

ИЗМЕНЧИВОСТЬ ГЕНОМА ЭНДОСИМБИОТИЧЕСКИХ БАКТЕРИЙ *Wolbachia* В ИНВАЗИВНЫХ ПОПУЛЯЦИЯХ АЗИАТСКОГО ТИГРОВОГО КОМАРА *Aedes albopictus* ЮГА РОССИИ

© 2022 г. Е. А. Коноров^{1, 2, *}, А. Н. Лукашев³, Н. Ю. Оюн^{3, 4, 5}

¹Институт общей генетики им. Н.И. Вавилова Российской академии наук, Москва, 119991 Россия

²Федеральный научный центр пищевых систем им. В.М. Горбатова Российской академии наук, Москва, 109316 Россия

³Институт медицинской паразитологии, тропических и трансмиссивных заболеваний им. Е.И. Марциновского Первого Московского государственного медицинского университета им. И.М. Сеченова, Москва, 119435 Россия

⁴Московский государственный университет им. М.В. Ломоносова, Москва, 119991 Россия

⁵Национальный исследовательский центр эпидемиологии и микробиологии имени почетного акад. Н.Ф. Гамалеи, Москва, 123098 Россия

*e-mail: casqy@yandex.ru

Поступила в редакцию 10.05.2021 г.

После доработки 22.06.2021 г.

Принята к публикации 29.06.2021 г.

Для изучения роли *Wolbachia* в продвижении азиатского тигрового комара *Aedes albopictus* в местообитания с более холодным климатом исследована изменчивость генома бактерий в популяциях комаров Краснодарского края. Было обнаружено, что относительное количество *Wolbachia* у комаров из г. Краснодара выше, чем у комаров из г. Сочи. По результатам филогенетического анализа все представители *Wolbachia* принадлежат к линии wAlbB, для которой ранее отмечалось увеличение приспособленности хозяина в условиях низких температур. Геномы *Wolbachia* из выборок Сочи отличались от геномов из выборок Краснодара по частотам аллелей SNP, расположенных в транспозазах семейства IS982 и обратных транскриптазах интронов группы II.

Ключевые слова: эндосимбионты, *Wolbachia*, *Aedes albopictus*, симбиотическая адаптация.

DOI: 10.31857/S0016675822020060

Азиатский тигровый комар *Aedes albopictus* является основным переносчиком лихорадки Денге, а также потенциальным переносчиком желтой лихорадки и Чикугуньи. На территории Российской Федерации он был впервые обнаружен в 2011 г. [1] в г. Сочи, с тех пор распространился по побережью [2] и вглубь Краснодарского края [3]. В Краснодарском крае отмечены завозные случаи лихорадки Денге, а в ходе мониторинга в отдельных случаях выявлена РНК возбудителя в комарах [4], однако сообщений о существовании очагов с местной передачей вируса на сегодняшний день нет.

Wolbachia – внутриклеточные бактерии, найденные в клетках членистоногих и нематод, чьи взаимоотношения с хозяином варьируют от паразитических до мутуалистических. Их обнаруживают в более чем 65% видов насекомых [5]. *Wolbachia* развили различные способы так называемого репродуктивного паразитизма, такие как цитоплазматическая несовместимость, индукция партеногенеза и феминизация самцов [6] для того, чтобы улучшить передачу бактерии зараженными

самками. Заражение некоторыми линиями паразитических *Wolbachia* было предложено и проверено в полевых условиях в качестве средства борьбы с комарами рода *Aedes*, понижающего продолжительность жизни и жизнеспособность яиц [7, 8]. Заражение *Wolbachia* не критически уменьшает приспособленность комаров, но уменьшает продолжительность их жизни, таким образом сокращая возможности передачи лихорадок Денге, Чикугунья, а также малярии [9, 10].

Как уже было отмечено, *Wolbachia* могут вступать в мутуалистические отношения с насекомым. Для *A. albopictus* было отмечено, что помимо цитоплазматической несовместимости *Wolbachia* может повышать приспособленность самок, повышая их плодовитость [11]. Некоторые линии *Wolbachia* повышают устойчивость своего хозяина к низким температурам [12]. В том числе это показано на комарах из рода *Aedes*, для которых особи, зараженные линией *Wolbachia* wAlbB, демонстрировали большую приспособленность в условиях низких температур по сравнению с незараженными [13].

Таблица 1. Результаты картирования чтений на сборку генома *Wolbachia*

	Среднее покрытие	Сайты генома с покрытием, %	Чтения <i>Wolbachia</i> по отношению к общему числу чтений на одну особь <i>Ae. albopictus</i> , %
Sochi_1	154×	97.9	0.012
Sochi_2	131×	95.3	0.018
Sochi_3	51×	96.8	0.005
Krasnodar_4	314×	98.7	0.019
Krasnodar_5	676×	99.8	0.038
Krasnodar_6	638×	99.7	0.039

В комарах *Ae. albopictus*, собранных с побережья Краснодарского края, были найдены ранее две линии *Wolbachia*: wAlbA и wAlbB [14]. На основе данных полногеномного секвенирования комаров из Краснодара и Сочи [15] проведен анализ изменчивости геномов *Wolbachia* с целью обнаружить различия между линиями из локаций с разными климатическими условиями и предположить роль *Wolbachia* в продвижении *Ae. albopictus* в местообитания с более холодным климатом.

МАТЕРИАЛЫ И МЕТОДЫ

Данные секвенирования шести пулированных образцов комаров *Ae. albopictus* были получены из базы данных NCBI Sequence Read Archive, идентификаторы образцов SRR13570421–SRR13570426 [15]. Образцы представляли собой выделенную геномную ДНК из группы самок имаго (17–42 особей), собранных в трех локациях (удаленных друг от друга более, чем на 10 км) на территории Сочи и в трех локациях на территории Краснодара. Координаты мест сбора выборок: Sochi_1 – 43.43 N 39.96 E; Sochi_2 – 43.59 N 39.75 E; Sochi_3 – 43.68 N 39.77 E; Krasnodar_4 – 45.02 N 39.03 E; Krasnodar_5 – 45.00 N 38.93 E; Krasnodar_6 – 45.08 N 38.93 E.

Адаптеры и нуклеотиды с качеством прочтения меньшим 20, были отфильтрованы с помощью Trimmomatic v.0.38 с параметрами командной строки: LEADING:3 TRAILING:3 SLIDINGWINDOW:4:20 MINLEN:80 [16]. Отфильтрованные чтения были картированы с помощью BBMap [17] на сборку генома (RefSeq ID: GCF_004795415.1) *Wolbachia* эндосимбионта *Ae. albopictus* [18] отдельно для образцов из Сочи и Краснодара.

Для филогенетического анализа были отображены картированные чтения на ген поверхностного белка *wsp* *Wolbachia*, далее с помощью программы RegressHaplo [19] были выявлены гаплотипы данного гена и их частоты у *Wolbachia* из популяций Сочи и Краснодара. Обнаруженные гаплотипы и последовательности *wsp*, выделенных из других двукрылых, были выровнены с помощью MAFFT

[20] с параметрами max iterate 1000, localpair. Отдельно для разных позиций в кодоне была подобрана модель замен с помощью PartitionFinder [21], и на основании подобранной модели была реконструирована филогения байесовским методом с помощью Mr.Bayes [22], ngen = 2000000.

Для выявления полиморфных сайтов в геноме *Wolbachia* мы использовали пакет poolstat [23]. Для анализа главных компонент мы использовали ковариационную матрицу, вычисленную с помощью байесовского иерархического моделирования в программе BAYPASS [24].

РЕЗУЛЬТАТЫ

По результатам картирования среднее покрытие геномов *Wolbachia* каждого из образцов составило 51–676× (табл. 1). Для всех выборок доля позиций в геноме, на которые было картировано хотя бы одно чтение, превышала 95%. В образцах, собранных в Краснодаре, доля чтений *Wolbachia* относительно общего числа чтений (табл. 1) была выше, чем в образцах из Сочи ($U_{эмп} = 0$, $p < 0.01$, критерий Манна–Уитни).

Было обнаружено 95 SNP, большинство из них располагалось в транспозазах и в обратных транскриптазах интронов типа II (табл. 2), которые находились на границах скаффолдов сборки GCF_004795415. Большая часть изменчивости наблюдалась внутри выборок Krasnodar_5 и Krasnodar_6, в то время как выборки из Сочи были мономорфны внутри генов транспозаз и обратных транскриптаз.

Изменчивости в генах *cidB* и *cidA* не было обнаружено.

Был обнаружен один общий гаплотип S/K1 гена *wsp*, распространенный в 87.7% геномах *Wolbachia*, эндосимбионтов *Ae. albopictus* из Сочи и в 86.7% Краснодара. Остальные гаплотипы отличались от него делецией одного из кодонов. Частота гаплотипа S2 в выборках Сочи составила 6.66%, гаплотипа S3 – 5.58%. В выборках из Краснодара встречались гаплотипы K2 (8.28%) и K3 (4.96%).

Таблица 2. Обнаруженные SNP в генах транспозаз и обратных транскриптаз

Ген	Скаффолд	Описание	Число SNP в данном гене	В каких выборках наблюдается полиморфизм
EJE47_06510	RWIK01000012	Group II intron reverse transcriptase/maturase	2	Krasnodar_5 и Krasnodar_6
EJE47_RS03060	RWIK01000004	IS982 family transposase	2	Все, кроме Sochi_2
EJE47_RS05180	RWIK01000007	IS982 family transposase	10	Krasnodar_5 и Krasnodar_6
EJE47_RS05190	RWIK01000008	Transposase	7	Krasnodar_5 и Krasnodar_6
EJE47_RS06905	RWIK01000015	IS982 family transposase	3	Krasnodar_5 и Krasnodar_6
EJE47_04765	RWIK01000006	IS982 family transposase	9	Krasnodar_5 и Krasnodar_6
EJE47_RS00005	RWIK01000001	Transposase	2	Krasnodar_5 и Krasnodar_6
EJE47_RS03760	RWIK01000005	IS982 family transposase	9	Krasnodar_5 и Krasnodar_6
EJE47_RS03765	RWIK01000005	Group II intron reverse transcriptase/maturase	19	Krasnodar_5 и Krasnodar_6
EJE47_05615	RWIK01000009	IS982 family transposase	4	Все выборки из Краснодара
EJE47_RS05830	RWIK01000010	IS982 family transposase	7	Krasnodar_5 и Krasnodar_6
EJE47_RS06075	RWIK01000010	Group II intron reverse transcriptase/maturase	3	Krasnodar_5 и Krasnodar_6
EJE47_RS06315	RWIK01000011	Group II intron reverse transcriptase/maturase	1	Krasnodar_5 и Krasnodar_6
EJE47_RS07085	RWIK01000017	Helix-turn-helix domain-containing protein	4	Krasnodar_5 и Krasnodar_6

Все перечисленные гаплотипы относились к супергруппе В, то есть к штамму wAlbB (рис. 1).

Анализ главных компонент на основе байесовского иерархического моделирования выявил различия между геномами *Wolbachia* из популяций Сочи и Краснодара (см. рис. 2). Основная часть различий между популяциями, как было отмечено выше, обусловлена различиями в частотах SNP в мобильных элементах.

ОБСУЖДЕНИЕ

В предыдущих исследованиях частоты зараженности *Wolbachia* комаров *Ae. albopictus* с побережья Черного моря России у 56% насекомых был найден хотя бы один из штаммов [25]. В то время как ранее встречались две линии *Wolbachia* (wAlbA и wAlbB), в том числе в 20% случаев обнаруживалось суперзаражение обеими линиями [14], в исследованных нами пулах комаров были обнаружены лишь бактерии wAlbB. Из-за особенностей подхода пулированного секвенирования невозможно оценить точное количество зараженных особей в каждой из выборок, но можно отметить, что относительное количество *Wolbachia* у комаров из Краснодара выше, чем у комаров из Сочи. Подобная ситуация наблюдалась на большем количестве точек сбора и климатических зон в Ки-

тае, где при продвижении от тропической зоны до умеренной увеличивалась зараженность комаров *Wolbachia* [26]. С одной стороны, данный факт вызывает беспокойство, поскольку представители этого рода, переносчики арбовирусов *Ae. aegypti*, зараженные *Wolbachia* линии wAlbB, обладают большей плодовитостью в условиях более низких температур [13]. Таким образом, увеличение зараженности бактериями может указывать на их возможный вклад в климатическую адаптацию и продвижение *Ae. albopictus* глубже в умеренные широты. С другой стороны, *Wolbachia* ограничивает передачу вируса лихорадки Денге, уменьшая его концентрацию в слюнных железах [27], что показано в том числе и в природных популяциях *Ae. aegypti* [28].

Мы изучили последовательности генов *cidB* и *cidA* *Wolbachia* из *Ae. albopictus*, поскольку было показано, что изменчивость в них коррелирует с фенотипическим разнообразием по цитоплазматической несовместимости у комаров *Culex pipiens* [29]. Ни одного полиморфного сайта в генах *cidB* и *cidA* не обнаружено, поэтому можно предположить, что нет изменчивости по цитоплазматической несовместимости у зараженных *Wolbachia* комаров *Ae. albopictus* из изученных выборок.

Самый распространенный гаплотип гена *wsp* в наших образцах был идентичен гаплотипу из

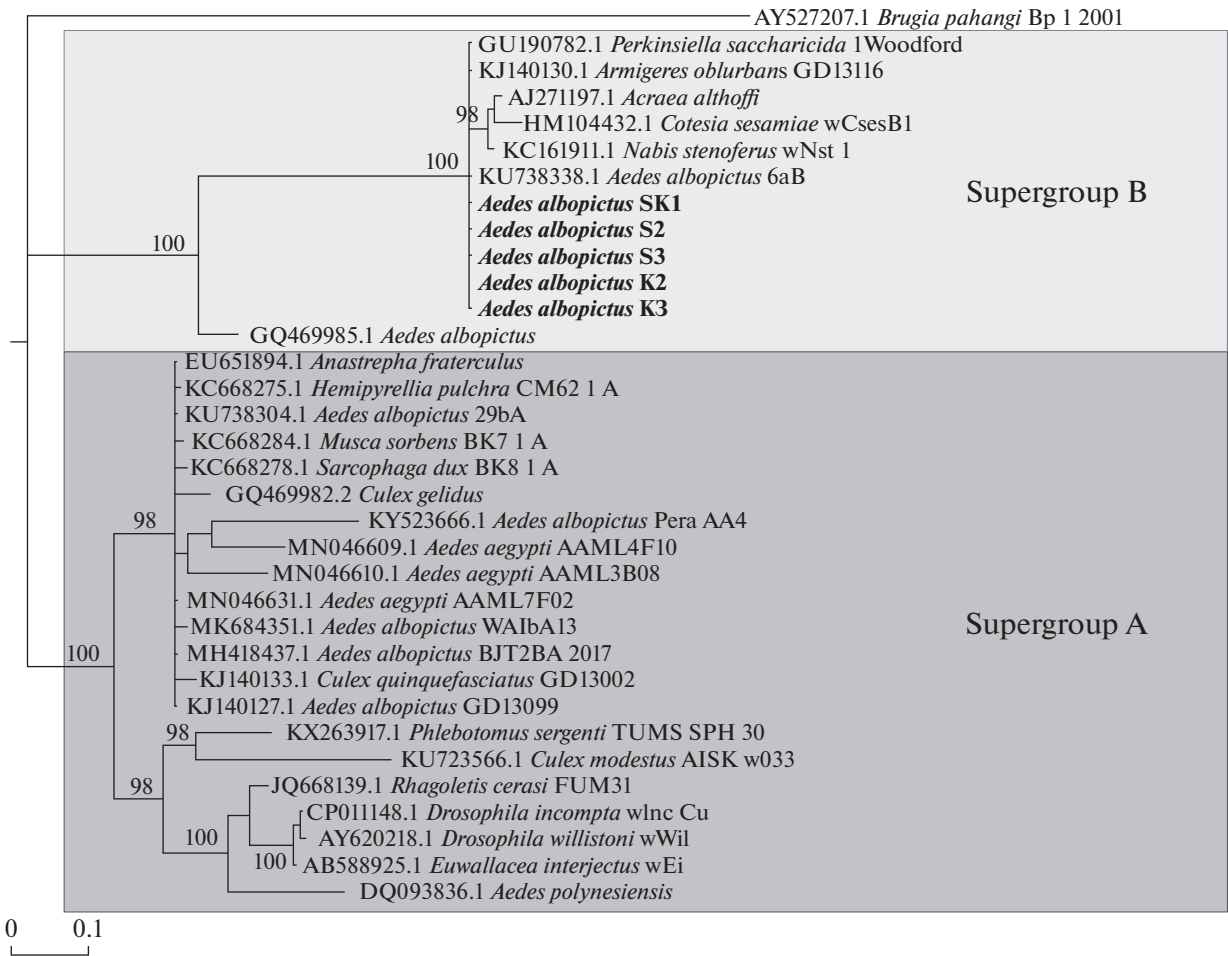


Рис. 1. Байесовское филогенетическое дерево *Wolbachia* двукрылых, построенное по выравниванию последовательностей гена *wsp*. Образцы из данного исследования выделены жирным.

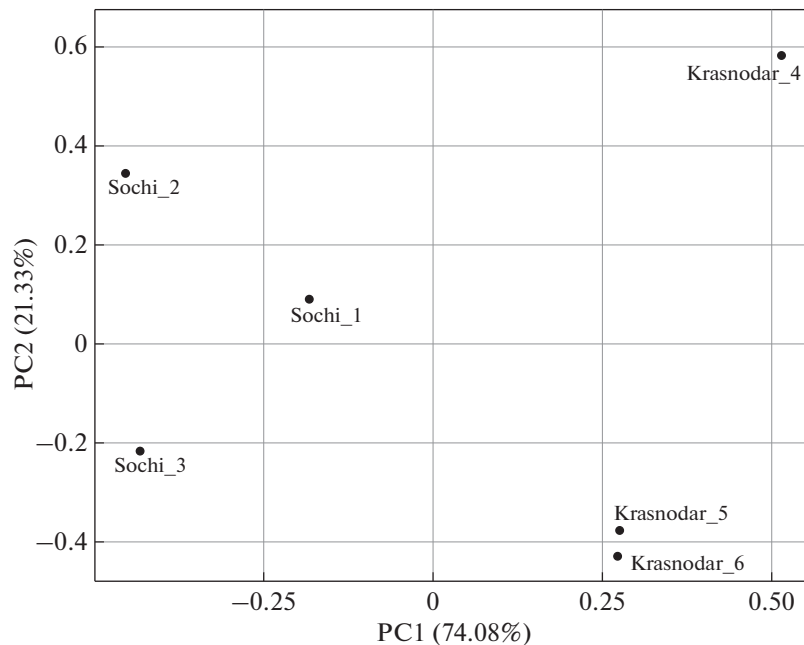


Рис. 2. Результаты анализа главных компонент на основании ковариационной матрицы, вычисленной с помощью байесовского иерархического моделирования.

сборки генома *Wolbachia* с GenBank ID CP031221.1, которая была выделена из клеточной линии Aa23 [30]. Остальные гаплотипы не обладали 100% идентичностью ни с одной из последовательностей из GenBank, но также относились к супергруппе В. *Wolbachia* из выборок Сочи существенно отличались от выборок Краснодара по первой главной компоненте (рис. 2). Большая часть этих различий представляет собой разницу в частотах аллелей по SNP, расположенных в транспозазах семейства IS982 и обратных транскриптазах интронов группы II. Известные геномы wAlbV содержат большее количество IS-элементов семейства IS982, чем все остальные геномы *Wolbachia* [18, 30]. Предполагается, что экспансия IS-элементов у *Wolbachia* может быть недавним, возможно продолжающимся до сих пор событием, при этом сопровождающимся горизонтальным переносом от разных линий и псевдогенизацией [31]. Можно предположить, что IS-элементы накапливали замены в ходе перемещения по геному с последующей псевдогенизацией, вызывая изменения в окружающих точку инсерции генах.

В данной работе мы показали, что комары *Ae. albopictus* из Сочи и Краснодара отличаются по степени зараженности *Wolbachia*, а также что геномы *Wolbachia* из этих образцов отличаются по частотам аллелей SNP, по большей части расположенных в IS-элементах. Предполагаем, что дополнительные исследования особей из промежуточных точек сбора между Краснодаром и Сочи позволят подтвердить зависимость частоты заражения *Wolbachia* от среднегодовой температуры.

Работа выполнена при поддержке РФФИ № 19-75-00091 от 09.08.2019.

Все применимые международные, национальные и/или институциональные принципы ухода и использования животных были соблюдены.

Авторы заявляют, что у них нет конфликта интересов.

СПИСОК ЛИТЕРАТУРЫ

1. Ганушкина Л.А., Таныгина Е.Ю., Безжонова О.В., Сергиев В.П. Об обнаружении комаров *Aedes* (*Stegomyia*) *albopictus* Skus. на территории Российской Федерации // Мед. паразит. и паразитарные болезни. 2012. № 1. С. 3–4.
2. Ganushkina L.A., Patraman I.V., Rezza G. et al. Detection of *Aedes aegypti*, *Aedes albopictus*, and *Aedes koreicus* in the Area of Sochi, Russia // Vector-Borne and Zoonotic Diseases. 2016. V. 16. № 1. P. 58–60. <https://doi.org/10.1089/vbz.2014.1761>
3. Федорова М.В., Швеиц О.Г., Юничева Ю.В. и др. 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>
4. Гальцева Г.В., Малай В.И., Швеиц О.Г. и др. Завоз геморрагической лихорадки Денге на территорию Краснодарского края // Инфекция и иммунитет. 2017. № 5. С. 415.
5. Hilgenboecker K., Hammerstein P., Schlattmann P. et al. How many species are infected with *Wolbachia*? – a statistical analysis of current data // FEMS Microbiology Letters. 2008. V. 281. № 2. P. 215–220. <https://doi.org/10.1111/j.1574-6968.2008.01110.x>
6. Горячева И.И. Бактерии рода *Wolbachia* – репродуктивные паразиты членистоногих // Усп. совр. биологии. 2004. Т. 124. № 3. С. 246–259.
7. McMeniman C.J., Lane R.V., Cass B.N. et al. Stable introduction of a life-shortening *Wolbachia* infection into the mosquito *Aedes aegypti* // Science. 2009. V. 323. № 5910. P. 141–144. <https://doi.org/10.1126/science.1165326>
8. Ritchie S.A., Townsend M., Paton C.J. et al. Application of wMel Pop *Wolbachia* strain to crash local populations of *Aedes aegypti* // PLoS Negl. Trop. Dis. 2015. V. 9. № 7. P. e0003930. <https://doi.org/10.1371/journal.pntd.0003930>
9. Moreira L.A., Iturbe-Ormaetxe I., Jeffery J.A. et al. A *Wolbachia* symbiont in *Aedes aegypti* limits infection with dengue, Chikungunya, and *Plasmodium* // Cell. 2009. V. 139. № 7. P. 1268–1278. <https://doi.org/10.1038/nature10355>
10. Hoffmann A.A., Montgomery B.L., Popovici J. et al. Successful establishment of *Wolbachia* in *Aedes* populations to suppress dengue transmission // Nature. 2011. V. 476. № 7361. P. 454–457. <https://doi.org/10.1038/nature10356>
11. Dobson S.L., Rattanadechakul W., Marsland E.J. Fitness advantage and cytoplasmic incompatibility in *Wolbachia* single- and superinfected *Aedes albopictus* // Heredity. 2004. V. 93. № 2. P. 135–142. <https://doi.org/10.1038/sj.hdy.6800458>
12. Mazzucco R., Nolte V., Vijayan T., Schlotterer C. Long-term dynamics among *Wolbachia* strains during thermal adaptation of their *Drosophila melanogaster* hosts // Frontiers in Genetics. 2020. V. 11. P. 482. <https://doi.org/10.3389/fgene.2020.00482>
13. Lau M.J., Ross P.A., Endersby-Harshman N.M., Hoffmann A.A. Impacts of low temperatures on *Wolbachia* (Rickettsiales: Rickettsiaceae)-infected *Aedes aegypti* (Diptera: Culicidae) // J. Med. Entomol. 2020. V. 57. № 5. P. 1567–1574. <https://doi.org/10.1093/jme/tjaa074>
14. Shaikovich E.V., Patraman I.V., Bogacheva A.S. et al. Invasive mosquito species *Aedes albopictus* and *Aedes aegypti* on the Black Sea coast of the Caucasus: genetics (COI, ITS2), *Wolbachia* and *Dirofilaria* infections // Vavilov Journal of Genetics and Breeding. 2018. V. 22. № 5. P. 574–585. <https://doi.org/10.18699/VJ18.397>
15. Konorov E.A., Patraman I.V., Yurchenko V. et al. Role of genetic drift and genomic selection on differentiation and local adaptation of *Aedes albopictus* introduced populations in southern Russia // PeerJ. 2021. V. 9. P. e11776 <https://doi.org/10.7717/peerj.11776>
16. Bolger A.M., Lohse M., Usadel B. Trimmomatic: a flexible trimmer for Illumina sequence data // Bioinformatics. 2014. V. 30. № 15. P. 2114–2120. <https://doi.org/10.1093/bioinformatics/btu170>

17. *Bushnell B.* BBMap: A Fast, Accurate, Splice-Aware Aligner. Lawrence Berkeley National Lab. (LBNL), Berkeley, CA (United States), 2014. № LBNL-7065E.
18. *Lefoulon E., Vaisman N., Frydman H.M. et al.* Large enriched fragment targeted sequencing (LEFT-SEQ) applied to capture of *Wolbachia* genomes // *Scientific Reports*. 2019. V. 9. № 1. P. 1–10. <https://doi.org/10.1038/s41598-019-42454-w>
19. *Leviyang S., Griva I., Ita S., Johnson W.E.* A penalized regression approach to haplotype reconstruction of viral populations arising in early HIV/SIV infection // *Bioinformatics*. 2017. V. 33. № 16. P. 2455–2463. <https://doi.org/10.1093/bioinformatics/btx187>
20. *Katoh K., Standley D.M.* MAFFT multiple sequence alignment software version 7: improvements in performance and usability // *Mol. Biol. Evol.* 2013. V. 30. № 4. P. 772–780. <https://doi.org/10.1093/nar/gki198>
21. *Lanfear R., Frandsen P.B., Wright A.M. et al.* Partition-Finder 2: new methods for selecting partitioned models of evolution for molecular and morphological phylogenetic analyses // *Mol. Biol. Evol.* 2017. V. 34. № 3. P. 772–773. <https://doi.org/10.1093/molbev/msw260>
22. *Huelsenbeck J.P., Ronquist F.* MRBAYES: Bayesian inference of phylogenetic trees // *Bioinformatics*. 2001. V. 17. № 8. P. 754–755. <https://doi.org/10.1093/bioinformatics/17.8.754>
23. *Hivert V., Leblois R., Petit E.J. et al.* Measuring genetic differentiation from Pool-seq data // *Genetics*. 2018. V. 210. № 1. P. 315–330. <https://doi.org/10.1534/genetics.118.300900>
24. *Gautier M.* Genome-wide scan for adaptive divergence and association with population-specific covariates // *Genetics*. 2015. V. 201. № 4. P. 1555–1579. <https://doi.org/10.1534/genetics.115.181453>
25. *Shaikevich E., Bogacheva A., Ganushkina L.* *Dirofilaria* and *Wolbachia* in mosquitoes (Diptera: Culicidae) in central European Russia and on the Black Sea coast // *Parasite*. 2019. V. 26. P. 2. <https://doi.org/10.1051/parasite/2019002>
26. *Hu Y., Liu X., Wang J. et al.* Identification and molecular characterization of *Wolbachia* strains in natural populations of *Aedes albopictus* in China // *Parasites & Vectors*. 2020. V. 13. № 1. P. 1–14. <https://doi.org/10.1186/s13071-020-3899-4>
27. *Mousson L., Zouache K., Arias-Goeta C. et al.* The native *Wolbachia* symbionts limit transmission of dengue virus in *Aedes albopictus* // *PLoS Negl. Trop. Dis.* 2012. V. 6. № 12. P. e1989. <https://doi.org/10.1371/journal.pntd.0001989>
28. *Ahmad N.A., Mancini M.V., Ant T.H. et al.* *Wolbachia* strain wAlbB maintains high density and dengue inhibition following introduction into a field population of *Aedes aegypti* // *Philosophical Transactions of the Royal Society B*. 2021. V. 376. № 1818. P. 20190809. <https://doi.org/10.1098/rstb.2019.0809>
29. *Bonneau M., Caputo B., Ligier A. et al.* Variation in *Wolbachia cidB* gene, but not *cidA*, is associated with cytoplasmic incompatibility mod phenotype diversity in *Culex pipiens* // *Mol. Ecol.* 2019. V. 28. № 21. P. 4725–4736. <https://doi.org/10.1111/mec.15252>
30. *Sinha A. Li Z., Sun L., Carlow C.K.* Complete genome sequence of the *Wolbachia* wAlbB endosymbiont of *Aedes albopictus* // *Genome Biology and Evolution*. 2019. V. 11. № 3. P. 706–720. <https://doi.org/10.1093/gbe/evz025>
31. *Cerveau N., Leclercq S., Leroy E. et al.* Short- and long-term evolutionary dynamics of bacterial insertion sequences: insights from *Wolbachia* endosymbionts // *Genome Biology and Evolution*. 2011. V. 3. P. 1175–1186. <https://doi.org/10.1093/gbe/evr096>

Genome Variation of Endosymbiotic *Wolbachia* in Introduced Populations of Asian Tiger Mosquito *Aedes albopictus* from Krasnodar Krai

E. A. Konorov^{a, b, *}, A. N. Lukashev^c, and N. Yu. Oyunc^{c, d, e}

^aVavilov Institute of General Genetics of Russian Academy of Science, Moscow, 119991 Russia

^bGorbatov Federal Research Center for Food Systems of Russian Academy of Sciences, Moscow, 109316 Russia

^cMartsinovskiy Institute of Medical Parasitology, Tropical and Vector-Borne Diseases, Sechenov University, Moscow, 119435 Russia

^dLomonosov Moscow State University, Moscow, 119991 Russia

^eGamaleya National Research Centre for Epidemiology, Moscow, 123098 Russia

*e-mail: casqy@yandex.ru

For determining the impact of *Wolbachia* endosymbiont on *Aedes albopictus* spread to colder environments we have studied variation in *Wolbachia* genome from introduced Krasnodar krai mosquito populations. We found that mosquitoes from Krasnodar have higher *Wolbachia* infection rate than Sochi mosquitoes. All *Wolbachia* we found belong to wAlbB strain. It was shown in previous studies that this strain increases mosquitoes' egg hatching rate and fertility in low temperature conditions. *Wolbachia* genomes from Sochi and Krasnodar differ on allele frequency spectrum on SNPs in IS982 family transposases and group II intron reverse transcriptases/maturases.

Keywords: endosymbionts, *Wolbachia*, *Aedes albopictus*, symbiotic adaptation.