

论著

用微卫星分析我国不同地区间日疟原虫的种群结构

郭鑫¹, 张冬梅¹, 王剑², 张苍林², 潘卫庆^{1*}

1200433 上海, 第二军医大学病原生物学教研室; 2665000 普洱, 云南省寄生虫病防治所

收稿日期 修回日期 网络版发布日期 接受日期

摘要 目的了解我国不同疟疾流行区间日疟原虫种群结构和遗传多样性特征, 积累我国间日疟原虫遗传相关数据。方法收集云南、海南、河南流行区间日疟患者血样, 血涂片鉴定间日疟原虫阳性者抽提血液基因组, 采用巢式/半巢式PCR方法扩增特异性2.21微卫星片段, 对扩增阳性产物进行基因扫描检测, 根据检测微卫星的重复序列进行STR分型, 并应用GENALEX软件计算等位基因频率、等位基因数目以及期望杂合度(expected heterozygosity, He)。结果间日疟原虫2.21微卫星在不同地区间日疟原虫样本中呈现高度的多态性, 其等位基因数目变化范围为4~9, 期望杂合度为0.613~0.853, 比较不同地区, 云南地区间日疟原虫等位基因数目为9, 期望杂合度为0.853, 变异度最高。结论我国不同地区间日疟原虫基因组具有较高的遗传多样性, 其种群结构具有地区特征, 这可能与各种群传疟媒介种类不同及地理环境差异等相关。

关键词 [间日疟原虫](#); [微卫星](#); [种群结构](#); [期望杂合度](#)

分类号

DOI: 10.3760/cma.j.issn.1673 4122.2012.04.001

通讯作者:

扩展功能

本文信息

- ▶ [Supporting info](#)
- ▶ [PDF \(4149KB\)](#)
- ▶ [\[HTML全文\]\(OKB\)](#)
- ▶ [参考文献\[PDF\]](#)

▶ [参考文献](#)

服务与反馈

- ▶ [把本文推荐给朋友](#)
- ▶ [加入我的书架](#)
- ▶ [加入引用管理器](#)
- ▶ [引用本文](#)

▶ [Email Alert](#)

▶ [文章反馈](#)

▶ [浏览反馈信息](#)

相关信息

- ▶ [本刊中 包含“间日疟原虫; 微卫星; 种群结构; 期望杂合度”的 相关文章](#)
- ▶ 本文作者相关文章
 - [郭鑫¹张冬梅¹王剑²张苍林²潘卫庆^{1*}](#)