

# Материал и методы

Cyt b

1140 п.о.

Исследованные виды	Наши данные	Данные ГенБанка
<i>Talpa europaea</i>	96	15
<i>Talpa romana</i>	2	118
<i>Talpa caeca</i>	3	4
<i>Talpa stankovici</i>	3	9
<i>Talpa altaica</i>	19	3
<i>Mogera robusta</i>	45	7
<i>Mogera wogura</i>	-	31
<i>Mogera kanoana</i>	-	12
<b>Всего</b>	<b>168</b>	<b>199</b>

## Филогенетический анализ:

- метод ближайшего связывания (neighbor-joining, NJ)
- метод максимальной экономии (maximum parsimony, MP)
- метод максимального правдоподобия (maximum likelihood, ML)

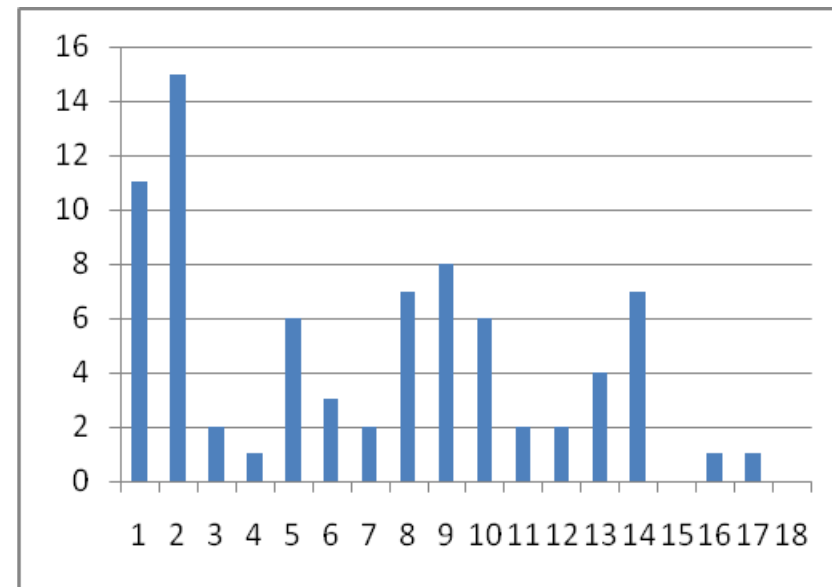
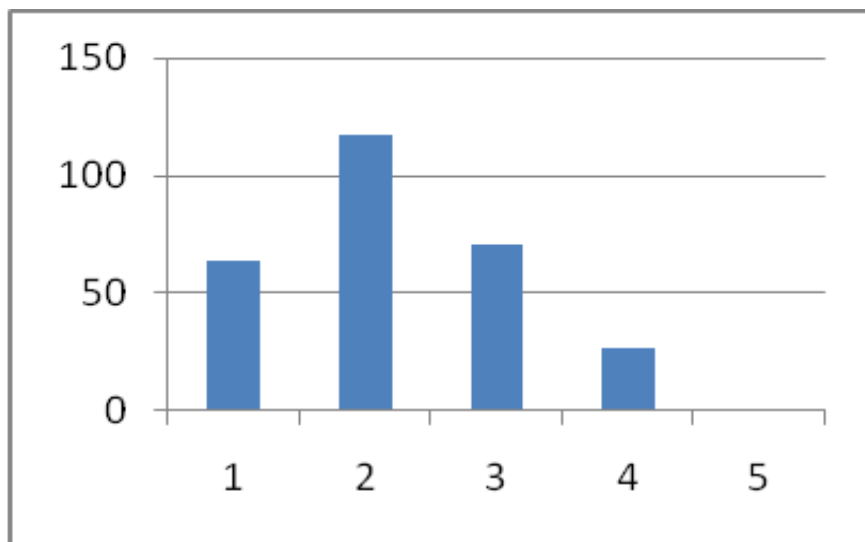
## Филогеографический анализ:

- генетическое разнообразие ( $\pi$ ,  $H$ )
- тесты на нейтральность (Tajima's D, Fu's FS тесты)
- распределение попарных дистанций («Mismatch distribution»)
- медианная сеть

# Филогеография *T. europaеа*

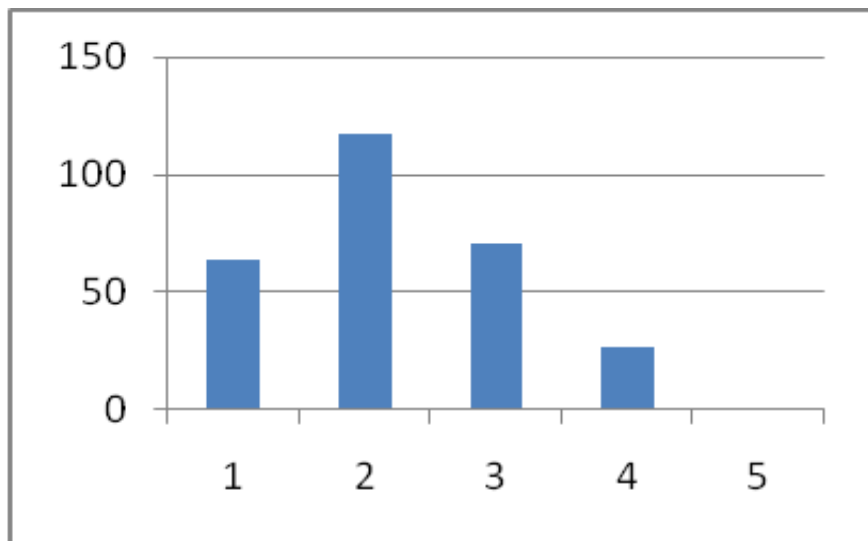
Ц Италия

С Италия

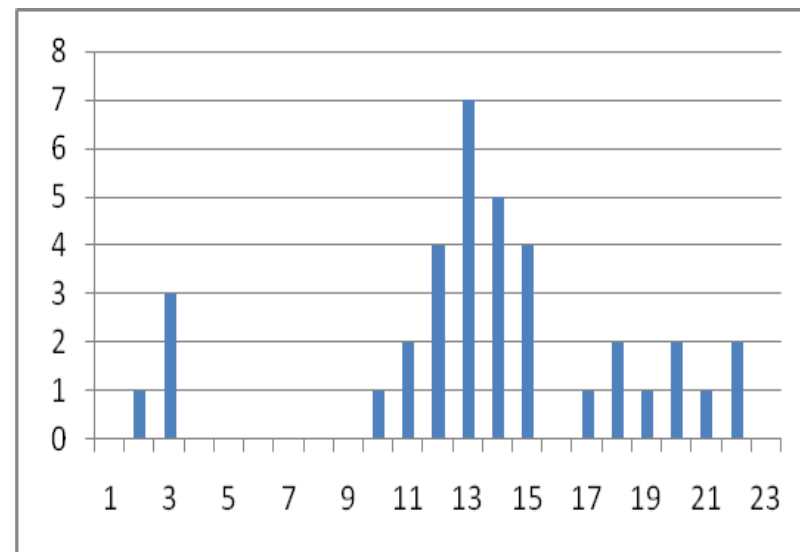


статистика	С Италия	Ц Италия
Н образцов	13	13
Н гаплотипов	8	5
ts/tv	14/10	7/0
H	0.8590 +/- 0.0886	0.7051 +/- 0.1220
$\pi$	0.0051 +/- 0.0029	0.0013 +/- 0.0009
S	24	7
<i>Tau</i>	11.01367	0.00000

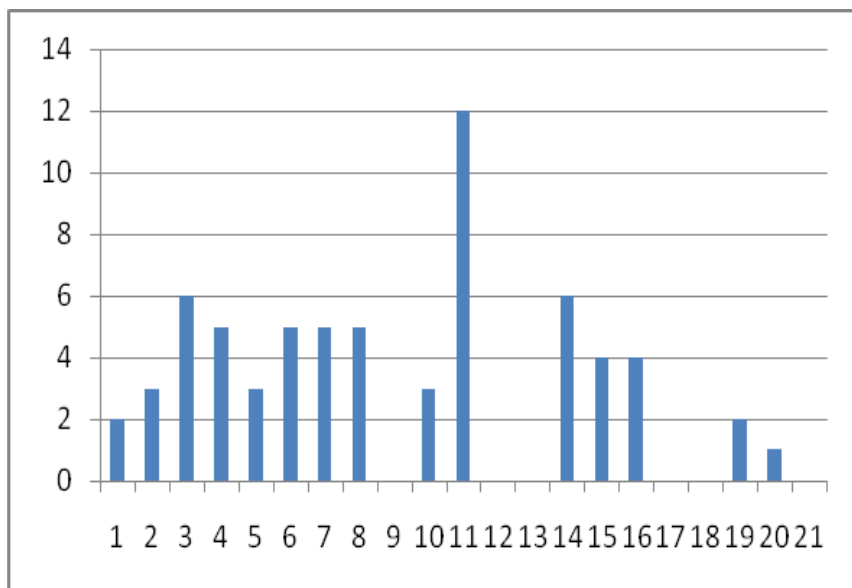
Урал, Московская+Тверская обл.



Балканы

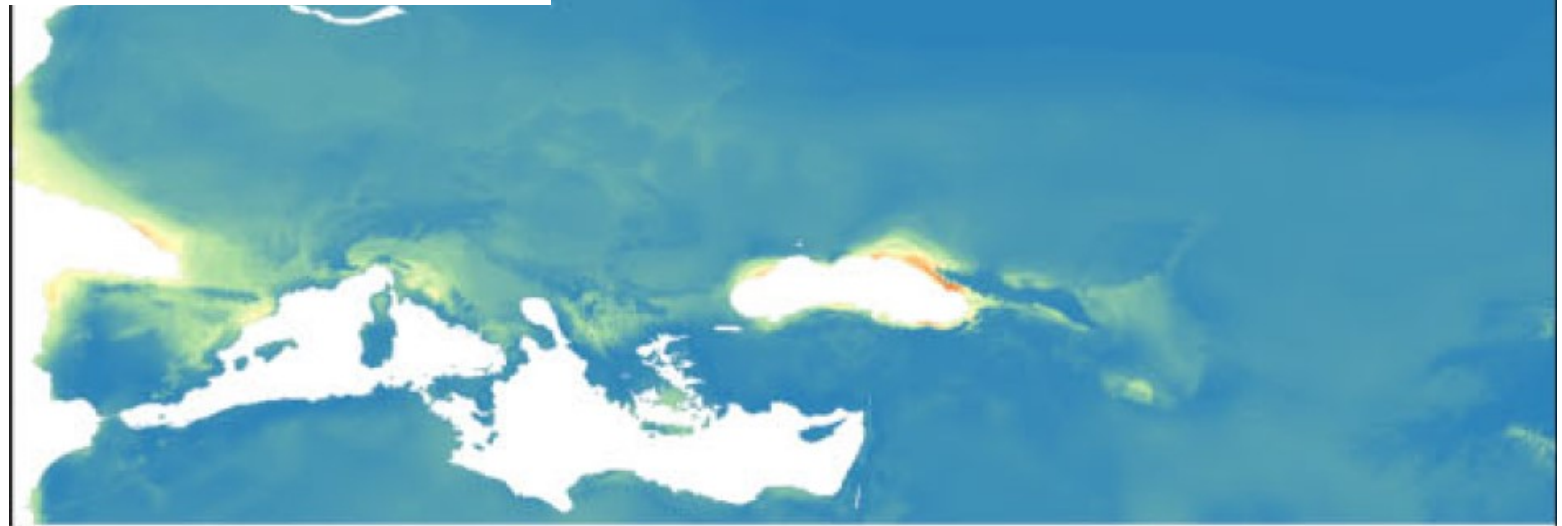
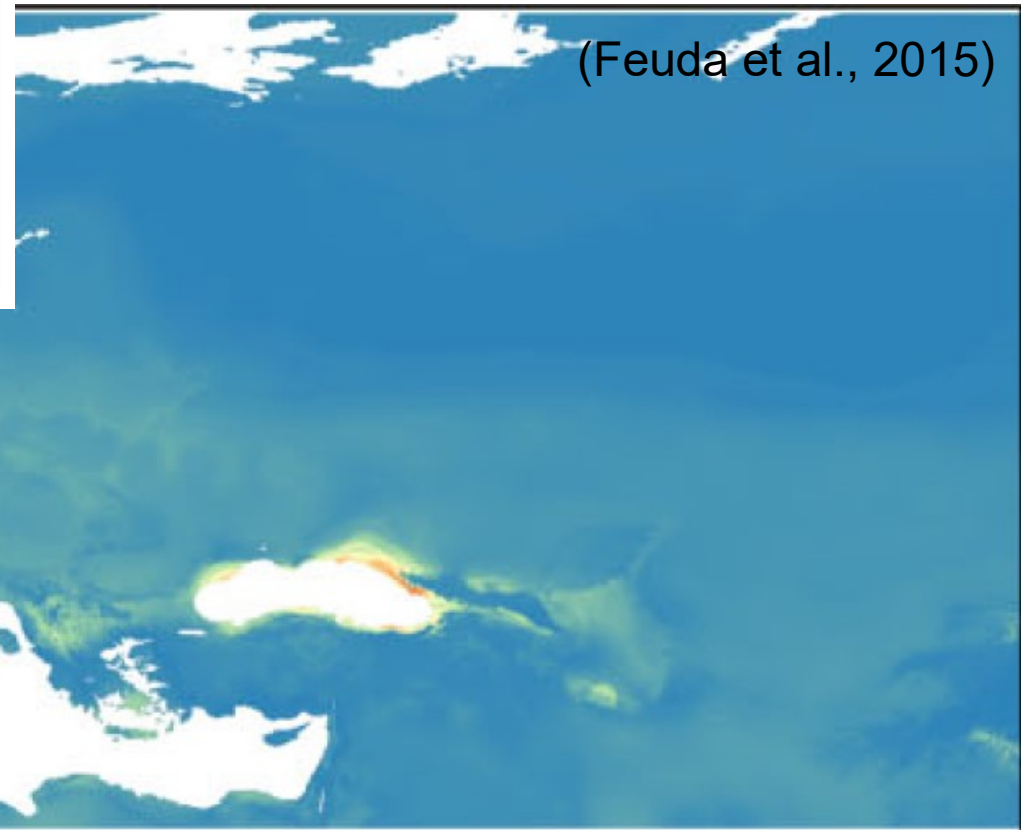


Украина+Крым

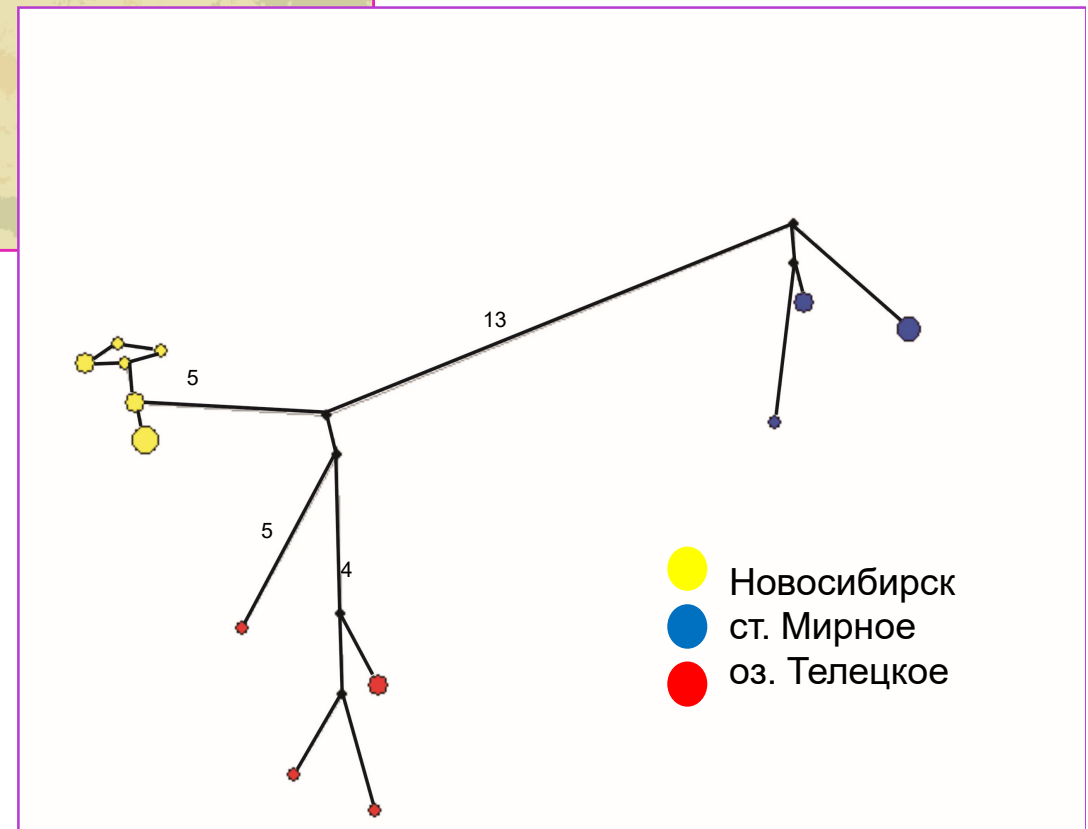
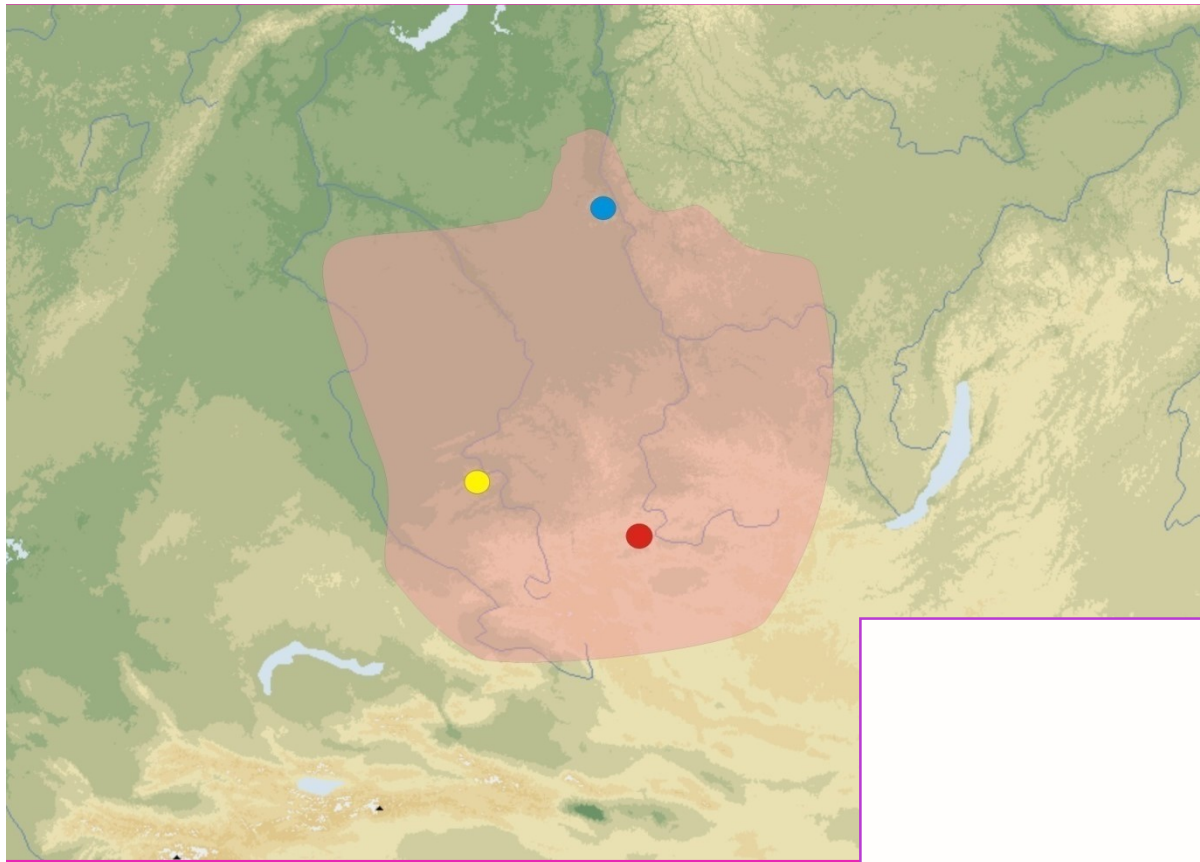


статистика	Украина + Крым	Балканы
№ образцов	12	10
№ гаплотипов	11	10
ts/tv	27/1	26/30
H	0.9848 +/- 0.0403	1.0000 +/- 0.0524
π	0.0070 +/- 0.0040	0.0110 +/- 0.0063
S	27	56
Tau	9.13477	13.24219

# Филогеография *T. europaеа*

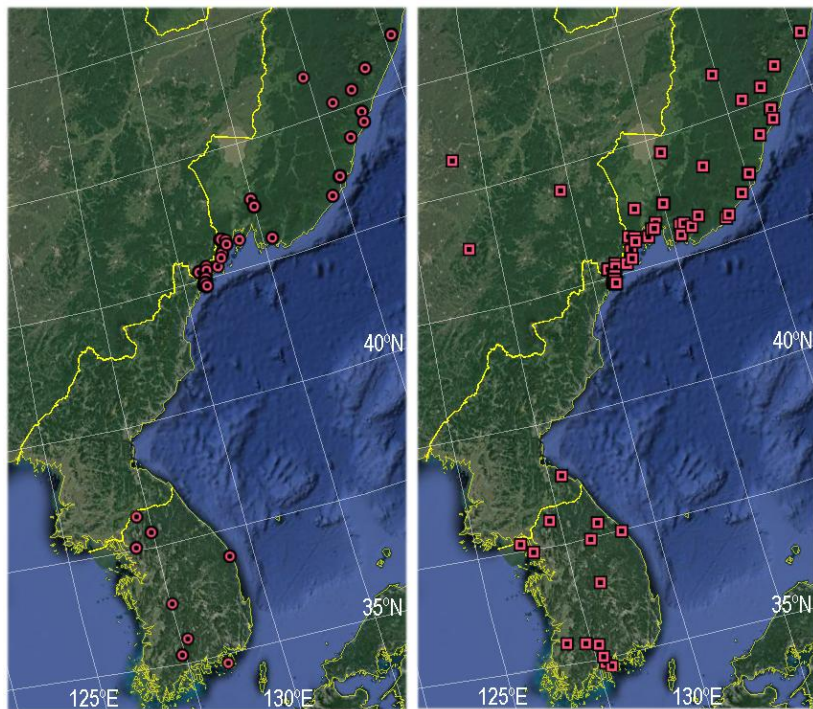


# Филогеография *T. altaica*





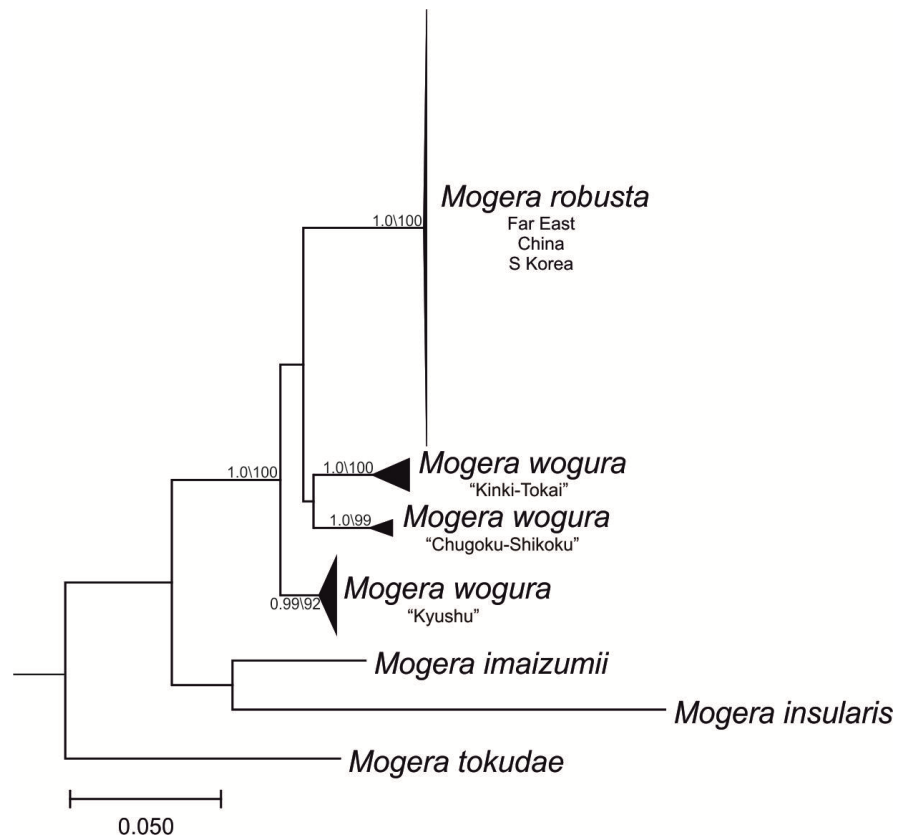
# Филогеография *M. robusta*



А

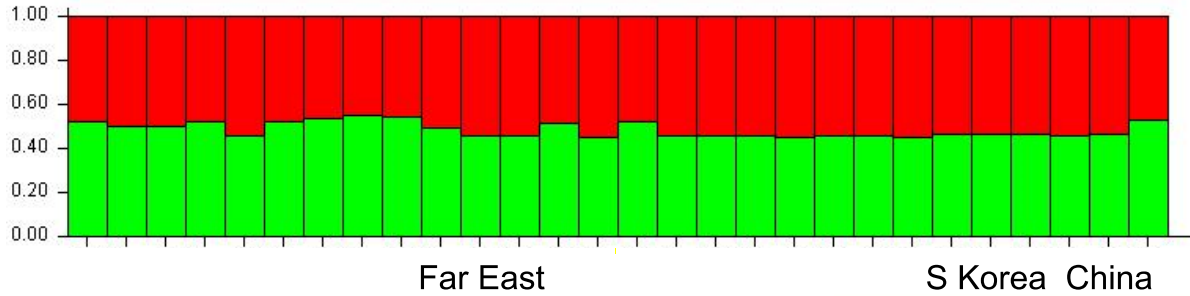
Б

Локалитеты образцов для молекулярного (А) и морфометрического (Б) анализов.

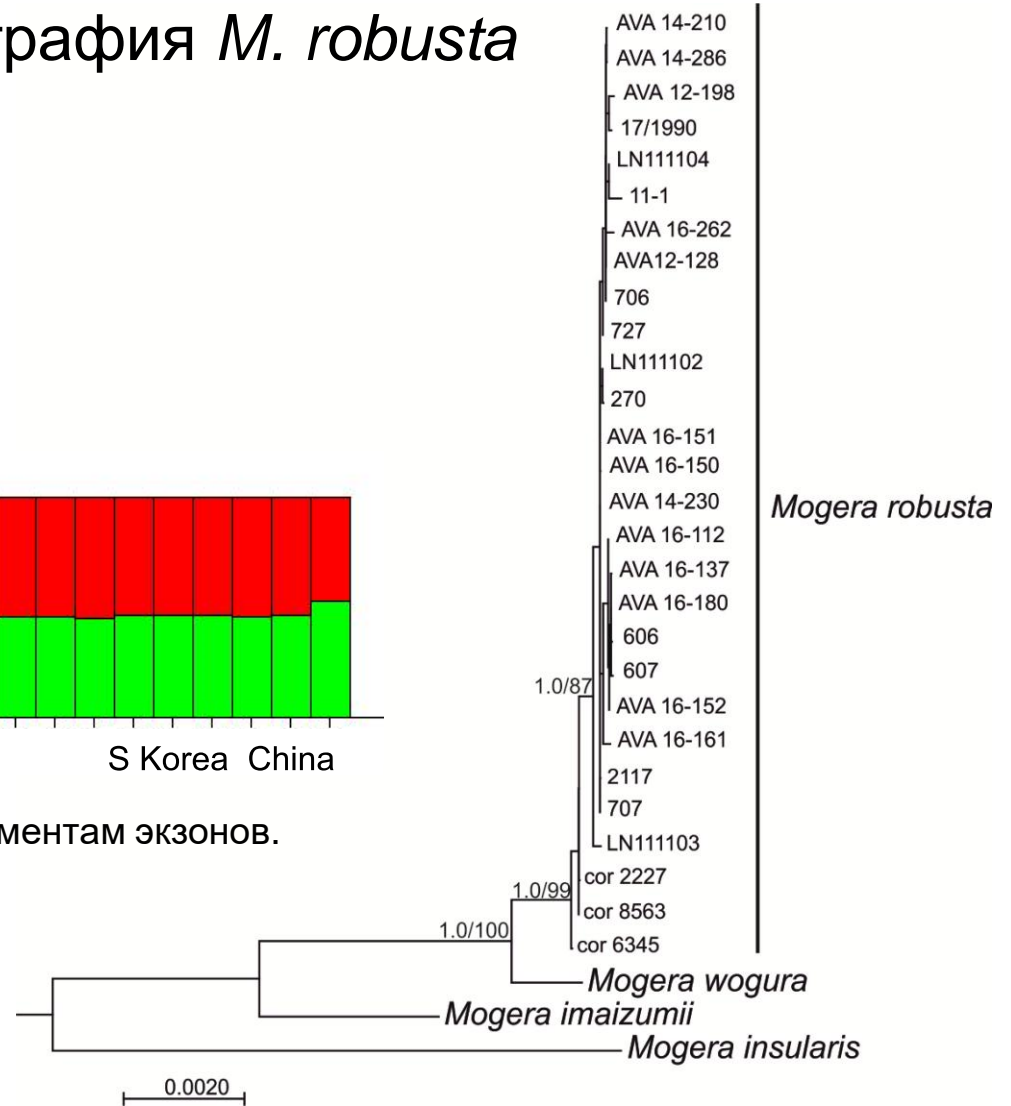


Филогенетическое дерево, построенное ML-методом по *cytb*.

# Филогеография *M. robusta*

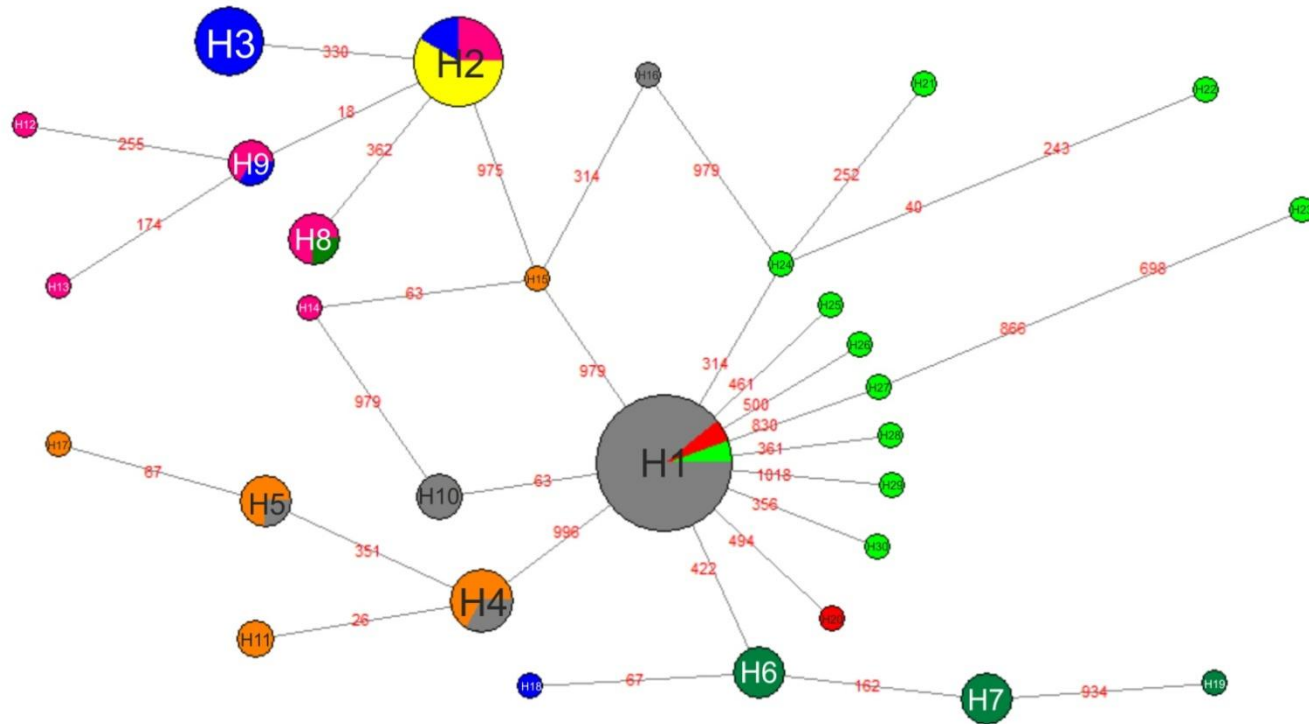


Результаты анализа Structure по 12 фрагментам экзонов.



Филогенетическое дерево, построенное ML-методом по 12фрагментам экзонов.

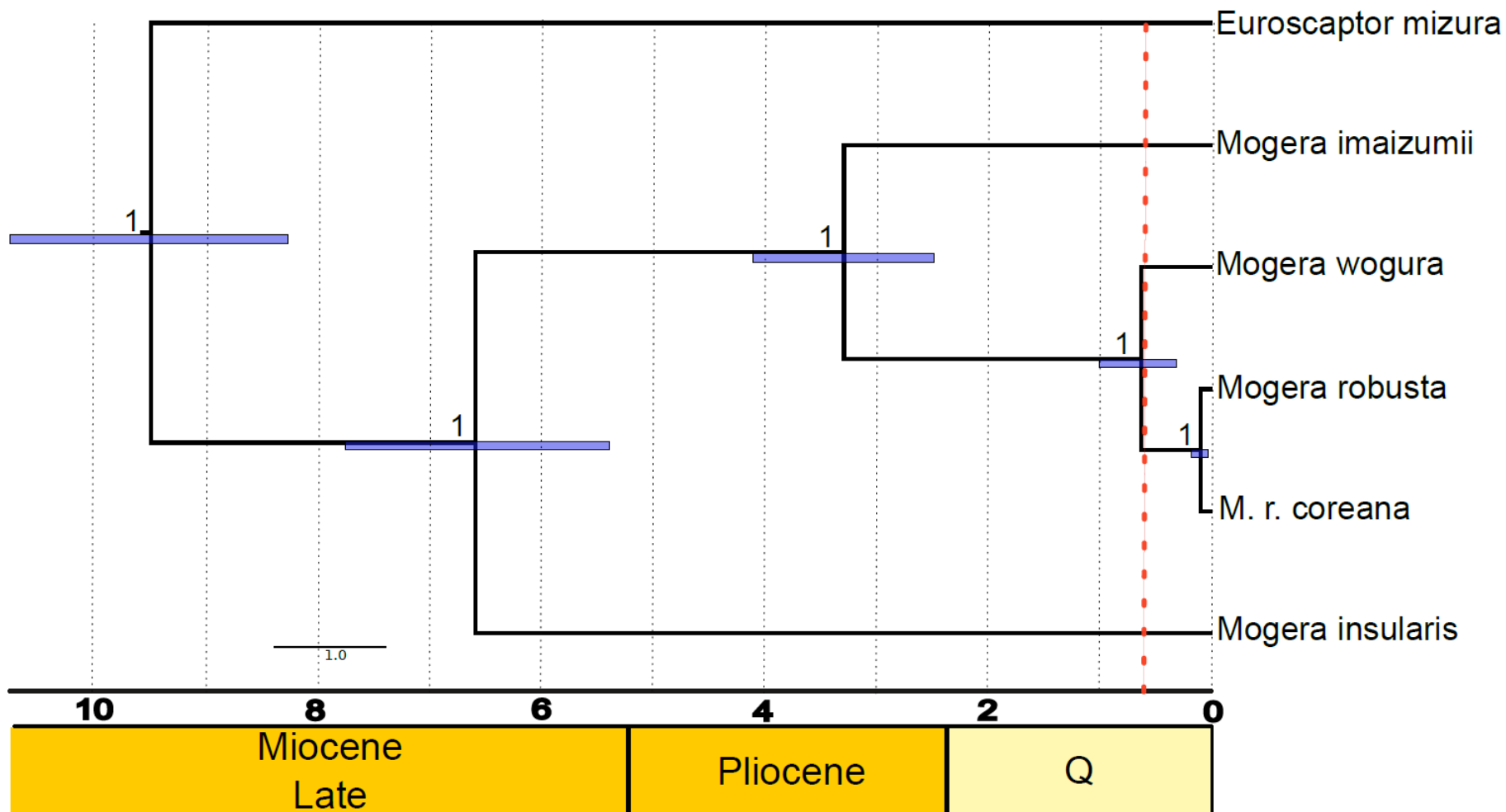
# Филогеография *M. robusta*



Медианная сеть гаплотипов для *M. robusta* по анализу 1140 п.н. *cyt b*.

локалитет	обозначение	Н образцов	гаплотип
Южный Хасан		37	H1, H4, H5, H10, H16
Северный Хасан		11	H4, H5, H11, H15, H17
СВ Приморье		7	H2
Сихотэ-Алинский заповедник		11	H2, H8, H9, H12, H13, H14
Лазовский заповедник		11	H2, H3, H9, H18
Уссурийский заповедник		10	H6, H7, H8, H19
Южная Корея		12	H1, H21-H30
Китай		3	H1, H20

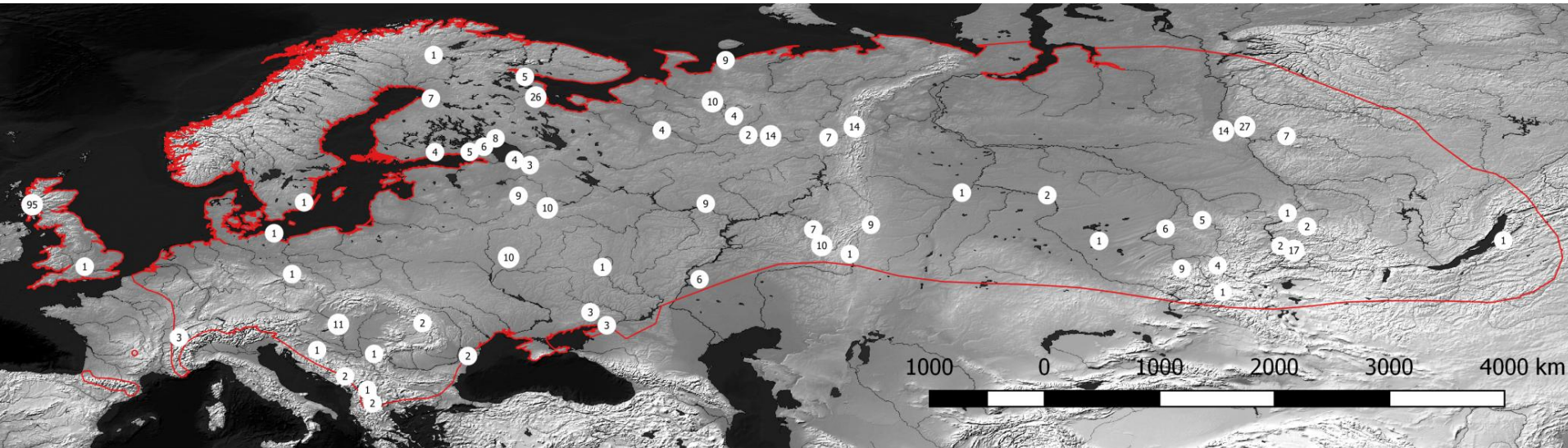




Временная шкала крупных событий дивергенции в роде *Moger​era* на основании конкатенированной последовательности 12 ядерных генов (BEAST).

# Samples size

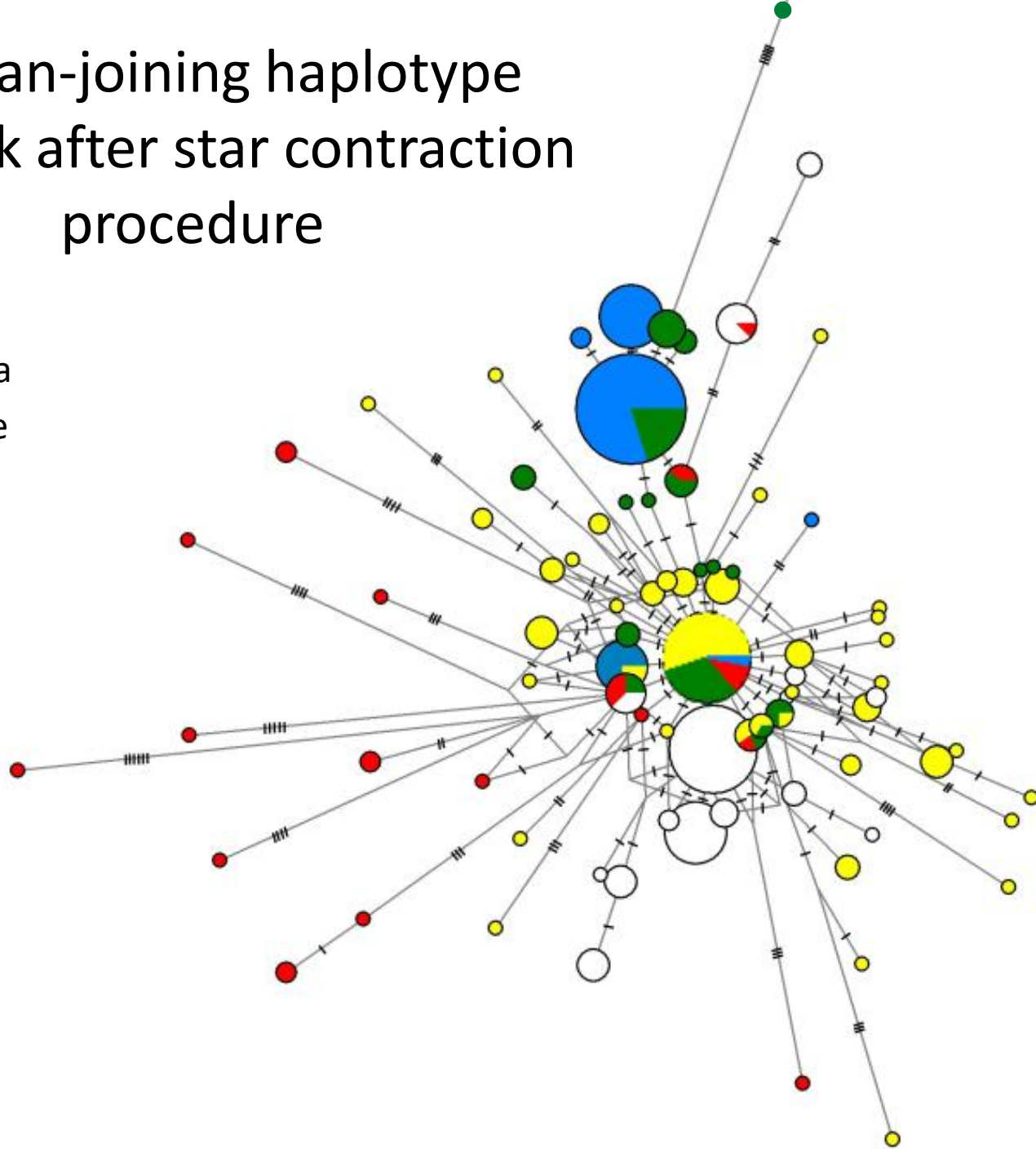
- 108 samples (our own and from Genbank)
- N from 1 to 15



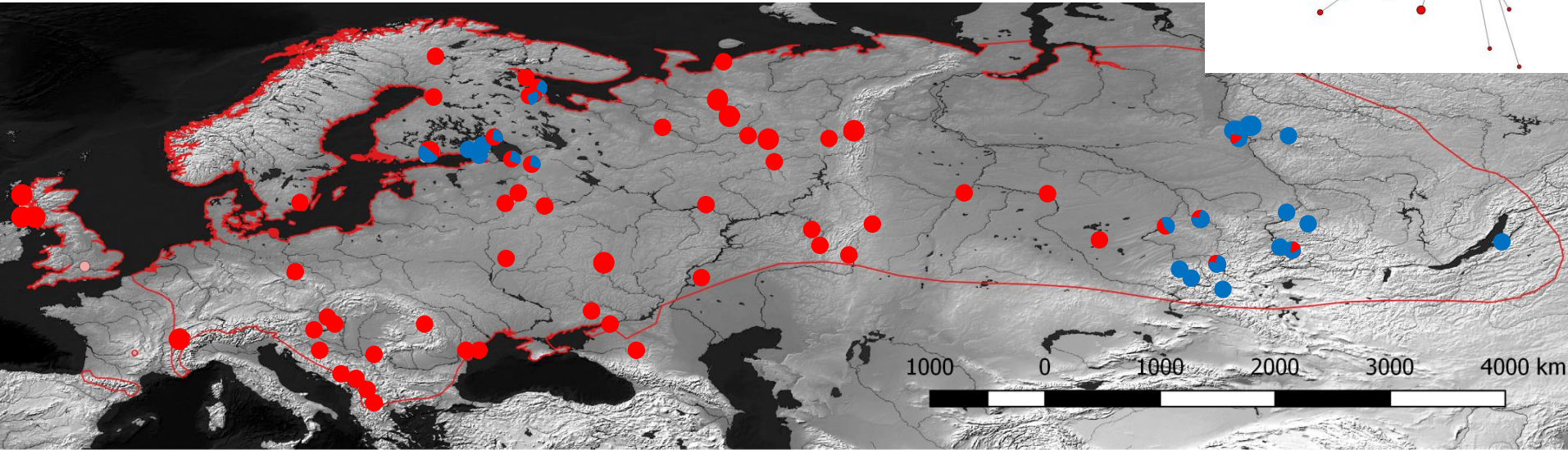
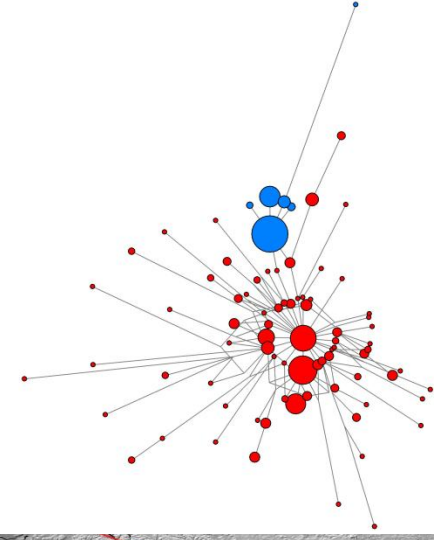
- 421 *Cyt b* sequences (>1000 bp)
- 278 haplotypes

# Median-joining haplotype network after star contraction procedure

- Fennoskandia
- South Europe
- Siberia
- All other

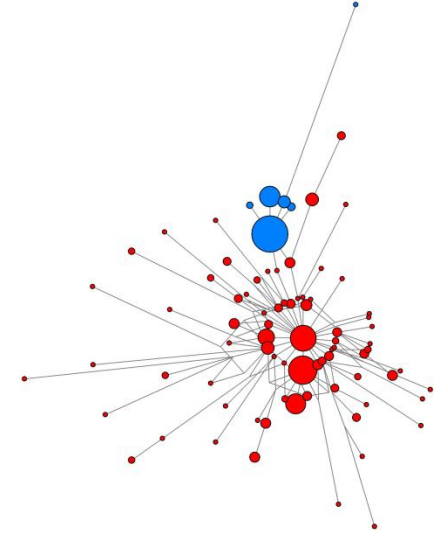
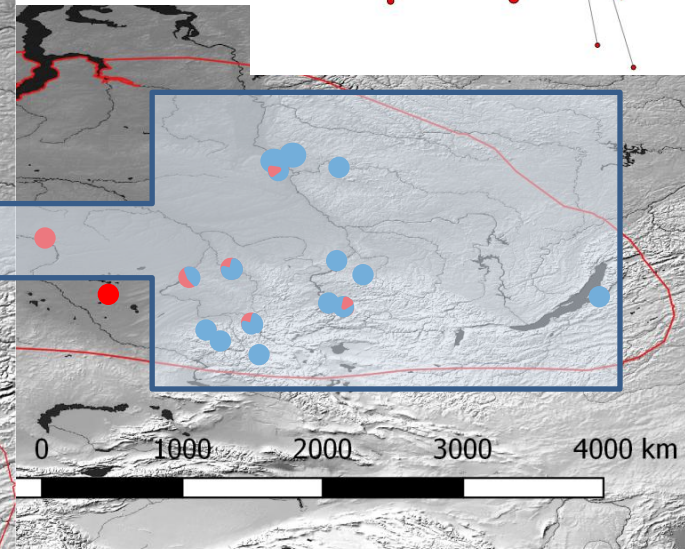
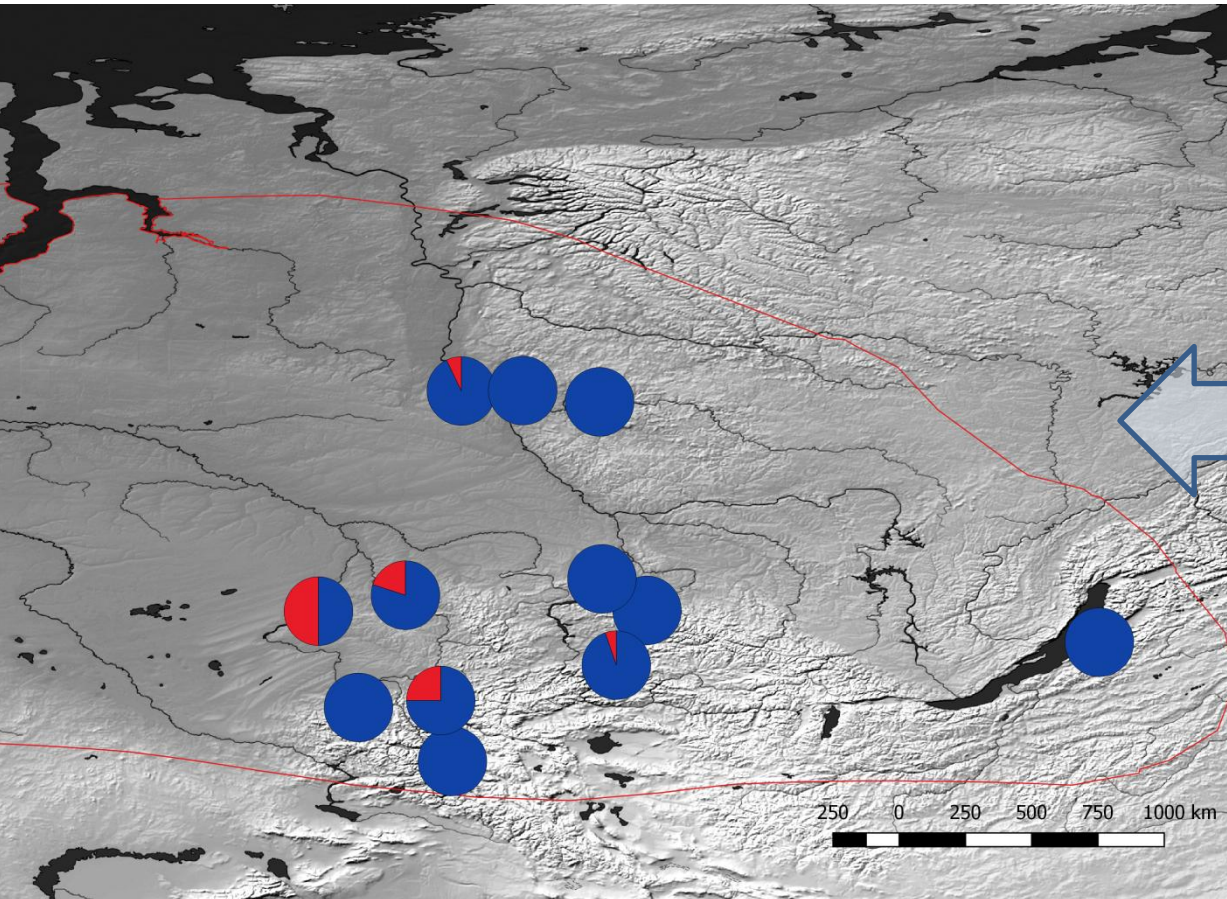


# Haplotype distribution in *Sorex araneus* area

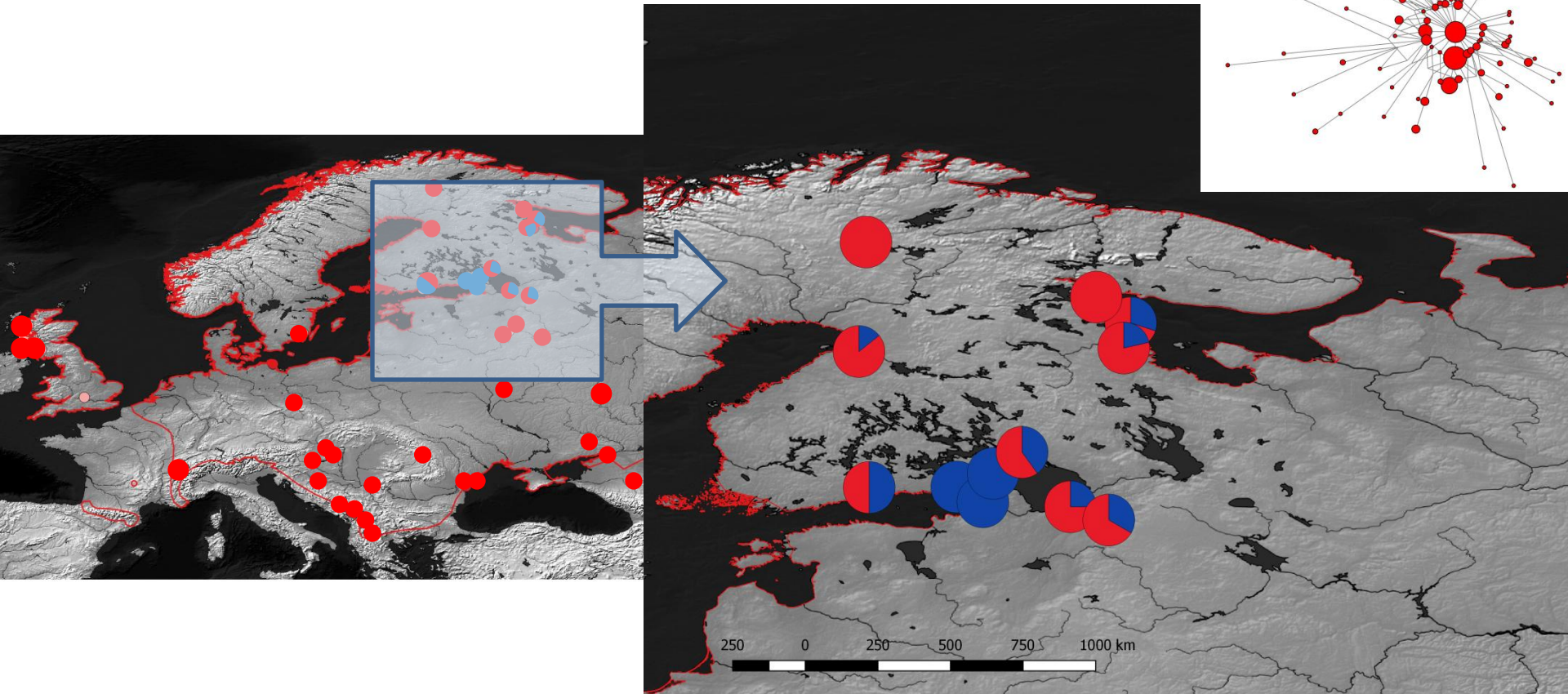




# Haplotype distribution in Siberia

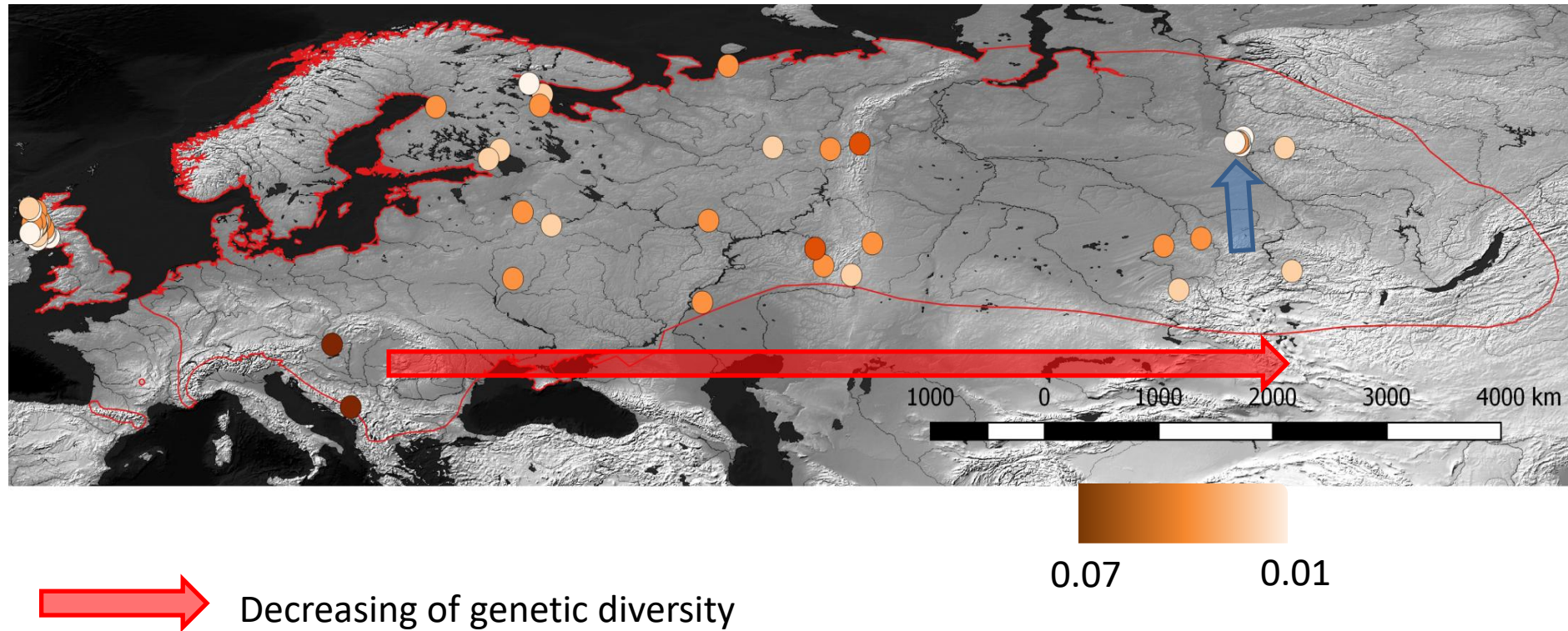


# Haplotype distribution in Fennoscandia

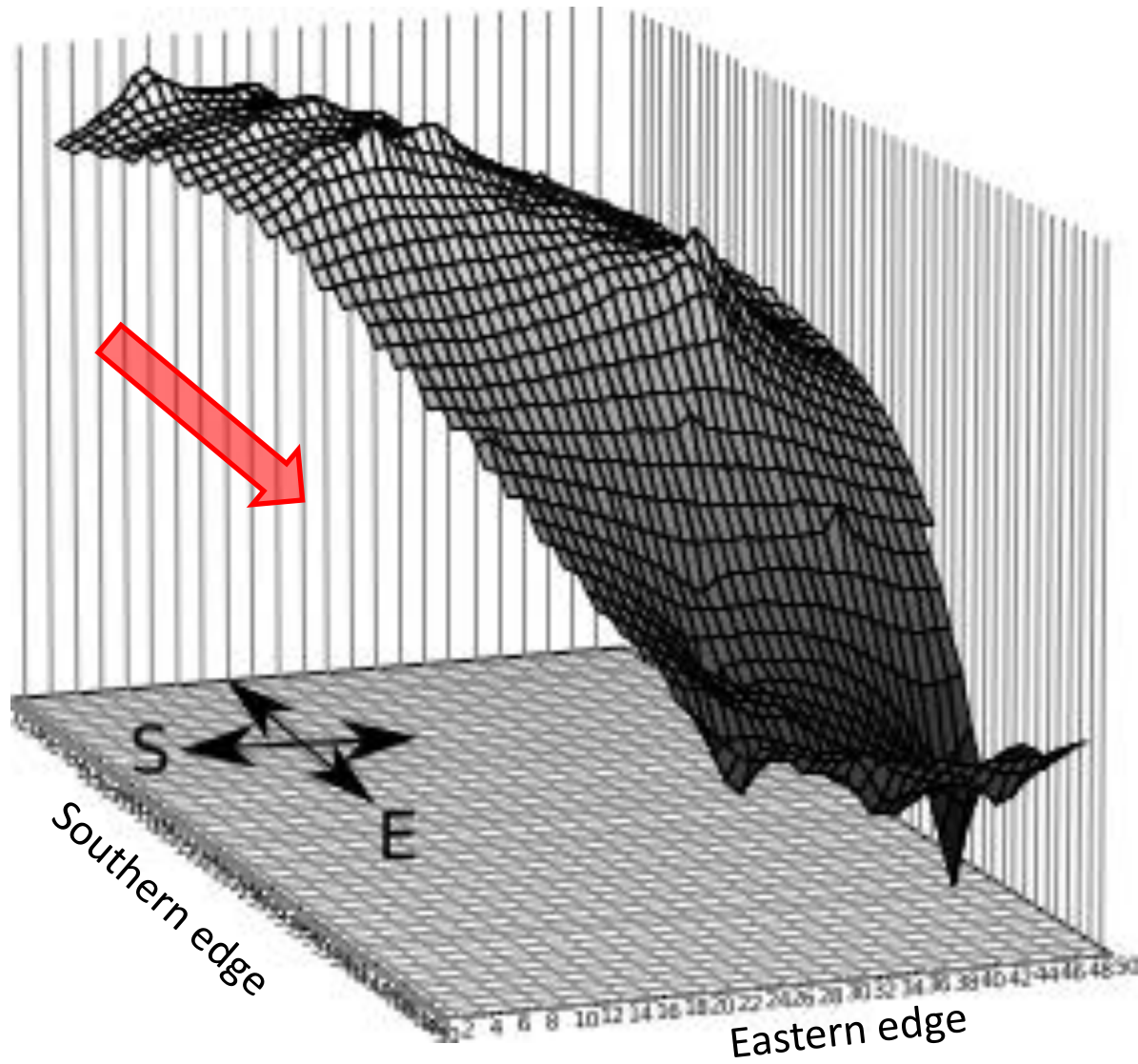




Haplotype diversity decreases from west to east  
(Spearman's rank correlation coefficient,  
 $r = -0.52, p < 0.05$ )



# Genetic landscape shape (GLS) interpolation plot (genetic heterogeneity visualization)



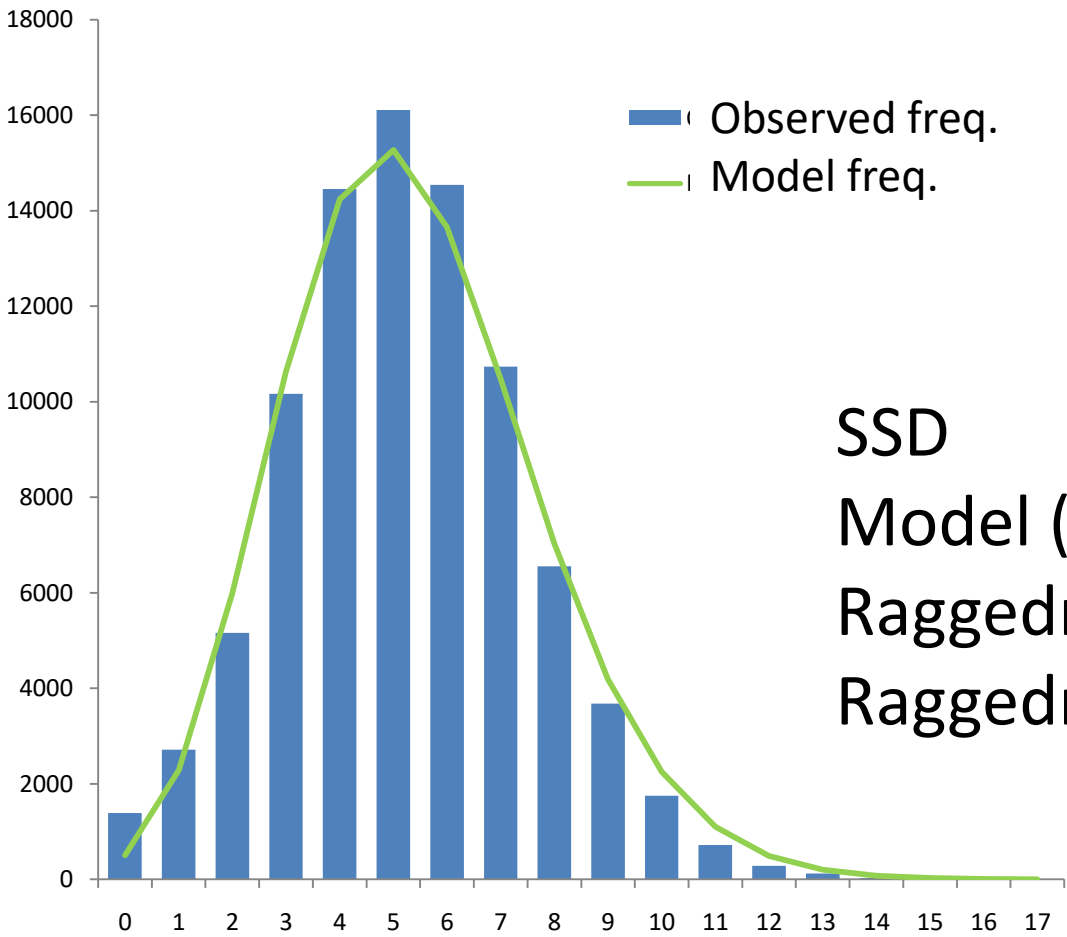
Decreasing of genetic diversity from west to north

# Mismatch distribution and sudden expansion model

Substitution rate  
18,3% per my

Tau (from sudden expansion model) = 5.6

Expansion occurred about **12800 years ago (19300-6200)**

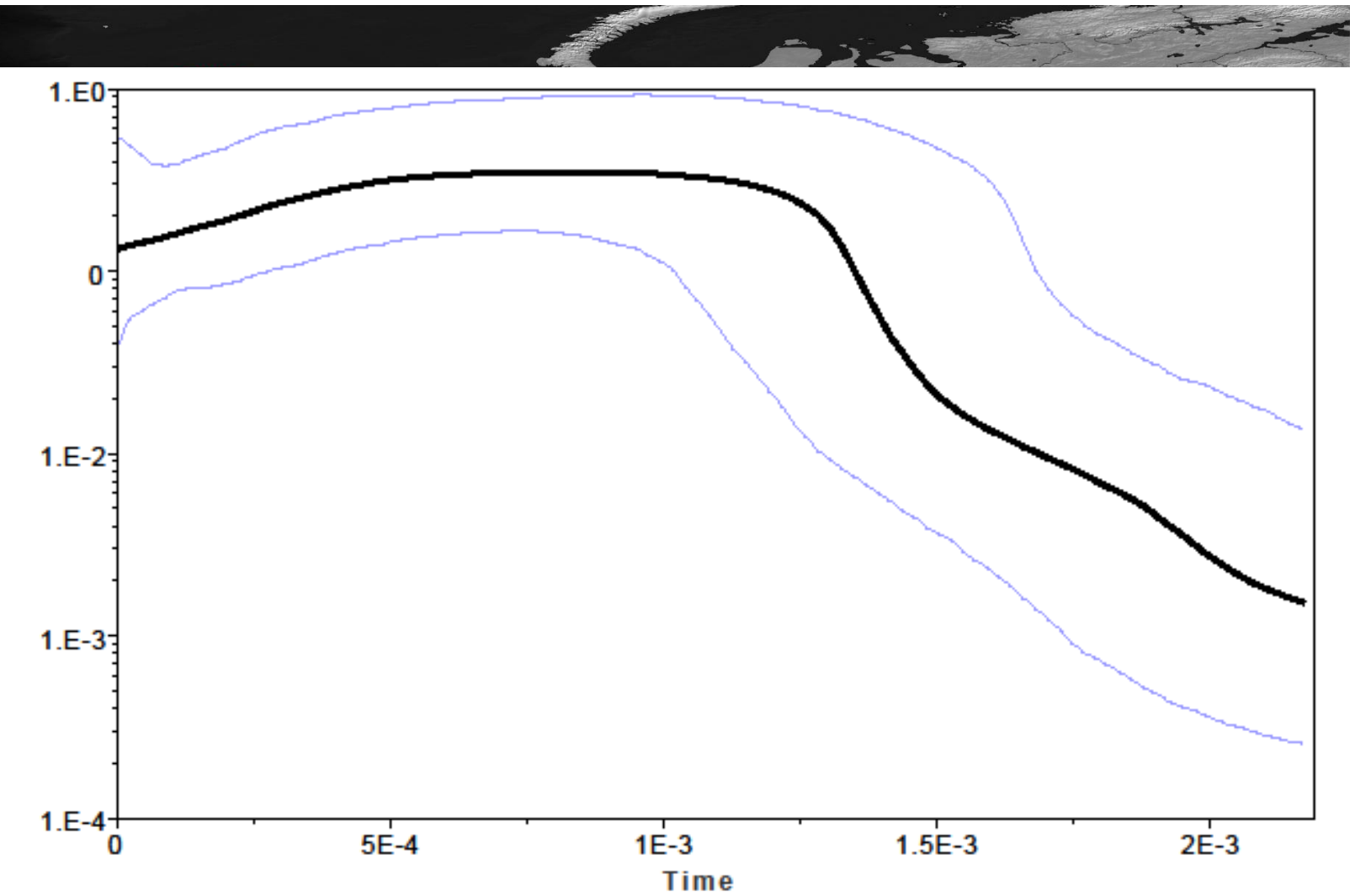
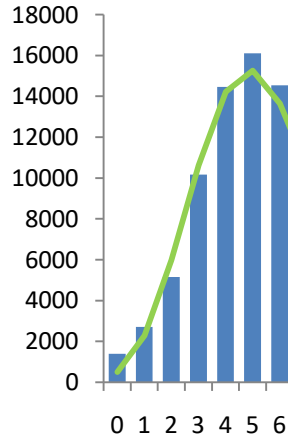


SSD	0.00057
Model (SSD) p-value	0.13000
Raggedness index	0.01300
Raggedness p-value	0.30000

# Bayesian Skyline Plot

Substitution rate  
18,3% per my

Expansion occurred about **11400 – 7600 years ago**

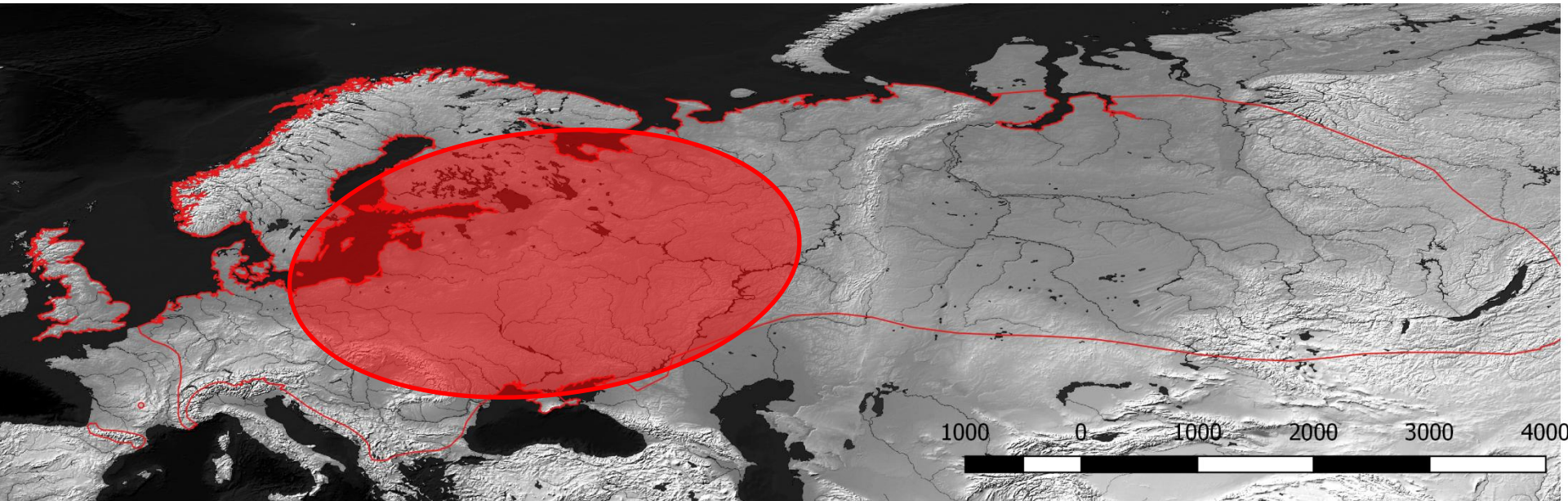




Mismatch distribution and sudden expansion model

Substitution rate  
18,3% per my

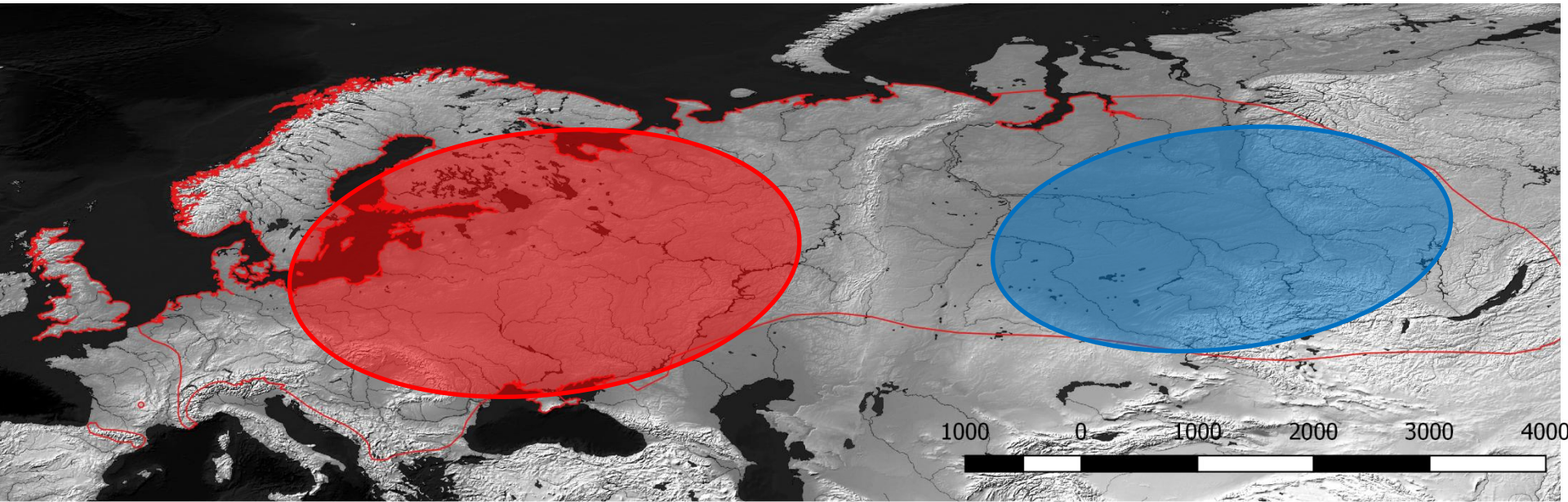
Expansion in Europe occurred about  
**13100 (20800 – 7800) years ago**



Mismatch distribution and sudden expansion model

Substitution rate  
18,3% per my

Expansion in Siberia occurred about  
**8800 (28400 – 1600) years ago**





Bayesian analysis: IMA

Substitution rate  
18,3% per my

Divergence “Siberian” haplotypes  
in Siberia and Fennoscandia occurred **7300 years ago**

