

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

**279. © Utilization of family genetic variability to improve the rooting ability of white spruce (*Picea glauca*) cuttings.** Gravel-Grenier, J., Lamhamedi, M. S., Beaulieu, J., and Carles, S. Canadian Journal of Forest Research 41:1308-1318. 2011.

# Utilization of family genetic variability to improve the rooting ability of white spruce (*Picea glauca*) cuttings

J. Gravel-Grenier, M.S. Lamhamedi, J. Beaulieu, S. Carles, H.A. Margolis, M. Rioux, D.C. Stowe, and L. Lapointe

**Abstract:** Family genetic variability of the rooting characteristics of white spruce (*Picea glauca* (Moench) Voss) cuttings harvested from 3-year-old stock plants was evaluated for 75 half-sib families. Growth, root system architecture, and gas exchange of the cuttings during the rooting phase (B+0) and the two subsequent growing seasons (B+1 and B+2) were evaluated. The root initiation phase (B+0) and the root development phases (B+1 and B+2) were found to be under strong genetic control. The weak correlations found between B+0 and the B+1 and B+2 phases may indicate that gene expression during B+0 is not related to root growth and development during B+1 and B+2. Strong positive correlations were observed between plant root and aboveground characteristics at the end of the B+1 and B+2 phases. This suggests that an indirect and efficient selection for white spruce families producing cuttings with heavier root dry masses could be based on the measures of aboveground morphological characteristics. Finally, the strong genetic control of morphological characteristics found in this study indicates that the selection of superior genotypes at a clonal level is possible for intensive forest management.

**Résumé :** La variabilité génétique familiale des caractéristiques d'enracinement des boutures d'épinette blanche (*Picea glauca* (Moench) Voss) récoltées sur du matériel végétal âgé de 3 ans a été évaluée pour 75 descendance uniparentales. La croissance, l'architecture du système racinaire et les échanges gazeux durant la phase d'enracinement (B+0) et pendant deux saisons de croissance subséquentes (B+1 et B+2) ont été évalués. Nous avons observé que les phases d'initiation (B+0) et de développement des racines (B+1 et B+2) sont sous fort contrôle génétique. Les faibles corrélations observées entre la phase B+0 et les phases B+1 et B+2 pourraient indiquer que l'expression des gènes durant la phase B+0 n'est pas reliée à la croissance et au développement des racines durant les phases B+1 et B+2. D'étroites corrélations positives ont été observées entre les caractéristiques aériennes et celles des racines des plants à la fin des phases B+1 et B+2. Cela indique qu'une sélection indirecte et efficace des descendance d'épinette blanche qui produisent les boutures dont la masse anhydre des racines est la plus élevée pourrait être basée sur la mesure des caractéristiques aériennes. Finalement, le fort contrôle génétique des caractéristiques morphologiques observé dans cette étude indique que la sélection des génotypes supérieurs au niveau clonal est possible dans le cadre d'un aménagement forestier intensif.

[Traduit par la Rédaction]

## Introduction

White spruce (*Picea glauca* (Moench) Voss) has a wide distribution in North America, occurring throughout Canada and the northern United States (Nienstaedt and Teich 1972). The species is recognized for its large genetic variability (Li et al. 1997) in both morphological and physiological characteristics (Li et al. 1993; Lamhamedi et al. 2000). The pres-

ence of this genetic variability justified the establishment of a large breeding program for white spruce in the late 1950s and early 1960s (Beaulieu 1996). Beginning with provenance tests, this program was expanded in the 1970s and 1980s to include half-sib progeny tests of families from Québec and Ontario, thus permitting researchers to evaluate and capitalize on the full extent of the species' genetic variability, particularly for growth, form, and adaptation (Beaulieu 1996). More

Received 27 July 2010. Accepted 2 March 2011. Published at [www.nrcresearchpress.com/cjfr](http://www.nrcresearchpress.com/cjfr) on 1 June 2011.

**J. Gravel-Grenier and M. Rioux.** Ministère de Ressources naturelles et de la Faune, Pépinière de St-Modeste, 410 rue Principale, Saint-Modeste, QC G0L 3W0, Canada.

**M.S. Lamhamedi.** Ministère des Ressources naturelles et de la Faune, Direction de la recherche forestière, 2700 rue Einstein, Québec, QC G1P 3W8, Canada.

**J. Beaulieu.** Natural Resources Canada, Canadian Forest Service, Canadian Wood Fibre Centre, 1055 rue du P.E.P.S., P.O. 10380 Stn., Sainte-Foy, Québec, QC Q1V 4C7, Canada.

**S. Carles, H.A. Margolis, and D.C. Stowe.** Centre d'Étude de la Forêt, Faculté de foresterie, de géographie et de géomatique, Pavillon Abitibi-Price, Université Laval, 2405 rue de la Terrasse, Québec, QC G1V 0A6, Canada.

**L. Lapointe.** Centre d'Étude de la Forêt, Faculté des sciences et de génie, Pavillon Alexandre-Vachon, Université Laval, 1045 rue de la Médecine, Québec, QC G1V 0A6, Canada.

**Corresponding author:** M.S. Lamhamedi (e-mail: [mohammed.lamhamedi@mrnf.gouv.qc.ca](mailto:mohammed.lamhamedi@mrnf.gouv.qc.ca)).