

## GENETIC DIVERSITY AND DIFFERENTIATION OF *Pseudotsuga menziesii* (Mirb.) Franco POPULATIONS IN MÉXICO

## DIVERSIDAD GENÉTICA Y DIFERENCIACIÓN DE LAS POBLACIONES DE *Pseudotsuga menziesii* (Mirb.) Franco EN MÉXICO

Jorge Cruz-Nicolás, J. Jesús Vargas-Hernández \*, Porfirio Ramírez-Vallejo and Javier López-Upton

Colegio de Postgraduados-Campus Montecillo. Km. 36.5 Carretera México-Texcoco. 56230, Montecillo, Texcoco, Estado de México, México.

\*Author for correspondence (vargashj@colpos.mx)

### SUMMARY

Mexican populations of Douglas-fir [*Pseudotsuga menziesii* (Mirb.) Franco] constitute valuable gene pools for conservation and breeding programs of this species. Genetic diversity and population divergence were estimated using 18 isozyme loci and samples from 11 natural Douglas-fir populations in México. Genetic diversity was high at the species level (83.3 % polymorphic loci and 2.9 alleles per locus), but low at the population level (28.3 % polymorphic loci and 1.52 alleles per locus), particularly for populations from central México. A high level of population differentiation was found ( $F_{st} = 0.298$ ), indicating that each population shares only a small fraction of the genetic diversity within the species and that genetic drift might have an important role in shaping the structure of genetic diversity in these populations. Genetic distances among populations in the Sierra Madre Oriental were positively correlated with geographic distances ( $r = 0.849$ ), but the association was not significant according to the Mantel test. Populations from northeastern México separated from all others, whereas population Mohinora from northwestern México, joined those from central México. These results emphasize the priority for *in situ* conservation of Douglas-fir populations in central México.

**Index words:** *Pseudotsuga menziesii*, fragmentation, genetic drift, genetic structure, *in situ* conservation, population differentiation.

### RESUMEN

Las poblaciones mexicanas de *Pseudotsuga menziesii* (Mirb.) Franco contienen acervos génicos valiosos para los programas de conservación y mejoramiento genético. Se estimó la diversidad genética y la divergencia de poblaciones utilizando 18 loci isoenzimáticos en muestras de 11 poblaciones naturales de *P. menziesii* en México. Se encontró una amplia diversidad genética a nivel de la especie (83.3 % loci polimórficos y 2.9 alelos por locus), pero reducida a nivel de población (28.3 % loci polimórficos y 1.52 alelos por locus), especialmente en las poblaciones de la región central de México. Se encontró una alta diferenciación genética entre las poblaciones ( $F_{st} = 0.298$ ), lo que indica que cada población representa una pequeña fracción de la diversidad genética de la especie y que la deriva genética podría tener un papel importante en moldear la estructura de la diversidad genética en estas poblaciones. Las distancias genéticas entre las poblaciones de la Sierra Madre Oriental se correlacionaron positivamente ( $r = 0.849$ ) con las distancias geográficas entre ellas, pero la asociación no fue significativa de acuerdo con la prueba de Mantel. Las poblaciones del noreste de México se diferenciaron del resto, mientras que la población de Mohinora en el Noroeste de México se agrupó con las del centro del país. Estos resultados enfatizan la prioridad de la conservación *in situ* de las poblaciones en el centro de México.

**Palabras clave:** *Pseudotsuga menziesii*, fragmentación, deriva genética, estructura genética, conservación *in situ*, diferenciación de poblaciones.