

Приложение к отчету. Иллюстрации к разделу отчета по проекту 1.3 Сведения о достигнутых конкретных научных результатах в отчетном году. Рисунки пронумерованы согласно пунктам формы 1.3.

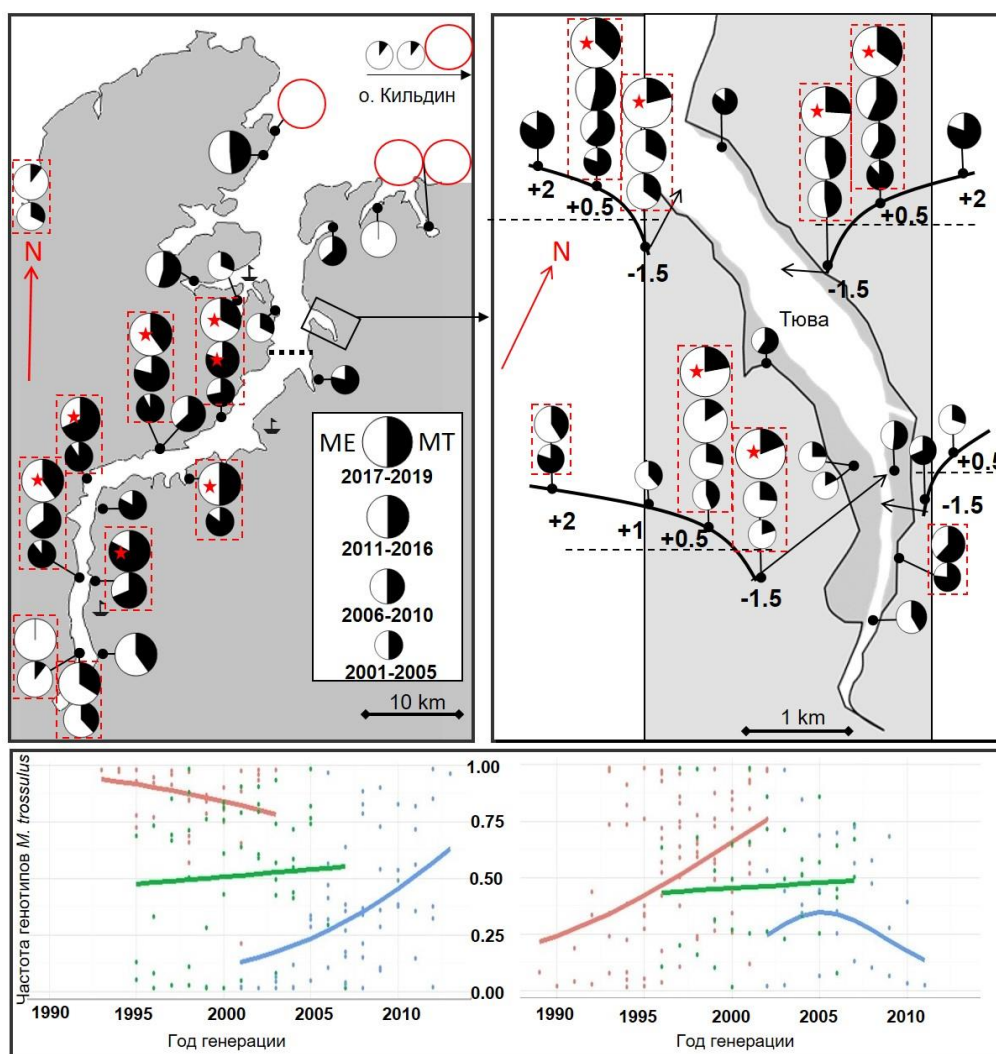


Рисунок 1. Пространственная и временная динамика гибридной зоны между *M. edulis* и *M. trossulus* в Кольском заливе в региональном и локальном масштабах. Карты-схемы. Слева – Кольский залив, справа - губа Тюва в устье залива (полигон для исследования динамики в локальном масштабе). Круговые диаграммы - вклад генов *M. edulis* (белый сектор) и *M. trossulus* (чёрный сектор) в структуру выборок, оцененный минимум по трем локусам. Размеры диаграмм отражают период сбора материала (периоды указаны в легенде). Выборки разных лет сбора из одних и тех же поселений обведены красной рамкой. Диаграммы, помеченные красной звёздочкой – новые изученные выборки, диаграммы с красной границей – собранные, но еще не изученные выборки. Черная пунктирная линия отделяет выдел Кольского залива, материал по которому включен в регрессионный анализ. XY диаграммы. Частота генотипов *M. trossulus* в генерациях

мидий в выборках как функция года рождения генераций. Слева – Кольский залив, справа – губа Тюва. Разные цвета соответствуют разным периодам сбора: красный цвет – период 1, зеленый – период 2, синий – период 3. Точками показаны эмпирические данные, линиями – непараметрические сглаживающие функции.

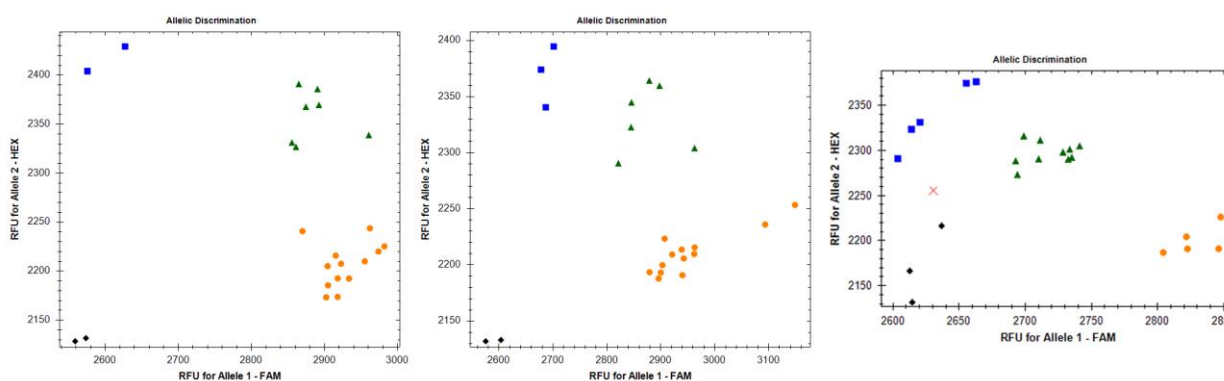


Рисунок 2. Примеры классификации генотипов мидий *Mytilus trossulus* (MT), *M. edulis* (ME) и *M. galloprovincialis* (MG) из гибридной зоны (Гасейд) по результатам KASP типирования с использованием программного обеспечения CFX Manager (Biorad). Слева направо: маркер C27467_p175 отличает MT, маркер C10081_p1314 отличает MG, а маркер C6231_p1094 отличает ME от других видов. В каждом случае по оси ОХ отложены значения флюоресценции, специфичной для одной аллели, по оси ОУ – для другой аллели. Обозначения: синие квадраты – гомозиготы по одной аллели, оранжевые кружки – гетерозиготы, зеленые треугольники – гомозиготы по альтернативной аллели, красный крест – сомнительный генотип, черные ромбы – контрольные образцы (реакция без ДНК).

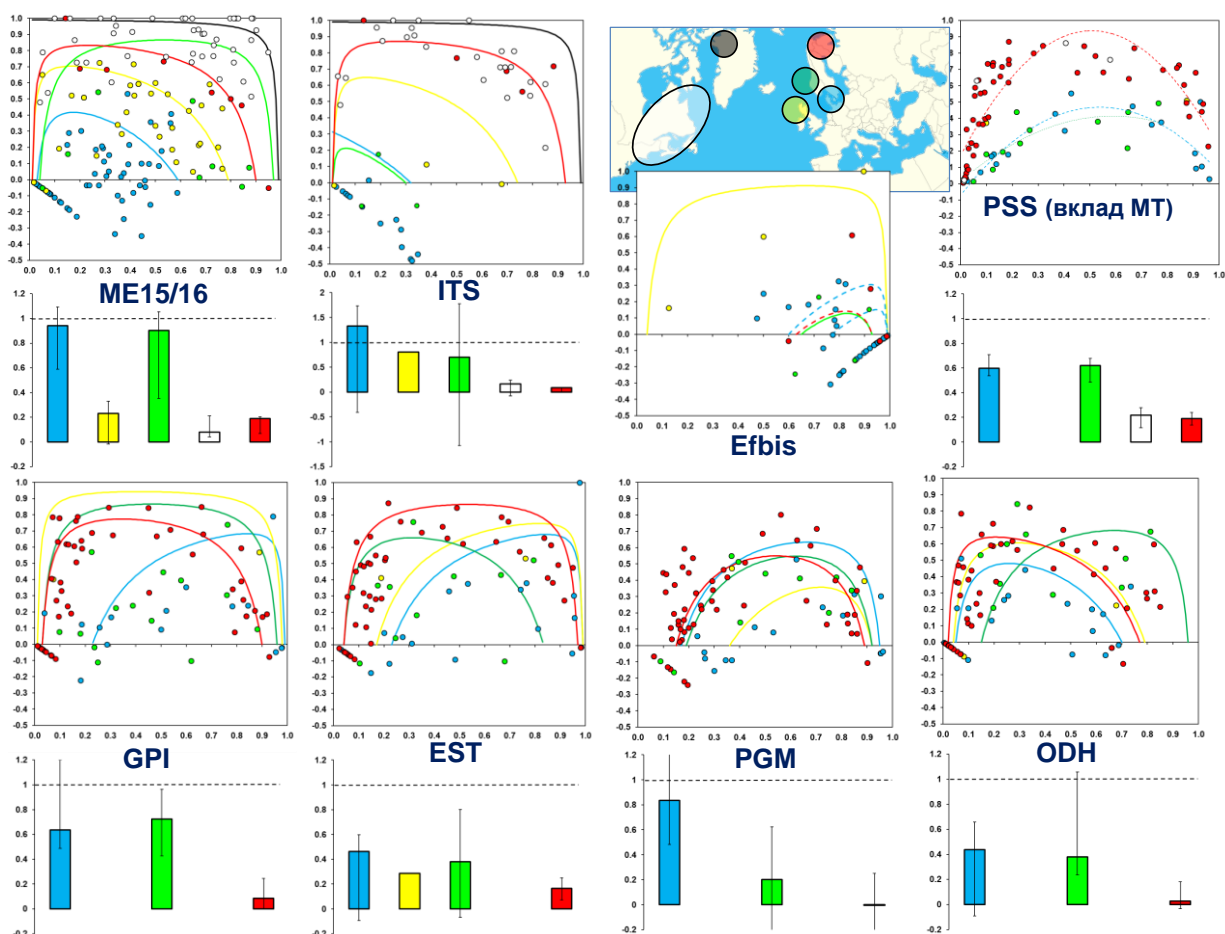


Рисунок 3. Генотипическая структура выборок из гибридных зон между *M. trossulus* и *M. edulis*. XY диаграммы (кроме верхнего правого графика). Значения индекса Fis (дефицита гетерозигот) как функция от частоты аллелей *M. trossulus*. Точки – эмпирические оценки, линии – ожидаемые значения Fis для смеси видов без гибридизации. Точки пересечения линий с ОХ – предсказанные частоты аллелей в популяциях родительских видов. Столбчатые диаграммы – отклонения эмпирических Fis от теоретических (0 – нет гибридов, 1 – все гибриды); Аббревиатуры – названия локусов. Фигуры разного цвета – разные гибридные зоны (см. карту); данные по Гренландии (серая область на карте) не включены, потому что их нет. Верхний правый график построен по тому же принципу, что и остальные, но по мультилокусным данным. Ось абсцисс на XY диаграмме – вклад генов *M. trossulus* в генофонд популяций. Ось ординат – индекс 1-md Калиновского и Пауэлла (Kalinowski, Powell 2015): для смеси видов без гибридизации индекс принимает значение 1. Столбчатая диаграмма – отклонения 1-md от единицы.

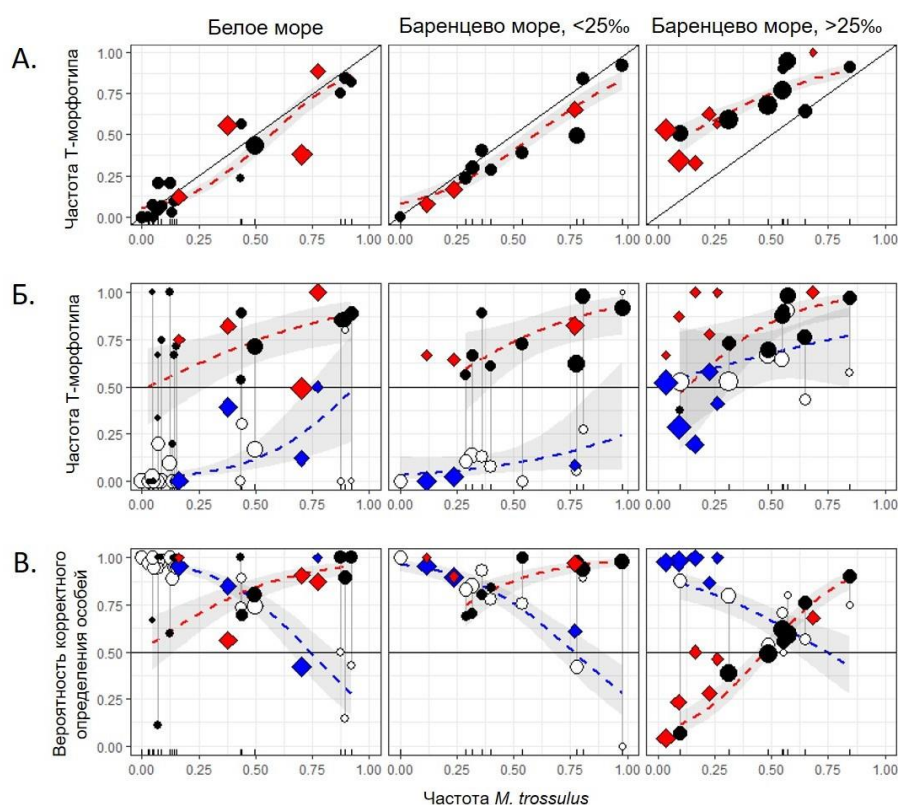


Рисунок 4.1. Надежность определения *M. trossulus* и *M. edulis* по морфотипам (Т-морфотип характерен для *M. trossulus*, Е-морфотип - для *M. edulis*) в Белом и Баренцевом морях в зависимости от экологических условий (маркер условий - соленость воды) и таксономического состава поселений. На всех графиках: ОХ – частота *M. trossulus* в выборках, точки – «обучающий» массив данных, ромбы – тестовый массив данных (два массива выделены для нужд регрессионного анализа). Размер значков пропорционален объему выборки/субвыборки. Линии – линии регрессии, серая область – доверительные интервалы линий регрессии. А. Связь между частотой морфотипа и частотой генотипа *M. trossulus*. Если частоты генотипов и морфотипов в выборках одинаковы, значки лежат на диагонали. Б. Различия *M. edulis* и *M. trossulus* по частотам морфотипов. Залитые точки – частота Т-морфотипа среди *M. trossulus*, распределение аппроксимировано красной линией регрессии. Выколотые точки – частота Т-морфотипа среди *M. edulis*, распределение аппроксимировано синей линией регрессии. Вертикальные линии соединяют оценки частот Т-морфотипа в субвыборках двух видов из одних и тех же выборок. В. Вероятность корректного определения генотипов по морфотипам. Черные точки – частота корректно определенных *M. trossulus* среди особей с Т-морфотипом, распределение аппроксимировано красной линией регрессии. Белые точки – частота корректно определенных *M. edulis* среди особей Е-морфотипа, распределение аппроксимировано синей линией регрессии. Вертикальные линии соединяют частоты

корректно определенных особей в субвыборках двух морфотипов из одних и тех же выборок.

Белое море	Баренцево море, соленость $\leq 25\text{‰}$	Баренцево море, соленость $> 25\text{‰}$
Предсказание таксономического состава поселений (P_{tros}) по частоте Т-морфотипа в выборке (PT)		
$P_{tros} = \frac{\exp^{(-2.9+6.1 \cdot PT)}}{1 + \exp^{(-2.9+6.1 \cdot PT)}}$	$P_{tros} = \frac{\exp^{(-2.3+5.8 \cdot PT)}}{1 + \exp^{(-2.3+5.8 \cdot PT)}}$	$P_{tros} = \frac{\exp^{(-3.2+4.2 \cdot PT)}}{1 + \exp^{(-3.2+4.2 \cdot PT)}}$
Предсказание вероятности корректного определения <i>M. edulis</i> по Е-морфотипу, $P(ME E)$		
$P(ME E) = \frac{\exp^{(3.8-5.1 \cdot P_{tros})}}{1 + \exp^{(3.8-5.1 \cdot P_{tros})}}$	$P(ME E) = \frac{\exp^{(3.3-4.3 \cdot P_{tros})}}{1 + \exp^{(3.3-4.3 \cdot P_{tros})}}$	$P(ME E) = \frac{\exp^{(2.1-2.8 \cdot P_{tros})}}{1 + \exp^{(2.1-2.8 \cdot P_{tros})}}$
Предсказание вероятности корректного определения <i>M. trossulus</i> по Т-морфотипу, $P(MT T)$		
$P(MT T) = \frac{\exp^{(0.1+3.3 \cdot P_{tros})}}{1 + \exp^{(0.1+3.3 \cdot P_{tros})}}$	$P(MT T) = \frac{\exp^{(0.1+4.1 \cdot P_{tros})}}{1 + \exp^{(0.1+4.1 \cdot P_{tros})}}$	$P(MT T) = \frac{\exp^{(-2.6+5.6 \cdot P_{tros})}}{1 + \exp^{(-2.6+5.6 \cdot P_{tros})}}$

Таблица 4.1. Формулы для предсказания таксономического состава поселений и видопринадлежности особей Кольских мидий по морфотипам.

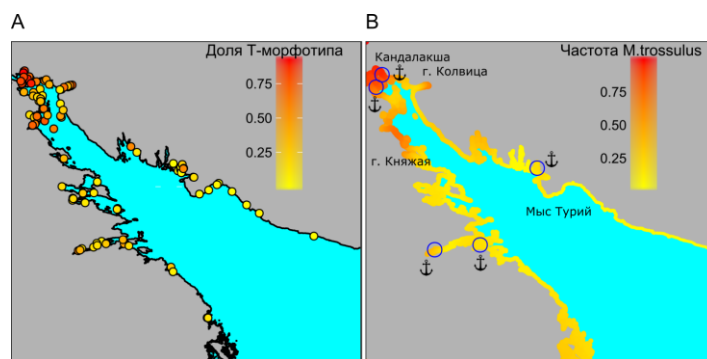


Рисунок 4.2.1. Карта распределения *M. trossulus* в вершине Кандалакшского залива Белого моря по данным 2014-2019 гг. (А) Расположение точек, в которых производилась оценка соотношения частот морфотипов. (Б) Пространственное распределение частоты *M. trossulus* (аппроксимация с помощью двумерной аддитивной модели). Кругами отмечены портовые районы.

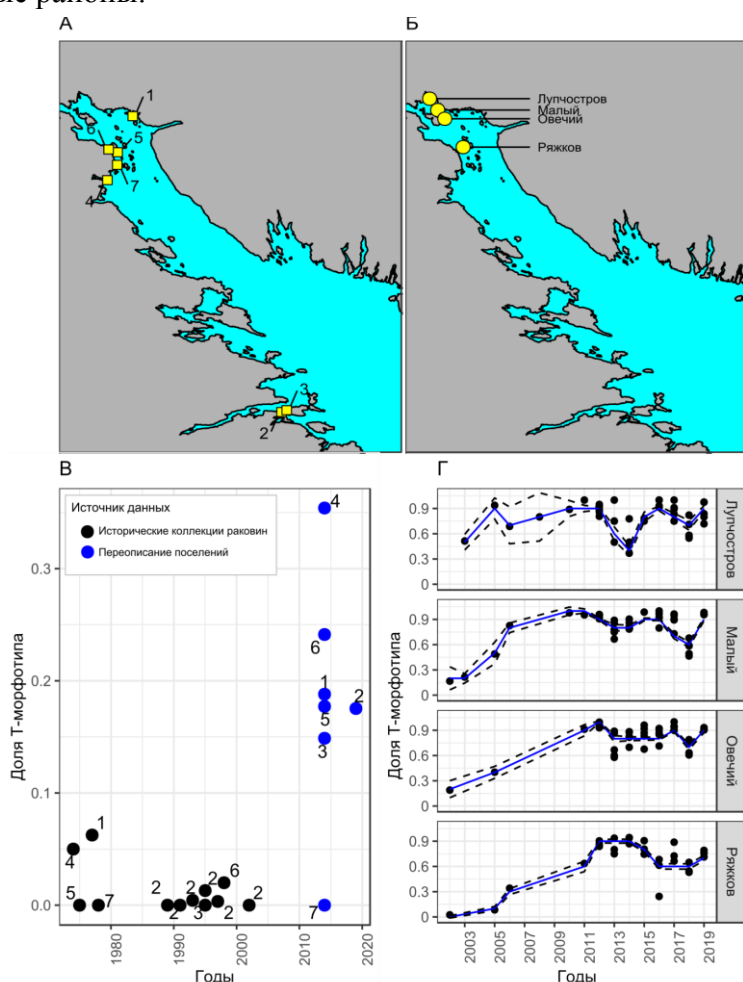


Рисунок 4.2.2. Историческая динамика структуры поселений мидий (*M. edulis*, *M. trossulus*) в Кандалакшском заливе Белого моря (А) Точки исторических сборов. (Б) Точки мониторинга на литорали четырех островов; (В) Оценки частот Т-морфотипов в сборах разных лет. Нумерация поселений как на панели “А”. (Г) Динамика мидий Т-морфотипа на литорали четырех островов. Точки – частоты Т-морфотипов. Синие линии – регрессионные модели (GAM), описывающие многолетние тренды в структуре популяций. Пунктирные линии ограничивают 95% доверительный интервал линии регрессии.

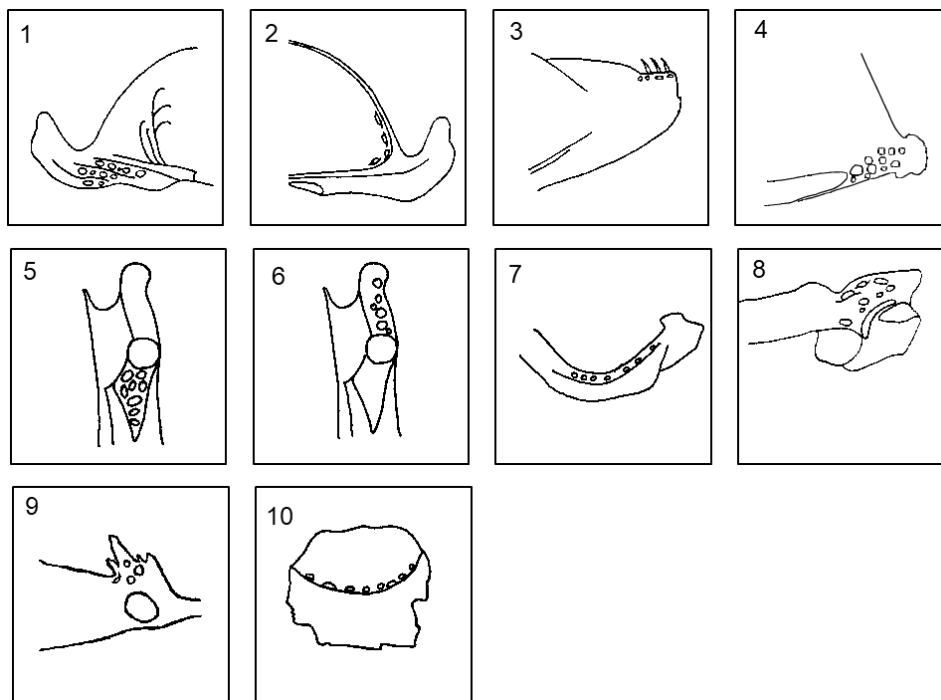


Рисунок 7. Признаки – количество отверстий (показаны только те группы отверстий, где производился подсчет) в костях атлантической и тихоокеанской сельди.

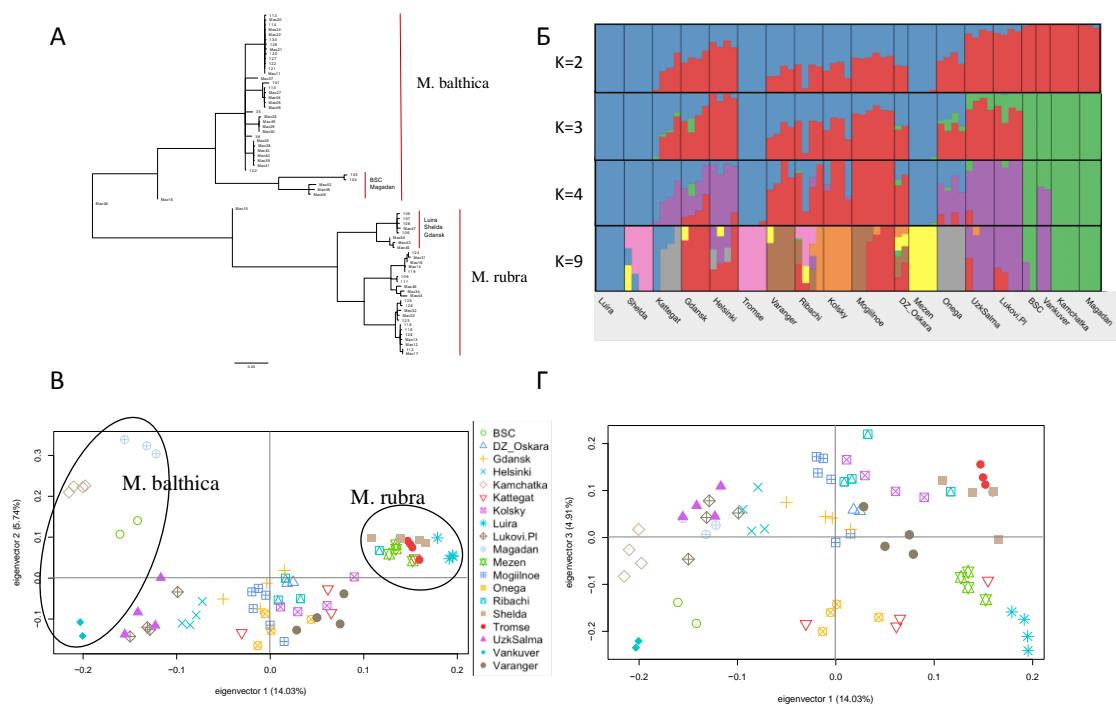


Рисунок 8. Структура видового комплекса *Masoma balthica* по данным транскриптомного анализа. А) Филогенетическое дерево (NJ) на основе почти полных митохондриальных геномов (70%) восстановленных из транскриптомных данных. Показаны клады тихоокеанской *M. b. balthica*, атлантической *M. b. rubra* и клады, объединяющие макром из Магадана и Квебека (BSC) и из западной Европы от Луары во Франции до Гданьского залива в Польше. Б) Результаты ADMIXTURE кластеризации на основе аутосомных полиморфных SNP. В, Г) Анализ в пространстве главных компонент на основе аутосомных SNP. Разными значками показаны особи из разных популяций. Показаны кластеры неинтрогрессированных популяций *M. b. balthica* из Пацифики и западной Атлантики и *M. b. rubra* из Европы и Мезенского залива Белого моря. Лежащие между «видовыми» кластерами вдоль первой компоненты генотипы представляют интрогрессированные популяции Балтики, Баренцева и Белого морей.

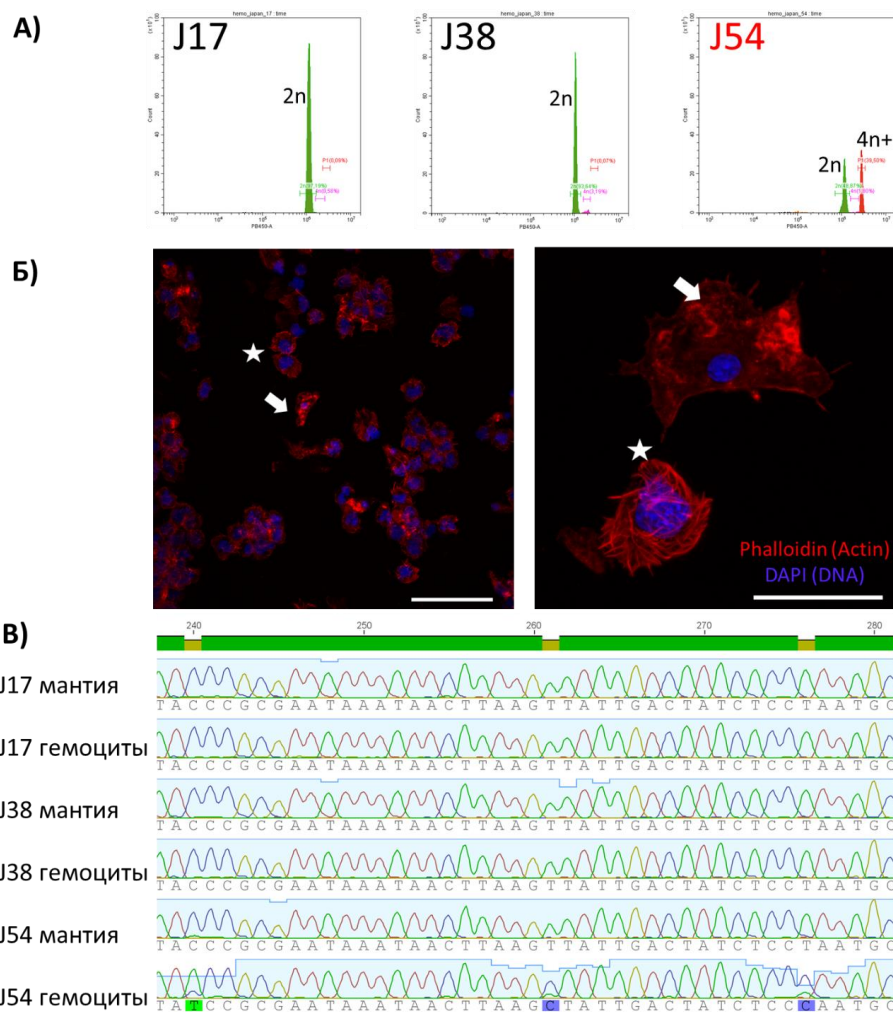


Рисунок 9. Идентификация СТС с помощью проточной цитометрии (А), иммуногистохимии (Б) и секвенирования по Сэнгеру (В) у мидий *Mytilus trossulus* из Японского моря. А. Гистограммы интенсивности флюоресценции DAPI (по оси ОХ) и количество клеток гемоцитов (по оси ОУ) у здоровых мидий (J17, J38) и у особи с неоплазией (J54). У здоровых особей наблюдаются только диплоидные гемоциты, у J54 есть второй пик флюоресценции от гемоцитов повышенной плоидности (4n+). Б. Препараты гемолимфы J54, окрашенные флюоресцентными красителями DAPI и фаллоидином (красят ДНК и цитоскелет). Аномальные гемоциты (отмечены звездочкой) не распластываются на субстрате и имеют увеличенные (в 3-4 раза) ядра (отмечены стрелкой). В. Фрагмент гена COI амплифицированного из разных тканей мидий. У мидии J54 цветом отмечены двойные пики на хроматограммах COI из гемоцитов.

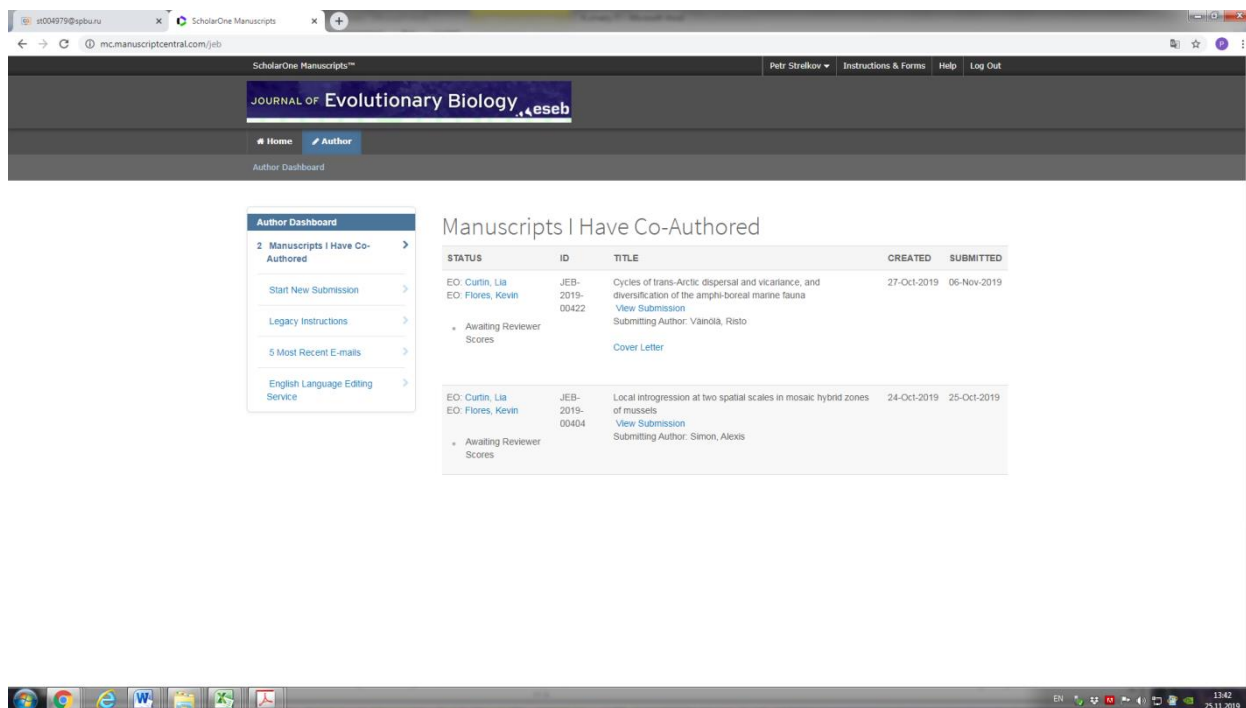


Рисунок. Скриншот личного кабинета П. Стрелкова на сайте Journal of evolutionary biology. Видны поданные в журнал рукописи.