



CARTELES

SESIÓN CA16. Sistemática

Jueves 08 de Septiembre de 2016, Patio de la Autonomía, Palacio de Minería

Mampara

- 284 **Análisis filogenético del complejo *Milla* (Asparagaceae: Brodiaeoidae), con énfasis en *Milla*** (ID_455)
Jorge Alberto Gutiérrez Gallegos y Teresa Terrazas
- 285 **Delimitación taxonómica de las especies del grupo *Selenicereus vagans* (Hylocereeae, Cactaceae), basada en atributos anatómicos del tallo** (ID_463)
Daniel Martín Martínez Quezada, Salvador Arias y Estela Sandoval Zapotitla
- 286 **El complejo *Pitcairnia karwinskyana* (Bromeliaceae: Pitcairnioideae)** (ID_796)
Edith González-Rocha, Mario Adolfo Espejo-Serna, Rosa Cerros-Tlatilpa y Susana Aurora Magallón-Puebla
- 287 **Filogenia del género *Triplos* (Dinophyta). Análisis de las regiones LSU y SSU del DNA nuclear** (ID_587)
Adriana Hernández Rosas, M. E. Meave del Castillo, J. Díaz Larrea, F. Pedroche. F. J. y F. J. Rodríguez Hernández
- 288 **Filogenia, biogeografía y tiempos de divergencia en *Enriquebeltrania* (Euphorbiaceae)** (ID_792)
Regina Cuevas Chapa, Victoria Sosa y J. Arturo de Nova
- 289 **Integrando nuevos métodos para la delimitación de especies: el caso del complejo *Vauquelinia corymbosa* (Rosaceae)** (ID_503)
Marilyn Vásquez Cruz
- 290 **La verdadera identidad de *Alamania punicea* ssp. *greenwodiana* Soto Arenas & R. Jiménez (Orchidaceae), revelada por la morfometría** (ID_618)
Luis Enrique Pérez Mendoza y Javier García Cruz
- 291 **Sistemática del grupo *Anisatum* (*Epidendrum*, Orchidaceae)** (ID_777)
Sebastián Quiroga González, Carolina Granados Mendoza, Gerardo Adolfo Salazar Chávez, Éric Hágsater Gartenberg y Susana Magallón Puebla
- 292 **Taxonomía y filogenia del género *Hymenochaete* Lèv. (Agaricomycetes, Fungi) en el bosque tropical caducifolio en México** (ID_461)
María Magdalena Contreras Pacheco, Jhoana Díaz-Larrea, Ricardo Valenzuela Garza, Tania Raymundo Ojeda y Julieta Alvarez-Manjarrez
- 293 **Un análisis filogenético de grupos infragenéricos mexicanos selectos de *Mimosa* sect. *Batocaulon* (Leguminosae)** (ID_665)
Víctor Velázquez, Rosaura Grether, Alejandra Serrato y Luis Manuel Guevara-Chumacero
- 294 **Variación morfológica y genética de una planta antidiabética en la medicina tradicional del estado de Hidalgo, México (*Tecoma stans*)** (ID_960)
Antonio Alvarez Delgadillo, Roberto Ávila Pozos, Maritza López Herrera, Blanca Estela Pérez Escandón, Pablo Octavio Aguilar y Miguel Ángel Villavicencio Nieto



Análisis filogenético del complejo *Milla* (Asparagaceae: Brodiaeoideae), con énfasis en *Milla*

Jorge Alberto Gutiérrez Gallegos y Teresa Terrazas

La delimitación y relaciones filogenéticas de los géneros *Bessera*, *Dandya* y *Milla* siguen siendo poco conocidas. Por lo tanto, análisis filogenéticos detallados son necesarios en este grupo de plantas, particularmente en *M. biflora*, que puede formar un complejo de especies. Los objetivos de este estudio fueron investigar las relaciones filogenéticas y la delimitación taxonómica de los géneros dentro del complejo *Milla* y, particularmente, de *M. biflora*. Se realizaron análisis de Máxima Parsimonia y de Inferencia Bayesiana utilizando los datos de secuencia de ADN cloroplasto (trnL-F y psbK-1) y nuclear (ITS), junto con 60 caracteres morfológicos. Se construyeron matrices de datos independientes que incluyeron 19 de las 20 especies reconocidas para el complejo y como grupo externo cinco especies del complejo *Brodiaea*. También, se investigó la evolución de algunos caracteres florales.

Los resultados con evidencias independientes sugieren incongruencia entre las matrices de datos y las relaciones entre los géneros y especies del complejo no son consistentes. El análisis de evidencia total apoya la monofilia de *Bessera*, *Jaimehintonia* y *Petronymphé*. *Milla* y *Dandya* son parafiléticos mostrando un débil apoyo. Los resultados indican que los géneros dentro del complejo han evolucionado hacia tubos florales que cubren el ovario y flores erectas. El clado *Milla* s.s. incluye tres grupos principales 1) *M. bryanii*, 2) *M. biflora* y 3) *M. oaxacana*. El presente estudio apoya el reconocimiento de los cinco géneros dentro del complejo *Milla* y sus relaciones filogenéticas son resueltas. También, se resuelven las relaciones filogenéticas entre el grupo de *M. biflora*, con el reconocimiento de nuevas especies.

(ID_455)

Delimitación taxonómica de las especies del grupo *Selenicereus vagans* (Hylocereeae, Cactaceae), basada en atributos anatómicos del tallo

Daniel Martín Martínez Quezada, Salvador Arias y Estela Sandoval Zapotitla

Se llevó a cabo la caracterización anatómica de las especies que integran el grupo *Selenicereus vagans* (*sensu* Bauer), con el objetivo de identificar y describir los atributos anatómicos del tallo que son estables como caracteres taxonómicos y que permitan delimitar a los taxa que lo integran; así mismo, se buscó establecer la circunscripción de *S. dorschianus* Bauer, al grupo *S. vagans* basado en similitud anatómica. Se obtuvieron preparaciones por medio de las técnicas histológicas convencionales, a partir de las cuales se analizaron 31 caracteres de los tejidos dérmico, fundamental y vascular de cinco taxa. Los caracteres cuantitativos se evaluaron a través de análisis estadísticos descriptivos, univariados y multivariados; mientras que los caracteres cualitativos, junto con los parámetros cuantitativos de mayor peso en los análisis estadísticos, fueron sometidos a un análisis de agrupamiento. Los resultados del análisis discriminante canónico permitieron reconocer que los parámetros cuantitativos contribuyen significativamente en la discriminación de grupos, esto respaldado por el análisis clasificatorio que muestra un porcentaje de clasificación correcta de 96.92% en los grupos establecidos a priori. Al conjuntar los caracteres cualitativos con los cuantitativos de mayor peso, se robusteció la delimitación de grupos. Los caracteres con mayor representatividad correspondieron al sistema dérmico (7 caracteres, principalmente los referentes al aparato estomático); el sistema fundamental (4 caracteres, los atributos de la hipodermis) y el sistema vascular (3 caracteres, se resaltan los relativos al xilema secundario). En este estudio se concluye que los caracteres anatómicos del tallo son taxonómicamente informativos para el grupo *Selenicereus vagans*, ya que permiten reconocer subgrupos y especies dentro del mismo; con base en estos caracteres y siguiendo la clasificación de Bauer (2003), se propone ubicar a *S. dorschianus* como parte del grupo *S. vagans*, además se concluye que los caracteres anatómicos pueden ser informativos en otros grupos dentro del género.

(ID_463)

El complejo *Pitcairnia karwinskyana* (Bromeliaceae: Pitcairnioideae)

Edith González-Rocha, Mario Adolfo Espejo-Serna, Rosa Cerros-Tlatilpa y Susana Aurora Magallón-Puebla

El género *Pitcairnia* agrupa 342 especies distribuidas en América, excepto por un taxón disyunto nativo de África. En México, están presentes 48 especies, de las cuales 39 (80.85 %) son endémicas del país. En 1989, McVaugh identificó un complejo de especies mexicanas incluyendo 14 nombres (reconocidos por Smith & Downs (1974)) entre los cuales, el más antiguo era *Pitcairnia karwinskyana*. Tal como ahora se entiende, el complejo *P. karwinskyana* agrupa más o menos 17 nombres y 15 especies. Todos ellos han sido aplicados a especies rupícolas de entre 15 y 35 cm de alto, con hojas dimorfas cuyas vainas foliares forman un bulbo; el pedúnculo de la inflorescencia es conspicuo; las flores son zigomorfas y pediceladas a subsésiles con los pétalos de color rojo a escarlata, de aproximadamente 3.5 a 7 cm de largo y sin apéndices basales internos. Con la finalidad de delimitar a las especies que conforman este complejo, se ha llevado a cabo una revisión taxonómica, estudiando los protólogos y material tipo de dichos nombres, así como midiendo y revisando 445 ejemplares herborizados resguardados en 21 herbarios nacionales y extranjeros. Hasta la fecha, se reconocen 16 especies pertenecientes al complejo *Pitcairnia karwinskyana*. Entre los nombres citados, el más antiguo publicado es *P. vallisoleтана* Lex., (1824). *Pitcairnia micropoda* y *P. monticola* solo se conocen del material tipo. Las especies más ampliamente distribuidas son *P. ringens* y *P. roseana*, ya que se conocen de 11 y 7 estados del país respectivamente. La mayoría de los taxones de este complejo son rupícolas sobre taludes en bosques de encino, bosques de encino-pino, bosques mesófilos de montaña, bosques tropicales caducifolios y matorrales xerófilos, en un intervalo altitudinal de 700 a 2400 m s.n.m. Como resultado de un análisis morfológico detallado se determinaron los caracteres útiles para delimitar dichas especies.

(ID_796)

Filogenia del género *Triplos* (Dinophyta). Análisis de las regiones LSU y SSU del DNA nuclear

Adriana Hernández Rosas, M. E. Meave del Castillo, J. Díaz Larrea, F. Pedroche. F. J. y F. J. Rodríguez Hernández

Por la dirección de los cuernos antapicales, presentes en especies del género *Triplos*, se han creado 4 subgéneros: *Poroceratium*, *Amphiceratium*, *Ceratium* y *Tripoceratium*. Para observar si tales subgéneros corresponden a clados monofiléticos, se presenta una hipótesis filogenética del género a partir de amplificaciones de genes nucleares LSU y SSU. Dichas secuencias fueron amplificadas usando ejemplares colectados en la Bahía de Acapulco, mediante la técnica "Single cell PCR", obteniéndose en promedio 650 pb para cada región. El análisis exploratorio, también incluyó secuencias disponibles de *Triplos* del GenBank, y 4 secuencias de otras Gonyaulales, orden al que pertenece *Triplos*. La matriz de SSU incluyó 53 secuencias, correspondiente a 35 especies de las 154 morfoespecies reconocidas. Debido a que la matriz de LSU sólo incluyó 21 secuencias de 11 especies, el análisis se completará en un futuro para contrastarlo con la SSU. La topología obtenida del gen SSU mostró 3 clados con valores superiores al 65% de PPB. Dos clados corresponden a los grupos externos, *Gonyaulax* y *Ceratium* y, el tercer clado al género *Triplos*. Este último presentó 4 subclados, que se corresponden con los 4 subgéneros morfológicos. Dos clados con secuencias de un sólo morfotipo: *T. furca* y *T. fusus*, pertenecientes a subgéneros distintos: *Ceratium* y *Amphiceratium*, respectivamente. Otro clado con especies de los subgéneros *Ceratium* y *Tripoceratium* (mayoría), que se interpretaría en un futuro como un solo subgénero. El último clado corresponde al hallazgo más importante en esta topología, formado por *Triplos falcatus* y *T. digitatus*, quienes morfológicamente han sido clasificados en subgéneros diferentes (*Amphiceratium* y *Poroceratium*, respectivamente), por su apariencia distinta. Divergencias genéticas entre subgéneros *Ceratium-Poroceratium* del 5%, entre *Ceratium-Tripoceratium* del 4.7%, para *Ceratium-Amphiceratium* del 2.2% y en el caso de *Amphiceratium-Poroceratium* 2.9%. Esta topología no valida la clasificación intragenérica propuesta para *Triplos* con caracteres morfológicos, principalmente en el subgénero *Tripoceratium*.

(ID_587)



Filogenia, biogeografía y tiempos de divergencia en *Enriquebeltrania* (Euphorbiaceae)

Regina Cuevas Chapa, Victoria Sosa y J. Arturo de Nova

Enriquebeltrania es el único género Neotropical de Euphorbiaceae endémico a México y está caracterizado por su distribución disyunta: *Enriquebeltrania crenatifolia* distribuida en la costa de la Península de Yucatán y *E. disjuncta* en la Provincia de la costa del Pacífico Mexicano, en Jalisco y Sinaloa. El objetivo de este trabajo es posicionar filogenéticamente a *Enriquebeltrania* dentro de la subfamilia Acalyphoideae s.s, estimar su tiempo de divergencia y relacionarlo con procesos macroevolutivos, así como determinar su área ancestral. Se construyó una matriz con dos regiones de cloroplasto (rbcL, trnL-F) de taxa representantes de la subfamilia Acalyphoideae s.s, además, para individuos de poblaciones de las dos especies de *Enriquebeltrania* se secuenciaron las regiones psbI-K, psbA-trnH, trnL-F e ITS. Se hicieron análisis filogenéticos de inferencia bayesiana y máxima verosimilitud y datación para cada matriz, así como reconstrucción de áreas ancestrales. El tiempo estimado de divergencia entre *E. crenatifolia* y *E. disjuncta* es de 17.6 Ma (10.8Ma) (95% HPD = 32.23 (19.65) – 6.21 (.536)), correspondiente al Mioceno, periodo de compleja actividad orogénica y cambios climáticos, por lo que es difícil postular un solo evento causante del patrón de distribución disyunta del género. Se sugieren eventos de dispersión – vicarianza como los determinantes de su distribución: el movimiento del bloque de Chortís y los periodos de regresiones – transgresiones marinas, además se discuten características biológicas que podrían haber favorecido su dispersión, como la presencia de carúnculo, estructura rica en lípidos relacionada con la mirmecocoria

(ID_792)

Integrando nuevos métodos para la delimitación de especies: el caso del complejo *Vauquelinia corymbosa* (Rosaceae)

Marilyn Vásquez Cruz

Existe un interés renovado sobre nuevos métodos de delimitación de especies desde la perspectiva filogenética. Uno de estos métodos propone analizar simultáneamente variación morfológica de caracteres continuos asociándola directamente con distribución geográfica y se conoce como "Gaps en la morfología a través de la geografía". En este trabajo se prueba este método para delimitar el complejo *Vauquelinia corymbosa*, un grupo de rosáceas arbustivas de zonas secas distribuidas en los desiertos Sonorense y Chihuahuense. En el complejo se han descrito seis variedades y bajo esta perspectiva y metodología se determinará si deben considerarse como especies independientes. Se observaron y midieron 21 caracteres continuos macro y micromorfológicos foliares y florales en poblaciones a todo lo largo de su distribución. Asimismo, se observaron y codificaron siete caracteres cualitativos. Se evaluó también la distribución de la variación morfológica con el fin de poner a prueba cada una de las especies hipotéticas y determinar si existen diferencias significativas. Adicionalmente se realizó un análisis de correlación entre los caracteres foliares y las variables climáticas que mejor explican la distribución de los taxa y con estos resultados previos de identificación de grupos se probaron diferencias en su nicho ecológico. Estos análisis encontraron que sólo una subespecie debe ser reconocida como una especie diferente, mientras que el resto de las subespecies conforman una misma entidad taxonómica con una variación morfológica explicada por el tipo de hábitat donde se distribuyen, y se concluye que deben ser consideradas bajo el nombre primeramente descrito de *V. corymbosa*, el nombre que tiene prioridad.

(ID_503)

La verdadera identidad de *Alamania punicea* ssp. *greenwodiana* Soto Arenas & R. Jiménez (Orchidaceae), revelada por la morfometría

Luis Enrique Pérez Mendoza y Javier García Cruz

Alamania es un género monotípico, con dos subespecies, endémico de México, se distribuye a lo largo de las sierras Madre Oriental, Madre Occidental y Norte de Oaxaca y parte del Istmo de Tehuantepec. De acuerdo con los autores de *A. punicea* ssp. *greenwoodiana*, ésta se reconoce por su distribución oriental y por presentar flores, sépalos y pétalos más grandes, entre otras características. Sin embargo, no establecen los límites entre ambas subespecies. El objetivo del presente trabajo fue evaluar 10 características florales, para averiguar si existen diferencias significativas entre ambas subespecies. Se realizaron disecciones florales, se midió largo y ancho de los sépalos, pétalos y labelo y se calculó su relación largo:ancho y el ancho de la uña del labelo. Se realizaron dos análisis de varianza (ANOVA): El primero incluyó únicamente los ejemplares citados de la subespecie *greenwoodiana* y los ejemplares de la subespecie *punicea*, excluyendo los de Oaxaca; el análisis de discriminantes nos permitió clasificar a los ejemplares de Oaxaca. El segundo ANOVA incluyó a todos los ejemplares de ambas subespecies. En el primer ANOVA el ancho del labelo, su relación largo:ancho y el ancho de la uña del labelo mostraron diferencias significativas. Estos resultados no concuerdan con la opinión de los autores, debido a que la única diferencia que encontramos es en el labelo, mientras que ellos establecen que los segmentos del perianto son más largos. En el segundo ANOVA, el ancho del labelo y la relación largo:ancho del labelo mostraron diferencias significativas. Este análisis tampoco revela diferencias en el largo de los segmentos del perianto, por lo que nuestros resultados no concuerdan con la opinión de los autores. Con base en nuestros resultados concluimos que, cuando se toma toda la variación de la especie la diferencia entre ambas subespecies recae, únicamente, en la variación del labelo.

(ID_618)

Sistemática del grupo *Anisatum* (*Epidendrum*, Orchidaceae)

Sebastián Quiroga González, Carolina Granados Mendoza, Gerardo Adolfo Salazar Chávez, Éric Hågsater Gartenberg y Susana Magallón Puebla

Epidendrum es uno de los géneros de angiospermas más diversos del Neotrópico, con más de 1,500 especies conocidas y gran variedad de arquitecturas vegetativas y características florales. El entendimiento de las relaciones filogenéticas al interior del género es aún incompleto y los trabajos previos han logrado poca resolución entre especies cercanamente relacionadas. Este trabajo se enfoca a poner a prueba la monofilia de, y evaluar las relaciones interespecíficas en, un grupo de ca. 18 especies restringidas a bosques húmedos de pino-encino y bosques de niebla de México, representadas por *E. anisatum* ("grupo *anisatum*"), como base para estudios subsecuentes de los factores involucrados en su diversificación. También se evaluó una hipótesis previa de sus relaciones interespecíficas basada en análisis fenéticos de atributos morfológicos. Se realizaron análisis de máxima verosimilitud de secuencias de ADN de diez regiones de plástidos (espaciadores intergénicos trnS-trnFM, trnH-psbA, atpI-atpH, rpoB-trnC y trnD-trnT; intrones de los genes ycf1, rpl16, rps16 y trnL; región matK-trnK), así como de los espaciadores internos transcritos (ITS) de la familia de genes nucleares ribosomales. Se analizaron 12 de las 18 especies del grupo y otras especies de *Epidendrum* como grupos externos. Este estudio corrobora la monofilia del grupo *anisatum* y en su interior se recupera a *E. gasteriferum* como especie hermana de un clado que contiene al resto de las especies. Este último incluye una politomía entre *E. juergensenii*, el clado [*E. mixtecanum* + *E. hueycantenangense*] [*E. oaxacanum* + *E. cusii* + *E. costatum*] y el clado [*E. matudae* [*E. gomezii* + *E. lowilliamsii*]] [*E. anisatum* + *E. pastranae*]]. Ninguno de los tres subgrupos fenéticos propuestos previamente fue recuperado como monofilético. Se discuten posibles patrones de evolución estructural, estrategias para incrementar la resolución interna del grupo *anisatum* y algunas preguntas sobre la evolución del grupo a abordar en estudios posteriores.

(ID_777)



Taxonomía y filogenia del género *Hymenochaete* Lév. (Agaricomycetes, Fungi) en el bosque tropical caducifolio en México

María Magdalena Contreras Pacheco, Jhoana Díaz-Larrea, Ricardo Valenzuela Garza, Tania Raymundo Ojeda y Julieta Alvarez-Manjarrez

Hymenochaete se caracteriza por presentar basidiomas generalmente resupinados, de color marrón, himenóforo liso, presencia de setas y reacción xantocroide. Todas las especies causan pudrición blanca y algunos son patógenos forestales de importancia económica. Puede reciclar compuestos recalcitrantes y posee propiedades antioxidantes y antitumorales. Se encuentra distribuido en ecosistemas de bosques templados y en bosques tropicales. A nivel mundial se han descrito 120 especies, y en México se han registrado 12 especies, en reportes taxonómicos. En el presente trabajo se caracterizaron morfológica y molecularmente algunas especies de *Hymenochaete* del bosque tropical caducifolio de México. Se revisaron los ejemplares depositados en los herbarios FCME, ENCB y MEXU; además se realizaron exploraciones en cuatro áreas naturales protegidas con bosque tropical caducifolio durante 2014- 2015, siguiendo las técnicas de Cifuentes y cols. Para la caracterización morfológica se rehidrató el material con alcohol al 70%, se realizaron cortes a mano libre y se montaron con hidróxido de potasio en preparaciones temporales, se observaron y midieron setas, basidios, esporas y capas del basidioma. En cuanto al análisis molecular se realizó la extracción de ADN de 20 especímenes de material recolectado y material de herbario, posteriormente se amplificó el gen 28S mediante PCR. De los ejemplares estudiados se determinaron ocho especies, de las cuales *H. tenuis* e *H. jobii* son nuevos registros para México. Las especies *H. carpatica*, *H. fulva* e *H. rhabarbarina*, se reportan por primera vez en este tipo de vegetación. Se incrementa el número de especímenes recolectados y especies reportadas de *Hymenochaete* para bosque tropical caducifolio en un 40 %. Se observó una relación parasitaria de *H. fulva* sobre una leguminosa, *H. tenuis* en *Quercus* sp., *H. escobarii* sobre *Prosopis* sp. e *H. americana* en *Quercus* sp.

(ID_461)

Un análisis filogenético de grupos infragenéricos mexicanos selectos de *Mimosa* sect. *Batocaulon* (Leguminosae)

Víctor Velázquez, Rosaura Grether, Alejandra Serrato y Luis Manuel Guevara-Chumacero

Mimosa (Leguminosae) está compuesto por ca. 530 especies de origen americano (90%), africano y asiático. En México, el segundo centro más importante de diversidad del género se distribuyen 104 especies. Existe una filogenia molecular del género que incluye cerca de 50% de las especies mexicanas que se agrupan en un clado no resuelto, perteneciente a la sect. *Batocaulon* formado por miembros de las series Acanthocarpae, Boreales y Distachyae. Con el objetivo de esclarecer las relaciones de parentesco en este clado, se hizo una selección de 44 especies de diferentes series y secciones (incluyendo una especie nueva y tres no analizadas con anterioridad) distribuidas principalmente en México, algunas en Sudamérica y otras al sur de Estados Unidos. A partir de muestras de folíolos colectadas en el campo y de ejemplares de herbario, se secuenciaron las regiones trnD2-trnT y rpS16 de cloroplasto. Las secuencias de trnD2-trnT ya existentes se obtuvieron del GenBank. Se alinearon y se realizó un análisis Bayesiano concatenado en el programa MrBayes. Los resultados principales rescatan al género *Mimosa* como monofilético. La serie Boreales también resultó monofilética e incluyó a *Mimosa purpusii* Brandegees y *M. zygophylla* Benthams, previamente ubicadas en la serie Acanthocarpae. *M. texana* (A. Gray) Small var. *texana* y *M. texana* var. *filipes* (Britton & Rose) Barneby, anteriormente ubicadas en la serie Boreales, se posicionaron dentro de la serie Acanthocarpae. El resto de los miembros de las series Acanthocarpae y Distachyae forman un clado en el que solo se resuelven algunas relaciones entre especies de ambos grupos. Se discuten las relaciones evolutivas de los grupos mexicanos con la serie sudamericana Andinae, ubicada también como un grupo monofilético.

(ID_665)

Variación morfológica y genética de una planta antidiabética en la medicina tradicional del estado de Hidalgo, México (*Tecoma stans*)

Antonio Alvarez Delgadillo, Roberto Ávila Pozos, Maritza López Herrera, Blanca Estela Pérez Escandón, Pablo Octavio Aguilar y Miguel Ángel Villavicencio Nieto

El objetivo de este estudio fue determinar la estructura morfológica y molecular de *T. stans* en tres poblaciones silvestres con ambientes contrastantes y compararlas con cuatro poblaciones en cultivo, mediante análisis morfométricos foliares y técnicas de PCR con microsatélites. En total se midieron 750 hojas provenientes de 50 individuos de siete poblaciones (tres poblaciones silvestres y cuatro cultivos). Con los datos morfológicos se realizó un análisis de funciones discriminantes para conocer si la morfología foliar puede diferenciarse a nivel de localidad y ANOVA anidada para ver el efecto de la localidad sobre cada uno de los caracteres morfológicos foliares de los individuos. Con los datos genéticos se calcularon las frecuencias alélicas, el número de alelos diferentes, heterocigosidad observada (H_o), heterocigosidad esperada (H_e), número efectivo de alelos, la riqueza alélica y diversidad genética. Así también, se determinó la estructura genética mediante un AMOVA y un análisis bayesiano con ($K=1$ a $K=7$) con 10 repeticiones y 10,000 iteraciones. Los resultados obtenidos muestran que las poblaciones silvestres difieren morfológicamente de las cultivadas. Se registró un total de 27 alelos en *T. stans*. Se evidenciaron altos niveles de diversidad genética, riqueza alélica y heterocigosidad observada en las poblaciones silvestres. Se determinó que la estructura genética se encuentra dentro de los individuos con un 83.59% de la diversidad y una tasa de migración de 2.78 individuos por generación. Los valores en el índice de diferenciación entre poblaciones fueron moderados $F_{st} = 0.072$. Se determinó $K=3$ ($P=0.001$) como el número de grupos genéticos más probable, ambos grupos genéticos se encuentran presentes en la mayoría de las poblaciones. En conclusión, *Tecoma stans* presenta una alta plasticidad fenotípica y valores altos de diversidad genética.

(ID_960)
