

ELIANA REGINA FORNI MARTINS



Este exemplar corresponde à redação final
da tese defendida pela candidata Eliana
Regina Forni Martins e aprovada pela Comissão
Julgadora

Campinas 31/05/89.

CARIÓTIPO E SUA ANÁLISE NUMÉRICA COMO SUBSÍDIO A
ESTUDOS TAXONÔMICOS E EVOLUTIVOS DE PHASEOLUS L.,
VIGNA SAVI E MACROPTILIMUM (BENTHAM) URBAN -
LEGUMINOSAE, PAPILIONOIDEAE

Tese apresentada ao Instituto de Bio-
logia da Universidade Estadual de
de Campinas, como parte dos requisitos
para a obtenção do título de Doutor em
Ciências.

ORIENTADOR: DR. GEORGE J. SHEPHERD

CAMPINAS - SP

1989



AGRADECIMENTOS

Ao Prof. Dr. George J. Shepherd, do Departamento de Botânica da UNICAMP, pela orientação, pela amizade e pela confiança no trabalho desenvolvido.

À Profa. Dra. Luiza S. Kinoshita-Gouvêa, pelo apoio efetivo e pela atuação em substituição ao orientador Prof. Dr. George J. Shepherd, afastado durante a parte final deste trabalho.

Ao Prof. Fernando R. Martins, do Departamento de Botânica da UNICAMP, pelo incentivo e pelo apoio em todos os momentos.

À Profa. Dra. Neusa Taroda Ranga, do Departamento de Botânica da UNESP (São José do Rio Preto), ao Prof. Dr. Reinaldo Monteiro, do Departamento de Botânica da UNESP (Rio Claro) e ao Prof. Dr. Rolf D. Ilg, do Departamento de Genética e Evolução da UNICAMP, pela análise prévia e pelas sugestões formuladas.

À Pesquisadora Científica Dra. Neusa Diniz da Cruz, chefe da Seção de Citologia do Instituto Agrônômico, pela minha formação científica.

Ao Instituto Agrônômico, por ter permitido a realização de parte deste trabalho nas dependências da seção de Citologia e por todas as facilidades concedidas.

Ao Prof. Dr. Antonio Carlos Gabrielli, do Departamento de Botânica da UNICAMP, por ter facilitado o uso do laboratório e do microcomputador, para conclusão do presente trabalho.

À Seção de Agronomia de Plantas Forrageiras do Instituto de Zootecnia (Nova Odessa-SP), ao Centro Internacional de Agricultura Tropical (CIAT-Colômbia), às Seções de Leguminosas e de Genética do Instituto Agrônômico (Campinas-SP), ao Prof. Robert Maréchal, da Faculté des Sciences Agronomiques de l'État (Gembloux-Bélgica) e aos colegas do Departamento de Botânica pelo fornecimento de sementes utilizadas neste trabalho.

Ao CENARGEN (Centro Nacional de Recursos Genéticos), pela intermediação junto a instituições estrangeiras no processo de solicitação de sementes.

Ao Prof. Dr. Peter E. Gibbs, da Universidade de St. Andrews, Escócia, pelo auxílio na aquisição de material bibliográfico.

Aos funcionários da Seção de Citologia do Instituto Agrônômico, em especial à Sra. Antonia A.M. Ferreira, pela colaboração efetiva.

Aos funcionários do Departamento de Botânica da UNICAMP, em especial às Sras. Maria Odete F. Pedrossantti, Esmeralda Zanchetta Borghi e Maria Lúcia Mendonça Pinto, e aos Srs. José Luiz Moreira, Sebastião Militão Júnior e João Carlos Galvão, pela participação direta em diferentes etapas deste trabalho.

As pesquisadoras científicas da Seção de Citologia do Instituto Agrônômico pelo convívio amigável.

Aos professores do Departamento de Botânica da UNICAMP, pelo ensinamento, colaboração e amizade.

Aos colegas do curso de Pós-Graduação em Biologia Vegetal da UNICAMP, pela amizade e colaboração.

À Fundação de Amparo à Pesquisa do Estado de São Paulo (FAPESP) e ao Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico (CNPQ), pelo auxílio financeiro em diferentes etapas deste trabalho.

À colega Dionete A. Santin, pelo auxílio na digitação e impressão deste trabalho.

Ao Departamento de Parasitologia do Instituto de Biologia da UNICAMP, em especial ao Prof. Dr. Arício Xavier Linhares, pelo uso do equipamento que possibilitou imprimir este trabalho.

Aos meus pais Luiz e Izolette, ao meu marido Fernando e à minha filha Valéria, que, à sua maneira, contribuíram de forma significativa para a realização deste trabalho.

CONTEÚDO

	Pag.
Relação de figuras	I
Relação de tabelas	II
1 - Abstract	1
2 - Resumo	3
3 - Introdução.....	5
4 - Considerações gerais sobre o gêneros Phaseolus, Vigna e Macroptilium e a citotaxonômia.....	7
4.1 - Os gêneros Phaseolus, Vigna e Macroptilium.....	7
4.1.1 - Caracterização, distribuição e importância eco- nômica.....	7
4.1.2 - Origem e evolução.....	10
4.1.3 - Citogenética.....	14
4.2 - O cariótipo como subsídio a estudos taxonômicos e evo- lutivos.....	16
5 - Materiais e Métodos.....	24
5.1 - Obtenção e armazenamento de sementes.....	24
5.2 - Tratamento taxonômico.....	24
5.3 - Estudo citológico	32
5.4 - Análise estatística	35
6 - Resultados	37
7 - Discussão	60
7.1 - O cariótipo dos gêneros Phaseolus, Vigna e Macroptilium..	60
7.2 - Comparação com dados de literatura.....	65
7.3 - Tendências evolutivas	107
7.4 - Relacionamento entre gêneros	113
7.5 - Relacionamento entre espécies	118
- de Macroptilium.....	119
- de Phaseolus.....	121
- de Vigna.....	127
- de outros gêneros	129
8 - Conclusões	131
9 - Literatura citada	135

RELAÇÃO DE FIGURAS

FIGURA	Pag
1 - Ideogramas de espécies de <i>Phaseolus</i> , <i>Vigna</i> e <i>Macroptilium</i>	38
2 - Cromossomos mitóticos metafásicos de espécies de <i>Phaseolus</i> , <i>Vigna</i> e <i>Macroptilium</i>	39
3 - Análise de discriminantes lineares entre os gêneros <i>Phaseolus</i> , <i>Vigna</i> e <i>Macroptilium</i> , considerando conjuntamente valores de comprimento cromossômico e de índice centromérico	55
4 - Distribuição individual dos gêneros <i>Phaseolus</i> , <i>Vigna</i> e <i>Macroptilium</i> , através da análise de discriminantes lineares, considerando valores de comprimento cromossômico e de índice centromérico.....	56
5 - Distribuição das células de espécies de <i>Phaseolus</i> , <i>Vigna</i> e <i>Macroptilium</i> , através da análise de componentes principais, considerando valores de comprimento cromossômico e de índice centromérico.....	57
6- Distribuição de espécies de <i>Phaseolus</i> , <i>Vigna</i> e <i>Macroptilium</i> , através da análise de componentes principais, considerando valores de comprimento cromossômico e de índice centromérico.....	58
7 - índices de similaridade cariotípica (KSI) entre espécies de <i>Phaseolus</i> , <i>Vigna</i> e <i>Macroptilium</i>	59

RELAÇÃO DE TABELAS

TABELA

Pag.

1 - Relação de espécies de <i>Macroptilium</i> , <i>Phaseolus</i> e <i>Vigna</i> , utilizadas no estudo citológico.....	25
2 a 19 - Cromossomos mitóticos metafásicos de:	
2 - <i>Macroptilium atropurpureum</i>	44
3 - <i>M. bracteatum</i>	44
4 - <i>M. erythroloma</i>	45
5 - <i>M. lathyroides</i>	45
6 - <i>M. sabaraense</i>	46
7 - <i>Phaseolus acutifolius</i>	46
8 - <i>P. anisotrichus</i>	47
9 - <i>P. coccineus</i>	47
10 - <i>P. filiformis</i>	48
11 - <i>P. lunatus</i>	48
12 - <i>P. vulgaris</i>	49
13 - <i>Vigna adenantha</i>	49
14 - <i>V. candida</i>	50
15 - <i>V. luteola</i>	50
16 - <i>V. peduncularis</i>	51
17 - <i>V. radiata</i>	51
18 - <i>V. umbellata</i>	52
19 - <i>V. unguiculata</i>	52
20 - Fórmulas cariotípicas de espécies de <i>Macroptilium</i> , <i>Phaseolus</i> e <i>Vigna</i>	53
21 - Variação de comprimento cromossômico, valores de comprimento total (CTC) e de TFX para espécies de <i>Macroptilium</i> , <i>Phaseolus</i> e <i>Vigna</i>	54
22 - Distribuição de valores de CV% para comprimento cromossômico e para índice centromérico de espécies de <i>Macroptilium</i> , <i>Phaseolus</i> e <i>Vigna</i>	64
23 a 32 - Valores de CTC, TFX e fórmulas cariotípicas, segundo diferentes autores, de:	
23 - <i>M. atropurpureum</i>	71
24 - <i>M. bracteatum</i>	73
25 - <i>M. lathyroides</i>	76
26 - <i>P. acutifolius</i>	78

27 - P. coccineus	82
28 - P. lunatus	86
29 - P. vulgaris	89
30 - V. radiata	99
31 - V. umbellata	102
32 - V. unguiculata	106
33 - Ordenamento de espécies de Phaseolus, Vigna e Macroptilium de acordo com tendências evolutivas sugeridas para o grupo.....	109

1- ABSTRACT

Cytotaxonomic studies were carried out on 18 species of *Macroptilium* (Benth) Urban, *Phaseolus* L., and *Vigna* Savi (Leguminosae, Papilionoideae): *M. atropurpureum* (DC.) Urban, *M. bracteatum* (Nees & Mart.) Maréchal & Baudet, *M. erythroloma* (Benth) Urban, *M. lathyroides* (L.) Urban, *M. sabaraense* (Hoehne) V.P. Barbosa Fevèreiro, *P. acutifolius* A. Gray, *P. anisotrichus* Schlecht., *P. coccineus* L., *P. filiformis* Benth, *P. lunatus* L., *P. vulgaris* L., *V. adenantha* (G.F. Meyer) Maréchal, *Mascherpa* & Stainier, *V. candida* (Vellozo) Maréchal, *Maschepe* & Stainier, *V. luteola* (Jacq.) Benth, *V. peduncularis* (H.B.K.) Fawcett & Rendle, *V. radiata* (L.) Wilczek, *V. umbellata* (Thunb.) Ohwi & Ohashi and *V. unguiculata* (L.) Walpers. Ideogram, karyotype, karyotype formulae, total chromatin length (TCL), and TFX index (karyotype symmetry) were presented for each species studied. All the species showed $2n=22$ chromosomes, except *P. anisotrichus* ($2n=20$), and an introduction of *V. peduncularis* ($2n=18$). The most chromosomes had a median centromere position; and the others were submetacentric. Some species had chromosomes with satellite. *P. coccineus* presented the maximum number of satellites, reaching three pairs. The results did not agree with other data in literature, which is very controverted when data from different authors are compared. The possible causes for these discrepancies were discussed in this work, trying to explain the differences observed. The standard deviation and coefficient of variation of both centromeric index and chromosome length of each chromosome pair were calculated for each species, as an estimate of variation. Considering all the

data, only 5.08% of the average values showed high coefficients of variation (higher than 20%). There were a great overlapping of TCL and TF% values among the species of a genus and even among different genera. Evolutive tendencies were discussed basing on these data, concluding that there must have had an enlargement of TCL and diminution of TF% for this group. The application of statistical tests, such as principal component analysis, linear discriminant analysis, and cluster analysis, did not allow the individualization of species or genera. *Macroptilium* and *Vigna* showed some level of karyotype similarity (KSI) both among species of each genus and between the two genera. *Phaseolus* is likely to be the most heterogeneous group from the chromosomal viewpoint, thus disagreeing with its apparent morphological homogeneity. The literature is discussed, using morphological, chemical, palinological and chromosomal data, and results from interspecific crossings to verify the relationship level among species of these genera. Although a small number of species were analysed, it was concluded that Cytotaxonomy does not apportion a significative contribution to the taxonomic establishment of the genera *Phaseolus*, *Vigna* and *Macroptilium*.

2 - RESUMO

Foram feitos estudos citotaxonômicos em 18 espécies de *Macroptilium* (Bentham) Urban, *Phaseolus* L. e *Vigna* Savi (Leguminosae, Papilionoideae): *M. atropurpureum* (D.C.) Urban, *M. bracteatum* (Nees & Mart.) Maréchal & Baudet, *M. erythroloma* (Bentham) Urban, *M. lathyroides* (L.) Urban, *M. sabaraense* (Hoehne) V.P. Barbosa Fevereiro, *P. acutifolius* A. Gray, *P. anisotrichus* Schlecht., *P. coccineus* L., *P. filiformis* Bentham, *P. lunatus* L., *P. vulgaris* L., *V. adenantha* (G.F. Meyer) Maréchal, *Mascherpa* & Stainier, *V. candida* (Vellozo) Maréchal, *Mascherpa* & Stainier, *V. luteola* (Jacq.) Bentham, *V. peduncularis* (H.B.K.) Fawcett & Rendle, *V. radiata* (L.) Wilczek, *V. umbellata* (Thunb.) Ohwi & Ohashi e *V. unguiculata* (L.) Walpers. Ideograma, cariótipo, fórmulas cariotípicas, comprimento total de cromatina (CTC) e índice TF% (simetria cariotípica) são apresentadas para cada espécie. Todas as espécies apresentaram $2n=22$ cromossomos, exceto *P. anisotrichus* ($2n=20$) e uma introdução de *V. peduncularis* ($2n=18$). A maioria dos cromossomos apresentou centrômero em posição mediana, observando-se alguns submetacêntricos. Em algumas espécies observaram-se cromossomos com satélite, num máximo de três pares em *P. coccineus*. Os resultados discordam de dados da literatura, que é muito controvertida quando são comparados dados de diferentes autores. As possíveis causas de tal discrepância são discutidas. Foram calculados o desvio padrão e o coeficiente de variação do comprimento cromossômico e do índice centromérico de cada espécie, para avaliar o grau de variação nos resultados. Apenas 5,08% de todos os valores médios mostraram altos coeficientes de variação (acima de 20%). Os valores de CTC e de TF% mostraram

sobreposição não só entre espécies de um mesmo gênero como entre gêneros diferentes. Tendências evolutivas foram discutidas com base naqueles valores, concluindo-se que o grupo deve ter sofrido aumento de CTC e diminuição de TFX. A aplicação de testes estatísticos como análise de componentes principais, de discriminantes lineares e de agrupamentos, não possibilitou a individualização de espécies nem de gêneros. *Macroptilium* e *Vigna* mostraram um certo nível de similaridade cariotípica (KSI) tanto entre espécies dentro dos gêneros como entre os gêneros. *Phaseolus* parece ser o mais heterogêneo do ponto de vista cromossômico, discordando da homogeneidade morfológica do grupo. Discute-se a literatura, usando dados morfológicos, químicos, palinológicos, cromossômicos e de hibridações interespecíficas para verificar o grau de relacionamento entre as espécies daqueles três gêneros. Apesar de um pequeno número de espécies ter sido analisado, conclui-se que a Citotaxonomia parece não trazer uma contribuição significativa ao assentamento taxonômico dos gêneros *Phaseolus*, *Macroptilium* e *Vigna*.

3 - INTRODUÇÃO

Os gêneros *Phaseolus* L., *Vigna* Savi e *Macroptilium* (Bentham) Urban são bastante próximos filogeneticamente e pertencem à família Leguminosae, subfamília Papilionoideae, tribo Phaseoleae, subtribo Phaseolinae.

A delimitação taxonômica daqueles gêneros foi estabelecida gradativamente, baseada numa série de trabalhos com diferentes enfoques taxonômicos, e de contribuições provenientes de outras áreas de estudo. Assim, associando-se a dados morfológicos (URBAN, 1928; VERDCOURT, 1970; MARÉCHAL et al., 1978), tem-se a contribuição da palinologia (TAYLOR, 1966; VERDCOURT, 1970; STAINIER, 1974 e 1976; MARÉCHAL et al., 1978; MAKINO, 1978; STAINIER & HORVAT, 1978a e 1978b; SUBRAMANIAN, 1979 e HORVAT & STAINIER, 1979 e 1980) e do estudo de algumas características químicas (CASEMIR & MARCHAND, 1966; BOULTER et al., 1967; THURMAN et al., 1967; DERBYSHIRE et al., 1976a; KLOZ, 1971; CHRISPEELS & BAUMGARTNER, 1978; MICHELIN-RAMOS, 1980; NOZZOLILLO & McNEILL, 1984; JAASKA & JAASKA, 1988).

A junção de diversos estudos possibilitou a MARÉCHAL et al. (1978) determinarem os limites entre os gêneros *Phaseolus*, *Vigna* e *Macroptilium*, assim como estabelecerem suas categorias infragenéricas. Os diversos trabalhos que assentaram as bases taxonômicas destes táxons foram revisados por FORNI-MARTINS (1986).

A citotaxonomia tem sido pouco utilizada como subsídio complementar no estudo taxonômico daqueles gêneros aparentados. Devido à importância econômica de algumas de suas espécies, diversos trabalhos citogenéticos foram realizados, incluindo a elaboração de cariótipos, porém dificilmente tais resultados foram utilizados em algum tipo de análise citotaxonomica.

O presente trabalho tem caráter citotaxonômico e objetiva:

- a - contribuir para o conhecimento cromossômico de espécies de *Phaseolus*, *Vigna* e *Macroptilium* através da elaboração de cariótipos;
- b - verificar a eficiência da citotaxonomia como subsídio à delimitação dos gêneros *Phaseolus*, *Vigna* e *Macroptilium*, através da comparação de cariótipos;
- c - sugerir a posição e relação evolutiva de espécies destes gêneros;
- d - fornecer subsídios para programas de melhoramento genético, sugerindo diferentes graus de afinidades interespecíficas, mediante maior ou menor semelhança cariotípica.

4 - CONSIDERAÇÕES GERAIS E CITOTAXONÔMICAS SOBRE OS GÊNEROS PHASEOLUS, VIGNA E MACROPTILIUM.

4.1. Os gêneros Phaseolus, Vigna e Macroptilium

4.1.1 - Caracterização, distribuição e importância econômica

Após as inúmeras alterações taxonômicas envolvidas na delimitação daqueles três gêneros, Phaseolus é atualmente uma entidade bastante homogênea, distinguível das demais por uma série de características estáveis, como: estípulas não recorrentes; presença de pêlos uncinados; brácteas florais persistentes pelo menos até a antese; ausência de nós dilatados e de glândulas extraflorais sobre a raque da inflorescência; estilete simétrico, espiralado (1,5 a 2 voltas) e caduco; vagens não septadas (MARÉCHAL et al., 1978).

O gênero Phaseolus é constituído por cerca de 50 espécies, todas de distribuição exclusivamente neotropical (EVANS, 1980). É constituído de três seções, que são: Phaseolus, Alepidocalyx e Minkelersia. A primeira, mais numerosa e mais importante economicamente (MARÉCHAL et al., 1978, 1981), abrange espécies que são muito utilizáveis pelo homem, com alta taxa de proteínas e alto valor em calorias, destacando-se entre elas *P. vulgaris*, *P. coccineus*, *P. lunatus* e *P. acutifolius* (EVANS, 1976). As três seções de Phaseolus foram diferenciadas com base na análise global de vários caracteres, como presença ou ausência de bractéolas, relação entre o comprimento do pedicelo e o do cálice, e entre o dos lobos do cálice e o do tubo calicíneo, além do tamanho da unguícula do estandarte (MARÉCHAL et al., 1978).

O gênero *Macroptilium*, constituído exclusivamente por espécies antes atribuídas a *Phaseolus*, também tem distribuição americana. Distingue-se pela ausência de pêlos uncinados, por ter brácteas caducas, pelo menor comprimento dos pedicelos e pelo tipo de curvatura da quilha e do estilete, diferente de uma espiral. Além disso, caracteriza-se por apresentar alas bem maiores que o vexilo (MARÉCHAL et al., 1978). FEVEREIRO (1979) considerou dez espécies válidas para o Brasil, subdividindo o gênero em duas seções, denominadas *Macroptilium* e *Microcochle*. As duas seções foram diferenciadas com base na direção dos prolongamentos dos calos do vexilo. MARÉCHAL et al. (1978) citaram outras espécies para o gênero, não nativas do Brasil, dentre as quais *M. atropurpureum*. Esta espécie, vulgarmente conhecida como siratro, é a que, dentro daquele gênero, vem sendo testada com maior sucesso para aproveitamento como planta forrageira (LOVADINI & MIYASAKA, 1972). Outras espécies tidas com potencial forrageiro, de adubação verde, medicinal ou de fixação de dunas foram citadas por FEVEREIRO (1979).

O gênero *Vigna* apresenta uma série de caracteres distintivos, como ausência de pêlos uncinados; brácteas florais caducas, eixos secundários das inflorescências reduzidos a duas protuberâncias glandulosas; nunca mais de duas flores por nodosidade, pedicelo espesso, mais curto ou do mesmo comprimento que o cálice; pétalas subiguais quanto ao comprimento; estilete caduco; vagens lineares não septadas. Contudo, essas características não isolam por completo o gênero *Vigna*, pois muitas delas ocorrem em pequenos gêneros próximos. A particularidade de *Vigna* seria combinar as características seguintes: estípulas recorrentes, auriculadas ou esporadas na base; raque da inflorescência contraída, estigma subterminal; pólen tricolporado, possuindo exina que forma uma rede de malhas largas. Tal combinação de características seria completa apenas para as espécies dos subgêneros *Plectotropis* e *Ceratotropis*.

(MARÉCHAL et al., 1978).

O gênero *Vigna* tem distribuição pantropical e compreende cerca de 160 espécies, a maioria das quais é africana (STEELE & MEHRA, 1980). Segundo a conceituação apresentada por MARÉCHAL et al. (1978, 1981), o gênero é subdividido em sete subgêneros, que são: *Vigna*, *Plectotropis*, *Haydonia*, *Macrorhyncha*, *Ceratotropis*, *Lasiospron* e *Sigmoidotropis*. Os primeiros cinco subgêneros citados ocorrem no Velho Mundo e outros dois no continente americano, sendo estes últimos ex-integrantes do gênero *Phaseolus* (MARÉCHAL et al., 1981). Recentemente, VAN WELZEN & DEN HENGST (1985) reincorporaram mais um subgênero ao gênero *Vigna*. Trata-se de *Dolichovigna*, que havia sido anteriormente retirado do gênero *Vigna* e transferido para o gênero *Dolichos*, a nível de subgênero, por MARÉCHAL et al. (1978). É composto por uma única espécie, *V. pilosa*, de distribuição no sudeste da Ásia. O subgênero *Dolichovigna* mostra grande afinidade com o subgênero *Macrorhyncha*, do qual difere na forma das alas (hemi-circulares na margem superior, com aurículas ausentes ou apenas ligeiramente desenvolvidas), por não ter calo no estandarte e na pilosidade menos intensa do estilete.

Sementes de diversas espécies de *Vigna* são utilizadas na alimentação humana. Destas, seis pertencentes ao subgênero *Ceratotropis* são cultivadas em extensões variáveis em diferentes partes do continente asiático, ou seja, *V. aconitifolia*, *V. angularis*, *V. mungo*, *V. radiata*, *V. trilobata* e *V. umbellata* (JAIN & MEHRA, 1980). Além daquelas, outra espécie de origem africana, pertencente ao subgênero *Vigna* e denominada *V. unguiculata*, vem assumindo grande importância econômica em diversas regiões, como na África (principalmente na Nigéria), na Índia e no Brasil (NG & MARÉCHAL, 1985).

4.1.2 - Origem e evolução

Anteriormente às várias alterações taxonômicas processadas nos gêneros *Phaseolus*, *Vigna* e *Macroptilium* por diferentes autores, como URBAN, (1928), VERDCOURT (1970) e MARÉCHAL et al. (1978), aceitava-se que o gênero *Phaseolus* (sensu lato, s.l) apresentava dois centros de origem distintos: o primeiro na América Central, nos altiplanos do México e Guatemala, e o segundo, na Ásia Tropical. Na América foram constatados outros centros de origem secundários, como o norte da Argentina e Pantanal do Mato Grosso. Foram observadas diferenças marcantes entre as espécies procedentes de cada um dos centros primários de origem, o que sugeria independência entre eles (LEITÃO FILHO, 1972).

Com a evolução gradativa dos conceitos que caracterizaram os gêneros *Phaseolus* e *Vigna*, EVANS (1976) considerou *Phaseolus* como tendo origem e distribuição exclusivas no continente americano e que as demais espécies a ele atribuídas, ocorrentes no Velho Mundo, deveriam ser classificadas no gênero *Vigna*.

Parece não haver dúvidas de que o feijoeiro comum é a espécie americana cultivada mais antiga, com base não só em evidências arqueológicas, mas também considerando a evolução de um caráter pouco afetado pelo meio ambiente, a forma do estigma (LEITÃO FILHO, 1972). Através da datação com carbono marcado, estima-se que *P. vulgaris* já era domesticado no Peru por volta de 7680 AC (EVANS, 1976). KAPLAN et al. (1973) calcularam que as espécies *P. vulgaris* e *P. lunatus* eram cultivadas no Peru entre 8500 e 5500 AC.

Após os vários trabalhos taxonômicos, químicos e palinológicos realizados nos gêneros em questão, cujos resultados foram apresentados conjuntamente no estudo de taxonomia numérica

de MARÉCHAL et al. (1978, 1981), aceita-se atualmente que *Phaseolus* e *Macroptilium* originaram-se e distribuem-se exclusivamente no Novo Mundo. Ambos teriam se originado independentemente a partir do subgênero *Sigmoidotropis* do gênero *Vigna*, que também é de ocorrência neotropical. O subgênero *Sigmoidotropis* é considerado como o mais primitivo de *Vigna*, sendo um provável ponto de junção entre linhas evolutivas de *Phaseolus* e de *Macroptilium* com o restante do gênero *Vigna*, tanto considerando caracteres morfológicos (LEITÃO FILHO, 1974), palinológicos (STAINIER & HORVAT, 1978a, b) e quimiotaxonômicos (MICHELIN-RAMOS, 1980; NOZZOLILLO & McNEILL, 1984).

Em *Vigna*, os subgêneros *Sigmoidotropis* e *Lasiospron* ocorrem no continente americano, porém, o gênero, em sua maioria, está representado no Velho Mundo. Há dúvidas sobre o local original de penetração de estoques de *Vigna* originários da América no Velho Mundo, se na África ou na Ásia. No Velho Mundo parecem ter divergido duas linhas evolutivas. Uma delas direcionou-se para a Ásia, havendo especialização de estruturas florais, culminando no subgênero *Ceratotropis*, uma entidade taxonômica bastante homogênea. A outra linha resultou no subgênero *Vigna*, nativo na África, representado por espécies que apresentam simplificação de morfologia floral, restaurando a simetria bilateral (MARÉCHAL et al., 1981).

Dentre as espécies de *Vigna*, provavelmente a de maior importância econômica seja *V. unguiculata*, vulgarmente conhecida como caupi, pertencente ao subgênero *Vigna*. A espécie apresenta grande diversidade morfológica, compreendendo quatro subespécies. Através da análise de caracteres morfológicos, sugere-se a África como centro de origem da espécie, indicando-se várias regiões como polo inicial de domesticação (NG & MARÉCHAL, 1985). A partir da África a espécie teria alcançado outras regiões, como o sudoeste da Ásia, por volta de 2300 AC (Burkhill, 1953 apud NG & MARÉCHAL, 1985) de onde passou para a Europa aproximadamente em

300 AC. Estima-se que a espécie teria chegado à Índia em cerca de 150 AC e à América por volta do século XVII (STEELE & MEHRA, 1980). Infelizmente, registros arqueológicos de *V. unguiculata* são bastante escassos, sendo o mais antigo deles datado de cerca de 1450 - 1400 AC, na região central de Ghana (Flint, 1970 apud NG & MARÉCHAL, 1985).

Em cada um dos três gêneros, a especiação deve ter ocorrido principalmente através de alterações estruturais dos cromossomos, como inversões (SARBHOY, 1977, 1978a, 1978b; SINHA & ROY, 1979a), além de mutações gênicas (SINHA & ROY, 1979b). A quase constância do número cromossômico das espécies ($2n = 22$) sugere que a poliploidia e a aneuploidia parecem ter desempenhado papel pouco importante na evolução dos gêneros em estudo.

As alterações estruturais podem ser inferidas a partir da análise citogenética de híbridos interespecíficos, como no cruzamento entre *V. umbellata* e *V. minima*. Nos híbridos F1, foram observadas diversas anormalidades meióticas, como multivalentes em forma de cadeia ou anel, alças de inversão e pontes, o que indica que as espécies parentais diferem em rearranjos cromossômicos estruturais, como inversões e translocações (GOPINATHAN & BABU, 1986). Estudos cromossômicos em híbridos entre *V. radiata* e *V. mungo* também indicaram que as espécies parentais se diferenciam por alterações estruturais dos cromossomos (DE & KRISHNAN, 1966).

ZAGORCHEVA et al. (1983) também sugeriram que alterações cromossômicas estruturais diferenciavam as espécies *P. vulgaris* e *P. coccineus*. Entretanto, SHII et al. (1982), após estudos de desenvolvimento de embriões híbridos entre aquelas duas espécies, concluíram que tais alterações estruturais teriam pequena importância na redução de fertilidade do pólen. Basearam-se no fato de que se observa grande diferença de fertilidade em híbridos obtidos quando se utiliza uma ou outra espécie como parental materno. A fertilidade de híbridos entre *P. vulgaris* x

P. coccineus foi de 27%, contrastando com 81% no cruzamento recíproco. Assim, concluíram que as diversas anormalidades observadas na microsporogênese de *P. vulgaris* x *P. coccineus* devem ser causadas principalmente por outros fatores que não a falta de homologia cromossômica entre as espécies. A sugestão de que a barreira interespecífica não parece ser decorrente da falta de homologia entre *P. coccineus* e *P. vulgaris* já havia sido apresentada em trabalhos anteriores, como os de MARÉCHAL (1971), SAVOVA (1979) e HAQ et al. (1980). Lamprecht (1941 apud SMARTT, 1970) sugeriu que aquelas espécies diferiam principalmente em dois genes interespecíficos.

Não se dispõe de avaliações significativas sobre a contribuição da hibridação interespecífica para as mudanças evolutivas nos três gêneros estudados. Por ser um grupo importante economicamente, numerosos experimentos de hibridação artificial têm sido realizados, envolvendo um número bem variado de espécies. Tais hibridações têm mostrado os diferentes níveis em que mecanismos de isolamento reprodutivo operam na individualização das espécies. Uma revisão sobre trabalhos de hibridação nos gêneros *Phaseolus*, *Vigna* e *Macroptilium* foi apresentada por FORNI-MARTINS (1984) e algumas afinidades interespecíficas puderam ser inferidas.

Entretanto, como já mencionado, a quase totalidade dos trabalhos foi feita em condições artificiais, de forma que as conclusões devem ser consideradas com ressalvas. Poucos são os relatos de hibridação natural entre espécies daquele grupo de plantas. Um dos poucos casos conhecidos envolve o cruzamento *P. vulgaris* x *P. coccineus* (Tschermak-Seysenag, 1942 apud SMARTT, 1970).

Há evidências de que algumas espécies de *Phaseolus* tenham surgido através de hibridações interespecíficas, sem envolvimento de mudança no nível de ploidia. Lamprecht (1941 apud SMARTT, 1970), estudando as espécies *P. vulgaris* e *P.*

coccineus (= *P. multiflorus*), citou que barreiras de esterilidade teriam surgido entre aquelas espécies através de alguma hibridação.

Aceitava-se que a subespécie *polyanthus* de *P. coccineus* tivesse origem híbrida entre cultivares de *P. vulgaris* e de *P. coccineus* ssp. *coccineus*, com base em características morfológicas das espécies parentais (MARÉCHAL et al., 1978). Porém, através da análise de eletroforese em oito sistemas enzimáticos, PIÑERO & EGUIARTE (1988) não encontraram indícios que apoiassem a possibilidade de hibridação e sugeriram que aquela unidade taxonômica pudesse ser uma variedade de *P. coccineus* ssp. *coccineus*.

4.1.3 - Citogenética

Diante da importância econômica e do grande número de espécies abrangidas, pode-se considerar que os gêneros *Phaseolus*, *Vigna* e *Macroptilium* foram pouco estudados na área da Citogenética. Os trabalhos relativos aos gêneros abordam, principalmente, a determinação do número de cromossomos de diversas espécies, relatando como 11 e 22 os números haplóide e diplóide, respectivamente (DARLINTON, 1945; FRAHM-LELIVELD, 1953; DARLINGTON & WYLIE, 1955; TURNER, 1956; SEN & BHOWAL, 1960; SRIVASTAVA & NAITHANI, 1964; KRISHINAN & DE, 1965; DE & KRISHNAN, 1966; BIR & SIDHU, 1967; BOLKHOVSKIKH et al., 1969; MARÉCHAL, 1969, 1970; SINGH & ROY, 1970; BANDEL, 1972; THUAN, 1975; SARBHOY, 1977, 1978a, 1978b, 1980; JOSEPH & BOUWKAMP, 1978; SINHA & ROY, 1979a, 1979b; GOSWAMI, 1979; GOLDBLATT, 1981a, 1981b, 1984; LAVANIA & LAVANIA, 1982, 1983). Há algumas exceções, como $2n = 20$ e $2n = 40$ para algumas espécies de *Phaseolus* (MARÉCHAL, 1969; LACKEY, 1980); de $2n = 20$ ou $2n = 24$ para outras espécies de *Vigna* (DARLINGTON & WYLIE, 1955; SEN & BHOWAL, 1960; BOLKHOVSKIKH et al., 1969; MARÉCHAL, 1969, 1970; BANDEL, 1972;

GOLDBLATT, 1981b), e de $2n=18$ para a espécie *V. peduncularis* FORNI-MARTINS, 1986). O número cromossômico básico primitivo é tido como $x=11$, sendo $x=10$ uma derivação originada pela perda de um cromossomo.

O estudo do comportamento cromossômico nas diferentes fases da meiose foi apresentado para algumas espécies dos gêneros em questão (FLORESCA et al., 1960; SEN & BHOWAL, 1960; SRIVASTAVA & NAITHANI, 1964; SARBHOY, 1978a, 1978b; SINHA & ROY, 1979b), encontrando-se, no geral, pequeno número de irregularidades.

Em *P. vulgaris*, foi sugerida a ocorrência de translocação cromossômica em uma determinada linhagem que segregava para progênie fértil e semiestéril na proporção de 1:1. Entretanto, analisando a meiose daquela linhagem, os autores não encontraram evidências citológicas que mostrassem a ocorrência de alterações cromossômicas (Mutschler & Bliss, 1980 apud ASHRAF & BASSETT, 1986). Em outro estudo, foi relatada a ocorrência de translocação heterozigota em cinco dentre 12 linhagens de *P. vulgaris*, obtidas a partir da utilização de grãos de pólen irradiados na polinização de plantas normais. Naquelas cinco linhagens, oito diferentes cromossomos foram envolvidos em translocação (ASHRAF & BASSETT, 1986).

Cariótipos, obtidos através de técnicas tradicionais de coloração de cromossomos mitóticos em metáfase, foram apresentados por diversos autores para algumas espécies dos gêneros aqui analisados (SEN & BHOWAL, 1960; SRIVASTAVA & NAITHANI, 1964; MARÉCHAL, 1969, 1970; SINGH & ROY, 1970; THUAN, 1975; SARBHOY, 1977, 1978a, 1978b, 1980; GOSWAMI, 1979; SINHA & ROY, 1979b; LAVANIA & LAVANIA, 1982, 1983; FORNI-MARTINS, 1984; FORNI-MARTINS & CRUZ, 1985). Embora algumas espécies sejam comuns aos trabalhos de diversos autores, raramente se observa concordância perfeita nos resultados apresentados, embora, no geral, algumas conclusões possam ser feitas. Assim, as diversas espécies apresentam padrão relativamente uniforme de tamanho

cromossômico, com variação de 1 a 3 μ m de comprimento. A posição de centrômeros, apesar de algumas exceções, é mencionada como mediana e submediana. São relatados cromossomos com satélite em algumas espécies, com um número máximo de três pares por célula.

Como os cromossomos são pequenos e bastante semelhantes morfológicamente, há dificuldade na elaboração de cariótipos através de técnicas convencionais, de forma que alguns autores recorreram à técnica de bandamento para identificação dos cromossomos, tanto em células somáticas de raiz, como do tecido suspensor do embrião. Os estudos naquela área foram realizados em algumas espécies com maior importância econômica, como *P. coccineus* e *P. vulgaris* (NAGL, 1965; AVANZI et al., 1972; MOK & MOK, 1976; BHATTACHARYA, 1978; SCHWEIZER & AMBROS, 1979) e em *V. radiata*, *V. mungo* e *V. unguiculata* (LAVANIA & LAVANIA, 1982).

Paralelamente aos cariótipos obtidos a partir dos cromossomos somáticos, também já foi empregada a análise de cromossomos meióticos na fase de paquíteno para a identificação das espécies, como nos trabalhos de DE & KRISHNAN (1966) e de KRISHNNAN & DE (1965, 1970), em que foram estudadas *P. mungo* (= *V. mungo*), *P. aureus* (= *V. radiata*) e um tetraplóide, respectivamente.

Outros estudos visando à caracterização de cromossomos meióticos de espécies daqueles gêneros foram feitos por CHENG & BASSET (1981), utilizando a fase de diplóteno, nas espécies *P. coccineus* e *P. vulgaris*.

4.2 - O cariótipo como subsídio a estudos taxonômicos e evolutivos

O termo cariótipo aplica-se ao ordenamento sistematizado dos cromossomos de uma única célula, preparado por desenho ou fotografia, com a extensão em significado de que os

cromossomos de uma única célula podem tipificar os cromossomos de um indivíduo, ou inclusive de uma espécie (Conferência de Denver, 1960 apud SPOTORNO, 1985).

Idealmente, o cariótipo, em alguns casos, pode ser tão importante quanto a morfologia externa dos organismos para caracterizar um táxon, como uma espécie ou raça (GRANT, 1975). A análise citotaxonômica traz também uma grande contribuição a estudos evolutivos, porque os cromossomos constituem o próprio material genético e, portanto, suas alterações são quase sempre significativas para o rumo evolutivo das espécies (GUERRA, 1988).

Entretanto, nem sempre alterações cromossômicas são sincronizadas com alterações de outros caracteres taxonômicos importantes. Estudando um grupo de cerca de 20 espécies de *Scilla* L. (Liliaceae), GREILHUBER (1984) considerou caracteres morfológicos, químicos e bandas cromossômicas, não havendo concordância entre eles para determinar-se um padrão evolutivo para o gênero. Complementando os estudos com experimentos de DNA-satélite *in situ*, verificou que havia repetição da mesma seqüência em duas espécies próximas, mas envolvendo dois pontos cromossômicos diferentes. Isso levou o autor a sugerir que determinadas pressões de seleção poderiam levar à amplificação independente da mesma seqüência em diferentes pontos cromossômicos. Assim, a utilização de dados cromossômicos para determinar padrões evolutivos em alguns casos deve ser feita com cautela, porque características cromossômicas semelhantes entre espécies aparentadas podem surgir ou por ancestralia comum ou por paralelismo (GREILHUBER, 1984).

Há grupos em que seus cariótipos são extremamente semelhantes, como em *Paeonia* L. da família Paeoniaceae (STEBBINS, 1938), em *Tulipa* L. da família Liliaceae (SOUTHERN, 1967) e em *Solidago* L. da família Compositae (KAPOOR, 1977), de modo que nem sempre a citotaxonomia traz contribuições significativas a estudos taxonômicos e evolutivos. Há casos

extremos, como entre espécies de drosófilas do Havaí, que são bastante diferenciadas morfológicamente; nelas, os cariótipos parecem ser idênticos, mesmo quando se comparam bandas de seus cromossomos politênicos, de forma que tais espécies formam complexos homossequenciais (WHITE, 1980). De forma inversa, há alterações cromossômicas fenotípicas aparentes, mas que podem levar a uma maior capacidade adaptativa do organismo ao meio. Assim, mais uma vez verifica-se que nem sempre há relação direta entre variabilidade morfológica e cromossômica.

Além do fato de que espécies bem diferenciadas morfológicamente podem ter cariótipos semelhantes, há diversos trabalhos mostrando que, para uma mesma espécie, ou mesmo para um indivíduo, podem ser observadas variações cariotípicas. As explicações para tais diferenças são bastante numerosas, como a contração cromatínica diferencial (SASAKI, 1961; MATÉRN & SIMAK, 1968), a variabilidade genética entre células e entre homólogos (GOSWAMI, 1971; SINHA & KUMAR, 1979), os procedimentos de técnica (SYBENGA, 1959) e fatores ambientes a que estão submetidas as plantas ou células.

Apesar de certas características cromossômicas serem praticamente insensíveis a variações ambientais, especialmente no que se refere a números cromossômicos (GUERRA, 1988), determinadas situações ambientes podem provocar alterações de tamanhos cromossômicos, como tipos de soluções utilizadas como meios de cultura (PIERCE, 1937; BENNETT & REES, 1969), taxa de crescimento (FLANNAGAN & JONES, 1973) e fase de desenvolvimento das plantas (BENNETT & REES, 1969). Cariótipos completamente estáveis em espécies sexuadas são improváveis de serem encontrados. Observando a distribuição de heterocromatina em grupos de plantas diversos, diferentes autores constataram pequenas variações a nível intraespecífico em populações diferenciadas a nível geográfico ou ecológico (GREILHUBER, 1984).

Infelizmente, talvez por considerarem o cariótipo absolutamente constante, muitos autores têm utilizado apenas uma ou poucas células para caracterizar um determinado táxon, de forma que os resultados obtidos podem não ser suficientemente representativos.

MARÉCHAL (1969,1970), ao estudar a morfologia de cromossomos em metáfase mitótica de espécies da subtribo Phaseolinae, dentre as quais espécies de *Phaseolus*, *Vigna* e *Macroptilium*, percebeu que as células pertencentes a uma mesma espécie, ou até a uma mesma raiz, podiam apresentar variabilidade de comprimento de cromossomos, apesar da padronização dos procedimentos de técnica adotados. Devido à ocorrência daquela variação, atribuída a fatores como o espalhamento e o grau de contração dos cromossomos, a natureza dos tecidos examinados e a ação das condições ambientes, aquele autor examinou um grande número de células (em média 10 ou 12 por espécie ou introdução), pertencentes a diferentes indivíduos, obtendo, ao final, valores médios de comprimento para cada parâmetro considerado. Em cada uma das espécies, os parâmetros considerados foram o comprimento total médio, o comprimento médio de um cromossomo e o comprimento maior médio do maior e do menor pares do complemento. Além dos valores médios de comprimento, aquele autor fez uma pequena análise estatística para verificar o grau de variação nos resultados. Assim, apresentou o desvio-padrão e o coeficiente de variação para cada um dos parâmetros considerados em cada espécie. No geral, os coeficiente de variação podem ser considerados baixos (abaixo de 10%), com uma pequena quantidade de valores entre 10 e 15%.

Diante da variação dos resultados obtidos em algumas variedades de ervilha, em um grande número de células analisadas, DATTA (1975) também sugeriu o cálculo de valores médios em cada tipo cromossômico para obter-se um ideograma mais correto para a espécie.

O cálculo de cariótipos médios para caracterizar um táxon vem sendo utilizado por diversos autores, porém, apesar de ser disponível na literatura um grande número de informações sobre cariótipos de plantas e de animais, na grande maioria dos casos os resultados não são analisados de forma comparativa, o que poderia trazer contribuições sobre as relações filogenéticas do grupo de espécies em estudo.

Inicialmente, a comparação de cariótipos para tentar caracterizar um determinado táxon, ou para confirmar ou alterar proposições taxonômicas pré-existentes, era feita apenas através da análise visual dos dados, não se recorrendo à utilização de testes estatísticos para tentar discriminar os resultados em bases mais seguras.

A simples análise comparativa de cariótipos foi particularmente útil como subsídio a estudos taxonômicos e evolutivos em grupos onde se pôde observar nítida diferenciação dos resultados. Como exemplo, pode-se mencionar a família Agavaceae, da ordem Liliales, onde suas duas tribos puderam ser perfeitamente caracterizadas em termos de cariótipos. A tribo Aloinae, que reúne como gêneros principais *Aloe*, *Gasteria* e *Haworthia*, tem distribuição africana e as plantas são suculentas, tendo como cariótipo básico sete pares cromossômicos, dos quais três são longos e acrocêntricos e quatro são menores. Por outro lado, a tribo Agaveae, que tem como gêneros representativos *Yucca*, *Agave* e *Furcraea* e distribuição no deserto do México e no sudeste dos Estados Unidos, sendo, na sua maioria, plantas rosetadas com folhas providas de espinhos, apresenta um cariótipo básico com trinta pares de cromossomos, dos quais cinco são de tamanho médio a grande e fortemente acrocêntricos, enquanto os outros 25 pares são bastante pequenos (STEBBINS, 1971).

Por outro lado, em casos onde não havia a distinção nítida de cariótipos entre os grupos estudados, duas situações podem ter ocorrido. Na primeira, os cariótipos podem ter sido

extremamente semelhantes a ponto de não poderem ser utilizados como subsídios para a corroboração de determinadas proposições taxonômicas, mesmo que estas estivessem baseadas numa série de características morfológicas. Como exemplo, pode-se citar o estudo de SCHIFINO-SAMPAIO (1979) em 19 espécies do complexo *Briza* (Gramineae), envolvendo a comparação de cariótipos e de DNA nuclear.

Na segunda, apesar de os cromossomos serem também extremamente semelhantes e, à primeira vista, não parecerem ser úteis como parâmetros para estudos taxonômicos e evolutivos, após análise estatística adequada, pode ser possível sugerir relações de similaridade entre espécies. Em *Stylosanthes* (Leguminosae), diversas espécies e variedades diplóides ($2n = 20$) apresentam cariótipos bastante semelhantes, apesar de pequenas diferenças caracterizarem cada táxon estudado, envolvendo principalmente os cromossomos 1, 2, 3, 4 e 10. Apesar da padronização cariotípica, a aplicação de testes estatísticos multivariados permitiu a discriminação de todos os táxons estudados, evidenciando a potencialidade de estudos citológicos para a biosistemática do gênero (VIEIRA, 1988).

Em etapa preliminar do presente trabalho em que foram abordadas 10 espécies dos gêneros *Phaseolus*, *Vigna* e *Macroptilium*, apesar de os cariótipos serem extremamente semelhantes na forma e no tamanho dos cromossomos, a aplicação de uma série de testes estatísticos também sugeriu a utilidade de tal estudo para a delimitação taxonômica do grupo. Utilizando principalmente índices centroméricos como parâmetro, obteve-se maior grau de similaridade entre espécies de um mesmo gênero do que entre gêneros diferentes (FORNI-MARTINS & CRUZ, 1985). Assim, apesar de o número de espécies analisadas ser pequeno em relação à amplitude do grupo, obtiveram-se bons indícios de que a comparação de cariótipos poderia confirmar as inúmeras alterações processadas naquele grupo de plantas, com base em dados

morfológicos, bioquímicos e palinológicos (VERDCOURT, 1970; MARÉCHAL et al., 1978).

Relações de proximidade ou de distanciamento entre espécies, através da análise comparativa de cariótipos, vêm sendo obtidas através de diferentes métodos, que culminam, na maioria das vezes, com a elaboração de gráficos, que permitem o reconhecimento visual de tais relacionamentos. Tais métodos comparativos vêm sendo cada vez mais utilizados e, progressivamente, novos métodos vêm sendo testados para verificar a relação de proximidade entre espécies ou grupos estudados.

Dentre os métodos para estimar o grau de similaridade cariotípica entre duas espécies, está o de RICHARDS (1972), que criou o índice de similaridade cariotípica (KSI). Tal índice é obtido através da somatória de números de cromossomos com forma e tamanho semelhantes entre duas espécies. Os resultados referentes a um grupo de espécies podem ser representados graficamente através do quadrado de Kulczinski, onde os níveis de proximidade entre as mesmas podem ser facilmente reconhecidos.

Outro método para indicar o relacionamento entre espécies através da comparação de cariótipos foi apresentado por SPOTORNO et al. (1979), que possibilita a construção de carioideograma. O carioideograma é um gráfico bivariado que distribui os comprimentos dos braços curto e longo de cada cromossomo. Assim, cada cromossomo do complemento aparece como um único ponto, cuja posição revela suas características, tanto de comprimento como de posição centromérica. Naquele tipo de gráfico pode-se verificar a possível similaridade de cada um dos pares de homólogos de uma dada espécie, ou, então, comparar cromossomos de espécies diferentes.

Outro gráfico que permite a investigação de níveis de similaridade cariotípica entre diferentes espécies é o cariógrafo, criado por IMAI & CROZIER (1980). Também é um gráfico bivariado, que utiliza como parâmetros o número $2n$ e o NF

(número fundamental de braços) de cada uma das espécies estudadas. MATTHEY (1945) formulou a generalização de que o NF de um grupo de espécies relacionadas tende a ser constante, já que aquele índice indica a posição dos centrômeros. Alterações estruturais dos cromossomos podem levar a alterações significativas na posição dos centrômeros de alguns pares cromossômicos e, assim, modificar o NF de uma espécie.

5 - MATERIAL E MÉTODOS

5.1. OBTENÇÃO E ARMAZENAMENTO DE SEMENTES

Foram feitos contatos com várias instituições e realizadas algumas coletas de campo objetivando a obtenção de sementes de diferentes espécies de *Phaseolus*, *Vigna* e *Macroptilium*, selvagens ou cultivadas. Na TABELA 1, são apresentadas as espécies utilizadas para este estudo citológico. Assim, a utilização daquelas espécies para a elaboração de cariótipos reflete, principalmente, a disponibilidade de sementes para executar o presente trabalho, e não, necessariamente, a representatividade de cada uma delas em seus respectivos gênero, subgênero ou seção.

As sementes obtidas foram numeradas em introduções individuais, colocadas em frascos com cloreto de cálcio, para manter reduzida a umidade e armazenadas em geladeira, para conservar seu poder germinativo. Parte das sementes foi posteriormente utilizada para a formação de uma coleção viva de espécies e o restante foi colocado para germinar, para utilização no estudo citológico.

5.2. TRATAMENTO TAXONÔMICO

Todos os materiais estudados citologicamente passaram por uma análise taxonômica objetivando confirmar sua identificação específica. Assim, seguindo técnicas usuais, foram herborizados ramos florais e vegetativos de tais plantas, ora coletadas diretamente no campo em estado selvagem, ora cultivadas em uma pequena coleção viva de espécies, mantida inicialmente na

TABELA 1- Relação de espécies de *Phaseolus*(P), *Vigna*(V) e de *Macroptilium*(M) utilizadas no estudo citológico. IZ- Instituto de Zootecnia, Nova Odessa-SP; IAC- Instituto Agronômico, Campinas-SP; Bélgica, Facultés des Sciences Agronomiques de l'État, Gembloux, Belgique. Categorias infragenéricas segundo MARÉCHAL et al. (1978) e FEVEREIRO (1979).

ESPÉCIE	OBTENÇÃO	PROCEDÊNCIA	CATEGORIAS INFRAGENÉRICAS	
			SUBGÊNERO	SEÇÃO
<i>M. atropurpureum</i>	coleta (II/80)	UNICAMP, Campinas-SP	-	-
<i>M. bracteatum</i>	IZ	desconhecida	-	<i>Macroptilium</i>
<i>M. erythroloma</i>	IZ	desconhecida	-	<i>Macroptilium</i>
<i>M. lathyroides</i>	IZ	desconhecida	-	<i>Macroptilium</i>
<i>M. sabaraense</i>	Bélgica	desconhecida	-	<i>Microcochle</i>
<i>P. acutifolius</i>	CIAT	desconhecida	-	<i>Phaseolus</i>
<i>P. anisotrichus</i>	Bélgica	desconhecida	-	<i>Phaseolus</i>
<i>P. coccineus</i>	CIAT	desconhecida	-	<i>Phaseolus</i>
<i>P. filiformis</i>	Bélgica	desconhecida	-	<i>Phaseolus</i>
<i>P. lunatus</i>	IAC	desconhecida	-	<i>Phaseolus</i>
<i>P. vulgaris</i>	comercial	desconhecida	-	<i>Phaseolus</i>
<i>V. adenantha</i>	Bélgica	desconhecida	<i>Sigmoidotropis</i>	<i>Leptospron</i>
<i>V. candida</i>	coleta(II/84)	Pocos de Caldas-MG	<i>Sigmoidotropis</i>	<i>Sigmoidotropis</i>
<i>V. luteola</i>	coleta(IV/84)	Ilha do Cardoso-SP	<i>Vigna</i>	<i>Vigna</i>
<i>V. peduncularis</i>	IZ	desconhecida	<i>Sigmoidotropis</i>	<i>Pedunculares</i>
<i>V. peduncularis</i>	coleta (XI/80)	UNICAMP, Campinas-SP	<i>Sigmoidotropis</i>	<i>Pedunculares</i>
<i>V. radiata</i>	comercial	desconhecida	<i>Ceratotropis</i>	-
<i>V. umbellata</i>	IAC	desconhecida	<i>Ceratotropis</i>	-
<i>V. unguiculata</i>	IAC	desconhecida	<i>Vigna</i>	<i>Catiang</i>

Seção de Citologia do Instituto Agrônomo de Campinas e, numa etapa posterior, no Departamento de Botânica da UNICAMP.

As identificações foram feitas por comparação com materiais do Herbário do Departamento de Botânica da UNICAMP (Herbário UEC) e através de bibliografia disponível para os gêneros, como BENTHAM (1859), HASSLER (1923), PIPER (1926), URBAN (1928), VERDCOURT (1970), MARÉCHAL et al. (1978). Para a identificação das espécies brasileiras de *Macroptilium* utilizou-se, preferencialmente, a chave elaborada por FEVEREIRO (1979). Uma das introduções de *V. peduncularis* aqui estudada foi identificada pelo Dr. Robert Maréchal, professor da Faculté des Sciences Agronomiques de l'état, de Gembloux, na Bélgica.

Os materiais herborizados, introduzidos no Herbário UEC e submetidos a estudo taxonômico são apresentados a seguir, juntamente com as respectivas sinonímias botânicas citadas por MARÉCHAL et al., (1978). Para *M. sabaraense* são citadas as sinonímias apresentadas por FEVEREIRO (1979), que fez combinação nova para a espécie após o trabalho de MARÉCHAL et al. (1978).

***Macroptilium atropurpureum* (DC.) Urban(1)**

Phaseolus atropurpureus DC.
P. vestitus Hooker
P. schiedeanus Schlecht
P. canescens Mart. & Galeotti
P. dysophyllus Benth
P. affinis Piper

- SP, Campinas, Cidade Universitária, F.R. Martins, nº 11146, 28/II/80 (UEC).

(1) Não consta na chave de identificação específica de FEVEREIRO (1979).

Macroptilium bracteatum (Nees & Mart.) Maréchal &**Baudet****Phaseolus bracteatus** Nees & Mart.**P. decipiens** Salzm.

- SP, Campinas, Instituto Agronômico (em cultivo), E.R.F. Martins, nº 11149, 06/III/80 (UEC).

Macroptilium erythroloma (Bentham) Urban**Phaseolus erythroloma** Mart. ex Bentham

- SP, Campinas, Instituto Agronômico (em cultivo), E.R.F. Martins, nº 11151, 06/III/80 (UEC).

Macroptilium lathyroides (L.) Urban**Phaseolus lathyroides** L.**P. hastaefolius** Mart. ex Bentham**P. maritimus** Salzm. ex Bentham**P. psoraleoides** Wright & Arn.**P. semierectus** L. var. *angustifolia* Bentham**P. semierectus** L.**P. crotalarioides** Mart. ex Bentham

- SP, Campinas, Instituto Agronômico (em cultivo), E.R.F. Martins, nº 11153, 20/I/80 (UEC).

Macroptilium sabaraense (Hoehne) V.P. Barbosa**Fevereiro****Phaseolus sabaraensis** Hoehne**P. prostratus** Bentham var. *longepedunculatus* Micheli**P. prostratus** auct. non Bentham, Glaziou**P. acariaeanthus** Harms**P. brachycalyx** Hassler**P. sabaraensis** Hoehne (orth. mut.) Leitão**P. acariaeanthus** (orth. mut.) Leitão**M. brachycalyx** (Hassler) Maréchal & Baudet

- SP, Campinas, UNICAMP (em cultivo), E.R.F. Martins, nº 19880, 26/I/88 (UEC).

Phaseolus acutifolius A. Gray

Phaseolus tenuifolius Woot. & Standley

P. acutifolius var. tenuifolius (Woot. & Standley) A. Gray

P. acutifolius var. latifolius Freeman

- SP, Campinas, Barão Geraldo (em cultivo), E.R.F. Martins, nº 19876, 16/I/88 (UEC).

Phaseolus anisotrichus Schlecht.

Phaseolus leptostachyus Benth

P. leptostachyus Benth

P. fulvus Brandeg.

- SP, Campinas, UNICAMP (em cultivo), E.R.F. Martins, nº 19874, 04/I/88 (UEC).

Phaseolus coccineus L.

Phaseolus multiflorus Lam.

P. obvallatus Schlecht.

P. formosus H.B.K.

P. sylvestris H.B.K.

P. polyanthus Greenman

- SP, Campinas, Instituto Agronômico (em cultivo), E.R.F. Martins nº 14.360, 17/XI/82 (UEC).

Phaseolus filiformis Benth

- SP, Campinas, UNICAMP (em cultivo), E.R.F. Martins, nº 19875, 12/I/88 (UEC).

Phaseolus lunatus L.

Phaseolus inamoensis L.

P. bipunctatus Jacq.

P. puberulus H.B.K.

P. xuaresii Zucc.

P. limensis McFadyen

P. saccharatus McFadyen

- SP, Campinas, Instituto Agronômico (em cultivo), E.R.F. Martins, nº 14359, 20/XI/82 (UEC)

Phaseolus vulgaris L.

Phaseolus esculentus Salisb.

P. communis L.

P. aborigineus Burk.

P. vulgaris L. subsp. aborigineus Burk. ex Burk.

- SP, Campinas, Instituto Agronômico (em cultivo), E.R.F. Martins, nº 14358, 20/XI/82 (UEC).

Vigna adenantha (G.F. Meyer) Maréchal, Mascherpa &

Stainier

Phaseolus adenanthus G.F. Meyer

P. truxillensis H.B.K.

P. cirrhosus H.B.K.

P. amoenus McFadyen

P. senegalensis Guill. & Perr.

P. cumingii Benth

P. subtortus Benth

P. brevipes Benth

P. caeduorum Benth

P. latifolius Benth

P. radicans Benth

P. barbulatus Benth

P. macfadyenii Steudel

P. surinamensis Miq.

P. occidentalis Rose

P. cuernavacanus Rose

- SP, Campinas, UNICAMP (em cultivo), E.R.F. Martins, nº 20686 31/III/88 (UEC).

Vigna candida (Vellozo) Maréchal, Mascherpa & Stainier

P. candidus Vellozo

P. appendiculatus Benth

P. membranaceus Benth

P. obliquifolius Benth

P. amplus Benth

- MG, Poços de Caldas, Retiro Branco, F.R. Martins & D.M.S. Rocha, nº 48186, 10/II/84 (UEC). Flora de Poços de Caldas (PC 2200).

***Vigna luteola* (Jacq.) Benth**

Dolichos repens L.
D. luteolus Jacq.
D. niloticus Delile
D. gangeticus Roxb.
V. glabra Savi
V. helicopus (E.Mey.) Walp.
V. brachystachyus Benth
V. nilotica (Delile) Hooker
V. repens (L.) Kuntze
V. bukobensis Harms
V. nigerica A. Cheval
Phaseolus luteolus (Jacq.) Gagnepain
Scytalis helicopus E. Mey.

- SP, Campinas, Instituto Agronômico (em cultivo), E.R.F. Martins, nº 19879, 26/I/88 (UEC).

***Vigna peduncularis* (H.B.K.) Fawcett & Rendle**

Phaseolus peduncularis H.B.K.
P. spixianus Benth
P. pascuorum Benth
P. clitorioides Benth
P. modestus Benth
P. pius Benth
P. oblongifolius Micheli
P. clitorioides var. *clitorioides* (Benth) Hassler
P. peduncularis var. *pusillus* Hassler

- SP, Campinas, Instituto Agronômico (em cultivo), E.R.F. Martins nº 14359, 20/XI/82.
- SP, Campinas, Cidade Universitária, F.R. Martins, nº 11161, 15/XI/80 (UEC).

***Vigna radiata* (L.) Wilczek**

V. opisotricha A. Richard
V. perrieriana R. Viguier
Azuki *aurea* (Roxb.) Mackawa
Phaseolus radiatus L.
P. hirtus Retz.
P. abyssinicus Savi
P. aureus Roxb.
P. sublobatus Roxb.
P. trinervis Wight & Arn.

- SP, Campinas, Instituto Agronômico (em cultivo), E.R.F. Martins, nº 11159, 03/II/80 (UEC).

Vigna umbellata (Thunb.) Ohwi & Ohashi

- V. calcarata* (Roxb.) Kurz.
- Azuki umbellata* (Thunb.) Ohwi
- Dolichos umbellatus* Thunb.
- Phaseolus pubescens* Blume
- P. calcaratus* Roxb.
- P. torosus* Roxb.
- P. riccardianus* Tenore

- SP, Campinas, Barão Geraldo (em cultivo), E.R.F. Martins,
nº 16/I/88 (UEC).

Vigna unguiculata (L.) Walpers

- Cv. gr. UNGUICULATA E. Westphal
- V. sinensis* (L.) Savi ex Hassk
- Dolichos unguiculatus* L.
- D. melanophthalmus* DC.
- Phaseolus sphaerospermus* L.
- P. unguiculatus* (L.) Piper
- Cv. gr. BIFLORA E. Westphal
- V. unguiculata* var. *cylindrica* (L.) Ohashi
- V. unguiculata* subsp. *cylindrica* (L.) Verdcourt
- D. biflorus* L.
- D. catjang* Burman
- P. cylindricus* L.
- Cv. gr. SESQUIPEDALIS E. Westphal
- D. sesquipedalis* L.
- V. sesquipedalis* (L.) Fruhw.
- V. unguiculata* subsp. *sesquipedalis* (L.) Verdcourt
- V. unguiculata* var. *sesquipedalis* (L.) Ohashi
- V. unguiculata* subsp. *dekindtiana* (Harms) Verdcourt
- V. unguiculata* subsp. *dekindtiana* var. *dekindtiana* (Harms)

Verdcourt

- V. coerulea* Baker
- V. huillensis* Baker
- V. dekindtiana* Harms
- V. scabra* (De Wild.) Thell. & Durand
- V. baoulensis* A. Cheval.
- V. alba* (G. Don) Baker
- V. unguiculata* subsp. *dekindtiana* var. *mensensis* (Scheweinf.)

Maréchal, Mascherpa & Stainier

- V. mensensis* Schweinf.
- V. unguiculata* subsp. *mensensis* (Scheweinf) Verdcourt
- V. unguiculata* subsp. *dekindtiana* var. *pubescens* (R. Wilczek)

Maréchal, Mascherpa & Stainier

- V. pubescens* R. Wilczek
- V. unguiculata* subsp. *dekindtiana* var. *protacta* (E. Mey.)

Verdcourt

- V. hispida* (E. Mey.) Walpers
- V. rhomboidea* Burt & Davy
- V. unguiculata* subsp. *tenuis* (E. Mey.) Maréchal, Mascherpa

& Stainier

- V. tenuis* (E. Mey.) Dietr.

V. unguiculata subsp. *stenophylla* (Harvey) Haréchal, Mascherpa & Stainier

V. triloba Walpers var. *stenophylla* Harvey

V. stenophylla (Harvey) Burt Davy

V. angustifoliolata Verdcourt

Clitoria alba G. Don

D. reticulatus Schltr.

S. protacta E. Mey.

S. hispida E. Mey

S. tenuis E. Mey. var. *ovata* E. Mey & var. *oblonga* E. Mey.

SP, Campinas, Instituto Agrônômico (em cultivo), E.R.F. Martins, nº 14361, 15/XI/82.

5.3 ESTUDO CITOLÓGICO

Os 18 táxons estudados citologicamente, com elaboração de cariótipos, são apresentados na TABELA 1. Ressalte-se que para *V. peduncularis* duas introduções foram utilizadas, sendo que em uma delas foi feita apenas a contagem do número cromossômico.

Sementes escarificadas das várias espécies de *Phaseolus*, de *Macroptilium* e de *Vigna* foram postas a germinar em placas de Petri de 9 cm de diâmetro com dois papéis de filtro levemente umedecidos, em aproximadamente 2 ml de água, em estufa, a uma temperatura aproximadamente constante de 25º C. Foi feita a escarificação para facilitar a absorção de água e reduzir o período de tempo necessário para a germinação das sementes.

As radículas emergidas foram coletadas antes de atingirem 1 cm de comprimento e, a seguir, preparadas segundo a técnica de Sharma ligeiramente modificada (MEDINA & CONAGIN, 1964), ou seja:

I) pré-tratamento com paradiclorobenzeno (PDB) por 2 a 5 h, entre 16 e 18º C;

II) fixação em álcool etílico e ácido acético glacial (3:1);

III) hidrólise em orceína acética em 2% e HCl N (9:1), por 30 min., a 40°C;

IV) hidrólise em orceína acética a 1%, por 30 min.;

V) montagem, por esmagamento da ponta da raiz, entre lâmina e lamínula, em orceína acética a 1%.

As preparações citológicas foram observadas em microscópio fotônico e, através de câmara clara, foram feitos desenhos dos cromossomos. Foram tiradas fotografias em fotomicroscópio.

Os cromossomos foram medidos, preferencialmente, através dos desenhos em câmara clara, embora esse método seja mais trabalhoso e demorado do que o da análise direta das fotografias. Tal escolha deveu-se à dificuldade de encontrar células com cromossomos bem espalhados e, principalmente, que estivessem no mesmo plano.

Os comprimentos dos cromossomos e de seus respectivos braços foram obtidos pela medição dos mesmos, no desenho, em milímetros, com o auxílio de régua milimetrada, sendo, depois, feita a conversão para micrômetros, através de uma escala equivalente ao aumento obtido no microscópio.

O cariótipo definitivo de cada espécie baseou-se em resultados de, pelo menos, dez células de cada espécie, com exceção de *P. vulgaris*, *V. adenantha* e *V. luteola*, onde um número menor de células foi analisado. Isso refletiu a dificuldade em encontrarem-se cromossomos metafásicos em condições ideais de espalhamento e de contração.

Para cada espécie, após medido o comprimento de cada cromossomo e de cada um de seus braços, foi calculado o seu índice centromérico (i), parâmetro que mostra a razão do comprimento do braço curto (c) pelo comprimento total do cromossomo (t), ou seja, de acordo com LEVAN et al. (1964): $i = 100c/t$. Para o cálculo de i em cromossomos com satélite, o comprimento daquela estrutura era adicionado ao braço em que

ocorria, quer no braço curto, quer no braço longo.

Em cada célula, os homólogos são reconhecidos com base no comprimento total do cromossomo (t) e no seu respectivo índice centromérico (i). O cariótipo definitivo de cada espécie foi estabelecido a partir de valores médios daqueles parâmetros (t e i), para cada par de homólogos nas diversas células analisadas.

Inicialmente, em cada célula estudada, os pares cromossômicos foram arranjados em ordem decrescente de tamanho. Porém, em determinadas ocasiões, foi feita a inversão da posição de determinados pares cromossômicos, levando-se em consideração um dos diversos fatores responsáveis por variações na elaboração de cariótipos, que é a contração cromatínica diferencial (CONAGIN, 1950; BAJER, 1959; SASAKI, 1961; MATÉRN & SIMAK, 1968).

Foram considerados pares cromossômicos com satélite aqueles em que foi observada a ocorrência daquelas estruturas em, pelo menos, metade dos pares cromossômicos correspondentes analisados em cada espécie.

Foi calculado o comprimento relativo (CR) de cada um dos pares cromossômicos em todas as espécies estudadas, utilizando-se a fórmula:

$$CR = \frac{200 \times \text{comprimento do par cromossômico}}{CTC}$$

CTC

Para cada espécie estudada foram calculados o comprimento total de cromatina (CTC) e o índice TF% (HUZIWARA, 1962). O CTC é a somatória de comprimento de todos os cromossomos do complemento. O índice TF% exprime a relação entre o comprimento total dos braços curtos e o CTC.

5.4. ANÁLISE ESTATÍSTICA

Foram calculados, segundo o procedimento estatístico usual (SPIEGEL, 1976; GOMES, 1978), a média, o desvio-padrão (DP) e o coeficiente de variação (CV%) para cada par cromossômico de cada uma das 18 espécies analisadas, tanto para comprimento como para índice centromérico, objetivando avaliar o grau de variabilidade nos resultados obtidos.

Foram realizados outros testes estatísticos com o objetivo de verificar relações de proximidade entre as espécies e os gêneros estudados. Para aqueles testes foram utilizados apenas os oito maiores pares cromossômicos de cada uma das espécies, não sendo os demais pares utilizados em virtude de não se dispor de dados complementares em todas as células analisadas. Além disso, as espécies *V. luteola* e *V. adenantha* não foram incluídas naqueles testes porque os dados obtidos para elas representam apenas a metade da amostragem conseguida para as demais.

Os cálculos foram efetuados em microcomputador 7000 PCxt, utilizando-se o programa FITOPAC 1, desenvolvido pelo Prof. Dr. George J. Shepherd, do Departamento de Botânica da UNICAMP.

Ainda com o objetivo de testar a existência de diferenças cromossômicas capazes de caracterizar grupos de gêneros ou espécies dentre aquelas aqui estudadas, foram feitas a análise de discriminantes lineares e a de componentes principais (SOKAL & ROHLF, 1978). Tais testes englobaram conjuntamente valores de comprimento cromossômico e de índice centromérico para cada uma das espécies estudadas. Envolve a análise de multivariáveis através de combinações lineares de variáveis originais. Tanto na análise de discriminantes lineares como na de componentes principais, foi possível elaborar gráficos mostrando a distribuição espacial das espécies e dos gêneros.

Foram construídos quatro dendrogramas (clusters) utilizando dois tipos de coeficiente: o de correlação e o de distância euclidiana quadrada. Com o coeficiente de correlação foram utilizados os métodos de média não ponderada e de ligação completa. Com o coeficiente de distância euclidiana quadrada utilizaram-se o método de média não ponderada e o método de Ward. Na construção de todos os quatro tipos de dendrogramas foram associados valores de comprimento cromossômico e de índice centromérico para cada uma das células de cada uma das espécies estudadas.

Também foi calculado o índice de similaridade cariotípica entre as espécies aqui estudadas através do método de RICHARDS (1972). O índice de similaridade de Richards (KSI) é obtido através da comparação e somatória de semelhanças entre cromossomos de duas espécies. Assim, as espécies aqui estudadas foram analisadas aos pares, assinalando para determinados intervalos de comprimento cromossômico o número de coincidências em termos de índice centromérico. O número de semelhanças cromossômicas entre as espécies aqui estudadas foi representado graficamente através do quadrado de Kulczinski. Diferentemente das demais análises estatísticas mencionadas anteriormente, a obtenção dos KSI envolveu 18 espécies (incluíram-se *V. adenantha* e *V. luteola*, mesmo com menor número de células amostradas), incluindo todos os pares cromossômicos de cada uma delas.

6 - RESULTADOS

O número cromossômico obtido para a maioria das espécies aqui estudadas foi igual a $2n = 22$. Tal resultado foi obtido nas espécies *M. atropurpureum*, *M. bracteatum*, *M. erythroloma*, *M. lathyroides*, *M. sabaraense*, *P. acutifolius*, *P. coccineus*, *P. filiformis*, *P. lunatus*, *P. vulgaris*, *V. adenantha*, *V. candida*, *V. peduncularis*, *V. radiata*, *V. umbellata*, e *V. unguiculata*. Número cromossômico distinto foi observado em *P. anisotrichus*, com $2n = 20$. Resultado mais discrepante foi obtido em uma das introduções de *V. peduncularis* estudada, com $2n = 18$.

Em relação ao tamanho e forma dos cromossomos, observou-se relativa uniformidade entre as espécies e os gêneros aqui estudados. Em termos gerais, pode-se dizer que os cromossomos variaram de cerca de 1 a $3 \mu\text{m}$ de comprimento. Quanto à forma, a grande maioria dos cromossomos apresentou-se metacêntrica, havendo uma pequena porcentagem de submetacêntricos. Foram observados alguns pares cromossômicos com satélites em algumas espécies, atingindo o valor máximo de três em *P. coccineus*.

Os ideogramas das 18 espécies aqui estudadas são apresentados na FIGURA 1. Cada cromossomo do genoma está indicado por uma letra, em ordem decrescente de comprimento. Na FIGURA 2 são apresentadas células de algumas espécies em metáfase mitótica. A elaboração de cariótipos tornou-se trabalhosa em razão do pequeno tamanho cromossômico e da dificuldade em evidenciar com nitidez as regiões centroméricas de todos os cromossomos do complemento, assim como as constrições secundárias.

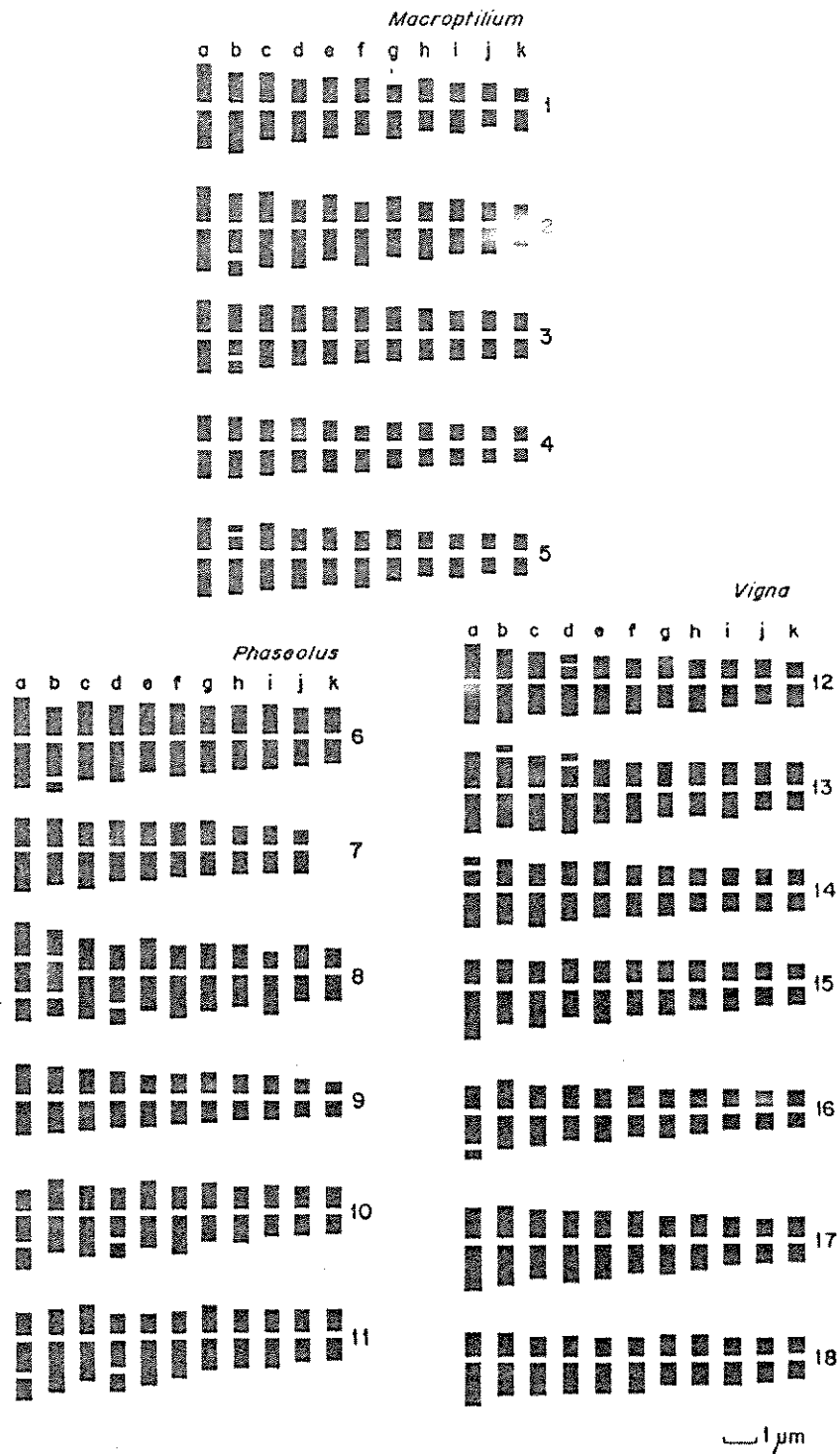


FIGURA 1- Ideogramas de espécies de *Phaseolus*, *Vigna* e *Macroptilium*: 1- *M. atropurpureum*; 2- *M. bracteatum*; 3- *M. erythroloma*; 4- *M. lathyroides*; 5- *M. sabaraense*; 6- *P. acutifolius*; 7- *P. anisotrichus*; 8- *P. coccineus*; 9- *P. filiformis*; 10- *P. lunatus*; 11- *P. vulgaris*; 12- *V. adenantha*; 13- *V. candida*; 14- *V. luteola*; 15- *V. peduncularis*; 16- *V. radiata*; 17- *V. umbellata*; 18- *V. unguiculata*.

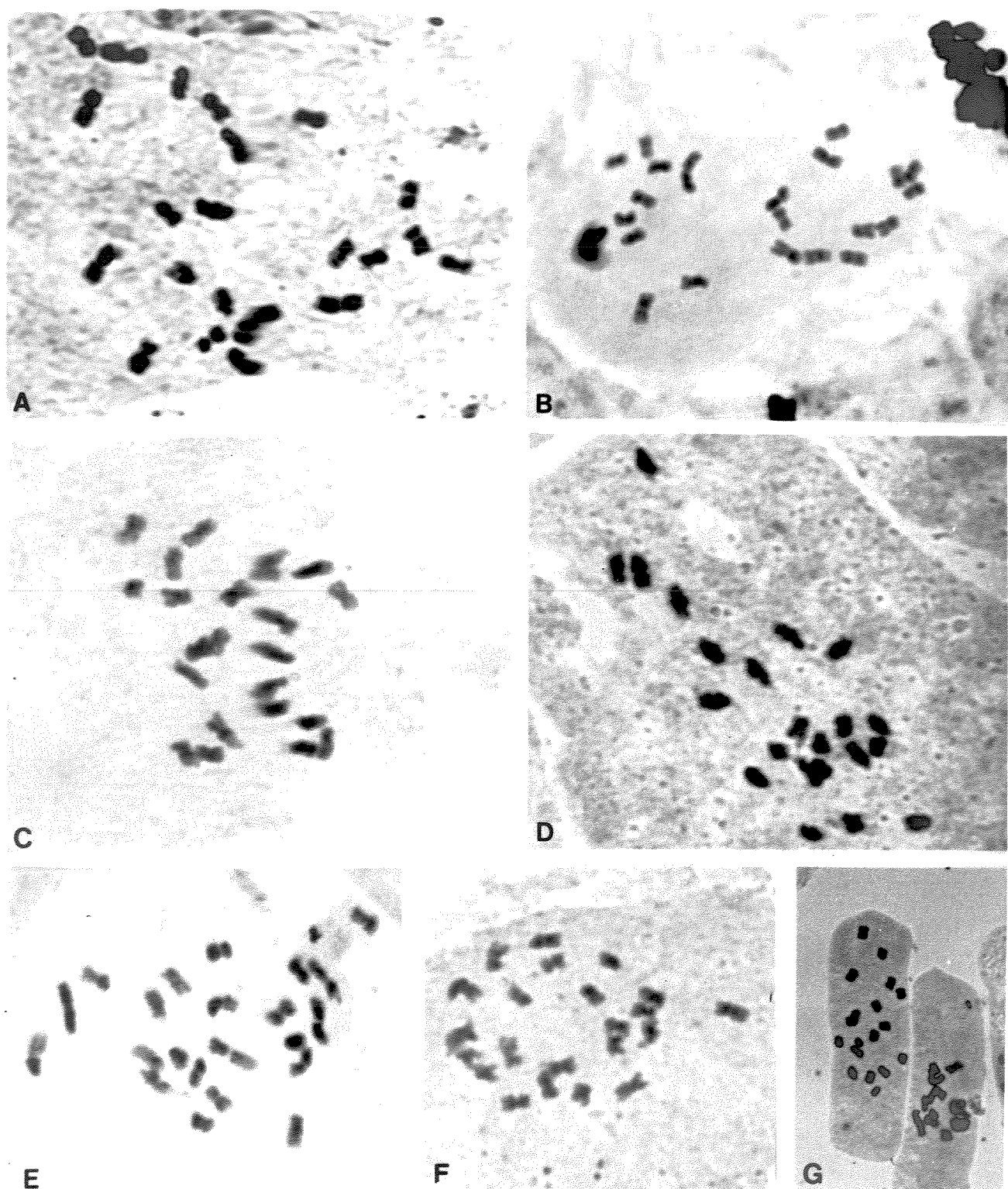


FIGURA 2- Cromossomos mitóticos metafásicos de:

- a- *Macroptilium bracteatum*, com $2n=22$ cromossomos ($\times 2.430$);
- b- *M. erythroloma*, com $2n=22$ cromossomos ($\times 2.430$);
- c- *Phaseolus lunatus*, com $2n=22$ cromossomos ($\times 1.810$);
- d- *P. vulgaris*, com $2n=22$ cromossomos ($\times 2.510$);
- e- *Vigna candida*, com $2n=22$ cromossomos ($\times 2.480$);
- f- *V. peduncularis*, com $2n=22$ cromossomos ($\times 2.720$);
- g- *V. peduncularis*, com $2n=18$ cromossomos ($\times 1.008$);

Nas TABELAS 2 a 19 são apresentados os comprimentos médios, em μm , dos cromossomos de cada espécie, além de seus respectivos índices e posições centroméricas. São também apresentados o desvio padrão (DP) e o coeficiente de variação (CV%) para cada valor médio de comprimento ($\bar{X}$) e de índice centromérico ($\bar{Y}$) de cada um dos pares cromossômicos.

Em termos individuais, o cromossomo mais longo foi observado em *P. coccineus*, com 3,10 μm (TABELA 9), enquanto que no extremo oposto, o cromossomo menor foi encontrado em *P. filiformis*, medindo 1,06 μm de comprimento (TABELA 10). O índice centromérico variou desde 50,0, em poucos pares cromossômicos de algumas espécies, como em *M. erythroloma* (TABELA 4), *M. lathyroides* (TABELA 5), *P. lunatus* (TABELA 11), *V. adenantha* (TABELA 13) e *V. luteola* (TABELA 15), até valores menores, que puderam caracterizar cromossomos submetacêntricos. Tais cromossomos submetacêntricos são encontrados em várias espécies, como *M. atropurpureum* (TABELA 2), *M. bracteatum* (TABELA 3), *P. anisotrichus* (TABELA 8), *P. coccineus* (TABELA 9), *P. lunatus* (TABELA 11), *P. vulgaris* (TABELA 12) e *V. peduncularis* (TABELA 16), porém em quantidades diferentes, variando desde um par nas três primeiras espécies, até cinco pares em *P. coccineus* (TABELA 9) e em *P. vulgaris* (TABELA 12). Os menores índices centroméricos foram observados em *P. vulgaris*, onde se acharam os valores 30,7, 31,7 e 31,9 (TABELA 12).

Considerando o gênero *Macroptilium* (TABELAS 2 a 6), verificou-se que a espécie com o cromossomo mais longo foi *M. bracteatum*, com 2,85 μm (TABELA 3), enquanto o mais curto mediu 1,07 μm , em *M. lathyroides* (TABELA 4). Em relação à forma, os cromossomos de todas as espécies foram metacêntricos, à exceção de um em *M. atropurpureum* (TABELA 2) e de um em *M. bracteatum* (TABELA 3), ambos submetacêntricos. Nas espécies *M. bracteatum*, *M. erythroloma* e *M. sabaraense* observou-se a presença de satélite, sempre no segundo maior par cromossômico (TABELAS 3, 4

e 6).

No gênero *Phaseolus* (TABELAS 7 a 12), o cromossomo mais longo foi encontrado em *P. coccineus*, com 3,10 μ m (TABELA 9), enquanto que o menor ocorreu em *P. filiformis*, com 1,06 μ m de comprimento (TABELA 10). Algumas espécies tiveram cromossomos exclusivamente metacêntricos, como *P. acutifolius* (TABELA 7), *P. anisotrichus* (TABELA 8) e *P. filiformis* (TABELA 10), enquanto em outras observaram-se também alguns cromossomos submetacêntricos, como *P. coccineus* (TABELA 9), *P. lunatus* (TABELA 11) e *P. vulgaris* (TABELA 12). Satélites foram observados nas espécies *P. acutifolius*, *P. coccineus*, *P. lunatus* e *P. vulgaris*, porém em número diferente. Em *P. acutifolius* (TABELA 7) o satélite apareceu apenas no segundo maior par cromossômico. Em *P. coccineus* (TABELA 9) houve satélites no primeiro, segundo e quarto maiores pares cromossômicos. Tanto em *P. lunatus* (TABELA 11) como em *P. vulgaris* (TABELA 12), satélites foram observados no primeiro e no quarto maiores pares cromossômicos.

Em *Vigna* (TABELAS 13 a 19), o maior cromossomo foi observado em *V. umbellata*, com 2,78 μ m (TABELA 18), enquanto o menor foi encontrado em *V. radiata*, com 1,26 μ m (TABELA 17). A maioria das espécies teve cromossomos exclusivamente metacêntricos, à exceção de *V. peduncularis* (TABELA 16), que apresentou dois cromossomos submetacêntricos. Satélites foram observados em algumas espécies, como em *V. adenantha* (TABELA 13), *V. candida* (TABELA 14), *V. luteola* (TABELA 15), *V. radiata* (TABELA 17) e *V. umbellata* (TABELA 18). Em tais espécies houve um único par cromossômico com satélite, à exceção de *V. candida*, que apresentou tais estruturas no segundo e no quarto maiores pares cromossômicos (TABELA 14). Nas demais espécies, a localização do satélite foi a seguinte: em *V. adenantha* ocorreu no quarto maior par cromossômico (TABELA 13), em *V. umbellata* apareceu no quinto par (TABELA 18), enquanto em *V. luteola* e em *V. radiata* apareceu no maior par cromossômico (TABELAS 15 e 17).

Para cada espécie (TABELAS 2 a 19) também são apresentados o comprimento relativo (CR) de cada par cromossômico em relação aos demais pares do genoma. Em cada espécie, a análise do CR não permitiu o reconhecimento de grupos de cromossomos distintos, porque a variação de tamanho entre cada um deles ocorreu de forma gradual e contínua. Essa uniformidade de tamanho cromossômico pode também ser visualizada nos ideogramas das diversas espécies aqui estudadas (FIGURA 1).

Na tabela 20 são apresentadas as fórmulas cariotípicas das espécies aqui estudadas, onde são indicados, de forma resumida, o tamanho e a forma dos pares cromossômicos, além da ocorrência de satélites, com base nos resultados contidos nas TABELAS 2 a 19.

Na TABELA 21 são mostrados a variação no comprimento cromossômico de cada uma das espécies apresentadas nas TABELAS 2 a 19, assim como seus respectivos CTC, em μm , e índices TF%. O CTC variou de 49,34 μm em *P. coccineus* até 34,54 μm em *P. filiformis*. Em relação ao índice TF%, a variação esteve compreendida entre 48,69 em *M. erythroloma* até 38,73 em *P. vulgaris*.

Na FIGURA 3 é apresentado o gráfico da distribuição conjunta dos três gêneros estudados, obtido pela aplicação do teste de discriminantes lineares. Na FIGURA 4 cada um dos gêneros é apresentado separadamente, utilizando o mesmo teste estatístico.

Na FIGURA 5 é apresentado o gráfico de distribuição das células de todas as 16 espécies analisadas, utilizando a análise de componentes principais. A FIGURA 6 apresenta a mesma análise envolvendo a distribuição de cada espécie, ou seja, mostra uma síntese de todas as células apresentadas na FIGURA 5.

Os quatro diferentes tipos de dendrogramas obtidos não são aqui apresentados em virtude de não indicarem qualquer tipo de agrupamento de espécies ou de gêneros.

O gráfico mostrando os níveis de similaridade cromossômica entre as espécies aqui estudadas é mostrado na FIGURA 7, expressando o cálculo de índices de similaridade cariotípica (KSI). Tais níveis de similaridade foram classificados em quatro classes diferentes: mínimo (0 - 4), baixo (5 - 6), médio (7 - 8) e alto (9 - 11).

TABELA 2 - Cromossomos mitóticos metafásicos de *Macroptilium atropurpureum*. Médias do comprimento cromossômico ($\bar{X}$) e do índice centromérico ($\bar{Y}$), com os respectivos desvios padrões (DP) e coeficientes de variação (CV%). Posição do centrômero: m- mediana; sm- submediana. Número de medições: n. CR: comprimento relativo.

PAR	n	COMPRIMENTO (μ m)			ÍNDICE CENTROMÉRICO			CENTR.	CR
		$\bar{X}$	DP	CV%	$\bar{Y}$	DP	CV%		
a	11	2,73	0,36	13,06	49,4	1,80	3,65	m	12,70
b	11	2,60	0,31	12,08	42,0	7,11	16,94	m	12,10
c	11	2,21	0,28	12,89	49,8	0,60	1,21	m	10,28
d	11	2,11	0,17	7,87	40,4	5,06	12,52	m	9,82
e	11	2,00	0,19	9,30	48,3	2,61	5,40	m	9,30
f	11	1,88	0,21	11,16	47,6	3,64	7,66	m	8,74
g	11	1,79	0,17	9,51	39,1	7,29	18,64	m	8,32
h	11	1,73	0,14	8,28	49,4	2,11	4,28	m	8,04
i	11	1,64	0,17	10,42	42,3	6,40	15,15	m	7,64
j	9	1,42	0,14	9,78	48,7	2,83	5,81	m	6,60
k	3	1,39	0,25	17,64	37,0	3,00	8,11	sm	6,46

TABELA 3 - Cromossomos mitóticos metafásicos de *Macroptilium bracteatum*. Médias do comprimento cromossômico ($\bar{X}$) e do índice centromérico ($\bar{Y}$), com seus respectivos desvios padrões (DP) e coeficientes de variação (CV%). Posição do centrômero: m- mediana; sm- submediana. Número de medições: n. Satélite:*. CR: comprimento relativo.

PAR	n	COMPRIMENTO (μ m)			ÍNDICE CENTROMÉRICO			CENTR.	CR
		$\bar{X}$	DP	CV%	$\bar{Y}$	DP	CV%		
a	11	2,85	0,43	15,13	48,6	2,30	4,73	m	11,98
b*	11	2,72	0,33	11,99	40,7	5,57	13,71	m	11,44
c	11	2,54	0,40	15,72	46,1	4,68	10,15	m	10,68
d	11	2,30	0,25	10,87	38,0	6,97	18,35	m	9,66
e	11	2,29	0,25	10,97	45,8	5,74	12,53	m	9,62
f	11	2,13	0,26	12,11	36,4	8,18	22,43	sm	8,96
g	11	2,01	0,22	10,96	46,6	4,34	9,31	m	8,44
h	11	1,93	0,25	13,06	40,2	6,16	15,33	m	8,12
i	11	1,82	0,24	13,03	48,9	2,77	5,67	m	7,64
j	11	1,76	0,18	10,44	42,7	5,73	13,43	m	7,40
k	10	1,44	0,19	13,01	46,9	5,04	10,75	m	6,06

TABELA 4- Cromossomos mitóticos metafásicos de *Macroptilium erythroloma*. Médias do comprimento cromossômico ($\bar{X}$) e do índice centromérico ($\bar{Y}$), com seus respectivos desvios padrões (DP) e coeficientes de variação (CV%). Posição do centrômero: m- mediana. Número de medições: n. Satélite: *. CR: comprimento relativo.

PAR	n	COMPRIMENTO (μ m)			ÍNDICE CENTROMÉRICO			CENTR.	CR
		$\bar{X}$	DP	CV%	$\bar{Y}$	DP	CV		
a	10	2,39	0,28	11,86	48,9	2,60	5,32	m	12,10
b*	10	2,10	0,30	14,46	46,9	3,60	7,68	m	10,64
c	10	2,02	0,25	12,49	49,6	1,26	2,55	m	10,24
d	10	1,90	0,25	13,32	49,4	1,90	3,84	m	9,62
e	10	1,81	0,24	13,21	48,3	5,38	11,13	m	9,16
f	10	1,73	0,25	14,40	47,6	4,43	9,30	m	8,76
g	10	1,68	0,24	14,00	49,2	1,40	2,84	m	8,52
h	10	1,63	0,21	12,75	50,0	0,00	0,00	m	8,26
i	10	1,57	0,21	13,30	47,2	4,02	8,52	m	7,96
j	10	1,49	0,23	15,42	50,0	0,00	0,00	m	7,54
k	8	1,42	0,17	12,29	48,5	2,78	5,73	m	7,20

TABELA 5- Cromossomos mitóticos metafásicos de *Macroptilium lathyroides*. Médias do comprimento cromossômico ($\bar{X}$) e do índice centromérico ($\bar{Y}$), com seus respectivos desvios padrões (DP) e coeficientes de variação (CV%). Posição do centrômero: m- mediana. Número de medições: n. CR: comprimento relativo.

PAR	n	COMPRIMENTO (μ m)			ÍNDICE CENTROMÉRICO			CENTR.	CR
		$\bar{X}$	DP	CV%	$\bar{Y}$	DP	CV		
a	10	2,18	0,26	11,88	50,0	0,00	0,00	m	12,76
b	10	2,01	0,43	21,33	44,5	5,74	12,90	m	11,77
c	10	1,77	0,24	13,32	46,7	3,65	7,82	m	10,36
d	10	1,70	0,21	12,52	49,8	0,63	1,27	m	9,95
e	10	1,61	0,22	13,89	48,7	2,11	4,33	m	9,44
f	10	1,50	0,26	17,11	38,5	5,06	13,14	m	8,78
g	10	1,46	0,25	17,16	47,4	4,50	9,50	m	8,55
h	10	1,38	0,23	16,96	46,6	4,88	10,47	m	8,08
i	10	1,28	0,18	13,85	50,0	0,00	0,00	m	7,49
j	5	1,12	0,19	16,60	50,0	0,00	0,00	m	6,56
k	4	1,07	0,22	20,88	46,2	7,50	16,22	m	6,26

TABELA 6- Cromossomos mitóticos metafásicos de *Macroptilium sabaraense*. Médias do comprimento cromossômico ($\bar{X}$) e do índice centromérico ($\bar{Y}$), com seus respectivos desvios padrões (DP) e coeficientes de variação (CV%). Posição do centrômero: m- mediana. Número de medições: n. Satélite *. CR: comprimento relativo.

PAR	n	COMPRIMENTO (μ m)			ÍNDICE CENTROMÉRICO			CENTR.	CR
		$\bar{X}$	DP	CV%	$\bar{Y}$	DP	CV%		
a	10	2,63	0,27	10,39	46,4	0,02	5,37	m	12,92
b*	10	2,30	0,33	14,57	44,0	0,04	10,53	m	11,30
c	10	2,20	0,26	11,90	47,0	0,02	5,25	m	10,81
d	10	1,98	0,14	7,04	41,0	0,06	14,85	m	9,72
e	10	1,89	0,15	8,20	46,6	0,03	6,14	m	9,28
f	10	1,78	0,13	7,17	45,0	0,05	11,98	m	8,74
g	10	1,73	0,12	6,76	43,2	0,02	4,76	m	8,50
h	10	1,60	0,12	7,58	45,0	0,02	5,60	m	7,86
i	10	1,53	0,15	9,60	47,0	0,04	8,99	m	7,51
j	8	1,41	0,15	10,35	44,8	0,01	3,02	m	6,93
k	4	1,31	0,05	3,61	48,0	0,02	5,66	m	6,43

TABELA 7- Cromossomos mitóticos metafásicos de *Phaseolus acutifolius*. Médias do comprimento cromossômico ($\bar{X}$) e do índice centromérico ($\bar{Y}$), com seus respectivos desvios padrões (DP) e coeficientes de variação (CV%). Posição do centrômero: m- mediana. Número de medições: n. Satélite:*. CR: comprimento relativo.

PAR	n	COMPRIMENTO (μ m)			ÍNDICE CENTROMÉRICO			CENTR.	CR
		$\bar{X}$	DP	CV%	$\bar{Y}$	DP	CV%		
a	10	2,91	0,30	10,47	46,0	0,05	11,95	m	11,81
b*	10	2,79	0,44	15,66	41,0	0,37	8,43	m	11,33
c	10	2,52	0,35	13,90	46,6	0,03	7,65	m	10,23
d	10	2,46	0,33	13,38	41,0	0,04	10,87	m	9,99
e	10	2,25	0,26	11,50	44,8	0,04	9,77	m	9,14
f	10	2,24	0,26	11,46	44,7	0,06	14,19	m	9,09
g	10	2,10	0,21	10,02	42,7	0,05	12,10	m	8,53
h	10	1,99	0,19	9,39	45,3	0,03	7,72	m	8,08
i	10	1,97	0,21	10,67	46,8	0,71	15,10	m	8,00
j	9	1,76	0,18	10,42	45,3	0,04	8,96	m	7,15
k	7	1,64	0,22	13,44	48,0	0,04	8,04	m	6,56

TABELA 8- Cromossomos mitóticos metafásicos de *Phaseolus anisotrichus*. Médias de comprimento cromossômico ($\bar{X}$) e de índice centromérico ($\bar{Y}$), com seus respectivos desvios padrões (DP) e coeficientes de variação (CV%). Posição do centrômero: m- mediana. Número de medições: n. CR: comprimento relativo

PAR	n	COMPRIMENTO (μ m)			ÍNDICE CENTROMÉRICO			CENTR.	CR
		$\bar{X}$	DP	CV%	$\bar{Y}$	DP	CV%		
a	10	2,33	0,27	11,57	43,4	0,04	10,34	m	12,94
b	10	2,19	0,26	12,02	48,0	0,03	6,78	m	12,17
c	10	2,08	0,23	10,88	40,0	0,04	9,29	m	11,35
d	10	1,93	0,19	9,95	47,3	0,03	5,46	m	10,71
e	10	1,81	0,21	11,74	45,0	0,04	8,89	m	10,50
f	10	1,68	0,22	13,10	45,7	0,02	4,53	m	9,32
g	10	1,66	0,23	13,87	49,2	0,02	4,55	m	9,21
h	10	1,53	0,18	11,80	42,6	0,05	11,40	m	8,50
i	6	1,47	0,13	9,01	43,8	0,03	6,46	m	8,17
j	5	1,32	0,08	6,03	38,0	0,04	10,63	m	7,32

TABELA 9- Cromossomos mitóticos metafásicos de *Phaseolus coccineus*. Médias do comprimento cromossômico ($\bar{X}$) e do índice centromérico ($\bar{Y}$), com seus respectivos desvios padrões (DP) e coeficientes de variação (CV%). Posição do centrômero: m- mediana. sm- submediana. Número de medições: n. Satélite: * CR: comprimento relativo.

PAR	n	COMPRIMENTO (μ m)			ÍNDICE CENTROMÉRICO			CENTR.	CR
		$\bar{X}$	DP	CV%	$\bar{Y}$	DP	CV%		
a*	10	3,10	0,53	17,10	37,0	9,36	25,29	sm	12,56
b*	10	2,71	0,36	13,44	33,5	6,90	20,60	sm	10,98
c	10	2,50	0,36	14,49	43,5	5,42	12,46	m	10,14
d*	10	2,46	0,35	14,11	35,0	7,27	20,78	sm	9,98
e	10	2,30	0,35	15,45	47,0	3,46	7,37	m	9,32
f	10	2,24	0,28	12,46	36,1	7,20	19,95	sm	9,08
g	10	2,09	0,27	12,69	43,9	5,63	12,82	m	8,48
h	10	1,96	0,23	11,79	42,6	6,13	14,39	m	7,94
i	10	1,92	0,35	18,13	32,1	7,99	24,90	sm	7,78
j	7	1,78	0,19	10,42	47,4	3,41	7,19	m	7,22
k	3	1,61	0,21	13,26	40,3	10,00	24,83	m	6,52

TABELA 10- Cromossomos mitóticos metafásicos de *Phaseolus filiformis*. Médias do comprimento cromossômico ($\bar{X}$) e do índice centromérico ($\bar{Y}$), com seus respectivos desvios padrões (DP) e coeficientes de variação (CV%). Posição do centrômero: m- mediana. Número de medições: n. CR: comprimento relativo.

PAR	n	COMPRIMENTO (μ m)			ÍNDICE CENTROMÉRICO			CENTR.	CR
		$\bar{X}$	DP	CV%	$\bar{Y}$	DP	CV%		
a	10	2,17	0,18	8,27	47,3	0,03	5,52	m	12,56
b	10	2,02	0,16	7,97	46,0	0,03	7,86	m	11,70
c	10	1,88	0,20	10,75	46,0	0,04	9,29	m	10,89
d	10	1,75	0,19	10,75	45,7	0,03	7,05	m	10,13
e	10	1,60	0,13	7,90	40,2	0,05	12,19	m	9,26
f	10	1,52	0,16	10,33	47,0	0,02	5,31	m	8,80
g	10	1,45	0,16	11,11	50,0	0,01	2,55	m	8,40
h	10	1,36	0,16	11,99	47,1	0,03	6,92	m	7,88
i	7	1,33	0,16	12,45	46,9	0,03	5,82	m	7,70
j	4	1,13	0,28	24,82	49,0	0,02	4,08	m	6,54
k	2	1,06	0,46	43,56	42,8	0,09	23,02	m	6,14

TABELA 11- Cromossomos mitóticos metafásicos de *Phaseolus lunatus*. Médias do comprimento cromossômico ($\bar{X}$) e do índice centromérico ($\bar{Y}$), com seus respectivos desvios padrões (DP) e coeficientes de variação (CV%). Posição do centrômero: m- mediana. sm- submediana. Número de medições: n. Satélite: *. CR: comprimento relativo.

PAR	n	COMPRIMENTO (μ m)			ÍNDICE CENTROMÉRICO			CENTR.	CR
		$\bar{X}$	DP	CV%	$\bar{Y}$	DP	CV%		
a*	10	2,67	0,48	17,98	32,9	6,95	21,13	sm	11,82
b	10	2,48	0,46	18,41	48,0	3,27	6,80	m	10,98
c	10	2,37	0,26	10,79	39,6	5,96	16,50	m	10,50
d*	10	2,27	0,31	13,62	36,0	5,96	16,56	sm	10,04
e	10	2,17	0,24	11,24	46,9	4,51	9,61	m	9,60
f	10	2,03	0,21	10,30	41,0	7,08	17,09	m	8,98
g	10	1,97	0,23	11,86	46,7	5,21	11,16	m	8,72
h	10	1,84	0,19	10,24	40,7	7,12	17,49	m	8,14
i	9	1,67	0,25	15,12	50,0	0,00	0,00	m	7,40
j	9	1,60	0,15	9,48	44,4	4,30	9,68	m	7,08
k	3	1,52	0,14	9,21	46,3	6,35	13,71	m	6,74

TABELA 12- Cromossomos mitóticos metafásicos de *Phaseolus vulgaris*. Médias do comprimento cromossômico ($\bar{X}$) e do índice centromérico ($\bar{Y}$), com seus respectivos desvios padrões (DP) e coeficientes de variação (CV%). Posição do centrômero : m- mediana; sm- submediana. Número de medições: n. Satélite: *. CR: comprimento relativo.

PAR	n	COMPRIMENTO (μ m)			ÍNDICE CENTROMÉRICO				
		$\bar{X}$	DP	CV%	$\bar{Y}$	DP	CV%	CENTR.	CR
a*	9	2,79	0,34	12,23	31,9	7,24	22,69	sm	11,80
b	9	2,75	0,31	11,16	36,8	9,35	25,43	sm	11,62
c	9	2,51	0,40	15,95	43,9	7,90	17,99	m	10,60
d*	9	2,50	0,28	11,43	30,7	7,09	23,11	sm	10,56
e	9	2,31	0,22	9,74	31,7	6,46	20,40	sm	9,76
f	9	2,11	0,17	8,06	37,8	8,41	22,26	m	8,92
g	9	2,05	0,21	10,10	47,2	4,18	8,84	m	8,66
h	9	1,84	0,11	6,21	43,9	4,73	10,77	m	7,78
i	9	1,72	0,23	13,29	37,2	6,20	16,66	sm	7,28
j	8	1,59	0,13	8,11	46,1	5,59	12,12	m	6,72
k	6	1,49	0,16	10,91	38,8	9,72	25,04	m	6,30

TABELA 13- Cromossomos mitóticos metafásicos de *Vigna adenantha*. Média do comprimento cromossômico ($\bar{X}$) e do índice centromérico ($\bar{Y}$), com seus respectivos desvios padrões (DP) e coeficientes de variação (CV%). Posição do centrômero : m- mediana. Número de medições: n. Satélite: *. CR: comprimento relativo.

PAR	n	COMPRIMENTO (μ m)			ÍNDICE CENTROMÉRICO				
		$\bar{X}$	DP	CV%	$\bar{Y}$	DP	CV%	CENTR.	CR
a	4	2,55	0,19	7,55	47,5	4,20	8,83	m	12,44
b	4	2,39	0,29	12,14	44,2	3,59	8,10	m	11,66
c	4	2,00	0,14	7,21	47,7	3,30	6,92	m	9,76
d*	4	1,95	0,12	6,37	43,5	9,25	21,20	m	9,51
e	4	1,86	0,08	4,32	45,4	2,58	5,68	m	9,07
f	4	1,77	0,13	7,27	43,7	3,35	7,67	m	8,64
g	4	1,71	0,14	8,27	50,0	0,00	0,00	m	8,34
h	4	1,60	0,13	7,71	41,7	2,82	6,76	m	8,24
i	4	1,60	0,12	7,65	44,1	6,12	13,89	m	7,80
j	4	1,49	0,12	8,27	50,0	0,00	0,00	m	7,27
k	2	1,49	0,00	0,00	40,9	6,65	16,25	m	7,27

TABELA 14- Cromossomos mitóticos metafásicos de *Vigna candida*. Médias do comprimento cromossômico ($\bar{X}$) e do índice centromérico ($\bar{Y}$), com seus respectivos desvios padrões (DP) e coeficientes de variação (CV%). Posição do centrômero: m- mediana; sm- submediana. Número de medições: n. Satélite: *. CR: comprimento relativo.

PAR	n	COMPRIMENTO (μ m)			ÍNDICE CENTROMÉRICO			CENTR.	CR
		$\bar{X}$	DP	CV%	$\bar{Y}$	DP	CV%		
a	10	2,61	0,29	11,13	48,5	1,60	3,29	m	12,39
b*	10	2,58	0,34	13,26	44,0	0,06	13,48	m	12,24
c	10	2,30	0,34	14,76	45,9	3,32	7,24	m	10,91
d*	10	2,10	0,17	8,16	43,0	0,05	13,35	m	9,97
e	10	2,02	0,30	14,67	47,5	2,48	5,22	m	9,59
f	10	1,83	0,23	12,76	42,3	5,39	12,73	m	8,69
g	10	1,73	0,23	13,03	48,8	1,78	3,64	m	8,21
h	10	1,63	0,22	13,79	46,9	2,54	5,41	m	7,73
i	10	1,54	0,18	11,82	40,5	2,85	7,04	m	7,31
j	10	1,42	0,24	16,73	49,0	1,71	3,50	m	6,74
k	10	1,31	0,18	14,16	43,8	5,05	11,56	m	6,22

TABELA 15- Cromossomos mitóticos metafásicos de *Vigna luteola*. Médias do comprimento cromossômico ($\bar{X}$) e do índice centromérico ($\bar{Y}$), com seus respectivos desvios padrões (DP) e coeficientes de variação (CV%). Posição do centrômero: m- mediana. Número de medições: n. Satélite: *. CR: comprimento relativo.

PAR	n	COMPRIMENTO (μ m)			ÍNDICE CENTROMÉRICO			CENTR.	CR
		$\bar{X}$	DP	CV%	$\bar{Y}$	DP	CV%		
a*	5	2,26	0,14	6,50	45,4	0,02	5,21	m	12,05
b	5	2,07	0,09	4,41	44,6	0,05	11,82	m	11,03
c	5	1,98	0,15	7,68	39,3	0,05	14,04	m	10,55
d	5	1,90	0,13	7,08	46,0	0,06	14,60	m	10,13
e	5	1,78	0,11	6,18	48,2	0,03	6,34	m	9,49
f	5	1,67	0,15	9,22	45,1	0,04	10,06	m	8,90
g	5	1,57	0,18	11,99	45,7	0,04	8,13	m	8,20
h	5	1,44	0,19	13,72	48,8	0,01	2,71	m	7,68
i	4	1,44	0,15	10,38	50,0	0,00	0,00	m	7,68
j	3	1,36	0,26	19,16	47,9	0,04	8,48	m	7,25
k	2	1,32	0,01	1,07	49,0	0,01	2,89	m	7,04

TABELA 16- Cromossomos mitóticos metafásicos de *Vigna pedundularis*. Médias do comprimento cromossômico ($\bar{X}$) e do índice centromérico ($\bar{Y}$), com seus respectivos desvios padrões (DP) e coeficientes de variação (CV%). Posição do centrômero: m- mediana; sm- submediana. Número de medições: n. CR: comprimento relativo.

PAR	n	COMPRIMENTO (μ m)			ÍNDICE CENTROMÉRICO			CENTR.	CR.
		$\bar{X}$	DP	CV%	$\bar{Y}$	DP	CV%		
a	11	2,54	0,33	12,87	34,4	4,70	13,64	sm	12,76
b	11	2,13	0,21	10,08	45,4	6,70	14,76	m	10,70
c	11	2,11	0,23	10,90	37,2	6,87	18,47	sm	10,60
d	11	1,91	0,22	11,72	47,3	3,58	7,57	m	9,60
e	11	1,91	0,17	8,75	37,9	7,83	20,65	m	9,60
f	11	1,79	0,25	13,69	46,4	3,56	7,66	m	9,00
g	11	1,75	0,20	11,48	42,4	7,31	17,26	m	8,79
h	11	1,59	0,18	11,10	46,4	4,59	9,90	m	7,99
i	11	1,55	0,20	12,80	40,1	5,66	14,13	m	7,79
j	11	1,35	0,19	14,03	45,2	6,23	13,78	m	6,79
k	6	1,27	0,20	15,45	41,0	5,48	13,36	m	6,38

TABELA 17- Cromossomos mitóticos metafásicos de *Vigna radiata*. Médias do comprimento cromossômico ($\bar{X}$) e do índice centromérico ($\bar{Y}$) com seus respectivos desvios padrões (DP) e coeficientes de variação (CV%). Posição do centrômero: m- mediana. sm- submediana. Número de medições: n. Satélite: *. CR: comprimento relativo.

PAR	n	COMPRIMENTO (μ m)			ÍNDICE CENTROMÉRICO			CENTR.	CR
		$\bar{X}$	DP	CV%	$\bar{Y}$	DP	CV%		
a*	11	2,43	0,22	8,99	38,2	6,91	19,08	m	12,51
b	11	2,39	0,21	8,66	46,8	3,52	7,51	m	12,31
c	11	2,03	0,16	7,67	43,6	3,26	7,48	m	10,45
d	11	1,91	0,17	8,93	49,4	1,29	2,62	m	9,84
e	11	1,76	0,17	9,83	42,6	5,30	12,42	m	9,06
f	11	1,68	0,24	14,26	48,7	2,24	4,60	m	8,65
g	11	1,62	0,22	13,90	42,0	5,83	3,88	m	8,34
h	11	1,53	0,18	12,10	47,0	3,46	7,37	m	7,88
i	10	1,41	0,18	12,96	47,5	4,03	8,49	m	7,26
j	8	1,40	0,16	11,48	43,6	6,48	14,85	m	7,21
k	5	1,26	0,23	18,48	46,2	3,77	8,16	m	6,49

TABELA 18- Cromossomos mitóticos metafásicos de *Vigna umbellata*. Médias do comprimento cromossômico ($\bar{X}$) e do índice centromérico ($\bar{Y}$), com seus respectivos desvios padrões e coeficientes de variação (CV%). Posição do centrômero: m- mediana; Número de medições: n. Satélite: *. CR: comprimento relativo.

PAR	n	COMPRIMENTO (μ m)			ÍNDICE CENTROMÉRICO			CENTR.	CR
		$\bar{X}$	DP	CV%	$\bar{Y}$	DP	CV%		
a	10	2,78	0,38	13,59	42,6	0,07	17,24	m	12,12
b	10	2,68	0,36	13,50	46,3	0,25	5,49	m	11,68
c	10	2,39	0,36	15,41	46,0	0,02	5,61	m	10,42
d	10	2,32	0,21	9,17	40,8	0,51	12,59	m	10,11
e*	10	2,18	0,37	17,25	43,7	0,05	12,43	m	9,50
f	10	2,02	0,21	10,20	48,0	0,02	3,25	m	8,81
g	10	1,94	0,21	10,79	42,4	0,05	12,52	m	8,46
h	10	1,84	0,21	11,17	48,2	0,02	4,67	m	8,02
i	10	1,69	0,15	9,22	46,9	0,02	5,31	m	7,37
j	10	1,58	0,15	9,72	45,0	0,04	8,44	m	6,89
k	9	1,52	0,13	8,64	48,1	0,02	4,50	m	6,62

TABELA 19- Cromossomos mitóticos metafásicos de *Vigna unguiculata*. Médias do comprimento cromossômico ($\bar{X}$) e do índice centromérico ($\bar{Y}$) com seus respectivos desvios padrões (DP) e coeficientes de variação (CV%). Posição do centrômero: m- mediana; sm- submediana. Número de medições: n. CR: comprimento relativo.

PAR	n	COMPRIMENTO (μ m)			ÍNDICE CENTROMÉRICO			CENTR.	CR
		$\bar{X}$	DP	CV%	$\bar{Y}$	DP	CV%		
a	10	2,46	0,39	16,03	42,1	3,11	7,38	m	12,24
b	10	2,12	0,27	12,73	45,9	3,54	7,72	m	10,55
c	10	2,01	0,26	13,12	37,7	3,65	9,69	m	10,00
d	10	1,95	1,99	10,20	43,0	2,21	5,14	m	9,70
e	10	1,89	0,23	12,00	46,4	3,31	7,13	m	9,40
f	10	1,79	0,23	12,91	40,1	4,36	10,87	m	8,91
g	10	1,76	0,18	10,23	48,0	3,09	6,44	m	8,76
h	10	1,65	0,21	12,99	47,4	3,63	7,65	m	8,21
i	10	1,60	0,18	11,46	41,9	6,10	14,56	m	7,96
j	10	1,47	0,20	13,62	40,2	5,94	14,78	m	7,31
k	9	1,40	0,18	12,63	47,4	5,00	10,54	m	6,96

TABELA 20- Fórmulas cariotípicas de espécies de *Macroptilium*, *Phaseolus* e *Vigna*. Posição do centrômero: M- mediana, SM- sub-mediana. Comprimento cromossômico: A- entre 3 e 4 μ m, B- entre 2 e 3 μ m, C- entre 1 e 2 μ m. Satélite: *.

ESPÉCIE	FÓRMULA CARIOTÍPICA
<i>M. atropurpureum</i>	5M(B) + 5M(C) + 1SM(C)
<i>M. bracteatum</i>	5M(B) + 1M(B)* + 1SM(B) + 4M(C)
<i>M. erythroloma</i>	2M(B) + 1M(B)* + 8m(C)
<i>M. lathyroides</i>	2M(B) + 9M(C)
<i>M. sabaraense</i>	2M(B) + 1M(B)* + 8M(C)
<i>P. acutifolius</i>	6M(B) + 1M(B)* + 4M(C)
<i>P. anisotrichus</i>	3M(B) + 7M(C)
<i>P. coccineus</i>	1SM(A)* + 2M(B) + 2SM(B)* + 2SM(B) + 3M(C) + 1SM(C)
<i>P. filiformis</i>	2M(B) + 9M(C)
<i>P. lunatus</i>	4M(B) + 2SM(B)* + 5M(C)
<i>P. vulgaris</i>	3M(B) + 2SM(B)* + 2SM(B) + 3M(C) + 1SM(C)
<i>V. adenantha</i>	3M(B) + 1M(C)* + 7M(C)
<i>V. candida</i>	3M(B) + 2M(B)* + 6M(C)
<i>V. luteola</i>	1M(B)* + 1M(B) + 9M(C)
<i>V. peduncularis</i>	2SM(B) + 1M(B) + 8M(C)
<i>V. radiata</i>	2M(B) + 1M(B)* + 8M(C)
<i>V. umbellata</i>	5M(B) + 1M(B)* + 5M(C)
<i>V. unguiculata</i>	3M(B) + 8M(C)

TABELA 21- Variação entre o comprimento do maior e do menor pares cromossômicos médios, comprimento total de cromatina (CTC), em micrômetros, e índice TF% de espécies de *Macroptilium*, *Phaseolus* e *Vigna*.

ESPÉCIE	VARIAÇÃO		
	COMPR. CROMOSS.	CTC	TF%
<i>M. atropurpureum</i>	1,39 - 2,73	43,00	44,91
<i>M. bracteatum</i>	1,44 - 2,85	47,58	43,72
<i>M. erythroloma</i>	1,42 - 2,39	39,48	48,69
<i>M. lathyroides</i>	1,07 - 2,18	35,46	47,16
<i>M. sabaraense</i>	1,31 - 2,63	40,72	45,64
<i>P. acutifolius</i>	1,64 - 2,91	49,26	44,72
<i>P. anisotrichus</i>	1,32 - 2,33	36,00	44,30
<i>P. coccineus</i>	1,61 - 3,10	49,34	39,85
<i>P. filiformis</i>	1,06 - 2,17	34,54	46,18
<i>P. lunatus</i>	1,52 - 2,67	45,18	42,95
<i>P. vulgaris</i>	1,49 - 2,79	47,32	38,73
<i>V. adenantha</i>	1,49 - 2,55	41,00	45,34
<i>V. candida</i>	1,31 - 2,61	42,14	45,54
<i>V. luteola</i>	1,32 - 2,26	37,52	46,40
<i>V. peduncularis</i>	1,27 - 2,54	39,30	42,15
<i>V. radiata</i>	1,26 - 2,43	38,84	45,05
<i>V. umbellata</i>	1,52 - 2,78	45,88	45,27
<i>V. unguiculata</i>	1,40 - 2,46	40,20	43,65

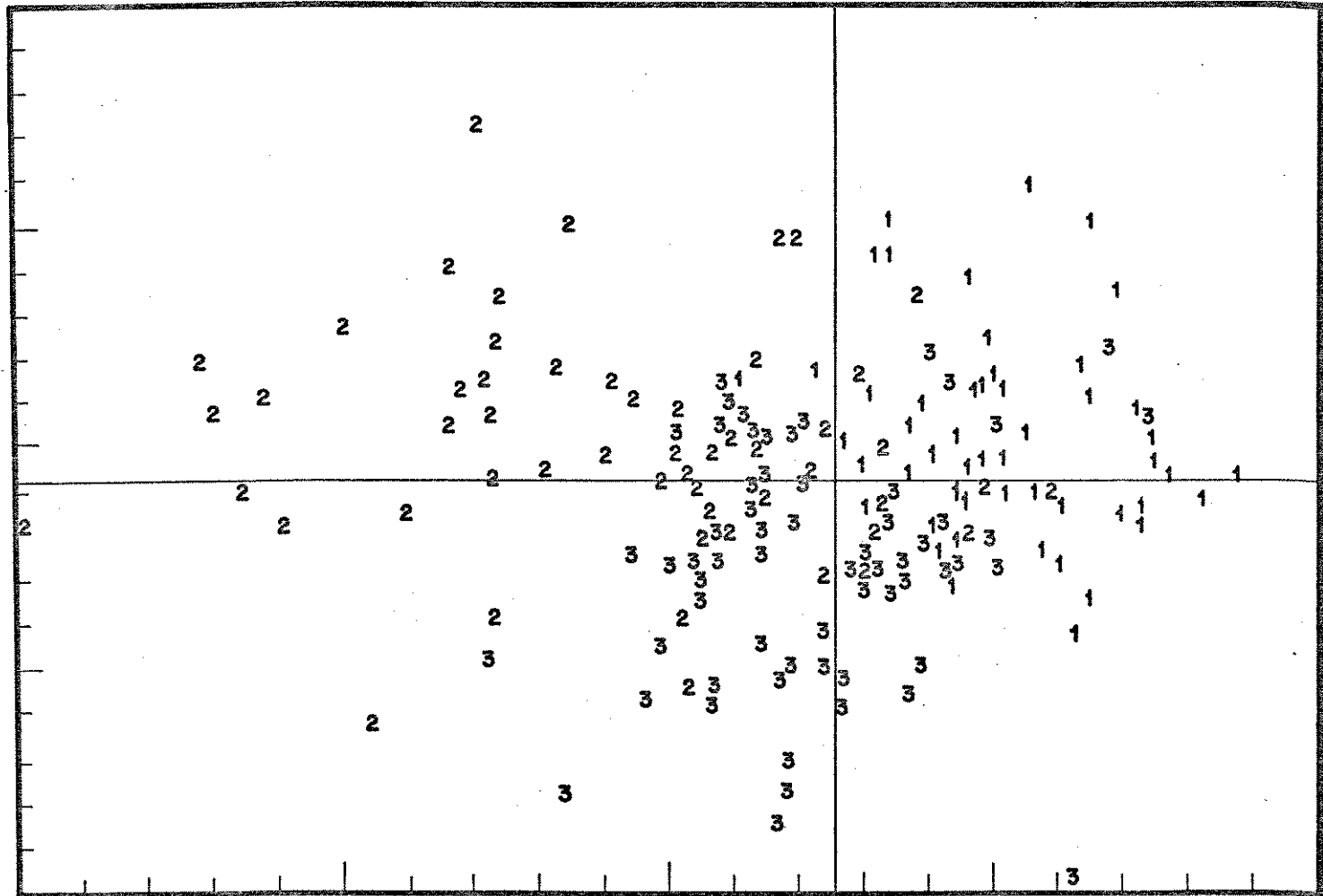


FIGURA 3- Análise de discriminantes lineares entre os gêneros *Macropodium* (1), *Phaseolus* (2) e *Vigna* (3), considerando conjuntamente valores de comprimento cromossômico e de índice centromérico. Eixo horizontal= discriminante 1; Eixo vertical= discriminante 2.

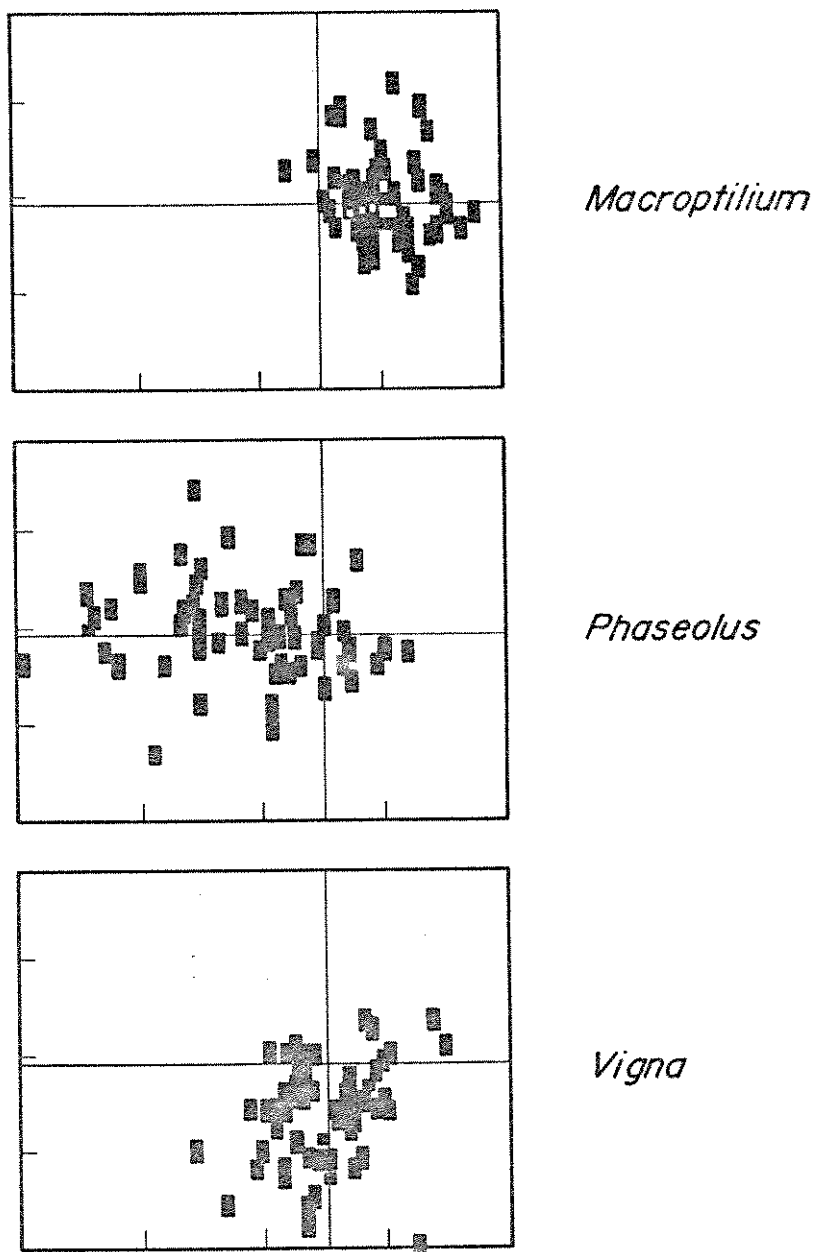


FIGURA 4- Distribuição individual dos gêneros *Phaseolus*, *Vigna* e *Macropodium*, através da análise de discriminantes lineares, considerando conjuntamente valores de comprimento cromossômico e de índice centromérico. Eixo horizontal= discriminante 1; Eixo vertical= discriminante 2.

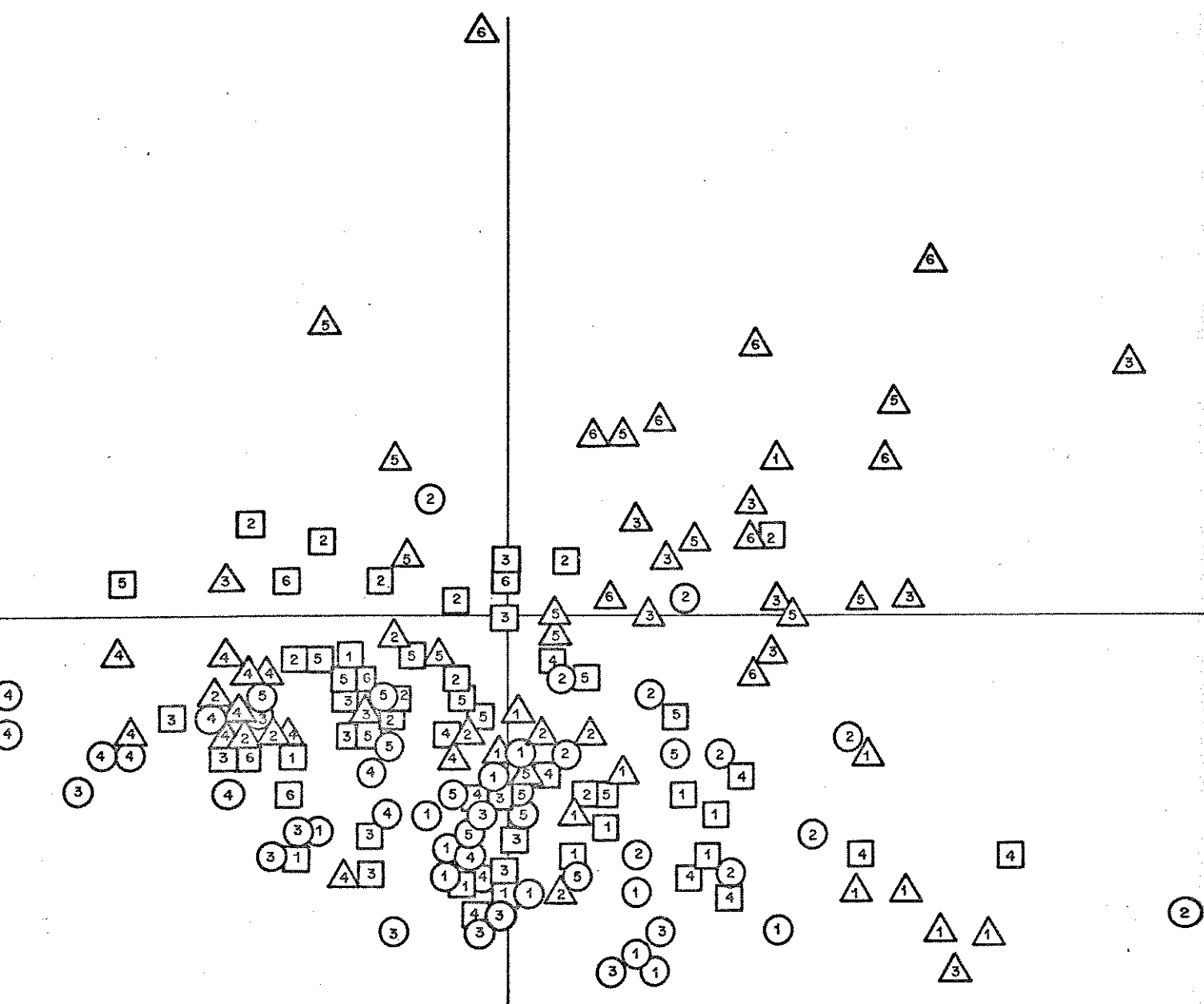


FIGURA 5- Distribuição das células de espécies de *Macroptilium* (○), *Phaseolus* (△) e *Vigna* (□), através da análise de componentes principais, considerando conjuntamente valores de comprimento cromossômico e de índice centromérico. ① - *M. atropurpureum*; ② - *M. bracteatum*; ③ - *M. erythroloma*; ④ - *M. lathyroides*; ⑤ - *M. sabaraense*; ① - *P. acutifolius*; ② - *P. anisotrichus*; ③ - *P. coccineus*; ④ - *P. filiformis*; ⑤ - *P. lunatus*; ⑥ - *P. vulgaris*; ① - *V. candida*; ② - *V. peduncularis*; ③ - *V. radiata*; ④ - *V. umbellata*; ⑤ - *V. unguiculata*; ⑥ - *V. luteola*. Componente horizontal= 1; Componente vertical= 2.

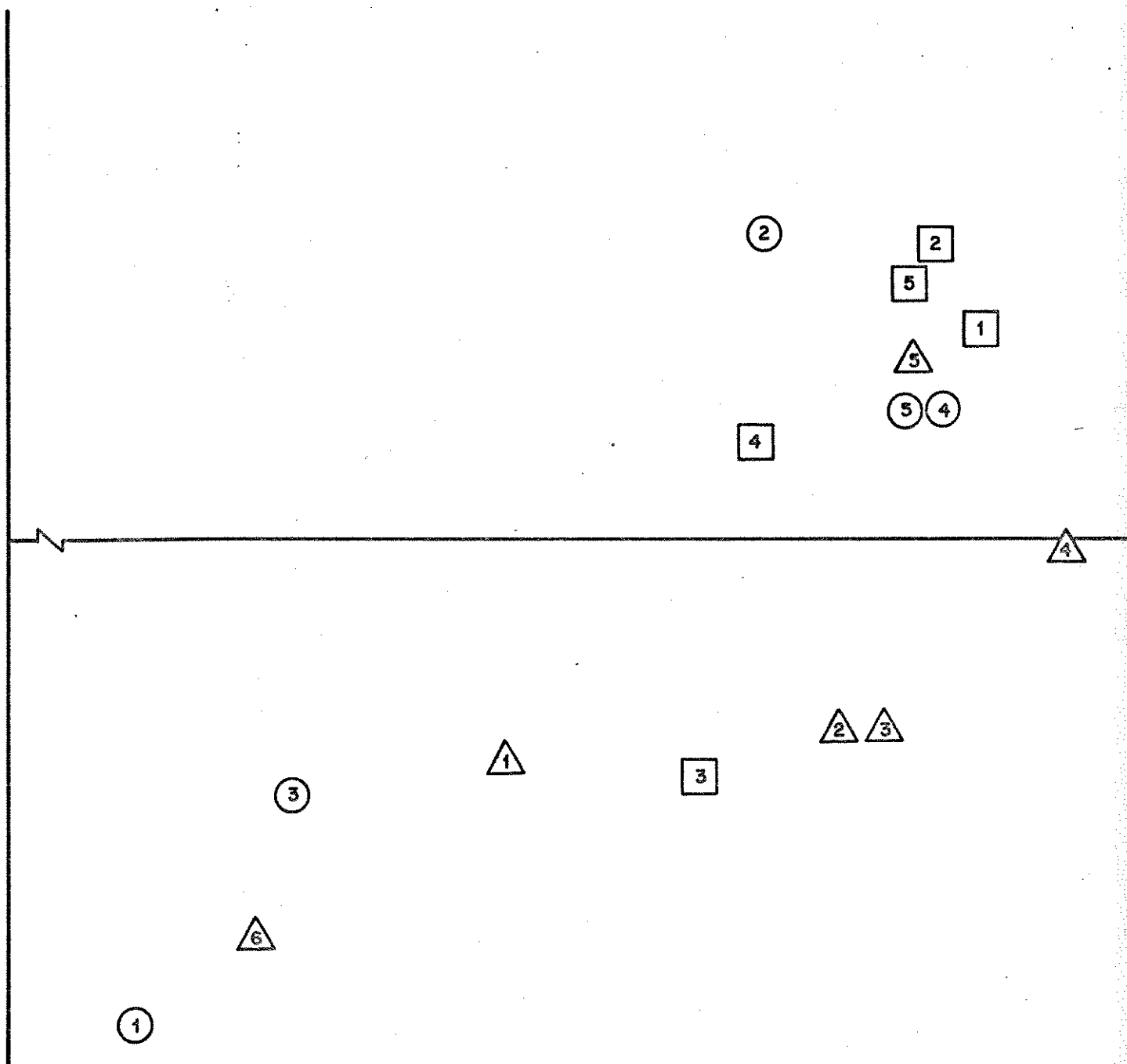


FIGURA 6- Distribuição de espécies de *Macroptilium* (○), *Phaseolus* (△) e *Vigna* (□), através da análise de componentes principais, considerando conjuntamente valores de comprimento cromossômico e de índice centromérico. ① - *M. atropurpureum*; ② - *M. bracteatum*; ③ - *M. erythroloma*; ④ - *M. lathyroides*; ⑤ - *M. sabaraense*; △1 - *P. acutifolius*; △2 - *P. anisotrichus*; △3 - *P. coccineus*; △4 - *P. filiformis*; △5 - *P. lunatus*; △6 - *P. vulgaris*; □1 - *V. candida*; □2 - *V. peduncularis*; □3 - *V. radiata*; □4 - *V. umbellata*; □5 - *V. unguiculata*. Componente horizontal = 1; Componente vertical = 2.

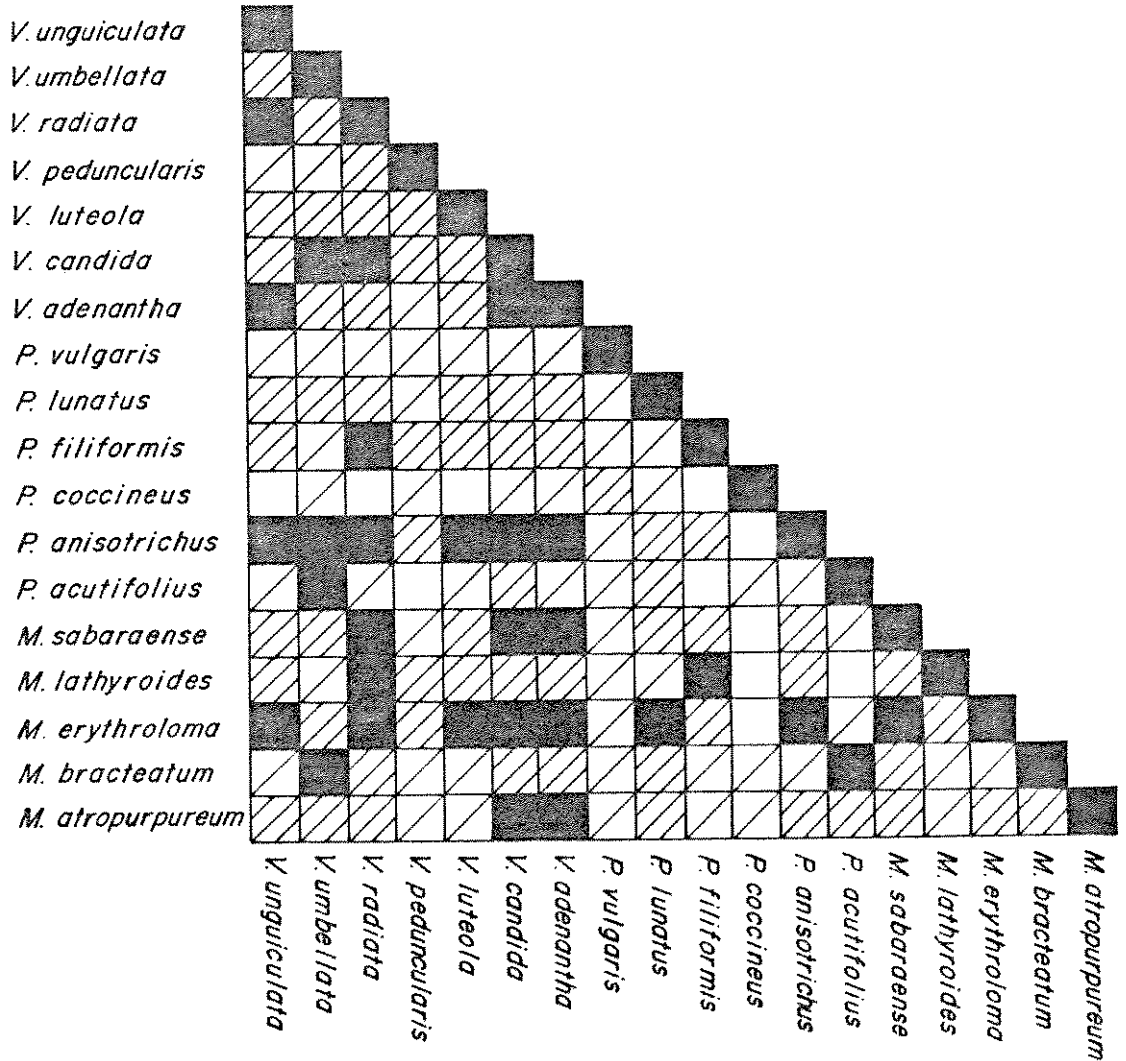
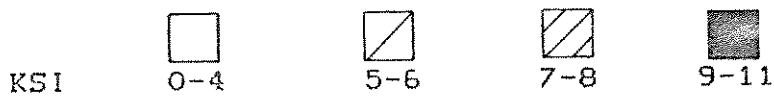


FIGURA 7 - Índices de similaridade cariotípica (KSI) entre espécies de *Macroptilium*, *Phaseolus* e *Vigna*.



7 - DISCUSSÃO

7.1 - O cariótipo dos gêneros *Phaseolus*, *Vigna* e *Macroptilium*

A determinação de $2n = 22$ cromossomos para 17 dos 18 táxons aqui estudados concorda com a grande maioria das citações de número cromossômicos para os gêneros *Phaseolus*, *Vigna* e *Macroptilium*, como os apresentados por DARLINGTON (1945), DARLINGTON & WYLIE (1955), FRAHM-LELIVELD (1953), TURNER (1956), SEN & BHOWAL (1960), SRIVASTA & NAITHANI (1964), KRISHNAN & DE (1965), DE & KRISHNAN (1966), BIR & SIDHU (1967), BOLKHOVSKIKH et al. (1969), MARÉCHAL (1969, 1970), SINGH & ROY (1970), BANDEL (1972), THUAN (1975), SARBHOY (1977, 1978a, 1978b, 1980), JOSEPH & BOUWKAMP (1978), SINHA & ROY (1979a, 1979b), GOLDBLATT (1981a, 1981b, 1984) e LAVANIA & LAVANIA (1982, 1983). A contagem de números cromossômicos parece ser inédita para três destes táxons, como *M. sabaraense*, *V. candida* e *V. peduncularis*. Dentre as pouquíssimas exceções para aquele número cromossômico, citados na literatura, está *P. anisotrichus* (MARÉCHAL, 1970), com $2n = 20$, resultado que também foi corroborado no presente trabalho. Por outro lado, a citação de ocorrência de $2n = 18$ em uma das duas introduções de *V. peduncularis* é inédita não só para o gênero como para aquele grupo como um todo. Tal resultado já havia sido relatado, sugerindo que algum tipo de alteração estrutural cromossômica poderia ter levado àquele número atípico na população estudada (FORNI-MARTINS, 1986).

Os números cromossômicos observados no presente trabalho coincidem com as citações para a maioria dos grupos papilionados tropicais, que apresentam números cromossômicos básicos variando de $x = 12$, 11 e 10 (GOLDBLATT, 1981a).

A tribo Phaseoleae, com exceção da subtribo Erythrininae e de alguns outros gêneros, é uma entidade uniforme citologicamente, sendo $x=11$ quase que certamente o número cromossômico básico de todas as subtribos. Em relação à subtribo Phaseolineae, há relatos de gêneros e de algumas espécies de certos gêneros com número cromossômico diferente de $2n=22$, como em *Vigna*, que tem espécies com $2n=20$ (GOLDBLATT, 1981a), havendo também relatos de $2n=24$ (DARLINGTON & WYLIE, 1955; BANDEL, 1972).

Apesar de o número básico $x=11$ ser também citado para outras tribos de Papilionoideae, como Desmodieae e Psoraleeae, os números cromossômicos obtidos no presente trabalho coincidem com o esperado para a tribo Phaseoleae. Assim, do ponto de vista citotaxonômico, pode-se confirmar o posicionamento dos gêneros *Phaseolus*, *Vigna* e *Macroptilium* na tribo Phaseoleae, subtribo Phaseolineae.

Os resultados de comprimentos cromossômicos e de índices centroméricos, apresentados nas TABELAS 2 a 19, permitem verificar uma relativa uniformidade no tamanho e na forma dos cromossomos desse grupo de plantas. Aqueles resultados também concordam com os trabalhos anteriores feitos por outros autores, como SEN & BHOWAL (1960), SRIVASTAVA & NAITHANI (1964), KRISHNAN & DE (1965), MARÉCHAL (1969, 1970), SINGH & ROY (1970), SARBHOY (1977, 1978a, 1978b, 1980), JOSEPH & BOUWKAMP (1978), SINHA & ROY (1979a, 1979b), LAVANIA & LAVANIA (1982, 1983). Comparando-se os comprimentos cromossômicos daquelas tabelas com os da literatura, em termos gerais, observou-se igual variação de 1 a 3 μ m no comprimento dos pares cromossômicos em cada uma das diversas espécies estudadas. Em relação à posição centromérica também se encontra preponderância de cromossomos metacêntricos e um menor número de submetacêntricos. Entretanto, em alguns trabalhos (SRIVASTAVA & NAITHANI, 1964; JOSEPH & BOUWKAMP, 1978; SINHA & ROY, 1979a e SARBHOY, 1980), são mencionados cromossomos com

centrômeros em posições subterminais, o que não foi observado no presente trabalho, mesmo quando se utilizaram espécies comuns às da literatura.

A uniformidade de tamanho cromossômico pode também ser comprovada através da observação de valores de CR para os pares cromossômicos de todas as espécies estudadas (TABELAS 2 a 19). Verifica-se uma variação gradual e contínua dos valores de CR de modo que, considerando o comprimento dos cromossomos, não é possível o reconhecimento de grupos distintos dentro de uma mesma espécie.

Extrapolando os resultados obtidos para as espécies aqui estudadas para os gêneros *Phaseolus*, *Vigna* e *Macroptilium*, pode-se atribuir a seus respectivos cariótipos a classificação 1A, segundo a conceituação de assimetria cariotípica apresentada por STEBBINS (1951). Aquele autor estabeleceu doze categorias, baseadas na proporção entre o maior e o menor pares do complemento e na posição dos centrômeros de cada um dos cromossomos. Os gêneros aqui estudados enquadram-se na categoria 1A porque a proporção entre o maior e o menor pares do complemento atinge, no máximo, 2:1 e inexistem cromossomos acrocêntricos ou telocêntricos.

De maneira geral, as características cariotípicas já apontadas, que implicam na relativa uniformidade de forma e tamanho dos cromossomos, indicam a dificuldade encontrada no desenvolvimento do presente trabalho. Acrescente-se àqueles problemas uma dificuldade em visualizar-se a região centromérica com nitidez. Tal problema foi dificilmente superado, mesmo testando-se outros tipos de corantes (Giemsa e método de Feulgen), que trouxeram resultados equivalentes aos obtidos com a coloração pela orceína acética. Esta técnica foi escolhida por ter a vantagem de rapidez nas preparações citológicas.

Outra dificuldade encontrada no presente trabalho consistiu na visualização de satélites e na determinação do comprimento da constrição secundária. Nos ideogramas apresentados na FIGURA 1, as constrições secundárias são indicadas por valores padronizados de comprimento. Em duas espécies de *Bellevalia* (Liliaceae), MAGGINI & DOMINICIS (1977) também observaram variabilidade no comprimento de constrições secundárias em células de uma mesma ponta de raiz, em metáfase submetidas a colquicina. Os autores atribuíram tal variabilidade aos diferentes tempos da parada de atividade das células.

Com o objetivo de superar as dificuldades apresentadas, um grande número de lâminas foi preparado. Procurou-se padronizar de forma criteriosa os procedimentos metodológicos envolvidos, desde a etapa de germinação de sementes até o desenho e medição dos cromossomos. Mesmo assim, obteve-se variação nos valores de comprimentos cromossômicos e de índice centromérico para cada um dos 18 táxons estudados. Tal variação é expressa pelos valores de DP e de CV%, apresentados nas TABELAS 2 a 19.

Em termos estatísticos, pode-se dizer que o CV% dá uma idéia da imprecisão do experimento (GOMES, 1978), sendo considerado baixo quando inferior a 10%, médio quando de 10 a 20%, alto quando de 20 a 30% e muito alto quando superior a 30%.

Observa-se uma distribuição diferente de valores de CV% em cada uma das categorias acima mencionadas, analisando-se separadamente comprimento cromossômico e índice centromérico (TABELAS 2 a 19). Na TABELA 22 é apresentada uma síntese da distribuição, em porcentagem, dos valores de CV% para comprimento cromossômico e para índice centromérico, assim como os valores de CV% médios para aqueles dois parâmetros cromossômicos.

TABELA 22- Distribuição, em porcentagem, de valores de CV% para comprimento cromossômico e para índice centromérico, e de CV% médio para aqueles parâmetros cromossômicos, de espécies de *Macroptilium*, *Phaseolus* e *Vigna*.

CLASSES DE CV%	0-10%	10-20%	20-30%	>30%
comprimento cromossômico	41,62	56,34	1,52	0,51
índice centromérico	50,76	41,12	8,12	-
média	46,19	48,73	4,82	0,26

Pode-se dizer, em termos médios, que a quase totalidade dos valores de CV% (94,92%) atinge no máximo 20%, o que indica um padrão de variação baixo a médio no experimento. Apenas 5,08% dos valores de CV% estão acima de 20%, enquadrando-se na categoria alta e muito alta. Nesta última categoria foi observado apenas um par cromossômico (o menor cromossomo de *P. filiformis*), do qual foram tomadas apenas duas medições, o que sugere que aquele valor não seja efetivamente real, mas que reflita um problema de amostragem dos dados.

Comparando-se os valores de CV% observados na TABELA 22, vê-se que o padrão de variação é menor para índice centromérico do que para comprimento cromossômico. Assim, na categoria de menor variação está a metade (50,76%) dos valores do índice centromérico, contrastando com apenas 41,62% dos valores do comprimento cromossômico. Entretanto, a porcentagem de valores de CV% acima de 20 % é maior para índice centromérico do que para comprimento cromossômico.

Dentre os fatores que podem ser responsáveis pelas variações nos resultados aqui apresentados estão a própria variação genética existente entre indivíduos de uma mesma espécie e, principalmente, a contração cromatínica diferencial (BAJER, 1959; SASAKI, 1951; MATÉRN & SIMAK, 1968).

7.2 - Comparação com dados de literatura

Variação nos dados cariotípicos é observada ao se compararem os resultados apresentados por outros autores para a quase totalidade dos 18 táxons de *Phaseolus*, *Vigna* e *Macroptilium* estudados no presente trabalho. Os estudos foram feitos independentemente, porém, na grande maioria dos casos, não se observa concordância quanto aos resultados obtidos, tanto no que se refere à forma e ao tamanho dos cromossomos, como à visualização de satélites.

Os inúmeros fatores responsáveis para justificar tais discordâncias foram discutidos por FORNI-MARTINS (1984), destacando-se: a) variação genética existente entre indivíduos de uma mesma espécie; b) idade e condição ambiente a que a planta esteve submetida; c) diferentes procedimentos de técnica; d) contração cromatínica diferencial e e) critérios para a classificação dos cromossomos, especialmente importantes para casos de centrômeros localizados em regiões de transição, ou seja, mediana e submediana, ou entre esta e a subterminal.

Outro problema que deve ser discutido é a complexidade taxonômica dos grupos, que pode ter dificultado a identificação específica dos materiais estudados citologicamente por diferentes autores e levado a incorreções nas determinações. Entretanto, não há argumentos suficientes para se fazer tal discussão, uma vez que na maioria dos trabalhos referentes à elaboração de cariótipos de espécies de *Phaseolus* (s.l.) não é citada a

inclusão de material botânico testemunha em herbário.

Além disso, outro fator que pode explicar as diferenças obtidas em trabalhos distintos para uma mesma espécie é o número de células utilizadas para a elaboração de cariótipos. Em alguns casos, apenas uma ou duas células foram analisadas. Essa amostragem pode ser considerada pequena, em virtude de que nos gêneros estudados os resultados entre células variam, de acordo com o apresentado por MARÉCHAL (1969, 1970) e também no presente trabalho. Nestes casos, o resultado final para cada espécie refere-se à média de valores obtidos em diversas células.

Acresçam-se àqueles fatores, inerentes ao próprio trabalho citológico, a dificuldade para evidenciar com nitidez a morfologia dos cromossomos, além do tamanho bastante reduzido dos mesmos, variável de 1 a 3 μ m entre os onze pares cromossômicos das diversas espécies aqui analisadas.

Embora no presente trabalho a observação da morfologia cromossômica tenha sido feita através de técnicas convencionais de coloração, aqui também serão comparados e discutidos resultados obtidos por outros autores mediante técnicas de bandamento cromossômico, que, em muitos casos, permitem, com maior grau de precisão, a identificação de cada um dos pares cromossômicos das espécies estudadas. Apesar de em alguns daqueles trabalhos não se observar perfeita correlação entre as características cromossômicas descritas nos resultados e as observáveis em suas fotografias, ainda assim foram incluídas na presente revisão.

No presente trabalho não foram utilizadas técnicas de bandamento cromossômico devido a citações de literatura de que tais técnicas nem sempre dão bons resultados em cromossomos pequenos, como é o caso do grupo de plantas aqui estudado. Isso foi confirmado num trabalho recente sobre citotaxonomia de espécies brasileiras de *Stylosanthes*, leguminosa cujos cromossomos são de mesmo tamanho ou ligeiramente maiores que os

das espécies aqui estudadas. O emprego da técnica de bandamento C, que revela a presença de blocos heterocromáticos, não mostrou a presença de bandas (VIEIRA, 1988).

O tamanho reduzido dos cromossomos também dificultou a observação de satélites. Além daquele fator, as diferenças nas observações de diferentes autores no que se refere ao número e posição de satélites podem ser decorrentes da utilização de células metafásicas em estádios não padronizados. Os melhores resultados parecem ser obtidos antes de os cromossomos atingirem seu maior grau de contração.

Outras técnicas, como a do bandamento NOR (região organizadora do nucléolo), por ser altamente específica e corar cromossomos com constrição secundárias, poderiam determinar com maior precisão o número de satélites de uma determinada espécie. Outras vezes, observa-se relação entre o número de cromossomos com satélite na fase de metáfase mitótica e o número de cromossomos (bivalentes) ligados ao nucléolo nos estádios finais da prófase I, em meiose. Embora nenhum dos dois tipos de análise tenha sido desenvolvida no presente trabalho, citações de literatura serão aqui analisadas para discutir sobre o número de cromossomos portadores de satélite mais provável para cada espécie.

A grande variação observada entre os cariótipos de uma espécie, já mencionada anteriormente, será discutida com maiores detalhes para cada uma das espécies aqui estudadas. Para tal discussão levaram-se em consideração os nomes científicos antigos de cada espécie, fazendo-se a equiparação específica de acordo com a revisão taxonômica apresentada por MARÉCHAL et al. (1978) ou de FEVEREIRO (1979). Tais sinonímias também estão transcritas no presente trabalho, no item 5.2 (MATERIAL E MÉTODOS - Tratamento Taxonômico). Nas TABELAS 23 a 32 serão comparadas as fórmulas cariotípicas de cada espécie, segundo diferentes autores. Em outros trabalhos, os autores não apresentaram ideogramas ou fórmulas cariotípicas de uma

determinada espécie, porém descreveram diversos aspectos morfológicos dos cromossomos, de modo que também serão aqui analisados.

Na análise comparativa dos trabalhos realizados por diversos autores, pode-se observar sempre uma maior aproximação entre os resultados obtidos no presente trabalho com os de MARÉCHAL (1969, 1970). Essa semelhança refere-se aos valores de comprimento individual de cromossomos e de CTC e, na grande maioria dos casos, não é absoluta, ou seja, não há coincidência de valores em μm . Na verdade, a semelhança dos resultados é relativa, e pode ser observada analisando-se o padrão de variação nos comprimentos cromossômicos das várias espécies comuns ao presente trabalho e ao de MARÉCHAL (1969, 1970). É muito interessante tal semelhança, principalmente considerando que aquele autor utilizou-se de uma técnica citológica bastante diversa da empregada no presente trabalho. Diferentemente, não fez qualquer tipo de pré-tratamento e, além disso, as preparações citológicas foram obtidas mediante cortes em micrótomo, e não pela técnica de esmagamento. Dentre 13 espécies comuns, em oito o valor de CTC aqui obtido é maior que o apresentado por MARÉCHAL (1969, 1970), o que é um dado inesperado, considerando-se que o pré-tratamento aqui utilizado deve provocar maior grau de contração dos cromossomos.

1 - *Macroptilium atropurpureum* (DC.) Urban

Alguns detalhes morfológicos de cromossomos de *M. atropurpureum* foram apresentados por MARÉCHAL (1970), como o comprimento total de cromatina (CTC), igual a 46,89 μm . A variação no comprimento cromossômico foi de 1,53 a 2,85 μm . O autor observou, em algumas células, um par cromossômico portador de satélite.

A fórmula cariotípica da espécie foi inicialmente apresentada por SINGH & ROY (1970), que mencionaram cromossomos variando de 0,6 a 1,2 μm de comprimento. Seis pares cromossômicos eram maiores que 1,0 μm , tendo um deles centrômero em posição mediana e cinco em posição submediana. Os restantes cinco pares mediam menos que 1,0 μm , sendo que dois apresentavam centrômeros medianos e três submedianos. O CTC e o índice TF% foram apresentados como sendo iguais a 23,05 μm e a 44,50, respectivamente.

Descrições de caracteres morfológicos de cromossomos também foram apresentados por SARBHOY (1977, 1978a, 1980), não havendo perfeita concordância nos resultados apresentados em três trabalhos diferentes. Nos dois primeiros, os resultados foram idênticos quanto ao CTC (30,90 μm) e quanto à variação dos comprimentos cromossômicos (1,0 a 1,8 μm). No segundo trabalho, outros detalhes foram apresentados. Os dois maiores pares cromossômicos mediam 1,8 μm , tendo constrição primária em posição quase mediana. Outros seis pares tinham comprimento de 1,30 a 1,65 μm , com constrição primária submediana, enquanto os três menores mediam 1,0 μm e tinham centrômero em posição mediana.

No terceiro trabalho de SARBHOY (1980) a posição centromérica e o tamanho de alguns pares cromossômicos foram citados como diferentes, embora o CTC e a variação nos tamanhos cromossômicos tenham sido os mesmos que os relatados em trabalhos anteriores. Entretanto, dentre os seis pares agora citados como maiores que 1,0 μm , dois eram medianos e quatro submedianos. Os outros cinco pares restantes mediam 1,0 μm , sendo três metacêntricos e dois submetacêntricos. O índice TF% da espécie foi citado como igual a 45,20.

Já no trabalho de SINHA & ROY (1979a) os resultados apresentados diferem bastante dos de SARBHOY (1978a, 1980). O CTC foi citado como sendo igual a 33,98 μm e os cromossomos variaram de 1,33 a 1,99 μm . Cinco pares cromossômicos tinham

centrômero em posição mediana e seis em posição submediana. O índice TF% foi de 41,20.

No presente trabalho, o CTC foi de 43,0 μ m (TABELA 21) e os cromossomos variaram de 1,39 a 2,73 μ m, dos quais apenas quatro foram maiores que 2,0 μ m. Apenas o menor par cromossômico apresentou constricção primária em posição submediana. Os demais pares foram medianos (TABELA 2). O índice TF% foi de 44.91 (TABELA 21).

Valores comparativos de CTC e de TF%, assim como fórmulas cariotípicas de *M. atropurpureum* apresentados pelos diversos autores aqui citados, podem ser vistos na TABELA 23.

Embora MARÉCHAL (1970) tivesse visualizado satélites em um par cromossômico, conforme se pode observar na TABELA 23, nenhum dos outros autores menciona a ocorrência de tais estruturas, talvez devido à própria dificuldade de observação já discutida anteriormente. No estudo de SINHA & ROY (1979b), em que foram feitas observações sobre a microsporogênese de diversas espécies do grupo, os autores também citaram a presença de apenas um bivalente ligado ao nucléolo em prófase I, o que parece confirmar que em mitose, um par cromossômico deva apresentar constricção secundária, ou seja, ser portador de satélite.

TABELA 23- Valores de CTC, em micrômetros, de TF% e fórmulas cariotípicas de *Macroptilium atropurpureum*, segundo diversos autores. Posição do centrômero : m- mediana; nm- quase mediana; sm- submediana. Comprimento cromossômico: B- entre 2 e 3 μ m; C- entre 1 e 2 μ m; D- menor do que 1 μ m.

AUTORES	CTC	TF%	FÓRMULA CARIOTÍPICA
MARÉCHAL (1970)	46,89	-	-
SINGH & ROY (1970)	23,05	44,50	1m(C) + 5sm(C) + 2m(D) + 3sm(D)
SARBHOY (1977)	30,90	-	-
SARBHOY (1978a)	30,90	-	2nm(C) + 6sm(C) + 3m(C)
SARBHOY (1980)	30,90	45,40	5m(C) + 6sm(C)
SINHA & ROY (1979a)	33,98	41,20	5m(C) + 6sm(C)
NESTE TRABALHO	43,00	44,91	5m(B) + 5m(C) + 1sm(C)

2 - *Macroptilium bracteatum* (Nees & Mart.) Maréchal & Baudet

Valores de CTC para *M. bracteatum* foram inicialmente apresentados por SARBHOY (1977, 1978a, 1980) como sendo iguais a 30,80 μ m. Nos três trabalhos citados o autor mencionou uma variação do comprimento cromossômico de 1,0 a 1,8 μ m. Três pares eram menores que 1,0 μ m, todos metacêntricos. Dentre os outros pares maiores, três eram metacêntricos e seis eram submetacêntricos. Destes últimos, um apresentava satélite. O índice TF% foi de 45,60 (SARBHOY, 1980).

JOSEPH & BOUWKAMP (1978) também estudaram a morfologia de cromossomos daquela espécie, descrevendo apenas os comprimentos dos dois braços de cada par cromossômico. A análise daqueles resultados foi feita no presente trabalho sendo possível determinar que os cromossomos variaram de 1,42 a 2,46 μ m, sendo o CTC igual a 43,26 μ m. Sete pares eram maiores que 2,0 μ m, sendo que quatro tiveram centrômero em posição mediana e três em posições submediana, dos quais um era portador de satélite. Dentre os cromossomos menores que 2,0 μ m, dois eram

metacêntricos e três submetacêntricos, sendo que um destes também apresentava satélite. Assim, a espécie foi descrita como tendo dois pares cromossômicos com satélite, mais precisamente o segundo e o oitavo, em ordem decrescente de tamanho. O índice TF% apresentado era de 43,40.

No presente trabalho, o CTC obtido foi de 47,58 μm (TABELA 21) e os cromossomos variaram de 1,44 a 2,85 μm . Dentre os pares maiores que 2,0 μm , apenas um teve centrômero em posição submediana, enquanto os outros seis foram metacêntricos (TABELA 3). O índice TF% aqui obtido foi de 43,72 (TABELA 21).

Valores comparativos de CTC, de TF% e fórmulas cariotípicas de *M. bracteatum*, segundo os diversos autores aqui mencionados, podem ser observados na TABELA 24.

Embora no presente trabalho tenha sido observado apenas um par portador de satélite, o número mais provável para a espécie parece ser dois. Tal número foi observado por JOSEPH & BOUWKAMP (1978), o que também coincide com o número de bivalentes ligados ao nucléolo em prófase I, na meiose, relatado por SARBHOY (1978a). Coincidentemente, a existência de satélite foi evidenciada no segundo maior par cromossômico, tanto por JOSEPH & BOUWKAMP (1978) como no presente trabalho.

TABELA 24- Valores de CTC, em micrômetros, de TF% e fórmulas cariotípicas de *Macroptilium bracteatum*, segundo diversos autores. Posição do centrômero: m- mediana; sm- submediana. Comprimento cromossômico: B- entre 2 e 3 μ m; C- entre 1 e 2 μ m; D- menor que 1 μ m. Satélite: *

AUTORES	CTC	TF%	FÓRMULA CARIOTÍPICA
SARBHOY (1977)	30,80	-	-
SARBHOY (1978a)	30,80	-	-
SARBHOY (1980)	30,80	45,60	3m(C) + 5sm(C) + 1sm(C)* + 3m(D)
JOSEPH & BOUWKAMP (1978)	43,26	43,40	4m(B) + 2sm(B) + 1sm(B)* + 2m(C) + 1sm(C) + 1sm(C)*
NESTE TRABALHO	47,58	43,72	5m(B) + 1m(B)* + 1m(B) + 4m(C)

3 - *Macroptilium erythroloma* (Bentham) Urban

A espécie *M. erythroloma* foi pouco estudada do ponto de vista citogenético, sendo a sua fórmula cariotípica originalmente apresentada no presente trabalho.

Anteriormente, apenas MARÉCHAL (1970) apresentara alguns resultados sobre a morfologia de cromossôms da espécie. Assim, o CTC era citado como sendo igual a 40,25 μ m. O menor e o maior pares cromossômicos mediam, respectivamente, 1,39 e 2,38 μ m. Aquele autor ainda citou a presença de, no máximo, um par cromossômico com satélite.

No presente trabalho, o CTC obtido foi de 39,48 μ m, observando-se a variação dos comprimentos cromossômicos em valores bem próximos aos apresentados por MARÉCHAL (1970), ou seja, o mais curto tendo 1,42 μ m e o mais longo até 2,39 μ m. Todos os onze pares foram metacêntricos, sendo apenas três maiores que 2,0 μ m (TABELA 4). O segundo maior par cromossômico apresentou satélite, de forma que em termos de número de

cromossomos com constrição secundária também houve concordância com as observações de MARÉCHAL (1970). O índice TF% da espécie foi de 48,69 (TABELA 21), indicando um cariótipo bastante simétrico.

4 - *Macroptilium lathyroides* (L.) Urban

Os primeiros resultados sobre cromossomos de *M. lathyroides* foram apresentados por MARÉCHAL (1970), que mencionou o CTC igual a 32,19 μm . A variação dos comprimentos cromossômicos foi de 1,46 a 1,99 μm . O autor ainda mencionou a existência de, no máximo, um par cromossômico com satélite.

SINGH & ROY (1970) também apresentaram resultados sobre o CTC, igual a 26,11 μm e sobre o comprimento individual dos cromossomos, com uma variação de 0,84 a 1,58 μm ; apenas dois deles eram menores que 1,0 μm . Pela primeira vez era apresentada a fórmula cariotípica, sendo que dentre os nove pares maiores que 1,0 μm , três eram metacêntricos e seis submetacêntricos. Os dois pares menores eram descritos como metacêntricos. O índice TF% era apresentado como igual a 47,37.

Outras informações foram apresentadas por THUAN (1975), que descreveu a variação cromossômica entre 1,5 e 1,8 μm . Um par era considerado metacêntrico e outros eram provavelmente submetacêntricos, a se considerar a descrição feita pelo autor.

SARBHOY (1977, 1978b, 1980) estudou a espécie sob a denominação de *Phaseolus semierectus* L.. No trabalho de 1977, eram citados o CTC como igual a 28,60 μm e a variação dos comprimentos cromossômicos entre 0,85 e 1,80 μm . Apenas quatro pares de cromossomos eram menores que 1,0 μm (SARBHOY, 1978b). Maiores detalhes foram apresentados no terceiro trabalho (SARBHOY, 1980), como o índice TF% igual a 39,80 e a fórmula cariotípica da espécie. Observando-se aquela fórmula, verifica-

-se que, então, apenas três pares foram citados como menores que 1 μ m, tendo um deles centrômero em posição submediana e dois em posição subterminal.

Fórmulas cariotípicas para a espécie também foram apresentadas por JOSEPH & BOUWKAMP (1978), que mostraram sete pares cromossômicos menores que 1,0 μ m, com uma variação de tamanho de 0,72 a 1,43 μ m. O CTC era de apenas 22,34 μ m e o índice TFX de 42,20. Dentre os cromossomos maiores, os dois primeiros eram metacêntricos e os outros, submetacêntricos. Dentre os menores, quatro eram metacêntricos, dois submetacêntricos e um tinha centrômero em posição subterminal. O segundo maior par era portador de satélite.

No presente trabalho, o CTC obtido foi de 35,46 μ m (TABELA 21), observando-se variação de 1,07 a 2,18 μ m no comprimento dos cromossomos. Dois pares foram maiores que 2,0 μ m. Todos os onze pares tinham centrômero em posição mediana (TABELA 5). O índice TFX da espécie foi de 47,16 (TABELA 21).

Na TABELA 25, podem ser observados, comparativamente, valores de CTC, de TFX e fórmulas cariotípicas de *M. lathyroides*, de acordo com os resultados apresentados pelos diversos autores aqui mencionados.

TABELA 25- Valores de CTC, em micrômetros, de TF% e fórmulas cariotípicas de *Macroptilium lathyroides*, segundo diversos autores. Posição do centrômero: m- mediana; sm- submediana; st- subterminal. Comprimento cromossômico: C- entre 1 e 2 μ m; D- menor que 1 μ m. Satélite: *.

AUTORES	CTC	TF%	FÓRMULA CARIOTÍPICA
MARÉCHAL (1969,1970)	32,19	-	-
SINGH & ROY (1970)	26,11	47,76	3m(C) + 6sm(C) + 2m(D)
THUAN (1975)	32,19	-	1m(C) + 10sm(C)
JOSEPH & BOUWKAMP (1978)	22,34	42,20	1m(C) + 1m(C)* + 2sm(C) + 4m(D) + 2sm(D) + 1st(D)
SARBHOY (1977,1978b)	28,60	-	-
SARBHOY (1980)	28,60	39,80	5sm(C) + 3m(C) + 1sm(D) + 2st(D)
NESTE TRABALHO	35,46	47,16	2m(B) + 9m(C)

5 - *Macroptilium sabaraense* (Hoehne) V.P. Barbosa Fevereiro

Informações sobre dados cariotípicos de *M. sabaraense* não são disponíveis em trabalhos anteriores. A espécie apresentou $2n=22$ cromossomos, como a grande maioria das espécies estudadas. Todos os seus cromossomos foram metacêntricos e o índice TF% foi igual a 45,64 (TABELA 21). Os cromossomos variaram de 1,31 a 2,63 μ m. Apenas três pares foram maiores que 2,0 μ m, um dos quais com constricção secundária (TABELA 6). O comprimento total de cromatina da espécie foi igual a 40,72 μ m (TABELA 21).

6 - *Phaseolus acutifolius* A. Gray

Os primeiros resultados referentes à determinação de tamanho dos cromossomos de *P. acutifolius* foram apresentados por

MARÉCHAL (1969, 1970). O CTC da espécie foi apresentado como igual a 45,51 μm . O maior e o menor pares cromossômicos do complemento mediam 2,73 e 1,49 μm , respectivamente. O autor mencionou a ocorrência de um par cromossômico com satélite. Não foram apresentadas informações referentes à localização de centrômeros.

SARBHOY (1977, 1978a, 1980) também apresentou dados sobre cromossomos daquela espécie. O CTC mencionado era de 36,20 μm e os cromossomos variaram de 1,0 a 2,5 μm . Os cromossomos eram divididos em três grupos, de acordo com o comprimento. Assim, três pares eram classificados como longos (2,2 a 2,5 μm), cinco como médios (1,5 a 1,8 μm) e três como pequenos (1,0 μm). Em 1980, aquele autor apresentou a fórmula cariotípica da espécie, podendo-se verificar pequenas diferenças em tamanho quando são feitas comparações com os dados apresentados anteriormente (SARBHOY, 1978a). Assim, na fórmula cariotípica encontram-se quatro cromossomos maiores, com comprimento variando de 2,0 a 2,5 μm , ao invés de três mencionados anteriormente. Daqueles quatro, um era metacêntrico e portador de satélite, enquanto os outros eram submetacêntricos. Dentre os cromossomos de tamanho médio, SARBHOY (1978) mencionara a ocorrência de cinco pares, mas em 1980 apresentou três pares na fórmula cariotípica, todos submetacêntricos. Da mesma forma, foram observadas diferenças em relação aos cromossomos menores, com 1,0 μm de comprimento. Ao invés de três, a fórmula cariotípica apresentava quatro pares metacêntricos com aquele tamanho. O índice TFX da espécie era de 48,17.

No presente trabalho, o CTC obtido foi igual a 49,26 μm (TABELA 21), observando-se que os comprimentos cromossômicos ficaram compreendidos entre 1,64 e 2,91 μm , sendo que apenas quatro pares foram menores que 2,0 μm . Todos apresentaram centrômeros em posição mediana. O segundo maior par cromossômico foi portador de satélite (TABELA 7). O índice TFX obtido para a

espécie foi igual a 45,27 (TABELA 21).

A TABELA 26 mostra valores de CTC, de TF% e fórmulas cariotípicas de *P. acutifolius*, de acordo com os autores aqui citados.

TABELA 26- Valores de CTC, em micrômetros, de TF% e fórmulas cariotípicas de *Phaseolus acutifolius*, segundo diversos autores. Posição de centrômero: m- mediana; sm- submediana. Comprimento cromossômico: B- entre 2 e 3 μ m; C- entre 1 e 2 μ m. Satélite: *.

AUTORES	CTC	TF%	FÓRMULA CARIOTÍPICA
MARÉCHAL (1969, 1970)	45,51	-	-
SARBHOY (1980)	36,20	48,17	1m(B)* + 3sm(B) + 3sm(C) +4m(C)
NESTE TRABALHO	49,26	45,27	6m(B) + 1m(B)* + 4m(C)

7 - *Phaseolus anisotrichus* Schlecht.

A espécie *P. anisotrichus* é a única dentre as aqui estudadas a apresentar número cromossômico distinto, com $2n = 20$. Tal número já havia sido previamente reportado por MARÉCHAL (1970), sendo uma das poucas exceções a $2n = 22$, ocorrente para a quase totalidade das espécies de *Phaseolus*, de *Vigna* e de *Macroptilium* conhecidas até o presente momento.

MARÉCHAL (1970) citou o CTC como igual a 37,66 μ m, tendo o par cromossômico mais longo e o mais curto comprimento de 2,54 e 1,41 μ m, respectivamente. O autor citou a ocorrência de um par cromossômico com satélite.

No presente trabalho, além da confirmação do número cromossômico daquela espécie, os resultados obtidos para o tamanho e para a forma dos cromossomos foram também semelhantes aos apresentados por MARÉCHAL (1970). A variação do comprimento

cromossômico foi de 1,32 a 2,33 μm , sendo que apenas três pares ultrapassaram 2,0 μm . Todos os centrômeros localizaram-se em posição mediana. Não foi constatada a ocorrência de satélite naquela espécie (TABELA 8). O comprimento total de cromatina foi igual a 36,0 μm e o índice TF% igual a 44,30 (TABELA 21).

8 - *Phaseolus coccineus* L.

A morfologia de cromossomos somáticos de *P. coccineus* foi estudada por diversos autores, não só através de técnicas simples de coloração, como através de técnicas de bandamento, que permitem um melhor reconhecimento de cada par cromossômico. Cromossomos politênicos do tecido suspensor do embrião também foram analisados por outros autores, sob diferentes técnicas, permitindo a avaliação do número de pares portadores de satélite. Também são disponíveis dados sobre a forma dos cromossomos na fase de diplôteno, em meiose.

Dentre os autores que obtiveram dados cariotípicos através de técnicas simples de coloração, MARÉCHAL (1969, 1970) apresentou o CTC da espécie como sendo igual a 43,55 μm . Os comprimentos cromossômicos variaram de 1,97 a 2,58 μm . O autor verificou a ocorrência de um par com satélite.

A mesma espécie, sob a denominação de *P. obvallatus*, também foi estudada por MARÉCHAL (1970), que apresentou valores um pouco maiores para o comprimento dos cromossomos. Assim, o CTC foi de 47,93 μm , com variação de 2,17 a 2,68 μm entre o menor e o maior par cromossômico. Também foi observado um par cromossômico com satélite. MARÉCHAL et al. (1978) apresentaram aquela entidade taxonômica como uma subespécie de *P. coccineus*, ou seja, subsp. *obvallatus* (Schlent) Maréchal, Mascherpa & Stainier.

MARÉCHAL (1970) também apresentou dados sobre a espécie sob a denominação de *P. formosus*, sendo os resultados quase idênticos aos descritos pelo autor para a subsp. *obvallatus*, quanto ao comprimento e ao número de satélites. Assim, o CTC era igual a $47,23 \mu\text{m}$ e os cromossomos variaram de $2,14$ a $2,69 \mu\text{m}$. Atualmente aquela entidade também é considerada por MARÉCHAL et al. (1978) como uma subespécie de *P. coccineus*, ou seja, subsp. *formosus* (H.B.K.) Maréchal, Mascherpa & Stainier.

Detalhes cromossômicos também foram apresentados por THUAN (1975), que não conseguiu reconhecer todos os pares. Assim, três pares cromossômicos mediam $2,6 \mu\text{m}$, dos quais um era metacêntrico. Cinco pares tinham $2,0 \mu\text{m}$ de comprimento, sendo um metacêntrico e o restante, provavelmente, submetacêntricos. Os demais pares cromossômicos menores, em número de três, mediam $1,5 \mu\text{m}$ de comprimento. Através dos resultados, pôde-se constatar CTC igual a $44,6 \mu\text{m}$.

SARBHOY (1977, 1978b, 1980) também fez o estudo citogenético da espécie, que era então denominada *P. multiflorus* Wild. Em 1977, SARBHOY (1977) determinou o valor de $35,20 \mu\text{m}$ para o CTC, indicando uma variação de $1,0$ a $2,4 \mu\text{m}$ para o comprimento dos cromossomos. Posteriormente, SARBHOY (1978) confirmou os resultados anteriores, acrescentando que apenas três pares eram maiores que $2,0 \mu\text{m}$. No terceiro trabalho, SARBHOY (1980) apresentou a fórmula cariotípica da espécie, notando-se pequenas diferenças em relação aos resultados dos trabalhos anteriores, pois agora somente dois pares cromossômicos eram maiores que $2,0 \mu\text{m}$, tendo centrômero em posição submediana. Outros seis pares tiveram tamanho intermediário, entre 1 e $2 \mu\text{m}$, sendo quatro submetacêntricos e dois metacêntricos. Outros três pares, menores que $1,0 \mu\text{m}$, eram metacêntricos. O índice TFX apresentado era igual a $46,57$.

Comprimentos de braços cromossômicos de *P. coccineus* foram publicados por JOSEPH & BOUWKAMP (1978) também sob a denominação de *P. multiflorus*. Os cromossomos variaram de 0,96 a 1,59 μm de comprimento e a análise dos resultados permitiu determinar o CTC como sendo igual a 26,98 μm . Dentre os nove pares maiores que 1,0 μm , apenas um era submetacêntrico e os demais, metacêntricos. Entre os outros dois menores, um era metacêntrico e outro submetacêntrico. O índice TFX calculado era de 42,02.

Finalizando os resultados obtidos através de técnica simples de coloração de cromossomos somáticos, mencionam-se os do presente trabalho. Aqui, o CTC foi de 39,85 μm (TABELA 21) e os cromossomos variaram de 1,61 a 3,10 μm de comprimento (TABELA 9). A fórmula cariotípica mostrou um único par maior que 3,0 μm , que teve centrômero em posição mediana e satélite (TABELA 20). Tal estrutura também foi visualizada no segundo e no quarto maiores pares cromossômicos, ambos submetacêntricos. Outros quatro pares medindo de 2,0 a 3,0 μm dividiram-se igualmente entre metacêntricos e submetacêntricos. Dentre os pares cromossômicos menores que 2,0 μm , três foram considerados metacêntricos e um submetacêntrico. O índice TFX da espécie foi 39,85 (TABELA 21).

Valores comparativos de CTC, de TFX e fórmulas cariotípicas de *P. coccineus*, apresentados pelos diversos autores aqui citados, podem ser vistos na TABELA 27.

Como já mencionado anteriormente, outros autores utilizaram a técnica de bandamento cromossômico para tentar elaborar o cariótipo da espécie. Através de uma técnica modificada de coloração com Giemsa, MOK & MOK (1976) classificaram os cromossomos, em prófase mitótica, em três grupos, de acordo com o tamanho, ou seja, dois pares longos, cinco intermediários e quatro curtos. Cada par apresentou um padrão diferencial de bandas. Dois pares de tamanho intermediário foram apontados como portadores de satélite, ou seja, o terceiro e o quarto em ordem decrescente de tamanho.

NAGL (1965) estudou cromossomos politênicos do tecido suspensor do embrião e pôde identificar dois pares cromossômicos com região organizadora de nucléolo, ou seja, com constricção secundária, denominando-os por I ou SI e par V ou S2.

TABELA 27- Valores de CTC, em micrômetros, de TFX e fórmulas cariotípicas de *Phaseolus coccineus*, segundo diversos autores. Posição do centrômero: m- mediana; sm- submediana. Comprimento cromossômico: A- entre 3 e 4 μ m; B- entre 2 e 3 μ m; C- entre 1 e 2 μ m; D- menor que 1 μ m. Satélite: *.

AUTORES	CTC	TFX	FÓRMULA	CARIOTÍPICA
MARÉCHAL (1969,1970)	43,55	-		-
MARÉCHAL (1970)	47,93	-		-
THUAN (1975)	44,60	-		-
SARBHOY (1977, 1978b)	35,20	-		-
SARBHOY (1980)	35,20	46,57	2sm(B) + 4sm(C) + 2m(C) + 3m(D)	
JOSEPH & BOUWKAMP (1978)	26,98	42,02	1sm(C) + 8m(C) + 1m(D) + 1sm(D)	
NESTE TRABALHO	49,34	39,85	1sm(A)* + 2m(B) + 2sm(B)* + 2sm(B) + 3m(C) + 1sm(C)	

Posteriormente, utilizando RNA ribossômico tritiado e hibridação com DNA também em cromossomos politênicos, para verificar a localização de cistrons ribossômicos, AVANZI et al. (1972) confirmaram os resultados obtidos por NAGL (1967) quanto ao número de cromossomos com região organizadora do nucléolo, indicando, então, os pares I e IV. Além destes, também foi verificada a presença de cistrons ribossômicos no segmento heterocromático proximal do braço longo do par I e no segmento heterocromático terminal do par II, porém nenhuma estrutura similar a nucléolo foi observada naquelas regiões.

Também com o objetivo de verificar o número de satélites na espécie, SCHWEIZER & AMBROS (1979) estudaram,

através da técnica de bandas-C, cromossomos mitóticos de pontas de raiz e cromossomos politênicos do tecido suspensor do embrião. Citaram a ocorrência de três pares com constricção secundária, embora não tivessem apresentado a morfologia de cada um deles. Tais resultados foram confirmados através da técnica de bandamento NOR, com coloração pela prata, que é específica para determinar as regiões organizadoras do nucléolo.

Cheng (1979 apud CHENG & BASSET, 1981) estudou a morfologia de cromossomos meióticos na fase de diplóteno e verificou a ocorrência de resultados bastante semelhantes aos posteriormente apresentados para *P. vulgaris* (CHENG & BASSET, 1981). Foi possível diferenciar cada um dos pares através de seu padrão de bandas, apesar de não serem determinados os comprimentos dos pares cromossômicos e as respectivas posições centroméricas. O sexto par cromossômico portava satélite.

Assim, além das diferenças de forma e tamanho dos cromossomos já apresentadas na TABELA 27, os relatos sobre o número de pares cromossômicos portadores de satélite são bastante contraditórios, com variação de zero a três.

Citações de apenas um par com satélite foram apresentadas por MARÉCHAL (1969,1970), por Cheng (1979 apud CHENG & BASSET, 1981), por SARBHOY (1978b) e por SINHA & ROY (1979b), sendo que, nos últimos dois trabalhos, o resultado foi obtido através da observação de bivalentes ligados ao nucléolo, em prófase meiótica.

Dois pares cromossômicos com constricção secundária foram observados em células mitóticas nas posições 1 e 4 por MOK & MOK (1976), número também visto em cromossomos politênicos por NAGL (1967) e por AVANZI et al. (1972), que indicaram os pares I e V. No último trabalho foi verificada atividade ribossômica também no par II e, embora não tivesse sido vista uma região organizadora de nucléolo propriamente dita, tal observação pode estar relacionada à citação de três pares com satélite, feita no

presente trabalho nas posições 1,2 e 4 e também por SCHWEIZER & AMBROS (1979).

9 - *Phaseolus filiformis* Bentham

Detalhes sobre o tamanho de cromossomos de *P. filiformis* foram inicialmente apresentados por MARÉCHAL (1969,1970). O CTC era citado como igual a 37,34 μ m e o comprimento individual de cromossomos variou de 1,25 a 2,17 μ m. Era citada a ocorrência de um par cromossômico com satélite (MARÉCHAL, 1969).

No presente trabalho, os dados obtidos concordam bastante com os apresentados por aquele autor. Assim, o CTC tem o valor aproximado de 34,54 μ m (TABELA 21), sendo o menor dentre os aqui apresentados na TABELA 33. Houve também concordância no comprimento do par cromossômico mais longo (2,17 μ m), enquanto que para o mais curto o valor ficou um pouco mais abaixo do apresentado por MARÉCHAL (1969, 1970), atingindo valores de 1,06 μ m. Todos os pares cromossômicos apresentaram centrômero em posição mediana (TABELA 10). O índice TF% foi igual a 46,18 (TABELA 21).

10 - *Phaseolus lunatus* L.

MARÉCHAL (1969, 1970) apresentou os primeiros resultados sobre medidas cromossômicas de *P. lunatus*. O CTC era descrito como igual a 42,41 μ m, sendo citada uma variação de 1,40 a 2,37 μ m para os comprimentos dos cromossomos. Era apresentado um par cromossômico com satélite.

Outras informações foram obtidas no trabalho de THUAN (1975). Três pares cromossômicos mediam 2,0 μ m, sendo um

metacêntrico e outros dois submetacêntricos. Os demais cromossomos com $0,5 \mu\text{m}$ de comprimento, constituindo um par metacêntrico e sete provavelmente submetacêntricos. O CTC calculado era de $20,0 \mu\text{m}$.

SARBHOY (1977, 1978b) determinou o CTC como sendo igual a $35,20 \mu\text{m}$, com os cromossomos variando de $1,0$ a $2,4 \mu\text{m}$ de comprimento, sendo apenas três deles maiores que $2,0 \mu\text{m}$. Posteriormente, SARBHOY (1980) apresentou a fórmula cariotípica da espécie, podendo-se verificar algumas alterações em relação aos resultados anteriores. Assim, cinco pares foram classificados como maiores que $2,0 \mu\text{m}$, cinco entre $1,0$ e $2,0 \mu\text{m}$ e dois menores que $1,0 \mu\text{m}$. A maior parte tinha centrômero em posição mediana, com exceção daqueles com tamanho intermediário. Um dos pares cromossômicos maiores que $2,0 \mu\text{m}$ apresentava satélite. O índice TFX era de 47,15.

O valor de CTC apresentado por SINHA & ROY (1979a) era de $31,86 \mu\text{m}$, tendo os cromossomos variado de $1,19$ a $1,99 \mu\text{m}$ de comprimento. A fórmula cariotípica mostra sete cromossomos com centrômero em posição mediana, três em posição submediana e um em posição subterminal. O índice TFX era de 45,13.

No presente trabalho, o CTC obtido foi de $45,18 \mu\text{m}$ (TABELA 21). Os cromossomos variaram de $1,52$ a $2,67 \mu\text{m}$ de comprimento, sendo cinco pares menores que $2,0 \mu\text{m}$. Todos os pares foram classificados como metacêntricos, à exceção do primeiro e do quarto, descritos como submetacêntricos e também como portadores de satélite (TABELA 11). O índice TFX foi de 42,95 (TABELA 21).

Também para aquela espécie não há consenso quanto ao número de pares com satélite, com citações de zero, como no trabalho de SINHA & ROY (1979a), até dois, no presente trabalho. O número mais freqüentemente citado é de um par de cromossomos com satélite, tanto nos trabalhos com cromossomos mitóticos (MARÉCHAL, 1969), como em outros, onde bivalentes em prófase

meiótica foram observados em associações com o nucléolo (SARBHOY, 1978b; SINHA & ROY, 1979b).

Valores comparativos de CTC, de TF% e fórmulas cariotípicas de *P. lunatus*, segundo os diversos autores aqui mencionados, podem ser observados na TABELA 28.

TABELA 28- Valores de CTC, em micrômetros, de TF% e fórmulas cariotípicas de *Phaseolus lunatus*, segundo diversos autores. Posição do centrômero: m- mediana; sm- submediana; st- subterminal. Comprimento cromossômico: B- entre 2 e 3 μ m; C- entre 1 e 2 μ m; D- menor que 1 μ m. Satélite: *.

AUTORES	CTC	TF%	FÓRMULA CARIOTÍPICA-
MARÉCHAL (1969, 1970)	42,41	-	-
THUAN (1975)	20,00	-	1m(B) + 2sm(B) + 1m(D) + 7sm(D)
SARBHOY (1977, 1978b)	35,20	-	-
SARBHOY (1980)	35,20	47,15	4m(B) + 1m(B)* + 5sm(C) + 2m(D)
SINHA & ROY (1979a)	31,86	45,13	7m(C) + 3sm(C) + 1st(C)
NESTE TRABALHO	45,18	42,95	4m(B) + 2sm(B)* + 5m(C)

11 - *Phaseolus vulgaris* L.

Devido à grande importância econômica, a espécie *P. vulgaris*, da mesma forma que *P. coccineus*, foi alvo de numerosos estudos citogenéticos, envolvendo a caracterização morfológica de cromossomos mitóticos, politênicos e meióticos. Os primeiros trabalhos aqui discutidos foram realizados com cromossomos em metáfase mitótica, de meristema de raiz.

MARÉCHAL (1969, 1970) apresentou medidas cromossômicas para cinco introduções diferentes. Era observada uma variação de 34,74 a 42,60 μ m no CTC, tendo a subsp. *aborigineus* (Burkart)

Burkart, cromossomos um pouco maiores que as outras introduções. Considerando todas as introduções, o par cromossômico mais curto variou de 1,01 a 1,43 μ m, enquanto no par mais longo a variação era de 2,01 a 2,50 μ m. Era citada a ocorrência de, no máximo, um par cromossômico com satélite.

O comprimento dos cromossomos também foi relatado por THUAN (1975). Cinco pares eram descritos com o comprimento de 2,5 μ m e os seis pares restantes mediam até 1,3 μ m.

SARBHOY (1977) apresentou o CTC para duas introduções de *P. vulgaris*, ambas com resultados bastante próximos, ou seja, 42,0 e 42,26 μ m, respectivamente. A variação de 1,5 a 3,0 μ m dos comprimentos cromossômicos também era idêntica nas duas introduções. Posteriormente, aquela mesma variação foi novamente citada por SARBHOY (1978b), porém o CTC apresentado era de 48,26 μ m. O autor descreveu apenas um par com 3,0 μ m, que tinha centrômero em posição quase mediana e constricção secundária. Três pares mediam de 2,5 a 2,8 μ m, tendo o centrômero em posição mediana. Outros três pares tinham 2,0 μ m de comprimento e eram submetacêntricos. Os restantes quatro pares menores mediam 1,75 μ m e apresentavam centrômero em posição mediana. Assim, embora SARBHOY (1978b) cite uma variação de 1,5 a 3,0 μ m para os comprimentos cromossômicos da espécie, pela descrição dos pares pode-se verificar que os menores mediam 1,75 μ m. Em 1980, resultados diferentes foram apresentados por SARBHOY (1980), sendo que os cromossomos variavam de 1,5 a 3,0 μ m de comprimento e o CTC era igual a 42,26 ou 42,0 μ m, considerando as duas diferentes introduções. A fórmula cariotípica mostrava apenas quatro pares cromossômicos maiores que 2,0 μ m, todos metacêntricos. Dentre os demais, três pares eram submetacêntricos e quatro metacêntricos. O índice TFX apresentado era de 49,90 e de 49,25 nas respectivas introduções.

SINHA & ROY (1979a) estudaram a espécie sob a denominação de *P. aborigineus*, determinando o valor de 30,54 μ m para o CTC. A variação nos comprimentos cromossômicos era de 1,06 a 1,99 μ m. Quatro pares eram classificados como metacêntricos, seis como submetacêntricos e um como subterminal. O índice TFX apresentado era de 42,50.

No presente trabalho, o valor de CTC obtido foi de 47,32 μ m (TABELA 21). Os pares cromossômicos mais curtos e mais longos mediam, respectivamente, 1,49 e 2,79 μ m. Sete pares foram maiores que 2,0 μ m, dos quais três eram metacêntricos e quatro submetacêntricos. Dois destes submetacêntricos, ou, mais precisamente, o primeiro e o quarto pares, foram portadores de satélite. Dos pares menores que 2,0 μ m, três foram metacêntricos e um submetacêntrico (TABELA 12). O índice TFX obtido para aquela espécie foi igual a 38,73 (TABELA 21).

Na TABELA 29 são apresentados valores de CTC, de TFX e fórmulas cariotípicas de *P. vulgaris* apresentados nos trabalhos aqui mencionados, através de técnica convencional de coloração de cromossomos em metáfase mitótica.

Analisando cromossomos em prófase mitótica, através de uma técnica modificada de coloração com Giemsa, MOK & MOK (1976) puderam analisar o padrão de bandas-C para a espécie. Cada um dos onze pares cromossômicos mostrava um padrão diferencial de bandas. Os cromossomos eram classificados por ordem de tamanho, embora as medidas não tivessem sido apresentadas. Dois pares eram classificados como longos, cinco como intermediários e quatro como curtos. Os autores citaram a ocorrência de satélites no terceiro e no quarto pares cromossômicos.

BHATTACHARYA (1978), aplicando a técnica de bandamento C tanto em cromossomos somáticos de raiz como em cromossomos politênicos do suspensor de embrião, constatou, igualmente, dois pares cromossômicos com satélite, localizados nos dois menores. O par cromossômico mais longo era heteromórfico, sendo que os cinco

seguintes, em ordem decrescente, apresentavam constricção primária em posição submediana e subterminal, e os quatro menores em posição mediana. No cromossomo 9, que era metacêntrico, o autor não observou nenhum padrão de banda.

TABELA 29- Valores de CTC, em micrômetros, de TF% e fórmulas cariotípicas de *Phaseolus vulgaris*, segundo diferentes autores. Posição do centrômero: m- mediana; nm- quase mediana; sm- submediana; nst- quase subterminal. Comprimento cromossômico: A- entre 3 e 4 μm ; B- entre 2 e 3 μm ; C- entre 1 e 2 μm ; D- menor que 1 μm . Satélite: *.

AUTORES	CTC	TF%	FÓRMULA CARIOTÍPICA
MARÉCHAL (1969, 1970)	34,70-42,60	-	-
SARBHOY (1977)	42,00-42,60	-	-
SARBHOY (1978b)	48,26	-	1nm(A)* + 3m(B) + 3sm(B) + 4m(C)
SARBHOY (1980)	42,26	49,90	4m(B) + 3sm(C) + 4m(C)
SARBHOY (1980)	42,00	49,25	4m(B) + 3sm(C) + 4m(C)
SINHA & ROY (1979a)	30,54	42,50	4m(C) + 6sm(C) + 1nst(C)
NESTE TRABALHO	47,32	38,73	3m(B) + 2sm(B)* + 2sm(B) + 3m(C) + 1sm(C)

Cromossomos politênicos já haviam sido anteriormente estudados por NAGL (1969). Aquele autor determinou que a visualização de bandas só era possível quando as plantas eram submetidas a temperaturas mais baixas. Foram vistas cerca de 40 a 160 bandas por cromossomo, havendo uma variação de 60 a 110 μm no comprimento e de 5 a 10 μm na espessura para os diferentes cromossomos. Não foi reconhecido nenhum par cromossômico individualmente.

Cromossomos meióticos, na fase de diplóteno, foram analisados por CHENG & BASSET (1981), que determinaram um padrão de banda específico para cada um dos onze pares cromossômicos da

espécie. Não foram apresentados os comprimentos médios e nem as posições centroméricas de cada par, uma vez que as regiões heterocromáticas estavam dispersas ao longo dos cromossomos e não concentradas ao redor do centrômero. Os pares cromossômicos foram subdivididos em dois grupos, de acordo com o tamanho: no primeiro foram classificados os pares 1 a 6 e, no segundo, os pares 7 a 11. Foi citada a ocorrência de satélite no sexto maior par cromossômico.

O número de cromossomos portadores de satélite também é bastante conflitante, a se compararem os resultados apresentados por diversos autores, variando de zero a dois. Um mesmo autor, Sarbhoy, em duas publicações distintas, apresentou resultados diferentes, com citação de um (SARBHOY, 1978b) ou de nenhum (SARBHOY, 1980). A ocorrência de um par cromossômico com satélite também foi citada por CHENG & BASSET (1981), o que é reforçado pela observação de um bivalente ligado ao nucléolo na prófase meiótica (SARBHOY, 1978b; SINHA & ROY, 1979b). Entretanto, dois é o número de pares cromossômicos com satélite mais comumente apresentado para *P. vulgaris*, havendo diferença apenas quanto à indicação da respectiva posição no ideograma. Assim, no presente trabalho são apontados o primeiro e o quarto pares, o que coincide em parte com as informações de SARBHOY (1978b), ou seja, o primeiro; de MOK & MOK (1976) ou seja, o terceiro e o quarto; e de BHATTACHARYA (1978), ou seja, o primeiro e o segundo.

12 - *Vigna adenantha* (G.F. Meyer) Maréchal, Mascherpa & Stainier

A única informação encontrada em literatura sobre a citogenética de *V. adenantha* refere-se à determinação de seu número cromossômico, relatado como sendo igual à $2n = 22$ por Fernandez (1977 apud GOLDBLATT, 1981b).

O número relatado por aquele autor concorda com o obtido no presente estudo. A elaboração do cariótipo mostrou que seus cromossomos variaram de 1,49 a 2,55 μm de comprimento (TABELA 13), o que leva a um CTC igual a 41,0 μm (TABELA 21). Apenas três pares cromossômicos mostraram-se maiores que 2,0 μm . Todos os cromossomos foram metacêntricos (TABELA 13) e o índice TF% obtido foi igual a 45,34 (TABELA 21). Foi observado um par cromossômico com satélite.

13 - *Vigna candida* (Vellozo) Maréchal, Mascherpa & Stainier

Estudos sobre cromossomos de *V. candida* ainda não eram disponíveis na literatura científica, nem mesmo sobre a contagem do número cromossômico da espécie. No trabalho de FORNI-MARTINS (1986) foi apresentado o número cromossômico para tal espécie, porém, posteriormente concluiu-se que o material estudado corresponde a *V. peduncularis*.

Os resultados obtidos no presente trabalho são inéditos para a espécie. O CTC obtido foi igual a 42,14 μm , observando-se variação de 1,31 a 2,61 μm nos comprimentos cromossômicos individuais (TABELA 21). Todos os seus cromossomos foram metacêntricos, sendo que dois apresentavam satélites (TABELA 14). O índice TF% da espécie foi igual a 45,54 (TABELA 21).

14 - *Vigna luteola* (Jacq.) Benth

Cromossomos de *V. luteola* foram inicialmente descritos por SEN & BHOWAL (1960). Todos os pares foram classificados como submedianos e subdivididos em três classes, de acordo com o tamanho. Assim, um par maior que 3,0 μ m foi classificado como longo (máximo de 3,7 μ m), seis como médios (2,9 a 2,1 μ m) e quatro como curtos (2,0 a 1,6 μ m). Foi mencionada a ocorrência de um par cromossômico com satélite.

MARÉCHAL (1969, 1970) estudou duas introduções da espécie, obtendo resultados diferentes, principalmente no que se refere ao CTC. Assim, os valores de CTC obtidos foram 40,62 e 34,92 μ m. Os seus respectivos pares cromossômicos mais longos mediam 2,53 e 2,19 μ m enquanto os menores apresentavam 1,33 e 1,13 μ m. Em ambas as introduções, o autor observou um par cromossômico com satélite.

Os resultados aqui obtidos indicam CTC igual a 37,52 μ m (TABELA 21), sendo, portanto, intermediário em relação aos valores apresentados por MARÉCHAL (1969, 1970) para as duas diferentes introduções estudadas. Os comprimentos dos cromossomos variaram de 1,32 a 2,26 μ m, sendo apenas dois pares maiores que 2,0 μ m. Todos os pares cromossômicos mostraram-se metacêntricos (TABELA 15), sendo o índice TFX da espécie igual a 46,4 (TABELA 21). O maior deles apresentou satélite.

15 - *Vigna peduncularis* (H.B.K.) Fawcett & Rendle

Não são conhecidas referências anteriores na literatura sobre estudos cromossômicos de *V. peduncularis*, à exceção da citação de $2n=18$ para uma das populações aqui estudadas (FORNIMARTINS, 1986). Tal população havia sido erroneamente identificada como sendo *V. candida*. Foi coletada em ambiente

aberto, comportando-se como uma invasora de gramados em Campinas, SP. O número cromossômico é inédito para o gênero *Vigna*, sendo ainda bastante raro para a tribo Phaseoleae (DARLINGTON & WYLIE, 1955; GOLDBLATT, 1981a).

A constatação de $2n = 22$ em outra população, cultivada no Instituto Agronômico em Campinas sugere que possa estar havendo um processo de diferenciação entre populações ou raças daquela espécie, com conseqüente especiação. Para a população com um número atípico ($2n = 18$), sugeriu-se que alterações estruturais dos cromossomos, como inversões e translocações, poderiam ter levado à modificação do número de cromossomos, dependendo de suas respectivas localizações de ocorrência (BURNHAM, 1962). Tais alterações estruturais levam à esterilidade cromossômica em relação a outras populações parentais, funcionando, portanto, como mecanismo de isolamento entre espécies. Infelizmente, não foi possível realizar-se cruzamentos entre aquelas duas populações, assim como também não foi elaborado o cariótipo detalhado da população atípica, o que permitiria verificar o nível de diferenciação cromossômica entre elas. Observações gerais sobre os cromossomos da população atípica indicaram que eram predominantemente metacêntricos e que os comprimentos eram bastante semelhantes, porém as informações não foram quantificadas.

Na população com 22 cromossomos, o CTC obtido foi de $39,30 \mu\text{m}$ e os cromossomos variaram de $1,27$ a $2,54 \mu\text{m}$ (TABELA 21). Dentre os onze pares cromossômicos, apenas três mediram mais que $2,0 \mu\text{m}$, sendo que o primeiro e o terceiro tiveram centrômero em posição submediana. Os demais eram metacêntricos. Não foi observado nenhum par cromossômico com satélite (TABELA 16). O índice TFX obtido foi igual a 42,15 (TABELA 21).

16 - *Vigna radiata* (L.) Wilczek

A morfologia de cromossomos de *V. radiata* foi estudada por diversos autores, tanto na fase de paquíteno, em meiose, como, principalmente, em metáfase mitótica de células meristemáticas de raiz.

Inicialmente, KRISHNAN & DE (1965) fizeram um estudo comparativo da morfologia de cromossomos nas fases de metáfase mitótica e em paquíteno. Os cromossomos mitóticos mediam de 1,4 a 3,3 μ m, sendo seis considerados metacêntricos e cinco submetacêntricos. Os pares cromossômicos foram classificados em sete tipos. O primeiro media 3,3 μ m, era submetacêntrico e apresentava satélite. O segundo tipo diferia do primeiro apenas por ser menor, ou seja, ter 2,4 μ m de comprimento. No terceiro tipo foram enquadrados três pares, todos submetacêntricos e medindo 2,4 μ m de comprimento. O quarto tipo era representado por apenas um par metacêntrico, de 2,1 μ m de comprimento. Dois pares metacêntricos foram classificados no quinto tipo cromossômico e tinham 1,9 μ m de comprimento. Finalmente, o sexto tipo era representado por três pares metacêntricos, medindo 1,4 μ m de comprimento. O CTC calculado para a espécie foi igual a 46,0 μ m.

Em meiose na fase de paquíteno, KRISHMAN & DE (1965) mostraram que *V. radiata* apresentou uma variação de 28,1 a 73,3 μ m no comprimento dos bivalentes e, ao contrário do observado em mitose, seis deles eram submetacêntricos e outros cinco eram metacêntricos. Da mesma forma que em cromossomos em metáfase mitótica, também em paquíteno foram vistos dois bivalentes com constricção secundária, embora não haja concordância quanto à localização no ideograma. Assim, em paquíteno, localizaram no oitavo e no nono bivalentes, em ordem decrescente de tamanho, enquanto que em metáfase mitótica os satélites foram vistos nos dois pares mais longos.

No término do paquíteno, a observação na fase inicial de diplóteno permitiu a KRISHNAN & DE (1965) confirmarem o número de constricções secundárias na espécie, já que foram visualizados dois bivalentes ligados ao nucléolo.

MARÉCHAL (1969) apresentou CTC e tamanhos cromossômicos para duas introduções de *V. radiata*, número posteriormente ampliado para três (MARÉCHAL, 1970). Assim, os valores foram 31,44, 37,05 e 37,56 μm . Entre as introduções, os pares mais curtos variaram de 1,42 a 1,70 μm , enquanto nos maiores a variação era de 2,27 a 2,56 μm . Em todas as introduções foi observado um par cromossômico com satélite.

THUAN (1975) estudou a espécie sob a denominação de *P. radiatus* e de *P. aureus*. Em cada introdução, os cromossomos foram descritos como bastante semelhantes na forma, porém, os da primeira eram um pouco maiores. Assim, os cromossomos da introdução *radiatus* atingiram até 2,0 μm , enquanto que na *aureus* chegavam a um máximo de 1,8 μm de comprimento. Os valores aproximados de CTC para aquelas introduções foram, respectivamente, 42,0 e 39,6 μm .

Comprimentos de braços cromossômicos da espécie foram apresentados por JOSEPH & BOUWKAMP (1978), o que permitiu determinar o CTC como igual a 23,94 μm . O menor par cromossômico media 0,80 μm e o par mais longo tinha 1,39 μm de comprimento. Apenas dois pares eram menores que 1,0 μm , sendo todos submetacêntricos. Dentre os pares maiores, seis tinham centrômero em posição mediana, dois em posição submediana e um em posição subterminal. Em nenhum caso foi relatada a ocorrência de satélite. O índice TFX da espécie foi igual a 40,43.

SARBHOY (1977, 1978a) também estudou os cromossomos da espécie, relatando o CTC como igual a 37,40 μm , com variação de 1,0 a 2,8 μm no comprimento dos cromossomos. Dois pares foram classificados como longos (2,6 a 2,8 μm), quatro como médios (1,6 a 2,0 μm) e cinco como curtos (1,0 a 1,4 μm).

Posteriormente, SARBHOY (1980) apresentou resultados ligeiramente diferentes dos citados nos trabalhos anteriores. Assim, três pares mediam acima de 2,0 μ m, sendo todos submetacêntricos. Um deles apresentava constrição secundária. Outros seis tinham tamanho intermediário entre 1,0 e 2,0 μ m, divididos igualmente entre metacêntricos e submetacêntricos. Três pares menores que 1,0 μ m eram metacêntricos. O índice TF% apresentado para a espécie foi de 46,14.

Detalhes sobre a morfologia de cromossomos da espécie também foram apresentados por SINHA & ROY (1979a), sob três diferentes denominações: *P. aureus*, *P. sublobatus* e *P. radiatus*. No que se refere ao CTC, os resultados foram bastante próximos para as duas primeiras introduções, com 40,12 e 39,58 μ m, respectivamente, diferindo bastante na terceira, com o valor de 34,52 μ m. Da mesma forma, a variação do comprimento dos cromossomos foi idêntica para as introduções *aureus* e *sublobatus*, com valores de 1,33 a 2,66 μ m. As fórmulas cariotípicas das duas primeiras introduções também eram quase idênticas, diferindo quanto à posição do centrômero num dos dois pares maiores que 2,0 μ m. Em ambas, o par mais longo apresentava centrômero em posição subterminal e satélite, enquanto o outro era submetacêntrico em *P. aureus* e metacêntrico em *P. sublobatus*. Quanto aos demais pares, de tamanho intermediário entre 1,0 e 2,0 μ m, quatro eram metacêntricos e cinco eram submetacêntricos. Algumas diferenças puderam ser notadas na fórmula cariotípica de *P. radiatus*. Nota-se apenas um par mais longo que 2,0 μ m, que da mesma forma que nas outras introduções, tinha constrição secundária em posição submediana e satélite. Dentre os outros pares, cinco eram metacêntricos, três submetacêntricos e dois tinham centrômero em posição quase terminal. O índice TF% foi apresentado como ligeiramente diferente em cada uma das introduções, ou seja, 42,21 para *P. aureus*, 40,07 para *P. sublobatus* e 40,55 para *P. radiatus*.

LAVANIA & LAVANIA (1982, 1983) caracterizaram a morfologia de cada um dos onze pares cromossômicos da espécie. No primeiro trabalho, os autores utilizaram a técnica do bandamento-C, obtendo um cariótipo bastante simétrico, com constrição secundária nos dois maiores pares cromossômicos. As bandas cromossômicas eram relativamente estreitas e presentes em regiões centroméricas, proximais ao centrômero e em regiões intercalares e teloméricas. Já no segundo trabalho, aqueles autores reapresentaram e confirmaram os resultados, agora obtidos através de técnica de coloração convencional. O CTC foi de 45,8 μm . Os pares cromossômicos variaram de 1,6 a 3,5 μm de comprimento. Apenas um par media mais que 3,0 μm , tendo centrômero em posição submediana e possuindo satélite. O segundo maior par cromossômico também era submediano e apresentava satélite. Outros cinco pares mediam de 2,0 a 3,0 μm , sendo que quatro deles tinham centrômero em posição submediana e um era metacêntrico. Os demais quatro pares, medindo de 1,0 a 2,0 μm , eram metacêntricos. O índice TFX da espécie foi de 46,82.

No presente trabalho, foram obtidos resultados diferentes quanto à forma e tamanho de alguns pares. Aqui, os cromossomos variaram de 1,26 a 2,43 μm de comprimento, sendo que três pares foram maiores que 2,0 μm . Todos os onze pares apresentaram centrômero em posição mediana e o maior deles teve satélite (TABELA 17). O CTC e o índice TFX obtidos foram, respectivamente, 38,84 μm e 45,05 (TABELA 21).

Os resultados de CTC, de TFX e fórmulas cariotípicas de *V. radiata*, apresentados nos diversos trabalhos aqui discutidos, podem ser vistos de forma comparativa na TABELA 30.

Embora para esta espécie não haja uma perfeita concordância quanto ao número de cromossomos com satélite, com variação de zero a dois, existe um consenso quanto à localização dos mesmos no ideograma obtido a partir de cromossomos mitóticos. Assim, no caso da citação de apenas um (SINHA & ROY, 1979a;

SARBHOY, 1980 e neste trabalho), sempre foi indicado o maior par. Para o caso de dois, os pares indicados são também o primeiro, além do segundo (KRISHNAN & DE, 1965; LAVANIA & LAVANIA, 1982 e 1983).

Também para o caso de observação de bivalentes ligados ao nucléolo na fase de paquíteno, houve diferença nos resultados de diferentes autores. Assim, SARBHOY (1978b) citou apenas um bivalente ligado ao nucléolo, enquanto que SINHA & ROY (1979b) apresentaram o mesmo número para uma das introduções estudadas e de dois bivalente em outras duas introduções. Este último resultado também foi observado por KRISHNAN & DE (1965), tanto na fase de paquíteno como de diacinese.

TABELA 30- Valores de CTC, em micrômetros, de TF% e fórmulas cariotípicas de *Vigna radiata*, segundo diversos autores. Posição do centrômero: m- mediana; sm- submediana; nst- quase subterminal; st- subterminal. Comprimento cromossômico: A- entre 3 e 4 μ m; B- entre 2 e 3 μ m; C- entre 1 e 2 μ m; D- menor que 1 μ m. Satélite: *.

AUTORES	CTC	TF%	FÓRMULA CARIOTÍPICA
KRISHNAN & DE (1965)	46,00	-	1sm(A)* + 1sm(B)* + 3sm(B) + 1m(B) + 5m(C)
MARÉCHAL (1969)	31,44	-	-
MARÉCHAL (1969)	37,05	-	-
MARÉCHAL (1970)	37,56	-	-
THUAN (1975)	42,00	-	-
THUAN (1975)	39,60	-	-
JOSEPH & BOUWKAMP (1978)	23,94	40,43	6m(C) + 2sm(C) + 1st(C) + 2sm(D)
SARBHOY (1977, 1978a)	37,40	-	-
SARBHOY (1980)	37,40	46,16	1sm(B)* + 2sm(B) + 3sm(C) + 3m(C) + 3m(D)
SINHA & ROY (1979a)	40,12	42,21	1st(B)* + 1sm(B) + 4m(B) + 5sm(B)
SINHA & ROY (1979a)	39,58	40,07	1st(B)* + 1m(B) + 4m(B) + 5sm(B)
SINHA & ROY (1979a)	34,52	40,55	1st(B)* + 5m(B) + 3sm(B) + 2nst(B)
LAVANIA & LAVANIA (1983)	45,80	46,82	1sm(A)* + 1sm(B)* + 4sm(B) + 1m(B) + 4m(C)
NESTE TRABALHO	38,84	45,05	1m(B)* + 2m(B) + 8M(C)

17 - *Vigna umbellata* (Thumb.) Ohwi & Ohashi

Algumas medidas cromossômicas de *V. umbellata*, estudada sob a denominação de *V. calcarata*, foram apresentadas por MARÉCHAL (1969, 1970), observando-se uma variação de 1,15 a 2,45 μ m nos comprimentos. O CTC foi igual a 36,64 μ m. Foi observado um par cromossômico portador de satélite.

A espécie também foi estudada por SINGH & ROY (1970), sob a denominação de *P. calcaratus*. O CTC apresentado foi de 29,75 μ m e os cromossomos variaram de 1,0 a 2,0 μ m, dos quais dois pares eram metacêntricos e mediam 1,0 μ m. Dentre os demais,

cinco pares eram metacêntricos e quatro submetacêntricos. O cariótipo era bastante simétrico, sendo o índice TF% da espécie igual a 47,76.

THUAN (1975) estudou a espécie sob duas diferentes denominações: *P. ricciardianus* e *P. pubescens*. Na primeira introdução, o CTC obtido foi um pouco maior, ou seja, igual a 42,8 μm , com os cromossomos variando de 1,8 a 2,6 μm . Na segunda, o CTC foi igual a aproximadamente 40,8 μm , com variação de 1,3 a 2,6 μm no comprimento cromossômico.

JOSEPH & BOUWKAMP (1978) apresentaram medidas dos braços cromossômicos da espécie, o que permitiu calcular o CTC como sendo igual a 37,44 μm . Os comprimentos cromossômicos variaram de 1,12 a 2,46 μm . O maior par suplantava 2,0 μm de comprimento e tinha centrômero em posição mediana. Dentre os demais pares, oito eram metacêntricos e dois submetacêntricos. O índice TF% obtido foi igual a 43,24.

SARBHOY (1977, 1978a, 1978b) também estudou a espécie sob duas diferentes denominações: *P. calcaratus* e *P. ricciardianus*. Os CTC apresentados, foram, respectivamente, 30,64 e 28,40 μm . Para a introdução *P. calcaratus* a variação citada no comprimento cromossômico foi de 1,0 a 1,8 μm , enquanto que para a *P. ricciardianus* foi de 0,85 a 1,70 μm . Num trabalho posterior, SARBHOY (1980) confirmou os valores de CTC e apresentou as fórmulas cariotípicas para aquelas duas introduções. Assim, em *P. calcaratus*, dentre os pares maiores que 1,0 μm , quatro eram metacêntricos e quatro submetacêntricos. Outros três pares eram metacêntricos e mediam 1,0 μm . Por outro lado, na introdução *P. ricciardianus*, os resultados apresentados diferiram um pouco em relação à *P. calcaratus*. Assim, dentre os pares maiores, cinco eram submetacêntricos e três metacêntricos, enquanto que todos os três pares menores que 1,0 μm tinham centrômero em posição subterminal. Os índices TF% foram, respectivamente, 47,08 e 37,40.

Detalhes sobre a forma de cromossomos também foram apresentados por SINHA & ROY (1979a), sendo a espécie denominada por *P. calcaratus*, *P. torosus* e *P. ricciardianus*. As medidas de CTC e de variação de tamanho cromossômico, além da fórmula cariotípica, foram diferentes em cada introdução. Assim, respectivamente, os valores de CTC foram 37,20, 31,84 e 35,84 μm . Os menores pares cromossômicos variaram de 1,06 μm em *P. torosus*, até 1,33 μm em *P. calcaratus*. Para os pares mais longos, o comprimento variou de 1,99 μm , em *P. torosus* até 2,66 μm tanto em *P. calcaratus* como em *P. ricciardianus*. Naquelas duas últimas introduções, um único par era superior a 2,0 μm e em ambas, eram metacêntricos. Na introdução *P. calcaratus*, dentre os pares restantes, quatro eram metacêntricos e seis eram submetacêntricos, enquanto na *P. ricciardianus*, cinco tinham centrômero em posição mediana, três em posição submediana e dois em posição quase terminal. A fórmula cariotípica da última introdução era bastante parecida à de *P. torosus*, que diferia apenas pelo fato de não ter nenhum par cromossômico maior que 2,0 μm e por ter quatro pares submedianos, ao invés de três. O índice TFX também foi muito parecido entre *P. ricciardianus* e *P. torosus*, sendo, respectivamente, 43,86 e 43,15, enquanto que para *P. calcaratus*, o cariótipo mostrou-se mais assimétrico, com TFX igual a 41,23.

No presente trabalho, o CTC obtido foi igual a 45,88 μm (TABELA 21), havendo variação de 1,52 a 2,78 μm entre os comprimentos cromossômicos. Seis cromossomos tiveram comprimento acima de 2,0 μm . Todos apresentaram centrômero em posição mediana, sendo que apenas o quinto par possui satélite (TABELA 18). O índice TFX obtido foi de 44,91 (TABELA 21).

A TABELA 31 apresenta valores de CTC, de TFX e fórmulas cariotípicas de *V. umbellata* citados nos diversos trabalhos aqui revisados.

Apesar de MARÉCHAL (1969) e do presente trabalho serem os únicos a mencionarem a ocorrência de um par cromossômico com satélite para esta espécie, tais observações parecem ser confirmadas por SARBHOY (1978a, 1978b) e por SINHA & ROY (1979b), que viram um bivalente ligado ao nucléolo em prófase meiótica.

TABELA 31- Valores de CTC, em micrômetros, de TF% e fórmulas cariotípicas de *Vigna umbellata*, segundo diversos autores. Posição do centrômero: m- mediana; sm- submediana; nst- quase subterminal; st- subterminal. Comprimento cromossômico: B- entre 2 e 3 μ m; C- entre 1 e 2 μ m; D- menor que 1 μ m. Satélite: *.

AUTORES	CTC	TF%	FÓRMULA CARIOTÍPICA
MARÉCHAL (1969, 1970)	36,64	-	-
SINGH & ROY (1970)	29,75	47,76	7m(C) + 4sm(C)
THUAN (1975)	42,80	-	-
THUAN (1975)	40,80	-	-
JOSEPH & BOUWKAMP (1978)	37,44	43,24	1m(B) + 8m(C) + 2sm(C)
SARBHOY (1977, 1978a)	30,64	-	-
SARBHOY (1977, 1978b)	28,40	-	-
SARBHOY (1980)	30,64	47,08	7m(C) + 4sm(C)
SARBHOY (1980)	28,40	37,40	5sm(C) + 3m(C) + 3st(D)
SINHA & ROY (1979a)	37,20	41,23	1m(B) + 4m(C) + 6sm(C)
SINHA & ROY (1979a)	31,84	43,15	5m(C)+4sm(C) +3sm(C)+ 2nst(D)
SINHA & ROY (1979a)	35,84	43,86	1m(B) +5m(C) +3sm(C) + 2nst(C)
NESTE TRABALHO	45,88	44,91	5m(B) + 1m(B)* + 5m(C)

18 - *Vigna unguiculata* (L.) Walpers

A espécie *V. unguiculata* teve os seus cromossomos estudados morfológicamente por diversos autores. FLORESCA et al. (1960) estudaram a espécie sob a denominação de *V. sinensis* e de *V. sesquipedalis*, acreditando tratarem-se de duas espécies distintas. Não notaram diferenças significativas no tamanho cromossômico entre os dois materiais e descreveram os cromossomos

como tendo forma de báculo, ou seja, tendo centrômero em posição submediana.

FRAHM-LELIVELD (1965) mencionou que a espécie parecia não ser inteiramente homogênea do ponto de vista cromossômico, citando, por exemplo, variação na forma e tamanho entre cultivares. De maneira geral, as formas cultivadas na América Central e América do Sul caracterizaram-se por cromossomos menores do que os cultivares africanos e indianos. O número de pares cromossômicos com satélite variou de zero a dois nos diversos materiais estudados.

SEN & BHOWAL (1960), que estudaram *V. unguiculata* sob três diferentes denominações (*V. sesquipedalis*, *V. sinensis* e *V. catjang*), também tentaram apresentar detalhes de cariótipo e, embora não tivessem conseguido determinar os tamanhos individuais de todos os cromossomos, constataram uma variação de 1,6 a 3,7 μm no comprimento. Além disso, classificaram tais cromossomos em três categorias, denominando-os por longos (3,7 a 3,0 μm), médios (2,9 a 2,1 μm) e pequenos (2,0 a 1,6 μm), não mencionando, contudo, o número de cromossomos de cada tipo. Todos os onze pares foram classificados como submedianos. Através dos esquemas apresentados pelos autores, foi possível verificar que os satélites estavam localizados no segundo e no terceiro maiores pares cromossômicos. Os mesmos autores constataram grande semelhança estrutural dos cromossomos. Como única diferença acentuada, citaram que em *V. sesquipedalis* o maior par cromossômico era comparativamente mais longo (3,5 a 3,7 μm) que nas duas outras formas (3,0 a 3,2 μm).

Dados cariotípicos daquela espécie também foram apresentados por MARÉCHAL (1969, 1970), em cinco diferentes introduções. Citou valores de comprimento total de cromatina e do comprimento médio do maior e do menor pares cromossômicos do complemento. Para cada parâmetro analisado, os valores foram bastante próximos naquelas cinco introduções. O comprimento para

o maior par cromossômico variou de 2,18 a 2,31 μm , enquanto que no menor a variação esteve entre 1,19 e 1,25 μm . O CTC variou de 35,24 a 37,44 μm . Em todas as cinco introduções foram observados satélites, no máximo em um par cromossômico por célula.

O cariótipo de *V. unguiculata* também foi apresentado por SRIVASTAVA & NAITHANI (1964) sob a denominação de *V. catjang* e de *Dolichos biflorus*. No primeiro caso, os autores apresentaram o ideograma da espécie, classificando os pares cromossômicos em dois tipos: o primeiro era representado pelo mais longo, com 3,7 μm de comprimento e centrômero em posição mediana; o segundo tipo englobava os demais dez pares cromossômicos, que se caracterizavam por possuírem comprimento de 2,5 μm e centrômero em posição subterminal. Os autores não constatarem a presença de satélites naquela introdução. Através dos resultados apresentados, pôde-se calcular o CTC como sendo igual a 57,4 μm .

Quando SRIVASTAVA & NAITHANI (1964) estudaram a espécie sob a denominação de *Dolichos biflorus*, todos os cromossomos foram descritos como tendo centrômero em posição subterminal, sendo os braços pequenos tão curtos que não foi possível medi-los. Os pares cromossômicos foram divididos em três categorias, de acordo com o tamanho: dois deles mediam 2,5 μm , outros cinco mediam 2,3 μm e os demais quatro tinham 4,0 μm de comprimento. Foi possível calcular o CTC como sendo igual a 49,0 μm . Aqui também não foi citada a ocorrência de satélites.

A espécie *V. unguiculata* também foi apresentada no trabalho de THUAN (1975), sob três diferentes denominações: *V. sesquipedalis*, *Dolichos biflorus* e *D. catiang*. No primeiro caso, foi descrito um par cromossômico com 2,0 μm de comprimento, enquanto os outros dez pares mediam 1,5 μm . O CTC calculado para aquela primeira introdução foi igual a 34,0 μm . Para a introdução *D. biflorus* os resultados foram apresentados de

maneira mais incompleta; foram contados apenas 20 cromossomos no complemento, que mediam $1,4 \mu\text{m}$ de comprimento. Na introdução D. catieng foram apresentados dois pares com $2,5 \mu\text{m}$ de comprimento, sendo um metacêntrico e outro, provavelmente, submetacêntrico. Os demais pares mediam $1,5 \mu\text{m}$ de comprimento. Os resultados permitiram calcular o CTC daquela introdução como sendo igual a $39,0 \mu\text{m}$.

LAVANIA & LAVANIA (1982, 1983) elaboraram cariótipos de *V. unguiculata* cv. Pusa Barsati. No primeiro trabalho, LAVANIA & LAVANIA (1982) caracterizavam a morfologia dos cromossomos através da técnica do bandamento cromossômico (bandas-C). O cariótipo mostrou-se bastante simétrico, com centrômeros localizados em posição mediana e submediana. O segundo e o terceiro maiores portavam satélite. As bandas localizavam-se principalmente nas regiões centroméricas ou teloméricas, sendo que as partes distais dos satélites também foram coradas.

No segundo trabalho dos autores (LAVANIA & LAVANIA, 1983), resultados referentes à localização de centrômeros, à simetria cariotípica e posição e número de satélites foram confirmados. O CTC mencionado para a espécie foi igual a $37,4 \mu\text{m}$. Apresentaram com maiores detalhes os comprimentos individuais dos cromossomos, que variaram de $2,6$ a $1,2 \mu\text{m}$, assim como o índice TFX, igual a 45,98. Sete pares cromossômicos foram descritos como submetacêntricos, dos quais dois tinham comprimento variando entre $2,0$ e $3,0 \mu\text{m}$, e os demais entre $1,0$ e $2,0 \mu\text{m}$. Os outros quatro pares foram classificados como metacêntricos, sendo que um media de $2,0$ a $3,0 \mu\text{m}$ e os demais de $1,0$ a $2,0 \mu\text{m}$.

No presente trabalho, o comprimento total de cromatina foi de $40,20 \mu\text{m}$ (TABELA 21), observando-se comprimento de $2,46$ e de $1,40 \mu\text{m}$ para o maior e menor cromossomo, respectivamente. A fórmula cariotípica evidenciou três pares medindo de $2,0$ a $3,0 \mu\text{m}$, enquanto os oito restantes mediram de $1,0$ a $2,0 \mu\text{m}$. Todos

os pares foram metacêntricos (TABELA 19). O índice TFX foi de 43,65 (TABELA 21), mostrando que apesar de todos os cromossomos serem classificados como medianos, alguns apresentaram centrômero um pouco deslocado em relação à metade do comprimento cromossômico, ou seja, numa fase de transição para a posição submediana. Nenhum satélite foi observado.

Na TABELA 32 são apresentados valores de CTC, de TFX e fórmulas cariotípicas de *V. unguiculata*, conforme os diversos trabalhos aqui apresentados.

Também para esta espécie não houve concordância quanto a citação do número de satélites. A não existência de tais estruturas foi apresentada na maioria dos trabalhos, enquanto MARÉCHAL (1969) citou um par e LAVANIA & LAVANIA (1982, 1983) mencionaram a ocorrência de dois pares com satélite.

TABELA 32- Valores de CTC, em micrômetros, de TFX e fórmulas cariotípicas de *Vigna unguiculata*, segundo diversos autores. Posição do centrômero: m- mediana; sm- submediana; st- subterminal. Comprimento cromossômico: A- entre 3 e 4 μ m; B- entre 2 e 3 μ m; C- entre 1 e 2 μ m. Satélite: *.

AUTORES	CTC	TFX	FÓRMULA CARIOTÍPICA
SRIVASTAVA & NAITHANI	57,40	-	1m(A) + 10st(B)
(1964)	49,00	-	4st(A) + 7st(B)
MARÉCHAL (1969, 1970)	35,24-37,44	-	-
THUAN (1975)	34,00	-	-
	39,00	-	-
LAVANIA & LAVANIA (1983)	37,40	45,98	1sm(B) + 1sm(B)* + 1m(B)* +
5sm(C) + 3m(C)			
NESTE TRABALHO	40,20	43,65	3m(B) + 8m(C)

7.3 - Tendências evolutivas

Apesar da semelhança cariotípica observada entre as espécies aqui estudadas (FIGURA 1), podem ser discutidas algumas tendências evolutivas para os três gêneros.

Tal discussão deve levar em consideração que determinadas características cromossômicas não podem ser apontadas como critérios unidirecionais para avaliar a direção do processo evolutivo. A evolução do complemento cromossômico em diferentes organismos pode ter ocorrido em diferentes direções e a extrapolação de conceitos de um grupo para outro deve ser considerada com extrema cautela (JONES, 1970).

Embora existam evidências contrárias em alguns grupos de plantas (JONES, 1970), geralmente é aceita a tendência a aumentar a assimetria de cariótipos em plantas superiores.

A análise conjunta de diferenças na posição do centrômero e no comprimento relativo dos cromossomos levou Levitsky (apud STEBBINS, 1971) à criação do conceito de simetria de cariótipos. Assim, um cariótipo simétrico seria aquele em que os comprimentos de todos os cromossomos do complemento são semelhantes e os centrômeros localizam-se em posições mediana e submediana (STEBBINS, 1971).

Diante da relativa uniformidade de cariótipos entre as espécies estudadas, no presente trabalho o grau de simetria foi analisado através da comparação de valores de TFX (HUZIWARA, 1962). O índice TFX exprime a localização centromérica média para cada espécie, atingindo um valor máximo de 50 quando os centrômeros localizam-se exatamente na posição mediana e, portanto, refletem o maior grau de simetria de cariótipos.

Os resultados de TFX apresentados na TABELA 21, referentes a 18 táxons infragenéricos de grupos bastante amplos, não podem ser extrapolados de uma forma global, uma vez que há valores de sobreposição entre os três gêneros. Entretanto,

algumas considerações podem ser apresentadas.

Em *Macroptilium*, são observados os dois maiores valores aqui obtidos (TABELA 21), ou seja, $TF\% = 48,69$ para *M. erythroloma* e $TF\% = 47,16$ para *M. lathyroides*. Analisando-se o gênero *Vigna* como um todo, observam-se valores intermediários ($TF\% = 45,54$ a $42,15$). Já em *Phaseolus*, duas das espécies estudadas mostram maior grau de assimetria, com índice $TF\% = 39,85$ em *P. coccineus* e $TF\% = 38,73$ em *P. vulgaris*. Ainda em *Phaseolus*, outros resultados mostraram-se bem discrepantes, como o $TF\% = 46,18$ obtido em *P. filiformis*. Assim, fica bem difícil tentar estabelecer uma seqüência evolutiva dos gêneros com base no grau de simetria de seus cariótipos. Aceitando a tendência evolutiva em relação à assimetria cariotípica, elaborou-se, na TABELA 33, um seqüenciamento das espécies em ordem decrescente de $TF\%$. Esse seqüenciamento permitiria investigar o possível agrupamento de espécies de um mesmo gênero. Na realidade, esse agrupamento não ocorre, embora, de modo geral possa se considerar que a maioria das espécies de *Phaseolus* concentra-se no final da seqüência, indicando maior grau de assimetria cariotípica.

Outra linha evolutiva sugerida para o gênero *Phaseolus* (s.l.) é a redução de CTC (SARBHOY, 1978). As quatro espécies de *Phaseolus* classificam-se entre os seis maiores valores de CTC (*P. coccineus*, *P. acutifolius*, *P. vulgaris* e *P. lunatus*), conforme resultados apresentados na TABELA 21. Aceitando aquela tendência, tais espécies seriam consideradas como as mais primitivas. Portanto, aqui, a tendência evolutiva se mostraria em sentido contrário àquela obtida através da análise de índices $TF\%$ para *P. coccineus* e *P. vulgaris*.

TABELA 33- Ordenamento de espécies de *Phaseolus*, *Vigna* e *Macroptilium* de acordo com tendências evolutivas sugeridas para o grupo: aumento de assimetria cariotípica (diminuição de índices TF%) e aumento no valor de CTC. Também é apresentado um ordenamento de valores crescentes de DNA nuclear para algumas espécies, de núcleos 2C, segundo AYONOADU(1974) e BENNETT & SMITH (1976).

TF%		CTC (μ m)		DNA nuclear (pg)	
M. erythroloma	48,69	P. filiformis	34,54	M. lathyroides	2,3
M. lathyroides	47,16	M. lathyroides	35,46	P. lunatus	2,5
V. luteola	46,40	P. anisotrichus	36,00	M. atropurpureum	2,6
P. filiformis	46,18	V. luteola	37,52	P. coccineus	3,5
M. sabaraense	45,64	V. radiata	38,84	P. vulgaris	3,7
V. candida	45,54	V. peduncularis	39,30		
V. adenantha	45,34	M. erythroloma	39,48		
V. umbellata	45,27	V. unguiculata	40,20		
V. radiata	45,05	M. sabaraense	40,72		
M. atropurpureum	44,91	V. adenantha	41,00		
P. acutifolius	44,72	V. candida	42,14		
P. anisotrichus	44,30	M. atropurpureum	43,00		
M. bracteatum	43,72	P. lunatus	45,18		
V. unguiculata	43,65	V. umbellata	45,88		
P. lunatus	42,95	P. vulgaris	47,32		
V. peduncularis	42,15	M. bracteatum	47,58		
P. coccineus	39,85	P. acutifolius	49,26		
P. vulgaris	38,73	P. coccineus	49,34		

Outro critério utilizado para determinar o grau de evolução de gêneros próximos é a variação na quantidade de DNA nuclear, porém seu significado não é muito claro (GRANT, 1975). Muitas vezes, diferenças no conteúdo de DNA entre espécies próximas podem estar relacionadas ao DNA redundante, o que pode ser deduzido da facilidade de hibridação entre espécies com grandes diferenças de DNA (AYONODU, 1974).

Determinando a quantidade de DNA nuclear numa série de espécies de *Phaseolus* (s.l.) e associando os valores a seus respectivos ciclos de vida, AYONODU (1974) pôde concluir que os maiores valores de DNA eram encontrados em plantas anuais, consideradas mais evoluídas que espécies bianuais e perenes. BENNETT & SMITH (1976) também verificaram o mesmo tipo de correlação entre quantidade de DNA nuclear e ciclo de vida anual em espécies de *Phaseolus* (s.l.).

Embora os valores de CTC aqui apresentados reflitam apenas valores de comprimentos cromossômicos (TABELA 21), assumiu-se, nesta discussão, a existência de uma certa proporcionalidade entre a quantidade de DNA nuclear e CTC. Comparando-se os resultados aqui obtidos e os apresentados nos trabalhos de AYONODU (1974) e de BENNETT & SMITH (1976), onde os valores de DNA são significativamente maiores em *P. coccineus* e em *P. vulgaris* que nas espécies de *Macroptilium* estudadas (TABELA 33), optou-se pela utilização daquela correlação. Tal proporcionalidade também foi sugerida por RAINA & REES (1983), com base em correlações semelhantes, constatadas entre a quantidade de DNA nuclear e a área ou volume de cromossomos em metáfase mitótica.

Como as espécies de *Phaseolus* enquadram-se entre aquelas com maiores valores de CTC (TABELA 21), pode-se sugerir que aquele gênero seria mais evoluído que *Vigna* e *Macroptilium*, mostrando uma tendência geral semelhante àquela obtida na comparação de índices TF% para algumas de suas espécies. As

exceções dentre as espécies aqui estudadas são *P. filiformis* (que tem o menor valor de CTC dentre todas as espécies estudadas) e *P. anisotrichus* (que tem número cromossômico menor). O sequenciamento de valores de CTC em ordem crescente (TABELA 33) mostra que não há agrupamento de espécies de um mesmo gênero. A proximidade e sobreposição de valores de CTC não permitem a individualização dos gêneros *Vigna* e *Macroptilium* através da comparação de valores de CTC.

Parece que a comparação de índice TFX permite uma melhor discussão de tendências evolutivas para esse grupo de plantas do que a de valores de CTC. Embora não haja espécies com posições equivalentes no ordenamento de TFX e de CTC, apresentadas na TABELA 33, em termos genéricos a associação desses dois parâmetros cromossômicos sugere a possível tendência evolutiva para o grupo. Assim, para os gêneros *Phaseolus*, *Vigna* e *Macroptilium*, essa tendência seria o aumento de CTC e de assimetria cariotípica.

A tendência evolutiva aqui sugerida mostra-se, de certa forma, contrária aos dados obtidos para outras espécies de leguminosas, como *Lathyrus*, onde, à medida que as espécies adquirem mais DNA, os seus respectivos complementos cromossômicos tornam-se mais simétricos (NARAYAN, 1983). Tal constatação foi sugerida partindo-se de observações de que, na especiação, as alterações de DNA não ocorrem ao acaso em cada um dos cromossomos; ao contrário, as alterações processadas no complemento como um todo acontecem de forma equitativa em todos os seus cromossomos, sendo que os pequenos adquirem tanto DNA extra quanto os grandes, o que levaria ao aumento de simetria do cariótipo (REES, 1984).

Particularmente interessante é a análise de tendências evolutivas das espécies de *Vigna* aqui estudadas, utilizando os valores de CTC e de TFX. Conforme apresentado na TABELA 1, três subgêneros e cinco seções foram abrangidas no presente estudo.

Dentre os subgêneros está *Sigmoidotropis*, tido como o mais primitivo de *Vigna*. É considerado um provável ponto de ligação entre os gêneros *Phaseolus* e *Macroptilium* com o restante do gênero *Vigna*, tanto considerando caracteres morfológicos (LEITÃO FILHO, 1974), palinológicos (STAINIER & HORVAT, 1978a, b) e quimiotaxonômicos (MICHELIN-RAMOS, 1980; NOZZOLILLO & McNEILL, 1984). Entretanto, em termos gerais, as informações trazidas pela comparação de parâmetros cromossômicos parecem não corresponder às obtidas naquelas outras áreas de estudo.

As espécies classificadas no subgênero *Sigmoidotropis* são *V. adenantha*, *V. candida* e *V. peduncularis*. Assim, considerando-se as tendências evolutivas aqui propostas, com aumento de assimetria cariotípica e aumento de CTC, esperar-se-ia que aquelas três espécies tivessem os menores valores de CTC e de TFX que as demais do gênero aqui estudadas. Entretanto, observando-se o ordenamento das espécies na TABELA 33, verifica-se que isto não ocorre, especialmente para o índice TFX de *V. peduncularis*, que é um dos mais baixos aqui obtidos.

As correlações esperadas também não ocorrem em espécies de outros subgêneros. Assim, o subgênero *Vigna*, considerado um dos mais evoluídos do ponto de vista morfológico, e aqui representado pelas espécies *V. luteola* e *V. unguiculata*, coloca-se numa posição de um dos maiores graus de primitivismo, considerando não só o CTC como também a simetria de cariótipos.

7.4 - Relacionamento entre gêneros

O grau de proximidade entre espécies pode ser estimado através da aplicação de determinados testes estatísticos.

O gráfico aqui obtido através da aplicação do teste de discriminantes lineares (FIGURAS 3 e 4) mostra que os gêneros *Phaseolus*, *Vigna* e *Macroptilium* não podem ser perfeitamente discriminados a partir da comparação de dados cariotípicos, abrangendo comprimento cromossômico e índice centromérico. Observa-se, no geral, a sobreposição de pontos referentes aos três gêneros. Entretanto, observa-se uma certa tendência de agrupamento nos gêneros *Macroptilium* e *Vigna* (FIGURA 4), embora aí também haja uma área intermediária de sobreposição. Já no gênero *Phaseolus* a amplitude de dispersão é bem maior, com uma área de distribuição exclusiva para o gênero e com outra sobreposta às dos gêneros *Vigna* e *Macroptilium*.

A análise de componentes principais mostra uma sobreposição de pontos ainda maior. Na FIGURA 5, que mostra a distribuição de todas as células estudadas para 16 espécies utilizadas nesta análise, observa-se uma grande sobreposição de espécies diferentes, pertencentes a gêneros diferentes. Em termos genéricos, observa-se apenas uma ligeira tendência de agrupamento em *Vigna* e em *Macroptilium*, enquanto que em *Phaseolus* ocorre uma grande dispersão de pontos. A FIGURA 6, que sintetiza a distribuição de cada espécie a partir de todas as células estudadas, não mostra qualquer padrão de agrupamento para nenhum dos três gêneros. Assim, a utilização de dados cariotípicos não discrimina ou não agrupa os gêneros ou espécies do grupo aqui estudado.

A semelhança cariotípica dos gêneros *Phaseolus*, *Vigna* e *Macroptilium* também ficou perfeitamente evidenciada ao se elaborarem dendrogramas, utilizando diferentes métodos. Nenhum

agrupamento foi visualizado ao se compararem as diferentes células de cada uma das espécies estudadas.

Também num estudo sobre a anatomia do xilema secundário em raízes de 17 espécies de tal grupo de plantas, não foi verificada associação entre tais características e as delimitações taxonômicas atuais dos gêneros *Phaseolus*, *Vigna* e *Macroptilium*. Tal estudo foi desenvolvido por DAVIS & KAPLAN (1983), que dividiram as espécies em três grupos, com base em diferenças no padrão de desenvolvimento observado. Os autores apresentaram muitas das espécies com denominações botânicas antigas, classificando todas elas no gênero *Phaseolus* (s.l.). Embora não tenha sido o objetivo daquele trabalho investigar os padrões de desenvolvimento sob o ponto de vista taxonômico, a análise das espécies constituintes de cada um dos três grupos não revela qualquer distinção a nível genérico. Assim, por exemplo, no grupo I, foram relacionadas espécies atualmente enquadradas nos gêneros *Phaseolus*, *Vigna* e *Macroptilium*.

Como os gêneros *Phaseolus*, *Vigna* e *Macroptilium* formam um grupo com muitos componentes, é possível que os dados cariotípicos aqui utilizados na análise de discriminantes lineares, de componentes principais e de agrupamentos, referentes a apenas 16 espécies, não sejam significativos para fazer generalizações a respeito da contribuição que a Citotaxonomia poderia trazer ao assentamento das bases taxonômicas do grupo. O problema de amostragem pode ser exemplificado aqui mesmo no presente trabalho, onde, numa fase preliminar, a análise de 10 espécies, sugeriu que a utilização de dados cariotípicos, especialmente de índice centromérico, parecia individualizar cada um dos três gêneros (FORNI-MARTINS & CRUZ, 1986). Dendrogramas mostraram que *Macroptilium* e *Vigna* tinham maior nível de similaridade entre si do que em relação ao gênero *Phaseolus*.

O gráfico que mostra índices de similaridade cariotípica (FIGURA 7) também indica considerável similaridade entre os gêneros *Macroptilium* e *Vigna*. Considerando as 35 possíveis combinações em pares entre as cinco espécies de *Macroptilium* e as sete de *Vigna*, tem-se que em sete o KSI é alto (de 9 a 11), em 16 o KSI é médio (de 7 a 8) e em sete observou-se KSI baixo (de 5 a 6).

Com relação a cada um dos gêneros, tem-se também um nível de similaridade bastante alto entre suas espécies. Assim, dentre as dez possíveis combinações entre as cinco espécies de *Macroptilium* analisadas, uma mostrou KSI alto, seis têm KSI médio e três têm menor similaridade cariotípica, com KSI baixo, variando de 5 a 6. Entre as sete espécies de *Vigna* analisadas na FIGURA 7 observou-se um nível de similaridade ainda maior do que entre as espécies de *Macroptilium* discutidas anteriormente.

Dentre as 20 combinações possíveis, quatro tiveram KSI alto, 13 mostraram KSI médio e apenas três tiveram KSI baixo.

Por outro lado, verifica-se um menor índice de similaridade entre as seis espécies de *Phaseolus* estudadas (FIGURA 7). Assim, dentre as 15 combinações entre as espécies, não se observa KSI alto entre nenhuma delas; quatro têm KSI médio, oito apresentam KSI baixo e em duas delas não se observa qualquer tipo de similaridade cariotípica.

As espécies de *Phaseolus* parecem ter maiores níveis de similaridade cariotípica com espécies dos outros dois gêneros do que entre si. Nas 30 combinações possíveis entre as espécies de *Phaseolus* e de *Macroptilium*, observaram-se quatro KSI altos, nove KSI médios, 13 KSI baixos e em quatro delas não havia nenhuma similaridade cariotípica. Em relação a *Vigna*, as espécies de *Phaseolus* também mostraram considerável similaridade cariotípica. Dentre as 42 combinações, oito mostraram KSI alto, 13 tiveram KSI médio, em 17 o KSI foi baixo e em outras quatro inexistiu similaridade.

Assim, tanto nos gráficos de discriminantes lineares (FIGURAS 3 e 4), como no que mostra níveis de similaridade cariotípica (FIGURA 7) e em dendrogramas de similaridade obtidos preliminarmente (FORNI-MARTINS & CRUZ, 1986), os gêneros *Vigna* e *Macroptilium* parecem ser mais homogêneos e mais proximamente relacionados entre si do que *Phaseolus*.

Esses resultados estão em desacordo com as conclusões de SUBRAMANIAN (1979), para o qual *Macroptilium* era mais próximo a *Phaseolus*, formando um grupo intermediário entre *Vigna* e *Phaseolus*. Tais conclusões foram baseadas em estudos de morfologia de folhas primárias, de pêlos, de células de estômatos e da estrutura da exina de grãos de pólen.

A heterogeneidade cariotípica de *Phaseolus* também parece estar em desacordo com as conclusões de MARÉCHAL et al. (1978), após estudo de taxonomia numérica no grupo. Aqueles autores apresentaram o gênero *Phaseolus* como uma unidade bem distinta em relação ao grupo, enquanto que *Vigna* foi apontado como um gênero bastante heterogêneo.

Os resultados obtidos por NOZZOLILLO & McNEILL (1984), que estudaram o padrão de pigmentação de antocianina em seis espécies de *Phaseolus* e em doze de *Vigna*, permitem concluir que o gênero *Phaseolus* parece também ser mais homogêneo, enquanto que em *Vigna* diferentes padrões podem ser observados, inclusive com aparente valor taxonômico. Assim, no gráfico que expressa a análise canônica das variáveis, três grupos puderam ser reconhecidos: 1) espécies do subgênero *Vigna* (*V. umbellata*, *V. luteola*, *V. oblongifolia*) com a única espécie estudada do subgênero *Lasiospron* (*V. longifolia*); 2) duas espécies do subgênero *Sigmoidotropis* (*V. caracalla* e *V. adenantha*) com todas as espécies de *Phaseolus* (*P. vulgaris*, *P. coccineus*, *P. lunatus*, *P. acutifolius*, *P. ritensis* e *P. filiformis*); 3) espécies do subgênero *Ceratotropis* (*V. radiata*, *V. mungo*, *V. aconitifolia*, *V. trilobata* e *V. angularis*). Apenas neste último grupo foi

observada a presença de antocianoplastos. Num dendrograma construído pelo método de ligação por média aritmética simples, utilizando o coeficiente de Jaccard modificado, os mesmos agrupamentos foram observados, à exceção de que em *Phaseolus*, a espécie *P. filiformis* fugiu ao padrão do grupo, associando-se com as espécies do subgênero *Ceratotropis* de *Vigna*.

No presente trabalho observaram-se situações bastante destoantes para as espécies de *Phaseolus* no que se refere aos parâmetros aqui analisados. Assim, com relação ao CTC, espécies de *Phaseolus* estão em posições antagônicas: *P. filiformis* e *P. coccineus* têm o menor e o maior valores de CTC, respectivamente (TABELA 21). Também para o índice TFX a distribuição das espécies de *Phaseolus* é bastante diversificada, tendo espécies com os menores valores (*P. vulgaris* e *P. coccineus*) até o quarto maior, na espécie *P. filiformis* (TABELA 33).

Se considerarmos as espécies de *Vigna* subgen. *Sigmoidotropis* estudadas no presente trabalho (*V. adenatha*, *V. candida* e *V. peduncularis*) em relação às do gênero *Phaseolus* (excluindo *P. anisotrichus* e *P. filiformis*), os resultados de KSI apenas baixos e médios obtidos (FIGURA 7) parecem ser bastante coerentes com estudos taxonômicos (VERDCOURT, 1970; MARÉCHAL et al., 1978) e análises bioquímicas (CHRISPEELLS & BAUMGARTNER, 1978; MICHELIN-RAMOS, 1980; NOZZOLILLO & McNEIL, 1984)) realizados anteriormente. Aqueles trabalhos confirmaram a transferência do grupo *Sigmoidotropis* do gênero *Phaseolus* para o gênero *Vigna*, embora tenha caracteres morfológicos comuns a ambos. Dentre os estudos bioquímicos realizados, o único que não apoiou tal alteração taxonômica foi o de JAASKA & JAASKA (1988), que analisaram o padrão eletroforético de duas isoenzimas de espécies de *Phaseolus* e de *Vigna* incluindo *V. adenantha*.

7.5 - Relacionamento entre espécies

O grau de proximidade entre as espécies aqui estudadas pode ser estimado a partir de cálculo dos KSI (FIGURA 7) e também através de suas respectivas fórmulas cariotípicas (TABELA 20) e dos valores de CTC e de TF% (TABELA 21).

Inicialmente, serão consideradas as espécies de um mesmo gênero e, posteriormente, semelhanças de cariótipos entre espécies de gêneros diferentes também serão analisadas. Complementando a discussão, serão apresentados trabalhos realizados em outras áreas, como de taxonomia propriamente dita, de quimiotaixonomia e de cruzamentos interespecíficos, enfocando as mesmas espécies aqui estudadas.

Cada tipo de polimorfismo parece atuar independentemente no processo evolutivo e nem sempre se observa uma relação direta entre a variabilidade cromossômica e a morfológica (GUERRA, 1988). Assim, justifica-se que, em muitos dos trabalhos utilizados na presente discussão sejam sugeridos diferentes níveis de relacionamento entre espécies a partir da análise de dados morfológicos, químicos, cromossômicos e de hibridações interespecíficas.

As pressões de seleção sobre caracteres morfológicos, químicos e citológicos podem ser bastante distintas e o passo evolutivo dos mesmos ocorrer de forma diferente e independente em um dado grupo de plantas. ROCHA (1988) concluiu que, em espécies de *Hymenaea* (Leguminosae), as informações baseadas na morfologia externa, nas proteínas de reserva e na química de resinas foliares são incongruentes, levando a conclusões muito diversas quanto às possíveis afinidades entre os táxons.

7.5.1 - de *Macroptilium*

No presente trabalho, o maior grau de similaridade cariotípica foi observado entre *M. erythroloma* e *M. sabaraense* (FIGURA 7). A espécie *M. atropurpureum* tem KSI médio com *M. sabaraense*, *M. bracteatum* e *M. erythroloma*, da mesma forma que *M. sabaraense* com *M. bracteatum* e *M. lathyroides*, ou *M. erythroloma* com *M. lathyroides*. Por outro lado, a espécie *M. lathyroides* mostrou KSI baixo com *M. atropurpureum* e *M. bracteatum*, assim com *M. bracteatum* e *M. erythroloma*.

A simples análise das fórmulas cariotípicas (TABELA 20) mostra, de forma geral, algumas tendências idênticas às observadas na FIGURA 7. Assim, há coincidência nas fórmulas de *M. sabaraense* e de *M. erythroloma*. A espécie *M. lathyroides* tem fórmula praticamente idêntica à das espécies anteriores, exceto que não possui par cromossômico com satélite. Por outro lado, *M. atropurpureum* e *M. bracteatum* mostraram-se mais parecidos quanto à fórmula cariotípica, embora *M. bracteatum* apresente cromossomos mais longos (TABELA 21) e tenha um par com satélite (TABELA 20). Assim, analisando-se um possível nível de relacionamento em ordem decrescente das espécies de *Macroptilium* a partir da comparação de fórmulas cariotípicas aqui obtidas tem-se: *M. sabaraense* - *M. erythroloma* - *M. lathyroides* - *M. atropurpureum* - *M. bracteatum*.

Na fase preliminar do presente trabalho (FORNI-MARTINS & CRUZ, 1986), quando a espécie *M. sabaraense* ainda não havia sido analisada, a construção de dendrogramas de similaridade mostrou que as espécies *M. atropurpureum*, *M. bracteatum*, *M. erythroloma* e *M. lathyroides* formavam um grupo único quando se considerou índice centromérico. Na construção daqueles dendrogramas foram analisados separadamente comprimentos cromossômicos e índices centroméricos, de forma que os resultados não podem ser comparados diretamente com os níveis de KSI agora

obtidos, que abrangem aqueles dois parâmetros em conjunto. No dendrograma que utilizou índices centroméricos como parâmetro, *M. erythroloma* formou um grupo único com *M. lathyroides*, ao que se associaram *M. atropurpureum* e, finalmente, *M. bracteatum* (FORNI-MARTINS & CRUZ, 1986). A maior proximidade cariotípica entre *M. erythroloma* e *M. lathyroides* também é observada no presente trabalho (KSI médio), assim como o nível de relacionamento das demais espécies é o mesmo, considerando-se a semelhança de suas fórmulas cariotípicas.

O trabalho mais abrangente que mostra o relacionamento de espécies de *Macroptilium* é o de MARÉCHAL et al. (1978). Foram construídos dendrogramas utilizando coeficiente de correlação e distâncias euclidianas. Em ambos, *M. sabaraense* está bem distanciada das demais espécies de *Macroptilium* estudadas, o que difere bastante do observado no presente trabalho. No agrupamento estabelecido por MARÉCHAL et al. (1978), utilizando correlação, as espécies *M. lathyroides*, *M. bracteatum* e *M. erythroloma* formam um grupo bastante coeso, estando *M. atropurpureum* bem próximo àquele grupo. Também naquele caso não há concordância com o obtido no presente trabalho para similaridade cariotípica. Aqui, ao contrário, a espécie *M. atropurpureum* parece estar mais proximamente relacionada com *M. lathyroides*, *M. bracteatum* e *M. erythroloma* (KSI médio) do que estas estão entre si (KSI baixo), à exceção de *M. erythroloma* e *M. lathyroides*, que têm KSI médio. Especialmente com relação a *M. bracteatum*, o maior distanciamento em relação as demais, se deve ao seu alto CTC (TABELA 21).

MICHELIN-RAMOS (1980) estudou globulinas de sementes de 15 espécies de *Phaseolus* (s.l.) através da análise do padrão eletroforético das unidades protéicas. Dentre aquelas espécies, seis pertenciam ao táxon *Macroptilium*, sendo que a elaboração de dendrogramas através de diferentes métodos mostrou o grupo como

bastante homogêneo e distinto do restante das espécies analisadas. Entretanto, o grau de proximidade entre as diferentes espécies alterava-se de acordo com o método de agrupamento utilizado. Nota-se, entretanto, que as espécies *M. erythroloma* e *M. lathyroides* não estavam tão proximamente relacionadas quanto o observado no presente trabalho, no de FORNI-MARTINS & CRUZ (1986) e no de MARÉCHAL et al. (1978).

7.5.2 - de *Phaseolus*

No presente trabalho não foi observado nenhum caso de alta similaridade cariotípica entre as seis espécies de *Phaseolus* aqui estudadas. O que existe são níveis de KSI médio entre as espécies *P. vulgaris* e *P. coccineus*, entre *P. lunatus* e *P. acutifolius* ou *P. anisotrichus* e entre *P. filiformis* e *P. anisotrichus* (FIGURA 7). À exceção de comparações entre *P. filiformis* e *P. acutifolius* ou *P. coccineus* e entre *P. coccineus* e *P. anisotrichus*, em que não se observa qualquer similaridade, todas as demais combinações entre as espécies estudadas mostraram KSI baixo.

Entretanto, nem sempre se observa relação entre os resultados obtidos através da análise de KSI e de fórmulas cariotípicas. Para exemplificar, pode-se analisar o relacionamento entre as espécies *P. vulgaris* e *P. coccineus*. Se o KSI entre elas é apenas médio (FIGURA 7), a comparação de suas fórmulas cariotípicas mostra que são praticamente idênticas (TABELA 20). A única diferença reside num dos três maiores pares de *P. coccineus*, que tem satélite e posição centromérica diferente do seu equivalente em *P. vulgaris*. A análise cariotípica daquelas espécies, feita por outros autores, através da técnica de bandamento (MOK & MOK, 1976) ou da comparação de cromossomos meióticos em diplóteno (CHENG & BASSET, 1981), também

não revelou diferenças apreciáveis entre elas.

Contudo, é de considerar-se que a simples comparação de fórmulas cariotípicas parece encobrir pequenas variações entre os cariótipos de diferentes espécies, porque envolvem o agrupamento dos cromossomos com base apenas no índice centromérico (mediano e submediano) e no tamanho cromossômico em classes compreendidas por intervalos de 1,0 μ m. Assim, se se comparam, por exemplo, valores de CTC e de TFX e da variação individual do comprimento dos cromossomos de *P. vulgaris* e *P. coccineus*, podem-se observar pequenas diferenças cromossômicas entre elas. Em outros trabalhos, como no de MARÉCHAL et al. (1978) e de SARBHOY (1977, 1978b, 1980), também há valores de CTC e de TFX e fórmulas cariotípicas diferentes entre as duas espécies.

O relacionamento entre espécies de *Phaseolus* mais bem estudado é entre *P. vulgaris* e *P. coccineus*, devido à importância econômica das mesmas, porém outras espécies foram também estudadas, envolvendo análise de caracteres morfológicos e químicos, além de outros estudos cromossômicos.

Além da ocorrência de híbridos naturais entre as espécies *P. vulgaris* e *P. coccineus* (MIRANDA, 1965; RUTGER & BECKHAM, 1970; SMARTT, 1970), foram conduzidos diversos experimentos de cruzamentos interespecíficos entre elas. Os estudos indicaram maior facilidade de obtenção de híbridos utilizando *P. vulgaris* como planta feminina (AL YASIRI & COYNE, 1966; HAWKINS & EVANS, 1973; THOMAS, 1974; SAVOVA, 1979), a não ser quando se transfere o embrião em desenvolvimento para um meio de cultura adequado (SHII et al., 1982). Embora ZAGORCHEVA et al. (1983) mencionassem que os cromossomos daquelas duas espécies apresentam diferenças estruturais, outros autores sugeriram que a barreira interespecífica não parece ser decorrente da falta de homologia cromossômica entre elas (MARÉCHAL, 1971; SAVOVA, 1979; HAQ et al., 1980). Lamprecht (1941 apud SMARTT, 1970) sugeriu que a diferenciação entre *P.*

vulgaris e *P. coccineus* seria gênica, envolvendo, principalmente, dois genes interespecíficos.

Inúmeros outros estudos referentes a hibridações entre espécies de *Phaseolus* mostraram sempre menor grau de sucesso do que entre *P. vulgaris* e *P. coccineus*, discutidos anteriormente. Assim, cruzamentos entre *P. vulgaris* e *P. acutifolius* levaram à formação de híbridos apenas quando os embriões em desenvolvimento eram transferidos para meios de cultura (HONMA, 1956; AL YASIRI & COYNE, 1964, 1966; SMARTT, 1970; MOK et al., 1978; MOHAN, 1982; PRATT et al., 1985). Já com relação ao cruzamento entre *P. vulgaris* e *P. lunatus* os resultados foram ainda piores, ocorrendo a abscisão de vagens em fases precoces de desenvolvimento (HONMA & HEECKT, 1959; AL YASIRI & COYNE, 1966; MOK et al., 1978; MOHAM, 1982). LEONARD et al., (1987) não foram bem sucedidos na obtenção de híbridos entre aquelas espécies, mesmo recorrendo a técnicas de culturas de embriões *in vitro*. Tais técnicas possibilitaram o desenvolvimento quase normal dos embriões até uma determinada etapa.

Baseado nos diferentes graus de sucesso na obtenção de híbridos interespecíficos entre as espécies economicamente importantes de *Phaseolus*, BURNS (1977) propôs um novo sistema de classificação, objetivando a transferência de genes que condicionam caracteres agronômicos favoráveis para *P. vulgaris*. A classificação estabelecida foi a seguinte: "reservatório de genes 1", compreendendo a espécie *P. vulgaris*, propriamente dita, representada por raças cultivadas e selvagens; "reservatório de genes 2", do qual a transferência é possível mas difícil, compreendendo *P. coccineus* e *P. darwinianus*; "reservatório de genes 3", do qual a transferência de genes não é possível ou requer técnicas especiais, como cultura de embrião, compreendendo *P. acutifolius* e *P. ritensis*. De acordo com BURNS (1977), *P. lunatus* seria uma espécie isolada, havendo ainda maior dificuldade no intercâmbio genético com *P. vulgaris*.

A análise taxonométrica realizada por MARÉCHAL et al. (1978) concordou perfeitamente com os resultados dos reservatórios gênicos apresentados por BURNS (1977). Aqueles autores reconheceram as espécies *P. vulgaris* e *P. coccineus* como integrantes de um grupo com alto índice de similaridade, que variava de 82 a 91%. No extremo oposto, a uma distância considerável, encontrou-se *P. lunatus*, com apenas 65 a 75%, estando outras espécies mais próximas ao grupo *P. vulgaris* e *P. coccineus*. A espécie *P. acutifolius* mostrou similaridade de 80 a 83% com *P. vulgaris* e de 75 a 81% com *P. lunatus*, sendo intermediária entre aqueles dois grupos. A espécie *P. filiformes* foi citada como muito próxima a *P. acutifolius*. Os níveis de proximidade entre tais espécies foram apresentados num dendrograma de coeficientes de correlação. A espécie *P. anisotrichus* apareceu num agrupamento diferente daquele em que se achavam aquelas cinco discutidas anteriormente.

Estudos bioquímicos envolvendo espécies de *Phaseolus* foram desenvolvidos por vários autores, que, entre outras coisas, confirmaram a proximidade de *P. vulgaris* e *P. coccineus*. Assim, KLOZ (1971) detectou a presença de faseolina em *P. vulgaris* e em *P. coccineus*, mas não em *P. lunatus*. Num outro estudo, em que foi determinado o padrão de bandas protéicas e do potencial de aglutinação de extratos de sementes com relação ao grupo 0 de células sanguíneas humanas, DERBYSHIRE et al. (1976a) verificaram a presença da glico-proteína II como a principal proteína de sementes nas espécies de *P. vulgaris*, *P. coccineus*, *P. acutifolius* e *P. dumosus*, mas não em *P. lunatus* e *P. filiformis*. Já MICHELIN-RAMOS (1980), através do estudo do padrão eletroforético de bandas protéicas, determinou que a principal proteína de reserva de sementes das espécies *P. vulgaris*, *P. coccineus* e *P. acutifolius* é a globulina 1, enquanto que em *P. lunatus* não foi possível afirmar sua real presença, devido à obtenção de bandas fracas e não proeminentes. A globulina 1 e a

glico-proteína II citadas por MICHELIN-RAMOS (1980) e DESBYSHIRE et al., (1976a), respectivamente, parecem ser equivalentes. A globulina 1 é uma preparação impura de glicoproteína II (DERBYSHIRE et al., 1976b). LIOI (1987) também estudou as proteínas de reservas de sementes de *P. vulgaris*, *P. coccineus*, *P. acutifolius* e *P. lunatus* e igualmente confirmou o grau de relacionamento entre aquelas espécies. As três primeiras espécies contêm faseolina e lectina, enquanto que *P. lunatus* não mostra aqueles grupos de peptídios. Nota-se, então, equivalência nos agrupamentos feitos a partir da utilização de diferentes métodos bioquímicos, havendo maior grau de semelhança entre *P. vulgaris* e *P. coccineus*, ao que se pode juntar *P. acutifolius*, estando *P. lunatus* bem mais distanciado em relação a elas.

Entretanto, aquele tipo de agrupamento obtido nos estudos taxonômicos, bioquímicos e de hibridação interespecífica não é repetido por completo no presente trabalho, conforme discussão anteriormente apresentada com relação aos níveis de similaridade cariotípica (FIGURA 7). Numa etapa preliminar (FORNI-MARTINS & CRUZ, 1986), no dendrograma de similaridade cariotípica para índice centromérico, *P. coccineus* era mais proximamente relacionado com *P. lunatus* do que com *P. vulgaris*. No entanto, para comprimento cromossômico, confirmou-se maior similaridade entre *P. vulgaris* e *P. coccineus* do que com *P. lunatus*.

Comparando-se resultados cromossômicos apresentados por outros autores, como MARÉCHAL (1970) e SARBHOY (1977, 1980), também não se observa perfeita correlação com aqueles da taxonomia, de bioquímica e de hibridações interespecíficas. No trabalho de MARÉCHAL (1970) foram apresentados valores de CTC para as espécies *P. acutifolius*, *P. anisotrichus*, *P. coccineus*, *P. filiformis*, *P. lunatus* e *P. vulgaris*, algumas representadas por mais de uma introdução, às vezes na forma de sinonímia botânica. *P. coccineus* e *P. vulgaris* apresentaram mais de um

valor de CTC, dependendo da introdução considerada. Considerando valores aproximadamente médios, observa-se que *P. coccineus* aproxima-se mais de *P. acutifolius* do que de *P. vulgaris* que, por sua vez, aproxima-se mais de *P. lunatus*. As espécies *P. filiformis* e *P. anisotrichus* têm CTC semelhantes. A análise de valores de CTC e de TFX apresentados por SARBHOY (1980) mostrou, em ambos os casos, que *P. vulgaris* aproxima-se de *P. acutifolius* e que *P. coccineus* e *P. lunatus* têm valores praticamente idênticos.

É também interessante a análise do relacionamento entre *P. acutifolius* e *P. filiformis*. Para MARÉCHAL et al. (1978) seriam espécies bastante próximas. Já no trabalho de DERBYSHIRE et al. (1976a), *P. filiformis* encontrava-se no agrupamento oposto ao de *P. acutifolius* e, no presente trabalho, a análise do nível de similaridade cariotípica mostrou que entre elas o KSI é nulo. O que deve ter contribuído enormemente para isto é a grande diferença de comprimento cromossômico entre *P. filiformis* e as demais espécies de *Phaseolus*, incluindo *P. acutifolius* (TABELA 21). NOZZOLILLO & McNEILL (1984) estudaram o padrão de pigmentação de diversas espécies de *Vigna* e de *Phaseolus* e concluíram que *P. filiformis* fugia ao padrão das demais espécies do gênero, estando mais próxima ao apresentado por espécies de *Vigna* do subgênero *Ceratotropis*. Portanto, para *P. filiformis* os resultados obtidos em estudos cromossômicos e bioquímicos parecem não concordar com a similaridade morfológica apontada no estudo de taxonomia numérica de MARÉCHAL et al. (1978).

Ainda com relação a *P. filiformis*, no presente trabalho observou-se KSI médio entre ela e *P. lunatus*. Assim, parece haver coincidência com o agrupamento sugerido por DERBYSHIRE et al. (1976a), em que aquelas duas espécies isolaram-se num único grupo.

P. anisotrichus também tem cromossomos bastante pequenos quando comparados com o padrão geral das demais espécies de *Phaseolus* aqui estudadas. Além disso, é a única espécie a apresentar número de cromossomo diferente ($2n = 20$), porém apresentou KSI médio tanto com *P. lunatus* como com *P. filiformes*. MARÉCHAL (1970) também obteve CTCs de *P. anisotrichus* e de *P. filiformes* praticamente idênticos. Apesar da inexistência de estudos correlatos em outras áreas, os resultados cromossômicos aqui discutidos sugerem que *P. anisotrichus* esteja mais proximamente relacionada a *P. filiformis* e a *P. lunatus* do que ao grupo *P. vulgaris* - *P. coccineus*.

7.5.3 - de Vigna

O gênero *Vigna* compreende um grande número de espécies, sendo que algumas delas, além de serem envolvidas em estudos taxonômicos, também foram analisadas do ponto de vista bioquímico e de hibridação interespecífica. Tais trabalhos mostraram certa coerência na indicação do nível de relacionamento entre algumas espécies, porém não há muitas coincidências com relação aos dados cariotípicos aqui obtidos.

Tal discordância é percebida principalmente quando se tenta determinar o grau de afinidade entre os diferentes subgêneros de *Vigna*, que morfologicamente podem ser bem diferenciados (MARÉCHAL et al., 1978). Os dados referentes à comparação de KSI (FIGURA 7) são bastante inesperados, porque o máximo de similaridade é obtido entre espécies pertencentes a subgêneros diferentes. Assim, observa-se KSI máximo entre *V. radiata* (subg. *Ceratotropis*), e *V. unguiculata* (subg. *Vigna*) entre *V. candida* (subg. *Sigmoidotropis*) e *V. radiata* ou *V. umbellata* (ambas pertencentes ao subg. *Ceratotropis*). Exceção ocorre no relacionamento entre *V. candida* e *V. adenantha*, ambas do

subgênero *Sigmodotropis*.

Também no trabalho de YASUI et al. (1985), que estudaram a distribuição de 21 carboidratos de baixo peso molecular em espécies de *Vigna*, não se observou perfeita concordância com a taxonomia. Dentre nove espécies do subgênero *Ceratotropis* e em mais quatro pertencentes aos subgêneros *Plectotropis*, *Lasiospron* e *Vigna*, três também foram estudadas no presente trabalho, ou seja *V. radiata*, *V. umbellata* e *V. unguiculata*. Um dendrograma construído a partir do método de agrupamento do par ponderado de distâncias taxonômicas mostrou que as espécies *V. umbellata* e *V. unguiculata* seriam mais proximamente relacionadas do que estas com *V. radiata*. Tais resultados estão em desacordo com os da taxonomia, porque *V. unguiculata* pertence a um subgênero diferente (subg. *Vigna*) do das espécies *V. radiata* e *V. umbellata* (subg. *Ceratotropis*).

Por outro lado, em outro estudo químico envolvendo espécies de *Phaseolus* e de *Vigna*, os resultados obtidos possibilitaram, pelo menos em termos, a caracterização de subgêneros de *Vigna*. NOZZOLILLO & McNEILL (1984), estudando padrões de distribuição de antocianina, constataram que espécies dos subgêneros *Vigna* e *Ceratotropis* individualizaram-se em grupos perfeitamente distintos.

Em termos de hibridação interespecífica, os diversos cruzamentos já realizados envolveram quase que exclusivamente espécies do subgênero *Ceratotropis*. Aqui, a análise comparativa ficou praticamente restrita ao cruzamento entre *V. radiata* e *V. umbellata* (DANA, 1966; MACHADO et al., 1982), também estudadas citologicamente. Os híbridos foram obtidos apenas quando *V. radiata* foi utilizada como parental feminino. A meiose de tal híbrido é citada como bastante irregular, culminando com uma taxa de viabilidade de pólen bastante baixa, ao redor de 1%. No presente trabalho as espécies mostraram KSI médio (FIGURA 7) e suas fórmulas cariotípicas são parecidas, principalmente no que

se refere à posição de centrômeros, diferindo no comprimento cromossômico de três de seus pares. Isso é refletido no CTC, que é de 45,88 μ m para *V.umbellata* e de 38,84 μ m para *V. radiata*. O índice TFX de ambas é praticamente idêntico (TABELA 21).

7.5.4 - de outros gêneros

Os gêneros *Phaseolus*, *Vigna* e *Macroptilium* são distintos taxonomicamente, porém o nível de similaridade entre suas espécies poderia ser investigado através da análise de estudos cromossômicos, químicos e de hibridação interespecífica em complementação aos caracteres morfológicos. Dentre aqueles estudos biosistemáticos, podem ser discutidos dois trabalhos envolvendo cruzamentos intergenéricos.

Em relação aos gêneros *Macroptilium* e *Vigna*, BISWAS & DANA (1975) obtiveram híbridos unidirecionais entre *V. radiata* e *M. lathyroides*, com cerca de 23,8% de fertilidade em F1. Os autores verificaram que na maioria dos híbridos o pareamento máximo obtido foi de 10 II + 2 I em somente 13,1% dos casos, mas inferiram a existência de uma homologia considerável em 10 cromossomos de cada conjunto haplóide, reforçada pelo pareamento em paquíteno. Tais resultados mostram concordância com os do presente trabalho, onde se obteve KSI alto entre aquelas espécies (FIGURA 7). Suas fórmulas cariotípicas são praticamente idênticas, à exceção da existência de um cromossomo com satélite em *V. radiata* (TABELA 20), que tem também cromossomos um pouco maiores e assimétricos que os de *M. lathyroides* (TABELA 21). A ocorrência de KSI alto entre espécies dos gêneros *Vigna* e *Macroptilium*, como no caso acima discutido, foi observada em sete das 35 possíveis combinações realizadas no presente trabalho (FIGURA 7).

Cruzamentos intergenéricos também foram realizados por AL YASIRI & COYNE (1966), como aquele envolvendo *P. vulgaris* e *V. umbellata*. O cruzamento mostrou-se parcialmente compatível em termos de formação de vagens, havendo colapso das mesmas em fases precoces de desenvolvimento. No presente estudo os cariótipos daquelas espécies mostraram-se bastante distintos, tendo KSI baixo (FIGURA 7), diferindo também em suas fórmulas cariotípicas (TABELA 20) e, apesar de terem CTC próximos, observou-se considerável variação nos seus respectivos índices TFX (TABELA 21).

B - CONCLUSÕES

Na elaboração de cariótipos, utilizando cromossomos em metáfase mitótica de pontas de raiz, de 18 espécies de *Phaseolus*, *Vigna* e *Macroptilium* foram obtidos os seguintes resultados: confirmou-se o número cromossômico de $2n = 22$ para a maioria das espécies estudadas, com variação de $2n = 20$ para *P. anisotrichus* e $2n = 18$ para uma das introduções de *V. peduncularis* estudadas; os cromossomos apresentam tamanho bastante reduzido e semelhante, variando de 1 até 3 μm de comprimento; a maioria dos cromossomos possui centrômero em posição mediana, com alguns submedianos; o número de constrições secundárias variou de zero até dois, havendo uma única espécie (*P. coccineus*) em que foram evidenciadas três; em cada espécie, a variação de tamanho entre os diferentes pares cromossômicos é gradual, não sendo possível reconhecer grupos de cromossomos diferentes em cada uma delas; os cariótipos foram enquadrados na categoria 1A da classificação de STEBBINS (1971) porque a proporção entre o maior e o menor pares do complemento atinge, no máximo, 2:1 e inexistem cromossomos acrocêntricos e telocêntricos.

Observou-se variação entre células de uma mesma espécie, sendo que a maioria (56,34%) dos valores de CV% para comprimento cromossômico foi classificada como média, enquanto que para índice centromérico, a maioria (50,76%) enquadrou-se na classe de CV% baixo. Tal resultado pode ser atribuído à variação genética, à contração cromatínica diferencial ou a problemas de técnica, embora se tenha procurado padronizar condições para germinação de sementes, coleta e pré-tratamento de raízes e condições para medição de cromossomos. Devido a tais fatores, intrínsecos ao material ou a problemas de técnica, o cariótipo aqui apresentado para cada espécie representa a média dos valores

obtidos para uma amostragem de cerca de 10 células.

Foram elaboradas as fórmulas cariotípicas e determinados o comprimento total de cromatina (CTC) e o índice TFX para cada uma das espécies estudadas. Observou-se sobreposição de valores de CTC e de TFX entre espécies pertencentes a um mesmo gênero e a gêneros diferentes. Assim, embora, no geral, o CTC tenha sido maior em algumas espécies de *Phaseolus*, também se observou para *P. filiformis*, o menor CTC dentre todas as espécies aqui estudadas.

Os maiores valores de CTC foram observados em *P. coccineus* (49,34 μ m) e em *P. acutifolius* (49,26 μ m), enquanto os menores foram vistos em *M. lathyroides* (35,46 μ m) e em *P. filiformis* (35,54 μ m). Em relação ao índice TFX, os maiores valores foram obtidos em *M. erythroloma* (48,69) e em *M. lathyroides* (47,16), estando *P. coccineus* (39,85) e *P. vulgaris* (38,73) em situação oposta.

Os valores de CTC e de TFX foram utilizados para discutir tendências evolutivas nesse grupo de plantas, obtendo-se melhores resultados com a comparação de TFX. Embora não haja equivalência entre a posição de cada espécie quando se faz um ordenamento por CTC ou por TFX, a associação desses parâmetros sugere que a tendência evolutiva para o grupo seria o aumento de CTC e a diminuição de TFX, ou seja, aumento da assimetria cariotípica.

A análise de tendências evolutivas entre os subgêneros de *Vigna* não mostrou qualquer tipo de correspondência com o esperado a partir dos estudos taxonômicos realizados por diversos autores. Assim, no subgênero *Sigmoidotropis*, tido como o mais primitivo, não se observaram cariótipos tão simétricos quanto o esperado, especialmente para *V. peduncularis*, que teve um dos valores de TFX mais baixos aqui obtidos.

Os dados cariotípicos obtidos, referentes a tamanho cromossômico, posição de centrômero, número e posição de satélites, fórmula cariotípica, CTC e TF% foram comparados aos apresentados por outros autores nas mesmas espécies aqui estudadas. No geral, não se observa concordância nos resultados, tanto quanto ao tamanho e à forma dos cromossomos, quanto à visualização de satélites. Tais diferenças podem ser explicadas pela provável ocorrência de variação genética entre indivíduos de uma mesma espécie, pelas condições ambientes a que as plantas estudadas foram submetidas, por diferentes procedimentos de técnicas e pelo tipo de nomenclatura utilizadas para classificação de cromossomos. Os resultados apresentados por MARÉCHAL (1969, 1970) apresentam o maior grau de semelhança com os obtidos no presente trabalho.

Devido à grande semelhança entre os cariótipos das espécies e à sobreposição de valores de comprimento cromossômico e de índice centromérico, a aplicação de alguns testes estatísticos não possibilitou a formação de agrupamentos que diferenciasssem espécies ou mesmo cada um dos três gêneros estudados. O teste que resultou no melhor grau de discriminação de tais gêneros foi o de discriminantes lineares; apesar da sobreposição, em *Vigna* e em *Macroptilium* observou-se uma ligeira tendência de agrupamento de suas espécies, embora com uma área intermediária de sobreposição. O gênero *Phaseolus* mostrou-se mais heterogêneo do ponto de vista cromossômico, o que discorda da homogeneidade morfológica constatada através de diversos estudos taxonômicos.

Num gráfico que mostra índices de similaridade cariotípica, também se constata a pequena similaridade entre as espécies do gênero *Phaseolus*. Por outro lado, em *Macroptilium* e em *Vigna* a similaridade das espécies, tanto dentro do próprio gênero como entre os gêneros, foi bem mais pronunciada.

Os dados cariotípicos aqui obtidos, embora referentes a um pequeno número de espécies de um grupo extremamente numeroso, sugerem que a Citotaxonomia não traz uma contribuição significativa para o assentamento das bases taxonômicas dos gêneros *Phaseolus*, *Vigna* e *Macroptilium*, ao contrário do que outros autores obtiveram com estudos de caracteres químicos e palinológicos. A comparação de trabalhos utilizando dados morfológicos, químicos, palinológicos, cromossômicos e de hibridações interespecíficas para verificar o grau de relacionamento entre algumas das espécies aqui estudadas nem sempre aponta a mesma direção, o que confirma que em certos grupos a evolução deve ter ocorrido independentemente.

Os números cromossômicos obtidos coincidem com relatos para outras espécies e gêneros dentro da tribo Phaseoleae, subtribo Phaseolineae, confirmando o posicionamento de *Phaseolus*, *Vigna* e *Macroptilium* em tais categorias supragenéricas.

9 - LITERATURA CITADA

- AL YASIRI, S.A. & COYNE, D.P. 1964. Effect of growth regulators in delaying pod abscission and embryo abortion in the interspecific cross *Phaseolus vulgaris* x *P. acutifolius*. *Crop Sci.* 4(4):433-5.
- 1966. Interspecific hybridation in the genus *Phaseolus*. *Crop Sci.* 6:59-69.
- ASHRAF, M. & BASSETT, M.J. 1986. Cytogenetic analysis of translocations heterozygosity in the common bean (*Phaseolus vulgaris*). *Can. J. Genet. Cytol.* 28(4):574-80.
- AVANZI, S.; DURANTE, M.; CIONINI, P.G.; D'AMATO, F. 1972. Cytological localization of ribosomal cistrons in polytene chromosomes of *Phaseolus coccineus*. *Chromosoma* 39:191-203.
- AYONODADU, U.W.U. 1974. Nuclear DNA variaion in *Phaseolus*. *Chromosoma* 48:41-9.
- BAJER, A. 1959. Change of length and volume of mitotic chromosomes in living cells. *Hereditas* 45:579-96.
- BANDEL, G. 1972. *Variação numérica de cromossomos e evolução nas leguminosas*. Tese de Doutorado. Piracicaba, Escola Superior de Agricultura Luiz de Queiroz, Universidade de São Paulo.
- BENNETT, M.D. & REES, H. 1969. Induced and developmental variation in chromosomes of meristematic cells. *Chromosoma* 27:226-44.
- BENNETT, M.D. & SMITH, J.B. 1976. Nuclear DNA amounts in angiosperms. *Phil. Trans. Roy. Acad. Sci., B.*, 274:227-74.
- BENTHAM, G. 1859. Leguminosae: Papilionaceae. In: MARTIUS, C.F.P.; ENDLICHER, A.C.; URBAN, J., ed., 1840/1906. *Flora Brasiliensis*. Munique Lipsiae apud Frid. Fleischer in Comm. V. 15, parte 1. P. 179-93.
- BHATTACHARYA, S. 1978. Giemsa-banding pattern of chromosomes in *Phaseolus vulgaris* L. *Cytologia* 43:581-8.
- BIR, S.S. & SIDHU, S. 1967. Cytological observations on the North Indian members of family Leguminosae. *The Nucleus* 10:47-67.
- BISWAS, M.R. & DANA, S. 1975. *Phaseolus aureus* x *Phaseolus lathyroides* cross. *Nucleus* 18:81-5.

- BOLKHOVSKIKH, Z.; GRIF, V.; MATVEJEVA, T.; ZAKHARYEVA, O. 1969. In: FEDOROV, An. A., ed. *Chromosome number of flowering plants*. Moscou, V. L. Komarov Botanical Institute, Academy of Sciences of the U.S.S.R.
- BOULTER, D.; THURMAN, D.A.; DERBYSHIRE, E. 1967. A disc electrophoretic study of globulin protein of legume seeds with reference to their systematics. *New Phytol.* 66:27-36.
- BURNHAM, C.R. 1962. *Discussion in Cytogenetics*. 19 ed. Minneapolis, Burgess Publishing Company.
- BURNS, R. 1977. *Especies de Phaseolus spp. cultivadas y silvestres*. Trabajo presentado al Curso de Adiestramiento en Producción de Frijol para Investigaciones de América Latina. Cali, Colombia, Centro Internacional de Agricultura Tropical (CIAT).
- CASIMIR, J. & MARCHAND, G., le. 1966. Répartition et importance systématique des acides aminés et des peptides libres des Phaseolineae. *Bull. Jard. Bot. état Bruxelles* 36:53-6.
- CHENG, S.S. & BASSET, M.J. 1981. Chromosome morphology in common bean (*Phaseolus vulgaris*) at the diplotene stage of meiosis. *Cytologia* 46:675-84.
- CHRISPEELS, M.J. & BAUMGARTNER, B. 1978. Serological evidence confirming the assignment of *Phaseolus aureus* and *P. mungo* to the genus *Vigna*. *Phytochemistry* 17:125-6.
- CONAGIN, C.H.T.M. 1950. Ação do paradiclorobenzeno sobre os cromossomos somáticos. *Bragantia* 10:365-9.
- DANA, S. 1966. Cross between *Phaseolus aureus* Roxb. and *P. ricciardianus* Ten. *Genet. Iber.* 18:141-56.
- DARLINGTON, C.D. 1945. *Chromosome atlas of flowering plants*. London, George Allen and Unwin.
- DARLINGTON, C.D. & WYLIE, A.P. 1955. *Chromosome atlas of flowering plants*. London, George Allen and Unwin.
- DATTA, P.C. 1975. Natural variation of chromosome length and a critical assessment of the karyotype in sweet pea. *Cytologia* 40:561-8.
- DAVIS, E. & KAPLAN, L. 1983. Comparative development of secondary xylem in roots of *Phaseolus* spp. *Phyton - Rev. Int. Bot. Exp.* 43(1):45-56.
- DE, D.N. & KRISHNAN, R. 1966. Studies on pachytene and somatic chromosomes of *Phaseolus mungo*. *Genética* 37:581-7.

- DERBYSHIRE, E.; YARWOOD, J.N.; NEAT, E.; BOULTER, D. 1976a. Seed proteins of *Phaseolus* and *Vigna*. *New Phytol.* 76:2283-8.
- DERBYSHIRE, E.; WRIGHT, D.J.; BOULTER, D. 1976b. Legumin and vicilin, storage proteins of legume seeds. *Phytochemistry* 15:3-24.
- EVANS, A.M. 1976. Beans. In: SIMMONDS, Nw., ed. 1976. *Evolution of crop plants*. London, Longman Group Limited. P. 168-72.
- EVANS, A.M. 1980. Structure, variation, evolution and classification in *Phaseolus*. In: SUMMERFIELD, R.J. & BUNTING, A.H., ed. 1980. *Advances in legume science*, 2. ed. Kew, Royal Botanic Gardens. P. 337-47.
- FEVEREIRO, V.P.B. 1979. Macroptilium (Benth.) Urban do Brasil. Leguminosae - Faboideae - Phaseoleae - Phaseolinae. Tese de Mestrado. Rio de Janeiro, Universidade Federal.
- FLANNAGAN, T.W. & JONES, R.N. 1973. The influence of some environmental factors upon the chromosome phenotype in meristematic cells of rye. *Cytologia* 38:11-9.
- FLORESCA, E.T.; CAPINPIN, J.M.; PANCHO, J.V. 1960. A cytogenetic study of Bush sitao and its parental types. *The Philip. Agric.* 44(6):290-98.
- FORNI-MARTINS, E.R. 1984. Estudos citotaxonômicos no complexo Phaseolus-Vigna-Macroptilium. Tese de Mestrado. Campinas, Universidade Estadual de Campinas.
- 1984. Híbridacões no complexo Phaseolus-Vigna-Macroptilium. Boletim Técnico nº 87, Instituto Agrônômico, Campinas, SP. 25p.
- 1986. New chromosome number in the genus *Vigna* Savi (Leguminosae - Papilionoideae) *Bull. Jard. Bot. Nat. Belg.* 56:129-33.
- 1986. Histórico bibliográfico da taxonomia do gênero Phaseolus L. (Leguminosae Lotoideae). Documentos IAC nº 5. Instituto Agrônômico, Campinas, 22p.
- FORNI-MARTINS, E.R. & CRUZ, N.D. 1985. Estudos citotaxonômicos no complexo Phaseolus-Vigna-Macroptilium (Leguminosae Papilionoideae) In: AGUIAR-PERECIN, M.L.R.; MARTINS, P.S.; BANDEL, G., ed., 1985. *Tópicos de citogenética e evolução de plantas*. Anais do I Colóquio de Citogenética e evolução plantas, Piracicaba, 1984. Ribeirão Preto, Sociedade de Brasileira de Genética. P. 155-72.

- FRAHM-LELIVELD, J.A. 1953. Some chromosome numbers in tropical leguminous plants. *Euphytica* 2:46-8.
- 1965. Cytological data on some wild tropical *Vigna* species and cultivares from cowpea and asparagus bean. *Euphytica* 14:251-70.
- GOLDBLATT, P. 1981. Cytology and phylogeny of Leguminosae. In: POLHILL R.M. & RAVEN, P.H., ed. 1981. *Advances in legume systematics*. Part 2. Kew, Royal Botanic Gardens. P. 427-63.
- ed. 1981. Index to plant chromosome numbers 1975-1978. Monographs in Systematic Botany from the Missouri Botanical Garden. Vol. 5. Saint Louis, Missouri Botanical Garden.
- ed. 1984. Index to plant chromosome numbers 1979-1981. Monographs in Systematic Botany from the Missouri Botanical Garden. Vol. 8. Saint Louis, Missouri Botanical Garden.
- GOMES, F.P. 1978. *Curso de estatística experimental*. 8 ed. São Paulo, Nobel.
- GOPINATHAN, M.C. & BABU, C.R. 1986. Meiotic studies of the F₁ hybrid between rice bean (*Vigna umbellata*) and its wild relative *V. minima*. *Genetica* 71:115-7.
- GOSWAMI, L.C. 1979. Kariological studies of thirty-two varieties of lack gram (*Phaseolus mungo* L.) *Cytologia* 44:549-56.
- GRANT, V. 1975. *Genetics of flowering plants*. New York, Columbia University Press.
- GREILHUBER, J. 1984. Chromosomal evidence in taxonomy. In: HEYWOOD, V.H. & MOORE, D.M. eds. *Current concepts in plant taxonomy*. London, Academic Press. P. 157-80.
- GUERRA, M. 1988. *Introdução à citogenética geral*. Rio de Janeiro, Editora Guanabara S.A.
- HAQ, M.N.; LANE, G.R., SMARTT, J. 1980. The cytogenetics of *Phaseolus vulgaris* L., *Phaseolus coccineus* L., their interespecific hybrids, derived amphidiploid and backcross progeny in relation to their potential exploitation in breeding. *Cytologia* 45:791-8.
- HASSLER, E. 1923. *Phaseoli austro-americani*. *Candollea* 1:417-72.
- HAWKINS, C.F. & EVANS, A.M. 1973. Elucidating the behaviour of pollen tubes in intra and interespecific pollinations of *Phaseolus vulgaris* L. and *P. coccineus* Lam. *Euphytica* 22:378-85

- HONMA, S. 1956. A bean interespecific hybrid. *J. Hered.* 47(5):217-20.
- HONMA, S. & HEECKT, O. 1959. Interespecific hybrid between *Phaseolus vulgaris* and *P. lunatus*, *J. hered.* 50:233-7.
- HORVAT, F. & SATINIER, F. 1979. L' étude de l'exine dans le complexe *Phaseolus-Vigna* et dans le genres apparentés. III. *Pollen et Spores* 21:2-30.
- 1980. L' étude de l'exine dans le complexe *Phaseolus-Vigna* et dans les genres apparentés. IV. *Pollen et Spores* 22:139-72.
- HUZIWARA, Y. 1962. Karyotype analysis in some genera of Compositae: VIII. Further studies on the chromosomes of *Aster*. *Amer. J. Bot.* 49:116-9
- IMAI, H.T. & CROZIER, R.H. 1980. Quantitative analyses of directionality in mamalian karyotype evolution. *American Naturalist* 116:537-69.
- JAASKA, V. & JAASKA V. 1988. Isoenzyme variation in the genera *Phaseolus* and *Vigna* (Fabaceae) in relation to their systematics: aspartate aminotransferase and superoxide dismutase. *Pl. Syst. Evol.* 159:145-59.
- JAIN, H.K. & MEHRA, K.L. 1980. Evolution, adaptation, relationships and uses of the species of *Vigna* cultivated in India. In: SUMMER FIELD, R.J. & BUTING, A.H. ed. *Advances in Legume Sciences*. Kew, Royal Botanical Gardens, p. 459-68.
- JONES, L. 1970. Chromosome changes in plant evolution. *Taxon* 19:172-9.
- JOSEPH, L.S. & BOWKAMP, J.C. 1978. Karyomorphology of several species of *Phaseolus* and *Vigna*. *Cytologia* 43: 595 - 600.
- KAPLAN, L.; LYNCH, T.F.; SMITH, C.E. 1973. Early cultivated beans (*Phaseolus vulgaris*) from an intermontane Peruvian valley. *Science* 179:76-7.
- KAPOOR, B.M. 1977. Further observations on the chromosome morphology of some *Solidago* species. *Cytologia* 42:241-53.
- KLOZ, J. 1971. Serology of the Leguminosae. In: HARBONE, J.B.; BOULTER, D.; TURNER, B.L. ed. *Chemotaxonomy of the Leguminosae*. London. Academic Press. P. 309-65.
- KRISHNAN, R. & DE, D.N. 1965. Studies on pachytene and somatic chromosomes of *Phaseolus aureus*. *Nucleus* 8:7-16.

- 1970. Pachytene chromosomes and the origin of a tetraploid species of *Phaseolus*. *Cytologia* 35:501-12.
- LACKEY, J.A. 1980. Chromosome numbers in Phaseoleae (Fabaceae: Faboideae) and their relation to taxonomy. *Amer. J. Botany* 67:595-602.
- LAVANIA, U.C. & LAVANIA, S. 1982. Chromosome banding patterns in some India pulses. *Ann. Bot.* 49:235-9.
- 1983. Karyotype studies in India pulses. *Genet. Agr.* 37:299-308.
- LEITÃO FILHO, H.F. 1972. Botânica de *Phaseolus vulgaris* L. e as espécies brasileiras de *Phaseolus*. In: SIMPOSIO BRASILEIRO DE FEIJÃO, 1, Campinas, 1971. Anais. Vicosá, Imprensa Universitária, Universidade Federal. P. 145-54.
- 1974. Contribuição ao estudo taxonômico do gênero *Phaseolus* L. no Brasil. *Bragantia* 33:53-63.
- LEONARD, M.F.; STEPHENS, L.C.; SUMMERS, W.L. 1987. Effect of maternal genotype on development of *Phaseolus vulgaris* x *Phaseolus lunatus* interspecific hybrid embryos. *Euphytica* 36(1):327-32.
- LEVAN, A.; FREDGA, K.; SANDBERG, A.A. 1964. Nomenclature for centromeric position on chromosomes. *Hereditas* 52:201-20.
- LIOTI, L. 1987. Species relationships in *Phaseolus*: eletrophoretic analysis of seed storage proteins. *Biol. Plant.* 29(1):49-53
- LOVADINI, L.A.C. & MIYASAKA, S. 1972. Siratro (*Phaseolus atropurpureus* DC.). In: INSTITUTO AGRONÔMICO DE CAMPINAS. Instruções agrícolas para o estado de São Paulo. Boletim do Instituto Agronômico de Campinas 200. P.241-2.
- MACHADO, M.; TAI, W.; BAKER, L.R. 1982. Cytogenetic analysis of the interespecific hibrid *Vigna radiata* x *V. umbellata*. *J. Hered.* 73:205-8.
- MAGGINI, F. & DOMINICIS, R.I. 1977. The ribosomal RNA gene number and the length of the nucleolar secondary constrictions in *Bellevalia romana* and *B. dubia* (Liliaceae): a possible correlacion. *Caryologia* 30(1):97-103.
- MAKINO, H. 1978. Palynological studies in Leguminosae (Lotoideae). Tribe Phaseoleae. *Moehnea* 7:47-98.

MARÉCHAL, R. 1969. Données cytologiques sur les espèces de la soustribu des Papilionaceae-Phaseoleae-Phaseolinae. Bull. Jard. Bot. Nat. Belgique 39:125-65.

----- 1970. Données cytologiques sur les espèces de la soustribu des Papilionaceae-Phaseoleae-Phaseolinae. Bull. Jard. Bot. Nat. Belgique 40:307-48.

----- 1971. Observations sur quelques hybrides dans le genre Phaseolus. II. Les phénomènes méiotiques. Bull. Rech. Agron. Gembloux 6:461-89.

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

----- 1981. Taxonomic study of the Phaseolus-Vigna complexes and related genera. In: POLHILL, R.M. & RAVEN, P.H., ed. Advances in legumes systematics. Kew, Royal Botanic Gardens, P. 329-35.

MATÉRN, B. & SIMAK, M. 1968. Statistical problems in karyotypes. Hereditas 59:280-8.

MATTHEY, R. 1945. L'évolution de la formule chromosomiale chez les vertébrés. Experientia 1:50-6.

MEDINA, D.M. & CONAGIN, C.H.T.M. 1964. Técnica citológica. Publicação nº 2610. Campinas, Instituto Agronômico.

MICHELIN-RAMOS, M.E. 1980. Estudos quimiotaconômicos de espécies do gênero Phaseolus (Leguminosae - Lotoideae) nativas e cultivadas no Brasil. Tese de Mestrado. Campinas, Universidade Estadual de Campinas.

MIRANDA, C.S. 1965. Herencia Y evolución de la forma del estigma em Phaseolus vulgaris L. y Phaseolus coccineus. Agric. Tec. Mex. 2:194-6.

MOHAN, S. T. 1982. Estudos preliminares de cruzamentos interespecíficos em Phaseolus. In: REUNIÃO NACIONAL DE PESQUISA DE FEIJÃO, 1, Goiânia, 1982. Anais EMBRAPA/CNPAF. P. 22-23.

MOK, D.W.S. & MOK, M.C. 1976. a modified Giemsa technique for identifying bean chromosomes. J. Heredity 67:187-8.

- MOK, D.W.S.; MOK, M.C.; RABAKDARIHANTHA, A. 1978. Interspecific hybridization of *Phaseolus vulgaris* with *P. lunatus* and *P. acutifolius*. *Theor. Appl. Genet.* 52:209-15.
- NAGL, W. 1965. Die sat-riesenchromosomen der Kerne des suspensors von *Phaseolus coccineus* und Ihr verhalten während der endomitose. *Chromosoma* 16:511-20.
- 1967. Die Riesenchromosomen von *Phaseolus coccineus* L.: Baueigentümlichkeiten, Strukturmodifikationen, zusätzliche Nukleolen und vergleich mit den mitotischen Chromosomen. *Osterr. Bot. Z.* 114:171-82.
- 1969. Banded polytene chromosomes in the legume *Phaseolus vulgaris*. *Nature* 221:70-1.
- NARAYAN, R.K.J. 1983. Chromosome changes in the evolution of *Lathyrus* species. In: BRANDHAM, P.E. & BENNETT, M.D., ed., *Kew Chromosome Conference II*. London, George Allen and Unwin. P. 243-50.
- NG, N.Q. & MARÉCHAL, R. 1985. Cowpea taxonomy, origin and germplasm. In: SINGH, S.R. & RACHIE, K.O., ed. *Cowpea research, production and utilization*. New York, John Wiley & Sons Ltd. P. 11-21.
- NOZZOLILLO, C. & McNEILL, J. 1985. Anthocyanin pigmentation in seedlings of selected species of *Phaseolus* and *Vigna* (Fabaceae). *Can. J. Bot.* 63(6):1066-71.
- PIERCE, W.P. 1937. The effect of phosphorus and nuclear volume in a violet species. *Bull. Torrey Bot. Club* 64:345-54.
- PIÑERO, D. & EGUIARTE, L. 1988. The origin and biosystematic status of *Phaseolus coccineus* ssp. *polyanthus*: eletrophoretic evidence. *Euphytica* 37(3):199-204.
- PIPER, C.V. 1926. Studies in American Phaseolineae. *Contr. U.S. Nat. Herb.* 22:663-701.
- PRATT, R.C.; BRESSAN, R.A.; HASEGAWA, P.M. 1985. Genotypic diversity enhances recovery of hybrids and fertile backcrosses of *Phaseolus vulgaris* x *Phaseolus acutifolius*. *Euphytica* 34(2):329-44.
- RAINA, S.N. & REES, H. 1983. DNA variation between and within chromosome complements of *Vicia* species. *Heredity* 51(1):335-46.

- REES, H. 1984. Nuclear DNA variation and the homology of chromosomes In: GRANT, W.F., ed. *Plant biosystematics*. Toronto, Academic Press. P. 87-96.
- RICHARDS, A. J. 1972. The karyology of some *Taraxacum* species from alpine regions of Europe. *Bot. J. Linn. Soc.* 65:47-59.
- ROCHA, D.M.S. 1988 Estudo filogenético de *Hymenaea* L. baseado em proteínas de sementes. Tese de Mestrado. Campinas, Universidade Estadual de Campinas.
- RUTGER, J.N. & BECKHAN, L.S. 1970. Natural hybridization of *Phaseolus vulgaris* L. x *Phaseolus coccineus* L. *J. Am. Soc. Hort. Sci.* 95:659-61.
- SARBHOY, R.K. 1977. Cytogenetical studies in the genus *Phaseolus* Linn. III. Evolution in the genus *Phaseolus*. *Cytologia* 42:401-13.
- 1978a. Cytogenetical studies in the genus *Phaseolus* Linn.: I and II. Somatic and meiotic studies in fifteen species of *Phaseolus* (Part I). *Cytologia* 43:161-70.
- 1978b. Cytogenetical studies in the genus *Phaseolus* Linn.: I and II. Somatic and meiotic studies in fifteen species of *Phaseolus* (Part II). *Cytologia* 43:171-80.
- 1980. Karyological studies in the genus *Phaseolus* Linn. *Cytologia* 45:363-73.
- SASAKI, M. 1961. Observation on the modification in size and shape of chromosomes due to technical procedure. *Chromosoma* 11:514-22.
- SAVOVA, N. 1979. Investigations on *Phaseolus vulgaris* x *Phaseolus coccineus* interespecific hibridization: 1. Crossability and type of hybrid development in F1. *Genet. Sel.* 12:232-41.
- SCHIFINO-SAMPAIO, M.T. 1979. Citotaxonomia do complexo *Briza* (Gramineae). Número cromossômico, cariótipo, quantidade de DNA nuclear, comportamento meiótico. Tese de Mestrado. Porto Alegre, Universidade Federal do Rio Grande do Sul.
- SCHWEIZER, A.D. & AMBROS, P. 1979. Analysis of nucleous organizer regions (NORs) in mitotic and polytene chromosomes of *Phaseolus coccineus* by silver staining and giemsa C-banding. *Pl. Syst. Evol.* 132:27-52.

- SEN, N.K. & BHOWAL, J.G. 1960. Cytotaxonomic studies on *Vigna*. *Cytologia* 25:195-207.
- SHII, C.T.; RABAKDARIHANTA, A.; MOK, M.C.; MOK, D.W.S. 1982. Embryo development in reciprocal crosses of *Phaseolus vulgaris* cultivar Great Northern and *Phaseolus coccineus* cultivar Scarlet Runner. *Theor. Appl. Genet.* 62(1):59-64.
- SING, A. & ROY, R.P. 1970. Karyological studies in *Trigonella*, *Indigofera* and *Phaseolus*. *The Nucleus* 13:41-54.
- SINHA, S.S.N. & KUMAR, P. 1979. Mitotic analysis in thirteen varieties of *Cajanus cajanus* (L.) Mill sp. *Cytologia* 44:571-80.
- SINHA, S.S.N. & ROY, R.P. 1979a. Cytological studies in the genus *Phaseolus*: I - Mitotic analysis in fourteen species. *Cytologia* 44:191-9.
- 1979b. Cytological studies in the genus *Phaseolus*: II -Meiotic analysis in sixteen species. *Cytologia* 44:201-9
- SMARTT, J. 1970. Interspecific hybridization between cultivated american species of the genus *Phaseolus*. *Euphytica* 19:480-9.
- SOKAL, R.R. & ROLF, F.J. 1978. *Biometry*. San Francisco, W.H. Freeman and Company.
- SOUTHERN, D.I. 1967. Species relationships in the genus *Tulipa*. *Chromosoma* 23:80-94
- SPIEGEL, M.R. 1976. *Estatística*. São Paulo, McGraw Hill.
- SPOTORNO, A.E. 1985. Conceptos y metodos en cariologia descriptiva y comparada. In: FERNANDEZ-DONOSO, R., ed.. *El nucleo, los cromosomas y la evolución*. Project CHI 81/001 UNDP/UNESCO. Chile, ed. Alfabeta. P. 135-65.
- SPOTORNO, A.E; FERNANDEZ-DONOSO, R.; PINCHEIRA, J. 1979. Similitud cromosómica: un nuevo método cuantitativo de descripción y comparación. *Arch. Biol. Med. Exp.* 12:233.
- SRIVASTAVA, L.M. & NAITHANI, S.P. 1964. Cytogenetical studies in certain minor "pulses and beans". *Cytologia* 29:453-64.
- STAINIER, F. 1974. Contribution à l'étude palynologique des Papilionaceae-Phaseoleae-Phaseolinae. III. étude de quelques especes des genres *Phaseolus* L., *Vigna* Savi et *Physostigma* Balf. *Bull. Jard. Bot. Nat. Belgique* 44:1-15.

- 1976. Note sur le pollen de quelques especes suda-
mericaines du complexe *Phaseolus-Vigna*. *Pollen et Spores*
28:523-31.
- STAINIER, F. & HORVAT, F. 1978a. L'étude de l'exine dans le com-
plexe *Phaseolus-Vigna* et des genres apparentés. *Pollen et*
Spores 20:195-214.
- 1978b. L'étude de l'exine dans le
complexe *Phaseolus-Vigna* et des genres apparentés. II. *Pollen*
et Spores 20:341-9.
- STEELE, W.M. & MEHRA, K.L. 1980. Structure, evolution, and adap-
tation to farming systems and environments in *Vigna*. In: SUM-
MERFIELD, R.J. & BUNTING, A.H. eds. *Advances in legume science*.
Kew, Royal Botanic Gardens. P. 393-404.
- STEBBINS, G.L. 1938. Cytogenetic studies in *Paeonia*, II. The
cytology of the diploid species and hybrids. *Genetics*
23:83-110.
- 1951. *Variation and evolution in plants*. New York,
Columbia University Press. P. 442-75.
- 1971. *Chromosomal evolution in higher plants*. Lon-
don, Edward Arnold Publishers. P. 87-90.
- SUBRAMANIAN, D. 1979. Morphological studies in *Vigna Savi* and its
related genera. *J. Indian Bot. Soc.* 58:247-56.
- SYBENGA, J. 1959. Some sources of error in the determination of
chromosome length. *Chromosoma* 10:355-64.
- TAYLOR, A.S.B. 1966. Estudios sobre polen de *Phaseolus*.
Turrialba. 16:7-14.
- THOMAS, H. 1974. Investigations into the inter-relationships of
Phaseolus vulgaris L. and *P. coccineus* L. *Genetica* 35:59-74.
- THUAN, N.V. 1975. Contribution à l'étude caryo-taxonomique des
Phaseolées. *Rev. Gen. Bot.* 82:157-214.
- THURMAN, D.A.; BOULTER, D.; DERBYSHIRE, E.; TURNER, B.L. 1967.
Electrophoretic mobilities of formic and glutamic
dehydrogenases in the Fabaceae: a systematic survey. *New*
Phytol. 66:37-45.
- TURNER, B.L. 1956. Chromosome numbers in the Leguminosae: I.
Amer. J. Bot. 43:577-81.

- URBAN, I. 1928. Leguminosae. In: *Plantae cubenses novae vel rariores a clo. Eckan lectae*. Symbol. Antill. 9:433-58.
- VAN WELZEN, P.C. & DEN HENGST, S. 1985. A revision of the genus *Dysolobium* (Papilionaceae) and the transfer of subgenus *Dolichovigna* to *Vigna*. *Blumea* 30(2):363-84.
- VERDCOURT, B. 1970. Studies in the Leguminosae-Papilionoideae for the tropical East Afrika: IV. *Kew Bull.* 24:507-70.
- VIEIRA, M.C.L. 1988. Estudo citotaxonômico de espécies brasileiras do gênero *Stylosantes* Sw. Tese de Doutorado. Piracicaba, Escola Superior de Agricultura Luiz de Queiroz, Universidade de São Paulo.
- WHITE, M.J.D. 1978. *Modes of speciation*. San Francisco, W.H. Freeman and Company. P. 45-107.
- YASUI, T.; TATEISHI, Y.; OHASHI, H. 1985. Distribution of low molecular weight carbohydrates in the subgenus *Vigna* (Leguminosae). *Bot. Mag. Tokyo* 98(1049):75-88.
- ZAGORCHEVA, L.; PORYAZOV, I.; NIKOLOVA, V. 1983. Pollen mother cell meiosis in F1 hybrids of *Phaseolus vulgaris* x *Phaseolus coccineus*. *Genet. Sel.* 16(3):215-25.