

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, Winter 2012

**115. © Geographic patterns of genetic variation and population structure in *Pinus aristata*, Rocky Mountain bristlecone pine.** Schoettle, A. W., Goodrich, B. A., Hipkins, V., Richards, C., and Kray, J. Canadian Journal of Forest Research 42:23-37. 2012.

# Geographic patterns of genetic variation and population structure in *Pinus aristata*, Rocky Mountain bristlecone pine

Anna W. Schoettle, Betsy A. Goodrich, Valerie Hipkins, Christopher Richards, and Julie Kray

**Abstract:** *Pinus aristata* Engelm., Rocky Mountain bristlecone pine, has a narrow core geographic and elevational distribution, occurs in disjunct populations, and is threatened by rapid climate change, white pine blister rust, and bark beetles. Knowledge of genetic diversity and population structure will help guide gene conservation strategies for this species. Sixteen sites across four mountain ranges in the core distribution of *P. aristata* were sampled and genetic diversity was assessed with 21 isozyme loci. Low species and population level genetic diversity ( $H_e = 0.070$  and  $0.062$ , respectively) occurred with moderate among-population differentiation ( $F_{ST} = 0.131$ ). Genetic diversity correlated with longitude, latitude, and elevation and a strong mountain island effect may contribute to substructuring and isolation. Using multiple complementary analyses, sampled trees were assigned to three genetic lineages that varied in diversity and admixture and were associated with different climatic factors. The distribution of genetic diversity and substructuring of *P. aristata* may be an outcome of a combination of restricted gene flow due to geographic and phenological isolation, random processes of genetic drift, life history traits, natural selection, and postglacial migrations. The combination of low genetic diversity, moderate population isolation, and a protracted regeneration dynamic puts populations at risk for extirpation by novel stresses.

**Résumé :** *Pinus aristata* Engelm., le pin aristé, possède une distribution centrale restreinte, tant géographique qu'altitudinale. L'espèce se retrouve en populations isolées et est menacée par la rapidité des changements climatiques, la rouille vésiculeuse du pin blanc et les scolytes. La connaissance de la diversité génétique et de la structure de populations aidera à orienter les stratégies de conservation des ressources génétiques chez cette espèce. Les auteurs ont échantillonné 16 populations réparties dans les quatre chaînes de montagnes se retrouvant au cœur de la distribution centrale de *P. aristata*. La diversité génétique a été évaluée pour 21 loci d'isoenzymes. Une diversité génétique faible fut remarquée, tant pour l'espèce que dans les populations ( $H_e = 0,070$  et  $0,062$ , respectivement). La différenciation de populations était modérée ( $F_{ST} = 0,131$ ). La diversité génétique était corrélée avec la longitude, la latitude et l'altitude, et un fort effet insulaire dû aux montagnes pourrait contribuer à la sous-structuration et à l'isolement. En recourant à des analyses multiples complémentaires, les arbres échantillonnés pouvaient être assignés à trois lignées génétiques qui variaient quant à leur diversité et leur composition et qui étaient associées à différents facteurs climatiques. La distribution de la diversité génétique et la sous-structuration de *P. aristata* pourraient être la résultante d'une combinaison de facteurs incluant le flux génique restreint en raison de l'isolement géographique ou phénologique, les processus aléatoires découlant de la dérive génétique, les caractéristiques du cycle vital, la sélection naturelle et les migrations postglaciaires. La combinaison de la faible diversité génétique, de l'isolement modéré des populations et d'une dynamique de régénération prolongée résulte augmente les risques que les populations disparaissent à la suite de nouveaux stress.

[Traduit par la Rédaction]

## Introduction

*Ex situ* gene conservation of wild species is of growing interest, as natural populations are increasingly being challenged by introduced pests and pathogens and a changing climate (Guerrant et al. 2004). Programs for *ex situ* seed collections of agronomic species and timber species with breeding programs have been active for years and programs for

wild species for restoration are building (Falk et al. 2006; Walters et al. 2008). Knowledge of the variation and distribution of genetic diversity can guide efficient gene conservation sampling designs (Richards et al. 2007). Genetic information is lacking for many species that provide important ecosystem services yet have not had immediate economic value. Initial tests of geographic variation in genetic diversity provide the

Received 27 May 2011. Accepted 11 July 2011. Published at [www.nrcresearchpress.com/cjfr](http://www.nrcresearchpress.com/cjfr) on 6 December 2011.

**A.W. Schoettle, B.A. Goodrich, and J. Kray.** USDA Forest Service, Rocky Mountain Research Station, 240 West Prospect Road, Fort Collins, CO 80526, USA.

**V. Hipkins.** USDA Forest Service, National Forest Gel Electrophoresis Laboratory, 2480 Carson Road, Placerville, CA 95667, USA.

**C. Richards.** USDA Agricultural Research Services, National Center for Genetic Resources Preservation, 1111 S. Mason Street, Fort Collins, CO 80523, USA.

**Corresponding author:** Anna W. Schoettle (e-mail: [aschoettle@fs.fed.us](mailto:aschoettle@fs.fed.us)).