

文章编号: 1000-7423(2014)-05-0361-05

【论著】

# 浙江省 5 例输入性卵形疟原虫 *wallikeri* 亚种感染病例的鉴定

张玲玲, 阮卫, 陈华良, 陆巧绎, 姚立农\*

**【摘要】** 目的 对浙江省 5 例镜检阳性、常规巢式 PCR 检测阴性的输入性疟疾病例进行卵形疟原虫 *wallikeri* 亚种 (*Plasmodium ovale wallikeri*) 的鉴定与分析。方法 收集 5 例待检病例的流行病学资料和血样, 进行镜检、快速疟疾诊断试纸条检测 (RDT) 和巢式 PCR 检测 (采用疟原虫属特异性引物、种特异性引物和卵形疟原虫 *wallikeri* 亚种特异性引物), 将 PCR 扩增片段测序后, 与 GenBank 中相关序列进行 Blast 比对分析。结果 5 例疟疾病例均为自非洲归国人员, 并有疟疾发病史。镜检结果显示, 5 例患者均疟原虫阳性。RDT 检测结果为泛疟原虫阳性 2 例, 阴性 3 例。应用常规巢式 PCR 检测 5 份血样 DNA, 4 种疟原虫均为阴性。改用卵形疟原虫 *wallikeri* 亚种特异性引物进行扩增, 结果均为阳性。将 5 份血样的阳性扩增产物进行测序, 所得序列经 Blast 分析, 与 GenBank 中编号为 KF219561.1 的卵形疟原虫 *wallikeri* 亚种 clone RSH10 18S 核糖体 RNA 基因的序列一致性均达 100%。结论 综合镜检和 PCR 检测结果, 证实该 5 例镜检疟原虫阳性、常规 PCR 检测阴性的病例均为卵形疟原虫 *wallikeri* 亚种感染。

**【关键词】** 疟疾; 卵形疟原虫; 巢式 PCR

中图分类号: R531.39 文献标识码: A

## Identification of Five Imported Cases of *Plasmodium ovale wallikeri* Infection in Zhejiang Province

ZHANG Ling-ling, RUAN Wei, CHEN Hua-liang, LU Qiao-yi, YAO Li-nong\*

(Zhejiang Provincial Center for Disease Control and Prevention, Hangzhou 310051, China)

**【Abstract】** **Objective** To identify and analyze *Plasmodium ovale wallikeri* in 5 imported malaria cases, who were detected positive by microscopy and negative by conventional PCR. **Methods** Epidemiological information and blood samples were collected from the five patients. The detection was conducted by microscopy, Rapid Diagnostic Test (RDT) and nested PCR with *Plasmodium* genus-specific, species-specific and *Plasmodium ovale wallikeri*-specific primers. The amplified products were sequenced and Blast analysis was performed on line in NCBI. **Results** The five patients returned from Africa, and all had a history of malaria. They were microscopically positive for *Plasmodium* sp., and two cases showed Pan positive RDT result. All blood samples were negative for four *Plasmodium* spp. by conventional nested PCR, but positive by nested PCR with *Plasmodium ovale wallikeri*-specific primers. Blast analysis showed that the amplified sequences of the five cases had complete homology with *P. ovale wallikeri* clone RSH10 18S ribosomal RNA gene (Accession No. KF219561.1). **Conclusion** The five cases which classified as positive by microscopy while negative by conventional PCR have been confirmed as *Plasmodium ovale wallikeri* infection by nested PCR with *P. ovale wallikeri*-specific primers.

**【Key words】** Malaria; *Plasmodium ovale*; Nested PCR

Supported by the Medical Science and Technique Project of Zhejiang Province (No. 2013KYA041, 201485447) and the Key Laboratory of Parasite and Vector Biology, Ministry of Health (No. WSBKTKT201306)

\* Corresponding author, E-mail: lnyao@cdc.zj.cn

基金项目: 浙江省医药卫生科技项目 (No. 2013KYA041, 201485447); 卫生部寄生虫病原与媒介生物学重点实验室 (No. WSBKTKT201306)

作者单位: 浙江省疾病预防控制中心, 杭州 310051

\* 通讯作者, E-mail: lnyao@cdc.zj.cn

随着分子生物学技术在疟疾诊断中的应用和发展, 鉴别疟原虫虫种能力大大提高, 目前发现可自然感染人类的疟原虫主要有恶性疟原虫 (*Plasmodium falciparum*)、间日疟原虫 (*P. vivax*)、三日疟原虫 (*P. malariae*)、诺氏疟原虫 (*P. knowlesi*) 和卵形疟原虫 (*P. ovale*) 等5种<sup>[1]</sup>。卵形疟主要分布在撒哈拉以南地区、巴布亚新几内亚、东南亚和南亚等国家的热带地区<sup>[2,3]</sup>, 但因其发病率低、临床症状较轻与易治疗等特点一直未引起足够重视, 从而阻碍了卵形疟发病率和疾病负担的评估, 以及诊断技术和遗传研究的发展。

卵形疟原虫在形态学上和间日疟原虫相似, 因而较难用镜检方法进行鉴别, 所以卵形疟原虫的常规鉴定方法是由Snounou等<sup>[4]</sup>提出的巢式PCR方法, 即应用疟原虫属和种特异性引物 (rOVA1 和 rOVA2, NP1993) 扩增疟原虫核糖体 RNA 小亚基 (SSU rRNA) 保守区段。近年来有研究者分析卵形疟原虫的基因位点, 发现卵形疟原虫的多个基因位点均存在二态性, 据此可将卵形疟原虫分为卵形疟原虫 *curtisi* 亚种 (*Plasmodium ovale curtisi*) 和卵形疟原虫 *wallikeri* 亚种 (*P. ovale wallikeri*)<sup>[5,6]</sup>。然而, 在对这2个卵形疟原虫亚种的鉴定诊断中, 常规巢式PCR方法表现出一定的局限性, 即仅能检测卵形疟原虫 *curtisi* 亚种。浙江省疟疾诊断参比实验室在对疟疾病例进行复核的过程中, 发现5例镜检阳性而常规巢式PCR检测结果为阴性的血样。本研究应用巢式PCR方法对这5份血样进行检测, 发现均为卵形疟原虫 *wallikeri* 亚种感染, 现将鉴定及实验分析结果报告如下。

## 1 材料与方法

1.1 病例资料和血样收集 收集5例卵形疟病例的流行病学资料, 采集抗凝血样。

1.2 主要试剂 全血DNA抽提试剂盒购自德国QIAGEN公司, PCR反应混合物购自美国Promega公司, DNA标记物购自宝生物工程(大连)有限公司, 核酸染料GelRed购自美国Biotium公司, 快速疟疾诊断纸条 (RDT, 批号为MA0603V) 购自深圳市康百得生物科技有限公司。本研究所用引物均由生工生物工程(上海)股份有限公司合成。

### 1.3 方法

1.3.1 血涂片镜检 采集患者抗凝血样制作标准血涂片, 干燥、固定后吉氏染色, 镜检疟原虫。

1.3.2 RDT检测 参照说明书对5例患者血样进行RDT检测。取5 μl全血, 垂直加入检测卡上加样孔A内, 然后在样品孔B上垂直滴加4滴裂解液, 15 min内判读结果。

1.3.3 常规巢式PCR检测疟原虫 参照全血DNA抽提试剂盒说明书提取5份血样的DNA。使用文献<sup>[4,7]</sup>中的疟原虫属特异性引物和恶性疟原虫、间日疟原虫、三日疟原虫和卵形疟原虫种特异性引物, 引物分别为第1轮 rPLU5/rPLU6, 第2轮 rFAL1/rFAL2 (恶性疟原虫)、rVIV1/rVIV2 (间日疟原虫)、rMAL1/rMAL2 (三日疟原虫) 和rOVA1/rOVA2 (卵形疟原虫), 引物序列如表1所示。参照文献的方法进行常规疟原虫巢式PCR检测。

1.3.4 卵形疟原虫 *wallikeri* 亚种的PCR鉴定 参照文献<sup>[8,9]</sup>中的引物和PCR方法检测卵形疟原虫 *wallikeri* 亚种。引物分别为第1轮 rPLU1/rPLU5, 第2轮 rOVA1WC/rOVA2WC (可同时检测两个卵形疟原虫亚种) 和rOVA1v/rOVA2v (检测卵形疟原虫 *wallikeri* 亚种)。

表1 巢式PCR检测疟原虫种类的引物

Table 1 Primers for nested PCR detection of *Plasmodium* spp.

引物名称 Primer name	引物序列 Primer sequence (5'→3')	疟原虫种类 <i>Plasmodium</i> spp.	产物大小 Product size/bp
rPLU5	CCTGTTGTTGCCTTAAACTTC	疟原虫 <i>Plasmodium</i> spp.	1 200
rPLU6	TTAAAATGTTGCAGTTAAAACG		
rFAL1	TTAAACTGGTTTGGGAAAACCAAATATATT	恶性疟原虫 <i>P. falciparum</i>	205
rFAL2	ACACAATGAACTCAATCATGACTACCCGTC		
rVIV1	CGCTTCTAGCTTAATCCACATAACTGATAC	间日疟原虫 <i>P. vivax</i>	120
rVIV2	ACTTCCAAGCCGAAGCAAAGAAAAGTCCTTA		
rMAL1	ATAACATAGTTGTACGTTAAGAATAACCCG	三日疟原虫 <i>P. malariae</i>	144
rMAL2	AAAATTCCCATGCATAAAAAATTATACAAA		
rOVA1	ATCTCTTTTGTATTTTTAGTATTGGAGA	卵形疟原虫 <i>curtisi</i> 亚种 <i>P. ovale curtisi</i>	800
rOVA2	GGAAAAGGACACATTAATTGTATCCTAGTG		
rPLU1	TCAAAGATTAAGCCATGCAAGTGA	疟原虫 <i>Plasmodium</i> spp.	1 600~1 700
rPLU5	CCTGTTGTTGCCTTAAACTTC		
rOVA1WC	TGTAGTATTCAAACGCAGT	卵形疟原虫 <i>curtisi</i> 亚种/ <i>wallikeri</i> 亚种 <i>P. ovale curtisi</i> / <i>P. ovale wallikeri</i>	660
rOVA2WC	TATGTACTTGTAAAGCCTTT		
rOVA1v	ATCTCTTTTACTTTTTGTACTGGAGA	卵形疟原虫 <i>wallikeri</i> 亚种 <i>P. ovale wallikeri</i>	780
rOVA2v	GGAAAAGGACACTATAATGTATCCTAATA		

种,引物序列见表1。将阳性扩增产物测序,将所得序列与GenBank中的相关序列进行Blast比对和同源性分析。

## 2 结果

2.1 病例资料 5例患者的流行病学资料分析显示,发病时均表现出发热、发冷、出汗和头痛等症状,均有境外居留史和疟疾发病史(表2)。

2.2 血涂片镜检 将5份血样制成标准血涂片,显微镜下检查疟原虫,可见大多被寄生的红细胞呈卵圆形或边缘呈矢状,正常大小或稍胀大,环状体胞浆粗厚,滋养体胞浆坚实,空泡不显著,有的可见粗大的薛氏点(表3,图1)。

2.3 RDT检测结果 应用疟疾快速诊断试纸条对5份血样进行检测,病例1和病例2为Pan阳性,即泛疟原虫阳性,为间日疟、三日疟和卵形疟单一感染或混合感染),其他3例均为阴性。

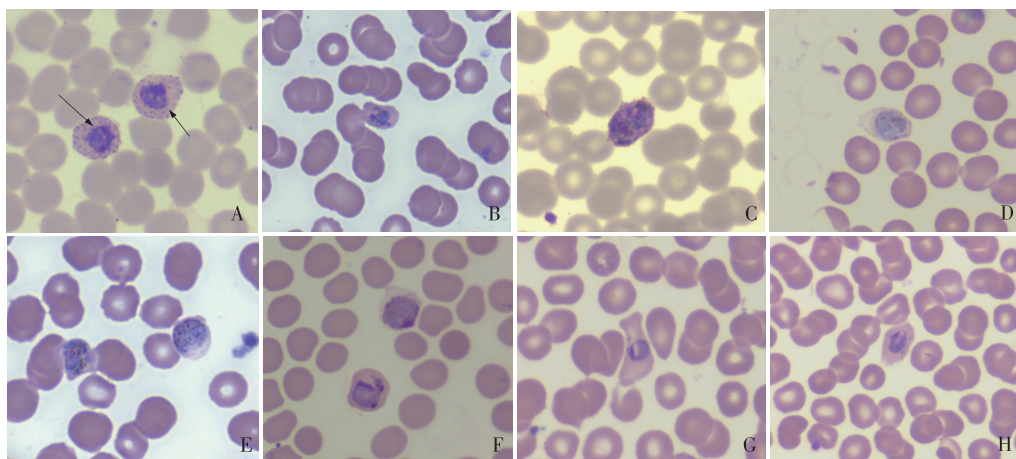
2.4 巢式PCR检测结果 常规巢式PCR检测结果显示,5份血样均为阴性(图2)。应用方法1.3.4中的巢式PCR检测卵形疟原虫wallikeri亚种,5份血样均为阳性,其中rOVA1WC和rOVA2WC引物扩增片段长度约为660 bp, rOVA1v和rOVA2v引物扩增片段长度约为780 bp(图3)。对扩增产物进行测序和分析,发现5份血样的rOVA1v和rOVA2v引物阳性扩增产物序列与GenBank中编号为KF219561.1的卵形疟原虫wallikeri亚种clone RSH10 18SrRNA基因的序列一致性

表2 5例疟疾病例的流行病学基本资料  
Table 2 Epidemiological information of five malaria cases

编号 Code	性别 Sex	年龄 Age	发病时间 Onset time	初步诊断结果 Tentative diagnosis	外出国家 Country visited	疟疾发病史 Past history of malaria (Yes or No)
1	男 Male	41	2012.3.31	恶性疟 Falciparum malaria	加纳 Ghana	2011.09 曾发病 Yes
2	男 Male	37	2012.8.26	间日疟 Vivax malaria	利比亚 Libya	有 Yes
3	男 Male	55	2013.8.12	间日疟 Vivax malaria	尼日利亚 Nigeria	2012.08 曾发病 Yes
4	男 Male	30	2013.5.30	恶性疟 Falciparum malaria	尼日利亚 Nigeria	2012.12 曾发病 Yes
5	男 Male	34	2014.1.11	间日疟 Vivax malaria	喀麦隆 Cameroon	2013.05 曾发病 Yes

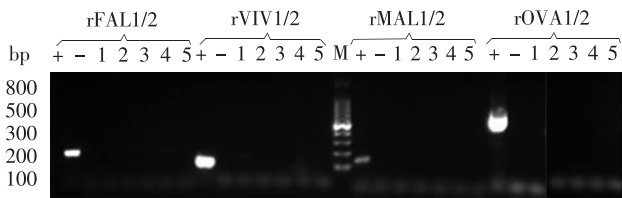
表3 显微镜检查疟原虫结果  
Table 3 Microscopic examination of Plasmodium parasites

编号 Code	红细胞 Red blood cells	镜下疟原虫 Plasmodium parasites under microscope	虫体密度/个· $\mu\text{l}^{-1}$ Parasite density/parasites· $\mu\text{l}^{-1}$
1	略胀大 Slight swelling	滋养体、未成熟裂殖体和薛氏点 Trophozoite, immature schizont, and Schuffner's dots	46 667
2	正常大小或略胀大 Normal or slight swelling	滋养体和配子体 Trophozoite and gametocyte	11 250
3	未见感染疟原虫的红细胞 No infected red blood cells found	厚血膜下可见环状体和配子体 Ring form and gametocyte in thick blood film	529
4	略胀大 Slight swelling	滋养体和配子体 Trophozoite and gametocyte	2 800
5	略胀大 Slight swelling	环状体、未成熟裂殖体和配子体 Ring form, immature schizont, and gametocyte	1 052



A、B: 滋养体; C、D: 未成熟裂殖体; E、F: 配子体; G、H: 环状体。箭头所示为薛氏点。  
A, B: Trophozoite; C, D: Immature schizont; E, F: Gametocyte; G, H: Ring form. The arrows showed Schuffner's dots.

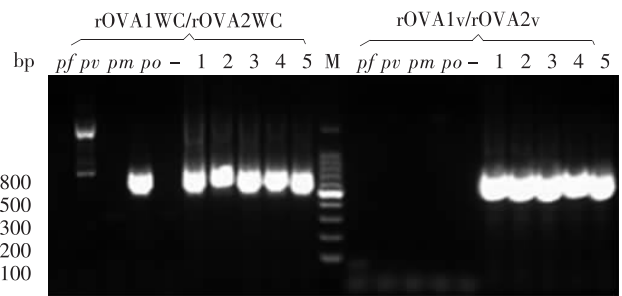
图1 5例患者血涂片的镜检结果(吉氏染色,  $\times 1000$ )  
Fig. 1 Plasmodium in blood smears from 5 malaria cases (Giemsa staining,  $\times 1000$ )



M: DNA标志物; +: 阳性对照; -: 阴性对照; 1~5: 病例1~5血样。  
M: DNA marker; +: Positive control; -: Negative control; 1~5: Blood sample from case 1-5.

图2 5例疟疾病例全血DNA常规巢式PCR扩增结果

Fig. 2 PCR amplification products of *Plasmodium* DNA from the 5 malaria cases by conventional nested PCR



M: DNA标志物; pf, pv, pm, po: 分别为恶性疟原虫、间日疟原虫、三日疟原虫和卵形疟原虫阳性对照; -: 阴性对照; 1~5: 病例1~5的血样。  
M: DNA marker; pf, pv, pm, po: Positive control of *P. falciparum*, *P. vivax*, *P. malariae*, and *P. ovale*, respectively; -: Negative control; 1-5: Blood sample of case 1-5.

图3 5例疟疾病例全血DNA变异型卵形疟原虫巢式PCR扩增结果

Fig. 3 Detection result of *P. ovale wallikeri* by nested PCR with *Plasmodium* DNA from the 5 malaria cases

均为100%。

### 3 讨论

随着对疟原虫研究的不断深入,人们发现可自然感染人类的疟原虫除了常见4种疟原虫外,卵形疟原虫 wallikeri 亚种和诺氏疟原虫也可感染人类<sup>[5,10]</sup>。2012年中国境外输入病例已占疟疾总报告病例数的91.0%<sup>[11]</sup>。随着各地疟防人员检测能力和技术的提高,以往较为罕见的卵形疟、三日疟甚至一些特殊的疟疾病例的检出率逐渐上升。浙江省疟疾诊断参比实验室在对疟疾病例进行复核时发现某些镜检阳性的血样,用常规巢式PCR方法检测则为阴性,对这些血样进行卵形疟原虫 wallikeri 亚种巢式PCR检测,结果证实均为卵形疟原虫 wallikeri 亚种。

该5例卵形疟原虫 wallikeri 亚种感染病例均有赴非洲流行区史和疟疾既往史。这5个病例的血涂片中卵形疟原虫 wallikeri 亚种的镜下形态特征与卵形疟原虫 curtisi 亚种相似,大多被寄生的红细胞呈卵圆形或边缘呈矢状,正常大小或稍胀大,环状体胞浆粗厚,滋养体胞浆坚实,空泡不显著;裂殖子数目6~12个,有的可见粗大的薛氏点,但也有些患者的血涂片并未见

卵形疟原虫的典型特征。疟原虫形态变化多样、血液中原虫密度不同、混合感染、患者多次不规范服药等均可造成疟原虫形态发生变化,这会增加镜检鉴别疟原虫虫种的难度。相对于镜检方法,应用RDT检测因其操作简便、快速等特点而备受推崇,然而目前商品化的RDT检测试剂的靶标多针对恶性疟原虫和泛疟原虫 (Pan),尚无专门针对卵形疟原虫的RDT检测试剂,检测敏感性也多表现为对恶性疟原虫敏感性高,而对非恶性疟原虫检测敏感性低,尤其对卵形疟原虫易出现假阴性或检测结果不稳定的情况。如国内外曾有报道,镜检或巢式PCR检测阳性而RDT检测阴性的卵形疟病例<sup>[12-15]</sup>。本文所涉及的5例病例也出现3例阴性。有研究者认为,RDT检测卵形疟原虫失败或不稳定的情况可能与低密度原虫血症或卵形疟原虫乳酸脱氢酶 (LDH) 多态性基因变异有关<sup>[16,17]</sup>。众多研究表明,卵形疟原虫的多个基因均存在多态性,如SSU rRNA,编码细胞色素b (cytb)、细胞色素c氧化酶 (cox1)、LDH、卵形疟原虫色氨酸富有蛋白 (potra)、和二氢叶酸还原酶-胸苷酸合成酶 (pdhfr-ts) 等基因<sup>[5,17-20]</sup>。在卵形疟原虫 wallikeri 亚种的SSU rRNA基因上,由于与常规巢式PCR卵形疟原虫种特异性引物(即卵形疟原虫 curtisi 亚种特异性引物)结合的片段发生了变异,从而导致常规巢式PCR检测卵形疟原虫 wallikeri 亚种不敏感<sup>[21]</sup>。为有效地对这两种卵形疟原虫亚种进行鉴定,很多研究者对GenBank中卵形疟原虫这两个亚种的SSU rRNA序列进行比对分析,设计了多种不同的PCR检测方法,其中Calderaro等<sup>[8]</sup>设计的引物rOVA1v/rOVA2v可特异性地结合卵形疟原虫 wallikeri 亚种基因片段,Fuehrer等<sup>[9]</sup>设计的引物rOVA1WC/rOVA2WC可同时高度特异性地结合两种卵形疟原虫的基因片段。本研究应用上述两种特异性巢式PCR对5例患者血样检测均为阳性,将rOVA1v/rOVA2v引物的扩增产物测序,与GenBank中的基因序列比对,发现5份血样的阳性扩增产物序列与GenBank中编号为KF219561.1的卵形疟原虫 wallikeri 亚种 clone RSH10 18S rRNA基因的相似率均为100%,进一步证实了5例患者均为卵形疟原虫 wallikeri 亚种感染。

卵形疟原虫不仅在形态上和间日疟原虫相似,生活史中也存在休眠子,在适宜的时候,休眠子可重新入血从而导致疟疾复发。如果卵形疟原虫 wallikeri 亚种感染者为低密度血症,且常规巢式PCR或RDT在卵形疟原虫 wallikeri 亚种诊断中存在一定的局限,因而在疟疾的诊断复核中易出现漏诊,倘若此时有适宜的传播条件存在,可导致二代病例的发生,从而对我国实现疟疾消除的目标构成威胁<sup>[20]</sup>。目前,我国的疟

防人员对卵形疟原虫 wallikeri 亚种尚不熟悉, 相应的检测体系还尚未建立或推广, 因此在对一些镜检、RDT 和常规 PCR 方法检测结果不符, 进而不能对虫种进行鉴定的特殊疟疾病例, 应考虑其是否为卵形疟原虫 wallikeri 亚种或诺氏疟原虫感染的可能性。

#### 参 考 文 献

- [1] Daneshvar C, Davis TM, Cox-Singh J, et al. Clinical and laboratory features of human *Plasmodium knowlesi* infection [J]. Clin Infect Dis, 2009, 49(6): 852-860.
- [2] Fuehrer HP, Habler VE, Fally MA, et al. *Plasmodium ovale* in Bangladesh: Genetic diversity and the first known evidence of the sympatric distribution of *Plasmodium ovale curtisi* and *Plasmodium ovale wallikeri* in southern Asia[J]. Int J Parasitol, 2012, 42(7): 693-699.
- [3] Mueller I, Zimmerman PA, Reeder JC. *Plasmodium malariae* and *Plasmodium ovale*— the ‘bashful’ malaria parasites [J]. Trends Parasitol, 2007, 23(6): 278-283.
- [4] Snounou G, Viriyakosol S, Zhu XP, et al. High sensitivity of detection of human malaria parasites by the use of nested polymerase chain reaction[J]. Mol Biochem Parasitol, 1993, 61(2): 315-320.
- [5] Sutherland CJ, Tanomsing N, Nolder D, et al. Two nonrecombining sympatric forms of the human malaria parasite *Plasmodium ovale* occur globally[J]. J Infect Dis, 2010, 201(10): 1544-1550.
- [6] White N. *Plasmodium knowlesi*: the fifth human malaria parasite [J]. Clin Infect Dis, 2008, 46(2): 172-173.
- [7] 汤林华. 输入性疟疾的诊治与管理 [M]. 上海: 上海科学技术出版社, 2010: 70-73.
- [8] Calderaro A, Piccolo G, Perandin F, et al. Genetic polymorphisms influence *Plasmodium ovale* PCR detection accuracy[J]. J Clin Microbiol, 2007, 45(5): 1624-1627.
- [9] Fuehrer HP, Stadler MT, Buczolic K, et al. Two techniques for simultaneous identification of *Plasmodium ovale curtisi* and *Plasmodium ovale wallikeri* by use of the small-subunit rRNA gene[J]. J Clin Microbiol, 2012, 50(12): 4100-4102.
- [10] Cox-Singh J, Davis TM, Lee KS, et al. *Plasmodium knowlesi* malaria in humans is widely distributed and potentially life threatening[J]. Clin Infect Dis, 2008, 46(2): 165-171.
- [11] 夏志贵, 丰俊, 周水森. 2012 年全国疟疾疫情分析[J]. 中国寄生虫学与寄生虫病杂志, 2013, 31(6): 413-418.
- [12] de Laval F, Oliver M, Rapp C, et al. The challenge of diagnosing *Plasmodium ovale* malaria in travellers: report of six clustered cases in French soldiers returning from West Africa [J]. Malar J, 2010, 9: 358.
- [13] Tordrup D, Virenfelt J, Andersen FF, et al. Variant *Plasmodium ovale* isolated from a patient infected in Ghana[J]. Malar J, 2011, 10: 15.
- [14] 姚立农, 张玲玲, 阮卫, 等. 浙江省 5 例输入性疟疾误诊病例的病原学诊断分析[J]. 中国寄生虫学与寄生虫病杂志, 2013, 31(3): 221-223, 234.
- [15] 周瑞敏, 张红卫, 邓艳, 等. 2 例输入性卵形疟的实验室检测[J]. 中国寄生虫学与寄生虫病杂志, 2013, 31(2): 127-130.
- [16] Bauffe F, Desplans J, Fraissier C, et al. Real-time PCR assay for discrimination of *Plasmodium ovale curtisi* and *Plasmodium ovale wallikeri* in the Ivory Coast and in the Comoros Islands[J]. Malar J, 2012, 11: 307.
- [17] Talman AM, Duval L, Legrand E, et al. Evaluation of the intra- and inter-specific genetic variability of *Plasmodium lactate dehydrogenase*[J]. Malar J, 2007, 6: 140.
- [18] Tachibana M, Tsuboi T, Kaneko O, et al. Two types of *Plasmodium ovale* defined by SSU rRNA have distinct sequences for ookinete surface proteins[J]. Mol Biochem Parasitol, 2002, 122(2): 223-226.
- [19] Win TT, Jalloh A, Tantular IS, et al. Molecular analysis of *Plasmodium ovale* variants[J]. Emerg Infect Dis, 2004, 10(7): 1235-1240.
- [20] Duval L, Nerrienet E, Rousset D, et al. Chimpanzee malaria parasites related to *Plasmodium ovale* in Africa[J]. PLoS One, 2009, 4(5): e5520.
- [21] 李美, 夏志贵, 汤林华. 卵形疟原虫 wallikeri 亚种及其基因检测体系的研究进展 [J]. 中国寄生虫学与寄生虫病杂志, 2014, 32(1): 64-67.

(收稿日期: 2014-05-20 编辑: 杨频)

文章编号: 1000-7423(2014)-05-0365-01

【消息】

## 《中国寄生虫学与寄生虫病杂志》2014 年征稿启事

本刊是国家卫生和计划生育委员会主管、中华预防医学学会和中国疾病预防控制中心寄生虫病预防控制所主办的专业性学术期刊。于 1983 年创刊, 主要报道有关人体寄生虫学与寄生虫病的新研究成果和防治经验, 致力于推动我国寄生虫病科研和防治工作, 提高专业人员的业务水平, 促进国内外学术交流。

本刊为 Medline 收录期刊, 2000-2013 年连续 14 个年版以中国基础医学类核心期刊入编《中文核心期刊要目总览》; 2009 年度首次荣获“百种中国杰出学术期刊”奖; 2010 年遴选为“第二届中国精品科技期刊”; 2003-2013 年连续 5 个年度(每 2 年评选 1 次)荣获中华预防医学会系列杂志优秀期刊一等奖; 2009 年和 2013 年度分别荣获第四届和第五届华东地区优秀期刊奖; 2013 年荣获国家卫生和计划生育委员会首届优秀期刊奖。本刊在国内外本领域有较高的影响力。

本刊从 2014 年第 1 期起, 对原有栏目进行优化, 将原有

的“论著”、“实验研究”、“现场研究”、“临床研究”等合并成一个栏目, 即“论著”栏目。固定栏目优化为论著、综述、研究简报、病例报告等 4 个栏目, 非固定栏目为专家论坛、学术争鸣、新视野、信息报道、教学研究等。

为鼓励优秀论文的优先发表, 拟对有重大基金项目资助的优秀研究论文通过快速通道发表; 对省级较大规模的现场研究和现场调查、组稿(或约稿)的论文缩短刊出周期; 研究论文力争在 6 个月内发表。

欢迎寄生虫学领域的科研、防治和教学人员踊跃投稿。

地 址: 上海市瑞金二路 207 号, 200025

《中国寄生虫学与寄生虫病杂志》编辑部

电 话: 021-54562376, 021-64377008 转 1305

E-mail: zgjsczz@vip.163.com

http://www.jsczz.cn