

УДК 595.763.79 (575.174)

**СРАВНИТЕЛЬНАЯ ОЦЕНКА ГЕНЕТИЧЕСКОЙ СТРУКТУРЫ  
ИНВАЗИВНЫХ И АВТОХТОННЫХ ПОПУЛЯЦИЙ АЗИАТСКОЙ  
БОЖЬЕЙ КОРОВКИ *HARMONIA AXYRIDIS* (PALLAS)  
(COLEOPTERA, COCCINELLIDAE)**

© 2019 г. **О. В. Бондарева**,<sup>1\*</sup> **Н. И. Абрамсон**,<sup>1,3\*\*\*\*</sup>  
**А. Н. Овчинников**,<sup>1\*\*\*\*</sup> **Н. А. Белякова**<sup>2\*\*</sup>

<sup>1</sup> Зоологический институт РАН

Университетская наб., 1, С.-Петербург, 199034 Россия

\*e-mail: olga.v.bondareva@gmail.com, \*\*\*\*e-mail: anovchi@gmail.com

<sup>2</sup> Всероссийский НИИ защиты растений РАН

шоссе Подбельского, 3, С.-Петербург–Пушкин, 196608 Россия

\*\*e-mail: belyakovana@yandex.ru

<sup>3</sup> Санкт-Петербургский научный центр РАН

Университетская наб., 5, С.-Петербург, 199034 Россия

\*\*\*e-mail: natalia\_abr@mail.ru

Поступила в редакцию 8.08.2018 г.

После доработки 10.9.2019 г.

Принята к публикации 10.9.2019 г.

В лабораторных условиях было исследовано генетическое разнообразие 4 популяций азиатской божьей коровки *Harmonia axyridis*: автохтонных новосибирской и алтайской, и инвазивных сочинской и сербской, различающихся продолжительностью экспансии. Анализ генетической структуры изученных популяций показал крайнюю обособленность мономорфной популяции из Сочи, мономорфность популяции из Сербии и высокое генетическое разнообразие популяций из Новосибирска и с Алтая. Анализ аллельных профилей показал, что наибольшая доля обнаруженных аллелей встречается в популяции из Новосибирска. Полученные нами данные о высокой генетической однородности сочинской популяции, характерной для состояния вида-инвайдера на начальной стадии экспансии, позволяют исключить гипотезу об ее гибридном происхождении.

*Ключевые слова:* насекомые, генетическое разнообразие, микросателлитный анализ, популяция, изменчивость, биологические инвазии, *Harmonia axyridis*.

**DOI:** 10.1134/S0367144519040087

*Harmonia axyridis* (Pall.) – широко распространенный палеарктический вид, активный инвайдер, который за последние 30 лет обосновался на 4 континентах и продолжает стремительно расширять ареал в Южной Америке, Африке и Восточной Европе, в том числе на юго-западе России (Roy et al., 2016).

В европейской части России инвазивная популяция *H. axyridis* сформировалась сравнительно недавно – примерно 4–5 лет назад. В настоящее время она находится на ста-

дии активной экспансии. Основной вектор распространения направлен на север от черноморского побережья, где первые очаги размножения *H. axyridis* были выявлены в 2012 г. на территории Большого Сочи (Belyakova, Reznik, 2013) и в Крыму (Ukrainsky, Orlova-Bienkowskaja, 2014). Пользуясь терминологией инвазионной биологии, можно сказать, что около 5 лет назад был сформирован плацдарм, который обеспечил в дальнейшем распространение *H. axyridis* в южных регионах РФ. За последние годы азиатская божья коровка распространилась от Черного моря на север и была обнаружена в Краснодарском и Ставропольском краях (Коротяев, 2013), Крыму, Ростовской обл. и Дагестане (Орлова-Беньковская, Могилевич, 2016).

Активное расширение ареала *Harmonia axyridis* на юге России – яркий пример успешной инвазии, которая началась от морского побережья и в короткие сроки продвинулась вглубь континента, подобно тому, как это происходило более 30 лет назад во Флориде (Roy et al., 2016).

Помимо основного вектора распространения *H. axyridis* (от Черного моря на север) следует упомянуть направление с запада (с территории Белоруссии и Прибалтики) на восток. *Harmonia axyridis* отмечен в Брянской, Воронежской и Липецкой областях, а также в Калининграде, Москве и Санкт-Петербурге, где климатические условия потенциально пригодны для выживания данного вида (Poutsma et al., 2008; Alekseev et al., 2012; Korotyaev, 2016; Орлова-Беньковская, Могилевич, 2016; Емец, 2018). Однако массового размножения *H. axyridis* в центральных и северо-западных областях России пока не наблюдается. По-видимому, короткий вегетационный сезон и бедная по сравнению с южными регионами кормовая база снижают шансы занесенных особей на выживание и тем самым увеличивают временной лаг (time lag) между заносом первых вселенцев и формированием очагов размножения инвайдера.

Генетическая структура популяций и возможные сценарии инвазии *H. axyridis* стали предметом обширных исследований, в том числе с применением молекулярно-генетических методов, в частности митохондриального и микросателлитного анализа, что позволяет оценить степень генетической гетерогенности популяций, а также выявить связи между ними (Блехман и др., 2010; Lombaert et al., 2014).

Помимо установления вероятных путей инвазии важную часть исследований генетической структуры популяций *H. axyridis* составляют попытки выявить те видовые особенности, благодаря которым она в десятки раз расширила свой ареал за последние 30 лет. Одной из таких особенностей считается способность инвазивных популяций преодолевать стадию бутылочного горлышка при среднем уровне численности, что позволяет избежать инбредной депрессии (Facon et al., 2011).

В связи с этим очень важна сравнительная оценка генетической структуры популяций азиатской божьей коровки *Harmonia axyridis* разного географического происхождения, находящихся на разных стадиях акклиматизации. Особый интерес представляет анализ инвазивной популяции из Сочи для проверки выдвинутого ранее предположения о ее гибридном происхождении.

#### МАТЕРИАЛ И МЕТОДИКА

В работе были использованы следующие лабораторные линии *Harmonia axyridis*.

1. «Сочи» – линия происходит от более чем 120 особей, собранных в 2012 г. в окрестностях г. Сочи (примерно 43.6° с. ш., 39.6° в. д.).

2. «Сербия» – линия происходит от 42 особей, собранных в 2013 г. на территории национального заказника Засавица (Zasavica Nature Reserve, примерно 44.9° с. ш., 19.5° в. д.).

3. «Новосибирск» – линия происходит от 348 особей, собранных в 2017 г. в окрестностях Новосибирска (примерно 54.8° с. ш., 83.1° в. д.).

4. «Алтай» – линия происходит от 226 особей, собранных в 2017 г. в окрестностях пос. Артыбаш (берег Телецкого озера, Телецкий стационар ИСиЭЖ СО РАН, 51.7° с. ш., 87.3° в. д.).

Для подготовки образцов к дальнейшему выделению из них ДНК было отпрепарировано 88 экз. жуков из инвазивных (Сочи, Сербия) и двух автохтонных (Новосибирск и Алтай) популяций. Все образцы до проведения исследования хранились замороженными (–20 °С) в 96%-ном водном растворе этанола.

Выделение ДНК проводили по стандартной методике СТАБ (Doyle, Doyle, 1987). Было амплифицировано 15 микросателлитных локусов (Ha-244, Ha-201, Ha-555, Ha-605, Ha-281, Ha-627, Ha-565, Ha-234, Ha-267, Ha-005, Ha-253, Ha-105, Ha-215, Ha-223, Ha-094) методом полимеразной цепной реакции (ПЦР) с использованием праймеров, разработанных Луасо с соавт. (Loiseau et al., 2009). Все прямые праймеры были помечены флуоресцентными метками (Ha-244-FAM, Ha-201-FAM, Ha-555-ROX, Ha-605-ROX, Ha-281-R6G, Ha-627-R6G, Ha-565-R6G, Ha-234-FAM, Ha-267-FAM, Ha-005-FAM, Ha-253-ROX, Ha-105-ROX, Ha-215-R6G, Ha-223-R6G, Ha-094-FAM; ООО «Синтол», <http://www.syntol.ru/>) для обеспечения возможности разделения полученных продуктов. Амплификацию проводили по следующей программе: начальная денатурация 94 °С, 15 мин; 25 циклов денатурации (94 °С, 30 сек), отжиг праймеров (57 °С, 60 сек) и элонгация (72 °С, 2 мин); финальная элонгация 60 °С, 30 мин. Все пробы содержали отрицательный контроль без добавления ДНК в реакционную смесь. Визуальный контроль продуктов проводили в 1.5%-м агарозном геле с добавлением бромистого этидия. Из каждой географической популяции было выделено и проанализировано не менее 15 образцов.

Первичный анализ сырых данных проводили в программе GeneMarker (<https://softgenetics.com/GeneMarker.php>), проверку на нуль-аллели делали в программе MicroChecker (Van Oosterhout et al., 2004). Основные популяционные параметры (количество аллелей (A), количество уникальных аллелей (Au), наблюдаемая (Ho) и ожидаемая гетерозиготность (He), тест Харди–Вайнберга (HWE), коэффициент инбридинга (Fis) по исследуемым микросателлитным локусам) были рассчитаны в статистической среде R (R Core Team, 2008) с использованием пакета diveRsimy.

Анализ оценки степени соответствия географических популяций генетически дискретным группам (K) проводился с помощью байесовской кластеризации в в программе STRUCTURE ver. 2.3.4 (Pritchard et al., 2000). Было проведено 5 независимых запусков программы STRUCTURE для каждого набора искусственно определяемых групп K (1–8) с первоначальным параметром отжига (burn-in) в 10 000 и 1 000 000 итераций для всего набора запусков. Первоначальная информация о географическом происхождении выборок в анализ не включалась. Далее, мы провели иерархический анализ ДК, основанный на скорости изменения логарифмической вероятности данных между последовательными значениями K, так как именно ДК дает более адекватную оценку степени соответствия географических популяций генетически дискретным группам, чем методы, основанные на максимальном правдоподобии (Evanno et al., 2005). Для визуализации результатов программы STRUCTURE использовали STRUCTURE HARVESTER (Earl, von Holdt, 2012).

## РЕЗУЛЬТАТЫ И ОБСУЖДЕНИЕ

В итоговый анализ вошли 7 локусов из 15 рассматриваемых изначально, в остальных были обнаружены нуль-аллели, которые могли исказить итоговые статистические показатели. Всего в 88 образцах была обнаружена 51 аллель, из них 25 были уникальными и присутствовали только в одной популяции.

Анализ аллельных профилей (см. таблицу) показал, что самая большая доля аллелей (63 % от их общего числа) встречается в популяции из Новосибирска. В популяциях из Сербии и Сочи доли сопоставимы и находятся на уровне 40–42 %, а в популяции с Алтая этот показатель приближается к таковому новосибирской популяции. В популяции из Новосибирска среди 4 изученных больше всего также уникальных аллелей – 10. По этому параметру показатели популяции из Сочи и с Алтая находятся примерно на одном уровне (5 и 8 соответственно), а наименьшее число уникальных аллелей у популяции из Сербии – 2. То же соотношение отмечено и при сравнении параметра наблюдаемой среднепопуляционной гетерозиготности у популяций из Сочи, Сербии и с Алтая — 0.49, 0.39 и 0.46 соответственно. Уровень наблюдаемой гетерозиготности у популяции из Новосибирска значительно выше – 0.61, однако при суммарном анализе всех локусов в популяции из Новосибирска наблюдается статистически достоверное отклонение от равновесного распределения Харди–Вайнберга ( $p < 0.05$ ).

Коэффициент инбридинга ( $F_{is}$ ) с учетом 95%-ного интервала имеет среднее положительное значение в сумме по всем локусам у трех популяций: Сочи, Сербия, Алтай. Это может говорить о меньшем числе гетерозиготных аллелей и о преобладании гомозиготных во всех трех популяциях. Полностью отрицательное значение  $F_{is}$ , включая 95%-ный доверительный интервал, имеет только популяция из Новосибирска. Для всех популяций значения  $F_{is}$  находятся в пределах доверительного интервала (95 %), что подтверждает отсутствие как инбридинга, так и аутбридинга, т. е. изученные популяции имеют устойчивую генетическую структуру.

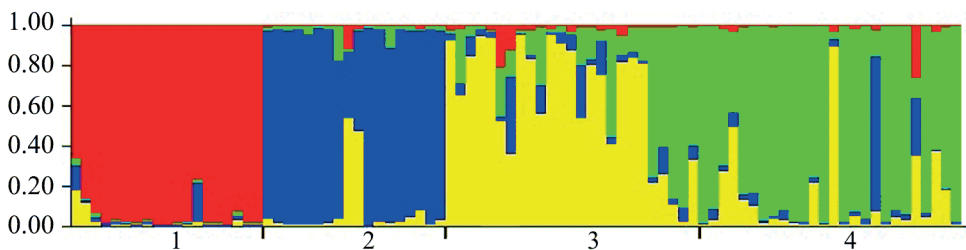
Анализ структуры распределения генотипов в исследованных популяциях показал соответствие изученных нами географических популяций 4 генетически дискретным группам (см. рисунок), несмотря на то, что, согласно  $\Delta K$ -анализу, наблюдаемое генетическое разнообразие может быть объяснено при выделении двух генетически дискретных групп ( $K = 2$ ); это может означать трудность выявления границ между популяциями. Однако выделенные нами на основе генетической изменчивости изученных лабораторных линий *Harmonia axyridis* кластеры хорошо соответствует географическому происхождению особей этих линий, т. е. все популяции генетически различаются между собой.

В ходе сравнения генетической структуры исследованных нами популяций инвазивные популяции из Сочи и из Сербии оказались практически мономорфными, в отличие от чрезвычайно гетерогенных популяций исходной части ареала вида *H. axyridis* из Но-

Основные показатели генетической изменчивости исследованных популяций *Harmonia axyridis* (Pall.)

Популяция	N	A	%	Au	Ho	He	HWE
Сочи	19	21	42.18	5	0.49	0.48	0.256
Сербия	18	22	40.72	2	0.39	0.39	0.702
Новосибирск	19	33	63.86	10	0.61	0.53	0.007
Алтай	28	29	57.69	8	0.46	0.46	0.969

Примечание. N – число образцов, A – число аллелей в популяции, % – процентная доля встреченных в популяции аллелей от общего числа аллелей во всех локусах, Au – число уникальных аллелей, Ho – наблюдаемая гетерозиготность, He – ожидаемая гетерозиготность, HWE – статистическая значимость отклонения от равновесия Харди–Вайнберга ( $p$ -критерий).



Генетическая структура изучаемых популяций *Harmonia axyridis* (Pall.).

Каждая особь представлена отдельным фрагментом (столбцом), который делится на 4 сегмента, пропорциональных ее членству в 4 генетических кластерах ( $K = 4$ ), определенных в байесовом анализе. Популяции обозначены цифрами: 1) Сочи, 2) Сербия, 3) Новосибирск, 4) Алтай.

новосибирска и с Алтая. Очевидно, что общность выделенных кластеров по результатам анализа структуры распределения генотипов в новосибирской и алтайской популяциях вполне естественна и обусловлена географическим положением этих популяций.

Стоит отметить, что, согласно полученным ранее результатам (Овчинников и др., 2016), в одних и тех же константных условиях основные параметры жизненного цикла, такие как скорость преимагинального развития, размер и вес выходящих имаго, а также скорость репродуктивного созревания, более изменчивы у особей из лабораторных линий, происходящих от инвазивных популяций *H. axyridis*, чем у особей из линий, происходящих от автохтонных популяций этого вида.

В инвазивной популяции из Сочи мы наблюдаем значительную генетическую однородность, что может свидетельствовать о сильном влиянии особей-основателей на ее генетический пул. Эффект основателя ярко проявляется именно у молодых инвазивных популяций. Ранее было высказано предположение о том, что популяция *Harmonia axyridis* в Сочи может иметь гибридное происхождение как результат столкновения представителей инвазивных популяций из Европы и особей, завезенных с Дальнего Востока в качестве агентов биоконтроля (Belyakova, Reznik, 2013). Однако полученные нами данные о высокой однородности сочинской популяции позволяют исключить гипотезу об ее гибридном происхождении.

Первым, наиболее вероятным ее источником представляется европейская инвазивная популяция. Поскольку инвазивные популяции из Сочи и из Сербии кардинально различаются по составу аллелей, очевидно, что источником инвазии в Сочи были особи из иного региона. Это могли быть локальные популяции *H. axyridis*, обитающие на западном побережье Черного моря (Болгария, Румыния), однако наиболее вероятным источником сочинской популяции являются Турция или Крым, как ближайшие регионы, в которых *H. axyridis* был отмечен в 2011–2013 гг. (Aysal, Kivan, 2014; Ukrainsky, Orlova-Bienkowskaja, 2014).

Вторым источником сочинской популяции могут быть потомки особей, интродуцированных в Закавказье для биологического контроля вредителей в 80-х годах XX в. Последняя масштабная интродукция *Harmonia axyridis* была проведена в Батуми в 1988 г., когда было выпущено около 10 тыс. особей, завезенных из Приморского края (Кузнецов, 1988). Однако длительное сохранение популяции интродуцентов на латентной стадии маловероятно для такого крупного и яркого вида, как *H. axyridis*. Наиболее ве-

роятным сценарием инвазии на Черноморское побережье мы считаем занос имаго (с помощью человека и / или ветром) с территории Южной Европы или из Передней Азии – Турции (Aysal, Kivan, 2014) либо Армении (Калашян и др., 2017).

В задачи нашего исследования входила оценка уровня генетической гетерогенности 1) в двух инвазивных популяциях, находящихся на разных этапах становления, и 2) у инвайдеров по сравнению с автохтонными популяциями.

Сербская популяция была включена в анализ в качестве инвазивной, обосновавшейся в Южной Европе более 10–12 лет назад, т. е. прошедшей относительно продолжительный период акклиматизации. Для нее период активной экспансии уже пройден. Используемый для анализа материал из Сочи был собран в природе в 2012 г., когда в этом регионе впервые были найдены очаги размножения *H. axyridis*, поэтому сочинская популяция в нашем анализе отражает состояние вида-инвайдера на начальной стадии экспансии.

Сравнивая «молодую» сочинскую и «зрелую» сербскую популяции, можно отметить тенденцию к росту генетической гетерогенности в инвазивных популяциях по мере их акклиматизации. При этом обе инвазивные популяции отличает мономорфность по сравнению с автохтонными популяциями.

Как уже упоминалось, инвазивная популяция *H. axyridis* из Сочи по составу аллелей кардинально отличается от популяции из Сербии. Это показывает, что локальные европейские популяции могут сохранять значительную обособленность друг от друга. Вероятно, активный обмен генетическим материалом не является условием выживания. Мы связываем это с тем, что для *H. axyridis* характерно отсутствие инбредной депрессии (Facon et al., 2011). Возможный механизм – элиминация генов, детерминирующих депрессию, при прохождении популяции через бутылочное горлышко на стадии, когда средний размер популяции – десятки или сотни особей. Данная видовая особенность *H. axyridis* считается одним из ключевых факторов успешности ее инвазии, которая характеризуется высокой скоростью освоения новых территорий, что мы наблюдаем в течение последних 5 лет на юге европейской части России.

#### БЛАГОДАРНОСТИ

За помощь в проведении экспериментов авторы глубоко признательны Л. С. Раменской и О. С. Безман-Мосейко, за помощь в обработке данных – Е. А. Генельт-Яновскому.

#### ФИНАНСИРОВАНИЕ

Работа была проведена при частичной финансовой поддержке Российского фонда фундаментальных исследований (грант № 15-29-02526 офи\_м «Комплексное исследование биологических инвазий и антропогенного влияния на экосистемы») и Программы Президиума РАН «Динамика генофондов природных популяций» в рамках госзадания ЗИН РАН «Экофизиологические и морфологические адаптации насекомых в контексте общего биоразнообразия» (гостема № АААА-А19-119020690082-8) и «Молекулярно-генетические исследования в изучении формирования таксономического разнообразия и экологических адаптаций» (гостема № АААА-А17-117042410167-2).

## СПИСОК ЛИТЕРАТУРЫ

- Блехман А. В., Захаров И. А., Горячева И. И. 2010. Внутривидовая дифференциация *Harmonia axyridis* Pall. по комплексу морфологических полиморфных признаков и изменчивости митохондриального гена COI. Вестник Московского университета **16** (4): 50–53.
- Емец В. М. 2018. Находки коровки *Harmonia axyridis* (Coleoptera, Coccinellidae) в Воронежском заповеднике (Воронежская область РФ). Российский журнал биологических инвазий **1**: 33–37.
- Калашян М. Ю., Креджян Т. Л., Карагян Г. А. 2017. Божья коровка-арлекин *Harmonia axyridis* Pall. (Coleoptera, Coccinellidae) в Армении. Российский журнал биологических инвазий **3**: 21–23.
- Коротяев Б. А. 2013. О массовом размножении азиатской божьей коровки *Harmonia axyridis* (Pall.) (Coleoptera, Coccinellidae) в равнинной части Северо-Западного Кавказа. Энтомологическое обозрение **92** (4): 856–858.
- Кузнецов В. Н. 1988. Дальневосточные кокцинеллиды в Закавказье. Защита растений **5**: 19.
- Овчинников А. Н., Резник С. Я., Долговская М. Ю., Белякова Н. А. 2016. Индивидуальная изменчивость параметров роста и развития в инвазионных и автохтонных популяциях *Harmonia axyridis* (Pallas) (Coleoptera, Coccinellidae). Энтомологическое обозрение **95** (2): 283–290.
- Орлова-Беньковская М. Я., Могилевич Т. А. 2016. Первая находка *Harmonia axyridis* (Pallas, 1773) (Coleoptera: Coccinellidae) в Кабардино-Балкарской республике и история расселения этого чужеродного вида по Кавказу и югу европейской России с 2002 по 2015 г. Кавказский энтомологический бюллетень **12** (1): 93–98.
- Alekseev V. I., Bukejs A., Balalaikins M. 2012. Contributions to the knowledge of beetles (Insecta: Coleoptera) in the Kaliningrad Region. 3. Zoology and Ecology **22** (2): 99–110. <http://dx.doi.org/10.1080/21658005.2012.698043>.
- Aysal T., Kivan M. 2014. Occurrence of an invasive alien species *Harmonia axyridis* (Pallas) (Coleoptera: Coccinellidae) in Turkey. Türkiye Entomoloji Bülteni **4** (3): 141–146.
- Belyakova N. A., Reznik S. Ya. 2013. First record of the harlequin ladybird, *Harmonia axyridis*, in the Caucasus. European Journal of Entomology **110** (4): 699–702.
- Doyle J. J., Doyle J. L. 1987. A rapid DNA isolation procedure for small quantities of fresh leaf tissue. Phytochemical Bulletin **19**: 11–15.
- Earl D. A., von Holdt B. M. 2012. STRUCTURE HARVESTER: a website and program for visualizing STRUCTURE output and implementing the Evanno method. Conservation Genetics Resources **4** (2): 359–361.
- Evanno G., Regnaut S., Goudet J. 2005. Detecting the number of clusters of individuals using the software STRUCTURE: a simulation study. Molecular Ecology **14**: 2611–2620.
- Facon B., Hufbauer R. A., Tayeh A., Loiseau A., Lombaert E., Vitalis R., Guillemaud T., Lundgren J. G., Estoup A. 2011. Inbreeding depression is purged in the invasive insect *Harmonia axyridis*. Current Biology **21**: 424–427.
- Hubisz M. J. et al. 2009. Inferring weak population structure with the assistance of sample group information. Molecular Ecology Resources **9** (5): 1322.
- Korotyayev B. A. 2016. New data on the changes in the abundance and distribution of several species of beetles (Coleoptera) in European Russia and the Caucasus. Entomological Review **96** (5): 620–630.
- Loiseau A., Malausa T., Lombaert E., Martin J.-F., Estoup A. 2009. Isolation and characterization of microsatellites in the harlequin ladybird, *Harmonia axyridis* (Coleoptera, Coccinellidae), and cross-species amplification within the family Coccinellidae. Molecular Ecology Resources **9** (3): 934–937.
- Lombaert E., Guillemaud T., Lundgren J., Koch R., Facon B., Grez A., Loomans A., Malausa T., Nedved O., Rühle E., Staverløkk A., Steenberg T., Estoup A. 2014. Complementarity of statistical treatments to reconstruct worldwide routes of invasion: the case of the Asian ladybird *Harmonia axyridis*. Molecular Ecology **23**: 5979–5997. doi: 10.1111/mec.12989.
- Poutsma J., Loomans A. J. M., Aukema B., Heijerman T. 2008. Predicting the potential geographic distribution of the harlequin ladybird, *Harmonia axyridis*, using the CLIMEX model. BioControl **53** (1): 103–125.
- Pritchard J. K., Stephens M., Donnelly P. 2000. Inference of population structure using multilocus genotype data. Genetics **155** (2): 945–959.
- R Development Core Team. 2008. R: A language and environment for statistical computing. R Foundation for Statistical Computing, Vienna, Austria. ISBN 3–900051–07–0, URL <http://www.R-project.org>.
- Roy H. E., Brown P. M. J., Adriaens T., Berkvens N., Borges I., Clusella-Trullas S. et al. 2016. The harlequin ladybird, *Harmonia axyridis*: global perspectives on invasion history and ecology. Biological Invasions **18** (4): 997–1044.
- Ukrainsky A. S., Orlova-Bienkowskaja M. Ja. 2014. Expansion of *Harmonia axyridis* Pallas (Coleoptera: Coccinellidae) to European Russia and adjacent regions. Biological Invasions **16** (5): 1003–1008.
- Van Oosterhout C., Hutchison W. F., Shipley P., Wills D. P. M. 2004. Micro-Checker: Software for identifying and correcting genotyping errors in microsatellite data. Molecular Ecology Notes **4** (3): 535–538.

COMPARATIVE ASSESSMENT OF GENETIC STRUCTURE IN INVASIVE  
AND AUTOCHTHONOUS POPULATIONS OF *HARMONIA AXYRIDIS* (PALLAS)  
(COLEOPTERA, COCCINELLIDAE)

O. V. Bondareva, N. I. Abramson, A. N. Ovchinnikov, N. A. Belyakova

*Key words:* insects, genetic diversity, microsatellite analysis, variation, biological invasion, *Harmonia axyridis*.

S U M M A R Y

The genetic diversity of two native Siberian and two European invasive populations of the Asian ladybird *Harmonia axyridis* has been investigated under laboratory conditions. Analysis of the population genetic structure has shown high isolation of the monomorphic population from Sochi, monomorphism of the population from Serbia, and high genetic heterogeneity of the populations from Novosibirsk and the Republic of Altai. Using allelic profile data, we have determined the prevailing most frequent alleles amongst the Novosibirsk population. Our preliminary results show high genetic homogeneity of the Sochi population, which is characteristic of the initial stage of expansion and conflicts with the hypothesis of its hybrid origin.