О чем это все? М.б. ты ищешь подходы как to assess the divergence of ecological niches in sympatric mussels на примере ME and MT на Беломорской литорали?

1. One of the ~~urgent~~ tasks (не тривиал?) of the ~~modern~~ marine? ecology is the construction of ~~relevant~~ species distribution models (SDM) as numerical tools describing the relationship between species occurrence and environmental parameters (Elith, Leathwick, 2009). Сразу связать species distribution modelling и ecological niche modelling (“The SDMs ~~are also considered as~~ **is** a tool of species’ ecologial niche describing (Elith, Leathwick, 2009”). These models allow predicting distribution patterns of species both in space (e.g. in unsampled areas) and in time (under global change ….).
2. SDM could be built not for a single species, but for a number coexisting ones, using the Joint Species Distribution Modelling (JSDM) (Ovaskainen, Abreg, 2020). Whereas the basic SDM approach assume to use the presence/absence (or abundance) of a species as a response variable, which is under control of numerous environmental predictors, in JSDM framework some correlative assessment of interspecific interactions is incorporated into the model as well (Ovaskainen, Abreg, 2020). Хорошо бы здесь заявить «ecological niche partitioning».
3. Можно ли уточнить о каких методах идет речь, чтобы перейти от демагогии к методологии? Перечислить и в самых общих чертах объяснить. Кто-то, например, пишет: «The BRT is a technique that combines the strength of machine learning and statistical modeling; it avoids starting with a data model and rather uses an algorithm to learn the relationship between the response and its predictors [83]. The predictive performance of BRT models is superior to most traditional modeling methods (see, e.g., comparisons with GLM, GAM and multivariate adaptive regression splines, [84,85]). BRT performs relatively similar or sometimes even slightly better than other machine learning methods such as Random Forest (RF) [86]. We have recently used the latter technique to test if the genetic differentiation of populations of marine species may be related to any of the key environmental variables known to shape species distributions…»
4. SDMs and JSDMs are mostly applied for «morphological» species that can be identified in routine ecological(?) studies (e.g. Reiss et al., 2011; Lindegren et al., 2022). However, the latter approach can be applied also to sympatric cryptic species (e.g.), and even to infraspecific taxa such as subspecies or phylogenetic lineages within polytypic species (e.g. … ).
5. In the marine realm, the longest scientifically knownand best studied complex of cryptic species is the Mytilus edulis complex (blue mussels), which includes a number of species that are morphologically similar and capable of hybridization ().
6. Blue mussels are powerful ecosystem engineers and play an important role in structuring coastal communities in the temperate and subpolar seas (REFs). Про практическую значимость. Необходимость генотипировать мидий для их видоопределения (и как-то учитывать гибридов?) тормозят сравнительные исследования «криптических» видов.
7. In the North Atlantic sector, the dominant blue mussel species are ME and MT, which form a series of contact zones (zones of sympatry) in different corners of the region from Scotland and the Gulf of Man in the south to Greenland and Svalbard in the north (). Scientists agree that ME and MT species differ ecologically in sympatry = умнее определить (RC, Katolikova et al. ) and in particular have different values in aquaculture (...), but surprisingly little is known about the environmental factors of their segregation.
8. Наибольший прогресс в сравнительных экологических исследованиях МЕ и МТ достигнут в Балтике и в водах Кольского полуострова (Белое и Баренцева моря).
9. В Балтике виды энергично гибридизуют и распределяются в пространстве строго по солености: МТ приурочен к опресненным районам внутренних районов моря, а МЕ к более соленым районам Каттегата и западной Балтики. На границе этих областей в поселениях доминируют гибриды и частоты генов двух видов меняются в пространстве градиентно (?).
10. В Белом и Баренцевом морях картина иная. Гибридизация ограниченная, гибриды всегда в меньшинстве. Виды распределены в пространстве как двухуровневая мозаика. В региональном масштабе, частота МТ повышена в районах портов, что возможно связано с тем, что этот вид проник в регион и распространился там недавно с морским траффиком. В локальном масштабе, частоты варьируются в масштабе метров-километров; явной связи в распределении с соленостью нет (VS, 11, Katolikova et al. 2016). Католикова и др. 2016 доказали, что важным фактором сегрегации видов на беломорской литорали служит субстрат обитания: в смешанных поселениях МТ всегда больше на фукусах, МЕ на грунте. В параллельном исследовании в Баренцевом море распределение видов по субстратам не изучали, зато показали, что A) виды закономерно распределяются по глубине: с глубиной доля МЕ возрастает и Б) таксономическая структура смешанных поселений может по невыясненным причинам существенно меняться между годами. Звезды нужны?
11. В большинстве других изученных районах сосуществования МЕ и МТ ведут себя, скорее, как в Белом и Баренцевом морях, а не в Балтике. Гибридизация ограничена, распределение мозаичное, данные о связи с соленостью противоречивы. Высказывались гипотезы, что факторами сегрегации м.б. глубина обитания, прибойность, не знаю, что еще заслуживает упоминания, но все они проверялись на ограниченном материале.
12. **Для прогресса в изучении экологической сегрегации видов в симпатрии не хватает двух вещей: эффективных методов видовой диагностики, позволяющих работать с большим количеством мидий и образцов, и методов, позволяющих одновременно учитывать несколько вероятных факторов экологической сегрегации видов и различать их влияние. For example, harbors are often located in storm-protected areas with low salinity, making correlative(?) approaches in assessing the influence of surf, salinity and anthropogenic influences of little value. These approaches are implemented in the JSDM (?), but, to our knowledge, in the history of ME and MT studies have been applied only twice, by Kijewski et al. and by Wenne et al. Both times the machine learning techniques were used to model the macro-geographic distribution of species (technically, of allele frequencies at taxonomically informative genes) in the space of multiple climatic and oceanographic characteristics available from public databases. The conclusions of these studies are summarized by recognizing temperature and salinity as important factors influencing the geographical distribution of species with MT tolerate lower salinities and temperatures than ME (Kijewski et al. Wenne et al. ).**
13. Находка конхологического признака наличия/отсутствия полоски, позволяющего вероятностно различать МЕ и МТ и оценивать таксономическую структуру поселений без генотипирования, открыло новые горизонты в сравнительных экологических исследованиях этих видов. (подробнее о диагностической значимости). Виды повсеместно различаются по частотам язычков, но масштаб различий разнится. В Белом море, надежность такая-то и мы здесь это используем, чтобы на примере хорошо изученных беломорских мидий разработать **правильный подход** и применить его для единовременной оценки влияния нескольких разных факторов на распределение МЕ и МТ в симпатрии.
14. Specifically, we collected a large number of mussel samples so that we could account for the effects of proximity to ports, surf, salinity, and substrate, but minimize variability among samples by depth. … про МЕ/МТ ratio и игнорирование гибридов … This material was analyzed so-and-so.