REVISTA TÓPICOS
ISSN 2965-6672 | Qualis A2

MARCADORES MOLECULARES ASSOCIADOS A CARACTERÍSTICAS DE MALTEAÇÃO EM CEVADA: AVANÇOS RECENTES E PERSPECTIVAS

MOLECULAR MARKERS ASSOCIATED WITH MALTING QUALITY TRAITS IN BARLEY: RECENT ADVANCES AND PERSPECTIVES

Ciências Agrárias • 21/04/2026

REGISTRO DOI: 10.70773/revistatopicos/776655959

Sandra Patussi Brammer[1]

Bianca Carvalho Fernandes[2]

Suélen Giacomini[3]

Ana Júlia Duarte Lampugnani[4]

RESUMO

A cevada (Hordeum vulgare L.) é uma cultura de grande relevância para a indústria cervejeira, cuja qualidade tecnológica está diretamente relacionada ao desempenho no processo de malteação. Nesse contexto, os marcadores moleculares têm sido amplamente utilizados no melhoramento genético por permitirem a identificação precoce de genótipos superiores. Esta revisão sistemática, conduzida com base em diretrizes do protocolo PRISMA, analisou estudos publicados entre 2000 e 2025 sobre a associação entre marcadores moleculares e características de malteação. A busca bibliográfica foi realizada nas bases Web of Science, Scopus, PubMed, Frontiers e Google Scholar. Os resultados evidenciaram a predominância de marcadores SNP associados a QTLs, com maior precisão e aplicabilidade em larga escala, além da crescente utilização de abordagens como GWAS e genotipagem por sequenciamento. As características mais frequentemente associadas foram poder diastático, beta-glucanos e rendimento de extrato. Conclui-se que os marcadores moleculares constituem ferramentas essenciais para aumentar a eficiência da seleção e acelerar o desenvolvimento de cultivares com qualidade superior de malteação.

Palavras-chave: *Hordeum vulgare*. Melhoramento genético. Malte. Biologia Molecular. DNA.

ABSTRACT

Barley (*Hordeum vulgare* L.) is a crop of major importance to the brewing industry, whose technological quality is directly related to its performance during the malting process. In this context, molecular markers have been widely used in plant breeding as they enable the early identification of superior genotypes. This systematic review, conducted based on PRISMA guidelines, analyzed studies

published between 2000 and 2025 on the association between molecular markers and malting quality traits. The literature search was carried out using the Web of Science, Scopus, PubMed, Frontiers, and Google Scholar databases. The results highlight the predominance of SNP markers associated with QTLs, offering higher precision and large-scale applicability, as well as the increasing use of approaches such as GWAS and sequencing-based genotyping. The traits most frequently associated with molecular markers were diastatic power, beta-glucan content, and extract yield. It is concluded that molecular markers are essential tools to improve selection efficiency and accelerate the development of cultivars with superior malting quality.
Keywords: *Hordeum vulgare*. Plant breeding. Malt. Molecular Biology. DNA.

1. INTRODUÇÃO

A cevada (Hordeum vulgare L.) apresenta papel estratégico na indústria cervejeira, sendo a qualidade do malte um fator determinante para seu desempenho tecnológico. Essa qualidade resulta de processos bioquímicos complexos que ocorrem durante a malteação, envolvendo a ativação enzimática e a modificação dos compostos de reserva do grão. Devido à natureza quantitativa dessas características, o melhoramento genético tem incorporado ferramentas mais precisas para otimizar a seleção de genótipos superiores, destacando-se os marcadores moleculares. Assim sendo, o presente estudo teve como objetivo revisar e sintetizar diferentes publicações envolvendo marcadores moleculares associados às características de malteação em cevada, bem como abordar a aplicação no melhoramento genético.

2. REVISÃO DA LITERATURA

2.1. A Cevada no Contexto Agropecuário e os Processos de Malteação

A cevada provavelmente teve sua origem no Oriente Médio e, atualmente, ocupa o quarto lugar entre os cereais mais produzidos no mundo, após o milho, o trigo e o arroz. As espécies de cevada pertencem à divisão Magnoliophyta, classe Liliopsida, ordem Poales, família Poaceae, subfamília Pooideae, tribo Triticeae e gênero Hordeum (RAVAN et al., 2022). Esse cereal apresenta múltiplas finalidades de uso, sendo a produção de malte — matéria-prima essencial para a fabricação de cerveja e outras bebidas — o principal destino no Brasil, embora também seja utilizado na alimentação animal, especialmente como forragem (TONIAZZO et al., 2017; AMABILE & VILARINHO, 2024).

Durante a malteação, ocorre a produção e ativação das enzimas que degradam o amido e as proteínas do grão, proporcionando substratos solúveis essenciais para a produção de cerveja. Esse processo envolve três etapas: maceração, germinação e secagem (FONTANA, et al., 2016). Na maceração, o grão obtém teor de água necessário para retirar do estado de dormência, elevando o percentual de umidade a 35%, visando estimular o desenvolvimento do embrião, para posteriormente germinar. A germinação acontece sob condições controladas de temperatura (16° a 25° C), umidade (44 a 46%) e aeração, a fim de promover a emissão das radículas, que crescem conforme o desenvolvimento do grão. Por fim, na secagem, a germinação é cessada e o grão se torna possível de armazenar. A secagem ocorre através de uma rampa de aquecimento (50° a 85° C), iniciando com temperaturas amenas e aumentando

progressivamente, podendo ultrapassar 100° C. O tempo de secagem se estende até os grãos atingirem 10% de umidade. Essa etapa também visa preservar a atividade enzimática e reduzir a contaminação microbiológica. Ao final, o malte é resfriado para evitar alterações indesejáveis na cor e no perfil sensorial (VILLAS BOAS & SILVA, 2020).

Na germinação, o ácido giberélico liberado pelo embrião induz a síntese de diversas enzimas hidrolíticas na camada de aleurona, responsáveis pela degradação das paredes celulares e dos compostos de reserva. A conversão desses compostos em açúcares simples é determinante para a qualidade do malte (FANG, 2019). Além disso, características como cor, uniformidade dos grãos e pureza são fundamentais, pois influenciam diretamente a qualidade final do produto. A uniformidade favorece uma germinação homogênea, enquanto a pureza reduz a presença de contaminantes, como fungos e micotoxinas. O armazenamento adequado, com baixos teores de umidade, também é essencial para preservar a qualidade do grão (D'AVILA et al., 2012).

A qualidade do malte é frequentemente avaliada pelo extrato de malte (ME), que representa a proporção de matéria solúvel extraída em relação ao peso seco, estando diretamente associado ao rendimento industrial. Além disso, outros parâmetros são determinantes, como a viscosidade do mosto (VIS), o teor de beta-glucanos (WBG), o poder diastático (DP) e o índice de Kolbach (KI). Altas concentrações de beta-glucanos aumentam a viscosidade e dificultam a filtração do mosto. O poder diastático reflete a capacidade enzimática de converter o amido em açúcares fermentáveis, enquanto o índice de Kolbach está relacionado ao

grau de modificação proteica e à eficiência da fermentação (SCHMALENBACH & PILLEN, 2009; BHATTA et al., 2020).

O teor de nitrogênio amino livre (FAN), por sua vez, corresponde a pequenos peptídeos e aminoácidos resultantes da degradação proteica, sendo essencial para o crescimento das leveduras durante a fermentação. A proteína solúvel (SP) está associada à estabilidade da espuma e à limpidez da cerveja, enquanto o teor de proteína do grão (GP) deve estar equilibrado, pois influencia tanto a disponibilidade de enzimas quanto o conteúdo de amido (RANI; BHARDWAJ, 2021).

Entre as enzimas, a alfa-amilase atua na hidrólise inicial do amido, produzindo dextrinas, enquanto a beta-amilase converte essas moléculas em maltose, principal açúcar fermentável. A atividade da beta-amilase ocorre de forma mais eficiente na faixa de 60–65 °C, típica da mosturação, influenciando o perfil de fermentação e o corpo da cerveja (MUZZOLON, 2021; BHATTA et al., 2020).

Por fim, as proteases desempenham a função de quebrar as proteínas em peptídeos e aminoácidos, criando um ambiente nutritivo favorável para as leveduras. As glucanases, como a beta-glucanase, degradam os beta-glucanos, componentes das paredes celulares dos grãos, melhorando a filtrabilidade do mosto, reduzindo sua viscosidade e facilitando o processo de produção. Embora as lipases não sejam cruciais no processo de malteação, elas quebram os lipídios em ácidos graxos e glicerol, o que pode modificar a composição lipídica do malte e potencialmente influenciar o sabor final da bebida. As fosfatases, por sua vez, desempenham um papel na liberação de nutrientes necessários para o crescimento da

levedura, contribuindo para uma fermentação mais eficiente (YIN et al., 2023).

2.2. Marcadores Moleculares Associados a Características de Malteação em Cevada

Os marcadores moleculares constituem ferramentas essenciais para a detecção da variabilidade genética em nível de DNA, diferenciando-se conforme a tecnologia empregada e apresentando variações quanto à capacidade de discriminação entre genótipos, custo, reprodutibilidade e facilidade de uso (LA ROTA et al., 2005). De modo geral, podem ser definidos como segmentos específicos de DNA que evidenciam polimorfismos no genoma, permitindo inferências diretas sobre diversidade genética e relações entre indivíduos (TURCHETTO-ZOLET et al., 2017). A principal vantagem dessas ferramentas reside na possibilidade de análise direta do material genético, o que confere maior precisão e confiabilidade aos resultados.

Eles podem ser aplicados mesmo sem estarem associados a um gene específico, região cromossômica ou fenótipo conhecido, contanto que possam ser rastreados em gerações subsequentes para validar sua natureza genética (PAIVA et al., 2019). Entretanto, antes do advento dos marcadores moleculares, a localização e a análise dos locos de características quantitativas (QTL) eram desafiadoras, sendo que a partir das técnicas recentes de biologia molecular, tornou-se possível mapear com precisão essas regiões genômicas, facilitando a seleção e o aprimoramento de características desejáveis nas plantas de forma mais eficiente (LEE et al., 2024).

Os principais tipos de marcadores moleculares podem ser classificados em dois grupos, com base na metodologia utilizada para identificá-los: hibridização ou amplificação de DNA. Os marcadores identificados por hibridização incluem RFLP (Restriction Fragment Length Polymorphism; proposto por Botstein et al., 1980) e AFLP (Amplified Fragment Length Polymorphism). Já os baseados em amplificação de DNA incluem marcadores como DArT (Diversity Arrays Technology), CAPS (Cleaved Amplified Polymorphic Sequences), SSRs (Simple Sequence Repeats or Microsatellites), SNPs (Single Nucleotide Polymorphisms), KASP (Kompetitive Allele Specific PCR), entre outras derivações.

Contudo, o avanço das bibliotecas de sequências expressas (ESTs) tem contribuído de forma significativa para o desenvolvimento de marcadores genéticos mais robustos em cevada. Essas abordagens têm possibilitado a identificação tanto de SSRs quanto de SNPs em regiões transcritas do genoma, favorecendo o mapeamento de características complexas e a identificação de genes candidatos associados a QTLs (THIEL et al., 2002).

A partir da década de 2010, as tecnologias de sequenciamento de nova geração revolucionaram o estudo da organização e evolução dos genomas vegetais, permitindo uma análise mais aprofundada da relação entre diversidade genética e fenotípica (BOUHLAL et al., 2022). Em cevada, técnicas como RNA-seq e sequenciamento de cDNA de comprimento completo (FL-cDNA) têm possibilitado uma anotação genômica mais precisa, baseada em dados de expressão gênica e estrutura de transcritos (SALLAM et al., 2024).

Paralelamente, o desenvolvimento de plataformas de sequenciamento de alto rendimento tem viabilizado a geração de

grandes volumes de dados moleculares de forma rápida e com menor custo. Essas tecnologias permitem a análise simultânea de múltiplos locos em diversos indivíduos, favorecendo o desenvolvimento de milhares de marcadores em escala genômica e ampliando as possibilidades de aplicação em estudos genéticos e programas de melhoramento (TURCHETTO-ZOLET et al., 2017).

A genotipagem de novo, baseada em RNA-seq, tem sido aplicada com sucesso em linhagens de cevada utilizadas em programas de melhoramento, resultando na identificação de um vasto número de variações genéticas em regiões transcritas do genoma. Esses avanços não apenas ampliam o entendimento da genética da cevada, mas também oferecem ferramentas poderosas para o aprimoramento voltado para características agronômicas desejáveis (LEE et al., 2024). Nesse contexto, existem várias bases de dados importantes relacionadas aos recursos genéticos da cevada. A PLEXdb facilita a análise de expressão gênica em diferentes estádios do desenvolvimento e a HarvEST possibilita a genômica comparativa, essencial para identificar regiões funcionais e conservadas do genoma da cevada. A base barleyGenes e bex-db fornecem dados de genes e sequências de cDNA, enquanto GrainGenes e Barley DB são fontes de dados genéticos e de germoplasma de cevada. Ressalta-se que o GrainGenes atua como um repositório central de mapas genéticos, marcadores e informações de germoplasma, permitindo a localização de genes candidatos para QTLs e o desenvolvimento de marcadores robustos derivados de sequências de DNA expresso (EST). Assim, a infraestrutura digital acelera a triagem de genótipos superiores ao conectar a variação genética diretamente aos parâmetros de qualidade industrial, reduzindo o tempo de desenvolvimento de novas cultivares (THIEL et al., 2002).

As abordagens integrativas combinando genômica, transcriptômica e metabolômica têm sido empregadas mais recentemente para aprofundar o entendimento dos mecanismos moleculares e das vias metabólicas que regem a qualidade do malte. Ao unir ferramentas avançadas como o RNA-seq e o sequenciamento de cDNAs completos (FL-cDNA) ao mapeamento genético tradicional, pesquisadores conseguem não apenas identificar marcadores isolados, mas também decifrar as redes gênicas envolvidas na expressão de características industriais complexas. Essa estratégia permite a validação cruzada de regiões genômicas em diferentes ambientes e fundos genéticos, o que é crucial para garantir que os marcadores identificados sejam robustos e aplicáveis em larga escala, resultando no desenvolvimento de cultivares de cevada com desempenho superior e maior adequação às exigências técnicas da indústria cervejeira (ALQUDAH et al., 2020; ROONEY et al., 2023).

Por sua vez, estudos de associação genômica ampla (GWAS) têm permitido identificar marcadores altamente informativos ligados a características de malteação, aumentando significativamente a resolução na detecção de locos associados quando comparados aos métodos tradicionais de mapeamento (LOOSELEY et al., 2020). Além disso, a integração dos resultados de GWAS com mapeamento de QTL tem possibilitado a validação cruzada de regiões genômicas importantes, aumentando a robustez das associações identificadas. Essa abordagem combinada torna-se particularmente útil na identificação de regiões estáveis ao longo de diferentes ambientes e backgrounds genéticos, um aspecto crucial para aplicação em programas de melhoramento. Portanto, a utilização de marcadores associados à qualidade de malteação representa uma ferramenta estratégica para o desenvolvimento de cultivares com desempenho

superior e maior adequação às exigências da indústria cervejeira (ROONEY et al., 2023).

3. METODOLOGIA

O presente estudo caracteriza-se como uma revisão sistemática com abordagem qualitativa, conduzida com o objetivo de sintetizar o conhecimento científico acerca do uso de marcadores moleculares associados à qualidade de malteação em cevada (*H. vulgare*). A condução da revisão seguiu diretrizes adaptadas do protocolo PRISMA Statement (PAGE et al., 2021), visando garantir transparência, reprodutibilidade e rigor na seleção dos estudos.

A definição das características de interesse baseou-se em sua relevância para a indústria cervejeira e ampla utilização em programas de melhoramento genético. Foram priorizados os seguintes atributos: poder diastático, beta-glucanos, teor de proteína, nitrogênio amino livre (FAN), rendimento de extrato, friabilidade, alfa-amilase e beta-amilase, por influenciarem diretamente processos-chave como modificação do endosperma, degradação enzimática do amido, rendimento fermentativo e eficiência de filtração do mosto. Esses parâmetros são amplamente utilizados como critérios de seleção para o desenvolvimento de cultivares com elevado desempenho industrial.

A busca bibliográfica foi realizada nas bases de dados Web of Science (WoS), Scopus, PubMed, Frontiers e Google Scholar, utilizando combinações de palavras-chave em inglês, tais como: *“barley malting quality”*, *“molecular markers barley”*, *“QTL malting barley”*, *“GWAS barley quality traits”*, *“β-glucan barley genetics”* e *“diastatic power barley markers”*. O período de busca concentrou-se

em publicações entre 2000 e 2025, com inclusão pontual de estudos clássicos relevantes para fundamentação teórica.

O processo de seleção dos estudos seguiu etapas sequenciais. Inicialmente, foram identificados registros a partir das diferentes bases de dados. Após a remoção de duplicatas, seguiu-se para a leitura de títulos e resumos, onde foram excluídos trabalhos que não apresentavam relação direta com marcadores moleculares ou qualidade de malteação. Após avaliação criteriosa do conteúdo, considerando relevância, qualidade metodológica e aderência ao tema, foram selecionados apenas os artigos para compor a análise final desta revisão.

As informações mais relevantes e extraídas dos estudos selecionados foram organizadas em uma tabela síntese, contendo os tipos de marcadores moleculares e/ou abordagens metodológicas, características avaliadas e genes ou regiões genômicas associadas. Posteriormente, os dados foram analisados de forma integrada, permitindo identificar padrões consistentes, avanços recentes e lacunas no conhecimento científico, os quais fundamentaram a discussão apresentada.

4. RESULTADOS E DISCUSSÕES

Os avanços no uso de marcadores moleculares em cevada, aplicados à qualidade de malteação, evidenciam uma transição clara de abordagens clássicas de mapeamento para estratégias genômicas integradas, com impacto direto na eficiência dos programas de melhoramento. Os estudos revisados e sintetizados na Tabela 1, refletem a importância de estratégias complementares para uma

compreensão mais abrangente da arquitetura genética dos caracteres aqui apresentados.

Tabela 1: Síntese dos estudos que associam diferentes tipos de marcadores moleculares a características de qualidade de malteação em cevada (Hordeum vulgare), no período entre 2000 e 2025, incluindo características avaliadas e respectivas referências bibliográficas.

Tipo de Marcador	Poder diastático	Beta glucanos	Teor de proteína	FAN	Rendi to d extra
QTL e SNP	X	X	X	X	X
QTL, SNP e KASP	X				
DArT e SNP			X		

⚠ Esta tabela possui muitas colunas e foi cortada para impressão. Para visualizá-la completa, acesse o artigo original em: https://revistatopicos.com.br/artigos/marcadores-moleculares-associados-a-caracteristicas-de-malteacao-em-cevada-avancos-recentes-e-perspectivas?noblockage

Legenda: FAN: nitrogênio amino livre; QTL: loco de característica quantitativa; SNP: Single Nucleotide Polymorphism; DArT: Diversity Arrays Technology; CAPS: Cleaved Amplified Polymorphic Sequences; KASP: Kompetitive Allele Specific PCR; SSR: microsatellite; RFLP: Restriction Fragment Length Polymorphism; AFLP: Amplified Fragment Length Polymorphism.

Na Tabela 1, pode-se observar que entre as características avaliadas, destacam-se o poder diastático, o teor de beta-glucanos e o rendimento de extrato como os parâmetros mais frequentemente associados a marcadores moleculares (Figura 1). Essa tendência reflete a importância tecnológica dessas variáveis para a indústria cervejeira, especialmente por influenciarem diretamente a eficiência enzimática, a filtrabilidade do mosto e o rendimento do processo produtivo.

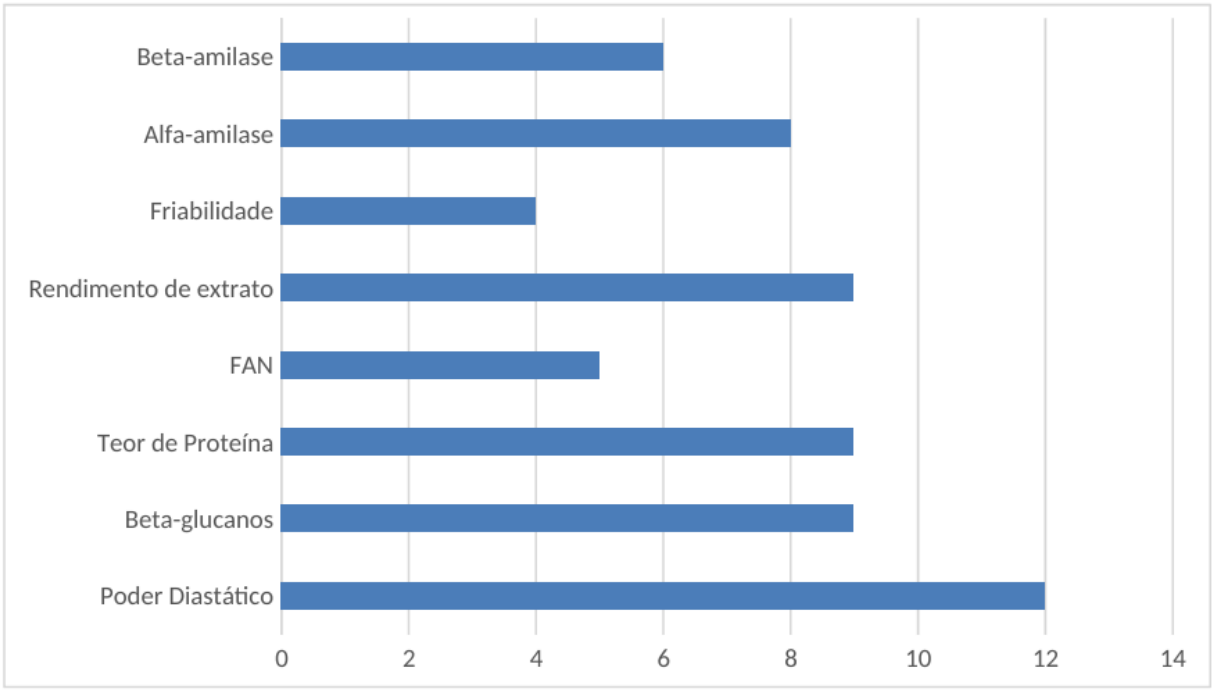

Figura 1: Número de marcadores moleculares associados às características de malteação em cevada (Hordeum vulgare L.) no período entre 2000 e 2025.

Além disso, diversos estudos abordam associações entre os mesmos tipos de marcadores e múltiplas características de qualidade de malteação, evidenciando a natureza quantitativa e poligênica desses atributos (FOX, 2008; TRUBACHEEVA & PERSHINA, 2021). A Figura 2 destaca os principais marcadores moleculares empregados nos estudos avaliados.

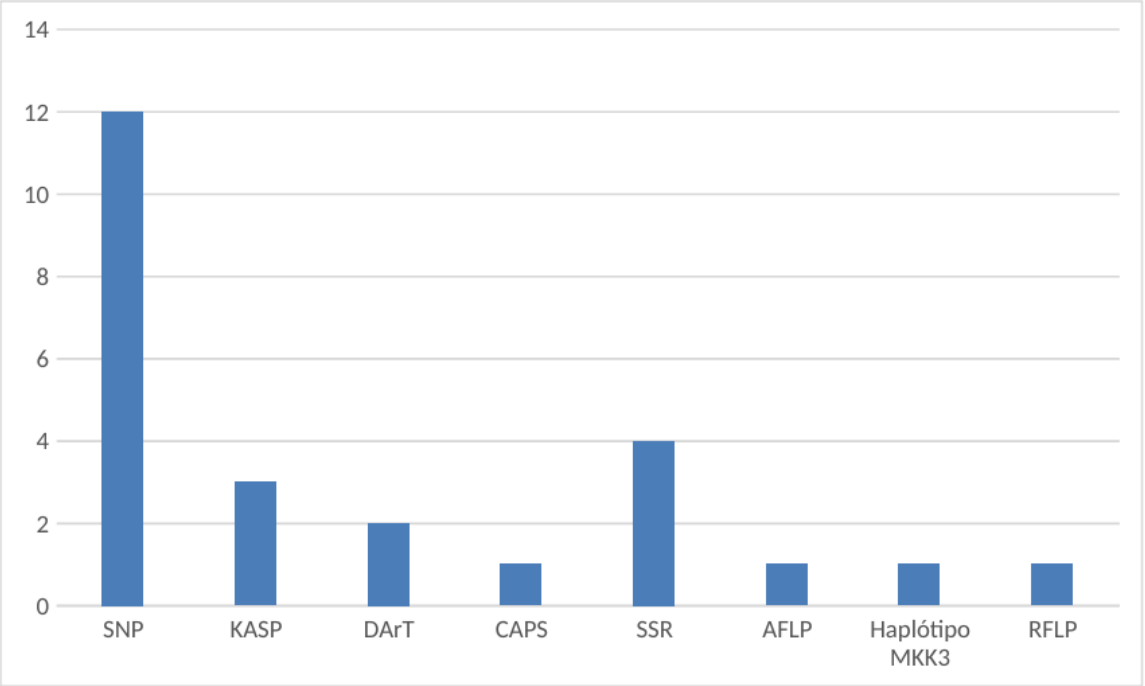

Figura 2: Principais marcadores moleculares associados às características de malteação em cevada (Hordeum vulgare) no período entre 2000 e 2025.

No presente trabalho, verificou-se a predominância do uso de marcadores SNP associados a regiões de QTL, refletindo a alta eficiência dessas abordagens na detecção de variações genéticas ligadas a características quantitativas associadas à qualidade de malteação (FANG et al., 2019; ALPTEKIN et al., 2022; ROONEY et al., 2023). A ampla utilização dessas estratégias deve-se à elevada resolução dos SNPs, à sua abundância no genoma e à compatibilidade com plataformas de genotipagem em larga escala. Adicionalmente, a crescente aplicação de abordagens com GWAS tem potencializado a identificação de locos associados a características complexas, ampliando a precisão na seleção assistida (KRAAKMAN et al., 2006; PASAM et al., 2012; HOUSTON et al., 2014; IQBAL et al., 2023; SMITH et al., 2024).

A evolução dos tipos de marcadores utilizados ao longo do tempo também é evidente. Estudos mais antigos baseavam-se principalmente em marcadores como RFLP, AFLP e SSR, enquanto pesquisas mais recentes têm priorizado SNPs e plataformas como

KASP, que oferecem maior precisão, reprodutibilidade e escalabilidade (STUART SWANSTON et al., 1999; COLLINS et al., 2003; VARSHNEY et al., 2007; LEIŠOVÁ-SVOBODOVÁ et al., 2014; TOKHETOVA et al., 2022). Essa transição reflete os avanços nas tecnologias de genotipagem e a crescente demanda por ferramentas mais eficientes para aplicação em larga escala.

Considerando o cenário brasileiro, onde a cevada é cultivada primordialmente para atender à indústria de malteação, o melhoramento genético enfrenta o desafio constante de desenvolver cultivares que conciliem alta produtividade com a adaptação às condições climáticas locais (CAIERÃO, 2008; TONIAZZO et al., 2017). Entretanto, a cevada vem sendo empregada, mais recentemente no Brasil, também para a alimentação animal, possibilitando novos nichos de mercados (AMABILE & VILARINHO, 2024).

Portanto, o uso de marcadores moleculares associados a características de malteação representa uma ferramenta estratégica para o melhoramento genético da cevada, principalmente para monitorar a estabilidade de características quantitativas em diferentes ambientes, nas quais a seleção fenotípica isolada apresenta limitações. A seleção assistida por marcadores permite a identificação precoce de genótipos superiores, reduzindo o tempo necessário para o desenvolvimento de novas cultivares e aumentando a eficiência dos programas de melhoramento (XU & CROUCH, 2008; CAI et al., 2013; MOHAMMADI et al., 2019; ROONEY et al., 2023). Considera-se, também, que estudos futuros devem priorizar abordagens integrativas e validações multiambientais, visando aumentar a robustez e a aplicabilidade dos marcadores em

programas de melhoramento (RASHEED et al., 2017; ROONEY et al., 2023).

5. CONCLUSÃO

Os marcadores moleculares, aliado às abordagens genômicas modernas, constituem um dos principais pilares para o melhoramento genético de cevada voltado à qualidade de malteação. O emprego tem contribuído de forma significativa para o aumento da eficiência no melhoramento genético da cevada, especialmente em caracteres quantitativos. A predominância de marcadores SNP associados a QTLs, aliada ao uso de abordagens como GWAS, evidencia avanços nas estratégias de seleção, embora a validação em múltiplos ambientes ainda se apresenta como um desafio relevante. Nesse contexto, a integração de das ferramentas moleculares configura-se como uma abordagem promissora para o desenvolvimento de cultivares com maior desempenho e adequação às exigências dos processos de malteação da indústria cervejeira.

REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

ALPTEKIN, B. et al. Selection of favorable alleles of genes controlling flowering and senescence improves malt barley quality. *Molecular Breeding*, v. 42, n. 10, p. 59, 2022.

ALQUDAH, A. M. et al. Genetic dissection of barley traits using genome-wide approaches. *Frontiers in Plant Science*, v. 11, p. 1–15, 2020.

AMABILE, R. F.; VILARINHO, A. A. Programa de melhoramento genético de cevada (*Hordeum vulgare* L.). In: FALEIRO, F. G.;

AMABILE, R. F.; RODRIGUES, L. N. (Ed.). *Pesquisa e inovação em germoplasma e melhoramento genético na Embrapa Cerrados*. Brasília, DF: Embrapa, 2024.

BHATTA, M. M. et al. Multi-trait genomic prediction model increased the predictive ability for agronomic and malting quality traits in barley (*Hordeum vulgare* L.). *G3: Genes, Genomes, Genetics*, v. 10, n. 3, p. 1113–1124, 2020.

BOUHLAL, O. et al. CGIAR barley breeding toolbox: A diversity panel to facilitate breeding and genomic research in the developing world. *Frontiers in Plant Science*, v. 13, p. 1034322, 2022.

CAI, S. et al. A genetic linkage map constructed by high-throughput sequencing from an F2 population of a cross between cultivated and wild barley. *BMC Plant Biology*, v. 13, n. 1, p. 35, 2013.

CAIERÃO, E. Cevada: história e evolução. In: BARBIERI, R. L.; STUMPF, E. R. T. (Ed.). *Origem e evolução de plantas cultivadas*. Brasília, DF: Embrapa Informação Tecnológica, p. 289–311, 2008.

COLLINS, H. M. et al. Mapping and validation of chromosome regions associated with high malt extract in barley (*Hordeum vulgare* L.). *Australian Journal of Agricultural Research*, v. 54, n. 12, p. 1223–1240, 2003.

D'AVILA, R. F. R. F. et al. Adjuntos utilizados para produção de cerveja: características e aplicações. *Estudos Tecnológicos em Engenharia*, v. 8, n. 2, p. 60–68, 2012.

FANG, Y.; ZHANG, X.; XUE, D. Genetic analysis and molecular breeding applications of malting quality QTLs in barley. *Frontiers in*

Genetics, v. 10, p. 441169, 2019.

FONTANA, A. C. et al. A cultura da cevada (*Hordeum vulgare* L.). *Revista Científica Eletrônica de Ciências Aplicadas da FAIT*, n. 1, 2016.

FOX, G. P. *Biochemical and molecular evaluation of quality for malt and feed barley*. 2008. Tese (Doutorado) – Southern Cross University.

GUALANO, L. et al. Post-domestication selection of MKK3 shaped seed dormancy and end-use traits in barley. *bioRxiv*, 2025. (preprint).

HOUSTON, K. et al. A genome-wide association scan for β-glucan content in barley grain. *BMC Genomics*, v. 15, p. 1–15, 2014.

IQBAL, I. et al. Interaction and association analysis of malting-related traits in barley. *PLOS ONE*, v. 18, n. 4, p. e0283763, 2023.

KRAAKMAN, A. T. W. et al. Linkage disequilibrium mapping of yield and yield stability in modern spring barley cultivars. *Genetics*, v. 172, n. 4, p. 2331–2339, 2006.

LA ROTA, M. et al. Nonrandom distribution and frequencies of genomic and EST-derived microsatellite markers in rice, wheat, and barley. *BMC Genomics*, v. 6, p. 1–12, 2005.

LEE, S.-J. et al. Identification of Canadian barley varieties by high-throughput SNP genotyping. *Canadian Journal of Plant Science*, 2024.

LEIŠOVÁ-SVOBODOVÁ, L. et al. The application of microsatellite analysis in barley malting quality breeding programmes. *Czech Journal of Genetics and Plant Breeding*, v. 50, n. 4, p. 268–277, 2014.

LOOSELEY, M. E. et al. Association mapping of diastatic power in barley by exome sequencing. *Frontiers in Plant Science*, v. 8, p. 1566, 2017.

MOHAMMADI, M. et al. QTL mapping for malting quality traits in barley. *The Plant Genome*, 2020.

MUZZOLON, E. et al. Processamento da cevada para produção de malte: parâmetros de qualidade. In: *Avanços em Ciência e Tecnologia de Alimentos*. São Paulo: Editora Científica, v. 3, 2021.

PAGE, M. J. et al. The PRISMA 2020 statement: an updated guideline for reporting systematic reviews. *BMJ*, v. 372, n. 71, 2021.

PAIVA, S. R. et al. Caracterização de recursos genéticos. In: PAIVA, S. R. et al. (Ed.). *Recursos genéticos: o produtor pergunta, a Embrapa responde*. Brasília, DF: Embrapa, p. 109–129, 2019.

PASAM, R. K. et al. Genome-wide association studies for agronomical traits in barley. *BMC Plant Biology*, v. 12, p. 16, 2012.

RANI, A.; BHARDWAJ, R. Role of nitrogen and protein content in barley for malting and brewing quality. *Journal of Cereal Science*, v. 102, p. 103331, 2021.

RASHEED, A. et al. Crop breeding chips and genotyping platforms: progress and perspectives. *Molecular Plant*, v. 10, n. 8, p. 1047–1064, 2017.

RAVAN, M. S. et al. Photosynthetic material remobilization and its contribution to barley yield. *Pesquisa Agropecuária Brasileira*, v. 57, 2022.

ROONEY, W. et al. Genetic relationships between malting and agronomic traits in barley. *Frontiers in Plant Science*, 2023.

SALLAM, A. et al. Meta-analysis of resistance to Fusarium head blight in barley. *Plant Breeding*, v. 143, n. 1, p. 2–25, 2024.

SCHMALENBACH, I.; PILLEN, K. QTLs for malting quality traits in barley. *Theoretical and Applied Genetics*, v. 119, n. 4, p. 709–722, 2009.

SMITH, T. et al. Multi-environment GWAS reveals novel QTL for malt extract and friability in barley. *Theoretical and Applied Genetics*, v. 137, n. 2, p. 45, 2024.

STUART SWANSTON, J. et al. Using molecular markers to determine barley suitability for malt whisky. *Molecular Breeding*, v. 5, p. 103–109, 1999.

THIEL, T. et al. Development of gene-derived SSR markers in barley. *Theoretical and Applied Genetics*, v. 106, p. 411–422, 2002.

TOKHETOVA, G. et al. Identification of SNP markers associated with grain quality traits in barley. *Agronomy*, v. 12, n. 10, p. 2485, 2022.

TONIAZZO, C. et al. Malting quality and genetic diversity in Brazilian barley germplasm. *International Journal of Current Research*, v. 9, n. 6, p. 52352–52357, 2017.

TRUBACHEEVA, N. V.; PERSHINA, L. A. Studying malting quality in barley using molecular approaches. *Vavilov Journal of Genetics and Breeding*, v. 25, n. 2, p. 171, 2021.

TURCHETTO-ZOLET, A. C. et al. Marcadores genéticos baseados em DNA. In: *Marcadores moleculares na era genômica*. Porto Alegre: UFRGS, p. 11–20, 2017.

VARSHNEY, R. K. et al. A high-density barley microsatellite consensus map. *Theoretical and Applied Genetics*, v. 114, p. 1091–1103, 2007.

VILLAS BOAS MELLO, J. A.; SILVA, J. L. N. Requisitos de produto para cerveja artesanal. *Innovar*, v. 30, n. 77, p. 39–52, 2020.

VON KORFF, M. et al. AB-QTL analysis in barley for malting quality improvement. *Molecular Breeding*, v. 21, p. 81–93, 2008.

XIANGYUN, F. et al. Comparative mapping and candidate gene analysis of SSIIa in barley. *Frontiers in Plant Science*, v. 8, 2017.

XU, Y.; CROUCH, J. H. Marker-assisted selection in plant breeding. *Crop Science*, v. 48, n. 2, p. 391–407, 2008.

YIN, T. et al. Mashing performance as affected by malt particle size. *Critical Reviews in Food Science and Nutrition*, v. 63, n. 21, p. 5372–5387, 2023.

---

[1] Pesquisadora na área de Biotecnologia da Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária – Centro Nacional de Pesquisa de Trigo/ Embrapa Trigo, Passo Fundo – RS. E-mail: acesse o artigo original para visualizar o e-mail.

[2] Acadêmica de Ciências Biológicas – Universidade de Passo Fundo. E-mail: acesse o artigo original para visualizar o e-mail.

[3] Doutoranda em Agronomia – Programa de Pós-Graduação em Agronomia da Universidade de Passo Fundo. E-mail: acesse o artigo original para visualizar o e-mail.

[4] Acadêmica de Agronomia – Instituto Federal de Educação, Ciência e Tecnologia do Rio Grande do Sul – Campus Sertão. E-mail: acesse o artigo original para visualizar o e-mail