

## BASE GENÉTICA DAS CULTIVARES BRASILEIRAS DE FEIJÃO-CAUPI

R. MONTALVÁN<sup>1</sup>, J. P. MAIA<sup>2</sup>, S. V. P. A. MACIEL<sup>2</sup>, S. R. R. RAMOS<sup>1</sup> e F. R. FREIRE FILHO<sup>1</sup>

**Resumo** – Numerosos estudos têm sido realizados para estimar a base genética das principais espécies cultivadas, tais como a soja, o trigo e o arroz. Esses estudos mostraram que a base genética das cultivares modernas é considerada muito estreita. Recomendou-se a sua ampliação para diminuir os riscos de vulnerabilidade genética e evitar os patamares de produtividade. O objetivo do trabalho foi avaliar a base genética das cultivares de feijão-caupi [*Vigna unguiculata* (L.) Walp.] no Brasil, mediante estudo das genealogias de 41 cultivares recomendadas entre 1969 e 2005. Apenas sete desses ancestrais contribuíram com 51% dos genes do germoplasma em uso. Esses são: TVu1190, Pitiuba, Bengala, Quebra-cadeira, CNC0434, TVu59 e TVu410. Um grupo de 17 ancestrais acumulou aproximadamente 81% dos genes em uso, revelando que a base genética do feijão-caupi brasileiro, apesar de estreita, é mais ampla que a do arroz, na qual, 11 ancestrais contribuíram com 81% dos genes. Entre os mais importantes ancestrais do feijão-caupi no Brasil, nove têm origem na Nigéria, seis no Brasil, um na Costa Rica e um nos Estados Unidos.

**Palavras-chave:** *Vigna unguiculata*, contribuição genética, diversidade genética, pedigree.

## GENETIC BASE OF BRAZILIAN COWPEA CULTIVARS

**Abstract** – Several studies have been carried out to estimate the genetic base of major crop species, as soybean, wheat and rice. These studies show that the genetic base of modern cultivars are considered very narrow. It is recommended to expand it in order to reduce the risk of genetic vulnerability and to avoid yield plateaus. The objective of this research was to evaluate the genetic base of brazilian cowpea cultivars using a pedigree study of 41 cultivars recommended between 1969 to 2005. Only seven ancestors contributed with 51% of the genes of germplasm in use. These were: TVu1190, Pitiuba, Bengala, Quebra-cadeira, CNC0434, TVu59 and TVu410. A group of 17 ancestors accumulated 81% of the genes in use, revealing that the genetic base of brazilian cowpea though narrow is broader than the brazilian rice, which only 11 ancestors contributed with 81% of the genes. Among the most important ancestors of brazilian cowpea, nine are originated in Nigeria, six in Brazil, one in Costa Rica and one in the United States of America.

**Keywords:** *Vigna unguiculata*, genetic contribution, genetic diversity, pedigree.

---

<sup>1</sup>Embrapa Meio-Norte. Caixa Postal 01. CEP 64006-220. Teresina, PI. E-mail: aguila@cpamn.embrapa.br, srrramos@cpman.embrapa.br, freire@cpamn.embrapa.br

<sup>2</sup>Universidade Federal do Piauí. Campus Universitário Petrônio Portela s/n. Ininga. Teresina, PI. E-mail: jovina2002@hotmail.com, sammyavanessa@yahoo.com.br

## Introdução

A diversidade genética é fundamental para o progresso do melhoramento de plantas, para manter ganhos genéticos sustentáveis e evitar os riscos da chamada vulnerabilidade genética originada pelo uso intensivo de materiais genéticos muito aparentados. Todavia, os estudos de diversidade das espécies cultivadas têm revelado uma base genética muito estreita.

A base genética tem sido definida como todos os estoques genéticos que têm contribuído para o desenvolvimento de cultivares de uma determinada espécie (Cui et al., 2000). Gislice et al. (1994) encontraram que cerca de 75% dos genes das cultivares modernas de soja dos Estados Unidos são derivados de 17 linhagens lançadas antes de 1960, indicando que os melhoristas têm estado dependentes desses primeiros materiais genéticos descobertos. No Brasil, Hiromoto & Vello (1986) encontraram a base genética da soja muito estreita, apenas 11 ancestrais contribuíram com 89% dos genes em uso Montalván et al. (1998).

Cuevas-Perez et al. (1992) descreveram a base genética do arroz irrigado na América Latina e no Caribe. Um grupo de 14 ancestrais representou quase 70% dos genes, o que contribuiu para uma incrementada relação de parentesco entre as cultivares. O estudo da base genética do arroz brasileiro no período de 1971 a 1993 mostrou que um grupo de apenas 11 ancestrais acumulou 81% dos genes em uso.

Voyses et al. (1994) estudaram a diversidade genética entre cultivares de feijão-comum nos Andes latinoamericanos e Mesoamérica. As 203 cultivares registradas foram classificadas em seis raças. O grupo de 130 cultivares da raça Mesoamericana e 46 da raça Nueva Granada, ambos receberam 79% e 76% de seus respectivos genes de ancestrais de sua mesma raça. E mais ainda, os 55% da contribuição genética das cultivares na raça Nueva Granada e 41% para a raça Mesoamericana foram atribuídos a apenas 42 e 10 ancestrais da mesma raça, respectivamente.

O objetivo desse estudo é quantificar a base genética de cultivares brasileiras do feijão-caupi mediante o cálculo do coeficiente de parentesco, de modo a fornecer subsídios para os programas de melhoramento.

## Material e Métodos

Quarenta e uma cultivares brasileiras de feijão-caupi lançadas entre 1969 a 2005 foram incluídas neste estudo (Tabela 1). Com base nos dados do pedigree foram identificados os ancestrais. A contribuição genética relativa de cada ancestral para cada cultivar foi definida como o coeficiente de parentesco entre eles e foi calculada segundo Kempthorne (1973).

**Tabela 1.** Cultivares brasileiras de feijão-caupi, ano de lançamento e Estados em que são ou foram recomendadas.

Cultivar	Ano	Instituição <sup>a</sup>	Estados objeto de recomendação
IPEAN V-69	1969	IPEAN	Amazonas
Seridó	1971	UFCE	Ceará
Manaus	1981	Embrapa Amazônia Ocidental	Amazonas
IPA-201	1981	IPA-PE	Pernambuco
IPA-202	1981	IPA-PE	Pernambuco
IPA-203	1982	IPA-PE	Pernambuco
VITA 7	1983	Embrapa Meio-Norte	Piauí
EPACE 6	1983	EPACE	Ceará
BR3-Tracuateua	1984	Embrapa Amazônia Oriental	Pará
BR6-Serrano	1984	EMPARN	Rio Grande do Norte
BR2-Bragança	1984	Embrapa Amazônia Oriental	Pará
BR4-Rio Branco	1985	Embrapa Acre	Acre
BR5-Cana Verde	1985	Embrapa Acre	Acre
BR1-Poty	1985	Embrapa Meio-Norte	Piauí
BR7-Parnaíba	1986	Embrapa Meio-Norte	Piauí
BR8-Caldeirão	1986	Embrapa Amazônia Ocidental	Manaus
BR9-Longa	1987	Embrapa Meio-Norte	Piauí
BR10-Piauí	1987	Embrapa Meio-Norte	Piauí
CE-315	1987	Embrapa Meio-Norte	Piauí
BR12-Canindé	1988	Embrapa Meio-Norte	Piauí
Setentão	1988	UFCE	Ceará
EPACE 10	1988	EPACE	Ceará
IPA-204	1988	IPA-PE	Pernambuco
IPA-205	1988	IPA-PE	Pernambuco
IPA-206	1988	IPA-PE	Pernambuco
BR13 Caico	1989	EMPARN	Rio Grande do Norte
BR15-Asa branca	1990	EMPARN	Rio Grande do Norte
BR14-Mulato	1990	Embrapa Meio-Norte	Piauí
EPACE 11	1990	EPACE	Ceará
BR16-Chapéu de couro	1990	EMPARN	Rio Grande do Norte
BR17-Gurguéia	1993	Embrapa Meio-Norte	Piauí
EMEPA 1	1994	EMEPA-PB	Rio Grande do Norte
Amapá	1997	Embrapa Amapá	Amapá
BRS-Mazagão	2000	Embrapa Amapá	Amapá
Patativa	2000	Embrapa Meio-Norte	Piauí
BRS-Rouxinhol	2002	EBDA	Bahia
BRS-Paraguaçu	2002	EBDA	Bahia
BRS-Guaruba	2004	Embrapa Meio-Norte	Piauí
BRS-Marataoã	2004	Embrapa Meio-Norte	Piauí
BRS-Milênio	2005	Embrapa Amazônia Oriental	Pará
BRS-Urubuquara	2005	Embrapa Amazônia Oriental	Pará

<sup>a</sup>EBDA = Empresa Baiana de Desenvolvimento Agrícola, EMEPA-PB = Empresa Estadual de Pesquisa Agropecuária da Paraíba, EMPARN = Empresa de Pesquisa Agropecuária do Rio Grande do Norte, EPACE = Empresa de Pesquisa Agropecuária do Ceará, IPEAN = Instituto de Pesquisa e Experimentação Agropecuária do Norte, IPA-PE = Empresa Pernambucana de Pesquisa Agropecuária e UFCE = Universidade Federal do Ceará.

## Resultados e Discussão

O estudo dos pedigrees das 41 cultivares de feijão-caupi lançadas no Brasil entre 1969 e 2005 indica que todo o germoplasma provém de 35 ancestrais (Tabelas 1 e 2). As contribuições desses ancestrais à base genética variam desde 0,29% (TVx4569-03E) a 15,04% (TVu1190). Apenas sete ancestrais contribuíram com 51% dos genes do germoplasma em uso: TVu1190, Pitiúba,

Bengala, Quebra-cadeira, CNC0434, TVu59, e TVu410. Desses ancestrais, três são cultivares locais brasileiras e quatro são nigerianas.

A grande contribuição genética de poucos ancestrais pode ser atribuída ao sucesso de um limitado número de cruzamentos. Assim, 39,53% das cultivares lançadas têm a linhagem nigeriana TVu1190 como ancestral, 25,58% a Pitiuba, 27,91% a Bengala e 18,6% a CNC0434. Em termos de núcleo de genes, 17 ancestrais constituem 80,71% dos genes em uso (Tabela 2). Vale salientar que nesse núcleo de 17 ancestrais, 53% são originárias da Nigéria, 35% são cultivares locais brasileiras, 6% dos Estados Unidos e 6% da Costa Rica.

**Tabela 2.** Origem, contribuição genética relativa (Cgr%), contribuição genética acumulada (Cga%) e frequência do ancestral no pedigree (Fap%).

Ancestrais	Origem	Cgr%	Cga%	Fap%
1. TVu1190	Nigéria	15,04	15,04	39,53
2. PITIUBA	Brasil	7,59	22,63	25,58
3. BENGALA	Brasil	7,34	29,97	27,91
4. QUEBRA CADEIRA	Brasil	6,98	36,95	6,98
5. CNC0434	Nigéria	5,52	42,47	18,60
6. TVu59	Nigéria	4,36	46,83	11,62
7. TVu410	Nigéria	4,07	50,90	13,95
8. TVu612	Nigéria	4,07	54,97	13,95
9. TVu2331 (CE-315)	Nigéria	4,07	59,04	6,98
10. SEMPRE VERDE	Brasil	3,49	62,54	6,98
11. TVx289-4G (Vita-7)	Nigéria	3,49	66,02	4,65
12. PRIMA	Nigéria	3,05	69,08	9,30
13. 40 DIAS	Brasil	2,33	71,40	2,33
14. 4R-0267-01F	Nigéria	2,33	73,73	2,33
15. V.48	Costa Rica	2,33	76,05	2,33
16. ALAGOANO	Brasil	2,33	78,38	4,65
17. PRINCESS ANN	E.U.A.	2,33	80,71	4,65
18. IT87D-1627 (Mazagão)	Nigéria	2,33	83,03	2,33
19. APARECIDO MOITA	Brasil	1,74	85,36	4,65
20. TVx3777-04E	Nigéria	2,33	87,10	2,33
21. TVx2939-01D	Nigéria	1,16	88,26	2,33
22. Tvu36	Nigéria	1,16	89,43	2,33
23. Tvu1888	Nigéria	1,16	90,59	2,33
24. UCR-194	Estados Unidos	1,16	91,75	2,33
25. 371	Não determinado	1,16	92,91	2,33
26. 352	Não determinado	1,16	94,08	2,33
27. SNOP PEA46	E.U.A.	1,16	95,24	2,33
28. CNC 1735	Brasil	1,16	96,40	2,33
29. IT82E-60	Nigéria	0,87	97,27	2,33
30. MACAIBO	Brasil	0,65	97,93	4,65
31. TVu408-P2	Nigéria	0,58	98,51	2,33
32. PAULISTA	Brasil	0,58	99,09	2,33
33. MISSISSIPI SILVER	E.U.A.	0,33	99,42	4,65
34. 375	Não determinado	0,29	99,71	2,33
35. TVx4659-03E	Nigéria	0,29	100,00	2,33

### Conclusão

A base genética do feijão-caupi brasileiro é considerada estreita, todavia mais ampla que a do arroz e da soja.

## Referências

CUI, Z.; CARTER JÚNIOR, T. E.; BURTON, J. W. Genetic base of 651 chinese soybean cultivars released during 1923 to 1995. **Crop Science**, Madison, v. 40, n. 6, p. 1780-1793, 2000.

CUEVAS-PÉREZ, F.E.; GUIMARÃES, E. P.; BERRIO, L. E.; GONZÁLES, D. I. Genétic base of irrigated rice in Latin American and the Caribbean, 1971 to 1989. **Crop Science**, Madison, v. 32, n. 4, p.1054-1059, 1992.

HIROMOTO, D. M.; VELLO, N. A. The genetic base of Brazilian soybeans (*Glicine max (L.) Merril*) cultivars. **Brazilian Journal of Genetics**, Ribeirão Preto, v. 9, n. 2, p. 295-306, 1986.

KEMPTHORNE, O. **An introduction to genetic statistics**. Ames: Iowa State University, 1973. 545 p.

MONTALVÁN, R.; DESTRO, D.; SILVA, E. F.; MONTAÑO, D. C. Genetic base of Brazilian upland rice cultivars. **Journal of Genetics & Breeding**, Rone, v. 52, n. 2, p. 203-209, 1998.

VOYSEST, O.; VALENCIA, M. C.; AMEZQUITA, M. C. Genetic diversity among Latin American andean and Mesoamerican common bean cultivars. **Crop science**, Madson, v. 34, n. 4, p. 1100-1110, 1994.