

ПРИЛОЖЕНИЕ

к статье М.А. Дук, В.А. Станина, А.А. Канапина, А.А. Самсоновой, Т.А. Рожминой, М.Г. Самсоновой
 «Транспозоны льна: роль в генетическом разнообразии, окультуривании и детерминации
 хозяйствственно ценных признаков»

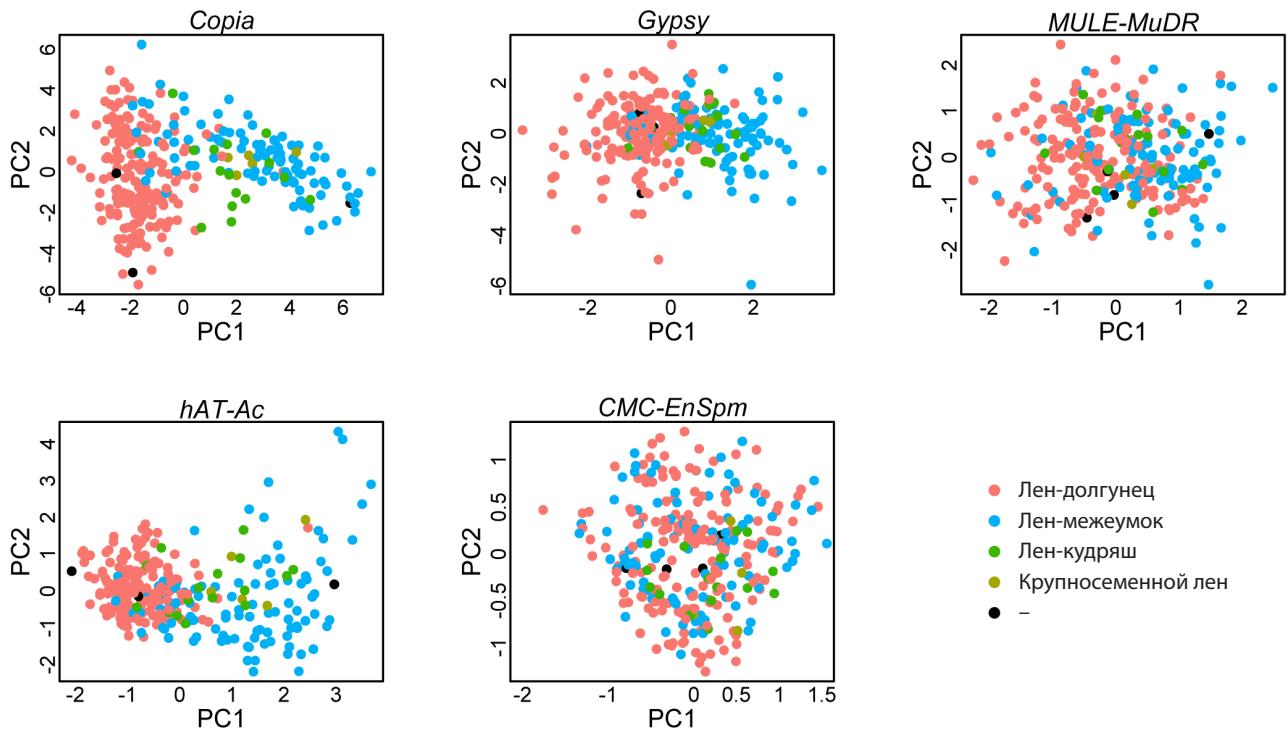


Рис. S1. Графики первых двух главных компонент для инсерций ТЕ суперсемейств *Copia*, *Gypsy*, *MULE-MuDR*, *CMC-EnSpm* и семейства *hAT-Ac*.

Образцы раскрашены по морфотипу.

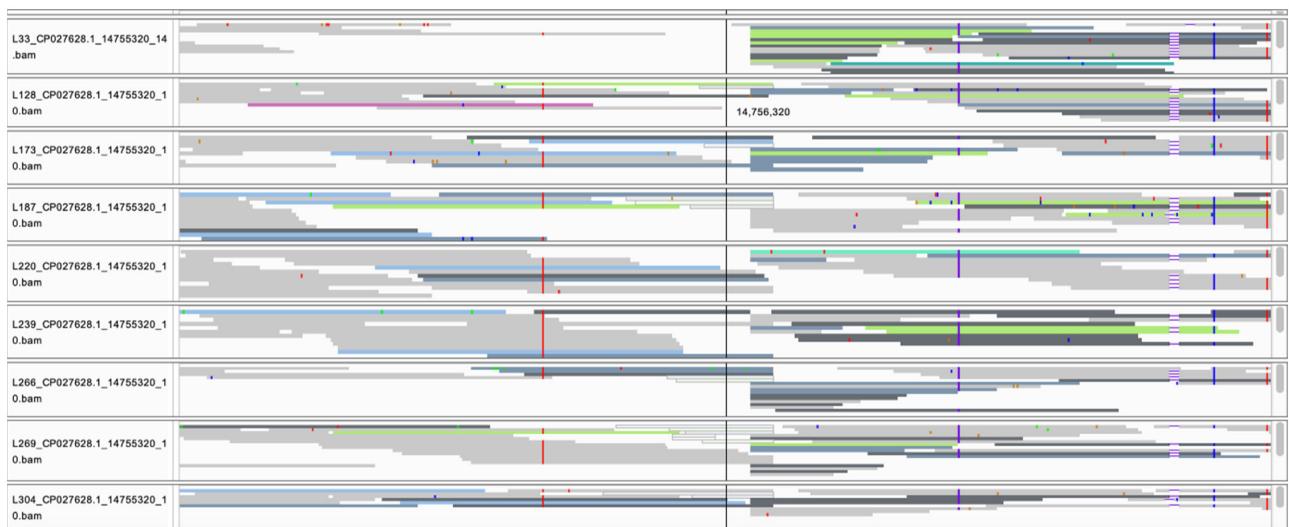


Рис. S2. Подтверждение вставки транспозона *hAT-Ac* в позиции 14756320 Chr4_.

Результат показан для девяти образцов. Штриховая вертикальная линия обозначает место вставки.



Рис. S3. Подтверждение вставки транспозона *Copia* в позиции 3391752 Chr13.
Результат показан для шести образцов. Вертикальная линия обозначает место вставки.

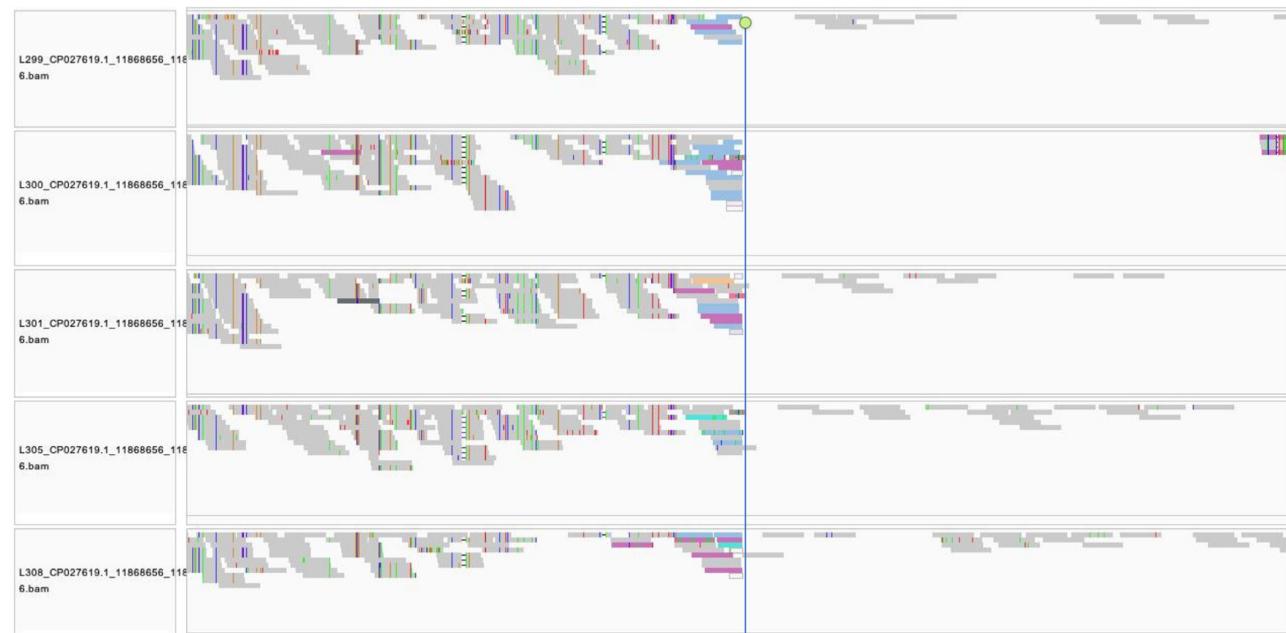


Рис. S4. Подтверждение вставки транспозона *hAT-Tag1* в позиции 11870656 Chr1.
Результат показан для пяти образцов. Вертикальная линия обозначает место вставки.

Таблица S1. Доля транспозонов, расположенных на разном расстоянии относительно известных генов

Суперсемейство	2000 п. н. перед геном	Экзон	Инtron	2000 п. н. после гена	Далеко от генов	Всего в коллекции
Все TE	0.12	0.026	0.063	0.12	0.67	588 480
<i>Copia</i>	0.1	0.038	0.088	0.09	0.68	241 412
<i>Gypsy</i>	0.054	0.0035	0.029	0.059	0.85	85 774
<i>MULE-MuDR</i>	0.17	0.018	0.043	0.17	0.6	36 253
<i>hAT-Ac</i>	0.18	0.035	0.055	0.25	0.48	20 475
DNA (неуточненной классификации)	0.25	0.0028	0.056	0.29	0.4	14 945
<i>L1</i>	0.22	0.015	0.046	0.21	0.51	5724
<i>CMC-EnSpm</i>	0.1	0.00038	0.003	0.16	0.74	5216
<i>hAT-Tag1</i>	0.25	0.013	0.1	0.2	0.43	4758
<i>L2</i>	0.096	0.0053	0.027	0.34	0.53	401
<i>Satellite</i>	0.016	0	0.0054	0.07	0.91	264
rRNA	0.15	0.011	0.045	0.51	0.28	217
<i>Helitron</i>	0.57	0.14	0	0	0.29	34
<i>hAT-Tip100</i>	0	0	0	0.21	0.79	22
Неклассифицированные	0.15	0.027	0.058	0.17	0.6	172 984

Таблица S2. Список транспозонов, которыми обогащены клады I–III
(обогащенными в кладе считали TE, частота появления которых в одной из клад
более чем в два раза превышала частоты появления в каждой из двух других клад)

Идентификатор последовательности TE	Суперсемейство	Число сайтов инсерции	Доля вставок на один образец			Характерен для клады
			Клада I	Клада II	Клада III	
LU_v2-B-R24968-Map6	<i>Helitron</i>	26	0.22	0.068	0.033	Клада I
LU_v2-B-R5502-Map4	<i>Gypsy</i>	16	0.12	0.023	0.04	Клада I
LU_v2-B-R19931-Map3	<i>Copia</i>	17	0.13	0.034	0.033	Клада I
LU_v2-B-G1344-Map3	<i>Copia</i>	33	0.22	0.057	0.087	Клада I
LU_v2-B-R3227-Map20	<i>Copia</i>	21	0.13	0.034	0.06	Клада I
LU_v2-B-R5856-Map20	<i>Gypsy</i>	39	0.25	0.068	0.11	Клада I
LU_v2-B-R2691-Map3_reversed	<i>Copia</i>	58	0.37	0.18	0.11	Клада I
LU_v2-B-R17883-Map3_reversed	<i>Copia</i>	19	0.12	0.057	0.04	Клада I
LU_v2-B-R3765-Map4	<i>hAT-Ac</i>	29	0.18	0.08	0.067	Клада I
LU_v2-B-G1822-Map20	DNA (неуточненной классификации)	87	0.49	0.24	0.22	Клада I
LU_v2-B-R3265-Map5_reversed	<i>Copia</i>	72	0.16	0.4	0.17	Клада II
LU_v2-B-R3814-Map20	<i>Copia</i>	17	0.044	0.091	0.04	Клада II
LU_v2-B-G3342-Map7_reversed	<i>Copia</i>	21	0.015	0.011	0.13	Клада III
LU_v2-B-R3762-Map5	<i>Copia</i>	54	0.13	0.034	0.28	Клада III
LU_v2-B-R3967-Map17	<i>Copia</i>	73	0.16	0.12	0.34	Клада III

Таблица S3. Районы генома льна со следами селекции у групп образцов

Положение участка	Уменьшение разнообразия*	QTL**
Chr13:16200001-16400000	Д/М, М/С	
Chr4:16600001-16800000	М/Д, М/С	
Chr1:28600001-28800000	Д/К, Д/С	
Chr12:1000001-1200000	Д/К, Д/С	uq.C12-1 (PLH), uq.C12-1 (TL), QIOD-Lu12.3 (IOD), QLIN-Lu12.3 (LIN), QLIO-Lu12.3 (LIO)
Chr6:17400001-17600000	К/Д, С/Д	
Chr7:3800001-4000000	К/Д, К/С	QPM-crc-LG7 (PM), QPAL-Lu7.3 (PAL)
Chr4:9800001-10000000	Д/С, М/С	
Chr9:21000001-21200000	Д/С, К/С	
Chr15:13400001-13600000	Д/С, К/С	
Chr2:24800001-25000000	Д/М	
Chr5:3200001-3400000		
Chr6:13800001-14000000		QOIL-Lu6.4 (OIL)
Chr8:2800001-3000000		
Chr10:200001-400000		
Chr11:6400001-6600000		
Chr8:16800001-17000000	М/Д	
Chr14:18800001-19000000		
Chr3:17600001-17800000	Д/К	Lu3-25559600 (MC)
Chr8:21600001-21800000		QOLE-Lu8.1 (OLE)
Chr9:4600001-4800000		
Chr9:20400001-20600000		QSTE-Lu9.2 (STE)
Chr12:2400001-2600000		QIOD-Lu12.3 (IOD), QLIN-Lu12.3 (LIN), QLIO-Lu12.3 (LIO)
Chr13:5000001-5200000		
Chr13:5400001-5600000		
Chr14:1200001-1400000		
Chr1:400001-600000	К/Д	
Chr6:3400001-3600000		
Chr6:15800001-16000000		
Chr9:19600001-19800000		
Chr15:10000001-10200000		
Chr2:1200001-1400000	Д/С	
Chr6:13600001-13800000		Lu2564 (LDG), QOIL-Lu6.4 (OIL)
Chr8:22000001-22200000		QOLE-Lu8.1 (OLE)
Chr9:21200001-21400000		
Chr11:1400001-1600000		
Chr12:400001-600000		QIOD-Lu12.3 (IOD), QLIN-Lu12.3 (LIN), QLIO-Lu12.3 (LIO)
Chr13:4400001-4600000		
Chr14:4200001-4400000		
Chr14:17800001-18000000		
Chr14:18600001-18800000		
Chr1:1-200000	С/Д	

Окончание табл. S3

Положение участка	Уменьшение разнообразия*	QTL**
Chr2:21800001-22000000	K/C	scaffold43-1111162 (TSW), QOIL-Lu2.1 (OIL)
Chr4:11600001-11800000		
Chr6:17000001-17200000		
Chr10:1-200000		
Chr11:15800001-16000000		
Chr12:20600001-20800000		
Chr3:6000001-6200000	C/K	QLio-LG3.1 (LIO), QLin-LG3.1 (LIN), Marker4371 (PLH), scaffold156-761294 (FN)
Chr5:4200001-4400000		
Chr11:5200001-5400000		
Chr1:8800001-9000000	M/C	
Chr3:24400001-24600000		
Chr4:12400001-12600000		
Chr8:5600001-5800000		
Chr8:22400001-22600000		scaffold635-43971 (NB), QOLE-Lu8.1 (OLE)
Chr12:2600001-2800000		QIOD-Lu12.3 (IOD), QLIN-Lu12.3 (LIN), QLIO-Lu12.3 (LIO)
Chr13:5800001-6000000		
Chr14:13600001-13800000		
Chr1:6600001-6800000	C/M	
Chr7:3400001-3600000		QPAL-Lu7.3 (PAL)
Chr7:16200001-16400000		QIOD-Lu7.2 (IOD), QLIN-Lu7.2 (LIN), QLIO-Lu7.2 (LIO)

* Д/М – уменьшение разнообразия у льна-долгунца в сравнении с масличным льном; М/Д – уменьшение разнообразия у масличного льна в сравнении со льном-долгунцом; Д/С, М/С – уменьшение разнообразия у культурных сортов в сравнении со староместными сортами у льна-долгунца и масличного льна соответственно; С/Д, С/М – уменьшение разнообразия у староместных сортов в сравнении с культурными сортами у льна-долгунца и у масличного льна соответственно; Д/К – уменьшение разнообразия у культурных сортов льна-долгунца в сравнении с кряжами; К/Д – уменьшение разнообразия у кряжей в сравнении с культурными сортами льна-долгунца; К/С – уменьшение разнообразия у кряжей в сравнении со староместными сортами льна-долгунца; С/К – уменьшение разнообразия у староместных сортов льна-долгунца в сравнении с кряжами.

** QTL, опубликованные в (You, Cloutier, 2020). PLH – высота растения; TL – техническая длина стебля; IOD – содержание йода; LIN – содержание линоленовой кислоты; LIO – содержание линоловой кислоты; PM – заболеваемость мучнистой росой; PAL – содержание пальмитиновой кислоты; OIL – содержание масла; MC – содержание семенной слизи; OLE – содержание олеиновой кислоты; STE – содержание стеариновой кислоты; LDG – формирование корня; TSW – вес 1000 семян; FN – число семенных коробочек; NB – количество ветвей.

Таблица S4. Инсерции TE, ассоциированные с фенотипическими признаками, измеренными в 2019, 2020 (два измерения) и 2021 гг.

Сайт инсерции TE (суперсемейство)	Модель (<i>p</i> -value)	Признак, год (эффект)	Место вставки*	Ближайший ген (ортолог)	Аннотация (QTL)
Chr1_3002494 (<i>Copia</i>)	FarmCPU (3.6e-07), Blink (1.2e-10), SUPER (5.2e-07), GLM (7.3e-07)	Oil, 2019 (+)	Инtron	<i>Lus10042426</i> (<i>AT5G10770.1</i>)	Белок семейства эукариотических аспартилпротеаз
Chr1_10250548 (-)	SUPER (3.2e-07), GLM (4.4e-07)	EFL, 2020(1) (-)	Инtron	<i>Lus10022657</i> (<i>AT3G04380.1</i>)	Белок семейства лизинметил-транс- фераз, содержащий SET-домен
	SUPER (4.2e-07), GLM (5.6e-07)	TL, 2020(1) (-)			
Chr1_11870656 (<i>hAT-Tag1</i>)	SUPER (5.2e-07), GLM (6.5e-07)	TL, 2020(1) (-)	Инtron	<i>Lus10009386</i> (<i>AT1G08230.2</i>)	Белок семейства трансмембранных переносчиков аминокислот
	SUPER (4.4e-07), GLM (5.0e-07)	TL, 2020(2) (-)			
	SUPER (7.4e-07), GLM (8.2e-07)	NI, 2020(1) (-)			
Chr1_13735350 (<i>MULE-MuDR</i>)	GLM (6.4e-07), Blink (1.7e-08)	PH, 2020(2) (-)			Белок суперсемейства повторов ARM
	SUPER (3.3e-08), GLM (4.3e-08)	TL, 2020(2) (-)	Инtron	<i>Lus10008435</i> (<i>AT5G37290.1</i>)	
Chr1_20792291 (-)	FarmCPU (1.0e-07)	TW, 2019 (-)	Инtron	<i>Lus10015841</i> (<i>AT3G62870.1</i>)	Рибосомный белок семейства L7Ae/L30e/S12e/Gadd45
Chr1_28316405 (<i>hAT-Ac</i>)	FarmCPU (1.5e-07)	Tswgt, 2020(1) (+)	1309 us	<i>Lus10018915</i> (<i>AT1G71890.1</i>)	Главный белок-посредник суперсемейства
Chr2_2089015 (<i>Copia</i>)	FarmCPU (1.8e-08)	Tswgt, 2021 (+)	Экзон	<i>Lus10016394</i> (<i>AT3G08030.1</i>)	Белок с неизвестной функцией, DUF642
Chr2_5913484 (<i>MULE-MuDR</i>)	FarmCPU (7.6e-09)	FW, 2019 (+)	6051 us	<i>Lus10038050</i> (<i>AT2G47000.1</i>)	Подсемейство В4 АТФ-связывающей кассеты
Chr3_522289 (<i>Copia</i>)	Blink (3.3e-09), SUPER (6.7e-07), GLM (8.5e-07)	TW, 2020(2) (+)	1318 us	<i>Lus10013432</i> (<i>AT5G23130.1</i>)	Белок, связывающий пептидогликан и содержащий домен LysM
Chr3_15688558 (<i>Gypsy</i>)	Blink (3.4e-09)	STI, 2020(1) (+)	17020 ds	<i>Lus10018978</i> (<i>AT4G13650.1</i>)	Суперсемейство белков пентатрико- пептидных повторов (PPR)
Chr3_19617078 (<i>Gypsy</i>)	Blink (9.9e-09)	DSI, 2021 (-)	Инtron	<i>Lus10008232</i> (<i>AT5G46050.1</i>)	Пептидный транспортер 3
Chr3_20336100 (<i>Copia</i>)	Blink (1.0e-07)	STI, 2020(1) (-)	1882 ds	<i>Lus10007194</i> (<i>AT4G01690.1</i>)	Семейство флавин-содержащих аминоксида-редуктаз
Chr3_20819951 (-)	FarmCPU (4.2e-08)	TW, 2020(1) (+)	13400 ds	<i>Lus10012620</i> (<i>AT4G10810.1</i>)	-

Продолжение табл. S4

Сайт инсерции TE (суперсемейство)	Модель (<i>p</i> -value)	Признак, год (эффект)	Место вставки*	Ближайший ген (ортолог)	Аннотация (QTL)
Chr3_24121740 (<i>Copia</i>)	Blink (2.8e-07)	FC, 2021 (+)	Экзон	<i>Lus10017112</i> (<i>AT1G48130.1</i>)	1-Цистеин пероксиредоксин 1
Chr3_24426254 (<i>MULE-MuDR</i>)	Blink (1.7e-10)	FC, 2021 (-)	190 us	<i>Lus10017063</i> (<i>AT5G49480.1</i>)	Ca2+-связывающий белок 1
Chr4_3247800 (<i>Gypsy</i>)	Blink (2.1e-08)	PH, 2021 (-)	11124 us	<i>Lus10029546</i> (<i>AT2G02120.1</i>)	Белок суперсемейства ноттинов, подобный токсину скорпиона
Chr4_11952218 (<i>Copia</i>)	FarmCPU (2.0e-08)	DSI, 2020 (-)	853 ds	<i>Lus10036789</i> (<i>AT1G13980.1</i>)	Белок, содержащий домен sec7
Chr4_14756320 (<i>hAT-Ac</i>)	FarmCPU (6.4e-08), Blink (1.9e-11), SUPER (5.6e-08), GLM (7.4e-08)	EFL, 2020(1) (-)	2059 us	<i>Lus10041548</i> (<i>AT3G61120.1</i>)	AGAMOUS-подобный 13, QTL: QYLD-Lu4.1 (YLD), QPLH-Lu4.3 (PLH), QDTM-Lu4.1 (DTM)
	FarmCPU (2.3e-10), Blink (4.9e-10), SUPER (1.1e-07), GLM (1.4e-07), MLMM (6.0e-07)	EFL, 2020(2) (-)			
	FarmCPU (4.9e-09), Blink (3.6e-12), SUPER (9.6e-10), GLM (2.6e-10), MLM (8.9e-08), MLMM (1.8e-08)	FW, 2019 (-)			
	FarmCPU (3.0e-08), Blink (1.8e-10), SUPER (3.5e-07), GLM (4.3e-07)	FW, 2020(1) (-)			
	Blink (1.6e-11), SUPER (7.8e-07), GLM (9.3e-07)	FW, 2020(2) (-)			
Chr4_14756320 (<i>hAT-Ac</i>)	FarmCPU (3.3e-07), Blink (1.8e-08), SUPER (7.3e-07), GLM (8.3e-07)	IL, 2021 (+)			
	Blink (9.6e-10)	IL, 2019 (+)			
	FarmCPU (7.4e-12), Blink (4.8e-17), SUPER (1.6e-11), GLM (6.5e-12), MLM (7.7e-09), MLMM (1.4e-10)	NI, 2019 (-)			
Chr4_14756320 (<i>hAT-Ac</i>)	FarmCPU (6.7e-11), Blink (3.3e-08), SUPER (4.2e-11), GLM (7.2e-11), MLM (5.9e-08), MLMM (1.1e-08)	NI, 2020(1) (-)			

Продолжение табл. S4

Сайт инсерции TE (суперсемейство)	Модель (<i>p</i> -value)	Признак, год (эффект)	Место вставки*	Ближайший ген (ортолог)	Аннотация (QTL)
Chr4_14756320 (<i>hAT-Ac</i>)	FarmCPU (2.6e-10), Blink (8.5e-16), SUPER (1.4e-10), GLM (2.1e-10), MLM (8.2e-08), MLMM (1.3e-09)	NI, 2020(2) (-)	2059 us	<i>Lus10041548</i> (<i>AT3G61120.1</i>)	AGAMOUS-подобный 13, QTL: QYLD-Lu4.1 (YLD), QPLH-Lu4.3 (PLH), QDTM-Lu4.1 (DTM)
	FarmCPU (1.4e-07), Blink (1.5e-08), GLM (1.1e-08)	PH, 2019 (-)			
	FarmCPU (1.4e-10), Blink (2.9e-12), GLM (4.0e-08), MLMM (1.0e-07)	PH, 2020(1) (-)			
	FarmCPU (8.5e-12), Blink (3.9e-11), GLM (3.2e-09), MLMM (2.8e-08)	PH, 2020(2) (-)			
	Blink (5.6e-12), SUPER (3.7e-12), GLM (5.2e-12), MLM (9.6e-09), MLMM (9.6e-10)	TL 2019 (-)			
	FarmCPU (2.5e-10), Blink (1.1e-08), SUPER (1.4e-09), GLM (1.8e-09), MLMM (4.2e-08)	TL 2020(1) (-)			
	FarmCPU (2.0e-10), Blink (8.1e-11), SUPER (3.9e-10), GLM (5.5e-09), MLM (2.0e-07), MLMM (2.5e-09)	TL 2020(2) (-)			
	Blink (5.6e-10), SUPER (3.5e-10), GLM (2.9e-10), MLM (3.4e-07), MLMM (1.3e-08)	TL 2021 (-)			
	FarmCPU (1.6e-10), Blink (5.7e-11), SUPER (7.9e-07), MLMM (6.0e-07)	FC, 2019 (-)			
	SUPER (3.0e-07), GLM (2.3e-07)	TW, 2019 (-)			
	FarmCPU (5.3e-08), Blink (5.4e-09), SUPER (5.9e-07), GLM (7.2e-07)	TW, 2020(1) (-)			
	Blink (9.1e-09), SUPER (1.3e-07), GLM (1.7e-07)	TW, 2020(2) (-)			

Продолжение табл. S4

Сайт инсерции TE (суперсемейство)	Модель (<i>p</i> -value)	Признак, год (эффект)	Место вставки*	Ближайший ген (ортолог)	Аннотация (QTL)
Chr4_14994752 (<i>Copia</i>)	SUPER (2.5e-07), GLM (6.1e-07)	TL, 2021 (-)	Инtron	<i>Lus10041602</i> (<i>AT3G52150.1</i>)	РНК-связывающий белок (мотивы RRM/RBD/RNP); QTL: QPLH-Lu4.3 (PLH), QDTM-Lu4.1 (DTM)
	SUPER (3.9e-07), GLM (5.2e-07)	NI, 2020(1) (-)			
Chr6_1356894 (<i>Copia</i>)	SUPER (6.5e-07), GLM (8.1e-07)	TL, 2020(1) (-)	Инtron	<i>Lus10033725</i> (<i>AT1G12470.1</i>)	Связывание ионов цинка
	SUPER (8.8e-07)	NI, 2020(1) (-)			
Chr6_11075470 (<i>Copia</i>)	FarmCPU (2.7e-07)	TL, 2020(2) (+)	2456 us	<i>Lus10002212</i> (<i>AT5G01300.1</i>)	Белок семейства PEBP (фосфатидил- этаноламин-связывающий белок)
Chr6_11780716 (<i>hAT-Ac</i>)	FarmCPU (6.1e-07)	Tswgt, 2021 (+)	1006 us	<i>Lus10017263</i> (<i>AT4G36040.1</i>)	Белок суперсемейства шапероновых доменов DnaJ
Chr6_15308804 (-)	Blink (3.4e-07)	FW, 2020(1) (+)	6646 ds	<i>Lus10014365</i> (<i>AT5G12100.1</i>)	Белок, содержащий пентатрикопеп- тидный повтор (PPR)
Chr6_17837550 (<i>Copia</i>)	Blink (1.9e-08)	TW, 2020(2) (+)	400 us	<i>Lus10024282</i> (<i>AT1G58250.1</i>)	Домен белка локализации Гольджи; промотор РНК-полимеразы II; Домен белка Fmp27
Chr7_15829004 (<i>Copia</i>)	FarmCPU (2.5e-12)	FW, 2020(1) (-)	709 us	<i>Lus10038370</i> (<i>AT4G20050.1</i>)	Суперсемейство белков, подобных пектинлиазе; QTL: QIOD-Lu7.2 (IOD), QLIN-Lu7.2 (LIN), QLIO-Lu7.2 (LIO)
Chr8_2036044 (<i>Copia</i>)	FarmCPU (3.9e-07)	FC, 2021 (+)	7932 ds	<i>Lus10017029</i> (<i>AT5G03870.1</i>)	Белок семейства глутаредоксинов
Chr8_4775776 (-)	SUPER (1.8e-07), GLM (2.7e-07), Blink (7.2e-10)	EFL, 2020(1) (-)	34 us	<i>Lus10023944</i> (<i>AT4G38380.1</i>)	Белок семейства MATE-эффлюкс
	SUPER (2.2e-07), GLM (2.4e-07), Blink (5.0e-10)	TW, 2020(1) (+)			
	GLM (1.5e-07), Blink	PH, 2020(1) (-)			
	SUPER (1.8e-08), GLM (2.4e-08)	TL, 2020(1) (-)			
Chr8_12565858 (<i>hAT-Ac</i>)	FarmCPU (1.5e-09)	NI, 2020(2) (+)	1199 ds	<i>Lus10025285</i> (<i>AT2G37370.1</i>)	Центросомальный белок
	FarmCPU (1.6e-09)	PH, 2020(2) (+)			

Продолжение табл. S4

Сайт инсерции TE (суперсемейство)	Модель (<i>p</i> -value) (суперсемейство)	Признак, год (эффект)	Место вставки*	Ближайший ген (ортолог)	Аннотация (QTL)
Chr8_16467884 (<i>MULE-MuDR</i>)	SUPER (4.8e-07), GLM (1.7e-07)	TW, 2019 (-)	972 ds	<i>Lus10004540</i> (<i>AT1G29850.2</i>)	Белок семейства двуцепочечных ДНК-связывающих белков
	SUPER (6.6e-07), GLM (1.7e-07)	FW, 2019 (-)			
Chr8_16923232 (<i>Copia</i>)	FarmCPU (5.9e-13), Blink (8.8e-10), SUPER (8.4e-07), GLM (9.1e-07)	FC, 2021 (+)	Инtron	<i>Lus10000673</i> (<i>AT1G32450.1</i>)	Нитратный транспортер 1,5
Chr8_18366764 (<i>Copia</i>)	FarmCPU (1.9e-07)	PH, 2020(2) (+)	Экзон	<i>Lus10007810</i> (<i>AT5G36930.2</i>)	Семейство белков устойчивости к болезням (класс TIR-NBS-LRR)
	FarmCPU (5.3e-07)	NI, 2020(2) (+)			
Chr8_22233522 (<i>Copia</i>)	Blink (1.6e-07)	PH, 2020(2) (+)	2260 us	<i>Lus10039488</i> (<i>AT5G43700.1</i>)	Белок семейства регуляторов транскрипции AUX/IAA QTL: QOLE-Lu8.1 (OLE)
	Blink (8.0e-07)	NI, 2020(2) (+)			
Chr9_3613834 (-)	GLM (6.7e-07)	TW, 2019 (-)	989 ds	<i>Lus10040473</i> (<i>AT5G10780.1</i>)	-
Chr10_2903372 (<i>hAT-Ac</i>)	FarmCPU (4.4e-12)	Oil, 2021 (+)	3771 ds	<i>Lus10039339</i> (<i>AT1G78090.1</i>)	Трегалозо-6-фосфатфосфатаза
Chr10_3726193 (<i>hAT-Ac</i>)	GLM (6.7e-07)	FW, 2019 (+)	9126 ds	<i>Lus10039416</i> (<i>AT1G23820.1</i>)	Спермидинсинтаза 1
Chr10_6544722 (<i>hAT-Ac</i>)	GLM (7.6e-07)	FW, 2019 (+)	Инtron	<i>Lus10015082</i> (<i>AT2G27830.1</i>)	-
Chr11_14960430 (<i>Copia</i>)	FarmCPU (5.6e-07)	TW, 2020(2) (-)	3421 ds	<i>Lus10008566</i> (<i>AT1G55200.1</i>)	Белок протеинкиназы с доменом, подобным адениннуклеотид-альфа- гидролазе
	FarmCPU (1.1e-08)	TL, 2020(1) (-)			
	FarmCPU (2.6e-07)	NI, 2020(1) (-)			
Chr12_10287266 (<i>Gypsy</i>)	FarmCPU (2.0e-07)	NI, 2019 (-)	7166 ds	<i>Lus10024219</i> (<i>AT1G74640.1</i>)	Белок суперсемейства альфа/бета-гидролаз
Chr12_11155523 (<i>MULE-MuDR</i>)	FarmCPU (2.4e-07)	TW, 2019 (-)	373 us	<i>Lus10030109</i> (<i>AT4G02530.1</i>)	Белок просвета тилакоида хлоропласта
Chr13_1437052 (<i>Copia</i>)	SUPER (5.4e-08), GLM (6.8e-08)	EFL, 2020(1) (-)	Экзон	<i>Lus10010648</i> (<i>AT3G03770.1</i>)	Белок с богатым лейцином повтором, белок семейства киназ

Окончание табл. S4

Сайт инсерции TE (суперсемейство)	Модель (<i>p</i> -value)	Признак, год (эффект)	Место вставки*	Ближайший ген (ортолог)	Аннотация (QTL)
Chr13_2207778 (<i>MULE-MuDR</i> , <i>hAT-Tag1</i>)	FarmCPU (6.7e-08)	TL, 2020(1) (+)	394 ds	<i>Lus10026981</i> (<i>AT5G35320.1</i>)	–
Chr13_2213745 (<i>Copia</i>)	Blink (6.2e-08)	Oil, 2020(2) (+)	271 us	<i>Lus10026978</i> (<i>AT2G26110.1</i>)	Белок с неизвестной функцией (DUF761)
Chr13_3391752 (<i>Copia</i>)	FarmCPU (1.1e-07)	PH, 2020(2) (-)	1071 ds	<i>Lus10026032</i> (<i>AT4G36670.1</i>)	Главный белок-посредник суперсемейства
	FarmCPU (2.3e-08), Blink (2.6e-07)	NI, 2020(2) (-)			
	FarmCPU (1.5e-07)	TW, 2020(1) (-)			
Chr13_6346942 (<i>hAT-Ac</i>)	Blink (1.2e-09)	FW, 2020(2) (-)	253 us	<i>Lus10002084</i> (<i>AT5G64040.1</i>)	Субъединица реакционного центра фотосистемы I PSI-N, хлоропласт, предполагаемая/PSI-N, предполагаемая (PSAN)
Chr13_8552558 (<i>Copia</i>)	FarmCPU (8.9e-08)	TL, 2021 (+)	7148 ds	<i>Lus10026441</i> (<i>AT4G33060.1</i>)	Белок семейства циклофилин- подобных пептидил-пролил-цис- транс-изомераз
Chr13_11641862 (<i>Copia</i>)	Blink (2.0e-10), SUPER (7.4e-07), GLM (9.2e-07)	EFL, 2020(1) (-)	972 ds	<i>Lus10009758</i> (<i>AT4G17650.1</i>)	Поли-кетидциклаза/дегидраза и белок переноса липидов
Chr13_14372739 (<i>Copia</i>)	GLM (4.4e-07)	PH, 2021 (-)	780 us	<i>Lus10034660</i> (<i>AT4G29680.1</i>)	Белок семейства щелочно- фосфатазоподобных белков
Chr14_9124491 (<i>Copia</i>)	FarmCPU (6.6e-08)	DSI, 2020 (-)	153 us	<i>Lus10005526</i> (<i>AT2G37690.1</i>)	Фосфорибозил-аминоимидазол- карбоксилаза, предполагаемая/AIR- карбоксилаза, предполагаемая
Chr14_9853868 (<i>Copia</i>)	FarmCPU (5.4e-10), Blink (3.9e-07)	Nsed, 2020(2) (+)	984 ds	<i>Lus10000815</i> (<i>AT2G27410.1</i>)	Домен неизвестной функции (DUF313)
Chr14_16743646 (<i>Copia</i>)	Blink (2.1e-10)	FW, 2020(2) (-)	466 ds	<i>Lus10017981</i> (<i>AT1G14590.1</i>)	Белок семейства нуклеотид- дифосфосахарных трансфераз

* Координата инсерции TE – середина окна длиной в 50 п. н.

** Эффект инсерции на признак: (+) – положительный, (-) – отрицательный. QTL, если есть, * ds и us – вниз и вверх по течению от гена; EFL – длина элементарного волокна; FC – содержание волокна; FW – вес волокна; IL – длина соцветия; NI – число междоузий; Oil – содержание масла в семенах; PH – высота растения; Nsed – количество семян с растения; STI – сбежистость; TL – техническая длина стебля; TW – вес технической части растения; Tswgt – вес 1000 семян.

Таблица S5. Пересечение районов, испытавших влияние отбора и обнаруженных при использовании в качестве маркеров генетического разнообразия либо сайтов инсерции TE, либо однонуклеотидных полиморфизмов и гены, в которые попадали определяющие участок транспозоны

Положение участка (суперсемейство определяющих участок TE)	Уменьшение разнообразия*	Ген (ортолог)	Аннотация
Chr13:5000001-5200000 (Copia; Gypsy)	D/K, D/C	<i>Lus10009365</i> (AT5G67090.1)	Белок семейства субтилизин-подобных сериновых эндопептидаз
Chr14:18600001-18800000 (Copia; Gypsy)	D/C	<i>Lus10015020</i> (AT5G62190.1)	РНК-хеликаза DEAD-box (PRH75)
Chr15:13400001-13600000 (hAT-Ac; MULE-MuDR; Copia)	D/C, K/C	<i>Lus10009990</i> (AT2G41480.1)	Белок суперсемейства пероксидаз
		<i>Lus10009986</i> (AT4G01860.1)	Белок семейства трансдуцинов/белок семейства повторов WD-40
Chr4:12400001-12600000 (-)	M/C	<i>Lus10036915</i> (AT1G69220.1)	Белок суперсемейства протеинкиназ
		<i>Lus10036917</i> (AT1G26370.1)	Белок семейства РНК-хеликаз
Chr8:22400001-22600000 (-)	M/C	<i>Lus10015365</i> (AT5G15140.1)	Белок суперсемейства подобных галактозомутаротазе QTL: scaffold635-43971 (NB), QOLE-Lu8.1 (OLE)

* D/K – уменьшение разнообразия у культурных сортов льна-долгунца в сравнении с кряжами; D/C, M/C – уменьшение разнообразия у культурных сортов в сравнении со староместными сортами у льна-долгунца и масличного льна соответственно; K/C – уменьшение разнообразия у кряжей в сравнении со староместными сортами льна-долгунца.