

Marine landscape shapes hybrid zone in a broadcast spawning bivalve: introgression and genetic structure in Canadian west coast *Mytilus*

J. L. Shields¹, J. W. Heath², D. D. Heath^{1,*}

¹Great Lakes Institute for Environmental Research, University of Windsor, 401 Sunset Ave, Windsor, Ontario N9B 3P4, Canada

²Yellow Island Aquaculture Ltd., 1681 Brook Crescent, Campbell River, British Columbia V9W 6K9, Canada

*Corresponding author. Email: dheath@uwindsor.ca

Marine Ecology Progress Series 399: 211–223 (2010)

Supplement 1. *Mytilus* spp. Population microsatellite data summary for *Mytilus* species collected in 2005 and 2006. N: sample size; N_a : number of alleles; H_o : observed heterozygosity; H_e : expected heterozygosity; F: fixation index

Parameter		2005				2006			
		Mgu3	Mgu5	Mgu6	Mgu7	Mgu3	Mgu5	Mgu6	Mgu7
Port Hardy (PH)	N	32	32	32	32	48	48	48	48
	N_a	4	5	12	3	6	4	14	9
	H_o	0.094	0.219	0.344	0.375	0.354	0.563	0.479	0.292
	H_e	0.629	0.371	0.831	0.568	0.771	0.507	0.871	0.594
	F	0.851	0.410	0.586	0.340	0.541	-0.110	0.450	0.509
Sawyard (SA)	N	64	64	64	64	48	48	48	48
	N_a	5	5	17	6	5	5	9	4
	H_o	0.031	0.094	0.563	0.266	0.063	0.292	0.271	0.167
	H_e	0.766	0.241	0.863	0.607	0.698	0.592	0.776	0.639
	F	0.959	0.611	0.348	0.562	0.911	0.507	0.651	0.739
Quadra Island (QI)	N	74	74	74	74	48	48	48	48
	N_a	9	4	14	5	6	6	16	9
	H_o	0.838	0.203	0.419	0.149	0.313	0.271	0.563	0.188
	H_e	0.825	0.550	0.816	0.559	0.788	0.603	0.873	0.679
	F	-0.016	0.632	0.487	0.734	0.603	0.551	0.356	0.724
Union Bay (UB)	N	32	32	32	32	48	48	48	48
	N_a	5	5	11	4	6	5	17	4
	H_o	0.156	0.219	0.219	0.031	0.188	0.188	0.354	0.146
	H_e	0.577	0.371	0.768	0.543	0.769	0.651	0.871	0.138
	F	0.729	0.410	0.715	0.942	0.756	0.712	0.593	-0.055
Gorge Harbour 1 (GH)	N	52	52	52	52	-	-	-	-
	N_a	7	9	19	4	-	-	-	-
	H_o	0.346	0.635	0.596	0.038	-	-	-	-
	H_e	0.764	0.805	0.883	0.146	-	-	-	-
	F	0.547	0.212	0.325	0.736	-	-	-	-
Gorge Harbour 2 (GG)	N	64	64	64	64	-	-	-	-
	N_a	7	5	16	4	-	-	-	-
	H_o	0.484	0.281	0.672	0.141	-	-	-	-
	H_e	0.801	0.566	0.856	0.458	-	-	-	-
	F	0.395	0.503	0.215	0.693	-	-	-	-
Cascade Creek (CC)	N	64	64	64	64	-	-	-	-
	N_a	7	6	13	12	-	-	-	-
	H_o	0.438	0.344	0.375	0.297	-	-	-	-
	H_e	0.758	0.502	0.821	0.797	-	-	-	-
	F	0.423	0.315	0.543	0.628	-	-	-	-
French Creek (FC)	N	64	64	64	64	48	48	48	48
	N_a	5	9	9	8	7	5	13	6
	H_o	0.594	0.547	0.188	0.281	0.604	0.563	0.417	0.229
	H_e	0.671	0.594	0.825	0.588	0.729	0.641	0.865	0.331
	F	0.116	0.079	0.773	0.522	0.172	0.123	0.518	0.307

Supplement 1 (continued)

	Parameter	2005				2006			
		Mgu3	Mgu5	Mgu6	Mgu7	Mgu3	Mgu5	Mgu6	Mgu7
South Vancouver (SV)	N	64	64	64	64	48	48	48	48
	N_a	7	6	22	8	7	7	21	8
	H_o	0.281	0.203	0.438	0.063	0.479	0.271	0.542	0.083
	H_e	0.738	0.387	0.886	0.467	0.791	0.503	0.884	0.674
	F	0.619	0.475	0.506	0.866	0.394	0.461	0.387	0.876
West Vancouver (WV)	N	66	66	66	66	48	48	48	48
	N_a	8	6	17	6	7	5	18	2
	H_o	0.621	0.242	0.394	0.182	0.354	0.417	0.625	0.125
	H_e	0.751	0.595	0.872	0.385	0.693	0.564	0.849	0.249
	F	0.173	0.593	0.548	0.528	0.489	0.261	0.264	0.498
Nanaimo (NA)	N	66	66	66	66	48	48	48	48
	N_a	4	5	10	4	10	6	17	3
	H_o	0.182	0.288	0.227	0.167	0.479	0.292	0.458	0.146
	H_e	0.651	0.612	0.718	0.395	0.844	0.586	0.858	0.512
	F	0.721	0.530	0.683	0.578	0.432	0.503	0.466	0.715
Ladysmith (LS)	N	32	32	32	32	48	48	48	48
	N_a	5	5	12	4	6	5	17	8
	H_o	0.063	0.219	0.281	0.031	0.292	0.271	0.667	0.250
	H_e	0.374	0.371	0.785	0.543	0.742	0.614	0.850	0.408
	F	0.833	0.410	0.642	0.942	0.607	0.559	0.216	0.387
Chemainus (CH)	N	52	52	52	52	48	48	48	48
	N_a	6	9	19	5	6	5	19	8
	H_o	0.231	0.577	0.481	0.115	0.396	0.500	0.438	0.271
	H_e	0.759	0.672	0.871	0.460	0.703	0.628	0.862	0.317
	F	0.696	0.141	0.448	0.749	0.437	0.204	0.492	0.146
Crofton (CR)	N	64	64	64	64	48	48	48	48
	N_a	6	6	17	6	5	4	24	7
	H_o	0.047	0.234	0.484	0.109	0.104	0.333	0.750	0.208
	H_e	0.682	0.599	0.860	0.344	0.606	0.573	0.897	0.348
	F	0.931	0.609	0.437	0.682	0.828	0.418	0.164	0.401
Maple Bay (MB)	N	51	51	51	51	48	48	48	48
	N_a	4	6	7	4	5	6	19	4
	H_o	0.373	0.412	0.157	0.059	0.333	0.479	0.583	0.063
	H_e	0.666	0.398	0.678	0.310	0.682	0.556	0.820	0.539
	F	0.441	-0.035	0.769	0.810	0.511	0.139	0.289	0.884
Moses Point (MP)	N	64	64	64	64	48	48	48	48
	N_a	3	4	14	6	7	4	15	6
	H_o	0.219	0.313	0.172	0.234	0.417	0.188	0.563	0.208
	H_e	0.617	0.482	0.885	0.622	0.786	0.631	0.832	0.388
	F	0.645	0.352	0.806	0.623	0.470	0.703	0.324	0.462
Princess Cove (PC)	N	—	—	—	—	48	48	48	48
	N_a	—	—	—	—	5	6	13	4
	H_o	—	—	—	—	0.229	0.167	0.500	0.042
	H_e	—	—	—	—	0.682	0.390	0.872	0.429
	F	—	—	—	—	0.664	0.573	0.426	0.903
Georgeson Passage (GP)	N	—	—	—	—	48	48	48	48
	N_a	—	—	—	—	4	5	8	5
	H_o	—	—	—	—	0.083	0.042	0.292	0.229
	H_e	—	—	—	—	0.666	0.473	0.712	0.644
	F	—	—	—	—	0.875	0.912	0.590	0.644
Browning Canal (BC)	N	—	—	—	—	48	48	48	48
	N_a	—	—	—	—	5	5	9	4
	H_o	—	—	—	—	0.354	0.250	0.313	0.188
	H_e	—	—	—	—	0.743	0.390	0.777	0.380
	F	—	—	—	—	0.523	0.359	0.598	0.507
Cabbage Island (CI)	N	—	—	—	—	48	48	48	48
	N_a	—	—	—	—	3	3	2	4
	H_o	—	—	—	—	0.313	0.000	0.000	0.083
	H_e	—	—	—	—	0.587	0.403	0.305	0.354
	F	—	—	—	—	0.468	1.000	1.000	0.765

Supplement 2. *Mytilus* spp. Allele frequencies for 4 microsatellite loci in the sampled Vancouver Island *Mytilus* populations for 2005 and 2006. Allele sizes are in base pairs; a dash indicates frequency <0.01. See Table 1 of the main article for names of sampling locations

Locus	Allele	Sampling location															
		PH	SA	QI	UB	FC	NA	SV	WV	GH	GG	CC	LS	CH	CR	MB	MP
2005																	
<i>Mgu3</i>	126	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	0.01	-	-	-	-	-
	128	-	-	-	-	-	-	-	0.02	-	-	-	-	-	-	-	-
	130	-	-	-	-	-	-	-	0.02	-	-	-	-	-	-	-	0.01
	132	-	-	0.02	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	0.03
	134	-	-	-	-	-	0.03	-	-	0.01	0.04	0.01	-	-	-	-	0.15
	136	-	-	-	-	-	0.02	-	-	0.01	0.05	0.09	-	-	-	-	0.18
	138	-	-	0.02	0.03	0.03	0.08	-	0.09	0.08	0.13	0.13	0.03	0.03	-	0.06	0.16
	140	0.08	0.02	0.09	0.14	0.19	0.23	0.23	0.11	0.13	0.12	0.22	0.09	0.16	0.06	0.23	0.24
	142	0.49	0.24	0.45	0.28	0.47	0.18	0.52	0.38	0.26	0.24	0.38	0.78	0.61	0.09	0.31	0.19
	144	0.28	0.39	0.31	0.29	0.27	0.39	0.25	0.30	0.34	0.30	0.16	0.08	0.16	0.45	0.22	0.03
	146	0.14	0.35	0.11	0.24	0.05	0.07	-	0.08	0.18	0.12	-	0.02	0.05	0.39	0.17	-
	148	-	-	-	0.02	-	0.01	-	-	-	-	-	-	-	-	-	0.01
<i>Mgu5</i>	116	-	-	-	-	-	-	-	0.01	-	-	-	0.02	0.02	0.02	-	-
	120	0.02	-	0.02	0.04	0.02	0.02	-	0.02	-	0.04	0.02	-	-	-	0.01	-
	124	0.11	-	0.05	0.04	0.09	0.04	0.03	0.05	0.03	0.04	0.05	0.03	0.03	0.03	0.05	0.14
	128	0.20	-	0.09	0.26	0.15	0.17	0.09	0.05	0.11	0.11	0.13	0.13	0.13	0.13	0.07	0.21
	132	0.57	-	0.58	0.50	0.61	0.59	0.69	0.77	0.13	0.62	0.69	0.78	0.78	0.78	0.87	0.62
	136	0.10	-	0.23	0.07	0.05	0.16	0.19	0.09	0.01	0.20	0.06	0.05	0.05	-	-	-
	140	-	0.03	0.02	0.05	0.02	0.03	-	-	0.02	-	0.05	-	-	-	0.01	0.03
	144	-	-	-	0.02	0.01	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
	148	-	0.02	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
	152	-	0.04	-	-	-	-	-	-	0.11	-	-	-	-	-	-	-
	156	-	0.76	-	-	-	-	-	-	0.32	-	-	-	-	-	-	-
	160	-	0.12	-	0.02	0.02	-	-	-	0.22	-	-	-	-	-	-	-
	164	-	0.03	-	0.01	0.04	-	-	-	0.06	-	-	-	-	-	-	-
<i>Mgu6</i>	142	-	0.01	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	0.02	-	-
	145	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	0.02	-	-
	148	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	0.02	-	-
	160	-	-	-	0.01	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
	172	-	-	-	-	-	-	-	-	-	0.01	-	-	-	-	-	-
	175	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	0.02	-	-
	178	0.01	-	0.02	-	-	-	-	-	0.02	-	-	-	-	-	-	-
	181	-	-	0.02	0.01	-	0.01	-	-	-	-	-	-	-	-	0.02	-
	187	0.05	-	0.01	0.01	0.03	0.02	-	0.02	0.03	-	-	-	-	-	0.01	-
	190	0.02	0.08	0.03	0.04	-	0.02	0.06	0.02	0.05	-	-	0.06	-	0.06	-	0.12
	193	0.32	0.25	0.19	0.07	0.13	0.11	0.19	0.23	0.21	0.22	0.27	0.28	0.31	0.30	0.20	0.14
	196	0.41	0.49	0.25	0.27	0.16	0.22	0.16	0.14	0.13	0.22	0.27	0.34	0.33	0.11	0.22	0.35
	199	0.07	0.08	0.16	0.14	0.19	0.13	0.09	0.13	0.19	0.19	0.13	0.06	0.02	0.19	0.16	0.10
	202	0.06	0.02	0.07	0.13	-	0.12	0.13	0.08	0.07	0.09	0.16	0.03	0.02	0.17	0.09	0.09
	205	0.05	-	0.03	0.06	0.28	0.12	0.03	0.03	0.07	0.05	0.02	0.03	0.02	0.03	0.03	0.03
	208	-	-	-	0.03	-	0.13	-	0.02	0.03	0.02	-	-	-	-	-	-
	211	-	-	-	-	-	-	-	0.03	-	-	-	-	-	-	0.01	-
	214	-	-	0.03	0.04	-	-	0.03	0.02	-	-	0.02	0.02	0.02	0.03	-	-
	217	-	-	-	0.02	-	-	-	-	0.01	-	-	-	-	-	-	-
	220	-	-	-	-	-	-	0.02	-	-	-	0.01	-	-	-	0.02	-
	223	-	-	-	-	-	-	-	-	0.01	-	-	-	-	-	-	-
	235	-	-	-	-	-	-	0.02	-	-	-	-	-	-	0.03	-	-
	241	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	0.02	0.05	-	0.02	-
	244	-	-	-	-	-	-	-	0.03	-	0.05	-	0.06	0.03	-	-	-
	247	-	-	-	-	-	-	0.02	-	-	-	-	0.05	0.05	0.05	0.02	0.01
	250	0.01	0.06	0.04	0.02	-	0.01	0.13	0.05	0.05	-	0.05	0.02	0.14	-	0.02	0.05
	253	-	-	0.05	0.02	0.13	0.05	0.03	0.09	-	-	-	-	-	-	0.02	0.04
	256	-	-	0.02	0.05	-	0.01	0.06	0.01	0.01	0.01	0.05	0.03	0.03	-	0.09	-
	259	-	0.02	-	0.04	-	-	-	0.01	0.04	-	-	-	-	-	-	-
	262	-	-	-	-	-	0.02	-	0.01	0.02	0.02	0.02	-	-	-	0.05	-
	265	0.02	-	-	-	0.06	0.01	-	-	0.03	0.02	-	-	-	-	-	0.01
	268	-	-	0.04	-	-	-	-	0.01	-	0.07	-	-	-	-	-	0.01
	271	-	-	0.02	0.03	-	-	-	0.01	-	0.02	-	-	-	-	-	-
	274	-	-	-	-	-	0.01	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
	292	-	-	-	-	0.02	-	0.02	0.05	0.01	0.01	-	-	-	-	-	-
	295	-	-	-	-	0.02	0.02	-	0.03	0.01	0.01	-	-	-	-	0.02	-
	298	-	-	0.03	0.02	-	0.01	0.03	0.01	-	-	-	-	-	0.02	0.01	-

Supplement 2 (continued)

Supplement 2 (continued)

Locus	Allele	Sampling location																
		PH	SA	QI	UB	FC	NA	SV	WV	GH	GG	CC	LS	CH	CR	MB	MP	CI
	235	0.06	—	—	0.16	0.02	—	—	—	—	—	—	—	—	—	—	—	—
	238	0.02	—	0.02	0.07	0.03	—	—	—	—	—	—	—	—	—	—	—	—
	241	—	—	0.01	0.03	—	—	—	—	—	—	—	—	—	—	—	—	—
	244	—	0.02	0.01	—	—	—	—	—	—	—	0.02	—	—	—	—	—	—
	247	—	0.01	—	—	—	—	—	0.03	—	0.01	—	—	—	—	—	—	—
	250	—	0.01	0.05	—	0.01	0.11	0.04	0.03	0.02	0.01	0.10	—	0.01	—	0.04	—	—
	253	—	0.03	—	—	—	—	0.01	0.02	0.03	0.02	0.03	0.01	0.01	0.02	—	—	—
	256	—	0.01	—	0.01	—	0.02	—	0.04	0.05	0.03	0.02	—	0.03	—	—	—	—
	259	—	—	—	0.02	—	0.03	—	—	0.05	0.02	0.10	—	0.01	—	—	—	—
	262	—	—	0.03	—	—	0.01	0.01	—	0.03	0.02	—	—	0.09	0.02	0.01	0.01	—
	265	—	—	0.03	—	—	0.02	0.01	0.06	0.01	0.11	0.02	0.06	—	0.08	—	—	—
	268	—	—	0.04	0.01	—	0.03	0.01	0.06	0.02	0.03	0.01	—	0.03	0.10	—	—	—
	271	—	—	0.01	0.01	—	0.01	0.03	0.02	—	0.05	0.01	0.06	0.07	—	—	—	—
	274	—	—	0.02	0.01	—	—	—	—	0.01	—	—	—	—	—	—	—	—
	277	—	—	0.01	—	—	—	—	—	—	—	—	—	—	—	—	—	—
	283	—	—	—	0.01	—	—	—	—	—	—	—	—	—	—	—	—	—
	286	—	—	—	—	—	—	—	—	0.01	—	—	—	—	—	—	—	—
	289	—	0.01	—	—	—	0.02	—	0.01	—	—	—	—	—	—	—	—	—
	292	—	—	0.01	—	—	0.02	—	—	—	—	—	—	0.02	—	—	—	—
	295	—	—	—	—	—	0.01	—	0.03	0.01	0.01	—	—	—	0.08	—	—	—
	298	—	—	0.02	—	—	0.01	0.01	0.01	0.06	0.01	0.06	—	—	—	—	—	—
<i>Mgu7</i>	114	—	—	—	—	—	—	—	0.04	—	—	—	—	—	—	—	—	—
	120	—	—	—	—	—	—	—	0.02	—	—	—	—	—	—	—	—	—
	144	—	—	—	—	—	—	—	—	—	—	—	—	0.01	—	0.06	—	—
	146	—	—	0.01	0.02	0.02	—	—	0.08	0.03	0.01	0.08	—	0.10	—	—	0.01	—
	148	—	—	—	—	—	—	—	—	—	—	0.01	—	—	—	—	—	—
	156	—	—	—	0.04	—	—	—	—	—	—	—	—	—	—	—	—	—
	158	—	—	—	0.01	—	—	—	—	0.01	0.02	0.03	—	0.01	0.19	—	—	—
	160	—	—	0.02	0.02	0.06	—	0.02	0.48	0.01	—	—	0.46	—	—	—	—	0.13
	162	0.24	0.30	0.80	0.82	0.81	0.85	0.77	0.29	0.76	0.93	0.61	0.35	0.51	0.73	0.48	0.77	0.79
	164	0.65	0.60	0.05	0.03	0.01	—	0.09	0.04	0.09	—	0.09	0.16	0.18	0.06	0.33	0.14	—
	166	—	0.03	0.05	0.04	0.03	0.15	0.09	0.02	0.05	—	0.09	0.03	0.13	0.02	0.10	0.08	0.04
	168	0.11	0.06	0.05	0.01	0.06	—	0.01	0.02	0.03	0.04	0.02	—	0.04	—	0.02	—	0.04
	170	—	—	0.01	—	—	—	—	—	—	—	0.04	—	0.01	—	—	—	—
	172	—	—	—	—	—	—	0.01	—	—	—	—	—	—	—	—	—	—
	176	—	—	—	—	—	—	—	—	0.01	—	0.01	—	—	—	—	—	—
	178	—	—	—	—	—	—	—	—	—	—	—	—	0.01	—	—	—	—

Supplement 3. *Mytilus* spp. Pairwise F_{ST} values between populations of *Mytilus* based on 4 microsatellite loci. 2005 above diagonal, 2006 below diagonal. Bold italics indicate F_{ST} values not significantly different from zero ($p > 0.05$) after Bonferroni correction. See Table 1 of the main article for names of sampling locations

	PH	SA	NA	FC	WV	SV	UB	QI	GH	GG	CC	MB	CR	CH	MP	LS	
PH		0.198	0.017	0.156	0.047	0.057	0.168	0.184	0.112	0.096	0.100	0.061	0.081	0.101	0.151	0.056	PH
SA	0.061		0.201	0.280	0.240	0.265	0.347	0.329	0.353	0.326	0.269	0.271	0.251	0.084	0.306	0.245	SA
NA	0.155	0.162		0.154	0.045	0.053	0.178	0.193	0.145	0.127	0.097	0.065	0.096	0.083	0.158	0.057	NA
FC	0.174	0.175	0.032		0.135	0.130	0.160	0.145	0.198	0.175	0.136	0.146	0.150	0.207	0.130	0.087	FC
WV	0.169	0.176	0.065	0.031		0.028	0.098	0.110	0.083	0.070	0.082	0.039	0.061	0.115	0.094	0.041	WV
SV	0.155	0.148	0.041	0.013	0.013		0.062	0.086	0.047	0.028	0.078	0.028	0.057	0.153	0.066	0.024	SV
UB	0.181	0.198	0.144	0.105	0.107	0.087		0.026	0.065	0.041	0.095	0.079	0.102	0.260	0.011	0.080	UB
QI	0.183	0.175	0.055	0.032	0.021	0.024	0.147		0.122	0.088	0.104	0.106	0.099	0.248	0.009	0.101	QI
MB	0.138	0.138	0.022	0.008	0.018	0.005	0.098	0.016		0.001	0.164	0.081	0.097	0.254	0.089	0.074	GH
CR	0.205	0.195	0.054	0.018	0.029	0.015	0.118	0.041	0.017		0.120	0.053	0.073	0.229	0.061	0.053	GG
CH	0.117	0.121	0.043	0.062	0.044	0.051	0.139	0.029	0.030	0.073		0.043	0.098	0.157	0.078	0.076	CC
MP	0.144	0.133	0.113	0.096	0.089	0.075	0.052	0.101	0.080	0.117	0.088		0.047	0.159	0.081	0.027	MB
LS	0.127	0.134	0.063	0.042	0.059	0.025	0.056	0.078	0.032	0.044	0.068	0.074		0.150	0.080	0.040	CR
PC	0.167	0.168	0.081	0.076	0.053	0.072	0.174	0.028	0.050	0.082	0.025	0.105	0.110		0.223	0.141	CH
GP	0.111	0.132	0.140	0.122	0.085	0.095	0.154	0.087	0.077	0.133	0.072	0.115	0.106	0.076		0.073	MP
CI	0.160	0.176	0.088	0.090	0.037	0.068	0.185	0.040	0.057	0.097	0.025	0.126	0.116	0.032	0.070		LS
BC	0.307	0.343	0.281	0.261	0.202	0.243	0.304	0.220	0.235	0.264	0.210	0.272	0.275	0.212	0.228	0.208	

Supplement 4. Average summer (May to June) surface currents for southern Strait of Georgia. Adapted with permission from M. Foreman, Institute for Ocean Studies, Sydney, BC, Canada. See Table 1 of the main article for names of sampling locations

