

文章编号:1000-7423(2002)-03-0190-01

【简报】

恶性疟原虫海南株 MESA 基因的序列分析

单志新* 余新炳 徐劲 陈守义 李学荣

中图分类号: R382.312

文献标识码: A

成熟疟原虫感染红细胞表面抗原(mature parasite-infected erythrocyte surface antigen, MESA)又称恶性疟原虫红细胞膜蛋白2(*Plasmodium falciparum* erythrocyte membrane protein 2, PfEMP2)或PP300,是成熟期疟原虫合成的磷蛋白。它通过小泡运送至感染的红细胞膜骨架上^[1,2],与红细胞蛋白4.1以非共价方式紧密结合。MESA包含7个明显的重复区,重复区占全部氨基酸残基的60%^[3]。至今,MESA在感染的红细胞中的功能仍不清楚。为了解恶性疟原虫海南株(FCC1/HN)MESA基因结构及其功能,我们测定了MESA基因序列,并比较了FCC1/HN株与Palo-alto^[1]、D10^[4]株MESA的序列差异。

1 材料与方法

用SAPS程序(http://www.hgsc.bcm.tmc.edu/search-launcher/sequence_utilities)分析恶性疟原虫Palo-alto株MESA的氨基酸重复序列,并根据重复区间氨基酸的编码序列^[1]设计并合成引物,分为部分序列重叠的4段(MESA₁₋₁₈₄₉、MESA_{1 808-2 841}、MESA_{2 807-4 345}和MESA_{4 286-5 116})来扩增FCC1/HN株MESA基因。所用的4对引物如下,P1F:5'-ATG GAG GTA ATT TGT AGA A-3',P1R:5'-AAT TTC CTT TTG TTT TTC-3';P2F:5'-AAA GAT AAA GTG ATA GGA TC-3',P2R:5'-ATC TCT TTA TCT TTG TTT GC-3';P3F:5'-AAT GAA AAA GAT ACC GCA AAC-3',P3R:5'-TTC GCT TAC TAT TTC TTG TTC-3';P4F:5'-AAC AGA AGA AAT AGA AAA AAT G-3',P4R:5'-TCA TTC ATC AAT AAA CTT AAA CA-3'。以恶性疟原虫FCC1/HN株基因组DNA为模板,进行常规PCR扩增。用T-A克隆法将MESA基因片段插入pMD18-T载体,用双脱氧链末端终止法测定MESA基因序列。用DNASTAR软件将获得的4个MESA基因片段序列拼接成完整序列,推导出编码的氨基酸序列,并将恶性疟原虫FCC1/HN与Palo-alto^[1]、D10^[4]株MESA进行序列比较。用Anteprof软件预测MESA的理化特性和抗原表位区。

2 结果

用所设计合成的4对引物均从恶性疟原虫FCC1/HN株基因组DNA中扩增出特异的MESA基因片段(图1)。经酶切和PCR鉴定,获得4个包含MESA基因片段的重组质粒。序列测定和拼接结果表明,恶性疟原虫FCC1/HN株MESA全基因编

码区长4 102 bp,A+T含量为72.11%,G+C含量为27.89%,有1个内含子。MESA由1 323个氨基酸组成,其中谷氨酸(E)占23.08%,相对分子量为154.47 kDa;MESA中包含6个氨基酸重复区。FCC1/HN株MESA基因序列已在GenBank登录,登录号:AF270648。

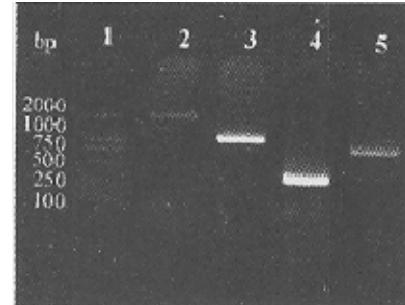


图1 恶性疟原虫FCC1/HN株MESA基因PCR扩增产物
(1.2%琼脂糖凝胶电泳) 1 分子量标志物 2 MESA₁₋₁₈₄₉的扩增产物 3 MESA_{1 808-2 841}的扩增产物 4 MESA_{2 807-4 345}的扩增产物 5 MESA_{4 286-5 116}的扩增产物

同源性分析表明,FCC1/HN株MESA缺失重复区5,只包含6个明显的重复区;各株间MESA氨基酸残基存在替代、增加或缺失,其中序列差异较大区域集中在重复区1、3、4、5和7。经多参数综合分析,可能有7个潜在的抗原表位区,它们的位置、在各株间序列分化情况分别是:第140~197位,氨基酸残基序列保守;第203~326位,有6个氨基酸残基替代位点;第353~451位,有2个氨基酸残基替代位点;第468~607位,有3个氨基酸残基替代位点;第620~755位,有16个氨基酸残基替代位点,1处氨基酸残基序列增加,各株间重复氨基酸残基序列相似;第820~1 042位,有氨基酸残基序列的增加和缺失,各株间重复氨基酸残基序列数不同;第1 055~1 196位,各株间重复氨基酸残基序列数不同。

3 讨论

恶性疟原虫FCC1/HN、Palo-alto、D10株MESA的N端都有一个细胞骨架结合区序列(DHLYSIRNYIECDRNAPYI),其侧翼序列也一致;Kun等^[3]发现该细胞骨架结合区及其侧翼序列在9个疟原虫实验室保存株和3个越南野外分离株的MESA中高度保守,提示该结合区序列在疟原虫各分离株中可能具有相同的作用。

Coppel^[4]用PCR法扩增了恶性疟原虫FCR3、V1、IMR147、IMR144、IMR143和D10株的MESA基因,发现以上各株间MESA基因存在长度多态性。对FCC1/HN、Palo-alto
(下转封三)

基金项目:中山医科大学“211”重点学科建设课题资金(No.98169)、广东省自然科学资金(No.980089)、教育部博士点基金(博教No.93-186)

作者单位:中山大学中山医学院寄生虫学研究室,广州 510089
* 现工作单位:广东省人民医院心血管病研究所,广州 510080

(Continued from outside back cover)

- Therapeutic efficacy of traditional Chinese medicine "Nang Chong San" on derma-muscular cysticercosis by local injection LIAN Chen, LIU Chen(157)
- Application of ultrasound scan during surgery in patients of cystic hydatidosis with polyamination and multiple daughter cysts LIANG Dong, LI Gui-ping, ZHOU Su-e, et al(167)
- Relationship of *Demodex* infection to facial skin disease TAO Ya-jun, MA Su-qin, WEN Dong-qing, et al(182)
- Clinical analysis of 142 cases of cerebral cysticercosis WANG Ke-xia, LI Chao-pin, WANG Jian, et al(186)
- Modification and optimization of agricultural structure and schistosomiasis control WANG Wen-liang, ZHANG Han-zhong, TIAN Zu-hong, et al(189)
- Sequence analysis of MESA gene of *Plasmodium falciparum* FCC1/HN strain SHAN Zhi-xin, YU Xin-bing, XU Jing, et al(190)
- Investigation of intestinal nematode infection in Jiande City, Zhejiang Province ZHU Tai-ping, JIN Tao, XU Zhi-ming, et al(191)
- Report on a case of *Dioctophyma renale* infection LEI Bo, PANG Ya-qin, KONG Bao-qing, et al(151)
- Clinical observation of 13 cases of paragonimiasis complicated with bronchial asthma LIN Ting-ta, LI Zhi-ren(173)
- Endoscopic diagnosis on hookworm infection in 30 cases LIANG Zhong-hui, YI Hong-yu, HUANG Meng-sha(176)
- A case of unfrequently seen toxoplasmosis WANG Chun-li, LIU Jian-hu, ZHU Yan-fang, et al(192)

(上接第 189 页)

产值的比重由 53.4:46.6 调整为 28.3:71.7, 粮棉油产值与多种经营产值的比重由 50.5:49.5 调整为 30.1:69.9, 一产业产值与二、三产业产值的比重由 91.57:8.43 调整为 14.68:85.32, 从事工副业的劳动力由 1990 年的 42 542 人增加至 2000 年的 13 万人, 占总劳力的 66.04%。

4 讨论

潜江市 10 年来, 在开展化疗、灭螺、健康教育的同时, 通过调整优化农业结构, 改变了钉螺孳生的条件^[1], 改善了劳

作者生产的环境, 由于农业结构调整后大力发展多种经营、疫区改变了过去以种植水稻为主的生产模式, 使劳作者在早田作业的时间增加, 大大减少了接触疫水机会。农业结构的调整优化, 对改善劳动环境及加速控制血吸虫病的传播, 起到了明显的效果, 经济效益高, 在湖沼渠网型疫区有推广价值。

参 考 文 献

- [1] 朱中亮. 我国钉螺地理分布与第四系地层分布的关系[J]. 中国血吸虫病防治杂志, 1991, 3: 240.

(收稿日期: 2001-10-22 编辑: 庄兆农)

(上接第 190 页)

和 D10 株 MESA 的同源性比较表明, 三株恶性疟原虫的 MESA 的结构特征相似, 但氨基酸残基的序列和长度呈多态性。与其它恶性疟原虫分离株相比, FCC1/HN 株 MESA 的第 140~197 和 353~451 位氨基酸残基预测的抗原表位区的序列较保守; 在第 1 055~1 196 位氨基酸残基预测的抗原表位区包含的重复序列组成一致, 但数目不同。

Magowan 等^[5]报道, 如果 MESA 不与红细胞膜结合, 积聚在红细胞内, 会对疟原虫有毒害作用, 降低疟原虫的活力^[5], 提示 MESA 与红细胞蛋白 4.1 结合对于疟原虫的正常发育起重要作用。因此, 可以通过阻断 MESA 与红细胞膜的结合来抑制疟原虫的发育和再感染其它红细胞。本文测定、分析了恶性疟原虫 FCC1/HN 株 MESA 基因序列及恶性疟原虫不同分离株间 MESA 的分化, 为研究 MESA 功能及其抗原表位提供了依据。

参 考 文 献

- [1] Coppel RL, Lustigman S, Murray L, et al. MESA is a *Plasmodium falciparum* phosphoprotein associated with the erythrocyte membrane skeleton [J]. Mol Biochem Parasitol, 1988, 31: 223~231.
- [2] Howard RJ, Lyon JA, Uni S, et al. Transport of an Mr approximately 300,000 *Plasmodium falciparum* protein (PfEMP2) from the intraerythrocytic asexual parasite to the cytoplasmic face of the host cell membrane [J]. J Cell Biol, 1987, 104: 1269~1280.
- [3] Kun JF, Waller KL, Coppel RL. *Plasmodium falciparum*: structure and functional domains of the mature-parasite infected erythrocyte surface antigen [J]. Exp Parasitol, 1999, 91: 258~267.
- [4] Coppel RL. Repeat structure in a *Plasmodium falciparum* protein (MESA) that binds human erythrocyte protein 4.1 [J]. Mol Biochem Parasitol, 1992, 50: 335~348.
- [5] Magowan C, Coppel RL, Lau A, et al. Role of the *Plasmodium falciparum* mature-parasite infected erythrocyte surface antigen (MESA/PfEMP-2) in malaria infection of erythrocytes [J]. Blood, 1995, 86: 3196~3204.

(收稿日期: 2001-10-22 编辑: 庄兆农)