



EVALUACIÓN DE 14 CARACTERÍSTICAS DE MEZQUITE *PROSOPIS LAEVIGATA* DE CINCO LOCALIDADES DEL ESTADO DE GUANAJUATO

Martha Patricia Sandoval Anguiano¹, Martha Castillo Anguiano¹ y JAQUELINA GONZALEZ CASTAÑEDA¹

¹ Universidad de Guanajuato. paty_sa1@yahoo.com.mx

El mezquite tiene una gran variedad de usos, la especie *Prosopis laevigata* es la más común en el Estado de Guanajuato, se le utiliza como madera, forraje, alimento (harina y miel), por lo cual es necesario caracterizarlo morfológicamente para aprovecharlo, conservarlo, mejorarlo y generar su sustentabilidad.

En este trabajo se evaluaron 25 accesiones de la especie *Prosopis laevigata* procedentes de los municipios de Yuriria, Silao, Apaseo, Romita y Pénjamo a través del método de componentes principales, por el que se formaron tres grupos diferentes con las 14 características morfológicas que se estudiaron, que explican el 69.801 de la varianza total. El primer componente incluye las características: Perímetro del tronco, dosel y número de folíolos por pina, en cambio, la longitud de vainas, el número de vainas en 1/20 de dosel, semillas por vaina y número de hojas en 20 cm. ayudaron a formar el segundo componente. El número de pinas así como el número de hojas en 20 cm y número de ramas principales forman el tercer componente.

Se realizó un análisis jerárquico por medio del cual se generó un dendrograma que traza la cercanía genética entre las accesiones y muestra la variabilidad de las diferentes accesiones dentro de la especie.

Hay tres distancias genéticas en las que se pueden separar las accesiones de mezquite, el primer grupo formado por 12 accesiones de las cinco localidades, ubicadas a 10 unidades de distancia genética, un segundo conjunto con 9 accesiones procedentes de Yuriria, Silao, Apaseo, Romita y Pénjamo ubicadas a 18 unidades; un tercero formado por otras 4 accesiones provenientes de Yuriria, Silao y Apaseo a 24 unidades de distancia genética. El material procedente de Apaseo mostró la mayor variabilidad de entre las cinco localidades con 0.9 hasta 25 unidades de distancia genética.