

We are unable to supply this entire article because the publisher requires payment of a copyright fee. You may be able to obtain a copy from your local library, or from various commercial document delivery services.

From Forest Nursery Notes, Summer 2007

50. © The structure of genetic diversity in Engelmann spruce and a comparison with blue spruce Ledig, F. T., Hodgskiss, P. D., and Johnson, D. R. Canadian Journal of Botany 84:1806-1828. 2006.

The structure of genetic diversity in Engelmann spruce and a comparison with blue spruce

F. Thomas Ledig, Paul D. Hodgskiss, and David R. Johnson

Abstract: Genetic diversity and genetic structure in Engelmann spruce (*Picea engelmannii* Parry ex Engelm.) were interpreted with respect to the effects of glacial and interglacial displacement and compared with patterns in blue spruce (*Picea pungens* Engelm.), which occupies a range well south of the last glacial front. On average, Engelmann spruce populations were polymorphic at 80% of 24 isozyme loci, with 2.4 alleles per locus and expected heterozygosity of 0.255. The respective means for four populations of blue spruce were 42.7%, 1.6 alleles, and 0.138. Of total diversity, 14.7% was among populations in Engelmann spruce and 8.6% in blue spruce. In Engelmann spruce, numbers of alleles increased from south to north. Recent bottlenecks were indicated in the three southernmost populations of Engelmann spruce and in the northernmost population of blue spruce. Cluster analysis divided Engelmann spruce into a northern group and a Southwestern group; however, populations from Utah were distributed among both clusters. Genetic distance was correlated with geographic distance between northern populations but not between Southwestern populations, where drift predominated over gene flow. In two Engelmann spruce populations from Utah, multilocus outcrossing rates were 0.951 (± 0.016) and 0.940 (± 0.071). At Flys Peak, Arizona, the southernmost location of Engelmann spruce, outcrossing was also high, 0.899 (± 0.017). Thus, inbreeding coefficients observed for parental (-0.104 to 0.047) and filial (0.011 to 0.026) generations were low. Although Engelmann spruce seemed genetically robust, the evidence of bottlenecks in the southern extreme of its range suggested future problems in an era of global warming.

Key words: diversity, selfing, genetic drift, bottlenecks, climate change.

Résumé : Les auteurs ont interprété la diversité génétique et la structure génétique de l'épinette d'Engelmann (*Picea engelmannii* Parry ex Engelm.) en relation avec les effets des déplacements glaciaires et interglaciaires, et les ont comparées avec les patrons de l'épinette bleue (*Picea pungens* Engelm.), qui occupe une région bien au sud du dernier front glaciaire. En moyenne, les populations de l'épinette d'Engelmann sont polymorphes chez 80 % de 24 loci isozymiques, avec 2.4 allèles par locus et une hétérozygotie attendue de 0,255. Ces moyennes respectives, chez quatre populations d'épinette bleue, sont de 42,7 %, 1,6 allèles, et 0,138. De la diversité totale, 14,7 % se retrouve parmi les populations de l'épinette d'Engelmann, et 8,6 % parmi celles de l'épinette bleue. Chez l'épinette d'Engelmann, les nombres d'allèles augmentent du sud au nord. On observe des goulots d'étranglements récents dans les trois populations les plus méridionales de l'épinette d'Engelmann et dans la population la plus nordique de l'épinette bleue. L'analyse par regroupement divise l'épinette d'Engelmann en un groupe nordique et un groupe du sud-ouest; cependant les populations de l'Utah sont présentes dans les deux regroupements. La distance génétique est corrélée avec les distances géographiques entre les populations du nord, mais non entre les populations du sud-ouest, où la dérive a prédominé sur le flux génétique. Chez deux populations de l'Utah, les taux de croisements externes à multilocus sont de 0,951 ($\pm 0,016$) et 0,940 ($\pm 0,071$). À Flys Peak, en Arizona, localité la plus méridionale de l'épinette d'Engelmann, le croisement externe est également important, 0,899 ($\pm 0,017$). Par conséquent, les coefficients d'autofécondation observés pour les générations parentales ($-0,104$ à $0,047$) et les générations filiales ($0,011$ à $0,026$) sont faibles. Bien que l'épinette d'Engelmann semble génétiquement robuste, l'évidence de goulots d'étranglement à l'extrémité méridionale de son aire de distribution annonce des problèmes à venir dans une ère de réchauffement global.

Mots-clés : diversité, autofécondation, dérive génétique, goulots d'étranglement, changements climatiques.

[Traduit par la Rédaction]

Introduction

Species of the temperate forest have been displaced during the climatic changes that lead to both glacial and interglacial periods. The effects on their genetic structure are largely unknown. Some regionally distributed species, like

pitch pine (*Pinus rigida* Mill.) so recently colonized their current range and have such extensive gene flow that they show little structure (Guries and Ledig 1982). The structure of less vagile species, like Coulter pine (*Pinus coulteri* D. Don), reflects founder events during dispersal northward in interglacial periods (Ledig 2000). However, except for re-

Received 17 February 2006. Published on the NRC Research Press Web site at <http://canjbot.nrc.ca> on 1 March 2007.

F.T. Ledig,¹ P.D. Hodgskiss, and D.R. Johnson. Institute of Forest Genetics, Pacific Southwest Research Station, USDA Forest Service, Placerville; Department of Plant Science, Mail Stop 6, University of California, One Shields Avenue, Davis, CA 95616, USA.

¹Corresponding author (e-mail: tledig@ucdavis.edu).