

УДК 575.228, 595.771

**ГЕНЕТИЧЕСКИЙ АНАЛИЗ ПОПУЛЯЦИИ ЗАВОЗНЫХ КОМАРОВ  
*Aedes (Stegomyia) albopictus* (Skuse, 1895)  
(DIPTERA, CULICIDAE) В КРАСНОДАРСКОМ КРАЕ**

© 2019 г. М. В. Федорова <sup>а\*</sup>, О. Г. Швец <sup>б</sup>,  
И. М. Медяник <sup>б</sup>, Е. В. Шайкевич <sup>с</sup>.

<sup>а</sup> ЦНИИ эпидемиологии Роспотребнадзора,  
Новогиреевская 3а, Москва 111123, Россия

<sup>б</sup> Причерноморская противочумная станция Роспотребнадзора,  
ул. Куникова, 90, Новороссийск 353919, Россия

<sup>с</sup> Институт общей генетики им. Вавилова РАН,  
ул. Губкина 3, Москва 117971, Россия

\* e-mail: culicidae@mail.ru

Поступила в редакцию 03.05.2019 г.

После доработки: 05.06.2019 г.

Принята к публикации 05.06.2019 г.

*Aedes albopictus*, переносчик медицински значимых арбовирусов, является повсеместно распространенным завозным видом. В России *A. albopictus* был впервые зарегистрирован в Сочи в 2011 г. и за последующие 6 лет быстро распространился в Краснодарском крае. Генетическое разнообразие популяции *A. albopictus* исследовали, основываясь на анализе ДНК митохондриального гена цитохром с оксидазы I 95 особей. В целом было обнаружено 6 гаплотипов, включая 4 известных гаплотипа и два новых гаплотипа. Филогенетический анализ выявил два отдельных кластера, что позволяет предположить существование в Краснодарском крае двух популяций с разным происхождением.

**Ключевые слова:** *Aedes albopictus*, Culicidae, кровососущие комары, мтДНК, COI, происхождение.

**DOI:** 10.1134/S0031184719060073

Кровососущие комары *Aedes (Stegomyia) albopictus* (Skuse, 1895) – переносчики возбудителей многих заболеваний, опасных для человека, включая лихорадки денге, Чикунгунья, Зика и желтую лихорадку (Gardner et al., 2016). За последние десятилетия этот вид, родиной которого является юго-восточная Азия, распространился по всему миру благодаря экологическим особенностям и деятельности человека (Medlock et al., 2015). В Европе акклиматизировавшиеся популяции *A. albopictus* впервые обнаружены в Италии в 1991 г., а в настоящее время вид отмечен почти в 19 европейских странах, включая страны Средиземноморского бассейна и центральной Европы ( Dalla

Pozza, Majori, 1992; Gojković et al., 2019). Распространение *A. albopictus* стало причиной местной передачи возбудителей лихорадок денге и Чикунгунья. Случаи этих заболеваний регистрируют в Италии, на юге Франции, в Хорватии, начиная с 2007 г. (Tomasello, Schlagenhauf, 2013; Calba et al., 2017; Venturi et al., 2017).

На Черноморском побережье Кавказа *A. albopictus* был впервые найден в 2011 г. в г. Сочи, на территории Республики Абхазия (Ganushkina et al., 2016) и в Грузии (Kutateladze et al., 2016). В последующие годы вид продвинулся на запад вдоль побережья более чем на 260 км до г. Анапы и на север более чем на 140 км от моря (Усть-Лабинск) (Федорова и др., 2019). Таким образом, на обширной территории на юге России сформировались условия, благоприятные для возникновения вспышек лихорадок денге и Чикунгунья. Эпидемический потенциал вида определяется в первую очередь восприимчивостью к возбудителям инфекций и способностью к их передаче, уровнем антропофильности комаров, скоростью развития резистентности к инсектицидам (Lourenço de Oliveira et al., 2003; Delatte et al., 2010; Marcombe et al., 2014). Указанные признаки варьируют в разных популяциях *A. albopictus* (Honório et al., 2019). В связи с этим эпидемиологическая опасность завозных комаров *A. albopictus* в значительной степени зависит от их происхождения.

Целью нашей работы было изучение происхождения российской популяции *A. albopictus*. Для этого был проведен генетический анализ гена цитохром с оксидазы (*COI*), который широко используется в подобного рода исследованиях и потому представлен в ГенБанке большим числом последовательностей из различных географических регионов (Ruiling et al., 2018).

#### МАТЕРИАЛ И МЕТОДЫ

Места сбора. Район исследований расположен между 45°13' – 43°10' с. ш. и 38°59' – 40°20' в. д. Согласно классификации Коппен-Гейгера, значительная часть территории лежит в зоне субтропического климата (Cfa), за исключением Новороссийска и его окрестностей, где климат близок к сухому средиземноморскому (Csa) (Peel et al., 2007). В климатической зоне Cfa по ряду параметров (средние январские температуры, продолжительность заморозков, уровень годовых осадков) можно выделить подзоны, имеющие климатические особенности:

Cfa-1 – Республика Абхазия и окрестности Сочи характеризуются влажным субтропическим климатом со средней январской температурой >6°C и среднегодовыми осадками более 1400 мм,

Cfa-2 – горные долины западной части Кавказских гор с климатом, близким к умеренному, со средней январской температурой -0,5°C и осадками около 900–1000 мм в год (табл.1);

Cfa-3 – Закубанская равнина, территория которой характеризуется переходным климатом от Cfa к влажному континентальному Dfa: средняя температура января +0,8°C, количество осадков 600–800 мм, без устойчивого снежного покрова.

Для генетического анализа использовали личинок и имаго, собранных в сентябре 2017 г. и августе-сентябре 2018 г., которых хранили в 95% этаноле. Определение проводили по морфологическим признакам.

Молекулярные методы. Каждую личинку или имаго *A. albopictus* гомогенизировали в 300 мкл физиологического раствора в гомогенизаторе тканей TissueLyser LT (Qiagen, Germany). ДНК

выделяли из 100 мкл гомогената набором Рибо Преп в соответствии с инструкцией производителя (Амплисенс, ЦНИИ эпидемиологии, Москва). Для проведения ПЦР использовали набор реагентов Encyclo (Евроген, Москва).

Для ПЦР гена *COI* мтДНК использовали два набора праймеров: 1454F (5' GGTCACAAAT-CATAAAGATATTGG 3') и 2160R (5' TAAACTTCTGGATGACCAAAAAATCA 3') для 5' конца гена; 2027F (5' CCCGTATTAGCCGGAGCTAT 3') и 2886R (5' ATGGGGAAAGAAGGAGTTCCG 3') для 3' конца гена, как описано ранее (Zhong et al., 2013). Праймеры амплифицируют два участка гена длиной 700 п. н. и 850 п. н. Полное перекрытие фрагментов составило 1537 п. н., что соответствует более 90% целого гена. Секвенирование проводили с прямого и обратного праймеров в каждой паре.

Анализ последовательностей. Последовательности ДНК, полученные от 95 экз. *A. albopictus*, анализировали с помощью программ ChromasPro, Seqman, BLASTN, ClustalW, MAFFT V.6. Число полиморфных сайтов, разнообразие гаплотипов (Hd) и разнообразие нуклеотидов (Pi) в ДНК гена *COI* у особей из исследованных мест сбора определяли, используя DnaSP (Librado, Rozas, 2009). Для оценки степени генетических различий между популяциями определили индекс генетической дифференциации (Fst) и уровень потока генов между выборками (Nm). Чтобы определить филогенетические связи между гаплотипами была построена сеть гаплотипов с помощью метода статистической парсимонии в программе TCS version 1.13 (Clement et al., 2000). Число мутационных различий рассчитывалось с 95% вероятностью, что является максимальным числом мутационных связей между парами последовательностей, оправданным критерием «экономии». Достоверность различий в частоте встречаемости определенных гаплотипов в выборках вычисляли методом хи-квадрат. Филогенетические дендрограммы построены в программе MEGA V. 6 методом Максимального правдоподобия по модели Tamura-Nei (Tamura et al., 2013). Вновь полученные последовательности гена *COI* зарегистрированы в GenBank под номерами MH817490-MH817558.

## РЕЗУЛЬТАТЫ

Последовательности гена *COI* получены для 95 особей, собранных в 18 пунктах (табл. 1). При сравнении последовательностей выявлено 8 нуклеотидных полиморфных сайтов и 6 митохондриальных гаплотипов (табл. 2). Шесть нуклеотидных замен синонимичны, две приводят к аминокислотным заменам: пурины A103G – Изолейцина на Валин у особей с гаплотипами H3, H4 и пиримидины T110C – Изолейцина на Треонин у особей с гаплотипами H5 и H6. Разнообразие гаплотипов (Hd) варьировало от 0.27 до 0.76, в среднем 0.56 (табл. 3), среднее значение индекса разнообразия нуклеотидов (Pi) составило 0.00117 (табл. 3). Наиболее высокие значения Hd и Pi выявлены в зоне Csa.

Гаплотип H1 обнаружен у 62% изученных комаров в 17 из 18 исследованных пунктов. С наиболее высокой частотой H1 встречался в климатической зоне Cfa: на Закубанской равнине (85%, 17/20), на побережье, включая горные пункты Красная Поляна и Эстосадок, – 81.3% (13/16) (табл. 1) и в горных долинах – 70.6% исследованных особей (17/20). В зоне Csa гаплотип H1 встречался только у 20% комаров (5/25), достоверно реже, чем на указанных выше территориях ( $\chi^2 = 4.49$ ,  $p=0.035$ ).

Гаплотип H2 обнаружен у 16.8% особей; частота встречаемости варьировала от 6.2 в Абхазии и окрестностях Сочи до 24% в горных долинах, различия частоты встречаемости между климатическими зонами и подзонами недостоверны (табл. 1).

**Таблица 1.** Места сбора *Aedes albopictus*, количество исследованных особей и встречаемость разных гаплотипов

№	Места сбора	Координаты с. ш./в. д.	Год сбора	Стадия развития	Кол-во исследованных особей	Кол-во особей с разными гаплотипами						Климат (по: Кбпшену)*	
						Н1	Н2	Н3	Н4	Н5	Н6		
1	Пицунда	43.166/ 40.333	2018	Личинки	2	2							Sfa -1, подзона влажных субтропиков
2	Адлер	43.427/ 39.958	2018	Имаго	2	2							
3	Сочи	43.600/ 39.747	2017, 2018	Имаго	6	3	1	2					
4	Туапсе	44.097/ 39.082	2017	Личинки	2	2							
5	Красная поляна	40.119/ 40.212	2018	Имаго	2	2							
6	Этосадок	40.119/ 40.251	2018	Личинки	2	2							
7	Горячий ключ	44.646/ 39.129	2017	Личинки	10	2	5		1	2			Sfa-2, подзона умеренного климата в горных долинах
8	Хадзьенск	44.423/ 39.537	2017	Личинки	12	10	1	1					
9	Апшеронск	44.462/ 39.692	2017	Личинки	12	12							
10	Майкоп	44.617/ 40.119	2018	Личинки	4	4							Sfa-3, подзона влажного континентального климата
11	Краснодар	44.709/ 37.587	2018	Личинки, имаго	6	6							
12	Белореченск	44.665/ 37.770	2018	Личинки	2	2							
13	Усть-Лабинск	44.787/ 37.680	2018	Личинки	4	4							
14	Адыгейск	44.671/ 37.636	2018	Личинки	4	1	3						Sca, зона сухих субтропиков
15	Новороссийск	44.665 /37.770	2017	Личинки	16	2	6	1	1				
16	п. Озеревка	44.671/37.636	2017	Личинки	2	1		1					
17	ст. Нагухаевская	44.913/ 37.556	2017	Личинки	4	0		2	2				
18	ст. Небурджаевская	44.833/ 37.892	2017	Личинки	3	2		1					
Всего (количество особей, %)					95	59/ 62.1	16/ 16.8	13/ 13.7	1/ 1.1	4/ 4.2	2/ 2.1		

\* Peel et al., 2007.

**Таблица 2.** Полиморфные сайты гаплотипов гена *COI* в популяции *A. albopictus* в Краснодарском крае

Гаплотип	Колич. особей	Номер переменных нуклеотидов*								AA**	
		72	103	110	276	732	861	888	1002	35	37
JQ004525		T	A	T	T	G	T	T	T	I	I
H1	59	.	.	.	.	A	C	.	.	.	.
H2	16	.	.	.	.	A	.	.	.	.	.
H3	13	.	G	.	.	.	.	.	C	V	.
H4	1	.	G	.	.	.	.	C	C	V	.
H5	4	.	.	C	C	A	.	.	.	.	T
H6	2	C	.	C	C	A	.	.	.	.	T

\*Указаны только отличающиеся позиции относительно референсной последовательности (GenBank аннотация JQ004525); \*\* – сайты аминокислотных последовательностей; сайты, идентичные верхней последовательности, обозначены точками.

**Таблица 3.** Генетическое разнообразие *A. albopictus* в Краснодарском крае

Климатическая зона/подзона	N (колич.)	S	H	Hd	K	Pi	Tajima's D	Fu's Fs
Cfa-1	16	4	3	0.34167	1.025	0.00078	-0.46835	1.05
Cfa-2	34	7	5	0.4795	1.04991	0.0008	-1.10978	-0.367
Cfa-3	20	1	2	0.26842	0.26842	0.0002	-0.0861	0.381
Csa	25	7	5	0.75667	2.39333	0.00182	0.89987	1.609
Всего	95	8	6	0.57088	1.53953	0.00117	-0.03321	0.998

H – число гаплотипов, S – число сайтов сегрегации, Hd – гаплотипическое разнообразие, K – среднее число нуклеотидных различий, Pi – нуклеотидное разнообразие (PiJC).

**Таблица 4.** Значения FST и Nm для *A. albopictus* из разных климатических зон/подзон в Краснодарском крае

Климатическая зона/подзона	Значения Fst и Nm для разных климатических зон/подзон			
	Cfa-1	Cfa-2	Cfa-3	Csa
Cfa-1		25.09	16.95	0.64
Cfa-2	0.00987 ns		8.14	0.61
Cfa-3	0.01454 ns	0.02980 ns		0.34
Csa	0.26724*	0.29066***	0.42386***	

\* 0.01 < P < 0.05, \*\* 0.001 < P < 0.01, \*\*\* P < 0.001.  
ns – не достоверно, значения Nm выше диагонали.

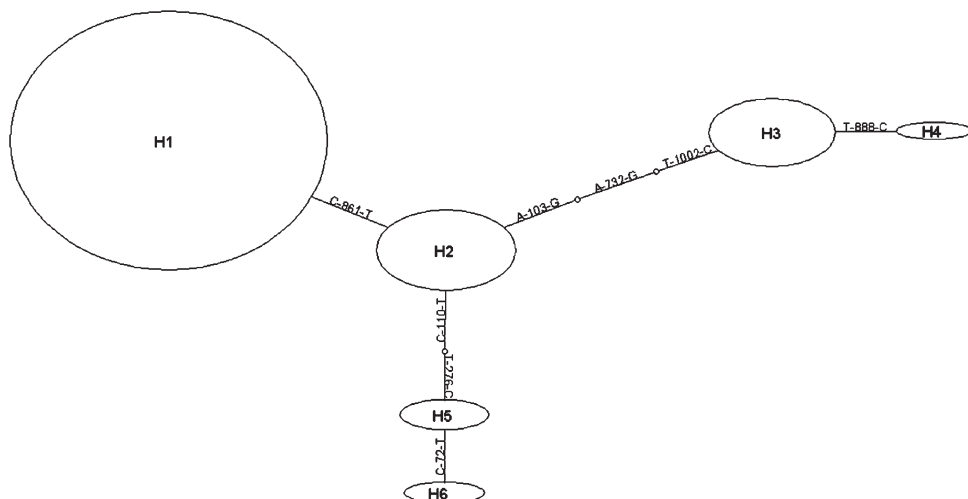
Гаплотипом Н3 обладали 13.7% (13/95) исследованных особей, из них 76.9% были найдены в зоне Csa. На Закубанской равнине особи с таким генотипом не были обнаружены. Различия в частоте встречаемости Н3 в Новороссийске с окрестностями (Csa) и остальных подзонах Cfa достоверны ( $\chi^2=13.446$ ,  $p<0,001$ ).

Гаплотипы Н4, Н5 и Н6 являются редкими и обнаружены у 1.1, 4.2 и 2.1% исследованных особей, соответственно (табл. 1).

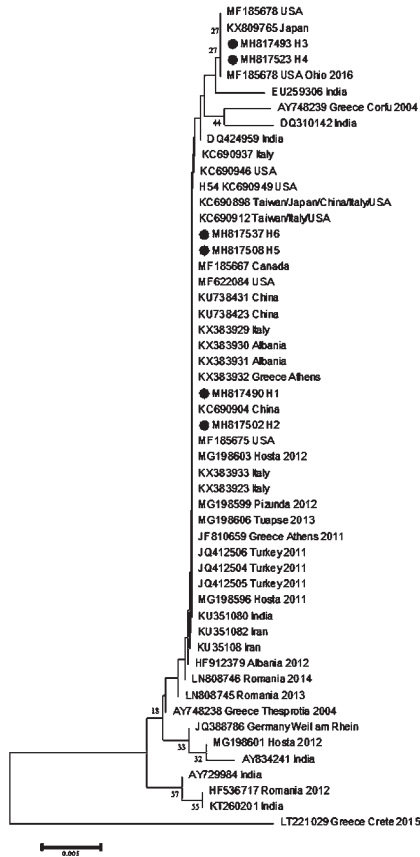
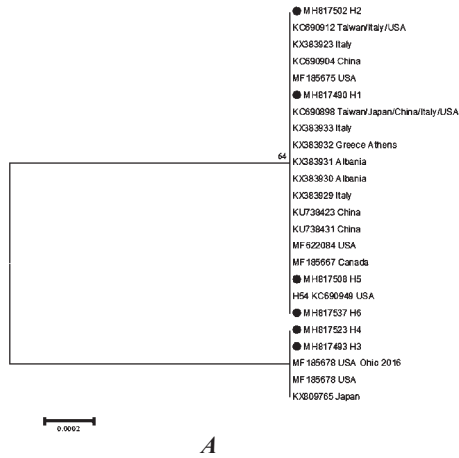
Значения Fst и Nm приведены в табл. 4. Статистически недостоверны различия между значениями Fst для подзон климатической зоны Cfa. Напротив, различия между значениями Fst зоны Csa и тремя подзонами Cfa статистически достоверны. При сравнении зоны Csa с тремя подзонами Cfa значения Nm были меньше 1 (табл. 4).

Сеть митохондриальных гаплотипов, полученных в наших исследованиях, представлена на рис. 1. В центре находится гаплотип Н2, связанный одной-тремя последовательными мутациями с Н1, Н5 и Н3. Гаплотипы Н4 и Н6 изолированы одной нуклеотидной заменой от Н3 и Н5, соответственно.

Филогенетический анализ 95 последовательностей гена *COI A. albopictus* по всему участку (1537 п. н.) представлен на рис. 2А. Поскольку количество сиквенсов гена *COI* такой длины в ГенБанке незначительно, было также проведено сравнение по последовательности 5' конца гена *COI* (513 п. н., рис. 2Б). В обоих случаях выявлены два кластера. Первый кластер включает последовательности ДНК с гаплотипами Н1, Н2, Н5 и Н6, которые группируются с ДНК комаров из Южной Европы и Турции, а также с Черноморского побережья Кавказа. Идентичные последовательности были обнаружены в Японии, Китае, Тайвани, а также в Северной Америке. Последовательности второго кластера, гаплотипы Н3 и Н4, группируются с найденными у *A. albopictus* в Японии и США (рис. 2А, 2Б).



**Рисунок 1.** Сеть митохондриальных гаплотипов, построенная на основе сравнения 1537 п. н. гена *COI Ae. albopictus*. Размер овалов пропорционален частоте встречаемости гаплотипов.



**Рисунок 2.** Дендрограмма гаплотипов гена *COI* комаров *Aedes albopictus* из разных географических регионов: *A* – 1537 п. н., *B* – 513 п. н. 5' конца.

Среди шести обнаруженных нами гаплотипов мтДНК *A. albopictus* четыре были известны ранее. Гаплотипы, обозначенные в нашей работе Н1, Н2 и Н5, соответствуют гаплотипам Н03, Н17, Н54, описанным из США, Японии, Китая и других стран Zhong с соавторами (Zhong et al., 2013), гаплотип Н3 совпадает с Н79, обнаруженным в Канаде (Giordano, 2018). Два гаплотипа найдены впервые: Н4 и Н6, оба отличаются одной мутацией от Н3 и Н5, соответственно. Результаты тестов Tajima's D и Fu's Fs свидетельствуют, что обнаруженные мутации носят нейтральный характер.

В регионах происхождения популяции *A. albopictus* характеризуются высоким генетическим разнообразием: в Юго-Восточной Азии у 174 особей выявлено 62 гаплотипа мтДНК (Poretta et al., 2012), в Китае – 42 гаплотипа обнаружено у 102 особей (Fang et al., 2018). Полученные нами данные свидетельствуют о низком полиморфизме на исследованном участке гена *COI* у *A. albopictus* на юге Краснодарского края. Низкое число обнаруженных гаплотипов свидетельствует о недавнем происхождении российской популяции *A. albopictus* (Ruiling et al., 2018).

Генетические различия между популяциями, обитающими в разных климатических подзонах Cfa, статистически не достоверны. Значения Fst и Nm (табл. 4) свидетельствуют о высоком обмене генов и отсутствии пространственной изоляции между популяциями во всех трех подзонах Cfa, что указывает на существование на этой территории панмиктической популяции со свободно скрещивающимися особями. Наиболее распространенным гаплотипом здесь является Н1. Он широко представлен в разных регионах по всему миру и встречается как на эндемичных для *A. albopictus* территориях – Японии, Китае, Тайване, – так и на территориях, где сформировались акклиматизировавшиеся популяции этого завозного вида (например, на Гавайях, в США, Канаде, Италии, Албании и Греции) (Zhong et al., 2013; Battaglia et al., 2016; Giordano, 2018). Следует отметить, что во многих опубликованных работах анализировали только 5' конец гена *COI*, размером 500–700 п. н., поскольку он выбран в качестве фрагмента, по которому идентифицируют живые организмы (Folmer et al., 1994). На этом участке гаплотипы Н1 и Н2 не различаются (табл. 2), и такой вариант мтДНК относится к самым распространенным в мире (Battaglia et al., 2016; Zhong et al., 2013; Ruiling et al., 2018). Опираясь на эти сведения и анализ филогенетических связей, приведенных на рис. 2 и 3, можно высказать два предположения относительно происхождения рассматриваемой российской популяции. Во-первых, завозы кровососущих комаров в порты, расположенные на Черноморском побережье Кавказа (Сочи, Сухуми, Батуми и др.) как единичные, так и многократные, из регионов, где гаплотипы Н1 и Н2 распространены широко (например, из Юго-Восточной Азии, Китая, США). Во-вторых, расширение ареала завозных популяций *A. albopictus*, укоренившихся в южной Европе. В пользу этого свидетельствует сходство особей из Сочи, Абхазии, Турции и Греции по 5' концу гена *COI* (рис. 2Б) (Oter et al., 2013; Шайкевич и др., 2018). В этом случае, российская популяция *A. albopictus* может рассматриваться как северная часть популяции, обитающей в Турции и на Балканах. В настоящее время сделать окончательный вывод в пользу одной из высказанных гипотез не представляется возможным.



Статистически значимые генетические отличия на исследованном участке гена *COI* выявлены между популяцией, обитающей в Новороссийске и его окрестностях (зона Csa), и популяцией из зоны Cfa. Полученные значения Nm и Fst свидетельствуют о пространственной изоляции между популяциями и ограниченном обмене генами. В Новороссийске и его окрестностях преобладают особи с гаплотипом H3, который встречается также в Японии, откуда он был завезен в США (рис. 2А, 2Б) (Battaglia et al., 2016). С гаплотипом H3 тесно связан новый гаплотип H4 (рис. 1). Находки особей с этими гаплотипами в Турции, Греции и Абхазии неизвестны (Шайкевич и др., 2018). Поскольку Новороссийск является крупнейшим портом на юге России, можно предположить, что *A. albopictus* был завезен сюда из Японии или США и в настоящее время распространяется в окрестностях города, двигаясь на запад и север.

Таким образом, полученные данные позволяют предположить, что на юге России существуют две популяции *Ae. albopictus* с разным происхождением. Эпидемиологический потенциал каждой из них представляет большой интерес с точки зрения прогнозирования возможности вспышки заболеваний лихорадками денге и Чикунгунья в случае их завоза больными людьми.

#### БЛАГОДАРНОСТИ

Работа Е.В. Шайкевич выполнена при финансовой поддержке РФФИ (19-04-00739\19).

#### СПИСОК ЛИТЕРАТУРЫ

- Федорова М.В., Швец О.Г., Патраман И.В., Медяник И.М., Отставнова А.Д., Леншин С.В., Вышемирский О.И. 2019. Завозные виды комаров на черноморском побережье Кавказа: современные ареалы. Медицинская паразитология и паразитарные болезни **1**: 47–55.
- Шайкевич Е.В., Патраман И.В., Богачева А.С., Ракова В.М., Зея О.П., Ганушкина Л.А. 2018. Инвазивные виды *Aedes albopictus* и *Aedes aegypti* на Черноморском побережье Краснодарского края: генетика (*COI*, *ITS2*), зараженность *Wolbachia* и *Dirofilaria*. Вавиловский журнал генетики и селекции, **22** (5): 574–585. DOI 10.18699/VJ18.397
- Battaglia V., Gabrieli P., Brandini S., Capodiferro M.R., Javier P.A., Chen X.G., Achilli A., Semino O., Gomulski L.M., Malacrida A.R., Gasperi G., Torroni A., Olivieri A. 2016. The Worldwide Spread of the Tiger Mosquito as Revealed by Mitogenome Haplogroup Diversity. *Frontiers in Genetics*, **23** (7): 208–219. doi: 10.3389/fgene.2016.00208. PubMed PMID: 27933090; PubMed Central PMCID: PMC5120106
- Calba C., Guerbois-Galla M., Franke F., Jeannin C., Auzet-Caillaud M., Grard G., Pigaglio L., Decoppet A., Weicherding J., Savaill M.C., Munoz-Riviero M., Chaud P., Cadiou B., Ramalli L., Fournier P., Noël H., De Lamballerie X., Paty M.C., Leparc-Goffart I. 2017. Preliminary report of an autochthonous chikungunya outbreak in France, July to September 2017. *Euro Surveillance*, **22** (39). DOI: 10.2807/1560-7917.ES.2017.22.39.17-00647
- Clement M., Posada D., Crandall K.A. 2000. TCS: a computer program to estimate gene genealogies. *Molecular Ecology* **9** (10): 1657–1660.
- Dalla Pozza G., Majori G. 1992. First record of *Aedes albopictus* establishment in Italy. *Journal of the American Mosquito Control Association* **8** (3): 318–20.
- Delatte H., Desvars A., Bouéard A., Bord S., Gimonneau G., Vourc'h G., Fontenille D. 2010. Blood-feeding behavior of *Aedes albopictus*, a vector of chikungunya on La Réunion. *Vector-Borne and Zoonotic Diseases* **10**: 249–258.

- Fang Y., Zhang J., Wu R., Xue B., Qian Q., Gao B. 2018. Genetic Polymorphism Study on *Aedes albopictus* of Different Geographical Regions Based on DNA Barcoding. *Biomed Research International*, 2018:1501430. DOI: 10.1155/2018/1501430
- Folmer O.M., Black W., Hoen R., Lutz R., Vrijenhoek R. 1994. DNA primers for amplification of mitochondrial cytochrome c oxidase subunit I from diverse metazoan invertebrates. *Molecular Marine Biology and Biotechnology* **3**: 294–299.
- Ganushkina L.A., Patraman I.V., Rezza G., Migliorini L., Litvinov S.K., Sergiev V.P. 2016. Detection of *Aedes aegypti*, *Aedes albopictus*, and *Aedes koreicus* in the Area of Sochi, Russia. *Vector-Borne and Zoonotic Diseases* **16** (1): 58–60. DOI: 10.1089/vbz.2014.1761
- Gardner L.M., Chen N., Sarkar S. 2016. Global risk of Zika virus depends critically on vector status of *Aedes albopictus*. *Lancet Infectious Diseases* **16**: 522–533.
- Giordano B. 2018. Transmission Dynamics and Epidemiology of West Nile Virus in Ontario, Canada. PhD thesis. Brock University. <http://hdl.handle.net/10464/13912>
- Gojković N., Ludoški J., Krtinić B., Milankov V. 2019. The First Molecular and Phenotypic Characterization of the Invasive Population of *Aedes albopictus* (Diptera: Culicidae) from the Central Balkans. *Journal of Medical Entomology*, **56** (5):1433-1440. DOI: 10.1093/jme/tjz064
- Honório N.A., Wiggins K., Eastmond B., Câmara D.C.P., Alto B.W. 2019. Experimental Vertical Transmission of Chikungunya Virus by Brazilian and Florida *Aedes albopictus* Populations. *Viruses* **11** (4). pii: E353. DOI: 10.3390/v11040353
- Kutateladze T., Zangaladze E., Dolidze N., Mamatsashvili T., Tskhvaradze L., Andrews E.S., Haddow A.D. 2016. First Record of *Aedes albopictus* in Georgia and Updated Checklist of Reported Species. *Journal of the American Mosquito Control Association* **32** (3): 230–233.
- Librado P., Rozas J. 2009. DnaSP v5: A software for comprehensive analysis of DNA polymorphism data. *Bioinformatics* **25**: 1451–1452. DOI: 10.1093/bioinformatics/btp187
- Lourenço de Oliveira R., Vazeille M., de Filippis A.M., Failloux A.B. 2003. Large genetic differentiation and low variation in vector competence for dengue and yellow fever viruses of *Aedes albopictus* from Brazil, the United States, and the Cayman Islands. *The American Journal of Tropical Medicine and Hygiene* **69**: 105–114.
- Marcombe S., Farajollahi A., Healy S.P., Clark G.G., Fonseca D.M. 2014. Insecticide resistance status of United States populations of *Aedes albopictus* and mechanisms involved. *PLoS One*, 9:e101992. DOI: 10.1371/journal.pone.0101992
- Medlock J.M., Hansford K.M., Versteirt V., Cull B., Kampen H., Fontenille D., Hendrickx G., Zeller H., Van Bortel W., Schaffner F. 2015. An entomological review of invasive mosquitoes in Europe. *Bulletin of Entomological Research* **105** (6): 637–663. DOI: 10.1017/S0007485315000103. Epub 2015 Mar 25
- Oter K., Gunay F., Tuzer E., Linton Y.M., Bellini R., Alten B. 2013. First record of *Stegomyia albopicta* in Turkey determined by active ovitrap surveillance and DNA barcoding. *Vector Borne and Zoonotic Diseases* **13** (10): 753–61. DOI: 10.1089/vbz.2012.1093. Epub 2013 Jun 29
- Peel M.C., Finlayson B.L., McMahon T.A. 2007. Updated world map of the Köppen-Geiger climate classification. *Hydrology and Earth System Sciences* **11**: 1633–1644. [www.hydrol-earth-syst-sci.net/11/1633/2007/](http://www.hydrol-earth-syst-sci.net/11/1633/2007/)
- Porretta D., Mastrantonio V., Bellini R., Somboon P., Urbanelli S. 2012. Glacial History of a Modern Invader: Phylogeography and Species Distribution Modelling of the Asian Tiger Mosquito *Aedes albopictus*. *PLoS ONE* **7** (9). e44515
- Ruiling Z., Tongkai L., Dezhen M., Zhong Z. 2018. Genetic characters of the globally spread tiger mosquito, *Aedes albopictus* (Diptera, Culicidae): implications from mitochondrial gene *COI*. *Journal of Vector Ecology* **43** (1): 89–97. DOI: 10.1111/jvec.12287

- Tamura K., Stecher G., Peterson D., Filipski A., Kumar S. 2013. MEGA6: Molecular Evolutionary Genetics Analysis version 6.0. *Molecular Biology and Evolution* **30**: 2725–2729. DOI:10.1093/molbev/mst197
- Tomasello D., Schlagenhauf P. 2013. Chikungunya and dengue autochthonous cases in Europe, 2007-2012. *Travel Medicine and Infectious Disease* **11** (5): 274–284. DOI: 10.1016/j.tmaid.2013.07.006
- Venturi G., Di Luca M., Fortuna C., Remoli M.E., Riccardo F., Severini F., Toma L., Del Manso M., Benedetti E., Caporali M.G., Amendola A., Fiorentini C., De Liberato C., Giammattei R., Romi R., Pezzotti P., Rezza G., Rizzo C. 2017. Detection of a chikungunya outbreak in Central Italy, August to September 2017. *Euro Surveillance* **22** (39). DOI: 10.2807/1560-7917.ES.2017.22.39.17-00646
- Zhong D., Lo E., Hu R., Metzger M.E., Cummings R., Bonizzoni M., Fujioka K.K., Sorvillo T.E., Klueh S., Healy S.P., Fredregill C., Kramer V.L., Chen X., Yan G. 2013. Genetic analysis of invasive *Aedes albopictus* populations in Los Angeles County, California and its potential public health impact. *PLoS One* **8** (7). e68586. DOI: 10.1371/journal.pone.0068586

GENETIC DIVERSITY OF INVASIVE  
*AEDES (STEGOMYIA) ALBOPICTUS* (SKUSE, 1895)  
POPULATION (DIPTERA, CULICIDAE) IN KRASNODAR REGION, RUSSIA

M. V. Fedorova, O. G. Shvets, I. M., Medyanik, E. V. Shaikevich

**Keywords:** *Aedes albopictus*, mtDNA, *COI*, origin.

SUMMARY

*Aedes albopictus*, a vector of medically important arboviruses, is the global invasive species. In Russia, *A. albopictus* was recorded for the first time in Sochi in 2011 and over the past 6 years, it rapidly spread in the south of Krasnodar region. Genetic diversity of *A. albopictus* population was examined based on mitochondrial gene cytochrome c oxidase I (*COI*) sequences of 95 specimens. A total 6 haplotypes were detected in the region, including 4 shared haplotypes and 2 new haplotypes. Phylogenetic analyses revealed two genetically distinct clusters suggesting the occurrence of two populations with different origin in Krasnodar region.