

CONSIDERAÇÕES SOBRE O CONTROVERSO E ENIGMÁTICO COMPLEXO *Phaseolus-Vigna* E SUAS ESPÉCIES ECONOMICAMENTE IMPORTANTES

Considerations on the enigmatic and controversial Phaseolus-Vigna complex and their economically important species

Nair Dahmer¹, Ionara Fatima Conterato^{1*}, Maria Teresa Schifino-Wittmann²

RESUMO

As relações taxonômicas, as afinidades filogenéticas e os limites genéricos para alguns táxons do complexo *Phaseolus-Vigna* ainda são motivo de controvérsia, dificultando o seu uso e avaliação. As espécies *Phaseolus vulgaris* (feijão-comum), *P. lunatus* (feijão-de-lima), *P. coccineus* (feijão-trepador), *Vigna radiata* (feijão-mungo-verde), *V. angularis* (feijão-azuki), *V. mungo* (feijão-mungo-preto), todas do subgênero *Ceratotropis*, e *V. unguiculata*, o caupi, do subgênero *Vigna*, são cultivadas pelo alto teor protéico de seus legumes e sementes secas, importantes na dieta humana e animal. O melhoramento de *Phaseolus* e *Vigna* visa o aumento do rendimento da cultura e a resistência das plantas ao ataque de pragas e doenças. O potencial protéico da maioria das outras espécies de *Phaseolus* e *Vigna*, que poderiam ser utilizados como alimentos funcionais, é ainda pouco explorado. Entretanto, para isso, faz-se necessário um

amplo estudo das características e propósitos de uso dessas espécies. Nesta revisão são abordados aspectos do complexo *Phaseolus-Vigna*, incluindo importância econômica, taxonomia, origem, distribuição geográfica e melhoramento genético.

PALAVRAS CHAVES: taxonomia, melhoramento, *P. vulgaris*, *V. unguiculata*, *V. radiata*

ABSTRACT

Taxonomic relationships, phylogenetic affinities and generic limits for some taxa belonging to the *Phaseolus-Vigna* complex are still controversial, hampering their use and evaluation. *Phaseolus vulgaris* (common bean), *P. lunatus* (lima bean), *P. coccineus* (scarlet runner bean), *Vigna radiata* (mung bean), *V. angularis* (adzuki bean) and *V. mungo* (black gram), subgenus *Ceratotropis*, and *V. unguiculata* (cowpea), subgenus *Vigna*, are cultivated for the high protein

¹ Bióloga, M. Sc., Doutoranda em Zootecnia, Universidade Federal do Rio Grande do Sul, Departamento de Plantas Forrageiras e Agrometeorologia, Faculdade de Agronomia, Universidade Federal do Rio Grande do Sul, Caixa Postal 15100 – 91501-970 - Porto Alegre, RS - Brasil.

² Bióloga, M. Sc., Doutor, Professor Associado do Departamento de Plantas Forrageiras e Agrometeorologia, UFRGS, bolsista do CNPq. Faculdade de Agronomia, Universidade Federal do Rio Grande do Sul, Caixa Postal 15100 – 91501-970 - Porto Alegre, RS - Brasil, * autor para correspondência: ionarafc@yahoo.com.br

(Recebido para Publicação em 27/09/2007, Aprovado em 16/04/2009)

content of legumes and dry seeds, important for human and animal nutrition. Genetic breeding of *Phaseolus* and *Vigna* aims to improve yield and resistance to pests and diseases. The proteic potential of most other *Phaseolus* and *Vigna* species, that could be used as functional foods, is still little explored. For that, however, there is a need of a broad study of these species characteristics and type of utilization. In this review aspects of the *Phaseolus-Vigna* complex are presented, including economical importance, taxonomy, origin, geographical distribution and genetic breeding.

KEY WORDS: taxonomy, breeding, *P. vulgaris*, *V. unguiculata*, *V. radiata*

INTRODUÇÃO

Os componentes da subtribo *Phaseolinae* (*Phaseoleae*, Fabaceae) são alvo de estudos taxonômicos, especialmente na delimitação do complexo *Phaseolus* L., *Vigna* Savi e *Macroptilium* (Benth.) Urb. (MOREIRA, 1997). O problema no complexo *Phaseolus-Vigna* é segundo Verdcout, apud GOEL et al. (2002), taxonômico e não de nomenclatura. Marcadores bioquímicos (WILLIAMS et al., 1995; SHARMA et al., 2006) e moleculares (GOEL et al., 2002) têm auxiliado no esclarecimento das relações taxonômicas desse complexo.

Em *Fabaceae*, o gênero *Phaseolus* compreende aproximadamente 50 espécies nativas das Américas (ORMEÑO-ORILLO et al., 2006), sendo *Phaseolus vulgaris* L. a espécie protótipo do gênero (OCAMPO et al., 2005). Existe consenso na comunidade científica de que o continente americano é o centro de origem do feijão-comum, com dois complexos gênicos: um nos Andes e outro na Mesoamérica (GALVÁN et al., 2006; SVETLEVA et al., 2006), resultado de diferentes eventos de domesticação e caracterizados com base

na morfologia (EVANS, 1976), proteínas de sementes (GEPTS et al., 1986), isoenzimas (KOENIG & GEPTS, 1989) e DNA genômico (GALVÁN et al., 2006). *Vigna* é um grande e heterogêneo gênero de plantas (MOREIRA, 1997), distribuídas nos trópicos da África, América e Ásia, dividido em subgêneros, de acordo com a morfologia (MARÉCHAL et al., 1978). Dados bioquímicos (JAASKA, 2001) e moleculares (FATOKUM et al., 1993; AGIBADE et al., 2000; PHANSAK et al., 2005) têm sido utilizados para elucidar relações entre e dentro de *Vigna*.

Cerca de 30 espécies de *Vigna* e *Phaseolus* são cultivadas como legumes, forragens, cobertura de solo e adubo verde (GOEL et al., 2002). São particularmente importantes *Vigna unguiculata* (L.) Walp., *V. radiata* (L.) Wilczek, *V. mungo* (L.) Hepper, *V. umbellata* (Thunb.) Ohwi & Ohashi, *V. angularis* (Willd.) Ohwi & Ohashi. Dentre as espécies de *Phaseolus*, destacam-se *P. vulgaris*, *P. lunatus* L., *P. coccineus* L. e *P. acutifolius* A Gray., todas domesticadas por civilizações pré-hispânicas e utilizadas para consumo humano (ORMEÑO-ORILLO et al., 2006).

Neste trabalho, são apresentados e discutidos aspectos do complexo *Phaseolus-Vigna*, incluindo importância econômica, taxonomia, origem, distribuição geográfica e melhoramento.

O COMPLEXO PHASEOLUS-VIGNA

A tribo *Phaseolinae* é taxonomicamente muito complexa devido aos poucos caracteres morfológicos úteis para distinguir limites genéricos (WILLIAMS, et al., 1995). A problemática taxonômica relacionada ao complexo *Phaseolus-Vigna-Macroptilium* antecede às *Phaseolinae*, visto que os limites morfológicos entre esses gêneros não estavam claros (MOREIRA, 1997).

MARÉCHAL et al. (1978) utilizou todos os caracteres disponíveis na época na distinção de

DAHMER et al. Considerações sobre o controverso e enigmático complexo *Phaseolus-Vigna* e suas espécies...

Phaseolus-Vigna e gêneros próximos. Com base no estudo desses caracteres eles aceitaram a maioria das divisões anteriormente propostas e ressaltaram a homogeneidade de *Phaseolus*, a heterogeneidade de *Vigna*, e o posicionamento de *Macroptilium* como gênero.

Estudos de WILLIAMS et al. (1995) em perfis de flavonóides das *Phaseolinae* auxiliaram na separação de *Macroptilium*, *Strophodyles* e *Dysolobium* de *Phaseolus*, mas evidenciaram ainda uma considerável heterogeneidade em flavonóides dentro de *Phaseolinae*. A heterogeneidade cromossômica de *Phaseolus* em relação a *Vigna* é diferente da homogeneidade morfológica observada em estudos taxonômicos (FORNI-MARTINS, 1989).

Análises filogenéticas de GOEL et al. (2002), baseadas em ITS (Internal Transcribed Spacer), em espécies de *Vigna* e *Phaseolus*, evidenciaram: a) a íntima relação entre *V. radiata* e *V. mungo*, corroborando com os dados de RFLP (*Restriction Fragment Length Polymorphism*) de FATOKUM et al. (1993) e RAPD (*Random Amplified Polymorphic DNA*) de KAGA et al. (1996), b) que *V. silvestris* Lukoki, Marechal & Otoul e *V. sublobata* L. são os respectivos progenitores de *V. mungo* e *V. radiata*, c) que *V. trilobata* (L.) Verdcourt é relacionada às *V. radiata*, *V. mungo* e *V. aconitifolia* (Jacq.) Maréchal, d) a monofilia do gênero *Phaseolus* e e) a congruência da filogenia ITS com as classificações morfológicas, bioquímicas, citogenéticas e palinológicas, exceto para o subgênero *Plectotropis* que se mostrou mais relacionado ao subgênero *Vigna*. Observações similares foram feitas por FATOKUM et al. (1993), baseados em estudos de RFLP.

Padrões de faseolinas em *Phaseolus* e de vigninas em *Vigna* não foram um bom marcador para resolver problemas filogenéticos desse complexo, visto que um acesso de *Phaseolus* exibiu um padrão típico de *Vigna* (SHARMA et al., 2006).

Os dados compilados da literatura mostram que, apesar da grande importância econômica de muitas espécies de *Phaseolus* e *Vigna*, pouca atenção tem sido dada para elucidar questões taxonômicas envolvendo algumas espécies desse complexo. Entre os fatores que podem contribuir para dificultar o esclarecimento dessas relações, merece destaque o grande número de táxons, a ampla distribuição geográfica das espécies, aliada à carência de trabalhos utilizando múltiplas abordagens e grande número de espécies de diferentes locais e habitats.

GÊNERO PHASEOLUS

IMPORTÂNCIA ECONÔMICA

Feijões, milho e cucúrbitas foram parte do alimento clássico dos índios americanos na Mesoamérica por milhares de anos, e no Velho Mundo, após 1500 (DEBOUCK & SMARTTT, 1995). Em registros pré-colombianos, segundo alguns autores, feijão, milho, abóbora, pimenta e amarantos estavam sujeitos a impostos no Antigo México devido à sua importância (GARCIA et al., 1997). Das 45 espécies do gênero *Phaseolus*, apenas *P. coccineus*, *P. acutifolius*, *P. lunatus* (feijão-trepador, feijão-tepari, feijão-de-lima ou feijão-fava) e *P. vulgaris* (feijão-comum) são usados para consumo humano (ORMENO-ORILLO et al., 2006). Nos trópicos, os feijões são consumidos secos ou verdes como fonte de proteína para complementar a alimentação. Nos países ocidentais, as sementes secas podem ser cozidas e consumidas, ou as vagens e grãos verdes consumidas em saladas e sopas (KAHLON et al., 2005).

O feijão-fava tem alta porcentagem de amido (56-60%) e proteína (26%), sendo os grãos consumidos ainda verdes ou na forma de conservas (grãos enlatados ou congelados e empacotados). Embora tenha bom valor nutricional a presença de fatores

DAHMER et al. Considerações sobre o controverso e enigmático complexo *Phaseolus-Vigna* e suas espécies...

antinutricionais, toxinas e o maior tempo de cocção, tem reduzido seu consumo (CHEL-GUERRERO et al., 2002). Nos Estados Unidos, o consumo de grãos verdes supera o consumo na forma de grãos secos (VIEIRA, 1992).

P. coccineus é uma trepadeira perene, cultivada durante todo o ano por suas sementes secas ou legumes imaturos, e como ornamental. As belas inflorescências podem ser a razão para sua recente expansão como planta ornamental na Europa (RODINÕ et al., 2007). O Reino Unido é o maior produtor de *P. coccineus*, devido à sua melhor adaptação a temperaturas baixas, quando comparado ao feijão-comum. Na Holanda, é cultivado em jardins particulares, para consumo dos legumes jovens ou sementes secas (ZEVEN et al., 1993).

DISTRIBUIÇÃO GEOGRÁFICA, ORIGEM E TAXONOMIA

Phaseolus é constituído por cerca de 50 espécies, todas nativas das Américas (ORMEÑO-ORILLO et al., 2006). *P. vulgaris* foi domesticado na América ao longo do tempo (MACIEL et al., 2001), e todos os feijões divergiram, por deriva genética e seleção, de uma trepadeira anual que prospera a altitudes médias em clareiras de florestas ou ambientes alterados do México à Argentina (GALVÁN et al., 2003).

Existem dois complexos gênicos do feijão cultivado, o andino (Peru e Argentina) e o mesoamericano (México, América Central e Colômbia) (GEPTS et al., 1986). Um terceiro centro de domesticação foi sugerido na Colômbia (KOENIG & GEPTS, 1989), mas ainda é motivo de controvérsia. O tamanho da semente discrimina os dois complexos gênicos (GALVÁN et al., 2001). Cultivares andinas em geral têm sementes maiores que as mesoamericanas e apresentam faseolinas do tipo T, C, H, A, J ou I,

enquanto na Mesoamérica as faseolinas são do tipo S ou M (GEPTS et al., 1986).

Desde a década de 60, acentuadas modificações morfológicas e fisiológicas em *P. vulgaris*, produzidas pela domesticação, têm sido documentadas, e compiladas (DEBOUCK & SMARTT, 1995; GARCIA et al., 1997), como: a) a perda da deiscência dos legumes; b) o aumento dos órgãos de interesse econômico (folhas, legumes e sementes); c) a mudança do ciclo de vida perene para anual; d) a perda de dormência das sementes e, e) a redução de fatores anti-nutricionais nos grãos. Evidências sugerem que a domesticação de *P. vulgaris* tenha induzido a uma forte redução na diversidade, contrastando com o aumento na diversidade para caracteres morfológicos durante e após a domesticação (GEPTS et al., 1992), devido aos tipos de consumos e propósitos de melhoramento (SVETLEVA et al., 2006). A diversidade das espécies de *Phaseolus* em relação ao feijão-comum é organizada em complexos gênicos primário, secundário e terciário de acordo com a facilidade de cruzamento do feijão-comum com as demais espécies (SINGH, 2001).

Um conjunto de evidências corrobora a divergência do complexo gênico andino e mesoamericano. Dados isoenzimáticos de KOENIG & GEPTS (1989) separaram em dois grupos os acessos de *P. vulgaris* da Mesoamérica à Argentina: um consistindo de acessos do México, América Central, Colômbia e Peru, e outro de acessos do Peru e Argentina. A separação dos genótipos em dois grupos: um oriundo do complexo M (mesoamericano) e outro do complexo A (andino), foi também obtida por SVETLEVA et al. (2006), com análises de ISSR (*Inter Sequence Simple Repeats*) e AFLP (*Amplified Fragment Length Polymorphism*) em *P. vulgaris* da Bulgária e de outros países.

Dados isoenzimáticos de SANTALLA et al. (2002) mostraram que a maioria das cultivares espanholas

DAHMER et al. Considerações sobre o controverso e enigmático complexo *Phaseolus-Vigna* e suas espécies...

tiveram origem do complexo gênico andino, e que a Península Ibérica seria um centro secundário de diversidade genética do feijão-comum, o que foi também verificado por evidências bioquímicas e moleculares de OCAMPO et al. (2005).

A existência de raças crioulas Iberianas sugere interessantes questões sobre a variação e as forças evolutivas que afetaram o atual germoplasma do feijão comum-europeu. O extensivo comércio entre o México Central e as Ilhas do Caribe permitiu que o germoplasma mesoamericano fosse introduzido na Península Ibérica em torno de 1500, vindo principalmente do México (SANTALLA et al., 2002), por marinheiros e viajantes (CASQUERO et al., 2006). A reduzida variabilidade genética, representada por uma pequena população oriunda de poucos tipos de sementes das Américas, poderia ter aumentado a deriva genética, mas a introdução do germoplasma andino, por volta de 1532, do Peru, teria ampliado a diversidade genética (CASQUERO et al., 2006). A fecundação cruzada ocasional, a adaptação a condições ambientais particulares, o sistema de colheita e a seleção para tipos de sementes, teriam iniciado um significativo papel na evolução da nova variação no feijão-comum na Península Ibérica (SANTALLA et al., 2002), resultando em diferentes variedades “de estimação” (CASQUERO et al., 2006).

O feijão-fava, conhecido como “ib” no México, distribuiu-se na América Latina, sul dos Estados Unidos, Canadá e outras regiões das Américas (BETANCUR-ANCORA et al., 2003), sendo cultivado na Costa do Pacífico (CAMPECHANO-CARRERA et al., 2007). Evidências bioquímicas e arqueológicas sugerem múltiplas domesticações (DEBOUCK & SMART, 1995). LIOIL et al. (1999), confirmaram a divergência dos dois complexos gênicos: o andino e o mesoamericano em acessos silvestres e cultivados de feijão-fava com análises bioquímicas e moleculares.

P. coccineus, nativo do México, Guatemala e

Honduras (DEBOUCK & SMARTT, 1995), foi introduzido na Europa a partir da América Central (RODINÓ et al., 2007), e a troca de sementes teria ocorrido quando os primeiros europeus visitaram a América, os quais transportaram-nas e as semearam em seus jardins (ZEVEN et al., 1993).

P. acutifolius adapta-se a terras secas, desde o nível do mar até altitudes de 2000 metros, no sudoeste do México (LAZCANO-FERRAT & LOVATT, 1999), com sugestões de domesticação envolvendo poucas populações silvestres mexicanas, e posterior introdução no sudoeste dos Estados Unidos e difusão para o sul da Mesoamérica (DEBOUCK & SMARTT, 1995).

MELHORAMENTO

Programas de melhoramento em *P. vulgaris* visam o uso de recursos genéticos dos complexos gênicos primário, secundário, terciário e quaternário (SINGH, 2001), devido à baixa variabilidade genética do feijão comum, causado por seleção parental do mesmo complexo gênico. Esse fato provavelmente explica o baixo progresso obtido no melhoramento do feijão-comum em torno do mundo (ALZATE-MARIN et al., 2003).

No melhoramento do feijão-comum, a adaptabilidade, o rendimento estável das cultivares e a resistência a doenças são fatores importantes para a identificação de locais estratégicos para a seleção, baseados na interação genótipo/ambiente (CARBONELLI et al., 2004).

P. acutifolius sobrevive em regiões áridas e semi-áridas do mundo (RAINEY & GRIFFITHS, 2005), e com altas concentrações de sal no solo (MEJIA et al., 2005), é resistente ao ataque de vários patógenos e microorganismos (ISHIMOTO & CHRISPEELS, 1996), tornando-se um doador potencial de genes para o feijão-comum (RAINEY & GRIFFITHS, 2005).

O GÊNERO *VIGNA*

IMPORTÂNCIA ECONÔMICA

O gênero *Vigna* é dividido em subgêneros, os africanos *Vigna*, *Haydonia*, *Plectotropis*, o asiático *Ceratotropis* e os americanos *Sigmoidotropis* e *Lasiopron* (MARECHAL et al., 1978). Os subgêneros *Vigna* e *Ceratotropis* contêm importantes legumes graníferos (PHANSAK et al., 2005).

Das 21 espécies do subgênero *Ceratotropis*, são cultivadas e importantes economicamente, principalmente em países asiáticos e trópicos do Velho Mundo: *V. radiata* (feijão-mungo-verde), *V. mungo* (feijão-mungo-preto), *V. umbellata* (feijão-arroz) e *V. angularis* (feijão-azuki). *V. reflexo-pilosa* var. *glabrescens* (Roxburgh) Tateishi & Maxted, *V. aconitifolia* e *V. trilobata* são de importância local (LAWN, 1995). As espécies asiáticas de *Vigna* são cultivadas como sementes, podendo ser consumidas inteiras ou divididas, cozidas ou fermentadas, secas e trituradas (LAWN, 1995), como vagens verdes ou brotos e ocasionalmente como forragem (KAGA et al., 1996).

O feijão-mungo-verde representa uma importante fonte protéica para a população asiática oriental (LIN, 1999) e ocidental migrante (KAHLON et al., 2005). A maior aceitação de *V. mungo* é prejudicada pela presença de taninos, ácidos fílicos e fatores antinutricionais (REHMAN, 2007). No Brasil, o feijão-mungo é consumido como broto-de-feijão (LIN, 1999), com rendimento de 2.000 Kg/ha (VIEIRA et al., 2002) a 2600Kg/ha (VIEIRA et al., 2003).

O feijão-azuki, é utilizado como pasta ou mingau, cultivado no leste da Ásia e países Himalaianos (HAN et al., 2005). O feijão-azuki tem grande aceitação no Japão e Coréia, onde é usado para o preparo de doce de feijão (LAWN, 1995). O feijão-arroz é cultivado consorciado com milho da Indo-China a Bangladesh, após a colheita do arroz, como forragem e fonte de

legumes verdes (DEBOUCK & SMARTT, 1995).

As maiores restrições à ampla utilização das vignas asiáticas, como *V. radiata*, *V. mungo* e *V. angularis* são o baixo rendimento de sementes, a suscetibilidade a insetos e doenças, além do desenvolvimento reprodutivo não uniforme. Por outro lado, ênfases têm sido dadas a características de qualidade da semente como tamanho, forma, cor, brilho, composição e conteúdo protéico (LAWN, 1995).

Dentre as vignas africanas, *V. unguiculata*, o caupi, é uma cultura essencial dos países dos trópicos e subtropicais na África, América Central e do Sul e Ásia, na forma de sementes secas, sementes verdes e folhas e legumes imaturos (BA et al., 2004) e algumas vezes como substituto do café (SIDDHURAJU & BECKER, 2007). Exibe ainda reconhecida capacidade de adaptação a estresses hídrico, térmico e salino (FREIRE FILHO et al., 2004).

O caupi tem alto conteúdo de proteína (19-40%), carboidratos (50-65%) e amido (CAMPECHANO-CARRERA et al., 2007). O amido do caupi tem importantes propriedades funcionais como fibras livres, alta densidade, atividade aquosa e resistência a muitas bactérias e fungos (SHADRACH & OYEBIODUM, 1999). No Brasil, o caupi é cultivado por pequenos, médios e grandes produtores das regiões Nordeste e Norte (FREIRE-FILHO et al., 2004).

DISTRIBUIÇÃO GEOGRÁFICA, ORIGEM E TAXONOMIA

O gênero *Vigna* compreende 75-80 espécies, distribuídas pelos trópicos e subtropicais. As afinidades filogenéticas entre as espécies dos subgêneros africanos *Vigna*, *Haydonia*, *Plectotropis*, dos americanos *Sigmoidotropis* e *Lasiopron*, e do asiático *Ceratotropis*, foram baseadas na morfologia, hibridização e fitogeografia (MARECHAL et al., 1978).

Dois locais de domesticação do caupi são

DAHMER et al. Considerações sobre o controverso e enigmático complexo *Phaseolus-Vigna* e suas espécies...

propostos, um no oeste da África, baseado na morfologia, arqueologia e dados de cpDNA (PASQUET, 2000) e outro no nordeste da África, baseado em estudos etnobotânicos, isoenzimáticos e lingüísticos (PASQUET, 1996). Estudos isoenzimáticos revelam ausência de um centro de diversidade no oeste da África (VAILLANCOURT et al., 1993). A análise dos dados de AFLP (COULIBALY et al., 2002) e de RAPD (BA et al., 2004), apóia um único evento de domesticação do caupi no norte do continente africano, sendo improvável a domesticação no leste ou no sul da África.

Análises de STMS (*Sequence Tagged Microsatellite Site*) (PHANSAK et al., 2005) separaram as espécies de *Vigna* africanas das asiáticas. Dados de RFLP (FATOKUM et al., 1993) também separou os membros de *Vigna* asiáticos dos membros africanos, com maior diversidade das espécies de *Vigna* da África, comparadas às da Ásia. Análises por isoenzimas (JAASKA, 2001) separam espécies americanas de *Vigna* em clados, corroborando, em sua maioria a classificação morfológica.

Dados morfológicos, fitogeográficos e de hibridação em conjunto com dados moleculares e bioquímicos são necessários para elucidar relações filogenéticas em *Vigna*. MARECHAL et al. (1978) manifestaram interesse na delimitação de *Vigna-Phaseolus* em seus espécimes coletados, porém não obtiveram sucesso para estudar a relação dos táxons aparentados. Segundo o mesmo autor, a pobre compreensão da taxonomia de *Ceratotropis* e da relação das espécies devem-se à carência de espécimes nos herbários da Ásia e aos poucos caracteres que separam os táxons.

Estudos bioquímicos e moleculares mais recentes têm contribuído para elucidar as relações filogenéticas de *Vigna*. KAGA et al. (1996) usaram marcadores moleculares do tipo RAPD em espécies do subgênero *Ceratotropis* e reconheceram cinco subgrupos,

corroborando com as espécies taxonômicas. O polimorfismo nos inibidores de proteinase (KONAREV et al., 2002) concorda com a taxonomia para o subgênero *Ceratotropis*. Entretanto, dados de ISSR (AJIBADE et al., 2000) não se mostraram eficazes para diferenciar divisões subgenéricas dentro de seis subgêneros de *Vigna*.

Alguns trabalhos moleculares da década de 90 sugerem modificações taxonômicas no gênero, como a separação das *Vigna* do Novo Mundo das do restante do gênero, reduzindo *Vigna* para cerca de 50 espécies, na maioria do Velho Mundo e rearranjadas em quatro principais grupos: subgênero *Haydonia*, subgênero *Ceratotropis*, subgênero *Vigna* e subgênero *Plectotropis* (PASQUET & VANDERBORGHT, 2000). Esta “nova taxonomia” conforme a atual literatura, não foi acatada pela comunidade científica, permanecendo válida a taxonomia da década 70-80.

Dados isoenzimáticos de PASQUET & VANDERBORGHT (2000), no complexo *Vigna frutescens-Vigna membranaceae*, igualmente sugerem alterações no posicionamento taxonômico, com *V. frutescens* A. Rich., *V. friesiorum* Harms e várias subespécies de *V. membranaceae* A Rich., que seriam elevadas a prováveis espécies. Entretanto, há necessidade de mais dados como de hibridação para esclarecer a organização desse complexo.

MELHORAMENTO

O melhoramento de caupi e feijão-mungo-verde visa o aumento na resistência a pragas e doenças, o que deve elevar a produtividade, a qualidade e reduzir custos (LAWN, 1995).

A transferência de genes de resistência para plantas suscetíveis por meio do melhoramento convencional, usando silvestres aparentados (TOMOOKA, 2000), ou engenharia genética, pode aumentar a resistência a moléstias, provenientes do

DAHMER et al. Considerações sobre o controverso e enigmático complexo *Phaseolus-Vigna* e suas espécies...

ataque de insetos e reduzir a perda de sementes durante a armazenagem (YAMADA et al., 2005). Como exemplo, a resistência conferida por de um gene maior (BR) à *Callosobruchus chinensis* e *C. maculatus* em um acesso silvestre de feijão-mungo (*V. radiata* var. *sublobata*) tem sido usado para desenvolver linhas resistentes de feijão-mungo-verde na Tailândia (TOMOOKA, 2000).

CONCLUSÃO

As espécies do gênero *Phaseolus* e *Vigna* apresentam questões taxonômicas intrigantes e ainda não resolvidas. Do ponto de vista econômico, além de *P. vulgaris* e *V. unguiculata* as produção das demais espécies é ainda incipiente. O uso de proteínas das espécies de *Phaseolus* e *Vigna* na alimentação como um ingrediente funcional (na forma de farinhas e concentrados), para melhorar a qualidade nutricional dos produtos, pode ser uma opção para o extenso segmento da população mundial que sofre de malnutrição protéica, visto que as espécies de *Phaseolus* e *Vigna* crescem em diferentes regiões do mundo. Para tanto, faz-se necessária uma ampla caracterização do germoplasma dessas espécies usando múltiplas abordagens e criteriosa avaliação de características agrônômicas de interesse para a utilização pretendida.

REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

AJIBADE, S.R.; WEEDEN, N.F.; CHITE, S.M. Inter simple sequence repeat analysis of genetic relationship in the genus *Vigna*. **Euphytica**, Wageningen, v. 111, p. 47-55, 2000.

BA, F.S.; PASQUET, R.S.; GEPTS, P. Genetic diversity in cowpea [*Vigna unguiculata* (L.) Walp.] as revealed by RAPD markers. **Genetic Resources and Crop Evolution**, Dordrecht, v. 51, p. 539-550, 2004.

ALZATE-MARIN, A L.; COSTA, M. R.; SARTORATO, A. et al. Genetic variability and pedigree analysis of brazilian common bean elite genotypes. **Scientia Agricola**, Piracicaba, v. 60, n.2, p. 283-290. 2003.

BETANCUR-ANCORA, D.; LÓPEZ-LUNA, J.; CHEL-GUERRERO, L. Comparison of the chemical composition and functional properties of *Phaseolus lunatus* prime and tailing starches. **Food Chemistry**, London, v. 82, p. 217-225, 2003.

CAMPECHANO-CARRERA, E.; CORONA-CRUZ, A.; CHEL-GUERRERO, L. et al. Effect of pyrodextrinization on available starch content of Lima bean (*Phaseolus lunatus*) and Cowpea (*Vigna unguiculata*) starches. **Food Hydrocolloids**, Oxford, v. 21, p. 472-479, 2007.

CARBONELL, S.A.M.; FILHO, J.A.A.; DIAS, L.A.S. et al. Common bean cultivars and lines interaction with environments. **Scientia Agricola**, Piracicaba, v. 61, n. 2, p. 169-177, 2004.

CASQUERO, P.A.; LEMA, M.; SANTALLA, M. et al. Performance of common bean (*Phaseolus vulgaris* L.) landraces from Spain in the Atlantic and Mediterranean environments. **Genetic Resources and Crop Evolution**, Dordrecht, v. 53, p.1021-1032, 2006.

CHEL-GUERRERO, L.; PEREZ-FLORES, V.; BETANCUR-ANCORA, D. et al. Functional properties of flours and protein concentrates from *Phaseolus lunatus* and *Canavalia ensiformis* seeds. **Journal of Agricultural and Food Chemistry**, Easton, v. 50, n. 3, p. 578-583, 2002.

COULIBALY, S.; PASQUET, R.S.; PAPA, R. et al. AFLP analysis of the phenetic organization and genetic diversity of *Vigna unguiculata* L. Walp. reveals extensive gene flow between wild and domesticated types. **Theoretical and Applied Genetics**, Berlin, v. 104, p. 358-366, 2002.

DEBOUCK, D.G.; SMARTT, J. Beans. In: SMARTT, J.; SIMMONDS, N.W. (Eds.). **Evolution of Crop Plants**. Harlow: Longman, 1995, cap. 58, p. 287-294.

DAHMER et al. Considerações sobre o controverso e enigmático complexo *Phaseolus-Vigna* e suas espécies...

EVANS, A.M. Beans. In: SIMMONDS, N.W. (Ed.). **Evolution of Crop Plants**. Harlow: Longman, 1976, p. 168-172.

FATOKUN, C.A.; DANESH, D.; YOUNG, N.D. et al. Molecular taxonomic relationships in the genus *Vigna* based on RFLP analysis. **Theoretical and Applied Genetics**, Berlin, v. 86, p. 97-104, 1993.

FORNI-MARTINS, E.R. **Cariótipo e análise numérica como subsídio a estudos taxonômicos e evolutivos de *Phaseolus* L., *Vigna Savi* e *Macroptilium* (Bentham) Urban (Leguminosae, Papilionoideae)**. Campinas, 1989. 146p. Tese (Doutorado em Ciências) - Instituto de Biologia, Universidade Estadual de Campinas.

FREIRE FILHO, F.R.; LIMA, J.A.A.; VIANA, F.M.P. et al. **Feijão caupi: avanços tecnológicos**. Teresina: Embrapa Meio-Norte, 2004. 640p.

GALVÁN, M.Z.; AULICINO, M.B.; GARCIA-MEDINA, S. et al. Genetic diversity among northwestern Argentinian cultivars of common bean *Phaseolus vulgaris* L. as revealed by RAPD markers. **Genetic Resources and Crop Evolution**, Dordrecht, v. 48, p. 251-260, 2001.

GALVÁN, M.; BORNET, B.; BALATTI, P.A. et al. Inter simple sequence repeat (ISSR) markers a tool for the assessment of both genetic diversity and gene pool origin in common bean (*Phaseolus vulgaris* L.). **Euphytica**, Wageningen, v. 132, p. 297-301, 2003.

GALVÁN, M.Z.; MENÉNDEZ-SEVILLANO, M.C.; DE RON, A.M. et al. Genetic diversity among wild common beans from northwestern Argentina based on morpho-agronomic and RAPD data. **Genetic Resources and Crop Evolution**, Dordrecht, v. 53, p. 891-900, 2006.

GARCÍA, E.H.; PENÃ-VALDIVIA, C.B.; AGUIRRE, J.R.R. et al. **Annals of Botany**, London, v. 79, p. 207-213, 1997.

GEPTS, P.; OSBORN, T.C.; RASHKA, K. et al. Phaseolin-protein variability in wild forms and landraces of the common bean (*Phaseolus vulgaris*)

evidence for multiple centers of domestication. **Economic Botany**, Bronx, v. 40, p. 451-468, 1986.

GEPTS, P.; LLACA, V.; NODARI, R.O. et al. Analysis of seed proteins, isozymes, and RFLPs for genetic and evolutionary studies in *Phaseolus*. In: LINSKENS, H.F.; JACKON, J.F. (eds.). **Modern Methods of Plant Analysis**. Berlin: Springer-Verlag, 1992, p. 63-93.

GOEL, S.; RAINA, S.N.; OGIHARA, Y. Molecular evolution and phylogenetic implications of internal transcribed spacer sequences of nuclear ribosomal DNA in the *Phaseolus-Vigna* complex. **Molecular Phylogenetics and Evolution**, Orlando, v. 22, n. 1, p. 1-19, 2002.

HAN, O.K.; KAGA, A.; ISEMURA, T. et al. A genetic linkage map for azuki bean (*Vigna angularis* (Willd.) Ohwi & Ohashi). **Theoretical and Applied Genetics**, Berlin, v. 111, p. 1278-1287, 2005.

ISHIMOTO, M.; CHRISPEELS, M.J. Protective mechanism of the Mexican bean weevil against high levels of alpha amylase inhibitor in the common bean. **Plant Physiology**, Washington, v. 111, p. 393-401, 1996.

JAASKA, V. Isoenzyme diversity and phylogenetic relationship among the American beans of the genus *Vigna Savi* (Fabaceae). **Biochemical Systematics and Ecology**, Oxford, v. 29, p. 1153-1173, 2001.

KAGA, A.; TOMOOKA, N.; EGAWA, Y. et al. Species relationship in the subgenus *Ceratotropis* (genus *Vigna*) as revealed by RAPD analysis. **Euphytica**, Wageningen, v. 88, p. 17-24, 1996.

KAHLON, T.S.; SMITH, G.E.; SHAO, S.Q. In vitro binding of bile acids by kidney bean (*Phaseolus vulgaris*), black gram (*Vigna mungo*), Bengalgram (*Cicer arietinum*) and moth bean (*Phaseolus aconitifolius*). **Food Chemistry**, London, v. 90, p. 241-246, 2005.

KOENIG, R.; GEPTS, P. Allozyme diversity in wild *Phaseolus vulgaris*: further evidence for two major centers of genetic diversity. **Theoretical and Applied Genetics**, Berlin, v. 78, p. 809-817, 1989.

DAHMER et al. Considerações sobre o controverso e enigmático complexo *Phaseolus-Vigna* e suas espécies...

KONAREV, A. V., TOMOOKA, N., VAUGHAN, D.A. Proteinase inhibitor polymorphism in the genus *Vigna* subgenus *Ceratotropis* and its biosystematic implications. **Euphytica**, Wageningen, v. 123, p. 165-177, 2002.

LAWN, R.J. The Asiatic *Vigna* species. In: SMARTT, J.; SIMMONDS, N.W. (eds.). **Evolution of Crop Plants**. Harlow: Longman, 1995, cap. 65, p. 321-326.

LAZCANO-FERRAT, I.; LOVATT, C.J. Relationship between relative water contents, nitrogen pools and growth of *Phaseolus acutifolius* A. Gray during water deficit. **Crop Science**, Madison, v. 39, p. 467-475, 1999.

LIN, S.S. Quebra de dormência de sementes do feijão-mungo. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Rio de Janeiro, v. 34, n. 6, p. 1081-1086, 1999.

LIOIL, L.; SPARVOLI, F.; BOLLINI, R. Variation and genomic polymorphism of lectin-related proteins in Lima bean (*Phaseolus lunatus* L.) seeds. **Genetic Resources and Crop Evolution**, Dordrecht, v. 46, p. 175-182, 1999.

MACIEL, F.L.; GERALD, L.T.S.; ECHEVERRIGARAY, S. Random amplified polymorphic DNA (RAPD) markers variability among cultivars and landraces of common beans (*Phaseolus vulgaris* L.) of south-Brazil. **Euphytica**, Wageningen, v. 120, p. 257-263; 2001.

MARÉCHAL, R.; MASCHERPA, J.M.; STAINIER, F. Etude taxonomique d'un groupe complexe d'espèces des genres *Phaseolus* et *Vigna* (Papilionaceae) sur la base de données morphologiques et polliniques, traitées par l'analyse informatique. **Boissiera**, Geneve, v. 28, p. 1-273, 1978.

MEJIA, E.G.; VALADEZ-VEGA, D.D.C.; REYNOSSO-CAMACHO, R. et al. Tannins, trypsin inhibitors and lectin cytotoxicity in tepary (*Phaseolus acutifolius*) and common (*Phaseolus vulgaris*) beans. **Plant Foods for Human Nutrition**, Dordrecht, v. 60, p. 137-145, 2005.

MOREIRA, J.L.A. **Estudo Taxonômico da Subtribo Phaseolinae Benth. (Leguminosae, Papilionoideae)**

no Sudeste e Centro-Oeste do Brasil. Campinas, 1997. 292p. Dissertação (Mestrado em Ciências) - Instituto de Biologia, Universidade Estadual de Campinas.

OCAMPO, C H.; MARTÍN, J.P.; SÁNCHEZ-YÉLAMO, M.D. et al. Tracing the origin of Spanish common bean cultivars using biochemical and molecular markers. **Genetic Resources and Crop Evolution**, Dordrecht, v. 52, p. 33-40, 2005.

ORMEÑO-ORRILLO, E.; VINUESA, P.; ZÚÑIGA-DÁVILA, D. et al. Molecular diversity of native bradyrhizobia isolated from Lima bean (*Phaseolus lunatus* L.) in Peru. **Systematic and Applied Microbiology**, Stuttgart, v. 29 p. 253-262, 2006.

PASQUET, R.S. Cultivated cowpea (*Vigna unguiculata*): genetic organization and domestication. In: PICKERSGILL, B.; LOCK, J. (Eds.). **Advances in Legumes Systematics**: legumes of economic importance. Kew: Royal Botanic Gardens, v. 8, 1996, p. 101-108.

PASQUET, R.S.; VANDERBORGHT, T. Isozyme polymorphism in the *Vigna frutescens*-*V. membranacea* complex (Tribo Phaseoleae, Fabaceae). **Biochemical Systematics and Ecology**, Oxford, v. 28, p. 29-43, 2000.

PASQUET, R.S. Genetic diversity of cultivated cowpea *Vigna unguiculata* (L.) Walp. Based allozyme variation. **Theoretical and Applied Genetics**, Berlin, v. 101, p. 211-219, 2000.

PHANSAK, P.; TAYLOR, P.W.J.; MONGKOLPORN, O. Genetic diversity in yardlong bean (*Vigna unguiculata* ssp. *sesquipedalis*) and related *Vigna* species using sequence tagged microsatellite site analysis. **Scientia Horticulturae**, Amsterdam, v. 106, p. 137-146, 2005.

RAINEY, K.M.; GRIFFITHS, P.D. Evaluation of *Phaseolus acutifolius* A. Gray plant introduction under high temperatures in a controlled environment, **Genetic Resources and Crop Evolution**, Dordrecht, v. 52, p. 117-120, 2005.

DAHMER et al. Considerações sobre o controverso e enigmático complexo *Phaseolus-Vigna* e suas espécies...

REHMAN, Z.U. Domestic processing effects on available carbohydrate content and starch digestibility of black grams (*Vigna mungo*) and chick peas (*Cicer arietium*). **Food Chemistry**, London, v. 100, p. 764-767, 2007.

RODINÓ, A.P.; LEMA, M.; PÉREZ-BARBEITO, M. et al. Assessment of runner bean (*Phaseolus coccineus* L.) germoplasm for tolerance to low temperature during early seedling growth. **Euphytica**, Wageningen, v. 155, p. 63-70, 2007.

SANTALLA, M.; RODIÑO, A.P.; DE RON, A.M. Allozyme evidence supporting southwestern Europe as a secondary center of genetic diversity for the common bean. **Theoretical and Applied Genetics**, Berlin, v. 104, p. 934-944, 2002.

SHADRACH, O.A.; OYEBIODUN, G.L. The physico-functional characteristics of starches from cowpea (*Vigna unguiculata*), pigeon pea (*Cajanus cajan*) and yambean (*Sphenostylis stenocarpa*). **Food Chemistry**, London, v. 65, p. 469-474, 1999.

SHARMA, P.; KAUL, S.; DHAR, M.K. Can phaseolin patterns help resolve the *Phaseolus-Vigna* complex?. **Genetic Resources and Crop Evolution**, Dordrecht, v. 53, p.1573-1578, 2006.

SIDDHURAJU, P.; BECKER, K. The antioxidant and free radical scavenging activities of processed cowpea (*Vigna unguiculata* (L.) Walp.) seeds extracts. **Food Chemistry**, London, v. 101, p. 10-19, 2007.

SINGH, S.P. Broadening the genetic base of common bean cultivars: a review. **Crop Science**, Madison, v. 41, p. 659-1675, 2001.

SVETLEVA, D.; PEREIRA, G.; CARLIER, J. et al. Molecular characterization of *Phaseolus vulgaris* L. genotypes included in Bulgarian collection by ISSR and AFLP analyses. **Scientia Horticulturae**, Amsterdam,

v. 109, p. 198-206, 2006.

TOMOOKA, N.; KASHIWABA, K.; VAUGHAN, D.A. et al. The effectiveness of evaluating wild species: searching for sources of resistance to bruchid beetles in the genus *Vigna* subgenus *Ceratotropis*. **Euphytica**, Wageningen, v. 115, p. 27-41, 2000.

VAILLANCOURT, R.; WEEDEN, N.F.; BARNARD, J. Isozyme diversity in the cowpea species complex. **Crop Science**, Madison, v. 33, p. 606-613, 1993.

WILLIAMS, C.A.; ONYILAGHA, J.C.; HARBORNE, J.B. Flavonoid profiles in leaves, flowers and stems of forty-nine members of the Phaseolinae. **Biochemical Systematics and Ecology**, Oxford, vol. 23, n. 6, p.655-667, 1995.

YAMADA, T.; MORIYAMA, R.; HATTORI, K. et al. Isolation of two α -amylase inhibitor genes of tepary bean (*Phaseolus acutifilius* A. Gray) and their functional characterization in genetically engineered adzuki bean. **Plant Science**, Limerick, v. 169, p. 502-511, 2005.

ZEVEN, A.C.; MOHAMED, H.H.; WANINGE, J. et al. Phenotypic variation within a hungarian landrace of runner bean. **Euphytica**, Wageningen, v. 68, p. 155-166, 1993.

VIEIRA, C. Leguminosas de grãos: importância econômica na agricultura e na alimentação humana. **Informe Agropecuário**, Belo Horizonte, v. 16, n. 174, p. 5-11, 1992.

VIEIRA, R. F.; OLIVEIRA, V. R.; VIEIRA, C. et al. Ouro Verde MG2: nova cultivar de mungo-verde para Minas Gerais. **Horticultura Brasileira**, Brasília, v. 20, n.1, p. 119-120, 2002.

VIEIRA, R.F.; OLIVEIRA, V. R.; VIEIRA, C. Cultivo do feijão-mungo-verde no verão em Viçosa e em Prudente de Moraes. **Horticultura Brasileira**, Brasília, v. 21 ,v.1, p. 37-43, 2003.