto, em um programa de melhoramento genético para obtenção de genótipos superiores para amilopectina as estratégias são baseadas em cruzamentos entre linhagens, retrocruzamento e autofecundações. Para cada caso especial descrito acima, utiliza-se determinadas técnicas associadas umas às outras.

## 2.4 Fatores ambientais e a expressão de amilose e amilopectina em grãos de milho

A composição nutricional dos grãos de milho pode ser alterada por meio da manipulação genética, bem como, pela interação genótipos x ambientes (CHEN et al., 2013; LU et al., 2015; MARTÍNEZ et al., 2017; WANG et al., 2023). Embora a amilose e amilopectina sejam caracteres governados por um pequeno número de genes, os fatores ambientais influenciam a expressão desses genes, alterando o teor final dos caracteres.

Os efeitos da interação genótipos x ambientes nos teores de amido e amilose mostram-se significativos, indicando que tanto o valor de amido quanto a amilose são alterados pelas condições meteorológicas de cada ambiente (MANSILLA et al., 2020). O teor de amido no grão é influenciado negativamente pela temperatura do ar no período pré-antese (WANG et al., 2023). A alta temperatura do ar durante a fase de enchimento do grão diminui a expressão de *Wx*, o que diminui o teor de amilose e influencia a estrutura fina do amido (AHMED et al., 2015). Em estudo realizado por Martínez et al. (2019), simulando níveis de sombreamento, a temperatura mínima do ar apresentou relação negativa com o teor de amido nos grãos de milho, não sendo observado o efeito da radiação solar. No entanto, temperaturas elevadas durante o estágio reprodutivo do milho aumentam a digestibilidade do amido (LU et al., 2016).

Para teor de amido e suas cadeias, foi demonstrado que o aumento da temperatura mínima do ar durante o período de cultivo de milho, promoveu incremento do teor de amilose no grão (MARTÍNEZ et al., 2017). No início do enchimento de grãos, o aumento da temperatura mínima do ar reduziu o teor de

amido e aumentou a relação amilose/amido (MARTÍNEZ et al., 2019). Em estudo realizado por Lu et al. (2016), a alteração da composição do amido em razão da temperatura do ar foi também determinada em razão dos genótipos e estádios em que o estresse ocorreu. Logo, pode-se compreender que é fundamental a avaliação contínua de genótipos de milho para identificar aqueles estáveis às variações meteorológicas e que podem ser inseridos em programas de melhoramento genético.

### 3. Considerações Finais

Ao longo dessa revisão bibliográfica explorou-se a composição nutricional dos grãos de milho, em particular os teores de amilose e amilopectina que são essenciais no desenvolvimento de produtos alimentícios e produção animal, respectivamente. O melhoramento genético desses componentes, juntamente com os fatores ambientais que influenciam sua expressão, oferece oportunidades para otimizar o valor nutricional do milho e atender às demandas da agricultura e indústria de alimentos.

A compreensão das bases genéticas que governam a síntese de amilose e amilopectina no endosperma dos grãos de milho permitiu o desenvolvimento de linhagens cerosas e a criação de híbridos F<sub>1</sub> waxy. O retrocruzamento tem-se mostrado eficiente para a inserção de genes em populações melhoradas para o desenvolvimento de linhagens e híbridos de milho. Esses avanços no melhoramento genético têm potencial para aprimorar o desempenho zootécnico de animais monogástricos e a qualidade de produtos derivados do milho.

O melhoramento genético do milho para teores de amilose e amilopectina mostra-se promissor e oferece soluções viáveis para garantir a segurança alimentar em face dos desafios ambientais. Ao combinar métodos de condução e estratégias de seleção de genótipos, pode-se desenvolver genótipos de milho com altos teores de amilose ou amilopectina e contribuir com a produção animal e o desenvolvimento de produtos alimentícios. O estudo da composição nutricional do milho e sua interação com fatores genéticos e ambientais oferece oportunidades significativas para otimizar a produção de alimentos, rações e produtos industriais, com benefícios tanto para a agricultura quanto para a indústria alimentícia.

## Referências

BORÉM, A.; MIRANDA, G. V.; FRITSCHÉ-NETO, R. **Melhoramento de plantas**. 8. ed. 2021, 453p.

BROWN, D. C. et al. Characterization of the Granule-Bound Starch Synthase I gene in *Chenopodium*. **The Plant Genome**, v. 8, n. 1, p. plantgenome2014.09.0051, 2015.

BUTTS-WILMSMEYER, C. J. et al. Weather during key growth stages explains grain quality and yield of maize. **Agronomy**, v. 9, n. 1, p. 16, 2019.

CHEN, T. et al. Development of functional molecular markers of sbei and sbeiib for the high amylose maize germplasm line GEMS-0067. **Crop Science**, v. 53, n. 2, p. 482-490, 2013.

DENARDIN, C. C. et al. Amylose content in rice (*Oryza sativa*) affects performance, glycemic and lipidic metabolism in rats. **Ciência Rural**, v. 42, n. 2, p. 381-387, 2012.

DENARDIN, C. C.; DA SILVA, L. P. Estrutura dos grânulos de amido e sua relação com propriedades físico-químicas. **Ciência Rural**, v. 39, n. 3, p. 945-954, 2009.

DONG, L. et al. Supersweet and waxy: meeting the diverse demands for specialty maize by genome editing. **Plant Biotechnology Journal**, v. 17, n. 10, p. 1853, 2019.

FUJITA, N. et al. Characterization of SSIIIa-deficient mutants of rice: The function of SSIIIa and pleiotropic effects by SSIIIa deficiency in the rice endosperm. **Plant Physiol.** v. 144, p. 2009-2023, 2007.

HAN, J. et al. Using the dominant mutation gene Ae1-5180 (amylose extender) to develop high-amylose maize. **Molecular Breeding**, v. 42, n. 10, p. 57, 2022.

JAHANGIRLOU, M. R. et al. Phenotypic predictors of dent maize grain quality based on different genetics and management practices. **Journal of Cereal Science**, v. 103, p. 103388, 2022.

LI, C. et al. The genetic architecture of amylose biosynthesis in maize kernel. **Plant Biotechnology Journal**, v. 16, n. 2, p. 688-695, 2018.

LIANG, W. et al. The relationship between starch structure and digestibility by time-course digestion of amylopectin-only and amylose-only barley starches. **Food Hydrocolloids**, v. 139, p. 108491, 2023.

LIMA, R.; BORÉM, A. **Melhoramento de milho**. 1ª ed., Viçosa: Editora UFV, 2018. 396p.

LIU, X. H. et al. Effects of dietary amylose/amylopectin ratio on growth performance, feed utilization, digestive enzymes, and postprandial metabolic responses in juvenile obscure puffer *Takifugu obscurus*. **Fish physiology and biochemistry**, v. 40, p. 1423-1436, 2014.

LU, D. L. et al. Effects of drought after pollination on grain yield and quality of fresh waxy maize. **Journal of the Science of Food and Agriculture**, v.95, n. 1, 210-215, 2015.

LU, D. L. et al. Effects of high temperature during grain filling on physicochemical properties of waxy maize starch. **Journal of Integrative Agriculture**, v. 15, n. 2, p. 309-316, 2016.

MA, J. et al. Effects of dietary amylose/amylopectin ratio and amylase on growth performance, energy and starch digestibility, and digestive enzymes in broilers. **Journal of Animal Physiology and Animal Nutrition**, v. 104, n. 3, p. 928-935, 2020.

MANSILLA, P. S. et al. Flour functional properties of purple maize (*Zea mays* L.) from Argentina. Influence of environmental growing conditions. **International Journal of Biological Macromolecules**, v. 146, n. 1, p. 311-319, 2020.

MARTÍNEZ, R. D. et al. Changes of starch composition by postflowering environmental conditions in kernels of maize hybrids with different endosperm hardness. **European Journal of Agronomy**, v. 86, p. 71-77, 2017.

MARTÍNEZ, R. D. et al. Discriminating post-silking environmental effects on starch composition in maize kernels. **Journal of Cereal Science**, v. 87, p. 150-156, 2019.

PINEDA-HIDALGO, K. V. et al. Physicochemical, structural, and proteomic analysis of starch granules from maize landraces of Northwest Mexico. **Cereal Chemistry**, v. 92, n. 3, p. 320-326, 2015.

QI, X. et al. Conversion of a normal maize hybrid into a waxy version using in vivo CRISPR/Cas9 targeted mutation activity. **The Crop Journal**, v. 8, n. 3, p. 440-448, 2020.

RAMALHO, M. A. P. et al. **Genética na Agropecuária**. 5. ed., 2012, 566p.

RODRIGUEZ, D. A. et al. Digestibility of amino acids, fiber, and energy by growing pigs, and concentrations of digestible and metabolizable energy in yellow dent corn, hard red winter wheat, and sorghum may be influenced by extrusion. **Animal Feed Science and Technology**, v. 268, n. 114602, p. 1-11, 2020.

SPRAGUE, G. F. An estimation of the number of the top crossed plants required for adequate representation of a corn variety. **American Society of Agronomy**, v. 31, p. 11-16, 1939.

TAIZ, L. et al. **Fisiologia e Desenvolvimento Vegetal**. 6ª ed., Porto Alegre: Artmed, 2017. 888p.

TALUKDER, Z. A. et al. Combining higher accumulation of amylopectin, lysine and tryptophan in maize hybrids through genomics-assisted stacking of waxy1 and opaque2 genes. **Scientific Reports**, v. 12, n. 1, p. 706, 2022a.

TALUKDER, Z. A. et al. Pollen staining is a rapid and cost-effective alternative to marker-assisted selection for recessive waxy1 gene governing high amylopectin in maize. **Physiology and Molecular Biology of Plants**, v. 28, n. 9, p. 1753-1764, 2022b.

WANG, H. et al. Effects of dietary amylose and amylopectin ratio on growth performance, meat quality, postmortem glycolysis and muscle fibre type transformation of finishing pigs. **Archives of Animal Nutrition**, v. 73, n. 3, p. 194-207, 2019.

WANG, L. et al. Patterns of influence of meteorological elements on maize grain weight and nutritional quality. **Agronomy**, v. 13, n. 2, p. 1-16, 2023.

YANG, L. et al. Marker-assisted selection for pyramiding the waxy and opaque-16 genes in maize using cross and backcross schemes. **Molecular Breeding**, v. 31, p. 767-775, 2013.

ZENG, M. Q. The relationship of waxy maize in China. **Crop Breed Resource**, v. 6, n. 3, p. 1-8, 1987.

ZHAI, X. et al. Cationized high amylose maize starch films reinforced with borax cross-linked nanocellulose. **International Journal of Biological Macromolecules**, v. 193, p. 1421-1429, 2021.

ZHONG, Y. et al. Amylose content and specific fine structures affect lamellar structure and digestibility of maize starches. **Food Hydrocolloids**, v. 108, n. 105994, p. 1-9, 2020