УДК 575.22

ФИЛОГЕОГРАФИЯ И ПРОИСХОЖДЕНИЕ ПОПУЛЯЦИИ АЗИАТСКОГО ТИГРОВОГО КОМАРА *AEDES ALBOPICTUS* (DIPTERA: CULICIDAE) В ДАГЕСТАНЕ

©2026 Шайкевич Е.В.[1*], Патраман И.В.[2]**

[1] Институт общей генетики им. Н.И. Вавилова РАН, 119991, Россия
[2] Первый МГМУ им. И.М. Сеченова Минздрава России (Сеченовский Университет), 119048, Россия.
email: **elenashaikevich@mail.ru*; ***ivanpatraman@gmail.com*

Поступила в редакцию 19.07.2026. После доработки 16.08.2026. Принята к публикации 23.08.2026

На побережье Каспийского моря, в городах Махачкала и Дербент, впервые в 2025 г. обнаружены комары *Aedes albopictus* (Diptera: Culicidae). Установление современного ареала и анализ путей распространения этих инвазивных для территории РФ комаров является важной составляющей программ по предотвращению вспышек опасных инфекций. Интродукция *Ae. albopictus* в Дагестан возможна из регионов с устойчивыми популяциями вида: с севера из Краснодарского края и с юга из Ирана по берегу Каспийского моря. В работе показаны генетические связи впервые появившейся в Дагестане популяции *Ae. albopictus* с комарами из соседних регионов для определения происхождения новой инвазивной популяции Дагестана. Проведён анализ гена цитохромоксидазы субъединицы I митохондриальной ДНК размером 1400 п.н. Обнаружены идентичные последовательности у особей из трёх мест сбора в Дагестане. С помощью рестрикционного анализа доказана принадлежность мтДНК к гаплотипу H1, широко распространённому в Краснодарском крае. В результате идентификации симбиотической бактерии *Wolbachia* у исследованных *Ae. albopictus* обнаружена инфицированность двумя штаммами: *w*AlbA и *w*AlbB. Оба штамма бактерии были обнаружены ранее в РФ, но только *w*AlbB в Иране. Генетический анализ подтверждает, что дагестанская популяция тесно связана с популяцией *Ae. albopictus* Краснодарского края.

Ключевые слова: инвазивные комары, полиморфизм мтДНК, симбиотическая бактерия *Wolbachia.*
DOI: 10.35885/1996-1499-19-3-239-247

Введение

Комары *Aedes albopictus* Skuse, 1895 являются эффективными переносчиками вирусов Денге, Чикунгунья и Зика и были причиной как неоднократных интродукций этих заболеваний туристами в Европу, так и местной передачи [Arulmukavarathan et al., 2024; ECDC 2026a]. Было показано, что *Ae. albopictus* в экспериментальных условиях передаёт по меньшей мере ещё 23 вируса, включая вирусы жёлтой лихорадки, лихорадки Рифт-Валли, японского энцефалита, вирус Потоси, вирус Кэш-Вэлли, вирус Ла-Кросс, вирус восточного лошадиного энцефалита, вирус венесуэльского лошадиного энцефалита и вирус Майаро, вирус Росс-Ривер, западный лошадиный энцефалит, вирусы Оропуш, Джеймстаун-Каньон, Сан-Анджело и Тривиттатус, вирус Западного Нила и вирус Синдбис [Paupy et al., 2009; Lwande et al., 2019]. Заражённость вирусом Западного Нила у *Ae. albopictus* в природе была обнаружена в США [Rothman et al., 2020]. Завозные случаи заболевания лихорадками возможны и в России (https://www.rospotrebnadzor.ru). В 2016 г. были исследованы инвазивные комары *Ae. albopictus*, собранные на Черноморском побережье РФ, в районе г. Туапсе, на наличие трансмиссивных вирусов и определён вирус Западного Нила [Ганушкина и др., 2017]. С 2012 по 2017 г. в России зарегистрировано около 700 случаев завозной лихорадки Денге [Saifullin et al., 2018]. Волгоградская область уже долгое время считается эндемичной по заболеваемости лихорадкой Западного Нила [Негоденко и др., 2019].

Комар *Ae. albopictus*, происходящий из Азии, распространён на большей части Европы [ECDC 2026b]. Расширение ареала инвазивных комаров *Ae. albopictus* происхо-

дит во всём мире постоянно, как правило, с транспортом [Petrosyan et al., 2026]. Таким образом, присутствие комара *Ae. albopictus* представляет собой проблему для общественного здравоохранения в Европе и риск в Российской Федерации. Температура окружающей среды является одним из наиболее важных факторов, влияющих на передачу вирусов комарами [Gizaw et al., 2024]. Потепление климата создаёт благоприятные условия окружающей среды для активности комаров и передачи вируса. Выяснение путей проникновения *Ae. albopictus* и распространения в новые районы является важной составляющей программ наблюдения и контроля за распространением переносчиков.

На побережье Каспийского моря, в городах Махачкала и Дербент, впервые в 2025 г. появились комары *Ae. albopictus*, что было подтверждено *с* помощью морфологических и молекулярно-генетических методов [Патраман и др., 2026]. Интродукция *Ae. albopictus* в Дагестан может происходить из Краснодарского края и из соседних стран – Ирана и Азербайджана.

Известно, что в Краснодарском крае существует установившая популяция *Ae. albopictus* с 2011 г. [Ганушкина и др., 2012; Ganushkina et al., 2016]. В период 2011–2019 гг. вид распространился в субтропической зоне вдоль черноморского побережья Кавказа до Анапы, колонизировал горные долины с мягким климатом и сформировал устойчивые популяции в степях Кубанской равнины с сухим умеренным климатом [Забашта, 2016; Федорова и др., 2018]. Комары распространились не только по побережью Чёрного моря, но и вглубь континента до Ставрополья [Федорова и др., 2019; Бега и др., 2021; Shaikevich et al., 2023].

В то же время на севере Ирана с 2021 г. регистрируют *Ae. albopictus* [Azari-Hamidian et al., 2024; Abbasi et al., 2025], куда комары могли попасть из Турции, Грузии и Армении [Oter et al., 2013; Kutateladze et al., 2016; Paronyan et al., 2020]. По данным VectorNet на 2023 г., в Азербайджане не было обнаружено инвазивных комаров *Ae. albopictus*, более поздних данных нет [ECDC 2025].

Для выявления происхождения инвазивных популяций используют анализ митохондриальной ДНК (мтДНК), которая передаётся по материнской линии и не рекомбинирует [Folmer et al., 1994]. Для происхождения популяций Ae. albopictus в последнее время используется анализ полных последовательностей гена цитохромоксидазы субъединицы I (*COI*) размером 1400 п.н. [Zhong et al., 2013; Shaikevich et al., 2023]. Анализ протяжённого фрагмента позволяет выявить больше изменчивости ДНК у *Ae. albopictus*, чем широко используемый баркод-фрагмент 5’-конца гена *COI* размером в 600 п.н. [Folmer et al., 1994]. В базах данных содержится большое количество последовательностей комаров со всего мира, что позволяет сравнивать вновь обнаруженные популяции *Ae. albopictus* с нативными из Юго-Восточной Азии и из районов инвазии.

Ae. albopictus заражены симбиотической бактерией *Wolbachia. Wolbachia* передаётся по наследству вертикально с цитоплазмой яйцеклетки и придаёт преимущества своему хозяину [Dobson et al., 2004]. Причём в этих комарах распространены два штамма бактерии: *w*AlbA и *w*AlbB. Соотношение *w*AlbA, *w*AlbB и суперинфекции обоими штаммами различаются между популяциями [Ahmad et al., 2016]. Штаммы распределены по популяциям неодинаково, только *w*AlbB был обнаружен у *Ae. albopictus* в Аргентине [Chuchuy et al., 2018] и Иране [Karimian et al., 2026]. Только *w*AlbA был обнаружен в островных популяциях [Dobson et al., 2004]. Таким образом, идентификация штаммов бактерии может служить дополнительным маркером для определения родства *Ae. albopictus.*

Целью данной работы было определить генетические связи появившейся в Дагестане популяции *Ae. albopictus* с комарами из соседних регионов для определения происхождения новой инвазивной популяции.

Материалы и методы

Сборы комаров были проведены в сентябре 2025 г. в городах Махачкала и Дербент [Патраман и др., 2026]. Количество исследованных особей и места обнаружения комаров в Дагестане представлены в табл. 1.

ДНК комаров выделяли с использованием набора DIAtomTM DNA Prep kit (Изоген,

Таблица 1. Даты и место сбора *Ae. albopictus*, результаты анализа мтДНК и *Wolbachia*

Дата сбора	Место сбора	Географические координаты	Кол-во комаров	Стадии развития	Количество секвенированных генов *COI*	*w*AlbA	*w*AlbB	*w*AlbAB	*w*Alb-
04.09.2025	Электричка Махачкала – Дербент	42.058065 с.ш. 48.305996 в.д.	1	Имаго	1		1		
04.09.2025	г. Махачкала, Старое Русское кладбище	42.987777 с.ш. 47.481771 в.д.	21	Личинки	3	1	5	13	2
04.09.2025	г. Махачкала, Старое Русское кладбище	42.987777 с.ш. 47.481771 в.д.	15	Имаго	3		6	9	
05.10.2025	г. Дербент, Русское кладбище	42.061162 с.ш. 48.278127 в.д.	20	Личинки	3		7	13	

Москва) в соответствии с инструкциями производителя. ПЦР проводили в объёме 25 мкл с использованием набора Encyclo Plus PCR kit (Евроген, Москва, Россия) с праймерами 1454F и 2160R, 2027F и 2886R в соответствии с оригинальным протоколом [Zhong et al., 2013]. Первый набор праймеров позволяет получить ампликон митохондриальной ДНК длиной 706 п.н., а второй набор праймеров – ампликон митохондриальной ДНК длиной 859 п.н. с перекрытием [Zhong et al., 2013]. Ампликоны очищали из геля с помощью набора CleanUp mini Kit (Евроген, Москва, Россия) в соответствии с инструкциями производителя и секвенировали в Евроген (Москва). Последовательности гена *COI* из 10 комаров были отредактированы вручную с помощью программы Chromas (technelysium.com), а затем выровнены с использованием MAFFT V.7 (https://mafft.cbrc.jp). Общая длина анализируемых последовательностей составила 1400 п.н.

Для рестрикционного анализа использовали амплифицированный фрагмент (5 мкл), полученный в реакции с праймерами 2027F и 2886R. Амплифицированные фрагменты расщепляли рестрикционной эндонуклеазой *Alu*I (Сибэнзим) в течение 2 часов при 37°C по инструкции. Результаты визуализировали с помощью электрофореза в 2%-ном агарозном геле.

Инфекцию *Wolbachia* у *Ae. albopictus* тестировали с использованием праймеров на ген *wsp* бактерии: 328F и 691R для штамма *w*AlbA и 183F и 691R для штамма *w*AlbB, как описано ранее [Zhou et al., 1998]. ПЦР проводили с использованием набора Encyclo Plus PCR kit (Evrogen, Россия). Качество выделенной ДНК проверялось амплификацией мтДНК. Образцы, отрицательные с праймерами *wsp*, но положительные с праймерами на *COI* мтДНК, считались неинфицированными. Все продукты ПЦР визуализировали при электрофорезе в 2%-ном агарозном геле.

Результаты

В 2025 г. было собрано 57 комаров *Ae. albopictus* [Патраман и др., 2026]. Мы определили последовательности гена *COI Ae. albopictus* размером 1400 п.н. у 10 особей из разных мест сбора и на разных стадиях развития (см. табл. 1).

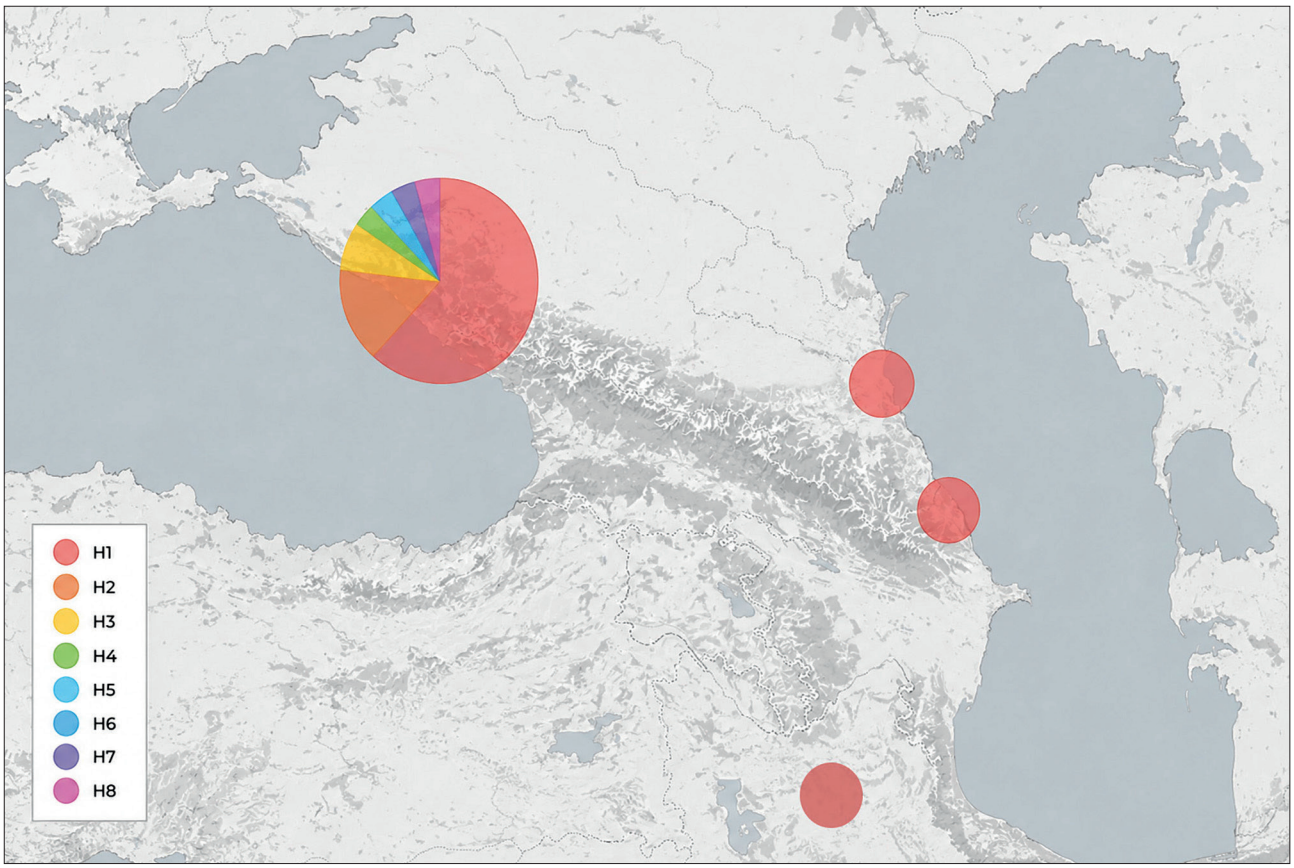

Рис. 1. Распространение *COI*-гаплотипа в Дагестане, Краснодарском крае и на севере Ирана. Данные из настоящей работы и публикаций [Shaikevich et al., 2023 и Azari-Hamidian et al., 2024]. На легенде цветом обозначены каждый из восьми обнаруженных ранее митохондриальных гаплотипов. H1, выявленный в данной работе в Дагестане, обозначен красным цветом.

Все последовательности гена *COI* оказались идентичны, митохондриальный гаплотип зарегистрирован в GenBank под номером PZ288178. Выявленные последовательности идентичны гаплотипу H1, одному из восьми обнаруженных нами в Краснодарском крае ранее [Shaikevich et al., 2023]. Распределение митохондриальных гаплотипов *Ae. albopictus* в регионе представлено на рис. 1.

Последовательности восьми гаплотипов гена *COI* мтДНК *Ae. albopictus,* обнаруженные нами в Краснодарском крае, различаются в сайте рестрикции *Alu*I:AG‘CT [Shaikevich et al., 2023]. После амплификации с праймерами 2027F и 2886R и последующей рестрикции с *Alu*I фрагмент, соответствующий гаплотипу H1, разрезался на фрагменты: 66, 102, 159, 223, 294 п.н. Ампликоны других гаплотипов (H2-H8) после рестрикции на геле были представлены фрагментами 42, 66, 102, 159, 223, 252 п.н. Таким образом, фрагмент 294 п.н. является определяющим для H1. ДНК всех 57 комаров были проверены рестрикцией, и все они показали одинаковый профиль рестрикции.

Вторым маркером для определения происхождения *Ae. albopictus* мы использовали определение штамма симбиотической бактерии *Wolbachia*. После ПЦР со специфическими праймерами среди 57 обследованных особей *Ae. albopictus* 55 (96,5%) показали положительный сигнал на *Wolbachia*. Из инфицированных у одной (1,8%) особи после амплификации размер ПЦР продукта равнялся 379 п.н., что указывает на инфицирование штаммом *w*AlbA. У 19 (34,5%) особей размер амплификата соответствовал 501 п.н., что указывало на штамм *w*AlbB. Суперинфекция обоими штаммами, *w*AlbA и *w*AlbB, обнаружилась у 35 (63,6%), на электрофорезе присутствовали оба фрагмента – 379 п.н. и 501 п.н. (см. табл. 1).

Обсуждение

Анализ нуклеотидных последовательностей длиной 1400 п.н. гена *COI*, полученных

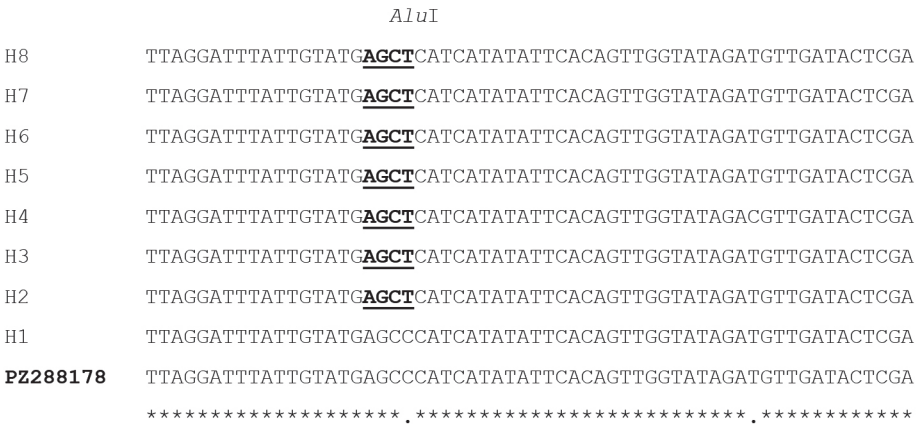

Рис. 2. Фрагмент последовательностей восьми гаплотипов гена *COI* мтДНК *Ae. albopictus* и различия в сайте рестрикции *Alu*I:AG‘CT.

от 10 образцов *Ae. albopictus*, собранных в сентябре 2025 г. в городах Махачкала и Дербент, выявил в популяции Дагестана только один гаплотип (PZ288178). Идентичный митохондриальный гаплотип H1 (MH817490) ранее был обнаружен в Краснодарском крае, от субтропических до умеренно континентальных климатических зон [Shaikevich et al., 2023]. Гаплотип H1 доминировал во всех исследованных местах в Краснодарском крае и был зарегистрирован с наибольшей частотой в районах с умеренным климатом, в Краснодаре, Усть-Лабинске и Адыгее [Shaikevich et al., 2023]. Рестрикционный анализ подтвердил, что все 57 исследуемых особей *Ae. albopictus* имеют одинаковую последовательность, которая отличается мутацией в сайте рестрикции *Alu*I от других семи мт-гаплотипов, выявленных нами ранее [Shaikevich et al., 2023]. Взрослые особи *Ae. albopictus* обладают низкой способностью к расселению, летят в среднем 200–500 м [Goubert et al., 2016]. Однако автомобильное сообщение способствует распространению инвазивных *Ae. albopictus* [Roche et al., 2015; Eritja et al., 2017]. Интенсивное движение транспорта по федеральной трассе М-29 «Кавказ», которая соединяет Краснодарский край с Дагестаном, вероятно, способствует пассивному распространению комаров.

Идентичные гаплотипу PZ288178 последовательности мтДНК выявлены среди *Ae. albopictus* на северо-западе Ирана на границе с Арменией и Азербайджаном и на побережье Каспийского моря в 2023 г. [Azari-Hamidian et al., 2024] и 2024 г. [Abbasi et al., 2025]. Номера последовательностей гена *COI* в ГенБанке PP564390 и PV017901 соответственно. Данный регион Ирана является важным транзитным узлом [Abbasi et al., 2025]. Результаты анализа гена *COI* предполагают две возможности интродукции *Ae. albopictus* в Дагестан: как с юга, так и с севера через транспортно-логистические потоки, а подходящие климатические условия способствуют укоренению инвазивной популяции *Ae. albopictus* в Дагестане.

Вторым маркером для определения происхождения *Ae. albopictus* было целесообразно использовать определение штамма *Wolbachia*. В североиранских популяциях *Ae. albopictus* обнаружен только один штамм *Wolbachia* – *w*AlbB [Karimian et al., 2026]. На российском побережье Кавказа у комаров *Ae. albopictus*, собранных в 2011, 2012, 2013 и 2016 гг., были обнаружены оба штамма, *w*AlbA и *w*AlbB [Шайкевич и др., 2018]. По результатам анализа *Ae. albopictus* в Дагестане инфицированы обоим штаммами *Wolbachia.* Большинство комаров, 35 из 57, имели суперинфекцию *w*AlbAB.

Гаплотип, идентичный H1, широко распространён в инвазивных популяциях *Ae. albopictus* [Zhong et al., 2013; Battaglia et al., 2016]. Обнаружение идентичных последовательностей гена *COI* как в Краснодарском крае, так и в Иране не даёт нам возможности сделать определённый вывод о происхождении дагестанских комаров. Но заражённость двумя штаммами *Wolbachia* указывает на

Краснодарское происхождение инвазивных *Ae. albopictus* в городах Махачкала и Дербент.

Быстрое и успешное распространение *Ae. albopictus* является результатом его экологической пластичности, быстрой адаптации к новым условиям среды и деятельности человека [Paupy et al., 2009; Федорова и др., 2019]. Самки питаются кровью широкого круга позвоночных животных, включая человека [Waldock et al., 2013]. Известно, что *Ae. albopictus* выживает при годовом количестве осадков около 500 мм, такое количество влаги поддерживает места его размножения. В районах с низким уровнем осадков он может размножаться в источниках воды, не зависящих от дождей, например в лужах, оставшихся после полива городских садов, или в вазах на кладбищах [Waldock et al., 2013]. В урбанистических районах яйца *Ae. albopictus*, отложенные в небольшие ёмкости, наполненные водой (контейнеры для хранения воды, жестяные банки, шины, миски), устойчивы к длительному высыханию и вылупляются постепенно, обеспечивая запас жизнеспособных яиц в случае повторных засушливых условий [Paupy et al., 2009; Waldock et al., 2013; Федорова и др., 2019]. В Дагестане личинки *Ae. albopictus* были обнаружены также в небольших ёмкостях на кладбищах [Патраман и др., 2026]. В умеренном климате вид зимует в виде диапаузирующих яиц, способных выживать при температуре –12°C в течение 1 часа [Thomas et al., 2012]. Побережье Каспийского моря Республики Дагестан по климатическим характеристикам является благоприятным регионом России для комаров *Ae. albopictus*. Годовая норма осадков составляет 400–450 мм. Средняя температура в зимний период редко опускается до отрицательных значений, что позволяет комарам *Ae. albopictus* переносить зимовку в стадии яйца и укорениться [Патраман и др., 2026]. Инфицированность комаров *Wolbachia* может способствовать расселению инвазивных комаров в Дагестане. Было отмечено, что у инфицированных *Wolbachia* самок *Ae. albopictus* увеличивается продолжительность жизни, повышается скорость откладки яиц, увеличивается вылупляемость яиц и плодовитость по сравнению с незаражёнными самками [Dobson et al., 2004; Islam and Dobson, 2006]. Находки инвазивных комаров *Ae. albopictus* в Дагестане в 2025 г. должны быть подтверждены и в 2026 г., чтобы говорить об установившейся перезимовавшей популяции. Вероятность передачи арбовирусов в континентальном климате связана с их завозом инфицированными путешественниками в районы с устоявшимися и активными популяциями компетентных комаров-переносчиков. Расселение активного переносчика возбудителей трансмиссивных заболеваний требует в дальнейшем тщательного энтомологического и эпидемиологического мониторинга.

Благодарности

Работа Шайкевич Е.В. была поддержана государственным заданием ИОГен РАН.

Конфликт интересов

Авторы заявляют, что у них нет конфликта интересов.

Соблюдение этических стандартов

Настоящая статья не содержит каких-либо исследований с использованием лабораторных животных в качестве объектов.

Литература

Бега А.Г., Москаев А.В., Гордеев М.И. Экология и распространение инвазивного вида комаров *Aedes albopictus* (Skuse, 1895) на юге Европейской части России // Российский журнал биологических инвазий. 2021. № 1. С. 27–38 [Bega A.G., Moskaev A.V., Gordeev M.I. Ecology and Distribution of the Invasive Mosquito Species *Aedes albopictus* (Skuse, 1895) in the South of the European Part of Russia // Russ J Biol Invasions. 2021. Vol. 12. P. 148–156. https://doi.org/10.1134/S2075111721020041].

Ганушкина Л.А., Морозов Е.Н., Патраман И.В., Вышемирский О.И. и др. Оценка риска возникновения арбовирусных инфекций в России // Мед. паразитол. 2017. № 1. С. 9–14.

Ганушкина Л.А., Таныгина Е.Ю., Безжонова О.В., Сергиев В.П. Об обнаружении комаров *Aedes* (Stegomyia) *albopictus* Skuse на территории Российской Федерации // Мед. паразитология и паразитар. болезни. 2012. № 1. С. 3–4 [Ganushkina L.A., Tanygina E.Yu., Bezzhonova O.V., Sergiev V.P. On the detection of *Aedes* (Stegomyia) *albopictus* Skuse mosquitoes in Russia // Med. Parazitol. Parazit. Bolezni. 2012. No. 1. P. 3–4 (in Russian)].

Забашта М.В. Расширение *Aedes* (Stegomyia) *albopictus* Skuse, 1885 на Черноморском побережье России //

Мед. паразитология и паразитар. болезни. 2016. № 3. С. 10–11 [Zabashta M.V. Expansion of the range of *Aedes* (Stegomyia) *albopictus* Skuse. 1895 on the Black Sea coast of Russia // Med. Parazitol. Parazit. Bolezni. 2016. No. 3. P. 10–11 (in Russian)].

Негоденко А.О., Лучинин Д.Н., Коновалов П.Ш., Павлюкова О.А., Скрынникова Е.А., Прилепская Д.Р., Молчанова Е.В., Баркова И.А., Викторов Д.В., Топорков А.В. Скрининг маркеров арбовирусных инфекций в образцах сывороток крови здоровых доноров на территории Волгоградской области // Инфекция и иммунитет. 2019. Т. 9, № 5–6. С. 743–749. DOI: 10.15789/2220-7619-2019-5-6-743-749 [Negodenkova A.O., Luchinin D.N., Konovalov P. Sh., Pavlyukova O.A., Skrynnikova E.A., Prilepskaya D.R., Molchanova E.V., Barkova I.A., Viktorov D.V., Toporkov A.V. A screening for serum markers of arbovirus infections in healthy blood donors from the Volgograd Region // Russian Journal of Infection and Immunity. 2019. Vol. 9, no. 5–6. P. 743–749. DOI: 10.15789/2220-7619-2019-5-6-743-749].

Патраман И.В., Сигидаев А.С, Морозов Е.Н., Мингалиев Р.А., Шайкевич Е.В. Обнаружение комаров *Aedes* (Stegomya) *albopictus* на Каспийском побережье северного Кавказа // Медицинская паразитология и паразитарные болезни. 2026. № 1. С. 3–6. DOI: 10.33092/0025-8326mp2026.1.3-6 [Patraman I.V., Sigidaev A.S., Morozov E.N., Mingaliev R.A., Shaikevich E.V. Detection of *Aedes (Stegomyia) albopictus* Skus mosquitoes on the Caspian coast of the North Caucasus // Meditsinskaya parazitologiya i parazitarnye bolezni. 2026. No. 1. P. 3–6. DOI: 10.33092/0025-8326mp2026.1.3-6 (in Russian)].

Федорова М.В., Швец О.Г., Медяник И.М., Шайкевич Е.В. Генетический анализ завозной популяции *Aedes albopictus* в Краснодарском крае // Паразитология. 2019. Т. 53(6). С. 518–528. DOI: 10.1134/S0031184719060073 [Fedorova M.V., Shvets O.G., Medyanik I.M., Shaikevich E.V. Genetic diversity of invasive *Aedes* (Stegomyia) *albopictus* (Skuse, 1895) population (Diptera, Culicidae) in Krasnodar region, Russia // Parazitologiia. 2019. Vol. 53(6). P. 518–528. DOI: 10.1134/ S0031184719060073 (in Russian)].

Федорова М.В., Швец О.Г., Юничева Ю.В., Медяник И.М., Рябова Т.Е., Отставнова А.Д. Современные границы распространения инвазивных комаров *Aedes* (Stegomyia) *aegypti* (L.,1762) и *Aedes* (Stegomyia) *albopictus* (Skuse, 1895) на юге Краснодарского края России // Проблемы особо опасных инфекций. 2018. № 2. С. 101–105. https://doi.org/10.21055/0370-1069-2018-2-101-105 [Fedorova M.V., Shvets O.G., Yunicheva Yu.V., Medyanik I.M., Ryabova T.E., Otstavnova A.D. Current boundaries of the spread of invasive mosquitoes *Aedes* (Stegomyia) *aegypti* (L., 1762) and *Aedes* (Stegomyia) *albopictus* (Skuse, 1895) in the south of Krasnodar region of Russia // Probl. Osobo Opasnykh Infekts. 2018. No. 2. P. 101–105 (in Russian)].

Шайкевич Е.В., Патраман И.В., Богачева А.С., Ракова В.М., Зеля О.П., Ганушкина Л.А. Инвазивные виды *Aedes albopictus* и *Aedes aegypti* на Черноморском побережье Краснодарского края: генетика (*COI*, ITS2), заражённость *Wolbachia* и *Dirofilaria* // Вавиловский журнал генетики и селекции. 2018. Т. 22(5). С. 574–585. DOI: 10.18699/VJ18.397 [Shaikevich E.V., Patraman I.V., Bogacheva A.S., Rakova V.M., Zelya O.P., Ganushkina L.A. Invasive mosquito species *Aedes albopictus* and *Aedes aegypti* on the Black Sea coast of the Caucasus: genetics (*COI*, ITS2), infection with *Wolbachia* and *Dirofilaria* // Vavilov Journal of Genetics and Breeding. 2018. Vol. 22(5). P. 574–585. DOI: 10.18699/VJ18.397].

Abbasi M., Yousefi S., Khayatzadeh S., Azarmi S., and Normandipour F. (2025). Detection of invasive *Aedes* mosquitoes (Diptera: Culicidae): a crucial alert for public health in Northwest of Iran // Archives of Public Health, 83(1), 288. https://doi.org/10.1186/s13690-025-01763-5

Ahmad N.A., Vythilingam I., Lim Y. a. L., Zabari N.Z. a. M., and Lee H.L. (2016). Detection of *Wolbachia* in *Aedes albopictus* and Their Effects on Chikungunya Virus // American Journal of Tropical Medicine and Hygiene, 96(1), 148–156. https://doi.org/10.4269/ajtmh.16-0516

Arulmukavarathan A., Gilio L.S., Hedrich N., Nicholas N., Reuland N.I., Sheikh A.R., Staub A., Trüb F.G., and Schlagenhauf P. (2024). Dengue in France in 2024 – A year of record numbers of imported and autochthonous cases // New Microbes and New Infections, 62, 101553. https://doi.org/10.1016/j.nmni.2024.101553

Azari-Hamidian S., Norouzi B., Maleki H., Rezvani S. M., Pourgholami M., and Oshaghi M.A. (2024). First record of a medically important vector, the Asian tiger mosquito *Aedes albopictus* (Skuse, 1895) (Diptera: Culicidae), using morphological and molecular data in northern Iran // Journal of Insect Biodiversity and Systematics, 10(4), 953–963. https://doi.org/10.61186/jibs.10.4.953

Battaglia V., Gabrieli P., Brandini S., Capodiferro M.R., Javier P.A., Chen X., Achilli A., Semino O., Gomulski L.M., Malacrida A.R., Gasperi G., Torroni A., and Olivieri A. (2016). The worldwide spread of the tiger mosquito as revealed by mitogenome haplogroup Diversity // Frontiers in Genetics, 7, 208. https://doi.org/10.3389/fgene.2016.00208

Chuchuy A., Rodriguero M.S., Ferrari W., Ciota A.T., Kramer L.D., and Micieli M.V. (2018). Biological characterization of *Aedes albopictus* (Diptera: Culicidae) in Argentina: implications for arbovirus transmission // Scientific Reports, 8(1), 5041. https://doi.org/10.1038/s41598-018-23401-7

Dobson S.L., Rattanadechakul W., and Marsland E.J. (2004). Fitness advantage and cytoplasmic incompatibility in Wolbachia single- and superinfected // Aedes albopictus. Heredity, 93(2), 135–142. https://doi.org/10.1038/sj.hdy.6800458

Eritja R., Palmer J R.B., Roiz D., Sanpera-Calbet I., and Bartumeus F. (2017). Direct Evidence of Adult *Aedes albopictus* Dispersal by Car // Scientific Reports, 7(1), 14399. https://doi.org/10.1038/s41598-017-12652-5

European Centre for Disease Prevention and Control and European Food Safety Authority. Mosquito maps [internet]. Stockholm: ECDC. 2025. Available from: https://ecdc.europa.eu/en/disease-vectors/surveillance-and-disease-data/mosquito-maps

European Centre for Disease Prevention and Control (2026a). Available at: https://www.ecdc.europa.eu/en/publications-data/

European Centre for Disease Prevention and Control (2026b). Available at: https://www.ecdc.europa.eu/en/disease-vectors/facts/mosquito-factsheets/aedes-albopictus

Folmer O., Black M., Hoeh W., Lutz R., and Vrijenhoek R. (1994). DNA primers for amplification of mitochondrial cytochrome c oxidase subunit I from diverse metazoan invertebrates // Molecular marine biology and biotechnology, 3(5), 294–299.

Ganushkina L.A., Patraman I.V., Rezza G., Migliorini L., Litvinov S.K., and 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. https://doi.org/10.1089/vbz.2014.1761

Gizaw Z., Salubi E., Pietroniro A., and Schuster-Wallace C.J. (2024). Impacts of climate change on water-related mosquito-borne diseases in temperate regions: A systematic review of literature and meta-analysis // Acta Tropica, 258, 107324. https://doi.org/10.1016/j.actatropica.2024.107324

Goubert C., Minard G., Vieira C., and Boulesteix M. (2016). Population genetics of the Asian tiger mosquito *Aedes albopictus*, an invasive vector of human diseases // Heredity, 117(3), 125–134. https://doi.org/10.1038/hdy.2016.35

Islam M.S., and Dobson S.L. (2006). Wolbachia effects on *Aedes albopictus* (Diptera: Culicidae) immature survivorship and development // Journal of medical entomology, 43(4), 689–695. https://doi.org/10.1603/0022-2585(2006)43[689:weoaad]2.0.co;2

Karimian F., Rahimy S., Yousefi H., Salehi-Vaziri M., Raz A., Pouriayevali M.H., Moradi-Asl E., and Maleki-Ravasan N. (2026). Natural infection of *Aedes albopictus* with the *w*AlbB strain and *Ae. aegypti* with the wPip strain of Wolbachia in Iran // Scientific Reports, 16(1). https://doi.org/10.1038/s41598-026-40993-7

Kutateladze T., Zangaladze E., Dolidze N., Mamatsashvili T., Tskhvaradze L., Andrews E.S., and Haddow A.D. (2016). First Record of *Aedes albopictusin* Georgia and Updated Checklist of Reported Species // Journal of the American Mosquito Control Association, 32(3), 230–233. https://doi.org/10.2987/16-6574.1

Lwande O.W., Obanda V., Lindström A., Ahlm C., Evander M., Näslund J., and Bucht G. (2019). Globe-Trotting *Aedes aegypti* and *Aedes albopictus*: Risk Factors for Arbovirus Pandemics // Vector-Borne and Zoonotic Diseases, 20(2), 71–81. https://doi.org/10.1089/vbz.2019.2486

Oter K., Gunay F., Tuzer E., Linton Y., Bellini R., and 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), 753–761. https://doi.org/10.1089/vbz.2012.1093

Paronyan L., Babayan L., Manucharyan A., Manukyan D., Vardanyan H., Melik-Andrasyan G., Schaffner F., and Robert V. (2020). The mosquitoes of Armenia: review of knowledge and results of a field survey with first report of *Aedes albopictus* // Parasite, 27, 42. https://doi.org/10.1051/parasite/2020039

Paupy C., Delatte H., Bagny L., Corbel V., and Fontenille D. (2009). *Aedes albopictus*, an arbovirus vector: From the darkness to the light // Microbes and Infection, 11(14–15), 1177–1185. https://doi.org/10.1016/j.micinf.2009.05.005

Petrosyan V., Krivosheina M., Dergunova N. et al. Climate change intensifies global threats posed by the invasive Asian tiger mosquito *Aedes albopictus* in the 21st century // Theor Appl Climatol, 157, 341 (2026). https://doi.org/10.1007/s00704-026-06251-6

Roche B., Léger L., L'Ambert G., Lacour G., Foussadier R., Besnard G., Barré-Cardi H., Simard F., and Fontenille D. (2015). The Spread of *Aedes albopictus* in Metropolitan France: Contribution of Environmental Drivers and Human Activities and Predictions for a Near Future // PLoS ONE, 10(5), e0125600. https://doi.org/10.1371/journal.pone.0125600

Rothman S.E., Jones J.A., LaDeau S.L., and Leisnham P.T. (2020). Higher West Nile Virus Infection in *Aedes albopictus* (Diptera: Culicidae) and *Culex* (Diptera: Culicidae) Mosquitoes from Lower Income Neighborhoods in Urban Baltimore, MD // Journal of Medical Entomology, 58(3), 1424–1428. https://doi.org/10.1093/jme/tjaa262

Saifullin M.A., Laritchev V.P., Grigorieva Y.E., Zvereva N.N., Domkina A.M., Saifullin R.F., Bazarova M.V., Akinshina Y.A., Karan L.S., and Butenko A.M. (2018). Two Cases of Dengue Fever Imported from Egypt to Russia, 2017 // Emerging Infectious Diseases, 24(4), 813–814. https://doi.org/10.3201/eid2404.172131

Shaikevich E., Karan L., and Fedorova M. (2023). Genetic Structure of *Aedes* (Stegomyia) *albopictus* Populations in Russia // Journal of Arthropod-borne Diseases, 17(1), 51–62. https://doi.org/10.18502/jad.v17i1.13201

Thomas S.M., Obermayr U., Fischer D., Kreyling J., and Beierkuhnlein C. (2012). Low-temperature threshold for egg survival of a post-diapause and non-diapause European aedine strain, *Aedes albopictus* (Diptera: Culicidae) // Parasites and Vectors, 5(1), 100. https://doi.org/10.1186/1756-3305-5-100

Waldock J., Chandra N. L., Lelieveld J., Proestos Y., Michael E., Christophides G., and Parham P.E. (2013). The role of environmental variables on *Aedes albopictus* biology and chikungunya epidemiology // Pathogens and Global Health, 107(5), 224–241. https://doi.org/10.1179/2047773213y.0000000100

Zhong D., Lo E., Hu R., Metzger M.E., Cummings R., Bonizzoni M., Fujioka K.K., Sorvillo T.E., Kluh S., Healy S.P., Fredregill C., Kramer V.L., Chen X., and 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. https://doi.org/10.1371/journal.pone.0068586

Zhou W., Rousset F., and O'Neill S. (1998). Phylogeny and PCR-based classification of *Wolbachia* strains using wsp gene sequences // Proceedings of the Royal Society B: Biological Sciences, 265(1395), 509–515. https://doi.org/10.1098/rspb.1998.0324

PHYLOGEOGRAPHY AND ORIGIN OF THE ASIAN TIGER MOSQUITO *AEDES ALBOPICTUS* (DIPTERA: CULICIDAE) POPULATION IN DAGESTAN

©2026 Shaikevich E.V.[1*], Patraman I.V.[2]**

[1] N.I. Vavilov Institute of General Genetics of the Russian Academy of Sciences, 119991, Russian Federation
[2] I.M. Sechenov First Moscow State Medical University, Ministry of Healthcare of the Russian Federation (Sechenov University), 119048, Russian Federation
email: **elenashaikevich@mail.ru*; ***ivanpatraman@gmail.com*

In 2025, *Aedes albopictus* (Diptera: Culicidae) mosquitoes were detected on the Caspian Sea coast, specifically in Makhachkala and Derbent for the first time. The range expansion of the invasive mosquito *Ae. albopictus* occurs continuously worldwide, typically facilitated by transport networks. The introduction of *Ae. albopictus* into Dagestan may originate from the regions with established populations: from the Krasnodar Territory to the north, and from Iran along the Caspian coast to the south. The aim of this study was to determine the phylogenetic relationships between the newly emerged Dagestan population of *Ae. albopictus* and mosquitoes from neighboring regions to trace the origin of this new invasive population. An analysis of a 1400-bp fragment of the mitochondrial DNA cytochrome c oxidase subunit I gene was performed. Identical sequences were identified among individuals collected from the three sampling sites in Dagestan. Restriction fragment length polymorphism analysis confirmed that the mtDNA of all 57 specimens belonged to the H1 haplotype. Screening for the endosymbiotic bacterium *Wolbachia* in the 57 examined *Ae. albopictus* specimens revealed the presence of two strains, wAlbA and wAlbB. While both bacterial strains occur in the Russian Federation, only one is found in Iran. Genetic analysis confirms that the Dagestan population is closely related to the *Ae. albopictus* population from the Krasnodar ~~Krai~~ Territory.

Key words: invasive mosquitoes, mtDNA polymorphism, symbiotic bacterium *Wolbachia.*