

ЗООЛОГИЯ

УДК 574.3:575.23
DOI: 10.26456/vtbio196

ПОПУЛЯЦИОННО-ГЕНЕТИЧЕСКАЯ СТРУКТУРА ВОСТОЧНОЙ ПРЫТКОЙ ЯЩЕРИЦЫ *LACERTA AGILIS EXIGUA* (REPTILIA, LACERTIDAE), ОЦЕНЕННАЯ ПО ISSR-PCR И IRAP-PCR МАРКЕРАМ

И.Г. Блохин, В.И. Глазко

Российский государственный аграрный университет –
МСХА им. К.А. Тимирязева, Москва

Впервые описано присутствие участков гомологии в геномах восточной прыткой ящерицы к длинным концевым повторам эндогенных ретровирусов Sabrina и SIRE-1 и выполнен сравнительный анализ спектров продуктов амплификации фрагментов геномной ДНК ящерицы *Lacerta agilis exigua*, полученных с использованием двух типов ДНК маркеров – фрагментов геномной ДНК, ящериц, фланкированных инвертированными повторами микросателлитных локусов и длинными концевыми повторами эндогенных ретровирусов.

Ключевые слова: *мобильные генетические элементы, микросателлиты, прыткая ящерица.*

Введение. Семейство Настоящие ящерицы (Lacertidae Bonaparte, 1831) является центральным в отряде и характеризуется высоким видовым обилием (на май 2019 года в семействе насчитывается 339 видов, которые составляют 42 рода) и численностью. Ящерицы широко используются в качестве биоиндикаторных видов для выявления антропогенного давления, загрязнения разного происхождения (Hopkins et al., 2001; Филатова, 2011). Прыткая ящерица *Lacerta agilis* (Linnaeus, 1758) - один из наиболее распространенных представителей семейства, населяющий разнообразные биотопы от Великобритании на западе до Прибайкалья на востоке (Яблоков, 1976; Ананьева и др., 2004). В связи с этим, вид является популярным объектом в разнообразных биологических исследованиях. Несмотря на очевидный интерес к прыткой ящерице, до сих пор недостаточно исследованными остаются популяционно-генетические особенности ее разнообразия (Гречко и др., 2006).

Половая дифференциация популяционно-генетически х структур рептилий представляет особый интерес в связи с известной сложностью их цитогенетического аппарата и элементов, предшествующих формированию цитогенетических особенностей

половых хромосом млекопитающих (Rovatsos et al., 2016).

К настоящему времени накоплен ряд данных об отличиях половой дифференциации у разных видов и подвигов рептилий по фенотипическим характеристикам и по геномной нестабильности (Fernandez-Montraveta et al., 2017; Olsson et al., 2019). Обнаружено, что уровень повреждений ДНК в эритроцитах скальных ящериц *Darevskia raddei*, оцененный с использованием метода ДНК-комет, статистически достоверно выше у самок по сравнению с самцами в регионах с повышенной загрязненностью тяжелыми металлами (Симонян и др., 2015). У прыткой ящерицы выявлена относительно повышенная частота встречаемости эритроцитов с микроядрами у самок по сравнению с самцами на краях ареала (Дробот, Ремизова, 2012). Помимо этого, обнаружено, что такая характеристика геномной нестабильности, как укорочение длин теломерных повторов, в клетках крови повышена у самцов по сравнению с самками (Rollings et al., 2019) и существенно зависит от факторов окружающей среды (Axelsson et al., 2020).

При этом стоит отметить отличия результатов оценки популяционно-генетической дифференциации групп ящериц в зависимости от использования разных ДНК маркеров: участков митохондриальной ДНК или микросателлитных локусов (Калябина-Хауф, Ананьева, 2004).

В связи с вышеизложенным, целью данного исследования являлся сравнительный анализ популяционно-генетической дифференциации прыткой ящерицы по полу и в связи с различиями условий обитания, в двух разных локалитетах: в Новониколаевском районе Волгоградской области и в окрестностях горы Стрижамент Ставропольской возвышенности, по наиболее полиморфным геномным элементам – фрагментам, фланкированным инвертированными повторами микросателлитов и участками длинных концевых повторов эндогенных ретровирусов (Глазко, Календарь, 2002).

Следует отметить, что мобильные генетические элементы и их фрагменты у большинства видов занимают около половины геномов. В последние годы во множестве описываются примеры их участия в горизонтальных переносах генетического материала даже между царствами животных и растений (Ivancevic et al., 2018), и существенная роль в геномных реорганизациях. Помимо этого, они являются наиболее полиморфными элементами генома, которые позволяют получить информацию о популяционно-генетической структуре популяции с высоким разрешением.

Методика. Исследования проводили в 2018-2019 гг. на базе центра Нанобиотехнологий РГАУ-МСХА имени К.А. Тимирязева.

Ящериц отлавливали в июне (2018–2019 гг.) в двух локалитетах – в Новониколаевском районе (50°58'00" с. ш. 42°22'00" в. д.) Волгоградской области (11 самок, 8 самцов и 2 неопределенные особи) и в окрестностях горы Стрижамент (44°48'33" с. ш. 42°02'01" в. д.) Ставропольской возвышенности (7 самок, 7 самцов), всего 35 особей. Оба локалитета находятся в зоне умеренно-континентального климата, но экологические ниши, занимаемые изучаемым видом, имеют различия по ряду характеристик (высота над уровнем моря: Новониколаевский район – 100 метров, Ставропольская возвышенность – 600 метров. Почва Новониколаевского района представлена, в основном, чернозёмами, а Ставропольской возвышенности – лесными, бурыми и чёрными почвами с ракушечниками и песком). Вопросы численности особей и локусов, генотипирование которых может отражать генетическую структуру популяций, остается дискуссионным. На основании экспериментальных исследований принято считать, что случайно выбранные 30 представителей и 13 локусов достаточно, чтобы выявлять межпопуляционные отличия (Левонтин, 1978). Нередко в природных условиях количество отловленных животных может не достигать указанных значений, что может компенсироваться увеличением количества локусов, включенных в анализ (Nevo, 1987; Глазко, 1988). У пойманных животных прижизненно купировали хвосты, мышцы которых и служили источником геномной ДНК. В качестве маркеров оценивали полиморфизм фрагментов геномной ДНК, фланкированных инвертированными повторами микросателлитов (Inter Simple Sequence Repeat - ISSR-PCR маркеры), а также участками длинных концевых повторов (Long Terminal Repeat – LTR) эндогенных ретровирусов (InterRetrotransposon Amplified Polymorphism - IRAP-PCR маркеры).

Геномную ДНК выделяли из биообразцов мышц хвоста стандартным набором ДНК Экстран II («Синтол»). Полимеразная цепная реакция (PCR) проводилась на амплификаторе «Терцик» со следующими параметрами: первичная денатурация (t= 94 °С, 2 мин), денатурация (t= 94 °С, 30 сек), отжиг (t=58 °С, 30 сек), элонгация (t=72 °С, 2 мин) – 40 циклов, финальная элонгация (t=72 °С, 10 мин).

В качестве праймеров были использованы тринуклеотидные микросателлиты (CAC)₇T, (ACC)₆T, (TGC)₆C, (GAG)₆C и участки длинных концевых повторов эндогенных ретровирусов LTR-SIRE1 (5' – GCAGTTATGCAAGTGGGATCAGCA – 3') и Sabrina 111 (5' - AAACAAGAАCTGACACTTGGCACT- 3'). Элементы семейства эндогенного ретровируса Sabrina впервые описаны у ячменя (Shirasu et al., 2000), LTR-SIRE1 – у сои (Glazko et al., 2015). Из недостатков

маркеров можно выделить доминантный тип наследования, из преимуществ - высокий полиморфизм.

Продукты амплификации разделяли в 1,5% агарозном геле в ТАЕ-буфере. Визуализация производилась при помощи УФ трансиллюминатора. Размеры фрагментов ДНК определяли при помощи маркера молекулярных масс 100 bp+1.5 Kb+3 Kb (12 фрагментов от 100 до 3000 bp) M27 (СибЭнзим, Россия). Математическая обработка полученных результатов выполнялась с помощью программы MSExcel и TFPGA. Для каждого спектра продуктов амплификации, полученного с соответствующим праймером, строилась матрица, отображающая присутствие, либо отсутствие конкретного продукта амплификации (ампликона), каждый из которых рассматривался как локус. В случае отсутствия фрагмента ДНК соответствующей длины такой генотип оценивали как гомозиготу по рецессивному аллелю. В качестве популяционно-генетических характеристик оценивали долю полиморфных локусов (% полиморфных фрагментов ДНК по отношению к общему количеству ампликонов, выявленных в спектре каждого праймера) и полиморфное информационное содержание спектра – Polymorphic Information Content (PIC). Расчет PIC выполнялся по формуле для диаллельных локусов, для которых $PIC = 2f(1-f)$, где f – частота одного из двух аллелей. Поскольку ISSR-PCR маркеры имеют доминантный характер проявления при присутствии в спектре продукта амплификации, рассчитывали ожидаемую гетерозиготность, исходя из подсчета частоты встречаемости гомозигот по условно рецессивному аллелю (отсутствие фрагмента ДНК соответствующей длины). Статистическая обработка полученных данных проводилась по стандартной методике (Плохинский, 1961).

Результаты и обсуждение. Суммарно с использованием двух групп праймеров (ISSR-PCR и IRAP-PCR) у прытких ящериц было выделено 79 фрагментов ДНК. Выполнен сравнительный анализ полиморфизма геномных фрагментов ДНК разной длины, фланкированных инвертированными повторами каждого из праймеров. В результате получены следующие данные, представленные в табл. 1.

В общем, наибольшее количество амплифицируемых фрагментов (ампликонов) и наиболее высокие показатели полиморфизма (в среднем на спектр ампликонов одного праймера) обнаруживаются по IRAP-PCR маркерам по сравнению с ISSR-PCR маркерами (табл. 1). Пониженный полиморфизм по сравнению со всеми остальными выявлен в спектрах ампликонов праймера (GAG)₆C, первичная последовательность которого представлена пурин/пиримидиновым треком. Можно ожидать, что такой

относительный консерватизм может быть обусловлен повышенной предрасположенностью таких последовательностей к формированию сложных вторичных структур ДНК, в частности, к ДНК:РНК триплексам, вовлекаемым в регуляцию генной экспрессии (Antonov, Medvedeva, 2019).

Таблица 1
Сравнительные показатели PIC (полиморфный информационный контент) и ДПЛ (доли полиморфных локусов) у исследованных групп животных по ISSR-PCR и IRAP-PCR маркерам

Праймер	PIC	Количество фрагментов ДНК			ДПЛ (%)
		всего	консервативные	полиморфные	
Sabrina	0,31±0,09	19	0	19	100
LTR-SIRE1	0,29±0,09	16	2	14	88
(CAC) ₇ T	0,31±0,09	9	1	8	89
(ACC) ₆ T	0,25±0,08	16	4	12	75
(TGC) ₆ C	0,27±0,09	8	1	7	88
(GAG) ₆ C	0,13±0,06	11	7	4	36

На основании частот встречаемости фрагментов геномной ДНК, фланкированных участками микросателлитов (ISSR-PCR маркеры) и LTR эндогенных ретровирусов рассчитаны генетические расстояния (Ней, 1972) и построены дендрограммы, отражающие популяционно-генетические взаимоотношения между группами ящериц, отловленных в Волгоградской области и Ставропольском крае.

Построенные на основании частот встречаемости в спектрах ампликонов фрагментов ДНК разной длины дендрограммы генетических взаимоотношений между исследованными животными с учетом половой принадлежности свидетельствуют о том, что оценки генетической дифференциации между ними варьируют в зависимости от праймера. Наиболее полиморфные спектры ампликонов, обнаруженные у исследованных групп ящериц по праймеру Sabrina 111, подразделили ящериц на три основных кластера, один из которых локализовался более автономно от двух других и преимущественно состоял из отловленных в Волгоградской области (красный цвет) (рис. 1).

Следует отметить, что поиск участков гомологии к последовательности LTR Sabrina 111, использованной в качестве праймера (см. Методика) в геноме *Lacerta agilis* с использованием алгоритмов программы BLAST позволил выявить большое количество таких участков разной длины в ряде подвидов *Lacerta agilis*, в том числе и *Lacerta agilis exigua*, в последовательностях нуклеотидов, представленных в ГенБанк Гречко В.В. и соавторами, упоминавшимися нами ранее (GenBank: AY184830.1, AY184831.1).

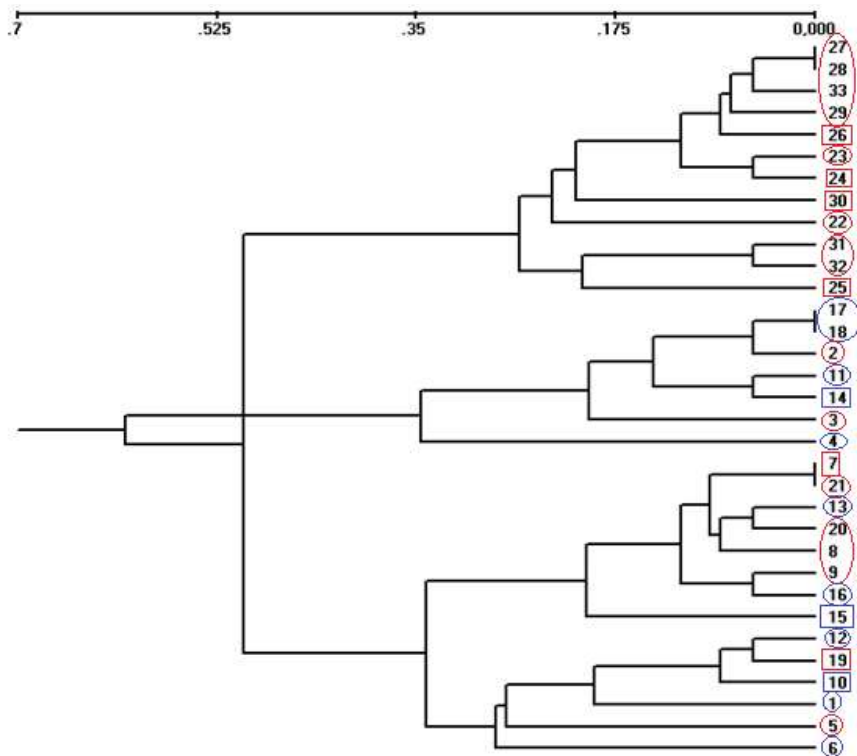


Рис. 1. Дендрограмма генетических взаимоотношений между прыткой ящерицей, отловленной в Волгоградской (красный цвет) и Ставропольской (синий цвет) местообитаниях, построенные на основании расчета генетических расстояний (Ней, 1972) по частотам встречаемости фрагментов геномной ДНК, фланкированных инвертированным участком длинного концевого повтора эндогенного ретровируса Sabrina 111: номера особей, включенных в анализ, в случае самки обведены кружком, самца - квадратом

Таблица 2

Генетические дистанции, рассчитанные по частотам встречаемости фрагментов геномной ДНК, фланкированных инвертированным участком длинного концевого повтора эндогенного ретровируса Sabrina 111

Местообитание отлова	Волгоградская область	Ставропольский край
Все особи	0,0241	
Самцы/самки	0,0428	0,1845
Самки/самки суммарно	0,1233	
Самцы/самцы суммарно	0,2068	

На дендрограмме (рис. 1) дифференциация групп ящериц в зависимости от мест отлова сопровождается и отличиями в вовлеченности в нее животных разного пола. В этой связи выполнено

сравнение величин генетических расстояний между полами в двух популяциях, отловленных в разных местообитаниях (табл. 2).

Полученные данные свидетельствуют о том, что по индивидуальным генетическим дистанциям спектров ампликонов праймера Sabrina 111 самцы с генетической точки зрения более неоднородны чем самки (почти в два раза), причем генетические расстояния между самцами и самками существенно больше у животных Ставропольского края по сравнению с Волгоградской областью.

На основании построенной дендрограммы, отражающей генетические взаимоотношения между самками, отловленными в разных местообитаниях, можно заключить, что самки Волгоградской области, по-видимому, имеют какие-то особенности распределения животных, близких по происхождению, по сравнению с животными Ставропольского края (рис. 2). На дендрограмме волгоградские самки формируют два отдельных кластера, промежуточное положение между которыми занимает кластер, в основном, объединяющий ставропольских ящериц (рис. 2).

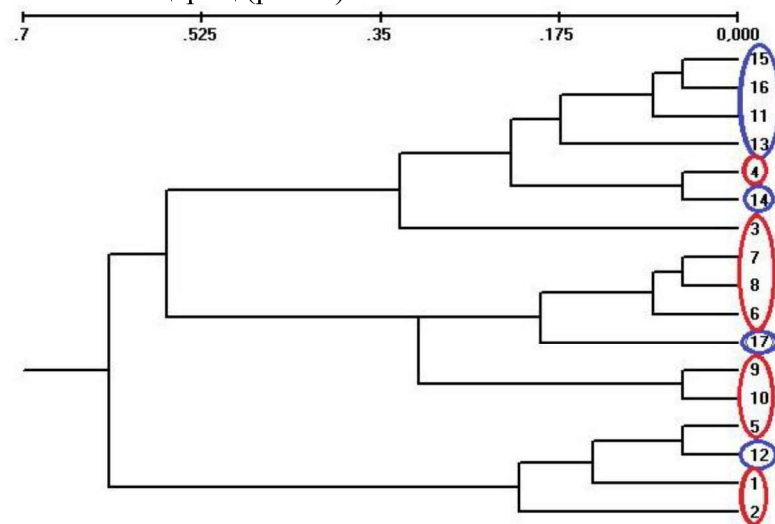


Рис. 2. Дендрограмма генетических взаимоотношений между самками прыткой ящерицы, отловленных в Волгоградской (красный цвет) и Ставропольской (синий цвет) местообитаниях, построенные на основании расчета генетических расстояний (Ней, 1972) по частотам встречаемости фрагментов геномной ДНК, фланкированных инвертированным участком длинного концевое повтора эндогенного ретровируса Sabrina 111

Дендрограмма, отражающая индивидуальные генетические взаимоотношения между самцами, позволила получить похожую картину: самцы Волгоградской области более генетически

подразделены по сравнению с животными Ставропольского края (рис. 3) и на дендрограмме волгоградские самцы формируют два отдельных кластера, в отличие от одного, образуемого, в основном, ставропольскими самцами (рис. 3).

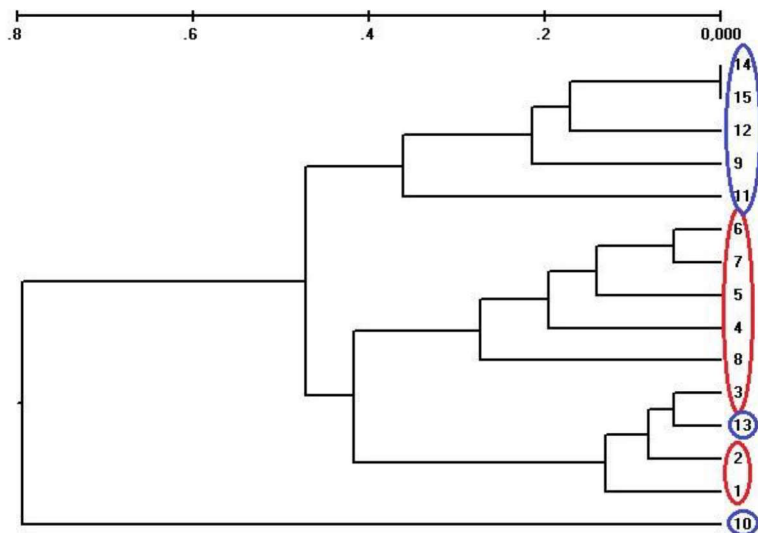


Рис. 3. Дендрограмма генетических взаимоотношений между самцами прыткой ящерицы, отловленных в Волгоградской (красный цвет) и Ставропольской (синий цвет) местообитаниях, построенные на основании расчета генетических расстояний (М. Ней, 1972) по частотам встречаемости фрагментов геномной ДНК, фланкированных инвертированным участком длинного концевой повтора эндогенного ретровируса Sabrina 111

В общем, оказалось, что по наиболее полиморфному спектру праймера Sabrina 111 (табл. 1), генетическая дифференциация между самками из разных местообитаний почти в два раза меньше, чем между самцами, а суммарно у самцов и самок более чем в четыре раза больше генетическая дифференциация у животных Ставропольского края по сравнению с Волгоградской областью (табл. 2). В то же время, внутригрупповая индивидуальная кластеризация (дифференциация на два кластера) и у самок, и у самцов, судя по дендрограммам, больше выражена у ящериц, отловленных в Волгоградской области (рис. 2, рис. 3).

Анализ популяционно-генетической дифференциации спектров другого праймера, (CAC)₇T, которые были наиболее полиморфны среди спектров фрагментов ДНК, фланкированных участками микросателлитов (ISSR-PCR маркеры, табл. 1), свидетельствует об определенных сходствах подразделенности животных с результатами использования в качестве праймера длинного повтора эндогенного

ретровируса Sabrina 111 (IRAP-PCR маркеры). Также как и в случае спектров праймера Sabrina 111, по спектрам праймера (CAC)₇T дифференциация между самцами более выражена, чем между самками (табл. 3). В то же время, в отличие от спектров праймера Sabrina 111 (табл. 2), в случае спектров праймера (CAC)₇T не наблюдается выраженных отличий по индивидуальной генетической дифференциации между самцами и самками у животных, отловленных в Волгоградской области и Ставропольском крае (табл. 3).

Таблица 3

Генетические дистанции, рассчитанные по частотам встречаемости фрагментов геномной ДНК, фланкированных последовательностью (CAC)₇T

Местообитания отлова	Волгоградская область	Ставропольский край
Самцы/самки	0,0718	0,0524
Самки/самки	0,0285	
Самцы/самцы	0,0920	

По сравнению с микросателлитными локусами и участками гомологии к ретровирусу SIRE-1, наибольшее количество полиморфных фрагментов геномной ДНК ящериц выявлено с использованием праймера Sabrina, что делает возможным его использование для оценки особенностей генетической структуры и контроля ее динамики у представителей данного вида.

Из полученных данных можно сделать следующие выводы.

Наибольшее количество фрагментов ДНК было получено в спектрах продуктов амплификации праймера Sabrina, наименьшее – праймера (TGC)₆C.

Наибольшая доля полиморфных локусов выявлена при использовании в качестве праймера фрагмента LTR Sabrina, наименьшая – в спектрах праймера (GAG)₆C.

Наибольшее значение PIC наблюдается в спектрах праймеров Sabrina и (CAC)₇T, наименьшее – праймера (GAG)₆C.

Судя по генетическим расстояниям, основной вклад в межпопуляционную популяционно-генетическую дифференциацию ящериц, отловленных в Волгоградской области и Ставропольском крае по спектрам праймеров Sabrina и (CAC)₇T вносят самцы.

Обращает на себя внимание то, что наименьшее значение PIC и наименьшая доля полиморфных локусов были получены с использованием праймера (GAG)₆C (пурин/пиримидиновый трек), по сравнению со спектрами таких праймеров, как (CAC)₇T, (ACC)₆T, (TGC)₆C не входящими в эту группу последовательностей.

Заключение. Выполненные исследования свидетельствуют о том, что наибольший вклад в межпопуляционную дифференциацию

вносят самцы по сравнению с самками по большинству исследованных геномных элементов. Относительно меньшие значения генетических дистанций между самками по спектрам ампликонов ряда праймеров, полученные нами, совпадают с литературными источниками, свидетельствующими о том, что у целого ряда видов млекопитающих и рептилий геномы самцов характеризуются повышенной геномной нестабильностью по сравнению с самками (Fischer, Riddle, 2018). Известно, что у прыткой ящерицы после вылупления для самцов типичен более высокий уровень смертности по сравнению с самками, что также может вносить вклад в их дифференциацию (Жаркова, 1973). По литературным данным половой диморфизм становится более выраженным в неблагоприятных условиях среды на границе ареала, где требуется более высокая эволюционная пластичность популяции (Геодакян, 1987; Булахова, 2004). Нами получены похожие данные, показывающие, что у животных Ставропольской возвышенности, половой диморфизм выражен сильнее, чем у ящериц Новониколаевского района, что может свидетельствовать о том, что половая дифференциация по генетической структуре может быть разной в зависимости от местообитания группы животных.

Следует отметить, что наибольшее количество полиморфных фрагментов геномной ДНК ящериц выявлено с использованием в качестве праймера фрагмента LTR Sabrina, что делает возможным использование таких спектров для оценки особенностей генетической структуры и контроля ее динамики у представителей данного вида.

Можно ожидать, что по сравнению с другими методами для получения информации о популяционно - генетических отличиях с высоким разрешением удобнее использовать анализ изменчивости наиболее полиморфных геномных элементов, таких как эндогенные ретровирусы.

Список литературы

- Axelsson J, Wapstra E, Miller E, Rollings N, Olsson M.* 2020. Contrasting seasonal patterns of telomere dynamics in response to environmental conditions in the ectothermic sand lizard, *Lacerta agilis*. *Sci Rep.* V. 10(1). P. 182.
- Ананьева Н.Б., Орлов Н.Л., Халиков Р.Г., Даревский И.С., Рябов С.А., Барабанов А.В.* 2004. Атлас пресмыкающихся Северной Евразии (таксономическое разнообразие, географическое распространение и природоохранный статус). СПб.: Зоологический институт РАН. 103 с.
- Булахова Н.А., Куранова В.Н., Савельев С.В.* 2004. Некоторые демографические характеристики популяций прыткой (*Lacerta agilis* L., 1758) и живородящей (*Zootoca vivipara* Jacq, 1787) ящериц Юго-востока Западной Сибири // Сибирская зоологическая конференция, посвященная 60-летию Института систематики и экологии животных СО РАН. Новосибирск. С. 232-237.
- Геодакян В.А.* 1987. Эволюционная логика дифференциации полов в филогенезе и онтогенезе: дис. ... д-ра биол. наук. М. 316 с.

- Глазко В.И. 1988. Генетика изоферментов сельскохозяйственных животных. М.: ВИНТИ. 212 с.
- Глазко В.И., Календарь Р.Н. 2002. Типы молекулярно-генетических маркеров и их применение // Физиология и биохимия культурных растений. Т. 34. № 4. С. 141-156.
- Гречко В.В., Федорова Л.В., Рябинин Д.М., Рябинина Н.Л., Чобану Д.Г., Косушкин С.А., Даревский И.С. 2006. Молекулярные маркеры ядерной ДНК в исследовании видообразования и систематики на примере ящериц "комплекса *Lacerta agilis*" (Sauria: Lacertidae) // Молекулярная биология. Т. 40. № 1. С. 61-73.
- Дробот Г.П., Ремизова О.С. 2012. Использование гематологических показателей *Lacerta agilis* L. для оценки антропогенно нарушенных территорий. Известия Самарского научного центра Российской академии наук. Т. 14. №1(8). С. 1887-1890.
- Жаркова В.К. 1973. Экология популяций прыткой ящерицы (*Lacerta agilis exigua* L.) в северной лесостепи Европейской части СССР: дисс. ... канд. биол. наук. Рязань. 182 с.
- Левонтин Р.Ч. 1978. Генетические основы эволюции. М: Мир. 352 с.
- Плохинский Н.А. 1970. Биометрия. М: МГУ. 367 с.
- Прыткая ящерица. Монографическое описание вида. 1976 / Под ред. А. В. Яблокова. М.: Наука. 376 с.
- Симонян А.Э., Геворкян А.Л., Минасян С.Г., Саргсян А.А., Аракелян М.С. 2015. Анализ повреждений ДНК у ящериц *Darevskia raddei*, обитающих в зонах с различным уровнем загрязнения почв, методом ДНК-комет // Биолог. журн. Армении. Т. 4(67). С. 65-67.
- Тертышников М.Ф., Яблоков А.В., Баранов А.С. 1976. Прыткая ящерица как консумент и продуцент // Прыткая ящерица. Монографическое описание вида. М.: Наука. С. 292-302.
- Филатова Л.Н. 2011. Структурно-функциональная характеристика семенников прыткой ящерицы (*Lacerta agilis*) и озерной лягушки (*Rana ridibunda*) в зоне влияния предприятия черной металлургии // Вестник ОГУ. № 16(135). С. 225-227.
- Antonov I., Medvedeva Y.A. 2019. Purine-rich low complexity regions are potential RNA binding hubs in the human genome // F1000Res. V. 7:76.
- Fernández-Montraveta C., Marugán-Lobón J. 2017. Geometric morphometrics reveals sex-differential shape allometry in a spider // Peer J. V. 5. P. 3617.
- Glazko V.I., Elkina M.A., Glazko T.T. 2015. Genomic scanning using the retrotransposon fragments as «Anchors» // Animals and Plants. Biogeosystem Technique. V. 6. Is. 4. P. 363-373.
- Ivancevic A.M., Kortschak R.D., Bertozzi T., Adelson D.L. 2018. Horizontal transfer of BovB and L1 retrotransposons in eukaryotes // Genome Biology. V. 19(1). P. 85.
- Hopkins W.A., Roe J.H., Snodgrass J.W., Jackson B.P., Kling D.E., Rowe C.L., Congdon J.D. 2001. Nondestructive indices of trace element exposure in squamate reptiles // Environ Pollut. V. 115(1). P. 1-7.
- Nevo E. 1987. Genetic variation in natural populations: patterns and theory // Theor. Pop. Biol. V. 13. № 1. P. 121-177.
- Olsson M., Schwartz T.S., Wapstra E., Shine R. 2019. How accurately do behavioural observations predict reproductive success in free-ranging lizards? // Biol Lett. V. 15(2).
- Rollings N., Friesen C.R., Whittington C.M., Johansson R., Shine R., Olsson M. 2019. Sex- and tissue-specific differences in telomere length in a reptile // Ecol Evol. 2019.

V. 9(11). P. 6211-6219.

Rovatsos M. 2016. Mammalian X homolog acts as sex chromosome in lacertid lizards // *Heredity* (Edinb). V. 117(1). P. 8-13.

Shirasu K., Schulman A.H., Lahaye T., Schulze-Lefert P. 2000. A contiguous 66-kb barley DNA sequence provides evidence for reversible genome expansion // *Genome Research*. V. 10(7). P. 908-915.

POPULATION-GENETIC STRUCTURE OF THE EASTERN SAND LIZARD *LACERTA AGILIS EXIGUA* (REPTILIA, LACERTIDAE), ASSESSED BY ISSR-PCR AND IRAP-PCR MARKERS

I.G. Blokhin, V.I. Glazko

Russian State Agrarian University – Timiryazev Moscow
Agricultural Academy, Moscow

The presence of homology regions in the long terminal repeats of the endogenous retroviruses Sabrina and SIRE – 1 in the genomes of the eastern sand lizard was described for the first time. A comparative analysis of the spectra of amplification products of genomic DNA fragments of the mentioned lizard species obtained using two types of DNA markers - fragments of genomic DNA, flanked by inverted repeats of microsatellite loci and long terminal repeats of endogenous retroviruses, was performed.

Keywords: *mobile genetic elements, microsatellites, sand lizard.*

Об авторах:

БЛОХИН Иван Геннадьевич – магистр, младший научный сотрудник, ФГБОУ ВО «Российский государственный аграрный университет – МСХА им. К.А. Тимирязева», 127434, Москва, ул. Тимирязевская, 47, e-mail: blokhin.ivan96@gmail.com

ГЛАЗКО Валерий Иванович – доктор сельскохозяйственных наук, профессор кафедры зоологии факультета зоотехнии и биологии, ФГБОУ ВО «Российский государственный аграрный университет – МСХА им. К.А. Тимирязева», 127434, Москва, ул. Тимирязевская, 47, e-mail: vigvalery@gmail.com.

Блохин И.Г. Популяционно-генетическая структура восточной прыткой ящерицы *Lacerta agilis exigua* (Reptilia, Lacertidae), оцененная по ISSR-PCR и IRAP-PCR маркерам / И.Г. Блохин, В.И. Глазко // *Вестн. ТвГУ. Сер. Биология и экология*. 2021. № 2(62). С. 24-35.