# Primer Sequences for CRT

## Locus core - Positions 72-76

Alleles

403612 TGTGTAATGAATAAA CVMNK

403612 TGTGTAATGGAAACA CVMET

403612 TGTGTAATTGAAACA CVIET

403612 TGTGTAATTGATACA CVIDT

403612 TATGTAATTGAAACA YVIET

403612 AGTGTAATGAATACA SVMNT

403612 TCTGTAATGAATACA SVMNT

TATTATTTATTTAAGTGTAxxxxxxxxxxxxxxxATTTTTGCTAAAAGAAC

0 1 2 3 4

3456789012345678901234567890123456789012345678901234

4036

Primers

403593@TATTATTTATTTAAGTGTA

403627@ATTTTTGCTAAAAGAAC

Core REGEX (not used)  
403612 (T[GAC]|AG)TGTAAT(G[AG]|TG)A[AT]A[AC]A

## Locus ex1 - Position 24

Alleles

403291 GAT 24D

403291 TAT 24Y

A A \_G \_ A

AGCAAAAATGACGAGCGTTATAGAGAATTAxxxAATTTAGTACAAGAAGGAA

7 8 9 0

12345678901234567890123456789012345678901234567890123

4033

Primers

403273@GAGCGTTATA.[AG]GAATTA...AATTTA.TACAAGAA[GA]GAA

## Locus ex2 - Position 97

Alleles

403687 CAC 97H

403687 TAC 97Y

403687 CTC 97L

403687 CAA 97Q

\_T T G A

GGTAACTATAGTTTTGTAACATCCGAAACTxxxAACTTTATTTGTATGATTATGTTCTTTATT

098765432109876543210987654321xxx123456789012345678901234567890

6 7 8 9 0 1 789012345678901234567890123456789012345678901234567890123456789

4037

Primers

403657@GGTAACTATAGTTTTGT.[AT]CATC[CT]GAAAC

403690@AACTTTATTTGTATGATTA[TA]GTTCTTTATT

## Position 144/148

404007 GCC 144A

404007 TTC 144F

404007 [GT][CT]C or use flanks only

404019 CTT 148L

404019 ATT 148I

403291 [CA]TT

T \_ \_ T \* A \_ A A \_ \_ C T G

TCCATGTTAGATGCCTGTTCAGTCATTTTGxxxTTCATAGGTxxxACAAGAACTACTGGAAATATCCAATCATTT

098765432109876543210987654321xxx123456789xxx123456789012345678901234567890

0 1 2 3 4 5 6 7 8 9 0

01234567890123456789012345678901234567890123456789012345678901234567890123456789012345678901234567890

4033

## Locus ex4 - Position 194/220

404329 ATA 194I

404329 ACA 194T

404407 GCC 220A

404407 TCC 220S

t c g ca a g

ATATCACTTATACAATTATCTCGGAGCAGTTATTATTGTTGTAACAxxxGCTCTTGTAGAAATGAAATTATCTTTTGAAACACAAGAAGAAAATTCTATCATATTTA

9 0 1 2 3 4 5 6 7 8

34567890123456789012345678901234567890123456789012345678901234567890123456789012345678901234567890123456789

4043

g t

ATCTTGTCTTAATTAGTxxxTTAATTGTAAGAAAA

9 0 1 2

01234567890123456789012345678901234

4044

Primers

404304@CGGAGCA[GC]TTATTATTGTTGTAACA...GCTC

404338@GTAGAAATGAAATTATC[TA]TTTGAAACAC

404359@GAAACACAAGAAGAAAATTCTATC[AG]TATTTAATC

404382@C[AG]TATTTAATCTTGTCTTA[AT]TTAGT...TTAATTG

## Locus ex6 - Position 271

404836 CAA 271Q

404836 GAA 271E

\_ C

TTGTCTTATATTACCTGTATACACCCTTCCATTTTTAAAAxxxC

0987654321098765432109876543210987654321xxx1

## Locus ex9 - Position 326/333

405361 AAC 326N

405361 GAC 326D

405361 AGC 326S

405382 ACC 333T

405382 GCC 333A

405382 AGC 333S

T T \_

AAAACCTTCGCATTGTTTTCCTTCTTTxxxATTTGTGATAATTTAATAxxxAGCTAT

765432109876543210987654321xxx123456789012345678xxx234567

## Position 342/356

405557 ACC 342T

405557 GCC 342A

405599 ATA 356I

405599 TTA 356L

405599 ACA 356T

T AG T A T

ATTATCGACAAATTTTCTxxxATGACATATACTATTGTTAGTTGTATACAAGGTCCAGCAxxxGCAATTGCTTATTA

A

CTTTAAATTCTTAGCC

876543210987654321xxx123456789012345678901234567890123456789xxx12345678901234

5678901234567890

## Position 371

405837 AGA 371R

405837 ACA 371T

405837 ATA 371I

T \_A \_

GGTGATGTTGTAxxxGAACCAAGATTATTAGATTTCGTAACTTTG

890123456789xxx123456789012345678901234567890

# Primer Sequences for Pfdhfr (PF3D7\_0417200)

Single exon (Pf3D7\_04\_v3:748088-749914, 1927 nt)

ATGATGGAACAAGTCTGCGACGTTTTCGATATTTATGCCATATGTGCATGTTGTAAGGTTGAAAGCAAAAATGAGGGGAAAAAAAATGAGGTTTTTAATA

ACTACACATTTAGAGGTCTAGGAAATAAAGGAGTATTACCATGGAAATGTAATTCCCTAGATATGAAATATTTTTGTGCAGTTACAACATATGTGAATGA

ATCAAAATATGAAAAATTGAAATATAAGAGATGTAAATATTTAAACAAAGAAACTGTGGATAATGTAAATGATATGCCTAATTCTAAAAAATTACAAAAT

GTTGTAGTTATGGGAAGAACAAGCTGGGAAAGCATTCCAAAAAAATTTAAACCTTTAAGCAATAGGATAAATGTTATATTGTCTAGAACCTTAAAAAAAG

AAGATTTTGATGAAGATGTTTATATCATTAACAAAGTTGAAGATCTAATAGTTTTACTTGGGAAATTAAATTACTATAAATGTTTTATTATAGGAGGTTC

CGTTGTTTATCAAGAATTTTTAGAAAAGAAATTAATAAAAAAAATATATTTTACTAGAATAAATAGTACATATGAATGTGATGTATTTTTTCCAGAAATA

AATGAAAATGAGTATCAAATTATTTCTGTTAGCGATGTATATACTAGTAACAATACAACATTGGATTTTATCATTTATAAGAAAACGAATAATAAAATGT

TAAATGAACAAAATTGTATAAAAGGAGAAGAAAAAAATAATGATATGCCTTTAAAGAATGATGACAAAGATACATGTCATATGAAAAAATTAACAGAATT

TTACAAAAATGTAGACAAATATAAAATTAATTATGAAAATGATGATGATGATGAAGAAGAAGATGATTTTGTTTATTTTAATTTTAATAAAGAAAAAGAA

GAGAAAAATAAAAATTCTATACATCCAAATGATTTTCAAATATATAATAGCTTGAAATATAAATATCATCCTGAATACCAATATTTAAATATTATTTATG

ATATTATGATGAATGGAAATAAACAAAGTGATCGAACGGGAGTAGGTGTTTTAAGTAAATTCGGATATATTATGAAATTTGATTTAAGTCAATATTTCCC

ATTATTAACTACGAAGAAATTATTTTTAAGAGGAATTATTGAAGAATTGCTTTGGTTTATTAGAGGAGAAACAAATGGTAATACGTTGTTAAATAAGAAT

GTAAGGATATGGGAAGCTAATGGTACTAGGGAATTTTTAGATAATAGAAAATTATTTCATAGAGAAGTTAACGATTTAGGACCTATTTATGGTTTTCAAT

GGAGACATTTCGGTGCTGAATATACAAATATGTATGATAATTATGAAAATAAAGGAGTGGATCAATTAAAAAATATAATAAATTTAATTAAAAATGATCC

TACAAGTAGAAGAATTCTTTTGTGTGCATGGAATGTAAAAGATCTTGACCAAATGGCATTACCTCCTTGTCATATTTTATGTCAGTTTTATGTTTTCGAT

GGGAAATTATCATGTATTATGTATCAAAGATCATGTGATTTAGGGCTAGGAGTACCTTTTAATATTGCTTCTTATTCTATTTTTACTCATATGATTGCAC

AAGTCTGTAATTTGCAACCTGCGCAGTTCATACACGTTTTAGGAAATGCACATGTTTATAATAATCACATTGATAGTTTAAAAATTCAACTTAACAGAAT

ACCCTATCCATTCCCAACACTTAAATTAAATCCAGATATTAAAAATATTGAAGATTTTACAATTTCGGATTTTACAATACAAAATTATGTTCATCATGAA

AAAATTTCAATGGATATGGCTGCTTAA

Translation (608 aa)

MMEQVCDVFDIYAICACCKVESKNEGKKNEVFNNYTFRGLGNKGVLPWKCNSLDMKYFCAVTTYVNESKYEKLKYKRCKYLNKETVDNVNDMPNSKKLQN

VVVMGRTSWESIPKKFKPLSNRINVILSRTLKKEDFDEDVYIINKVEDLIVLLGKLNYYKCFIIGGSVVYQEFLEKKLIKKIYFTRINSTYECDVFFPEI

NENEYQIISVSDVYTSNNTTLDFIIYKKTNNKMLNEQNCIKGEEKNNDMPLKNDDKDTCHMKKLTEFYKNVDKYKINYENDDDDEEEDDFVYFNFNKEKE

EKNKNSIHPNDFQIYNSLKYKYHPEYQYLNIIYDIMMNGNKQSDRTGVGVLSKFGYIMKFDLSQYFPLLTTKKLFLRGIIEELLWFIRGETNGNTLLNKN

VRIWEANGTREFLDNRKLFHREVNDLGPIYGFQWRHFGAEYTNMYDNYENKGVDQLKNIINLIKNDPTSRRILLCAWNVKDLDQMALPPCHILCQFYVFD

GKLSCIMYQRSCDLGLGVPFNIASYSIFTHMIAQVCNLQPAQFIHVLGNAHVYNNHIDSLKIQLNRIPYPFPTLKLNPDIKNIEDFTISDFTIQNYVHHE

KISMDMAA

## Locus dhfr1 - Positions 51-59

748238: AAT

748238: ATT

748262: TGT

748262: CGT

748262: TAT

gc

ACTACACATTTAGAGGTCTAGGAAATAAAGGAGTATTACCATGGAAATGTxxxTCCCTAGATATGAAATATTTTxxxGCAGTTACAACATATGTGAATGA

9 0 1 2 3 4 5 6 7 8

8901234567890123456789012345678901234567890123456789012345678901234567890123456789012345678901234567

748200

ATCAAAATATGAAAAATTGAAATATAAGAGATG

9 0 1 2

890123456789012345678901234567890

748300

Primers

748200@GAGGTCTAGGAAATAAAGGAGTATTACCATGGAA

748241@TCCCTAGATATGAAATATTTT...GCAG

748265@GCAGTTACAACATATGTGAATGAATC

## Locus dhfr2 - Positions 108

748409: AGC

748409: AAC

748409: ACC

ATCAAAATATGAAAAATTGAAATATAAGAGATGTAAATATTTAAACAAAGAAACTGTGGATAATGTAAATGATATGCCTAATTCTAAAAAATTACAAAAT

9 0 1 2 3 4 5 6 7 8

8901234567890123456789012345678901234567890123456789012345678901234567890123456789012345678901234567

748300

a a

GTTGTAGTTATGGGAAGAACAAGCTGGGAAAGCATTCCAAAAAAATTTAAACCTTTAAGCAATAGGATAAATGTTATATTGTCTAGAACCTTAAAAAAAG

9 0 1 2 3 4 5 6 7 8

8901234567890123456789012345678901234567890123456789012345678901234567890123456789012345678901234567

748400

Primers

748382@CAAAATGTTGTAGTTATGGGAAGAACA

748412@TGGGAAAGCATTCCAAAAAAATTT

## Locus dhfr3 - Positions 164

748577: ATA

748577: ATG

748577: TTA

748577: TTG

a

AAGATTTTGATGAAGATGTTTATATCATTAACAAAGTTGAAGATCTAATAGTTTTACTTGGGAAATTAAATTACTATAAATGTTTTATTATAGGAGGTTC

9 0 1 2 3 4 5 6 7 8

8901234567890123456789012345678901234567890123456789012345678901234567890123456789012345678901234567

748500

c

CGTTGTTTATCAAGAATTTTTAGAAAAGAAATTAATAAAAAAAATATATTTTACTAGAATAAATAGTACATATGAATGTGATGTATTTTTTCCAGAAATA

9 0 1 2 3 4 5 6 7 8

8901234567890123456789012345678901234567890123456789012345678901234567890123456789012345678901234567

748600

Primers

748382@GGGAAATTAAATTACTATAAATG

748382@CTATAAATGTTTTATT...GGAGGTTC

748412@GGAGGTTCCGTTGTTTATCAAG

# Primer Sequences for Pfdhps (PF3D7\_ 0810800)

Exon1 (Pf3D7\_08\_v3:548200-548335, 136 nt)

ATGGAAACTATACAAGAACTAATACTTTCTGAGGAAAATAAAACTAATATTGCCGTATTAAACTTAGGAACAAATGATAGAAGAAACGCTGTGTTGATTC

TAGAAACTGCTCTGCACCTTGTCGAAAAATATTTAG

Exon2 (Pf3D7\_08\_v3:548512-550380, 1869 nt)

GAAAAATTATTAATACGTCCTACTTGTATGAAACCGTTCCAGAATACATTGTATTAGATAAAAAGGAAAGTTGCGAAAAAATAAACAAGGATTGTCGTAT

ATATGATGTTAATTATATAAACGAATTGATGCAAAATTTAGAAGAATCTAAATATGAAGAGAATAAAGAATTAATTGATAAATGTGAAGAATATGAAACA

TTTTTGAAAAATGGAAAAGTTGATAATAGTATTCTAAAGGAAGTAAATGTAGAAAATTATTTATTAGAATGTAATAATATAATAGTAAAGAATGACGAAA

TAATGAAAAATAATTTAAGCAAATATAAAGATAAATATTATACTAGCTACTTTTATAATTTGACAGTTGTAGTTAAAACTTTTGTAAATGATCCTCTTAG

TATGTTGGTAGTTATAAAATATATTGAAGAATTAATGAAAAGGGAAAATGTAAAAGAGAAAGAAAAATTTGAAAATCGTATAATAGATATAGATATTCTA

TTTTTTAATGATTTTACAATCTTTATGAAAAACATAAAATTGGAAAAAAATATGATTTATAAAATACTCTCAAAATATATTCATTTGGAAAGAGATATAA

AAAATGGAAATGACAATATGTCTAAAGTAAATATGGATAAAGATATAAATCTTAATAATAACAATAATATAAAAAAAAAAAATAATAATGATATTGATTG

TGATTGTGTGGATCAGAAGATGAATAATCATGTGAATAATAAAAATTATATAAATTCTTTTAGAGATCCACAAGAAATAATAAACAATATGGTAGATAAT

ATTGAATTTTTATCCATTCCTCATGTGTATACAACACACAGATATAGCATACTTTTATGCTTAAATGATATGATACCCGAATATAAGCATAATGTTTTAA

ATAATACCATCAGATGTTTATATAACAAATATGTGAGTAGGATGAAAGAACAATATAATATAAATATTAAAGAAAATAATAAAAGGATATATGTATTAAA

AGATAGAATTTCTTATTTAAAAGAAAAAACAAATATTGTTGGAATATTAAATGTTAATTATGATTCTTTTTCAGATGGAGGTATTTTTGTTGAACCTAAA

CGTGCTGTTCAAAGAATGTTTGAAATGATAAATGAAGGTGCTAGTGTTATAGATATAGGTGGAGAATCCTCTGGTCCTTTTGTTATACCTAATCCAAAAA

TTAGTGAAAGAGATTTAGTAGTACCTGTATTACAATTATTTCAAAAAGAATGGAATGATATAAAAAATAAAATTGTTAAATGTGATGCGAAACCAATTAT

AAGTATTGATACAATTAACTATAATGTTTTTAAAGAATGTGTTGATAATGATTTAGTTGATATATTAAATGATATTAGTGCTTGTACAAATAATCCAGAA

ATTATAAAATTATTAAAAAAAAAAAACAAATTCTATAGTGTAGTTCTAATGCATAAAAGAGGAAATCCACATACAATGGATAAACTAACAAATTATGATA

ATCTAGTTTATGATATAAAAAATTATTTAGAACAAAGATTAAATTTTCTTGTATTAAATGGAATACCTCGTTATAGGATACTATTTGATATTGGATTAGG

ATTTGCGAAGAAACATGATCAATCTATTAAACTCTTACAAAATATACATGTATATGATGAGTATCCACTTTTTATTGGATATTCAAGAAAAAGATTTATT

GCCCATTGCATGAATGATCAAAATGTTGTAATAAATACACAACAAAAATTACATGATGAACAACAAAATGAAAATAAAAATATTGTGGACAAATCACACA

ATTGGATGTTTCAGATGAATTACATGAGGAAAGACAAGGATCAACTTTTATATCAAAAAAATATATGTG

Exon3 (Pf3D7\_08\_v3:550501-550616, 116 nt)

GTGGATTAGCAATTGCTTCCTACAGCTATTATAAAAAGGTAGATCTAATAAGAGTTCATGACGTTTTAGAAACAAAATCGGTTTTGGATGTTTTAACAAA

AATAGACCAAGTGTAA

Translation (706 aa)

METIQELILSEENKTNIAVLNLGTNDRRNAVLILETALHLVEKYLGKIINTSYLYETVPEYIVLDKKESCEKINKDCRIYDVNYINELMQNLEESKYEEN

KELIDKCEEYETFLKNGKVDNSILKEVNVENYLLECNNIIVKNDEIMKNNLSKYKDKYYTSYFYNLTVVVKTFVNDPLSMLVVIKYIEELMKRENVKEKE

KFENRIIDIDILFFNDFTIFMKNIKLEKNMIYKILSKYIHLERDIKNGNDNMSKVNMDKDINLNNNNNIKKKNNNDIDCDCVDQKMNNHVNNKNYINSFR

DPQEIINNMVDNIEFLSIPHVYTTHRYSILLCLNDMIPEYKHNVLNNTIRCLYNKYVSRMKEQYNINIKENNKRIYVLKDRISYLKEKTNIVGILNVNYD

SFSDGGIFVEPKRAVQRMFEMINEGASVIDIGGESSGPFVIPNPKISERDLVVPVLQLFQKEWNDIKNKIVKCDAKPIISIDTINYNVFKECVDNDLVDI

LNDISACTNNPEIIKLLKKKNKFYSVVLMHKRGNPHTMDKLTNYDNLVYDIKNYLEQRLNFLVLNGIPRYRILFDIGLGFAKKHDQSIKLLQNIHVYDEY

PLFIGYSRKRFIAHCMNDQNVVINTQQKLHDEQQNENKNIVDKSHNWMFQMNYMRKDKDQLLYQKNICGGLAIASYSYYKKVDLIRVHDVLETKSVLDVL

TKIDQV

## Locus dhps1 - Positions 436,437

549681: TCT

549681: GCT

549681: TAT

549681: TTT

549681: CAT

549681: TGT

549684: GGT

549684: GCT

t g g

CGTGCTGTTCAAAGAATGTTTGAAATGATAAATGAAGGTGCTAGTGTTATAGATATAGGTGGAGAATCCTCTGGTCCTTTTGTTATACCTAATCCAAAAA

2 3 4 5 6 7 8 9 0 1

2345678901234567890123456789012345678901234567890123456789012345678901234567890123456789012345678901

549700

a

TTAGTGAAAGAGATTTAGTAGTACCTGTATTACAATTATTTCAAAAAGAATGGAATGATATAAAAAATAAAATTGTTAAATGTGATGCGAAACCAATTAT

2 3 4 5 6 7 8 9 0 1

2345678901234567890123456789012345678901234567890123456789012345678901234567890123456789012345678901

549800

Primers

549657@GTTATAGAT[AG]TAGGTGGAGAATCC

549669@GGTGGAGAATCC..TG.TCC

549687@CCTTTTGTTAT[AG]CCTAATCCAAAAATTAGTG

## Locus dhps2 - Positions 540

549993: AAA

549993: AAG

549993: GAA

549993: GAG

a

ATTATAAAATTATTAAAAAAAAAAAACAAATTCTATAGTGTAGTTCTAATGCATAAAAGAGGAAATCCACATACAATGGATAAACTAACAAATTATGATA

2 3 4 5 6 7 8 9 0 1

2345678901234567890123456789012345678901234567890123456789012345678901234567890123456789012345678901

550000

c g

ATCTAGTTTATGATATAAAAAATTATTTAGAACAAAGATTAAATTTTCTTGTATTAAATGGAATACCTCGTTATAGGATACTATTTGATATTGGATTAGG

2 3 4 5 6 7 8 9 0 1

2345678901234567890123456789012345678901234567890123456789012345678901234567890123456789012345678901

550100

Primers

549949@GTGTAGTTCTAATGCATAAAAGAGG

549970@GAGGAAATCCACATACAATGGAT

549985@CAATGGAT...CTAACAAATTA[TA]GATA

549996@CTAACAAATTA[TA]GATAATCTAGT

## Locus dhps3 - Positions 581

550116: GCG

550116: GGG

c g

ATCTAGTTTATGATATAAAAAATTATTTAGAACAAAGATTAAATTTTCTTGTATTAAATGGAATACCTCGTTATAGGATACTATTTGATATTGGATTAGG

2 3 4 5 6 7 8 9 0 1

2345678901234567890123456789012345678901234567890123456789012345678901234567890123456789012345678901

550100

t

ATTTxxxAAGAAACATGATCAATCTATTAAACTCTTACAAAATATACATGTATATGATGAGTATCCACTTTTTATTGGATATTCAAGAAAAAGATTTATT

2 3 4 5 6 7 8 9 0 1

2345678901234567890123456789012345678901234567890123456789012345678901234567890123456789012345678901

550200

Primers

550092@CTATTTGATATTGGATTAGGATTT

550119@AAGAAACATGATCAATCT[AT]TTAAACTC

## Locus dhps4 - Positions 613

550212: GCC

550212: TCC

550212: ACC

t

ATTTGCGAAGAAACATGATCAATCTATTAAACTCTTACAAAATATACATGTATATGATGAGTATCCACTTTTTATTGGATATTCAAGAAAAAGATTTATT

2 3 4 5 6 7 8 9 0 1

2345678901234567890123456789012345678901234567890123456789012345678901234567890123456789012345678901

550200

g a

GCCCATTGCATGAATGATCAAAATGTTGTAATAAATACACAACAAAAATTACATGATGAACAACAAAATGAAAATAAAAATATTGTGGACAAATCACACA

2 3 4 5 6 7 8 9 0 1

2345678901234567890123456789012345678901234567890123456789012345678901234567890123456789012345678901

550300

Primers

550167@GATGAGTATCCACTTTTTATTGG

550188@GGATATTCAAGAAAAAGATTTATT

550215@CATTGCATGAATGATCAAAATGTTG

# Primer Sequences for Pfmdr1 (PF3D7\_0523000)

Single Exon (Pf3D7\_05\_v3: 957890-962149, 4260 nt)

ATGGGTAAAGAGCAGAAAGAGAAAAAAGATGGTAACCTCAGTATCAAAGAAGAGGTTGAAAAAGAGTTGAACAAAAAGAGTACCGCTGAATTATTTAGAA

AAATAAAGAATGAGAAAATATCATTTTTTTTACCGTTTAAATGTTTACCTGCACAACATAGAAAATTATTATTTATATCATTTGTATGTGCTGTATTATC

AGGAGGAACATTACCTTTTTTTATATCTGTGTTTGGTGTAATATTAAAGAACATGAATTTAGGTGATGATATTAATCCTATAATATTATCATTAGTATCT

ATAGGTTTAGTACAATTTATATTATCAATGATATCAAGTTATTGTATGGATGTAATTACATCAAAAATATTAAAAACTTTAAAGCTTGAATATTTAAGAA

GTGTTTTTTATCAAGATGGACAATTTCATGATAATAATCCTGGATCTAAATTAAGATCTGATTTAGATTTTTATTTAGAACAAGTGAGTTCAGGAATTGG

TACGAAATTTATAACAATTTTTACATATGCCAGTTCCTTTTTAGGTTTATATATTTGGTCATTAATAAAAAATGCACGTTTGACTTTATGTATTACTTGC

GTTTTTCCGTTAATTTATGTTTGTGGTGTCATATGTAATAAGAAAGTAAAATTAAATAAAAAAACATCTTTGTTATATAATAACAATACCATGTCCATTA

TAGAAGAGGCTTTAATGGGAATAAGAACTGTTGCAAGTTATTGTGGAGAAAAGACTATATTAAACAAATTTAATTTGTCCGAAACTTTTTATAGTAAATA

TATTTTAAAAGCTAATTTTGTAGAAGCATTACATATAGGTTTAATAAATGGTTTAATTTTAGTTTCTTATGCATTCGGTTTTTGGTATGGTACAAGAATT

ATTATAAATAGTGCAACGAATCAATACCCCAATAATGATTTTAATGGTGCCTCAGTTATATCCATTTTATTAGGTGTACTTATTAGTATGTTTATGTTAA

CAATTATCTTACCAAATATAACAGAATATATGAAAGCTTTAGAAGCAACAAATAGTTTATATGAAATAATAAATCGAAAACCATTAGTTGAAAATAATGA

TGATGGAGAAACATTACCAAATATTAAAAAAATTGAATTTAAAAATGTAAGATTTCATTATGATACTAGAAAAGATGTTGAAATTTATAAAGATTTAAGT

TTTACTCTAAAAGAAGGGAAAACATATGCATTTGTGGGAGAATCAGGTTGTGGGAAATCAACCATACTAAAATTAATTGAAAGACTTTATGATCCAACCG

AAGGAGATATTATTGTAAATGATTCTCATAATTTAAAAGATATTAATTTGAAATGGTGGAGATCAAAAATTGGAGTTGTTAGTCAAGATCCATTATTATT

TAGTAATTCAATTAAAAATAATATTAAATATAGTTTATATAGTTTAAAAGATTTAGAAGCAATGGAAAATTATTATGAAGAAAATACTAATGATACATAT

GAAAATAAAAATTTTTCTTTAATTTCGAATTCTATGACATCAAATGAATTATTAGAAATGAAAAAAGAATATCAAACTATTAAAGATTCTGATGTTGTTG

ATGTGTCCAAAAAAGTACTTATACATGATTTTGTATCATCATTACCAGATAAATATGATACCTTAGTAGGTTCCAATGCATCCAAATTATCAGGTGGACA

AAAACAAAGAATATCCATTGCAAGAGCAATTATGAGAAATCCTAAAATTCTAATTCTTGATGAAGCTACATCTTCTTTAGATAATAAATCTGAGTATTTA

GTACAAAAAACAATTAATAATTTGAAAGGAAATGAAAATAGAATAACTATTATTATAGCACATAGATTAAGTACTATAAGATATGCCAATACAATTTTTG

TTTTATCAAATAGAGAAAGAAGTGATAATAATAATAATAATAATAATGATGATAATAATAATAATAATAATAATAATAATAACAAAATTAATAATGAGGG

TAGCTATATTATTGAACAAGGTACACATGATAGTCTTATGAAAAATAAAAATGGTATTTATCATCTTATGATAAATAATCAAAAGATTTCATCAAATAAA

TCTTCAAATAATGGAAATGATAATGGATCGGATAACAAAAGTAGCGCTTATAAAGACTCAGATACAGGTAATGATGCAGATAATATGAATAGTTTATCAA

TACATGAAAATGAAAATATATCAAATAATCGTAATTGTAAAAATACAGCAGAAAATGAAAAAGAAGAGAAAGTTCCATTTTTCAAAAGAATGTTTAGAAG

AAAAAAGAAAGCACCAAACAATTTACGTATCATTTATAAAGAAATATTTTCATATAAAAAAGATGTTACTATAATTTTCTTTAGTATTTTAGTAGCTGGA

GGATTATATCCCGTATTTGCTTTATTATATGCTAGATATGTATCTACATTATTTGATTTTGCAAATCTAGAATATAACTCAAATAAATATTCTATATATA

TTCTACTTATTGCTATTGCTATGTTCATTTCAGAAACACTCAAAAACTATTATAACAACAAAATAGGAGAAAAAGTCGAAAAGACTATGAAACGTAGATT

ATTTGAAAATATATTATATCAAGAAATGAGTTTCTTTGATCAAGATAAAAATACCCCAGGTGTTTTATCTGCACATATTAATAGAGATGTACATTTATTA

AAAACGGGTTTAGTAAATAATATTGTTATTTTCTCTCATTTCATAATGCTCTTTCTGGTTAGCATGGTTATGTCCTTTTATTTTTGTCCAATTGTTGCAG

CTGTATTAACTTTTATATATTTTATTAATATGCGTGTATTTGCTGTAAGAGCTAGATTAACCAAAAGTAAAGAAATTGAGAAAAAAGAAAATATGTCAAG

CGGAGTTTTTGCATTTAGTTCAGATGATGAAATGTTTAAAGATCCAAGTTTTTTAATACAGGAAGCATTTTATAATATGCATACTGTTATTAATTATGGT

TTAGAAGATTATTTCTGTAATTTGATAGAAAAAGCTATTGATTATAAAAATAAAGGACAAAAAAGAAGAATTATTGTAAATGCAGCTTTATGGGGATTCA

GTCAAAGCGCTCAATTATTTATTAATAGTTTTGCCTATTGGTTTGGATCCTTCTTAATTAAAAGAGGTACTATATTAGTTGATGACTTTATGAAATCCTT

ATTTACTTTTATATTTACTGGTAGTTATGCTGGAAAATTAATGTCCTTAAAAGGAGATTCAGAAAATGCAAAATTATCATTTGAGAAATATTATCCATTA

ATGATTAGAAAATCAAATATTGATGTAAGAGATGATGGTGGAATAAGAATAAATAAAAATTTAATAAAAGGTAAAGTTGATATTAAAGATGTAAATTTCC

GTTATATTTCAAGACCAAATGTACCTATTTATAAAAATTTATCTTTTACATGTGATAGTAAAAAAACTACAGCAATCGTTGGAGAAACAGGTAGTGGAAA

ATCAACTTTTATGAATCTCTTATTAAGATTTTATGACTTGAAAAATGATCACATTATATTAAAAAATGATATGACAAATTTTCAAGATTATCAAAATAAT

AATAATAATTCATTGGTTTTAAAAAATGTAAATGAATTTTCAAACCAATCTGGATCTGCAGAAGATTATACTGTATTTAATAATAATGGAGAAATATTAT

TAGATGATATTAATATATGTGATTATAACTTAAGAGATCTTAGAAACTTATTTTCAATAGTTAGTCAAGAACCCATGTTATTTAATATGTCCATATATGA

AAATATCAAATTTGGAAGAGAAGATGCAACATTGGAAGATGTTAAACGTGTTAGTAAGTTTGCTGCTATAGATGAATTTATCGAATCATTACCAAATAAA

TATGATACAAATGTTGGACCATATGGTAAAAGCTTATCAGGTGGACAAAAACAGAGAATAGCTATAGCTAGAGCATTATTAAGAGAACCTAAAATATTAT

TATTAGATGAAGCAACATCATCACTTGATTCCAATTCTGAGAAATTAATTGAAAAAACTATTGTAGATATTAAAGATAAAGCTGACAAAACTATTATTAC

TATTGCCCACAGAATTGCATCTATAAAACGATCAGACAAAATTGTGGTATTTAATAACCCTGATCGAAATGGAACCTTTGTACAGTCACATGGAACACAC

GATGAATTATTATCAGCACAAGATGGAATATATAAAAAATATGTAAAATTAGCTAAATGA

9 0 1 2 3 4 5 6 7 8

0123456789012345678901234567890123456789012345678901234567890123456789012345678901234567890123456789

961600

Translation (1419 aa)

MGKEQKEKKDGNLSIKEEVEKELNKKSTAELFRKIKNEKISFFLPFKCLPAQHRKLLFISFVCAVLSGGTLPFFISVFGVILKNMNLGDDINPIILSLVS

IGLVQFILSMISSYCMDVITSKILKTLKLEYLRSVFYQDGQFHDNNPGSKLRSDLDFYLEQVSSGIGTKFITIFTYASSFLGLYIWSLIKNARLTLCITC

VFPLIYVCGVICNKKVKLNKKTSLLYNNNTMSIIEEALMGIRTVASYCGEKTILNKFNLSETFYSKYILKANFVEALHIGLINGLILVSYAFGFWYGTRI

IINSATNQYPNNDFNGASVISILLGVLISMFMLTIILPNITEYMKALEATNSLYEIINRKPLVENNDDGETLPNIKKIEFKNVRFHYDTRKDVEIYKDLS

FTLKEGKTYAFVGESGCGKSTILKLIERLYDPTEGDIIVNDSHNLKDINLKWWRSKIGVVSQDPLLFSNSIKNNIKYSLYSLKDLEAMENYYEENTNDTY

ENKNFSLISNSMTSNELLEMKKEYQTIKDSDVVDVSKKVLIHDFVSSLPDKYDTLVGSNASKLSGGQKQRISIARAIMRNPKILILDEATSSLDNKSEYL

VQKTINNLKGNENRITIIIAHRLSTIRYANTIFVLSNRERSDNNNNNNNDDNNNNNNNNNNKINNEGSYIIEQGTHDSLMKNKNGIYHLMINNQKISSNK

SSNNGNDNGSDNKSSAYKDSDTGNDADNMNSLSIHENENISNNRNCKNTAENEKEEKVPFFKRMFRRKKKAPNNLRIIYKEIFSYKKDVTIIFFSILVAG

GLYPVFALLYARYVSTLFDFANLEYNSNKYSIYILLIAIAMFISETLKNYYNNKIGEKVEKTMKRRLFENILYQEMSFFDQDKNTPGVLSAHINRDVHLL

KTGLVNNIVIFSHFIMLFLVSMVMSFYFCPIVAAVLTFIYFINMRVFAVRARLTKSKEIEKKENMSSGVFAFSSDDEMFKDPSFLIQEAFYNMHTVINYG

LEDYFCNLIEKAIDYKNKGQKRRIIVNAALWGFSQSAQLFINSFAYWFGSFLIKRGTILVDDFMKSLFTFIFTGSYAGKLMSLKGDSENAKLSFEKYYPL

MIRKSNIDVRDDGGIRINKNLIKGKVDIKDVNFRYISRPNVPIYKNLSFTCDSKKTTAIVGETGSGKSTFMNLLLRFYDLKNDHIILKNDMTNFQDYQNN

NNNSLVLKNVNEFSNQSGSAEDYTVFNNNGEILLDDINICDYNLRDLRNLFSIVSQEPMLFNMSIYENIKFGREDATLEDVKRVSKFAAIDEFIESLPNK

YDTNVGPYGKSLSGGQKQRIAIARALLREPKILLLDEATSSLDSNSEKLIEKTIVDIKDKADKTIITIAHRIASIKRSDKIVVFNNPDRNGTFVQSHGTH

DELLSAQDGIYKKYVKLAK

## Locus mdr1\_1 - Positions 86

958145: AAT

958145: TAT

c t t a

AGGAGGAACATTACCTTTTTTTATATCTGTGTTTGGTGTAATATTAAAGAACATGAATTTAGGTGATGATATTAATCCTATAATATTATCATTAGTATCT

9 0 1 2 3 4 5 6 7 8

0123456789012345678901234567890123456789012345678901234567890123456789012345678901234567890123456789

958100

Primers

958120@GTTTG[GT]TGTAATATTAAA[GA]AACATG

958141@CATG...TTAGGTGATGATATTAATCCT

## Locus mdr1\_2 - Positions 184

958439: TAT

958439: TTT

a g g a a t

TACGAAATTTATAACAATTTTTACATATGCCAGTTCCTTTTTAGGTTTATATATTTGGTCATTAATAAAAAATGCACGTTTGACTTTATGTATTACTTGC

9 0 1 2 3 4 5 6 7 8

0123456789012345678901234567890123456789012345678901234567890123456789012345678901234567890123456789

958400

Primers

958413@CATATGC[CA]AGTTCCTTTTTAGG

958446@GGTC[AG]TTAATAAAAAAT[GA]CACGTTTGAC

## Locus mdr1\_3 - Positions 1246

961625: AAT

961625: TAT

c ta t t

TAGATGATATTAATATATGTGATTATAACTTAAGAGATCTTAGAAACTTATTTTCAATAGTTAGTCAAGAACCCATGTTATTTAATATGTCCATATATGA

9 0 1 2 3 4 5 6 7 8

0123456789012345678901234567890123456789012345678901234567890123456789012345678901234567890123456789

961600

Primers

961595@GTTATAGAT[AG]TAGGTGGAGAATCC

961628@CTTAGAAA[CT][TA]TATTTTC[AT]ATAGTTAGTC

# Primer Sequences for arps10 (PF3D7\_1460900.1)

Exon1 (Pf3D7\_14\_v3: 2480440-2480595, 156 nt)

ATGAATGTAGTCATTTATATCTTTTCCTTTTTGACATTATATAATATTTGTTCTTCTTATGTAAGTAATGCTTTTAAAATAAAATATTCTCCAAGTTTTG

CGACTTTTAGGGTGTGGAAAAATAATACAAGAAGGATATCAAAATTATACAATAAT

Exon2 (Pf3D7\_14\_v3: 2480731-2480927, 197 nt)

TTGGATAAAGTAAATAATGATTTAAAAAAGAAAGATATAATAAAAAAATGGACTGAGAATTATCATTTGCGAATAATATTAAGTTCTTATTTTTCTGATC

ATTTACAAAAAGCTGTTTTTAATGTTAAGGAAAAATTAAGTCAATATCCTCAGTTTATTGTAGCAGGCCCAATTCCCCAAAAGACAATAAGAAAGAG

Exon3 (Pf3D7\_14\_v3: 2481045-2481166, 122 nt)

ATTTACCTTTTTGCGATCTCCCCATGTGGATAAAGACAGTAGAGAGCAATTCGAAATAAAACAGTACTCTTGCAAATTAGATATTTTTTTGAACTCATCT

GTTCCTATAAAAAATTCTGAAT

Exon4 (Pf3D7\_14\_v3: 2481284-2481539, 274 nt)

TTGTAAATTTCTTATCAGTGAAATTACCCAGATTTGTGGGTTTTGAATACTACTTTGAAGAGAATTATAAAGGTTTGTCAAAAGAAGAAGTACAAAAATT

AAAGAAGAAAAAATATGTCAGTAAATATTATACCAACTTATATAACGCTCAAGAAAAAAAAAAATATGTAGATTTGTTACTTGATAATTCTAAATATATG

AATGTCAAATTACCCAGAAATTTTTTCGAATTATACAAATTCCCCTTAGAAATATTAAAGCATTATTACAAAAA

Exon5 (Pf3D7\_14\_v3: 2481841-2481916, 76 nt)

AACAATGGAAAAGAAAAAGTGGTACCATGAAAATGAAGAATTAATGAAGAAAATCGAATCTTTATCTTTTGATTGA

Alleles

2481070: GTG

2481070: ATG V127M

a c g c g a c t

ATTTACCTTTTTGCGATCTCCCCATGTGGATAAAGACAGTAGAGAGCAATTCGAAATAAAACAGTACTCTTGCAAATTAGATATTTTTTTGAACTCATCT

5 6 7 8 9 0 1 2 3 4

5678901234567890123456789012345678901234567890123456789012345678901234567890123456789012345678901234

2481100

Primers

2481045@ATTTAC[CA]TTTTTGCGATCTCCCCAT...[GC]

2481079@GACAGT[AC]G[AG]GA[GA]CAATTCGAAATAAAAC

# Primer Sequences for mdr2 (PF3D7\_1447900)

Single Exon (Pf3D7\_14\_v3: 1954601-1957675, REVERSE, 3075 nt)

ATGGATGTATCAAATTACGAGTATTTAAGATCCTATGGAATTAAGAACGAACTGAAAAGGAAAAGAACGCACAAGAAGATAATAATATATCACTTATTAG

ATATTATAATATTTTTCTTATTATTTTTTAGTTGTTACAATTTTAATTTAGAATTATGTTATAAATATGAAAAGGCAATTTTTTATAATTTTTTTAAATC

ATCAGTTGATTTATTTTTGTTGAATGTTATAAGAATAATATACACCGTAATTTTATTTAGATTACATAAAAAGTTAACAGAATTGAATACATTAGGAAAG

GTGTATGTATTATCCAGACATATAACCGGTATCTTAGTTATATTGAATGTAATAAAGATGATAAATTATAGTTATGTAATAAAATCAGAAAATCCTCTTT

ATAATACTAACATGTATTTAATAACACTCAAAGTTTTGTTTATGGTTTATAGTATGATTTCATCTATATATTATTATTTTATACAATTTAAATTATATAA

TATAAAGAAGAAATATATTATAGCTCGAGTTGAATTAGAAAAAATATTAATAAATGATATTAAATCAAAAAAATATAACATATATAAATCTGATGAAAAT

AGTGGCTTATTAGGAACAGATAGTAATAGTACCATAATGAATAATGAATATTTAAACCTTGATTATAAAAATTTATTAGATATGAATATATCATATAACA

AATTAAATGAAAAAATAAATAATGATATTATAAATAATACTTCTGATGTTCAGGAGAAAAATATGGATTATAATGATATTCATAATTTTCAGAAAAAAAA

AAAATCTTCTAATTTTGCTTATTTAAATTTTTTCCATAAAGAAAGTAAAGATAATAAAATTGATGTAAAAGAATCATTTTTAAATAAAAGATATGGTAGT

AATAAACGTAGTAGTAAAATATATGATAATAATAATAATAATAATAATAATAATATAAACTCCAAAATTGATTATTTAGAAAATAATATAACATATACAG

AATTCAAAAAAATACTTTTACCATATTTGTGGCCAAGCAAAAGGATAGATATGAAAGGAAATAGCTCTATATTACGTACATATATTGTTCTAATATTTTT

ATTTATATTAGTATCAAAAGTATTTAGTGTAATTTCTCCGATATATTTAGGTTGGGCATCAAATGAAGTATTAAAAAAGAGTTTATCTAGTTCAGTATAT

TATTTAGGTTTATATGTAACATTTTTTTTTATATCTAAATTTTTAAAAGAGGTTTGTGGTGTATTATTTTCACAAGTACAACAATCAGCTTTTATAGAAT

TACAAGAATCTATATTTCAAACATTTCATAATTTATCATATGAATGGTATTCTAGTAAAAATTCGGGTGGTATCATGAGAATAGTTGATAGAGGTACCGA

GAGTGCTAATAATTTGATGAGTTCTGTTTTAATGTATATTATTCCGGCAACAATAGAAGGATTAATAACATGTATTATATTTATTTTTAAATATAAGAAT

AGTTTATTAGGTAGTGTATTATTTATAGGTTTAACTTTATATATATATTCAACAATAAAAATTACAAAGTGGAGAAAAAAAATTAGAACAAAAGCAAATG

AGATGGATAATGTATATCATGATATAGCTCATGATTCATTAACAAATTATGAAAATGTGAAATATTTTAGTAATGAAAAATTTGAAATCAAAAAATTTTG

TAATGCATTATCAAATTATCATAGATATAATTTAAAAATATTAAATAGTTTAGGTATATTAAATACTGTTCAACAATTTATATTGAATGGTACCTTATTC

TTTACATTATTATGTGTAATATATATGATAGTTAAGGAAGGATCAGATCCAGGTACCTTCATAAGTGTAGTTGTATATACATCTAATGTATTTGCTCCAT

TAAGTATATTAGGAACATTATATGCTACTATTATTAAATCATTTACTGATATTAGTGATTTGATAGATATTTTAAGAGATAAAATTGATATATCAAATGA

TAAAAATTTGAAAAATTTTGATTTAACATCACAAGAAAAAAAATTCGGTGTTAGTATTGAATTTAATAATGTACATTTTAATTACCCAACACAACCATTA

CATACATCATTAAAAGATATTAATATATACATAAAACCAGGTACAACATGTGCTCTTGTAGGTCATACAGGTTCTGGAAAAACAACAATTTCGAAATTGT

TATATCGATTCTATGATTCAAAAGGAGAGATTAAAATTGGAGGACGTAATATAAATGAATATACCAGAAACTCCATTAGAAATATTATAGGTATAGTACC

ACAAGATACCATATTATTTAATGAATCTATAAAATATAATATTTTATACGGAAAATTAGATGCCACTGAAGAAGAATTAATACAAGCTGTTAAATCGGCT

CAGTTATATGATTTTATACAATCTCTTCCAAAAAAATGGGACACTTTAGTTGGTGATAAAGGAGTCAAATTATCAGGAGGAGAACGACAAAGAATATCTA

TAGCAAGATGTTTATTGAAAGATCCTAAAATTGTTATATTTGATGAAGCAACCAGTTCATTAGATTCAAGAACCGAATATCTTTTCCAAAAAGCTGTAGA

AGATTTAAGAAAAAATAGAACCATTATTATTATAGCACATAAACTATGTACTATCACAACCGCTGAATTAATTATCTTATTGAACAAAGGAAAAATTATA

GAAAGAGGAACACATCTAGATTTATTAAAATGTAATGGAGAATACACAGAAATGTGGAATATGCAATCAAAATCAAATGAACCACATACTGAAACAAATT

CATCAATTGATAAAGACGATGTAAATAAAAATAATAACAAAAATAATGATGTCATACTTAATACATGTAAAAATGATATCACCACAAGTTTTAGATCGAA

CAGTGAAAAAAGTAGTCAAGAATTTAGTGACGCAAGTAATCATATTAAGCAATCGAAAACTTCTAATGACCATAATAATAATATTAACGTACACAAAAAA

AATGAACAAGAACAACTTTTTTTAACAAATGATAAAACAGATATGGATGATAATATGAATAACAAAAAAAAATAG

Alleles

1956224: TGT

1956224: TAT T484I

[NOTE: SEQUENCE REVERSED}

g c c g t g

ATTCTTATATTTAAAAATAAATATAATACATGTTATTAATCCTTCTATTGTTGCCGGAATAATATACATTAAAACAGAACTCATCAAATTATTAGCACTC

8 9 0 1 2 3 4 5 6 7

6789012345678901234567890123456789012345678901234567890123456789012345678901234567890123456789012345

1956200

Primers

1956203@ACATGTTATTAATCCT[TC]TAT...TGCC

1956227@TGCCGGAATAAT[AG]TACATTAAAACAGAAC

# Primer Sequences for fd (PF3D7\_1318100)

Single Exon (Pf3D7\_13\_v3: 748387-748971, REVERSE, 585 nt)

ATGAATATTGTAATACTATTGTTAATACTAACATTTAGCATAAAACATAGCAATACATATAAATTAAAAAATACGTATATACCCATAAATTATATGTATC

ATAATAATAAAAATATATTAAGAAGCCAAAAGAGTAAATTATTTTTGAATTTCCTAAGTAATAATCAGCTAGCTAATTCTAATAAACAAACATGTTTTTT

TAAGAGCAATATAAAAAGTAGTATATCAAATATCGATAATTATGATTATATAAGAAAACGTTATATCAATACATCTAATAAAAATAAATTATTTTATAAT

ATAACATTAAGAACAAATGATGGAGAAAAAAAAATCGAATGTAATGAAGATGAATATATATTAGATGCTAGTGAAAGACAGAATGTTGAATTACCATATA

GTTGTAGGGGAGGTAGTTGTTCTACATGCGCAGCAAAATTAGTCGAAGGAGAAGTAGATAATGATGATCAAAGTTATTTAGATGAAGAGCAAATAAAGAA

AAAATATATTCTTTTGTGTACATGTTATCCTAAATCGGATTGTGTGATTGAAACGCACAAGGAAGACGAACTACACGACATGTAA

Alleles

748393: GTC

748393: GTA D193Y

[NOTE: SEQUENCE REVERSED}

a t c

TTACATGTCGTGTAGTTCGTCTTCCTTGTGCGTTTCAATCACACAATCCGATTTAGGATAACATGTACACAAAAGAATATATTTT

9 0 1 2 3 4 5 6 7

7890123456789012345678901234567890123456789012345678901234567890123456789012345678901

748400

Primers

748396@[GA]TGTAGTTCGTCTTCCTTGTG[CT]GTTTC

# Primer Sequences for exo (PF3D7\_1362500)

Exon 1 (Pf3D7\_13\_v3:2503185-2504133, 949 nt)

ATGACATCACATATTAGTTACAATAAAATAAGAGAAAAAAGGAACATAAGAAGGGTACTGAGCGTTTATAATTTTTGTTCATTAAATAGATTCTCATGGT

ACAGACAAGATGTGAGATTAGATAATGTGATATATAGAAAGAATTATGAATATATTTATTATAATTGTATTATAAGAAAATGTAGTAGAAATTATATATC

TACACGTAATAATATATATATTAAAAACAAAATATATGATATAATACCATATTTATGTAAAGGTAAAGATGTAAAAAATATAACAAGTAATATAATATTT

TATATTTTACAACATTTAAGTACAAAAAATGTTGTTAATAGTAATGAATATAAAGATAATATAAAAAAAATATATTTTAATTTATTGAAATGTTATCATA

AAATTTTTGAATATAATAATGAATATGGAGAATATATATTTAGCCTGTTTAATGATGATATAATTATATCTGTTAGTCCGTCTTTAAGAAAGAAACAAAA

AAATATTATACAAGATATATTATTGAATAGCTTACATTTTTTTTTCCAGAATAATATAACATATAAAAATAAATTAAATATAAATTTGATGTGTGAAATT

ATTAATTATCCAAAGTTTTTGTATGTATTACATTCTATTAATTATGATATGAATATATTAAAACAAAATATAAGTGTACAAAATGTAGATTATTTATTTT

CTCAGTATATTAATAAAACAAATATATATATTACTACAGCAATTCAATTCGCTTCATTTTTTAAAAATGTCAACATGAATATTTTCACACCTTTTAAGAA

ACACGGTACATTTAATTATTTCTTATTATTAAAACGTATAGTAAATAAGCAGTTGAAAAATACACTCTTTTTATTATTAAACGATATTGAGTGTCATCGG

TTAAGGCAGGAAATGCTTTTGCACCTCCTATCATCAGATGATACCACAG

Exon 2 (Pf3D7\_13\_v3:2504266-2505458, 1193 nt)

GAATGTGCTTTAACGAATGGAGTCATTTAGCAGCAAAGAAATATTTACTTATGAACAAGTATGAAAATGATCTTAAGGAAAATATAAGAGATCAAGAAAT

AAATGTTAACATTTTGAAAAGATCAATTGATTATGTTAAGGATTACGATGACGATAACGATAAAGTTAACAATAACGATAACGATAATGATAACGATTTA

TATATGGAATATTTTAATTTACCTGAAGACGTTAAAAATGTAAAGTACATAAAATGTGTTGATGATTTTAACAATATGGTTATAACGATAAAAGAGGAAG

TAAACAATCATTGGGAAAATAATATATACAATAAAAAGGATATGGTTAATTATACAAATGAAAATTATAATGATAATATATTAACATATGAATATATTAA

TGAAACACTTAGAAAAGAAAAAAAAAGATATTATATAGGTATAGATATCGAATGGGATAGTTATAAAAAAAAAAAAAATACTGTTAGTGTTCTATCTATT

TCAACAAATAATAAAATATATATAATAGATTTATATTATATTGATTATAATTATAAATTTATGATATATACGTTTTTTAAATGGTTATTAGAAAATCCGT

TTATATATAAATTGTTTTTTAATTTCCCTTCGGATATTAAAATAATGTCTTCATATTTTCAAAACATATCACATATAAATATATATAACAATATTATAGA

TTTAAATAATAATATATATATATATACAAGAAAAGAGGAAGGAACACCTTCTTATAAGAATTATAATATTTTATATTTTGAAACATTGAATAGAGATATG

ATTCAATCAAATGATGTACATTTATTCAAAGAATTAGTACATTCGACACCTTATAATTTTAATAAGAATTTAATGAATAAAATAAAAAAAAAAAATAATA

ATATTAATATACCAAACAAACAAATGTTCAAATTATATGTTAAAAGTTTAAATGACTTATGTATAAAGATATTAAATAAAAAGTTAAATAAAAAATTTCA

ATTAGCTAACTGGAATATAAGACCACTTAACCAAGAACAAATAATATATGCATGTATTGATTCATATGTTTTAATAAAGATAGAAGAAATGTTGATAGAA

AAAGGTTATATGTCTACATGTGATTCTAACAACAATCAAATGATGAATTTATTTCTTCAAAAATATAAGTTCAAAGATAGTACATGGGAATGA

Alleles

2504559: GAG

2504559: GGG E415G

g a t t t a c ga c t t

TATATGGAATATTTTAATTTACCTGAAGACGTTAAAAATGTAAAGTACATAAAATGTGTTGATGATTTTAACAATATGGTTATAACGATAAAAGAGGAAG

7 8 9 0 1 2 3 4 5 6

6789012345678901234567890123456789012345678901234567890123456789012345678901234567890123456789012345

2504500

tc a c t a t g t g

TAAACAATCATTGGGAAAATAATATATACAATAAAAAGGATATGGTTAATTATACAAATGAAAATTATAATGATAATATATTAACATATGAATATATTAA

7 8 9 0 1 2 3 4 5 6

6789012345678901234567890123456789012345678901234567890123456789012345678901234567890123456789012345

2504600

Primers

2504526@[GC]ATGATTTTA[AG][CA]AATATGGT[TC]ATAA[CT]GATAAAA

2504562@GAA[GT]TAAA[CT][AC]ATCATTGG[GA]AAAA[TC]AATATATAC

# Primer Sequences for coxiii (mal\_mito\_1), species detection

RNA10 Single Exon (M76611: 625-724, REVERSE, 100 nt)

Region identified by D. Echeverry (M76611: 631-1138, 508 nt)

COX3 Single Exon (M76611: 734-1486, REVERSE, 753 nt)

60

1234567890123456789012345678901234567890123456789012345678901234567890123456789012345678901234567890

TTTGATAGCGGTTAACCTTTCCTTTTCCTTACGTACTCTAGCTATGAACACAATTGTCTATTCGTACAATTATTCA

TATATATATTTGAAACAGGACATAcatgttcatTTATTCTGAATAGAATAAGAACTCTATAAATAACCAGATTATTTCAACAAAATGCCAATATAAAATT

GTAATTTGATCAGTGTGAGGTATAACAATATATGATATACCGAAAGAATTTATAAACCATTCGGTAGAAGTATCATATATTTCTATTATTCTTATAAAGT

ATATTATTAATAATAATAAACCTATTACTACATGAGAAAAATGTAATCCTGTAACACAATAAAATAATGTAGTATATACAGTATCATTTATATGATATGA

TAAATGTAAATACTCTGTAGTTTGTAGAGATGCAAAACATTCTCCTAATAAGTATATTATACAAATAATACTAGAGATTTCAAAACTCATTCCTTTTTCT

ATAAATACTTGTAAACATGCAGTCATACATGATGCACTAGCTAATATAAATGTAATTGTTAAGATTAACATTCTTGATGAAGTAATGATAATACCTTCAT

TACTTAATGGATATGGTGATAAACTAAAATGTAATATACCCCAAAAATATGTAAAGAATAATAAAGCTTCTGATATTATGATAGATAACATACCAGAAGT

TAAAGATGAAAATACAGAATAAAAACTTTCTCGAATAGAATATACAAATATTAATAGGATTATAGGGTTAAATGTAAATAATATCCCTACAGAAAAGTAT

TTTAAAGATGTACCATATAATGATGTTAATGCAGGATATGAAACTAGATGTGCTTTTATATTTGATAAATTACTAAATAAAATAAA

Alleles (interpret as forward, we don’t need the aminos, fix this later)

668: ATGAAC GTTCA MN falciparum

668: TTTAAC GTTAAA FN vivax

668: TTTTAC GTAAAA FY knowlesi

668: TTGTAC GTACAA LY malariae

[NOTE: Interpret target as forward sequence- we don’t need the aminos, fix this later]

TTTGATAGCGGTTAACCTTTCCTTTTCCTTACGTACTCTAGCTATGAACACAATTGTCTATTCGTACAATTATTCA

0 1 2 3 4 5 6 7 8 9 0

1234567890123456789012345678901234567890123456789012345678901234567890123456789012345678901234567890

600

Primers

651@CCTTACGTACTCTAGCT....ACACAA