

Genetic polymorphism of merozoite surface protein-1 (MSP-1) block 2 allelic types in *Plasmodium falciparum* field isolates from mountain and coastal area in West Sumatera, Indonesia

Nuzulia Irawati, author

Deskripsi Lengkap: <https://lib.ui.ac.id/detail?id=20333040&lokasi=lokal>

Abstrak

Latar belakang: Sampel *P. falciparum* dari lapangan dapat menampilkan bentuk dan jenis yang bervariasi. Penelitian ini bertujuan mengetahui keragaman alel MSP-1 blok 2 isolat *P. falciparum* yang berasal dari daerah pegunungan dan daerah pantai Sumatera Barat, Indonesia dan membandingkan keberadaan jenis-jenis alel dari kedua daerah pegunungan dan pantai.

Metode: 56 sampel darah yang terinfeksi *P. falciparum*, diperoleh dari 27 penderita yang berobat pada Puskesmas di Kabupaten Solok Selatan yang merupakan daerah pegunungan dan 29 penderita yang datang berobat pada Puskesmas dari daerah pantai di kabupaten Pesisir Selatan, Sumatera Barat, Indonesia. Daerah-daerah yang mengapit sifat-sifat yang sangat polimorfik, blok 2 MSP-1, ditentukan genotipnya melalui allele-specific nested PCR guna menganalisa populasi kepadatan parasit. Analisis urutan daerah-daerah polimorfik dari MSP-1 juga dilakukan untuk mengidentifikasi keanekaragaman alel di dalam populasi parasit.

Hasil: Polimorfisme alel yang beranekaragam dari MSP-1 diidentifikasi pada isolat *P. falciparum* dari suatu daerah pegunungan dan daerah pantai di Sumatera Barat, Indonesia, dan kebanyakan infeksi ditemukan berupa infeksi campuran. Analisa urutan MSP-1 blok 2 mengungkapkan bahwa teridentifikasi 16 alel berbeda untuk MSP-1 (3 untuk tipe K1, 2 untuk tipe MAD20 dan 2 untuk tipe RO33).

Kesimpulan: Dari isolat lapangan *P. falciparum* yang dikumpulkan dari suatu daerah pegunungan dan daerah pantai di Sumatera Barat teridentifikasi keanekaragaman genetik yang luas. Juga ditemukan tingkat infeksi campuran yang tinggi, sebagai derajat kemajemukan infeksi yang tinggi.

.....Background: The field isolates of *P. falciparum* may display variant forms and different frequencies. This study was designed to know the diversity of allelic type of MSP-1 block 2 among *P. falciparum* isolates collected in a mountain and a coastal area in West Sumatera, Indonesia, and compare mountain and coastal area.

Methods: A total of 56 *P. falciparum* infected blood samples, collected from 27 patients attending local health facilities in South Solok district in a mountain region and 29 patients attending a local health facilities in South Coastal district region, West Sumatera, Indonesia were used in this study. The regions flanking the highly polymorphic characters, block 2 for MSP-1, were genotyped by allele-specific nested-PCR to analyse the population diversity of parasite. Sequence analysis of the polymorphic regions of MSP-1 was also conducted to identify allelic diversity in the parasite population.

Results: Diverse allelic polymorphism of MSP-1 was identified in *P. falciparum* isolates from a mountain area and a coastal area in West Sumatera, Indonesia, and most of the infections were determined to be mixed infections. Sequence analysis of MSP-1 block 2 revealed that 16 different alleles for MSP-1 (3 for K1 type, 2 for MAD20 type and 2 for RO33 type) were identified.

Conclusion: Extensive genetic polymorphism with diverse allele type was identified in MSP-1 in *P. falciparum* field isolates from a mountain and a coastal area. A high level of mixed infections was also

observed, as was a high degree of multiplicity of infection.