

论著

中缅边境恶性疟原虫pfmdr1基因多态性及pfmsp1等位基因分型研究

王珊珊¹ 董莹^{1,2*} 邓艳² 王剑²

1665000 普洱, 大理学院病原与媒介生物研究所普洱分部 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 目的分析中缅边境恶性疟原虫多抗药基因1 (Plasmodium falciparum multidrug resistance1, pfmdr1) 基因编码蛋白86位点多态性及裂殖子表面蛋白1 (P. falciparum merozoite surface protein 1 gene, pfmsp1) 等位基因的分型特征。方法采用chelex 100法提取DNA, PCR 扩增pfmdr1基因编码蛋白86位点及pfmsp1基因第2区与第3区部分片段, 并对其进行DNA测序, 对扩增片段基因的结构、同源性进行分析。结果检测的50份血样中, 49份成功扩增pfmdr1基因, 49份在第25位氨基酸均发生缺失, 且在第27~29位氨基酸由STA 都突变为EYR, 9份在第35位氨基酸缺失, 第86 位氨基酸均未发生点突变。50份恶性疟患者样本中有49份共扩增出72个pfmsp1基因片段, 以MAD20型为主导型占93.88%, K1、RO33型为次之, 并存在不同基因株混合感染现象。结论中缅边境恶性疟原虫株pfmdr1基因第86位氨基酸点无突变, pfmsp1存在MAD20型、KI型和RO33型3种等位基因型, 以MAD20型为优势虫株。

关键词 [恶性疟原虫](#); [pfmsp1基因](#); [pfmdr1基因](#); [多态性](#); [基因分型](#)

分类号

DOI: 10.3760/cma.j.issn.1673 4122.2012.02.004

扩展功能

本文信息

- ▶ [Supporting info](#)
- ▶ [PDF \(2732KB\)](#)
- ▶ [\[HTML全文\] \(0KB\)](#)
- ▶ [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“恶性疟原虫; pfmsp1基因; pfmdr1基因; 多态性; 基因分型”的相关文章](#)
- ▶ 本文作者相关文章
 - [王珊珊¹ 董莹¹](#)
 - [2* 邓艳² 王剑²](#)