

ВИРУС БА ШИНЭ ХАЛДВАРУУД

Бид уур амьсгалын болон газар орны маш хурдан өөрчлөлтийн эринд амьдарч байна. Геномын репликацад гол үүрэг гүйцэтгэдэг эсгэгийнхээ (полимераза) өвөрмөц бүтэц зохион байгуулалтаас хамааран РНХ агуулсан вирус нь эдгээр өөрчлөлтөд маш амархан дасч тэр өөрчлөлттэй амжилттай "тэмцэж" байна. Иймээс ч шинэ болон сэргэж буй вирүст халдварын ихэнх нь РНХ агуулсан вирүс байгаа юм. Вирүсийн энэ хувиралд экологи, нийгэм, эрүүл мэндийн тусламж үйлчилгээ, дадал зуршил зэрэг хүрээлэн буй орчны нөлөө асар байдаг. Эдгээр нөлөөлөлд уур амьсгалын өөрчлөлт, гол горхи ширгэх, халуун орны ойн бүрхүүл устах зэрэг хүчин зүйлүүд багтах ба энэ нь халдварт өвчнийг тээгч эзэн болон дамжуулагчид тэдгээрийн шимэгчдийн хүрээг улам тэлж байна.

Шинэ болон сэргэж буй халдварыг илэрхийлсэн олон тодорхойлолт байдаг. ДЭМБ-ын тодорхойлсноор "шинэ болон сэргэж буй халдвар гэдэг нь тухайн хүн амд урьд нь тархаж байгаагүй халдварт өвчин тархах, мөн өмнө нь өргөн тархаж байгаад тархалтын хүрээ нь хумигдсан халдвар дахин сэргэж гарч ирэх"-ийг хэлдэг байна.

Судлаачдын тодорхойлж байгаагаар шинэ вирүс гэдэг нь тухайн популяцийн дотор шинээр илэрч байгаа буюу эсвэл халдвар тархах эзэн бие /хүн, амьтан г.м/ ийн хүрээгээ богино хугацаанд өргөжүүлэн тэлж, өөрөөр хэлбэл урьд нь өвчилдөггүй байсан биологийн төрөл зүйлд шинээр өвчлөл үүсгэж буй вирүсүүдийг хэлнэ.

"Шинэ вирүс"-ийн гол эх уурхай нь амьтад бөгөөд тэдгээрээр дамжин хүнд өвчлөл үүсгэж байна. Үүнийг шинжлэх ухаанд халдвар дамжих зоонотик зам гэдэг.

Хэдийгээр зоонот халдвар нь мал, амьтан хүний хооронд шууд хавьталын замаар дамждаг боловч зарим тохиолдолд завсрын эзэн буюу вектор /шумуул, шавьж, гэрийн тэжээмэл амьтан г.м/-ын тусламжаар халдвар дамжин тархдаг. Түүнээс гадна амьтанаас хүнд эрхтэн суулгах /*xenotransplantation*/ үед ялангуяа дархлаа суларсан нөхцөлд шууд халдвар дамжих боломжтой гэж үздэг.

Шинэ вирүсийн зарим жишээнд Шувууны томуугийн вирүс, АЦХХ-ын коронавирүс, Нипа /*Nipah*/, Эбола /*Ebola*/ вирүсүүдийг дурьдаж болно.

Шинэ вирүсийн нэг сонирхолтой жишээ бол хүний дархлал хомсдолын вирус (ХДХВ) юм. Олон жилийн турш ХДХВ-ийн гарал үүсэл нь судлаачдын дунд оньсого таавар хэвээр байсан юм. Хэдийгээр ХДХВ-1 вирүс нь 1959 оны эхээр Ардчилсан Конго улсын Банту овгийн хүнээс авч хадгалсан байсан ийлдсэнд илэрсэн хэдий ч ХДХВ-ийн халдварын өргөн тархалт зөвхөн 1980 аад оны эхээр мэдэгдэж олон нийтийн анхаарлыг татаж эхэлсэн билээ.

Дээрхи вирүсийн филогенетик судалгаагаар ХДХВ-1 ийн халдвар нь бүр эрт 1940 оос 1950 оны эхин үеэс африкийн хүн амын дунд тархаж эхэлсэн гэж үзэж байна. Цаашид нуклеотидын дараалалын анализаар нарийвчлан судлаж үзэхэд ХДХВ-1 вирүсийн хомолог дараалал нь сармагчины вирүсийн нуклеотидын дараалалтай тохирч байгаа тул хүн дүрст /*subhuman primates*/ сармагчины лентовирүсээс /*simian lentovirus*/ гаралтай гэж үзэж байгаа юм.

Энэ мэтээр шинжлэх ухааны сонирхолтой мөн нийтийн эрүүл мэндийн ач холбогдолтой олон асуудлууд вирүс судлалын шинжлэх ухааны хувьд шийдлээ хүлээж байна.

Монголын вирүс судлалын
нийгэмлэгийн гүйцэтгэх захирал,
ХӨСМС-ийн дэд эрхлэгч, ХӨСҮТ-
ийн нэгдсэн лабораторийн албаны
дарга, анагаах ухааны доктор, дэд
проф М.Алтанхүү

“ВИРҮС СУДЛАЛЫН ТУЛГАМДСАН АСУУДЛУУД”
Үндэсний арвандөрөвдүгээр бага хурал
2013 оны 9 дүгээр сарын 27
Улаанбаатар хот

Нэг. ХУРАЛ ЗОХИОН БАЙГУУЛАХ ХОРОО

- Дарга:** **М.Алтанхүү**, МВСН-ийн гүйцэтгэх захирал, анагаах ухааны доктор, дэд профессор
- Дэд дарга** **Р.Оюунгэрэл**, ХӨСҮТ-ийн эрдэмтэн нарийн бичгийн дарга, анагаах ухааны доктор, дэд профессор,
Д.Цэрэнноров, МВСН-ийн тэргүүлэгч гишүүн, Зоонозын өвчин судлалын Үндэсний төвийн биологийн ухааны доктор
- Нарийн бичгийн дарга:**
Б.Дармаа, МВСН-ийн нарийн бичгийн дарга, ХӨСҮТ-ийн Вирус судлалын лабораторийн эрхлэгч, анагаах ухааны доктор
- Гишүүд:** **Д.Абмэд**, МВСН-ийн тэргүүлэгч гишүүн, ХӨСҮТ-ийн Шимэгч судлалын лабораторийн эрхлэгч, биологийн ухааны доктор
Н.Баясгалан, МВСН-ийн гишүүн, ХӨСҮТ-ийн Вирус Судлалын лабораторийн эмч
Ц.Наранзул, МВСН-ийн гишүүн, ХӨСҮТ-ийн Вирус судлалын лабораторийн эмч, анагаах ухааны магистр
Г.Нямаа, МВСН-ийн гишүүн, ХӨСҮТ-ийн Вирус Судлалын лабораторийн эмч
С.Сугар, МВСН-ийн тэргүүлэгч гишүүн, УМЭАЦТЛ-ийн ерөнхий эмч
П.Сувд, МВСН-ийн гишүүн, НЭМҮТ-ийн Энтервирусийн лавлагаа лабораторийн эрхлэгч, биологийн ухааны магистр
Д.Туул, ХӨСҮТ-ийн Аж ахуйн албаны дарга

ХУРЛЫН РЕДАКЦИЙН ЗӨВЛӨЛ

- Хариуцлагатай редактор** **П.Нямдаваа**, МВСН, ХӨТМҮХ-ны ерөнхийлөгч, академич, анагаахын шинжлэх ухааны доктор, профессор
- Нарийн бичгийн дарга** **Р.Туул**, МВСН-ийн тэргүүлэгч гишүүн, ХӨСҮТ-ийн Улаанбурханы лавлагаа лабораторийн эрхлэгч, анагаах ухааны доктор
- Гишүүд:**
З.Адьяасүрэн, МВСН-ийн гишүүн, ЗӨСҮТ-ийн зөвлөх эмч, анагаах ухааны доктор, клиникийн профессор
Ж.Бэх-очир, МВСН-ийн тэргүүлэгч гишүүн, ХААИС-ийн МЭЭШХ-гийн секторын эрхлэгч, биологийн ухааны доктор
Д.Даваалхам, МВСН-ийн тэргүүлэгч гишүүн, ЭМШУИС-ийн Нийгмийн эрүүл мэндийн сургуулийн багш, анагаах ухааны доктор, профессор
Я.Дагвадорж, ЭМШУИС-ийн Халдварт өвчин судлалын тэнхимийн багш, анагаах ухааны доктор, профессор
Ж.Оюунбилэг, МВСН-ийн тэргүүлэгч гишүүн, НЭМҮТ-ийн Биотехнологийн үйлдвэрлэл-судалгааны төвийн эрхлэгч, биологийн шинжлэх ухааны доктор, академич
Л.Энхбаатар, МВСН-ийн тэргүүлэгч гишүүн, анагаах ухааны доктор,
Д.Энхсайхан, МВСН-ийн гишүүн, ХӨСҮТ-ийн Хепатит-Энтеровирусийн лабораторийн вирус судлаач, биологийн ухааны доктор
Ч.Эрдэнэчимэг, МВСН-ийн гишүүн, ХӨСҮТ-ийн ДОХ/БЗДХ-ын тандалт судалгааны албаны тасгийн эрхлэгч, анагаах ухааны доктор

БАЙГУУЛЛАГУУДЫН НЭРИЙН ТОВЧЛОЛ БА ТАЙЛАЛ

АШТЭС-ДЭМБ ХТ, СЖХСЭ	Амьтан ба шувууны томуугийн экологи судалгааны ДЭМБ тай хамтран ажиллах төв, Сэнт Жүүд Хүүхдийн судалгааны эмнэлэг
ВВИС-МВСХ	Вестфалийн Вилхельмийн их сургуулийн Молекул вирүс судлалын хүрээлэн, Мюнстер хот, ХБНГУ
ЗӨСҮТ	ЭМЯ-ны Зооноз өвчин судлалын үндэсний төв, Улаанбаатар хот, Монгол улс
МАУА	Монголын анагаах ухааны академи, Улаанбаатар хот, Монгол улс
МВСН	Монголын вирүс судлалын нийгэмлэг, Улаанбаатар хот, Монгол улс
НОЭ НЭМҮТ	Нүдний “Орбитал” эмнэлэг ЭМЯ-ны Нийгмийн эрүүл мэндийн үндэсний төв, Улаанбаатар хот, Монгол улс
ОАУА.СС-ГБЭМХНҮАЭШТ	Оросын анагаах ухааны академийн Сибирийн салбарын Гэр бүлийн эрүүл мэнд хүний нөхөн үржихүйн асуудлын эрдэм шинжилгээний төв, Эрхүү хот, ОХУ
ӨМХААИС	Өвөр Монголын хөдөө аж ахуйн их сургууль, Хөх хот, БНХАУ
ТИС-ВСТ	Тохокугийн их сургуулийн Вирүс судлалын тэнхим, Сендай хот, Япон улс
ТҮИС-АУК	Тайваны үндэсний их сургуулийн Анагаах ухааны коллеж, Тайпей хот, Тайван
ТҮИСЭ-ЛАУТ	Тайваны үндэсний их сургуулийн эмнэлэг, Лабораторийн анагаах ухааны тасаг, Тайпей хот, Тайван
САСЭМТ СДНЭ	Сэлэнгэ аймаг, Алтанбулаг сумын Эрүүл мэндийн төв Сүхбаатар дүүргийн нэгдсэн эмнэлэг, Улаанбаатар хот, Монгол улс
СХСЭМТ УМЭАЦТЛ	Сэлэнгэ аймаг, Хүдэр сумын Эрүүл мэндийн төв ҮХААЯ-ны Улсын мал эмнэлгийн ариун цэврийн төв лаборатори, Улаанбаатар хот, Монгол улс
ФИС-НЭМЭМС, ШЭТХ	Флоридагын Их Сургуулийн Нийгмийн эрүүл мэнд, эмнэлгийн мэргэжилтний сургууль, Шинэ эмгэг төрөгчийн хүрээлэн, АНУ
ФИС-МЭС,ХӨЭСТ	Флоридагын Их Сургуулийн Мал эмнэлгийн Сургууль, Халдварт өвчин ба эмгэг судлалын тасаг, АНУ.
ХААИС-МЭЭШХ	Хөдөө аж ахуйн их сургуулийн Мал эмнэлгийн эрдэм шинжилгээний хүрээлэн, Улаанбаатар хот, Монгол улс
ХАУА-ЭБХ	Хятадын анагаах ухааны академийн Эмгэгтөрөгчийн биологийн хүрээлэн, Бээжин хот, БНХАУ
ХӨСҮТ	ЭМЯ-ны Халдварт өвчин судлалын үндэсний төв, Улаанбаатар хот, Монгол улс
ЦССҮТ	ЭМЯ-ны Цус сэлбэлт судлалын үндэсний төв, Улаанбаатар хот, Монгол улс
ШЭНЭСТ	Шүд, эрүү, нүүрний эмгэг судлалын төв, Улаанбаатар хот, Монгол улс
ЭМШУИС-БАС	Эрүүл мэндийн шинжлэх ухааны их сургуулийн Био-анагаахын сургууль, Улаанбаатар хот, Монгол улс
ЭМШУИС-НЭМС	Эрүүл мэндийн шинжлэх ухааны их сургуулийн Нийгмийн эрүүл мэндийн сургууль, Улаанбаатар хот, Монгол улс
ЭХЭМҮТ	ЭМЯ-ны Эх, хүүхдийн эрүүл мэндийн үндэсний төв, Улаанбаатар хот, Монгол улс
ЯХӨСҮХ	Халдварт өвчин судлалын үндэсний хүрээлэн, Токио хот, Япон улс

“ВИРУС СУДЛАЛЫН ТУЛГАМДСАН АСУУДЛУУД”

Үндэсний арвандөрөвдүгээр бага хурлын хөтөлбөр
2013 оны 9 дүгээр сарын 27, ХӨСҮТ, Хурлын их танхим

08:30-09:00	Бүртгэл	
I Хуралдаан: Модератор М.Алтанхүү, МВСН, ХӨСҮТ, Д.Цэрэнноров, МВСН, ЗӨСҮТ		
09:00-09:10	Нээлт	М.Алтанхүү, МВСН, ХӨСҮТ
09:10-09:45	Лекц 1: Хүний херпес вирүст халдварын судалгаа: Дэлхий дахинд ба Монгол улсад	П.Нямдаваа, МВСН, МАУА
09:45-10:15	Лекц 2: Вирүс биотерроризмын болзошгүй хэрэгсэл	Д.Анхлан, ВВИС-МВСХ
10:15-11:15	Лекц 3: Амьсгалын замын синцитиаль вирүсийн молекул эпидемиологи Азийн гурван орон: Япон, Монгол, Филиппинд	Х.Ошитани, ТИС-ВСТ
11:15-11:45	Цайны завсарлага: Зураг авхуулах, Ханын илтгэл/үзэсгэлэн	
II Хуралдаан: Модератор Б.Дармаа, МВСН, ХӨСҮТ, Ж.Оюунбилэг, МВСН, НЭМУТ,		
11:45-12:45	Лекц 4: ОХУ, Монгол ба бусад оронд бүртгэгдсэн хачигт хазуулсан хүмүүст хийсэн судалгаа	Г.А.Данчинова, ОАУА-СС-ГБЭМХНҮАЭШТ
12:45-13:00	Илтгэл 1: Монгол малд шинээр оношлогдсон болон дахин сэргэх хандлагатай байгаа вирүст өвчнүүд	Ж.Бэх-очир, С.Сугар, Д.Батчулуун, Р.Содномдаржаа, Ш.Цэрэндорж, ХААИС-МЭЭШХ, УМЭАЦТЛ
13:00-14:00	Үдийн хоол, Ханын илтгэл/үзэсгэлэн	
III Хуралдаан: Модератор Ж.Бэх-очир, МВСН, ХААИС-МЭЭШХ, Р.Туул, МВСН, ХӨСҮТ		
14:00-14:15	Илтгэл 2: Рекомбинант плазмид ашиглан туршлагын амьганд гаргаж авсан галзуугийн вирүсийн нүклеопротейний эсрэг эсрэг биеийн таньцийг тодорхойлсон дүн	Б.Болдбаатар, С.Иноуэ, А.Ногучи, Ё.Каку, А.Окутани, А.Ямада, ХААИС-МЭЭШХ, ЯХӨСҮХ
14:15-14:30	Илтгэл 3: Шувууны Ньюкаслын өвчнөөс сэргийлэх вакцины загвар бэлтгэж туршсан дүн	Ё.Энхмандах, Ч.Ж.Занг, ХААИС-МЭЭШХ, ӨМХААИС
14:30-14:45	Илтгэл 4: Монгол улсад бүртгэгдсэн хачигт энцефалит өвчний онош, эмнэлзүй, эмчилгээний талаархи судалгааны дүн	Ж.Батаа, Д.Абмэд, Г.А.Данчинова, У.Нармандах, Б.Оюунбилэг, С.Ундармаа, Ц.Чинбаяр, М.А.Хаснатинов, ЗӨСҮТ, ХӨСҮТ, ОАУА-СС-ГБЭМХНҮАЭШТ
14:45-15:00	Илтгэл 5: 2012-2013 оны томуугийн улиралд Дорноговь аймаг, Улаанбаатар хотын Багануур дүүрэгт хийсэн томуугийн тандалт судалгааны дүн	А.Бурмаа, Т.Камигаки, Г.Нямаа, Ч.Майцэцэг, П.Нямдаваа, Х.Ошитани, ХӨСҮТ, МАУА, ТИС-ВСТ
15:00-15:15	Илтгэл 6: Монгол улсад 2008-2013 онд бүртгэгдсэн хүний риновирүст халдварын молекул эпидемиологийн судалгаа	С.Цацрал, З.Ч.Шиан, Ч.Майцэцэг, П.Нямдаваа, ХӨСҮТ, ХАУА-ЭБХ, МАУА

15:15-15:30	Илтгэл 7: Монгол улсад 2012-2013 онд илрүүлсэн амьсгалын замын синцитиаль вирусийн шинэ дэд хэвшинжүүд	Г.Нямаа, Н.Фужи, Х.Отомару, Ч.Майцэцэг, Б.Дармаа, С.Акира, Х.Ошитани, П.Нямдаваа, ХӨСҮТ, ЭМШУИС-БАС, ТИС-ВСТ, МАУА
15:30-15:45	Цайны завсарлага, Ханын илтгэл/үзэсгэлэн	
IV Хуралдаан : Модератор М.Алтанхүү, МВСН, ХӨСҮТ, П.Нямдаваа, МВСН, МАУА		
15:45-16:00	Илтгэл 8: Монгол улсад 2011-2013 онд тав хүртэл насны хүүхдийн дунд хийсэн энтеровирусийн лабораторийн тандалтын дүн	П.Сувд, З.Сайнжаргал, НЭМҮТ
16:00-16:15	Илтгэл 9: Монгол улсад ялгасан энтеровирус 71 омгийн молекул эпидемиологи, биотехнологийн судалгаа	Ж.Оюунбилэг, Ч.Н.Ли, О.Дуламсүрэн, П.Сувд, И.Ц.Яао, Б.Чинг, С.Ю.Чанг, З.Сайнжаргал, Б.Энхтуяа, П.-Ю.Хунг, НЭМҮТ, ТҮИС-АУК, ТҮИСЭ-ЛАУТ
16:15-16:30	Илтгэл 10. Цусаар дамжин халдварладаг зарим халдварын ийлдэс судлалын шинжилгээний чанарын гадаад хяналтын дүн	Т.Алимаа, Г.Нямаа, Т.-А. Фам, Б.Соёлоо, Б.Уянга, Ч.Батжаргал, Н.Сайханхүү, Б.Дармаа, Ё.Алтанцэцэг, Г.Сарангуа, ЦССҮТ, ХӨСҮТ, АҮЛЛ
16:30-16:50	Асуулт/ хариулт, ярилцлага	П.Нямдаваа, МВСН, МАУА
16:50-17:00	Хаалт	П.Нямдаваа, МВСН, МАУА
17:00-18:00	МВСН-ийн бүх гишүүдийн хурал	П.Нямдаваа, МВСН

НЭГ.ЛЕКЦҮҮД**1.1.ХҮНИЙ ХЕРПЕС ВИРУСТ
ХАЛДВАРЫН СУДАЛГАА:
ДЭЛХИЙ ДАХИНД БА МОНГОЛ УЛСАД**

П.Нямдаваа
МАУА, МВСН

Herpesvirales багт хамаарах вирусийн төрөл, зүйлүүд нь байгальд өргөн тархсан бөгөөд хүн, амьтан, ургамалд халдварлаж, өвчлүүлдэг.

Herpesvirales багийн *Herpesviridae* овогт сээр нуруутан амьтдад халдварлан эмгэг үүсгэдэг вирусүүд, түүний дотор хүнд халдварлан тархдаг 8 хэвшинжийн вирус хамаардаг. Мөн херпес вирус халдварууд нь далд, ужиг халдвар сэдээх хандлагатай, бас сонгомол үйлдэлтэй вирусийн эсрэг анхны бэлдмэлийн (ацисловир ба түүний уламжлалуудын) бай болдгоороо судлаачдын сонирхлыг ихээхэн татдаг юм.

Энэхүү лекцэнд хүний херпес вирус халдваруудыг Дэлхий дахинд судласан байдал ба Монгол улс дахь судалгааны одоогийн тоймыг түүхчилэн өгүүлэх бөгөөд энэ халдварын асуудлаар Монгол улсад шаардагдаж буй судалгаа, эрүүл мэндийн үйлчилгээний тухай зохиогчийн төсөөллийг мөн тусгах юм.

**1.2.ВИРУС БИОТЕРРОРИЗМЫН
БОЛЗОШГҮЙ ХЭРЭГСЭЛ**

Д. Анхлан
ВВИС-МВСХ

Аливаа алан хядах (террорист) үйлдлээс хүн амынхаа амь нас, эрүүл мэндийг хамгаалах зорилгоор „Терроризмтэй тэмцэх тухай“ Монгол улсын хуулийг 2004 онд баталсан. Үүнд террорист халдлагад ашиглах магадлалтай вирусийн халдваруудыг бүртгэн судлаж, эрэмбэлэн, хянах тогтолцоог бүх талаар бэхжүүлэн сайжруулж, шаардлагатай урьдчилан сэргийлэх арга хэмжээг төлөвлөж хэрэгжүүлэх ажлууд багтаж байгаа юм. Ялангуяа манай оронд байдаг байгалын голомтод зоонозын вирус халдварын эпидемиологийн судалгааг өргөжүүлэн чанаржуулж, нэр төрлийг олшруулан, үүсгэгч агентыг эрт, түргэн оношлох шинжилгээний

орчин үеийн арга технологийг өргөн нэвтрүүлэх нь тухайн халдварт өвчний эдгэрэлтэт төдийгүй халдвар голомтлон тархахыг хязгаарлан зогсоох, гэмт халдлагыг хохирол багатай давахад ч шийдвэрлэх ач холбогдолтой. Лабораторын эмч, судлаачдын мэргэжлын ур чадварын түвшин, гоц халдвар-аюулгүй ажиллагааны дэглэм зэргийг дэлхийн стандартын зэрэглэлд нийцүүлэн хэвшүүлэхэд онцгой анхаарах ёстой билээ. Мөн болзошгүй эрсдэл ихтэй вирусийн халдварт өвчнийг эмчлэн, сэргийлэх батлагдсан эм, бэлдмэлийн нөөцийг тооцох, эх орны эмийн бүтээгдэхүүнээс вирусийн халдварыг саатуулах шинэ эх үүсвэр хайх олон улсын судалгааны төсөл төлөвлөн хэрэгжүүлэх нь Монгол улсын үндэсний аюулгүй байдалд болон дэлхий дахины биотерроризмтэй хийх тэмцэлд тодорхой хувь нэмэр оруулах болно. Энэ зорилгоор Монголд ялгасан томуугийн H5N1 вирусийн омгийн биологийн төрх, эмийн бодисийн тэсвэржилт/мэдрэгжилт г.м харьцуулан судлах зорилтууд тавьж байна.

**1.3.АМЬСГАЛЫН ЗАМЫН
СИНЦИТИАЛЬ ВИРУСИЙН МОЛЕКУЛ
ЭПИДЕМИОЛОГИ, АЗИЙН ГУРВАН
ОРОН: ЯПОН, МОНГОЛ, ФИЛИППИНД**

Х.Ошитани
ТИС-ВСТ

Амьсгалын замын синцициаль вирус (RSV) нь бага насны хүүхдэд хүнд хэлбэрийн амьсгалын замын цочмог халдварын шалтгаан болдог. Уг вирус нь RSV-A болон RSV-B гэсэн 2 хэв шинжид хуваагддаг. Гадаргуугийн G уургийн генийн 2-р хувирамтгай хэсгийн филогенетик судалгаагаар хэв шинж тус бүр хэд хэдэн генотипд хуваагддагийг тогтоосон. Жишээ нь RSV-A-д 10 генотип тодорхойлогддог. Сүүлийн үед RSV-A вирусийн гадаргуугийн G уургийн хэсэгт 72 нуклеотидын хоёрчлол болсон ON1 гэдэг шинэ генотип дэлхий дахинаа эргэлтэнд орж ирсэн байна.

Бид 2008-2013 онд Япон, Монгол болон Филиппинд эргэлтэнд байгаа RSV-A амьсгалын замын синцициаль вирусүүд филогенетикийн хувьд хэрхэн холбоотойг байгааг тодорхойлох зорилго тавьж ажилласан.

Судалгаанаас үзэхэд эдгээр орнуудад ижил төстэй вирус эргэлдэж байсан боловч ON1 гэх шинэ генотипийн вирус эргэлтэнд орж эхэлсэн хугацаагаараа ялгаатай байсан. Жишээ нь Филиппинд ON1 генотип

2012 оны хоёрдугаар хагасаас эргэлтэнд орж эхэлсэн бөгөөд хурдан хугацаанд бусад вирүүсүүдийг түрж зонхилох болсон. Гэвч ийм вирус Монголд 2013 оны эх хүртэл тодорхойлогдоогүй. RSV дэлхийд хэрхэн тархаж байгааг ойлгоход дэлхийн улс оронд энэхүү вирус генетикийн хувьд хэрхэн өөрчлөгдөж байгааг нарийн хянах шаардлагатай байна.

1.4.ОХУ, МОНГОЛ БА БУСАД ОРОНД БҮРТГЭГДСЭН ХАЧИГТ ХАЗУУЛСАН ХҮМҮҮСТ ХИЙСЭН СУДАЛГАА

Г.А.Данчинова,

ОХУ-ын Анагаах ухааны академийн Дорнод Сибирийн салбарын Эрхүүгийн Гэр бүлийн эрүүл мэнд ба хүний нөхөн үржихүйн асуудлын шинжлэх ухааны төв

Бид ОХУ-ын Эрхүү хотын Оросын Анагаах ухааны академийн харьяа Гэр бүлийн эрүүл мэнд, нөхөн үржихүйн асуудлын шинжлэх ухааны төвийн Хачигт халдварын оношлогоо, сэргийлэлтийн төвд 2007-2012 онд ОХУ болон бусад орнуудад хачигт хазуулсаны улмаас хандсан 41000 хүнд судалгаа, дүн шинжилгээ хийв. Энэ төвд жил бүр 6.5-8 мянган хүн үзүүлж боррелиоз болон бусад хачигт халдварын нарийн оношлогоо эмчилгээ хийлгэж зөвлөгөө авдаг. ОХУ-ын 29 мужид хачигт халдварын дэгдэлт тэмдэглэгдсэн ба дийлэнх нь Эрхүү мужийн орчим гардаг байна. Энэхүү судалгаанд хамрагдсан 5 өвчтөн Монголд байхдаа, 5 нь Германд, 4 нь Украинд, 3 нь АНУ-д, 2 нь Чехэд, 2 нь Шведэд хачигт хазуулсан бол тус бүр нэг хүн Финланд, Итали, Польш, Казакстан болон Турк улсад аялж байхдаа хачигт хазуулан халдвар авсан байна. Гүнзгийрүүлсэн судалгаанаас үзвэл хачигт халдварын эмнэлзүй нь газарзүйн байршлаас хамааран өөр хоорондоо ялгаатай байв. Лабораторийн шинжилгээг баталгаатай оношлуураар хийсэн ба эрт оношлогоо, эрчимтэй эмчилгээний үр дүнд эдгээр хүмүүсийн хачигт энцефалит болон хачигт боррелиоз өвчнийг бүрэн эмчилсэн болно. Энэхүү судалгааг Оросын суурь судалгааны сангаас санхүүжүүлсэн болно (08-04-90206 ба 11-04-92221).

ХОЁР. АМАН ИЛТГЭЛҮҮД

2.1 МОНГОЛ МАЛД ШИНЭЭР ОНОШЛОГДСОН БОЛОН ДАХИН СЭРГЭХ ХАНДЛАГАТАЙ ВИРУСТ ӨВЧНҮҮД

*Ж.Бэх-очир¹, С.Сугар², Д.Батчулуун²,
Р.Содномдаржаа², Ш.Цэрэндорж²
¹ХААИС-МЭЭШХ, ²УМЭАЦТЛ*

Бичил биетний хувьсамж, хүрээлэн буй орчны экологийн тэнцвэрт байдлын алдагдал, уур амьсгалын дулаарал, хүн мал, амьтны амьдралын хэв маяг, шилжилт хөдөлгөөнтэй холбоотой шинэ, шинэ өвчнүүд манай дэлхий дээр бүртгэгдэх болон зарим өвчнүүд шинээр сэргэх хандлагатай болж байна. Эдгээрээс манай улсад доорхи өвчнүүд шинээр оношлогдов. Үүнд: Хонь, ямааны уушигны аденоматоз, Төв аймгийн Лүн, Булган аймгийн Баяннуур, Бүрэгхангай сумдад (2006, 2010), Хонь, ямааны маеди-висна, Сэлэнгэ аймгийн Алтанбулаг, Ерөө, Хүдэр, Түшиг, Зүүнбүрэн сумдад (2007-2008), Хэл хөхрөх, манай орны ойт хээрийн ихэнхи аймаг сумын малд (2007-2010), Баруун Нилийн халуурал, Ховд, Баян-Өлгий (2004), Ховд, Хөвсгөл, Сэлэнгэ, Булган, Дархан, (2007), Гахайн үржил-амьсгалын замын хам шинж, Улаанбаатар хот (2007, 2010), Хачигт энцефалит, Сэлэнгэ аймгийн Ерөө, Хүдэр, Булган аймгийн Хялганат, Дорнод аймгийн Дашбалбар зэрэгт (2008-2009), Шувууны томуу, Хөвсгөл аймгийн “Эрхэл”, Булган аймгийн “Хунт”, Архангай аймгийн “Дойтын цагаан” ба “Дөрөө цагаан” болон Сүхбаатар аймгийн “Танга” нуур зэрэгт (2005-2006, 2009-2010), Ньюкаслийн өвчин, Улаанбаатар (2010), Үхрийн уушигны синцитиаль вирүсийн халдвар, Сэлэнгэ аймгийн Ерөө, Хүдэр, Алтанбулаг, Булганы Хутаг-Өндөр, (2008), Адууны үений халдварт үрэвсэл Сэлэнгэ аймгийн Ерөө, Хүдэр, Түшиг, Хөвсгөлийн Тариалан, Их уул сумдад (2009) сүүлийн 10-аад жилд шинээр оношлогдоод байна. Үүнээс гадна бараг устсанд тооцож байсан Шүлхий өвчин 1974 оноос хойш 26 жилийн дараа 2000-2010 онд зүүн бүсийн аймгуудад, Хонины цэцэг 1977 оноос хойш 29 жилийн дараа 2006 онд, Ямааны цэцэг 1967 оноос хойш 41 жилийн дараа 2008 онд тус тус дахин гарч улс орны эдийн засагт багагүй хохирол учруулав.

2.2 РЕКОМБИНАНТ ПЛАЗМИД АШИГЛАН ТУРШЛАГЫН АМЬТАНД ГАРГАЖ АВСАН ГАЛЗУУГИЙН ВИРУСИЙН НУКЛЕОПРОТЕЙНИЙ ЭСРЭГ ЭСРЭГБИЕИЙН ТАНЬЦИЙГ ТОДОРХОЙЛСОН ДҮН

Б.Болдбаатар^{1,2}, *С.Иноуэ*², *А.Ногучи*², *Ё.Каку*²,
*А.Окутани*², *А.Ямада*²
¹ХААИС-МЭЭШХ, ²ЯХӨСҮХ

Энэ судалгааны зорилго нь галзуу өвчний лабораторийн CVS-11 омгийн вирусийн нуклеопротеинийг кодлодог генийг бүхлээр нь агуулсан pcDNA3.1/V5HisCVS-11-N рекомбинант плазмидийн дархлаа төрүүлэх чадварыг тодорхойлох байлаа. Шинэ рекомбинант плазмид бий болгон, үүнийг тохирох *E.Coli* омгийн эсэд трансформац хийсэн. Үүнээс цэвэршүүлэн ялгаж авсан рекомбинант плазмидийн ДНХ-г Shimadzujet багаж ашиглан туршлагын амьтанд 2 долоо хоногт 1 удаа тарьсан. Энэ аргаар гарган авсан хэт дархлаат ийлдсийг шууд бус дархан туяарах урвалаар шалгаж эсрэгбиеийн таньцыг тодорхойлсон. Энэ судалгааны үр дүн рекомбинант плазмидийн ДНХ ашиглан гарган авсан эсрэгбиеийг галзуу өвчний оношлогоонд ашиглах боломжтойг харуулж байна.

2.3 ШУВУУНЫ НЬЮКАСЛЫН ӨВЧНӨӨС СЭРГИЙЛЭХ ВАКЦИНЫ ЗАГВАР БЭЛТГЭЖ ТУРШСАН ДҮН

*Ё.Энхмандах*¹, *Жанг-Чижин*²
¹ХААИС-МЭЭШХ, ²ӨМХААИС

Ньюкаслийн өвчин нь шувууны аж ахуй эрхэлдэг ихэнхи улс оронд үе үе тохиолдож, өвчилсөн өсвөр насны шувуу бараг 100 % хорогддог тул дэлхийн мал амьтны эрүүл мэндийн байгууллагаас уг өвчнийг “А” ангилалд оруулсан гоц халдварт өвчний нэг юм. Уг өвчин манай оронд анх удаа 2010 онд гарч, оношлох, тэмцэх, сэргийлэх арга хэмжээг цаг алдалгүй, оновчтой авч хэрэгжүүлсэний үр дүнд тархалтыг зогсоож чадсан байна. Уг өвчнөөс сэргийлэх үндсэн арга нь вакцинжуулалт юм.

Судалгааны ажлын зорилго нь шувууны

Ньюкаслийн өвчнөөс сэргийлэх идэвхгүйжүүлсэн вакцины загвар боловсруулан, идэвхийг нь ижил төрлийн амьд вакцинтай харьцуулан судалсанд оршино.

Энэхүү судалгааг БНХАУ-ын ӨМӨЗО-ны Хөх хотын Тариалангийн их сургуульд, тус сургуулийн материалаг бааз ба эрдэмтэдтэй хамтран гүйцэтгэв. Вакцины загварыг шувууны Ньюкаслийн өвчин үүсгэдэг Ла Сота омгийн вирусийг тахианы үр хөврөлд өсгөвөрлөн, формалинаар идэвхгүйжүүлж, Франц улсын Sierric компанид үйлдвэрлэсэн MONTAN-IDE ISA 206 тосон хүчлүүртэй 2:1 харцагаар хольж бэлтгэв. Вакцины идэвхийг шувууны Ньюкаслийн өвчнөөс сэргийлэх Medivac ND-IB амьд вакцинтай харьцуулан судлав.

Вакцины идэвхи ба дархлааны үргэлжлэх хугацаа нь Medivac ND-IB амьд вакцинтай харьцуулхад 28 хоногийн настай дэгдээхэйд ойролцоо байсан бол нас бие гүйцсэн өндөглөгч тахианд илүү байв.

Судалгааны ажлын үр дүнгээс үзэхэд бидний бэлтгэсэн вакцины загвар нь хоруу чанаргүй, амьтны биед богино хугацаанд шимэгддэг, дархлаа төрүүлэх идэвхи өндөр, дархлааны үргэлжлэх хугацаа урт зэрэг нь вакцинд тавих шаардлагад нийцэж байна.

2.4 МОНГОЛ УЛСАД БҮРТГЭГДСЭН ХАЧИГТ ЭНЦЕФАЛИТ ӨВЧНИЙ ОНОШ, ЭМНЭЛЗҮЙ, ЭМЧИЛГЭЭНИЙ ТАЛААРХИ СУДАЛГААНЫ ДҮН

*Ж.Батаа*¹, *Д.Абмэд*², *Г.Данчинова*³, *У.Нармандах*¹,
*Б.Оюунбилэг*², *С.Ундармаа*², *Ц.Чинбаяр*²,
*М.А.Хаснатинов*³
¹ЗӨСҮТ, ²ОАУА.СС-ГБЭМХНҮАЭШТ

Монгол улсын ойн бүсийн хүн амд хачигт энцефалит (ХЭ) өвчин тархаж, улмаар ихсэх хандлагатай байна¹. Сүүлийн 10 жилд ХЭ өвчний 210 тохиолдол бүртгэгдсэн нь 10000 хүн амд дунджаар 0,12 промилль байна.

ХЭ өвчний эмнэлзүйн онцлог, оношлогоо, эмчилгээний үр дүнг тодорхойлох зорилгоор 2006-2012 онд ХЭ өвчний оноштойгоор ХӨСҮТ-д эмчлүүлсэн 48 өвчтөний түүх, тархвар судлалын хуудас, лабораторийн шинжилгээний үр дүн, эмчийн үзлэгээр эмнэлзүй, фермент холбоот эсрэг биеийн

урвалаар вирусийн эсрэг бие, молекул биологийн шинжилгээр үүсгэгчийг тус тус тодорхойлсон дүнг ашиглав.

Ийлдэс судлал ба молекул биологийн оношлогоогоор нийт тохиолдлын 46 (98.%) -д ХЭ-ын вирусийн эсрэг бие IgM, IgG эерэг илэрч, Урал-Сибирийн Заусаев, Васильченко омгуудтай адил вирус ялгагдав. 2007-2008 онд нас барсан хоёр өвчтөний өвчний үүсгэгч нь Алс Дорнодын TBE(v) MNG2008.107TBE(v)MNG2008.108 хэв шинж байв.

ХЭ-ын гаралтыг улиралчлалаар авч үзвэл, V сард -7 (13.2%), VI сард-29 (59,4%), VII сард-12 (26,4%) байсан ба явц нь цочмог- 30 (82.5%), ужиг- 8 (16.5%), архаг - 10 (28.5), зэрэг нь хөнгөн - 3 (10.1%), дунд зэрэг -35 (69.7%), хүнд 10 (19.7 %) байв.

Нууц үеийн дундаж нь 9.6 хоног байсан ба өвчний илрэх шинж тэмдгийг судалж үзвэл, бие сулрах - 48 (100%), толгой хүчтэй өвдөх - 45 (89.1%), нойр хүрэх -45 (89.1%), өндөр халуурах -43 (85.5%), хүзүү хөших- 43 (85.5%), хэл өнгөртөх - 40 (79.2%), дотор эвгүйрэх -35 (69.3%), үе мөчөөр өвдөх 30 (59.4%) өвчтөнд тус тус илэрлээ. Эмнэлзүйн хэлбэрүүд нь халууралттай -16 (33,0%), мэнэнгийн - 7 (13,2%), мэнэн , энцефалитын -8 (36,4%), полирадикулитын -5 (9,9%) саатай -2 (3,3%) тус тус байв.

ХЭ өвчний оношилгоо, эмчилгээний стандарт (2003.2010)-ыг мөрдөж, хачигт энцефалитын эсрэг иммуноглобулин, өргөн хүрээний антибиотик болон эмгэг жамын эмчилгээ хийв. Эмчлүүлэгсдийн 32 (66.6%) сайжирч, 16 (33.3 %) эдгэрлээ.

Монгол улсад ХЭ-ын вирусийн Урал-Сибирийн хэв шинж болон Алс Дорнодын хэв шинж зонхилж, өвчний эмнэлзүй нь мэдрэлийн тогтолцооны гэмтлийн шинж тэмдгүүдээр илэрч, мэнэн, мэнэн/энцефалитын хэлбэрүүд давамгайлж байв.

ХЭ-ын эсрэг өвөрмөц иммуноглобулин ба вирусийн эсрэг бэлдмэл, өргөн хүрээний антибиотикийг, эмгэг жамын эмчилгээтэй хослон хэрэглэх нь үр дүнтэй байв.

2.5 2012-2013 ОНЫ ТОМУУГИЙН УЛИРАЛД ДОРНОГОВЬ АЙМАГ, УЛААНБААТАР ХОТЫН БАГАНУУР ДҮҮРЭГТ ХИЙСЭН ТОМУУГИЙН ТАНДАЛТ СУДАЛГААНЫ ДҮН

А.Бурмаа¹, Т.Камигаки², Г.Нямаа¹, Ч.Майцэцэг¹, П.Нямдаваа^{1,3}, Х.Ошитани²
¹ХӨСҮТ, ²ТИС-ВСТ, ³МАУА

2012 оны 10 дугаар сарын 1-нээс 2013 оны 5 дугаар сарын 1 хүртэлх хугацаанд Дорноговь аймгийн Сайншанд, Замын-Үүд, Улаанбаатар хотын Багануур дүүргийн хүн амын дунд томуугийн амбулатори болон эмнэлэгт суурилсан тандалтыг явууллаа. Дээрх хугацаанд Багануур дүүрэгт томуу, томуу төст өвчин (ТТӨ)-ий 1,191 (10,000 хүн амд 419), амьсгалын замын хүнд халдвар (АЗХХ)-ын 567 (10,000 хүн амд 200), Сайншанд суманд ТТӨ-ий 1,978 (10,000 хүн амд 1,032), АЗХХ-ын 801 (10,000 хүн амд 418), Замын-Үүд сумын нэгдсэн эмнэлэгт АЗХХ-ын 199 (10,000 хүн амд 132.6) тохиолдол тус тус бүртгэгдсэн байна. Судалгаанд хамрагдсан сум, дүүргийн ТТӨ, АЗХХ-ын өвчлөлийн тоог харьцуулан үзвэл Сайншанд суманд ТТӨ, АЗХХ-ын өвчлөлийн тоо даруй 2-3 дахин өндөр үзүүлэлттэй байна.

Судалгаанд хамрагдсан эмнэлэгт суурилсан харуудан тандалтын нэгжүүдэд АЗХХ-ын шалтгаантай 1,544 (16.2%) өвчтөн хэвтэн эмчлүүлснээс Сайншанд сумын Нэгдсэн Эмнэлэгт уушгины үрэвслийн шалтгаантай 1 нас баралт бүртгэгджээ.

ТТӨ, АЗХХ-тай 453 өвчтөнөөс хамар-залгиурын сорьц цуглуулж, бодит хугацааны урвуу-транскриптазын полимеразын гинжин урвал (бх-УТ-ПГУ)-аар томуугийн вирусийг илрүүлэх шинжилгээ хийхэд 86(19.0%) сорьцонд томуугийн вирус эерэг тодорхойлогдсон байна. Түүнчлэн, бид томуугийн вирус илрүүлэх 1,143 хурдавчилсан оношлуур хэрэглэж, 204 (14.4%) сорьцонд томуугийн вирус эерэг, эдгээрийн 99%-д нь томуугийн А, 2 сорьцонд томуугийн А, В хамт тодорхойлогдсон байна.

Өнгөрч буй томуугийн улиралд судалгаанд хамрагдсан аймаг, дүүрэг төдийгүй Монгол улсын хэмжээнд томуугийн идэвхжил харьцангуй бага байж, томуугийн А (H3N2) дэд хэвшинж давамгайлж эргэлтэнд байлаа.

2.6. МОНГОЛ УЛСАД 2008-2013 ОНД БҮРТГЭГДСЭН ХҮНИЙ РИНОВИРУСТ ХАЛДВАРЫН МОЛЕКУЛ ЭПИДЕМИОЛОГИЙН СУДАЛГАА

С.Цацрал¹, Сиан Зичан², Ч.Майцэцэг¹, П.Нямдаваа^{1,3}
¹ХӨСҮТ, ²ХАУА-ЭБХ, ³МАУА

Хүний риновирус (ХРВ) нь вирусийн таксоном ангиллаар *Picornaviridae* овог *Enterovirus*-ийн зүйлд хамаарагддаг. Ойролцоогоор 27-30 нанометр хэмжээтэй, нягт талст бүтэцтэй, 7200-8500 хос нуклеотидын урттай дан утаслаг +РНХ геномтой вирус юм. Энэ вирусийг анх 1953 онд Английн вирус судлалч Х.Эндрьюс илрүүлсэн бөгөөд одоогийн байдлаар ХРВ-ийн А, В, С гэсэн хэвшинжид ангилагдах 150 гаруй дэд хэвшинж тодорхойлогдоод байна.

ХРВ нь ихэвчлэн амьсгалын дээд замын өвчлөл үүсгэдэг. Нийт амьсгалын замын өвчлөлийн 6,1-23,3%-ийг эзэлдэг. Энэ вирус нь дэлхий дахинд жилийн турш, бүх насны хүмүүст өргөн тархсан байдаг онцлогтой. Тиймээс бид манай улсад бүртгэгдсэн риновирус халдварын молекул эпидемиологийн судалгааг хийхээр зорьсон юм.

Материал, арга зүй: Эрүүл мэндийн сайдын 2006 оны 253 тоот тушаалыг үндэслэн 2008.11.01-2013.03.31-ыг хүртэлх хугацаанд ХӨСҮТ-ийн ВСЛ-т цуглуулсан нийт шинжлэгдэхүүнээс томуугийн вирус сөрөг тодорхойлогдсон 10,2% (2515/24555) хамар залгиурын арчдас сорьцыг санамсаргүй түүврийн аргаар сонгон авч судалгааны материал болгон ашиглав.

ХРВ-ийг Luxembourg дэхь Fast Track Diagnostics компани “FTD respiratory pathogen-21” цомог оношлуур ашиглан мультиплекс бх-ПГУ-ын аргаар ялган оношлолоо. Харин ХРВ-ийн генотипыг тодорхойлохдоо Promega компани рGEM-T Easy вектор ашиглан клонинг хийсэн ХРВ-ийн VP4/VP2 болон 5’NCR генийн бүтээгдэхүүнд нуклейн хүчлийн дарааллыг тогтоох замаар гүйцэтгэв (ЭБХ, ХАУА, Бээжин). Нуклеотидын дараалал тодорхойлох шинжилгээний дүнд био-информатикийн анализ хийхдээ MEGA 5.02 программ ашиглалаа.

Үр дүн: Судалгаанд хамруулсан нийт сорьцны 11.4% (286/2515) ХРВ эерэг тодорхойлогдсон байна. Үүнээс 25.9% (74/286) нь бусад вирусстэй хавсран

тохиолдсоноос 25.7% (19/74) нь бокавирус, 18.9% (14/74) нь коронавирус, 18.9% (14/74) нь РС вирусстэй тус тус хавсарсан халдвар үүсгэжээ.

ХРВ эерэг тодорхойлогдсон нийт өвчтөний 53.1% (152/286) нь амбулаторийн өвчтөн, 46.9% (134/286) нь эмнэлэгт хэвтэн эмчлүүлсэн өвчтөн байв. Эдгээр хүмүүсийн насны ангилалыг авч үзвэл 11.7% (200/1715) 5 насны хүүхэд, 13.3% (31/233) 6-10 нас, 11.4% (21/184) 11-16 нас, 9.4% (23/244) 17-46 нас, 7.7% (11/143) 47-оос дээш насныхан байгаа нь риновирус бүх насны хүмүүсийн дунд жигд тархах хандлагатайг харуулж байна.

Мөн манай улсад 2009-2012 онд илэрсэн нийт риновирусийн 4 жилийн дундаж үзүүлэлтийг авч үзэхэд ХРВ нь бүтэн жилийн турш хүн амын дунд эргэлтэнд байж намар эрт 8-9 сард дэгдэлт хэлбэрээр тархдаг болох зураглал ажиглагдаж байна.

ХРВ эерэг тодорхойлогдсон шинжлэгдэхүүний 78,7% (225/286) нуклейн хүчлийн дарааллыг тогтоох замаар дэд хэвшинжийг тодорхойлоход 48% (108/225) ХРВ-А 41.7% (94/225) ХРВ-С, 7.1% (16/225) ХРВ-В хэвшинжид хамаарч байлаа. ХРВ-В хэвшинж риновирус халдварын багахан хувийг эзэлж байгаа боловч вирус илрэх дундаж нас 7 байгаа нь ХРВ-А болох ХРВ-С хэвшинж илэрч буй насны бүлгээс дээгүүр үзүүлэлттэй байгаагаараа онцлог байна (дундаж нас: ХРВ-А 3, ХРВ-С 2).

Дүгнэлт:

1. ХРВ нь манай улсад жилийн дөрвөн улиралд эргэлтэнд байж намар эрт 8-9 сард дэгдэлт хэлбэрээр тархан, бүх насны хүмүүсийг жигд өвчлүүлэх хандлагатай байна.
2. Манай улсад эргэлтэнд байгаа ХРВ-ийн дийлэнх хувийг ХРВ-А болон ХРВ-С хэвшинж бүрдүүлж багахан хувийг ХРВ-В хэвшинж эзэлж байна.

2.7 МОНГОЛ УЛСАД 2012-2013 ОНД ЯЛГАСАН АМЬСГАЛЫН ЗАМЫН СИНЦИТИАЛЬ А ВИРҮСИЙН ШИНЭ ДЭД ХЭВ ШИНЖҮҮД

Г.Нямаа^{1,2}, Н.Фужу³, Х.Отмару³, Ч.Майцэцэг¹,
Б.Дармаа¹, А.Сузуки³, Х.Ошитани³, П.Нямдаваа^{1,4}
¹ ХӨСҮТ, ЭМШУИС-БАС ³ТИС-ВСТ, ⁴МАУА

Амьсгалын замын синцитиаль вирус нь ихэвчлэн бага насны хүүхдэд амьсгалын доод замын үрэвсэл болон уушгины хатгаа өвчний шалтгаан болдог ба дэлхий нийтэд жилд дунджаар 160.000 хүүхэд нас бардаг байна. Уг вирус нь парамиксовирусийн бүлэгт багтдаг, А болон В гэсэн 2 хэв шинжид хуваагддаг. 1999 онд Аргентин улсад амьсгалын замын синцитиаль В вирусийн гадаргуугийн G уургийн хэсэгт 60 нуклеотидын хоёрчлол болсон (ВА) шинэ генотип тодорхойлогдож одоо эргэлтэнд байгаа ба 2011 онд Канада улсад А вирусийн гадаргуугийн G уургийн хэсэгт 72 нуклеотидын хоёрчлол болсон ON1 шинэ дэд генотип сүүлийн жилүүдэд дэлхий дахинаа эргэлтэнд орж байна.

Бид 2012-2013 онд манай улсад эргэлтэнд байгаа амьсгалын замын синцитиаль вирусийн генийн нуклеотидын дараалалыг тодорхойлж, генийн хувьслыг тодорхойлох зорилго тавьж ажилласан.

Томуугийн харуулдан тандалтын нэгжүүдээс цуглуулсан бх-ПГУ-ын аргаар томуугийн вирус илрээгүй сорьцыг Мультиплекс бх-ПГУ –ын аргаар шинжилхэд амьсгалын замын синцитиаль вирус эерэг тодорхойлогдсон 70 хамар залгиурын арчдасыг сонгон авсан. Дээжүүдэд амьсгалын замын синцитиаль вирусийн гадаргуугийн гол уураг болох G генийн нуклеотидийн дараалалыг тогтоох шинжилгээг ABI 3130xl DNA analyzer машинаар ХӨСҮТ-ийн вирус судлалын лабораторид хийж гүйцэтгэлээ.

Судалгаанд хамрагдсан 70 сорьцонд 2 шатлал бүхий энгийн ПГУ-ын шинжилгээ хийж нуклеотидийн дараалалыг тогтоож анализ хийв. Үүнээс 17 сорьцонд амьсгалын замын синцитиаль вирусийн **В хэвшинжийн** ВА, 2013 онд ялгагдсан 2 сорьцонд **А хэвшинжийн** ON1 дэд генотип тус тус тодорхойлогдсон.

2012 оны сүүлийн улиралд манай улсад амьсгалын замын синцитиаль В вирусийн ВА генотип нь 2013

оны эхний улиралд А хэв шинжтэй хамт эргэлтэнд байсан байна. Филогенетик анализ хийж үзэхэд өнгөрсөн 2011-2012 онд эргэлтэнд байсан А вирусийн NA1 генотип нь шинээр дэлхий дахинаа эргэлтэнд орсон ON1 дэд генотипээр солигдсон байна.

2.8 МОНГОЛ УЛСАД 2011-2013 ОНД 5 ХҮРТЭЛ НАСНЫ ХҮҮХДИЙН ДУНД ХИЙСЭН ЭНТЕРОВИРУСИЙН ЛАБОРАТОРИЙН ТАНДАЛТЫН ДҮН

П.Сувд, З.Сайнжаргал
НЭМҮТ

Полиоогийн зэрлэг омог 1988 оноос хойш “Полиомиелит өвчнийг үүсгэгч вирусийн зэрлэг омгийг дэлхий даяар бүрэн устгах “ хөтөлбөрийг хэрэгжүүлж эхэлснээс хойш 99%-д нь буюу 125 орноос 3 болтлоо буурсан боловч даяаршлын өнөө үед полиовирусийн зэрлэг омог дэлхийн хаана ч зөөгдөн тархах эрсдэл байсаар байна.

“Полиомиелит өвчнийг үүсгэгч вирусийн зэрлэг омгийг дэлхий даяар бүрэн устгах 2013-2018” төгсөлтийн шатны хөтөлбөрийг ДЭМБ-аас хэрэгжүүлж байгаа бөгөөд полиовирусийн эрсдлээс урьдчилан сэргийлэх ажлын нэг чухал хэсэг нь энтеровирусийн эргэлтэнд лабораторийн хяналт тавих явдал юм.

2011-2013* онд Улаанбаатар хотын 9 дүүрэг 20 аймгийг хамруулан 0-5 насны цочмог сул саажилт, эрүүл болон эмнэлзүйн бусад оноштой нийт 583 хүүхдийн өтгөний сорьц, хөрсний 14, усны 6 нийт 603 сорьцонд вирус судлалын шинжилгээг хийв. Шинжилгээг ДЭМБ-аас гаргасан “Полио лабораторийн гарын авлага” аргачилсан зааврын дагуу полиобус энтеровирусийн эсрэг хэт дархан ийлдсийг ашиглан өндөр мэдрэг бүхий RD-A, L20B шугаман эсийн өсгөвөрт саармагжуулах урвалын бичил хувилбараар хийж гүйцэтгэв.

Шинжилсэн Нийт 603 сорьцноос 123(20,3%) энтеровирусийн омог илэрлээ. Ялгасан энтеровирусийн эзлэх хувь ЦСС оноштой хүүхдийн сорьцонд 6(13,6%), эрүүл хүүхдийн сорьцонд 105 (21%), эмнэлзүйн бусад оноштой хүүхдийн сорьцонд 15 (37,5%) –д нь тус тус илэрсэн байна.

Ялгасан энтеровирусийн омгуудын 11,3%-д нь Сох; 88,6%-д нь Echo вирус илэрлээ.

Дүгнэлт:

1. Эрүүл хүүхдийн сорьцны 21%-д нь энтеровирус илэрснээс үзэхэд өмнөх онуудын түвшнээс ихсэх хандлагатай байна. Төв, Завхан, Өмнөговь, Өвөрхангай, Хөвсгөл, Сэлэнгэ аймгаас ирүүлсэн сорьцны 30-50%-д нь энтеровирус илэрсэн юм.
2. Полиобус энтеровирусийн халдваруудаас ЕСНО вирусийн халдвар, тухайлбал echo 6, echo7 давамгайлж байна.

2.9 МОНГОЛ УЛСАД ЯЛГАСАН ЭНТЕРОВИРУС 71 ОМГИЙН МОЛЕКУЛ ЭПИДЕМИОЛОГИ, БИОТЕХНОЛОГИЙН СУДАЛГАА

*Ж.Оюунбилэг¹, Ч.Н.Ли^{2,3}, О.Дуламсүрэн¹,
П.Суво¹, И.Х.Яао², Б.Чинг², С.И.Чанг²,
З.Сайнжаргал¹, Б.Энхтуяа¹, П.И.Хунг²
¹НЭМУТ, ²ТУИС-АУК, ³ТУИСЭ-ЛАУТ*

Гар, Хөл, Амны Өвчинтэй өвчтөнөөс нийт 245 сорьц (112 өтгөн, 99 хоолойн арчдас, 20 цэврүүний шингэн) цуглуулж, хүний рабдомиосаркомоос гаргаж авсан RD-A эсийн өсгөвөрт өсгөвөрлөх, ялган дүйх шинжилгээг хийв. Бүх өтгөний сорьцонд хрорформоор (1:100PBS) боловсруулалт хийж эсийн өсгөвөрт халдаасан.

Сорьц бүрийг 2-3 удаа эсийн өсгөвөрт сэлгээн өсгөвөрлөсний эцэст эс гэмтээх үйлчилгээ үзүүлсэн сорьцуудыг энтеровирус 71, коксакивирус A16 илрүүлэхээр саармагжуулах урвал тавив. Шинжилгээгээр 245 сорьцны 104 (42.4%) -д нь энтеровирус илэрсэн ба үүнээс 100 (40.8%) сорьцонд хүний энтеровирус 71, 4 (1.6%) -д нь коксакивирус A16 тус тус илрэв.

Вирусийн өсгөвөрийн супернатантаас QIAmp Viral RNA kit ашиглан аргачлалын дагуу вирусийн РНХ-ийг ялгасан. УТ-ПГУ-ийг 2 мкл рd(N)6, 2.7 мкл ddH₂O, 5 мкл 10X RT буфер, 4 мкл dNTP, 3.5 мкл DMSO, 0.55 мкл RNase ингибитор, 0.25 мкл урвуу транскриптаза, 5мкл ялгасан РНХ нийт 50мкл холимогт явуулав. ПГУ-ыг 33.8 мкл ddH₂O, 5 мкл 10XTaq буфер, 4 мкл dNTP, GeneBank-аас EV71 вирусийн VP1 уургийн дарааллыг хайж, загварчласан EV71VP1F, EV71VP1R праймер тус бүр 1 мкл, Таq полимераза 0.2 мкл, 5мкл кДНХ нийт 50 мкл холимогт явуулсан. ПГУ-ын нөхцөл нь 5мин 95°C-д 1 удаа, 95°C-д 30 сек, 55°C-д 3 0сек, 72°C 1 мин 35 давталттай, 72°C-т 10 мин байв.

Полиомиелитийн лабораториос авч явсан 10 вирусийн өсгөвөрт ПГУ-ын аргаар бүгд EV71 эерэг гарсан.

ПГУ-ын бүтээгдэхүүнээ гелль банд цэвэрлэх оношлуур GEX PCR DNA агарозын гелль электрофорезоор шууд цэвэрлэв. Нуклеотидын дараалал тогтоохдоо BigDie Terminator Cycle секвенсийн оношлуур v3.1 (Applied Biosystems, Foster City, CA) ашиглан, бүтээгдэхүүнээ этаноолоор тундасжуулж цэвэрлэж, HiD формамидад (Applied Biosystems) дахин суспензлээд автомат секвенсерт оруулав (3100-Avant genetic analyzer, Applied Biosystems). GeneWorks software (IntelliGenetics, Mountain View, CA) ашиглан дараалалд анализ хийхэд генотип C байв.

C генотипын дотор нарийвчлан задлаж тодорхойлоход монголд ялгасан омгууд нь бүгд C2 дэд генотипт хамаарч байв.

Бусад улс оронд ялган тодорхойлсон C2 генопитын 15 харьцуур омогтой дүйцүүлэхэд эдгээр омгууд нь 1995-2001, 2006-2009 онд ялгасан цаг хугацааны 2 бүлэг болон задарч байсан ба 2008-2009 онд ялгасан Монгол омгуудын аль аль нь ОХУ-д 2009 онд тодорхойлсон омогтой ойролцоо шинж чанартай болох нь тогтоогдов. Үүний дараа аденовирусийг ашиглан энтеровирус 71-ийн VP1 генийг экспресслэж хос цэнд амьд вакцин, оношлуур бүтээх судалгаа хийв.

Дохиоллын уураг (Signal peptide-SP), Vp1 уургийг кодлогч ген (Fc), ба холерын токсины В хэсгийг кодлогч генийг агуулсан 5 янзын плазмидын бүтээврийг шаттл векторт суулган(pShuttle-CMV) BJ 5183 эсийн өсгөвөрт трансформаци хийж pAd Easy-1 аденовирусийн вектортой ижилсэх (гомологи) рекомбинаци хийв. Рекомбинант аденовирусийн 5 янзын хослолыг бүгдийг нь хүний үр хөврөлийн бөөрний эсэд (QBI-293A) трансфекци хийж rADV/SP-VP-1FC-CT, rADV/SP-VP1-Fc, rAD/SP-VP1-CT rADV/SP-VP1 ба rADV/Sp-Fc-CT рекомбинант аденовирусийн омгуудыг гаргаж авав. Эдгээр рекомбинант омгуудыг QBI-293A эсд халдварлуулсны дараа аденовирусийн гексон уургийг илрүүлэхийн тулд ПГУ ашиглав. Рекомбинант аденовирусийн 5 төрлийн хослол нь анти-гексон эсрэг бие ашигласан урвалаар илэрч байхад эсийн хяналтанд илрэхгүй байв. VP1 уургийг мөн гэдэсний савханцарын экспрессийн систем ашиглан нийлэгжүүлж, рекомбинант аденовирусыг халдаасан хулганад VP1 уургийн эсрэгбиенийг илрүүлэв. Вестерн

блот анализ хийж рекомбинант VP1-ийн хэмжээг тодорхойлоход 40КД байв. Хулганад дасгасан EV71-р халдварлуулсан хулганы цусны ийлдсийг авч фермент холбоот урвал тавихад VP1 уураг илэрч байв.

2.10 ЦУСААР ДАМЖИН ХАЛДВАРЛАДАГ ЗАРИМ ХАЛДВАРЫН ИЙЛДЭС СУДЛАЛЫН ШИНЖИЛГЭЭНИЙ ЧАНАРЫН ГАДААД ХЯНАЛТЫН ДҮН

Т.Алимаа¹, Г.Нямаа², Т.Пам³, Б.Соёлоо¹, Б.Уянга²,
Ч.Батжаргал², Н.Сайханхүү², Б.Дармаа²,
Ё.Алтанцэцэг², Г.Сарангуа²
¹ЦССҮТ, ²ХӨСҮТ, ³АҮЛЛ

Эрүүл мэндийн лабораторийн шинжилгээний чанар, үнэн зөв байдал нь оношлогоо, эмчилгээ, урьдчилан сэргийлэлт, тандалт судалгаа зэрэг эмнэлзүй, нийгмийн эрүүл мэндийн тусламж үйлчилгээнд шууд нөлөө үзүүлдэг.

Лабораторийн чадавхи ба чанарын тогтолцоог хөндлөнгөөс үнэлж үйлчилгээний найдвартай жигд байдлыг хангах зорилгоор цус сэлбэлтээр дамждаг зарим халдварын ийлдэс судлалын шинжилгээнд чанарын гадаад хяналтын хөтөлбөрийг үндэсний хэмжээнд хэрэгжүүлж эхлээд байна.

ЭМЯ, Цус сэлбэлт судлалын үндэсний төв, Халдварт өвчин судлалын үндэсний төв, Австрали улсын үндэсний лавлагаа лаборатори хамтран ХДХВ, тэмбүү, гепатит В, С вирусийн халдвар илрүүлэх шинжилгээний шалгуур тестийг *anti HIV1/2*, *anti HCV*, *HBsAg*, *Treponema Pallidum* эерэг, сөрөг нийт 20 ийлдэс бүхий багц бэлтгэн эхний удаа 2012 оны 7 сард 30 лаборатори (21 аймаг, 8 дүүрэг)-т, хоёрдахь удаа 2013 оны 4 сард 45 лаборатори (21 аймаг, 5 сум, 9 дүүрэг, УБ хотын 10 эмнэлэгийн лаборатори)-т илгээж, ирүүлсэн үр дүнд дүгнэлт хийлээ.

Эхний шалгуур тестийг хүлээн авсан 30 лабораторийн 29 (96,6%) нь хариу ирүүлснээс 29 лаборатори *anti HIV1/2*, *Treponema Pallidum* илрүүлэх шинжилгээний, 25 лаборатори *HBsAg*, 26 лаборатори *anti HCV* илрүүлэх шинжилгээний хариуг тус тус ирүүлсэн. Шалгуур тестийн зөв гүйцэтгэлээр авч үзвэл *anti HIV1/2* 29/28 (96,5%), *HBsAg* 25/25 (100%), *anti HCV* 26/26 (100%), *Treponema Pallidum* 29/25 (86,2%) байлаа.

Хоёрдахь үнэлгээнд оролцсон 45 лабораториос 45 лаборатори *anti HIV1/2*, 44 лаборатори *Treponema Pallidum*, 43 лаборатори *HBsAg*, 43 лаборатори *anti HCV* илрүүлэх шинжилгээний хариуг буцааж ирүүлснээс *anti HIV1/2* 97.7%, *Treponema Pallidum* 95.4%, *HBsAg* 93.0%, *anti HCV* 100% тус тус зөв гүйцэтгэлтэй байв.

Эрүүл мэндийн лабораториудад хэрэглэж байгаа ХДХВ, гепатит В, С, тэмбүү илрүүлэх ийлдэс судлалын шинжилгээний аргууд, оношлуур урвалжууд харилцан адилгүй байгаа нь шинжилгээний дүн зөрүүтэй гарах нөхцлийг үүсгэж байж болзошгүй байна. Цаашид лабораторийн шинжилгээний гадаад хяналт үнэлгээний гүйцэтгэлийг эмнэлгийн байгууллагын магадлан итгэмжлэх шалгуур үзүүлэлтэнд оруулж, стандарт удирдамжийг мөрдөлтөнд анхаарах шаардлагатай байна.

ГУРАВ. ХАНЫН ИЛТГЭЛҮҮД

3.1 МОНГОЛ УЛС, ОХУ-ЫН ХИЛ ЗАЛГАА НУТГААС ИЛРҮҮЛСЭН ХАЧИГТ ЭНЦЕФАЛИТЫН ВИРҮСИЙГ ХАРЬЦУУЛСАН СУДАЛГАА

М.А.Хаснатинов¹, Д.Абмэд², Ж.Батаа³,
Г.А.Данчинова¹, Д.Цэрэнноров³,
Д.Отгонбаатар³, А.В.Ляпунов¹, Е.В.Арбатская¹
¹ОАУА.СС-ГБЭМХНУАЭШТ
² ХӨСҮТ, ³ ЗӨСҮТ

Энэхүү судалгаанд бид Монгол улс, ОХУ-ын хил залгаа нутгаас илрүүлсэн хачигт энцефалитын вирус (ХЭВ)-ийг харьцуулах зорилт тавьсан юм. Эдгээр вирусийн популяцийн газарзүйн болон эволюцийн хувьд ямар холбоотойг тогтоохыг тулд ХЭВ-ийн зарим бүтцийн генийн удмын судалгааг хийв. Судалгаагаар Монгол улс болон ОХУ-ын хил залгаа нутгаар Сибирийн болон Алс Дорнодын хэвшинж түгээмэл байдаг байна. Монгол оронд эргэлтэнд байгаа вирусүүд ОХУ-ын БНБуряд улс, Эрхүү хотын орчмыхтой ижил төстэй байгаа нь энэхүү вирус нь энэ нутгаар байнга эргэлтэнд байдгийг илэрхийлдэг. Монгол улсад ялгасан ХЭВ нь хөхтөн амьтдын эд эсэд сайн үрждэг бөгөөд бүгд нейровирулент байв. Иймд Монгол улсын Булган болон Сэлэнгэ аймгууд ХЭВ-ийн халдварын өндөр эрсдэлтэй нутгууд болох бөгөөд нутгийн ард иргэд, жуулчдад урьдчилан сэргийлэх

мэдээлэл, сурталчилгаа шаардлагатай байна. Урьд өмнө хачигт энцефалитийн вирус илэрч байгаагүй ОХУ-ын Эрхүү мужийн хойд хэсгээр ХЭВ-ийн дэгдэлт гарсан нь анхаарал татаж байна. Энэхүү судалгааг Оросын суурь судалгааны сангаас санхүүжүүлсэн болно (08-04-90206 ба 08-04-90206-Mong_a).

3.2 2013 ОНД БҮРТГЭГДСЭН ГАЛЗУУГИЙН ӨНДӨР ЭРСДЭЛТЭЙ ТОХИОЛДЛУУДАД ХИЙСЭН ТАНДАЛТ, СУДАЛГААНЫ ДҮН

Б.Амгаланбаяр, Б.Уянга, Э.Түвшинцэцэг, Б.Баяр
ЗӨСҮТ

2013 оны 1-5 сард 13 аймаг, нийслэлийн 39 сум, дүүрэгт галзуу амьтанд уруулж, ноцуулсан 101 тохиолдол бүртгэгдсэн нь (100000 хүн амд 3.7; Галзуугийн хүний өвчний 1 тохиолдол бүртгэгдэж, нас барсан) 2012 оны мөн үетэй харьцуулахад 3.4 дахин, сүүлийн 5 жилийн эхний 5 сарын дунджаас 2.5 дахин нэмэгдсэн байна. Эпидемиологийн 7 хоногоор авч үзвэл өмнөх жилийнхээс харьцангуй өндөр, сүүлийн 5 жилийн дунджаас 1,2,6,11,14,15 дахь долоо хоногт өндөр байна. Нийт тохиолдлын 62.4% нь Монголын баруун бүсийн аймгууд буюу Завхан, Увс, Ховд, Говь-Алтай аймагт бүртгэгдсэн байна. Хүйсийн хувьд 60.9% нь эрэгтэйчүүд, насны хувьд ялгаа ажиглагдаагүй (1-68 насныхан) байна. Ажил мэргэжлийн хувьд малчид 37.9%, ажилгүйчүүд 26%, оюутан, сурагчид 14.3% илүүтэй уруулж ноцуулсан байна. Тохиолдлуудын 12.2% нь шүлсдүүлэх, галзуурсан амьтан, түүний арьсыг хуулах, хүрэлцэх зэргээр хавьтал болсон, 87.8% нь мал, амьтанд уруулж, ноцуулсан байна. Эх уурхайн 56.4% нь нохой, муур, 18.8% нь зэрлэг амьтан (үнэг, чоно, мануул), 24.8% нь мал тус тус эзэлж байгаагаас 72.3%-д галзуугийн эсрэгтөрөгч илэрсэн байна. Галзуугийн өндөр эрсдэлд өртсөн хүний тохиолдлын тоо болон эх уурхайн харьцаа 2012 оны эхний 5 сард 1,05:1 (23/22) байсан бол 2013 оны эхний 5 сард 1,3:1 (101/76) болж нэмэгдсэн байна. Шархны байрлалаар толгойд уруулсан тохиолдлууд чоно, нохойд; Гаргаа уруулсан тохиолдлууд чоно, нохой, мал, мануулд; Хөлдөө уруулсан тохиолдлууд бүгд нохойд уруулж, ноцуулсан байна.

3.3 ХАЧИГТ ХАЛДВАРЫН ҮҮСГЭГЧДИЙГ ПГУ-ААР ТОДОРХОЙЛСОН ДҮН

Д.Абмэд¹, М.А.Хаснатинов², Ж.Батаа¹,
Г.А.Данчинова², Д.Ану¹
¹ХӨСҮТ, ²ОАУА.СС-ГБЭМХНҮАЭШТ

Сэлэнгэ, Булган, Төв, Орхон аймгуудын нутгаас түүвэрлэсэн билчээрийн болон ойн хачиг, дээрх аймгуудын хачигт хазуулсан хүнээс авсан материалыг судалгаандаа ашиглав. Хачигт энцефалитын вирус (ХЭВ), *Borrelia burgdorferi sensu lato*, *Rickettsia*, *Anaplasma*, *Ehrlichia* болон *Babesia microti* зэрэг хачигт халдварын үүсгэгчид байгаа эсэхийг илрүүлэх шинжилгээг молекул биологийн аргаар хийв. Сэлэнгэ аймгийн Хүдэр, Бугант сумаас түүвэрлэсэн ойн хачиг *I.persulcatus*-д, Булган аймгийн хачигт хазуулсан хүний цусанд ХЭВ-ийн омгууд; дээрх нутгийн ойн хачигт *Borrelia burgdorferi sensu lato*-н омгууд; *Rickettsia* sp. 142 билчээрийн хачиг (*Dermacentor* sp.)-ны 78.0%-д, 261 ойн хачигны 46.0%-д, *Ehrlichia* sp.+ *Anaplasma* sp. 91 билчээрийн хачигны 2.0%-д, 28 ойн хачигны 43.0%-д; *B. microti* 91 хачигт хазуулсан хүний цусны 34.0%-д, 32 ойн хачигны 6.3%-д тус тус тодорхойлогдов. Удамзүйн судалгаагаар ХЭВ-ийн омгууд нь Сибирийн болон Алс Дорнодын хэвшинжийн вирусүүдтэй, боррелийн *B. garinii*, *B. afzelii* омгуудтай, *Rickettsia* sp.-ийн *R. raoultii*, *R. canadensis*-тай ойр төстэй болохыг тогтоов.

3.4 ХАЛУУРАЛТ, ТУУРАЛТТАЙ ХАЛДВАРЫН ДУНДАХ ХАЛДВАРТ ЭРИТЕМ ӨВЧНИЙГ ЛАБОРАТОРИЙН ШИНЖИЛГЭЭГЭЭР ЯЛГАН ОНОШЛОСОН ДҮН

Р.Туул, Д.Отгонбаяр, У.Наранчимэг
ХӨСҮТ

Манай улсад анх 2005 оны 4 - 6 дугаар сард Улаанбаатар хотын Багануур дүүрэгт халдварт эритем өвчин оношлогдсоноос хойш уг халдвар алаг цоог хэлбэрээр бүртгэгдсээр байгаа юм. Тав дахь өвчин (Fifth disease) гэж нэрлэдэг энэ өвчнийг улаан тууралт гардаг халдварт өвчнүүд болох улаанбурхан (measles),

улаанууд (rubella), улаан эсэргэнэ (scarlet fever) болон энтеровируст халдвар зэрэг хүүхдийн бусад тууралтат халдвараас ялган оношлох шаардлага байнга тулгарч байна.

Судалгааны зорилго нь манайд бүртгэгдэж байгаа халууралт тууралтат халдварын дунд халдварт эритемийг лабораторийн аргаар ялган оношлоход оршино.

Эмнэлзүйгээр улаанууд оноштой ХӨСҮТ болон аймгуудаас ирүүлсэн 1-40-өөс дээш насны 120 өвчтний цусны ийлдсэнд парвовирус В19-ын эсрэг IgM илрүүлэх шинжилгээг Германы Nova Lisa пүүсийн оношлуур ашиглан ФХУ-ын аргаар үйлдвэрлэгчийн зааврын дагуу хийж гүйцэтгэв.

Судалгааны үр дүн. Шинжилсэн бүх сорьцны 10,8%-д парвовирус В19 эсрэг өвөрмөц IgM эерэг тодорхойлогдлоо. Насны бүлгээр авч үзвэл 0-11 сартай хүүхдүүдийн 4,0%-д, 1-4 насанд 14,2%, 5-9 насанд 17,3%, 10-14 насанд 12,5%, 15-19 насанд 8,3%, 40-өөс дээш насанд 14,2%-д нь PVВ19-IgM эерэг байв.

Дүгнэлт: Тууралттай халдвараар өвчлөгсдийн 10,8 хувьд Парвовирус В19 эсрэг өвөрмөц IgM илэрч байгаа нь уг вирусийн халдвар эргэлтэнд байгааг харуулж байгаа төдийгүй улаанбурхан болон улаануудын халдвараас ялган оношлох ач холбогдолтойг харуулж байна.

3.5 МОНГОЛ УЛСАД 2010-2013 ОНД БҮРТГЭГДСЭН УЛААНУУДЫН ХАЛДВАРЫН ЛАБОРАТОРИЙН ТАНДАЛТ

Р.Туул, У.Наранчимэг, Д.Отгонбаяр
ХӨСҮТ

Манай улс 2009 оны 9 дүгээр сараас эхлэн улаанбурхан-улаанууд-гахай хавдрын хавсарсан вакцин (MMR vaccine)-ыг товлолын дагуу тарьдаг болсон ч улаанууд өвчний тохиолдол бүртгэгдсээр байна. ДЭМБ-аас улаанбурханы өвчлөлийг хяналтандаа авч таслан зогсоох зорилттой байгаа энэ үед улаануудын хяналтыг хамт хийж байхыг зөвлөмж болгож байгаа юм. 2010 оноос хойшхи хугацаанд бүртгэгдэж буй тууралтат халдварын дотор улаануудын вирусийн халдварыг вирус судлал, дархлал судлалын аргаар оношлон баталгаажуулж үүсгэгчийн генотипийг тогтооход уг ажлын зорилго оршино.

2010–2013 онд эмнэлзүйгээр тууралтат халдвар оноштой ХӨСҮТ болон аймгуудад эмчлүүлсэн 1–40-өөс дээш насны 1082 өвчтний цусны ийлдсэнд улаануудын вирусийн эсрэг IgM илрүүлэх шинжилгээг Германы Siemens пүүсийн оношлуур ашиглан ФХУ-ын аргаар үйлдвэрлэгчийн зааврын дагуу хийж гүйцэтгэв. Мөн өвчтөнөөс вирус ялгах шинжилгээг VeroSLAM эсийг ашиглан хийсэн ба генотипийг тогтоох молекул биологийн шинжилгээг Хонг Конгийн нийгмийн эрүүл мэндийн төв лаборатори болон ХӨСҮТ-ийн лабораторит хийсэн болно.

Улаануудын вирусийн эсрэг өвөрмөц IgM-ийг тодорхойлоход шинжилсэн бүх сорьцны 24,8%-д эерэг тодорхойлогдлоо. Насны бүлгээр авч үзвэл 0–11 сартай хүүхдүүдийн 9,0%-д, 1–4 насанд 7,8%, 5–9 насанд 49,1%, 10–14 насанд 45,8%, 15–19 насанд 26,2%, 20–24 насанд 18,6%, 25–29 насанд 10,3%, 30–34 насанд 6,2%, 34–39 насанд 7,6%, 40–өөс дээш насанд эерэг тодорхойлогдсон өвчтөн байсангүй. 2010–2013 онд шинжилсэн 6 өвчтөнөөс тууралт гарсны дараах 1–2 хоногт багтаан цуглуулсан ийлдсүүдэд улаануудын вирусийн 1E генотип тодорхойлогдлоо.

2010-2013 онд бүртгэгдэж буй тууралтат халдварын вирус судлал, дархлал судлалын шинжилгээгээр 24,8% нь улаануудын халдвар болох нь батлагдав. Сүүлийн гурван жилд манай хүн амын дунд улаануудын вирусийн 1E генотип идэвхтэй эргэлдэж байна.

3.6 МОНГОЛ УЛС ДАХЬ УЛААНБУРХАНЫ ВИРУСТ ХАЛДВАРЫН ЛАБОРАТОРИЙН ТАНДАЛТ

Р.Туул, У.Наранчимэг, Д.Отгонбаяр
ХӨСҮТ

Манай улсад бүртгэгдсэн улаанбурхан өвчний дэгдэлт, тахал тархалтын болон завсрын үеийн вирус судлалын байдалд дүгнэлт хийхэд энэ ажлын зорилго оршино.

Судалгааны материал, арга зүй: Улаанбурхан, улаанууд өвчний 2000-2013 оны лабораторийн тандалтын тайлан мэдээ, лабораторийн шинжилгээний дүнд тулгуурлан үнэлэлт өгсөн.

Судалгааны дүн: Улсын хэмжээгээр 2000 онд тууралтат халдварын 2420 тохиолдол бүртгэгдсэний

1234 /50.9%/ нь лабораторийн шинжилгээнд хамрагдсанаас 83 тохиолдол буюу 6.7% нь улаанбурхан, 594 тохиолдол буюу 48,1% нь улаанууд өвчин болох нь батлагдаж байв. 2001 онд тууралтат халдварын 11553 тохиолдол бүртгэгдсэний 4006 (34.7%) нь лабораторийн шинжилгээ хийснээс 72.5%-д нь улаанбурхан IgM /+/, 4.4% нь улаануудын IgM /+/ тус тус илэрч, улаанбурхан давамгайлсан дэгдэлт байснаас гадна өвчлөл насанд хүрэгчдийн дунд зонхилон тохиолдсон байна. 2002 оноос өвчлөл буурч 2003 онд 18, 2004, 2005 онуудад өвчлөл батлагдаагүй бол 2006-2012 онд 4417 өвчтөн лабораторийн шинжилгээнд хамрагдсанаас 73-т нь улаанбурханы эсрэг ИгМ илэрч байжээ.

2002 онд анх удаа монгол өвчтнөөс улаанбурханы вирусийн омгийг өсгөвөрлөн ялгаснаар цаашдын судалгааг хийх боломж бүрдсэн юм. 2001–2002 онд бүртгэгдсэн улаанбурханы дэгдэлт нь улаанбурханы вирусийн H1 генотипээр үүсгэгдсэн болохыг баталснаас хойш, улаанбурханы алаг цоог өвчлөл бүртгэгдсээр байсан бөгөөд дархлал судлал, вирус судлалын шинжилгээгээр уг халдварын эмнэлзүйн онош нь баталгаажсан өвчтөнүүдэд улаанбурханы вирусийн генотипийг тогтоох молекул биологийн шинжилгээг Хонг Конг дахь лавлагаа лабораторийг түшиглэн эргэмж судалгаагаар хийснээс гадна өөрийн лабораторит хийж эхэллээ. Тухайлбал, 2006 оны улаанбурханы өвчлөлийг үүсгэгч нь тухайн үед Европын улсуудад илэрч байсан D6 генотипийн вирус байсан бол, 2008–2009 онуудад бүртгэгдсэн улаанбурханы алаг цоог хэлбэрийн өвчлөлийг H1 генотипийн вирус үүсгэж байсан нь батлагдсан юм. Энэ H1 генотипийн вирус нь Хятад, Япон, Солонгос улсуудад урьд нь бүртгэгдэж байснаас гадна манайд ч оношлогдож байсан билээ. Эдгээр баримтаас үзэхэд, манай улсад бүртгэгдэж байсан улаанбурханы халдварын дэгдэлт болоод алаг цоог хэлбэрүүд нь өөр өөр генотипээр үүсгэгдэж байгаа нь хөрш зэргэлдээ орших улс орноос тээвэрлэгдэн орж ирсэн байж болзошгүй юм.

3.7 ГАХАЙ ХАВДРЫН ВИРУС СУДЛАЛ, МОЛЕКУЛ БИОЛОГИЙН ОНОШЛОГОО (2009-2013 ОН)

*Р. Туул, У. Наранчимэг, Д. Отгонбаяр
ХӨСҮТ*

Гахай хавдар өвчин манай орны хувьд элбэг тохиолддог халдвар бөгөөд сүүлийн жилүүдэд уг халдвар дэгдэлтийн болон алаг цоог хэлбэрээр бүртгэгдэж 2009 онд 1990 хүн гахай хавдраар өвчилж түүний 1435 нь Улаанбаатар хотод бүртгэгдсэн бол 2013 оны эхний 5 сарын байдлаар улсын хэмжээнд гахай хавдрын 4172 тохиолдол бүртгэгдэж 1010 нь Улаанбаатар хотод бүртгэгдсэн байна.

2009–2013 онд бүртгэгдсэн гахай хавдар өвчний эмнэлзүйн оношийг лабораторийн аргаар баталгаажуулж, үүсгэгчийн генотипийг молекул биологийн аргаар тогтоох нь уг ажлын гол зорилго байв.

Судалгаанд 2009–2013 онуудад ХӨСҮТ-д хэвтэж эмчлүүлсэн 1119 өвчтний ийлдсэнд гахай хавдрын вирусийн эсрэг өвөрмөц IgM илрүүлэх шинжилгээг Германы Novatech пүүсийн ФХУ-ын оношлуур ашиглан, үйлдвэрлэгчийн зааврын дагуу хийлээ. Мөн өвчтөнөөс цуглуулсан ийлдэс, хоолойн арчдаснаас вирус ялгах шинжилгээг VeroSLAM эсийг ашиглан хийсэн ба генотипийг тогтоох молекул биологийн шинжилгээг Японы Халдварт Өвчний Үндэсний Хүрээлэн болон ХӨСҮТ-ийн вирус судлалын лабораторит хийсэн болно.

Судалгааны үр дүн: Шинжилсэн бүх сорьцын 62,3%-д нь гахай хавдрын вирусийн эсрэг өвөрмөц IgM тодорхойлогдлоо. Насны бүлгээр авч үзвэл, 0–11 сартай хүүхдүүдийн 40,0%-д, 1–4 насанд 55,2%, 5–9 насанд 65,3%, 10–14 насанд 68,5%, 15–19 насанд 69,3%, 20–24 насанд 67,7%, 25–29 насанд 61,5%, 30–34 насанд 32,4%, 34–39 насанд 35,7%, 40-өөс дээш насанд 26,8%-д IgM эерэг байв. Улаанбаатар хотод 2009 онд бүртгэгдсэн гахай хавдрын үед цуглуулсан сорьцонд (өвчтөнөөс ялгасан гахай хавдрын вирусийн өсгөвөр, хоолойн арчдас, ийлдэс) хийсэн генотипийн судалгаагаар гахай хавдрын H3 шинэ төрлийн генотип тодорхойлогдож, улмаар 2012 онд ДЭМБ-ын лавлагаа омгийн жагсаалтанд шинээр бүртгэгдсэн юм. Түүнчлэн, 2011 оны гуравдугаар сард Өмнөговь

аймгийн Гурван тэс суманд бүртгэгдсэн гахай хавдрын дэгдэлтийн үүсгэгч нь F генотип байсан бол 2011 оны 8 дугаар сард Улаанбаатар хотод бүртгэгдсэн өвчлөлийн үүсгэгч нь H3 генотипийн вирус байсан нь дахин батлагдсанаас гадна 2012 онд бүртгэгдсэн гахай хавдрын дэгдэлтийн үүсгэгч нь F генотипийн вирус байв.

Дүгнэлт: Гахай хавдар өвчний эмнэлзүйн оношийг баталгаажуулахад вирус судлал, молекул биологийн шинжилгээ чухал ач холбогдолтой байна. Манай улсад 2009–2012 онд бүртгэгдсэн гахай хавдар өвчний үүсгэгч нь өөр өөр байгаа нь ГХВ-ийн H3 болон F генотипийн вирус оношлогдсоноор батлагдаж байна.

3.8 ГАХАЙ ХАВДАР ӨВЧНИЙ ҮЕД ИЛРЭХ ШИНЖ ТЭМДЭГ БОЛОН ШИНЖИЛГЭЭНИЙ ОНЦЛОГ

*А.Билэгт¹, М.Мөнхзол², О.Чимэдсүрэн³, Б.Уянга¹,
Ч.Батжаргал¹*
¹ХӨСҮТ, ²ЭМШУИС-БАС, ³ЭМШУИС-НЭМС,

ХӨСҮТ-ийн агаар дуслын халдварын тасагт 2011-2012 онд хэвтэн эмчлүүлсэн 3-47 насны 87 өвчтөнөөс асуумж авч, үзлэг шинжилгээний дүнтэй харьцуулан дүгнэлт хийв. Судалгаанд хамрагдагсдын 59,8% нь эрэгтэй, 40,2% нь эмэгтэйчүүд байсан болно. Насны бүлгээр авч үзэхэд 0-4 насанд 4,6%, 5-9 насанд 35%, 10-14 насанд 18%, 15-19 насанд 18,4%, 20 дээш насанд 18,4%-ийг эзлэж байлаа. Нийт өвчтний биеийн байдлыг авч үзэхэд дунд зэрэг 8%, хүндэвтэр 47,1%, хүнд 44,8%-ийг эзлэж байв. Чихний арын булчирхай нэг талдаа томорсон - 21,8%, хоёр талдаа үрэвссэн өвчтөн - 72,2%-ийг эзлэж байв. Хэвлийн эмзэглэл 48 (55.2%)-д нь илэрч 39 (44,8%) нь эмзэглэлгүй байна.

Гахай хавдрын вирусийн өвөрмөц эсрэгбие эмчлүүлэгчдийн 53 (60.9%)-д нь эерэг, 34 (39.1%)-д нь сөрөг тодорхойлогдов. Хүйсээр нь авч үзэхэд эрэгтэйчүүдийн 61,5%, эмэгтэйчүүдийн 38,5%-д нь эсрэгбие эерэг байсан бол сөрөг тохиолдлын 60% нь эрэгтэйчүүд, 40% нь эмэгтэйчүүд байна.

Нийт өвчтний 49,4%-д нь ийлдсэн дэх амилаза ферментийн түвшин 101-500u/l хүртэл ихэссэн, 30%-д нь 501-900u/l хүртэл ихэссэн ба гахай хавдрын вирусийн эсрэг эсрэгбиеийн шинжилгээний дүнтэй харьцуулахад эерэг гарсан өвчтөнүүдийн 51% нь, сөрөг гарсан өвчтөнүүдийн 48% нь 101-500u/l хүртэл

ихэссэн (хэвийн хэмжээ 28-100 u/l) байна.

Гахай хавдар өвчний халдвар авч эмчлүүлсэн 87 өвчтний 67 (77%) нь 5-19 насныхан байгаа бөгөөд эмчлүүлэгчдийн 74,7% нь сургууль, цэцэрлэгийн насныхан байна. Нийт өвчтний 79.3%-д нь амилаза ферментийн түвшин 9 дахин ихэссэн байна.

3.9 УЛААНБААТАР ХОТЫН 0-5 ХҮРТЭЛХ НАСНЫ ХҮҮХДҮҮДИЙН ДУНДАХ РОТАВИРУСИЙН ГАРАЛТАЙ СУУЛГАЛТ ХАЛДВАРЫН ЭМНЭЛЗҮЙН ОНЦЛОГ

*Г.Сарангуа¹, Г.Оюунчимэг², Д.Гэрэлмаа³,
С.Алтанчимэг¹, Ч.Батжаргал¹, М.Алтанхүү¹,
Г.Энхтуяа¹, Т.Болорцэцэг¹*
¹ХӨСҮТ, ²СБДНЭ, ³ЭХЭМҮТ

Судалгааны зорилго: Суулгалт өвчний улмаас хэвтэн эмчлүүлж байгаа 5 хүртлэх насны хүүхдүүдийн дундах ротавирусийн гаралтай суулгалт халдварын эзлэх хувийг тогтоох зорилго тавив.

Судалгааны ажлын материал, аргачлал: Судалгаанд 2010 оны 1-р сараас 12-р сарыг дуустал хугацаанд ЭНЭШТ, СБДНЭ-т цочмог усархаг суулгалт өвчний улмаас хэвтэн эмчлүүлж буй 0-5 хүртлэх насны нийт 874 хүүхэд хамрагдав. Судалгаанд хамрагдсан хүүхдүүдээс өтгөний дээжийг цуглуулан, тусгай боловсруулсан асуумжийн дагуу судалгааны картыг бөглөсөн. Өтгөний дээжинд ротавирусийн эсрэгтөрөгч илрүүлэх шинжилгээг Английн OXOID пүүсийн оношлуур ашиглан ELISA аргаар хийв.

Судалгааны үр дүн: 826 өвчтөнөөс авсан өтгөний дээжинд ротавирус илрүүлэх шинжилгээг хийхэд нийт 339 хүүхдийн өтгөнд ротавирусийн антиген илэрсэн байна. Өөрөөр хэлбэл суулгалт халдварын дотор ротавирусийн гаралтай суулгалт халдварын эзлэх хувь 41% байгаа нь өмнөх онуудын өвчлөлийн түвшинтэй дүйж байна. Ротавирусийн гаралтай суулгалт халдвараар өвчилсөн хүүхдүүдийн насны байдлыг авч үзвэл: 0-5 сартай хүүхэд- 69 (20.4%), 6-11 сартай хүүхэд- 158 (46.6%), 12-23 сартай хүүхэд-105 (31%), 24-59 сартай хүүхэд – 7 (2.0%)-г тус тус эзлэж байна. Эмнэлзүйн хувьд авч үзвэл: Ротавирусийн гаралтай суулгалтын үед халууралт 82.3%, бөөлжилт 74.0%, суулгалт 94.1% , шингэн алдалт 82.3% илэрсэн бол бусад шалтгаант суулгалт халдварын үед халууралт 89.5%, бөөлжилт 63.5%, суулгалт 99.3%, шингэн

алдалт 71.3% тус тус илэрсэн байна.

Өдөрт 3-5 удаа суулгах шинж ротавирусийн гаралтай суулгалт халдвартай хүүхдүүдийн 108 (38.7%), 6-9 удаа суулгах шинж 124 хүүхдэд буюу 44.4 %-д, өдөрт 10-15 удаа суулгах шинж 83 хүүхдэд буюу 29.7%-д нь, 16-с дээш суулгалттай хүүхэд 4 (1.4%) байлаа.

Суулгалт халдварын гол хүндрэл болох шингэн алдалтыг авч үзвэл Ротавирусийн халдварын үед шингэн алдалтгүй 60 хүүхэд буюу 17.6%, дунд зэргийн шингэн алдалттай хүүхдийн тоо 247 буюу 72.9%, шингэн алдалтын хүнд зэрэгтэй хүүхдийн тоо 32 буюу 9.4% байна. Суулгалт халдваруудын үе дэх эмнэлзүйн шинж тэмдгийг харьцуулан авч үзвэл Ротавирусийн гаралтай суулгалт халдвар болон бусад шалтгаант суулгалт халдварын үед эмнэлзүйн шинж тэмдгийн хувьд статистикийн үнэн магадтай ялгаа ажиглагдахгүй байгаа боловч суулгалт халдварын гол хүндрэл болох бөөлжилт болон шингэн алдалтын шинж тэмдгүүд ротавирусийн гаралтай суулгалт халдварын үед илүүтэй ажиглагдаж байна.

Дүгнэлт: Нийт суулгалт халдварын дотор ротавирусийн гаралтай суулгалт халдварын өвчлөл 41%-ийг эзэлж байна.

Ротавирусийн гаралтай суулгалт нь 6-11 сартай хүүхдүүдэд ялангуяа эрэгтэй хүүхдүүдэд илүү тохиолдож байна.

Ротавирусээр үүсгэгдсэн суулгалт халдвар 8-10 дугаар саруудад хамгийн их бүртгэгдсэн байна.

Эмнэлзүйн хувьд халуурах, бөөлжих, өдөрт 6-9 удаа суулгах, шингэн алдах зэрэг шинж тэмдгээр илэрч байна. Ротавирусийн гаралтай суулгалт халдварын үед эмнэлэгт хэвтэх дундаж ор хоног- 6 байна.

3.10 МОНГОЛ УЛСАД 2012/2013 ОНЫ ХҮЙТНИЙ УЛИРАЛД ДЭГДЭЛТ ҮҮСГЭСЭН ТОМУУГИЙН ВИРҮСИЙН ЭСРЭГТӨРӨГЧИЙН БОЛОН ГЕНЕТИК ШИНЖИЙГ СУДАЛСАН ДҮН

Н.Баясгалан¹, Ц.Наранзул¹, Г.Нямаа¹, Б.Дармаа¹,
П.Нямдаваа^{1,2}
¹ХӨСҮТ, ²МАУА

Томуугийн вирус нь вакцины болон халдварын дараахи дархлаанаас дайжин мутацид орж, жил

бүр олныг хамарсан өвчлөл үүсгэн эрүүл мэндийн тусламж үйлчилгээнд ихээхэн бэрхшээл учруулдаг. Томуугийн тандалтын үндэсний сүлжээ нь ХӨСҮТ-ийн Вирус судлалын лабораторийг түшиглэн ажиллаж, томуу, томуу төст өвчин(ТТӨ)-ий өвчлөл болон вирус судлалын тандалтын дүнг flu.mn вэбсайтаар улс орондоо болон олон улсад долоо хоног бүр мэдээлдэг билээ. 2012/2013 оны хүйтний улиралд УБ хот, Говьсүмбэр, Дархан -Уул, Дорноговь, Дорнод, Орхон, Өвөрхангай, Сэлэнгэ, Ховд, Хөвсгөл, Хэнтий, Төв аймгийн эмнэлгүүдэд ТТӨ-ий улмаас үйлчлүүлсэн хүмүүсийн хамар залгиурын арчдас сорьцноос ялгасан томуугийн вирусийн зарим омгуудад цус наалдахыг саатуулах урвал (ЦНСУ), НА генийн сиквэнс хийж, бусад улс орнуудад ялгасан омгуудтай харьцуулав.

2012 оны 10 сараас 2013 оны 6 сард эсийн өсгөвөрт ялгасан томуугийн А хэвшинжийн 75 омогт ЦНСУ, үүнээс А(H1N1)pdm09 дэд хэвшинжийн 5 омог А(H3N2) дэд хэв шинжийн 8 омогт НА генийн нуклеотидын дараалал тогтоох шинжилгээг АНУ-ийн Өвчний хяналт сэргийлэлтийн төвийн аргачилал, өвөрмөц праймерууд, ABI 3130 x1 машин ашиглан хийв. Үр дүнгийн боловсруулалтыг Geneious Pro 5.5.6, Mega 5.0, Fig tree v1.3.1 програмуудаар хийж, генбанканд байршууллаа. ЦНСУ-аар А(H1N1)pdm09 омгууд нь эсрэгтөрөгчийн шинжээрээ *A/California/7/2009*-төст, А(H3N2) омгууд нь *A/Victoria/361/2011(H3N2)*-төст омгуудтай төстэй ялган дүйгдсэн байна. Манай улсад ялгасан А(H3N2) омгууд НА генийн удмын шинжээрээ Солонгос, АНУ-д ялгасан омгуудтай ойролцоо, 2012/2013 оны томуугийн гуравт вакцины бүрэлдэхүүнд зөвлөмж болгосон *A/Victoria/361/2011(H3N2)* омогтой нэг багцад орж эдгээр омгуудаас 3-16 нуклеотидээр ялгаатай байв (Ген банк дугаар: *A/Sainshand/389/2013(H3N2) EPI456591*; *A/Ulaanbaatar/203/2013 (H3N2)EPI461845*; *A/Sainshand/731/2013(H3N2) EPI439016*; *A/Ulaanbaatar/366/2013(H3N2) EPI443680*; *A/Khovd/634/2013(H3N2) EPI439013*; *A/Ulaanbaatar/702/2013 (H3N2) EPI445806*; *A/Choibalsan/483/2013(H3N2) EPI461838*; *A/Ulaanbaatar/705/2013(H3N2) EPI461848*). А(H1N1)pdm09 дэд хэвшинжийн вирусийн хувьд Европын орнууд болон БНХАУ-д ялгасан омгуудтай НА генийн нуклеотидын дараалалаараа ойролцоо байгаа нь тодорхойлогдов(Ген банк дугаар: *A/Sainshand/390/2013(H1N1)pdm09(EPI445800)*; *A/Kherlen/658/2013(H1N1)pdm09 (EPI445794)*; *A/Ulaan-*

baatar/451/2013(H1N1)pdm09 (EPI445803); A / Sainshand/1940/2012(H1N1)pdm09 (EPI386010); A/Orkhon/528/2013(H1N1)pdm09(EPI445797).

2012/2013 онд дэгдэлт үүсгэсэн А(H1N1)pdm09, А(H3N2) дэд хэвшинжийн омгууд хөрш зэргэлдээ орнуудаас болон улс орон дамжин тархаж өвчлөл үүсгэсэн байна. Томуугийн вакциныг улирал угтуулан хийхэд үр дүнтэй байхаар байна.

3.11 2012/2013 ОНД МОНГОЛ УЛСАД ЯЛГАСАН ТОМУУГИЙН ВИРҮСИЙН ЭМЭНД ТЭСВЭРЖИЛТИЙГ СУДАЛСАН ДҮН

*Ц.Наранзул¹, Ж.Сарантуяа², Н.Баясгалан¹, Г.Нямаа¹, Б.Дармаа¹,
¹ХӨСҮТ, ²ЭМШУИС-БАС*

Томуугийн вирүсийн эсрэг бэлдмэл эмчилгээнд хэрэглэсэн эсэхээс үл шалтгаалан эмэнд тэсвэржсэн омог улс орон дамжин тархаж байна. Тухайлбал 2003 оноос амантадинд тэсвэржсэн А(H3N2), 2007 оноос оселтамивирт тэсвэржсэн А(H1N1), 2009 оноос амантадинд тэсвэржсэн А(H1N1)pdm09 омгийн тархалт дэлхий нийтийг хамарч, эмчилгээний менежемент, эмийн бодисын сонголтонд ихээхэн бэрхшээл учруулж эхэлсэн.

Бид 2009/2010 оны томуугийн улирлаас эхлэн томуугийн вирүсийн эмийн бодист тэсвэржилтийн тандалтыг өөрийн орны лабораторит хийж, ДЭМБ-ийн томуугийн лавлагаа төвүүдтэй мэдээлэл солилцож байна. 2012/2013 онд Монголд ялгасан томуугийн вирүсийн омгуудын эмэнд тэсвэржилтийн тандалт судалгааны дүнг нэгтгэн танилцуулахыг зорилоо.

Арга зүй: 2012/2013 онд ХӨСҮТ-ийн Вирүс судлалын лабораторид, эсийн өсгөвөрт ялгасан томуугийн А хэвшинжийн 75 омгоос А(H1N1)pdm09 дэд хэвшинжийн 20, А(H3N2) дэд хэвшинжийн 66 омгийг сонгон Оселтамивир, Занамивирт тэсвэржилтийг, 16 омгийн Амантадинд тэсвэржилтийг тус тус тодорхойллоо. Нейраминидазын саатуулуурт тэсвэржилтийг Австрали улсын Мельбурн хот дахь ДЭМБ-ын томуугийн лавлагаа лабораторийн аргачлалын дагуу химоллюминесценцэд суурилсан нейраминидаз саатуулах урвал (НСУ)-аар хийж лавлагаа хяналтуудтай харьцуулан, Robosage

программаар боловсруулаа. 16 омгийн М2 ген, 14 омгийн NA генийн нуклеотидийн дараалал тогтоох шинжилгээг АНУ-ын Өвчний Хяналт Сэргийлэлтийн Төв (CDC)-ийн аргачлал, өвөрмөц праймер ашиглан Applied Biosystems 3130xl генетик анализаторт хийж, үр дүнг Geneious Pro5.5.6, MEGA4, MEGA5, FluSurv-er программ ашиглан хийж, нуклеотидийн дарааллыг GISAID-ийн ген банканд байршуулав.

Үр дүн: Химоллюминесценцэд суурилсан НСУ-ын шинжилгээгээр А(H1N1)pdm09 омгуудын NA-ын идэвхийг 50% саатуулах(IC₅₀) Оселтамивир/Занамивирин төвшрүүлэг IC₅₀=0.35/0.46 nM, А(H3N2) омгуудад IC₅₀=0.4/1.7 nM байгааг лавлагаа хяналт *A/Denmark/528/2009*, IC₅₀=116 nM омгийнхтой харьцуулахад бага байгаа нь манай улсад ялгасан омгууд эдгээр эмийн бодист мэдрэг байгааг харуулж байна. NA генийн сиквэнсийн дүнгээр эмийн бодист тэсвэржилтийг нөхцөлдүүлдэг H275Y, E119V, R292K зэрэг мутацууд тодорхойлогдсонгүй. Ген банкны №: *EPI445799, EPI445802, EPI445796, EPI460844, EPI445793, EPI462271, EPI462274, EPI443681, EPI456590, EPI460763, EPI439012, EPI445805, EPI462622, EPI439015.*

Харин М2 генийн нуклеотидийн дарааллыг тогтоосон дүнгээр Амантадинд тэсвэржсэн S31N мутац А хэвшинжийн бүх омогт илэрлээ (Ген банкны №: *EPI445798, EPI445801, EPI445795, EPI462789, EPI445792, EPI462270, EPI462273, EPI461847, EPI461844, EPI456589, EPI461839, EPI439011, EPI445804, EPI461850, EPI462272, EPI439014.*)

Дүгнэлт: 2012/2013 онд ялгасан томуугийн А вирүсийн омгууд Оселтамивир ба Занамивирт мэдрэг, Амантадинд тэсвэржсэн байна.

3.12 ШҮДНИЙ ЭМНЭЛЭГТ ШИНЭЭР ИРЖ ҮЙЛЧЛҮҮЛЭГЧДИЙН ДУНД ХЕПАТИТЫН В,С ВИРҮСИЙН МАРКЕРЫГ ИЛРҮҮЛСЭН ДҮН

*А.Ариунаа¹, Д.Чухал², Б. Сайнчимэг¹, Л. Алтантуяа¹,
Э. Мөнгөнчөдөр¹, С.Лхагва¹, Ч.Цэвентил¹,
Ж.Оюунбилэг¹
¹НЭМҮТ, ²ШЭНЭСТ*

Вирүст хепатитийн халдвар, нэн ялангуяа түүний парентераль замаар халдварладаг бөгөөд цочмог ба

архаг гепатит, элэгний хатуурал улмаар ЭАӨ үүсгэдэг хэлбэрүүд нь Монгол Улсын нийгмийн эрүүл мэндийн тулгамдсан асуудал байсаар байна. Иймд 1987 оноос В гепатитын эсрэг дархлаажуулалтыг үе шаттайгаар хэрэгжүүлж, 1991 оноос бүх шинээр төрөгсдийг хамруулсан юм. Цочмог вирүст гепатитийн нийт өвчлөл 3,6 дахин 5 хүртэлх насны хүүхдийн эндэгдэл 10 дахин буурснаар (П.Нямдаваа, 1996) дархлаажуулалтын ойрын үр дүн гарсан боловч хүн амын дунд вирүст тээгчийн эзлэх хувь буурах, улмаар элэгний анхдагч өмөнгийн (ЭАӨ) өвчлөл буурах алсын үр дүнг үнэлж байх шаардлагатай байна. Нөгөө талаас харьцангуй эрүүл хүмүүс болох шүдний эмнэлэгийн үйлчлүүлэгчдэд вирүсийн маркер тодорхойлох нь багаж хэрэгслийг тусгаарлах замаар халдвараас сэргийлэх боломж олгох юм. 2009-2013 онд давхардсан тоогоор нийт 1256 хүнд HBsAg, 1262 хүнд анти-HCV илрүүлэх шинжилгээ хийхэд шинжилгээнд хамрагдсан хүмүүсийн 4,91 %-д нь HBsAg, 7,63% -д анти-HCV илэрсэн байна. Энэхүү шинжилгээ нь хурдавчилсан арга болох иммунохроматографи ба (ИХГ) фермент холбоот урвалын (ФХУ) аль алиныг нь хамарсан болно. ИХГ-ийн аргаар 521 хүнд HBsAg , 538 хүнд анти-HCV илрүүлэх шинжилгээ хийхэд 32%-д нь HBsAg, 30% -д анти-HCV илэрсэн байна.

Харин ФХУ –аар шинжилгээ хийхэд 138 хүний 10-д нь буюу 7,25%-д нь HBsAg 724 хүний 76-д нь буюу 10,5 %-д нь анти- HCV илэрчээ. Үүнийг 5 жилийн өмнөх буюу 2009 оны шинжилгээтэй харьцуулахад (HBsAg-7,46 %, анти- HCV -52 %) аажмаар буурах хандлага ажиглагдаж байна. ИХГ нь хэдийгаар шинжилгээг 5-10 минутанд гаргах хурдавчилсан арга боловч мэдрэг чанар нь ФХУ-д хүрэхгүй байна. (HBsAg : ИХГ-6,1%, ФХУ – 7,25%, анти- HCV:ИХГ-5,6% ФХУ-10,5%).

3.13 ХҮНИЙ ДАРХЛАЛ ХОМСДОЛЫН ВИРҮС /ХДХВ/ -ИЙН ХАЛДВАРЫГ ОНОШЛОХ ДАРХАН ДАРДСЫН АРГЫН ОНОШЛУУР БЭЛТГЭСЭН ДҮН

*Л.Төмөрхүү, Ж.Оюунбилэг, Х.Цацрал
НЭМХ*

Дархлалын олдмол хомсдол /ДОХ/ гэсэн нэр томъёог тархвар судлаачид анх 1981 онд дархлалын дутал үүсэх тодорхой шалтгаан байхгүй байхад

насанд хүрэгчдэд эсийн дархлалын дутал үүсгэж буй бүлэг өвчин шинээр гарсантай холбогдуулан хэрэглэсэн байна. Хожмоо ДОХ нь Хүний дархлал хомсдолын вирүс /ХДХВ/-ийн халдварын эцсийн шатны илрэл болох нь тогтоогдсон болно. 1985 оноос ХДХВ-ийн эсрэгбие илрүүлэх ийлдэс судлалын шинжилгээний оношлуурууд худалдаанд гарч эхэлсэн байна. Өргөн хэрэглэгддэг ФХУ-ын шинжилгээ нь мэдрэг ба өвөрмөц чанар өндөртэй юм. Хүн амын дунд тархалтын түвшин <10% байвал шинжилгээний нэг л арга хэрэглэхийг зөвлөдөг, харин тархалтын түвшин бага байгаа тохиолдолд үнэн зөв хариу гаргахын тулд наад зах нь 2 төрлийн оношлуур хэрэглэх шаардлагатай байдаг байна. Шинжилгээний янз бүрийн, тухайлбал ФХУ-ын болон хурдавчилсан /нэвчилт иммун-хроматографын/ аргуудыг хослуулан хэрэглэнэ. Батлах шинжилгээнд Дархан дардсын аргын болон шууд бус ФХУ-ын аргууд ордог.

Урьд нь манай судлаачид гепатитийн В, С, А вирүсийг илрүүлэх болон ХДХВ-ийн халдварыг оношлох ФХУ-ын оношлуур бүтээх туршилт, судалгаа хийж байснаас Дархан дардсын оношлуур бүтээх судалгаа хийж байгаагүй болно.

Бидний судалгааны зорилго нь Хүний дархлал хомсдолын вирүсийн халдварыг оношлох, баталгаажуулах Дархан дардсын аргын оношлогооны бэлдмэл гарган авах боломжийг судлах байв.

Энэхүү судалгааны ажлын хүрээнд :

1. Хүний дархлал хомсдолын вирүсийн янз бүрийн эсрэгтөрөгчийг агуулсан рекомбинант уураг ашиглан, эсрэгбиеийг ялган тодорхойлох
2. Хүний IgG-ийн эсрэг дархан ийлдэснээс IgG ялгаж, цэвэрлэх. Ялгаж, цэвэрлэсэн IgG-г алкалин пероксидазтай холбож коньюгат бэлтгэх
3. Урвал явуулах нитроцеллюлозын мембраныг бэлтгэх
4. Оношлуурын цомгийн бусад иж бүрдлүүдийг бэлтгэж, шалгах зорилт тавин ажилласан.

Судалгаандаа АНУ-ын “BIOTECH” пүүсээс ХДХВ-ийн рекомбинант уураг авч ашиглан уургийн бүрэлдэхүүнийг SDS-ПААГ электрофорезийн аргаар тодорхойлж уургийн молекул жинг тогтоов.

Гель дээр гүйсэн рекомбинант уургийн бүсийг нитроцеллюлозын мембранд буулгахдаа шилжүүлэгч буферыг ашиглан

электроблотингийн аргыг хэрэглэв.

Хүний IgG-ийн эсрэг дархан ийлдсийг сульфат аммонийн ханасан уусмалаар тундасжуулж IgG-г ялган аваад, хроматографын колонкын аргаар цэвэрлэлээ. Ялгаж, цэвэрлэсэн IgG-г глутаральдегидын нэг шаттай аргаар алкалин пероксидазтай холбож конъюгат бэлтгэв.

Нитроцеллюлозын мембранд холбохдоо:

Мембран + IgG → угаалт → блок → угаалт → хуурайшуулж битүүмжлэх

схемийн дагуу хийсэн.

Оношлуурын иж бүрдлийн хэсэг болох ВСIP/ NBT алкалин субстрат, сорьц шингэлэгч уусмал болон угаагч, зогсоогч уусмалуудыг найруулж бэлтгэв.

Оношлуурыг шалгахдаа БНХАУ-ын “Вантай” пүүсийн ХДХВ-ийг илрүүлэх ФХУ-ын оношлуурын эерэг +/- хяналтын ийлдсийг ашиглан урвал тавьж туршихад харьцуур оношлуурын эерэг +/- хяналтын ийлдэсийн үзүүлэлттэй адил дүн гарч байсан. Бид судалгаандаа харьцуур үзүүлэлт болгон Сингапур улсын “MPDiagnostics” компанийн HIV BLOT 2.2 western blot assay оношлуурыг ашигласан болно.

Дүгнэлт:

ХДХВ-ийн халдварыг оношлох, баталгаажуулах дархан дардсын аргын оношлуурыг бэлтгэж ашиглах бүрэн боломжтой гэж үзэж байна.

SDS-ПААГ-ЭФ явуулахдаа 12%-ийн ялгах гель бэлтгэн хэрэглэх нь үр дүнтэй байна.

Рекомбинант уургийг өөрийн лабораторид гарган авч хэрэглэх нь зүйтэй байна.

Түлхүүр үг: ХДХВ-ийн вирус, ХДХВ-ийн эсрэгтөрөгч, эсрэгбие, ПААГ-ЭФ, нитроцеллюлозын мембран, дархан дардсын аргын оношлуур

3.14 ГЕПАТИТИЙН В БА Д ВИРҮСТ ХАЛДВАРЫН ҮЕИЙН HBVDNA –ИЙН ТООН ХЭМЖЭЭГ ТОДОРХОЙЛСОН ДҮН

*Г.Сарангуа¹, М.Алтанхуу¹, Э.Алтансүх¹,
Ч.Батжаргал¹, Т.Цаиралт-Од¹, Т.Болорцэцэг¹,
Г.Энхтуяа¹ М.Чимэдсүрэн²,
¹ХӨСҮТ, ²ЭМШУИС*

Судалгааны зорилго: Гепатит В ба Д вирусийн халдвартай хүмүүсийн ийлдсэнд HBV-DNA –ийн түвшинг тодорхойлон халдварын хэлбэрийн онцлогтой харьцуулах

Ийлдсэнд HBV-DNA тодорхойлон тоон хэмжээг гаргах нь зарим тохиолдолд цочмог халдварыг эрт оношлох (HBsAg илрэхээс өмнө), ГВВ-ийн идэвхжил болон өвчний явцыг үнэлэх, эмчилгээний тактик боловсруулах, эмчилгээний үр дүнг хянах гол үзүүлэлт болдог.

ХӨСҮТ-ийн Вирусгепатитын лаборатори нь 2010 оноос ГВВ, ГСВ ийн нуклейн хүчлийг тоон аргаар тодорхойлох бодит хугацааны полимеразийн гинжин урвалын аргыг нэвтрүүлэн ажиллаж байна. Энэ удаа бид ГВВ ын ДНК-н тоон хэмжээг Гепатит В болон дельта вирусийн халдвартай хүмүүст өвчний хэлбэрээс хэрхэн хамаарч байгааг судлаж үзлээ.

Судалгааны материал, арга зүй

Судалгаанд 2010-2011 онд ХӨСҮТ-д Гепатит В вирусийн халдварын улмаас хэвтэн эмчлүүлж буй өвчтнүүдээс санамсаргүй түүврийн аргаар нийт 27 өвчтнийг сонгон авч, ийлдсэнд ФХЭБУ-н аргаар Гепатитийн В вирусийн маркерүүд (HBsAg, аН-ВсIgM, HBeAg, аHBe, аHBe, аHDV, аHDV-IgM) Германы Roche пүүсийн AmpliPrep, TaqMan 48 ПГУ-н бүрэн автомат анализатороор, бодит хугацааны полимеразийн гинжин урвалын аргаар HBV-DNA тоон хэмжээг тус тус тодорхойлон, халдварын хэлбэр тус бүрээр харьцуулан дүгнэлт хийлээ.

Судалгааны үр дүн

Судалгаанд хамрагсдын 10 (38%) нь цочмог В вирусийн халдвартай, 2(7.4%) нь В болон Д вирусийн хам халдвартай, 4 (14.8%) нь Д вирусийн дараалсан халдвартай, 6(22.2%) нь архаг В ба Д вирусийн хавсарсан халдвартай, 5(18.5%) нь архаг В вирусийн халдвартай байв.

HBV-DNA –хэмжээг В вирусийн халдварын хэлбэр тус бүрээр харьцуулан үзэхэд цочмог В вирусийн халдварын үед HBV-DNA тоон хэмжээ харьцангуй өндөр дунджаар 36436218 IU/ml, В ба Д вирусийн хам халдварын үед дунджаар 429116IU/ml, Д дараалсан халдварын үед 4879503 IU/ml, архаг В ба Д вирусийн халдварын үед 166780IU/ml, архаг В вирусийн халдвар үед дунджаар 252IU/ml байгаа нь цочмог халдварын үед В вирусийн репликаци өндөр байх ба Д халдварын үед ГВВ-ийн репликаци дарангуйлагдаж байна гэсэн гадны судлаачдын дүнтэй ойролцоо байна.

Судалгаанд хамрагдсан өвчтнүүдээс нэг л өвчтөнд HBV-DNA тодорхойлогдоогүй бөгөөд бусад HBV-DNA тоологдсон өвчтнүүдийн 5(18.5%)-д нь л HBeAg эерэг гарч байгаа нь судлаачдын тогтоосноор D удамшилын хэв шинж монгол хүн амын дунд элбэг байдагтай холбоотой байх үндэслэлтэй.

Дүгнэлт:

1. HBV-DNA -гийн хэмжээ цочмог халдварын үед архаг халдварын үеийнхээс өндөр байна.
2. HBeAg сөрөг өвчтөнд ч вирусийн идэвхжлийг харуулдаг гол маркер нь HBV-DNA байгаа ба HBeAg сөрөг ВВГ байгаа шалтгааныг цаашид тодруулах судалгааг цаашид өргөжүүлэх хэрэгтэй байна.
3. ГВВ ын ДНК тоон хэмжээг тодорхойлох шинжилгээ нь оношлогооны болон өвчний явц, эмчилгээний үр дүнг үнэлэхэд маш их ач холбогдолтой байгаа нь харагдаж байгаа тул практик хэрэглээг өргөжүүлэх шаардлагатай байна.

3.15 СЭЛЭНГЭ АЙМГИЙН ХҮН АМД СУУРИЛСАН ХАЧГААР ДАМЖИХ ХАЛДВАРТ ӨВЧНИЙ ТАНДАЛТ СУДАЛГААНЫ ДҮН (2011-2012 ОН)

*А.Долгорханд¹, Д.Отгонбаатар¹, Б.Ундраа¹,
Б.Уянга¹, Б.Байгалмаа¹, Р.Оюунгэрэл², С.Оюунчимэг¹,
Б.Бурмаажав³, З.Адьяасүрэн¹, С.Сугар⁴,
Б.Наранцэцэг⁵, С.Ариунжаргал⁶
¹ЗӨСҮТ, ²ХӨСҮТ, ³ЭМЯ, ⁴УМЭАЦТЛ
⁵СХСЭМТ, ⁶САСЭМТ*

Хачгаар дамжих халдварт өвчин нь хачигт хазуулсаны улмаас хүнд дамжин халдварладаг. 2005 оноос эхлэн хачигт энцефалит, хачигт

боррелиоз, хачигт риккетсиоз өвчнийг зайлшгүй бүртгэж мэдээлвэл зохих өвчний жагсаалтад оруулсан.

Энэхүү судалгааны зорилго нь хүн амын дундах хачгаар дамжих халдварын талаарх мэдлэгийн түвшин болон уг өвчний тархалтыг тогтоох зорилготой. Судалгаа нь Сэлэнгэ аймгийн Алтанбулаг, Хүдэр сумын хүн амын дунд санамсаргүй түүврийн аргыг ашиглан хийсэн нэг агшины судалгаа болно.

Судалгаанд 5-78 настай 657 хүн хамрагдсан ба 406 хүнээс цусны ийлдэс цуглуулав. Судалгаанд оролцогчдын 50.7% (333/657)-ийг эмэгтэйчүүд эзэлж, дундаж нас 36.1±14.3, байлаа. Ажил, мэргэжлийн хувьд 27.2%-ийг ажилгүйчүүд эзэлж байна. Нийт оролцогчдын дунд хачгаар дамжих халдварт өвчний мэдлэгийн түвшинг тогтооход 79% байна. Хүдэр сумын оролцогчдын мэдлэгийн түвшин нь Алтанбулаг сумын оролцогчдын мэдлэгийн түвшингээс 27%-иар өндөр байлаа.

Оролцогчдын 32.5% (214) нь хачигт хазуулсаны дараа халуурах, хүзүүгээр хөших, толгой өвдөх, хэсэг газарт улайх зэрэг шинж тэмдэг илэрсэн ба 93% нь эрүүл мэндийн байгууллагад хандаагүй байна.

Оролцогчдоос цуглуулсан цусны ийлдсийг Фермент холбоот урвалын аргаар шинжлэхэд 5.9% (24)-д хачигт энцефалитын, 8.6% (35)-д хачигт боррелиозын, 1.4% (6)-д хулгана тахлын, 30.4% (41)-д толбот чичрэг өвчний эсрэг бие тодорхойлогдсон ба шууд бус дархан туяарах урвалын аргаар шинжлэхэд 13.9% (5)-д хачигт риккетсиозын, 4.6% (6)-д Ку чичрэгийн эсрэгбие тус тус тодорхойлогдож, анаплазмоз, эрлихиозын эсрэг бие илрээгүй байна.

Судалгааны үр дүнд хачгаар дамжих халдварт өвчний талаар Хүдэр сумын оролцогчдын мэдлэгийн түвшин өндөр байгаа нь харагдаж байна. Мөн толбот чичрэг өвчний тархалтын түвшин бусад хачгаар дамжих халдварт өвчнүүдээс өндөр байна.

3.16 НҮДНИЙ ҮРЭВСЭЛТ ӨВЧНИЙ ҮЕД АДЕНОВИРУС ИЛРҮҮЛСЭН ДҮН

Н. Баясгалан¹, Б.Мөнгөншүр², Б. Дармаа¹,

Э.Санжаа², С.Цогтсайхан³

¹ХӨСҮТ, ²НОЭ

³ЭМШУИС-БАС

Хүний аденовирус (Human adenovirus-NAAdV) нь хэв шинжээсээ хамаарч амьсгалын зам, нүдний салст, эвэрлэг бүрхүүл, ходоод гэдэс, давсагны үрэвсэлт өвчнүүдийг үүсгэдэг. NAAdV -ийн В, С, Е ийлдэст хувилбарууд нь амьсгалын замын халдвар, D бүлэгт хамаарагдах ийлдэст хэвшинж нь нүдний салст, эвэрлэг бүрхүүлийн үрэвсэлт өвчнүүдийг зонхилон үүсгэгдэг болохыг судлаачид тогтоожээ. Монголд нүдний үрэвсэл үүсгэн эргэлтэнд байгаа аденовирусийн генетик хэвшинжийг тодорхойлж, эмнэл зүйн шинжийг харьцуулан дүгнэлт хийх зорилгоор энэ судалгааг хийв.

2011 оны 5-р сараас 2012 оны 5 сарын хооронд “Орбита” эмнэлэгт нүдний үрэвсэлт өвчний улмаас ирж үйлчлүүлсэн 56 хүнээс зовхины арчдас сорьц авч Аденовирус илрүүлэх полимеразын гинжин урвал (ПГУ)-ын шинжилгээ хийж, гексон генийн секвенсинг шинжилгээгээр удмын шинжийг тогтоов.

Эмнэл зүйн сорьцноос QIAamp DNA mini Kit (QIAGEN) цомог ашиглан аденовирусийн ДНХ-ийг ялгаж, Katara PCR цомог, Праймер / Forward 5'-CACATCGCCGACAGGATGCTT CGGAGTA-3', Reverse 5'-GTGTTGTGAGCC ATGGGGAAGGTGGC-3' 1886bp/ , Primus-96 plus термосайклер машин ашиглан ПГУ-ийн шинжилгээ хийж, Applied Bio system BigDye TerminatorV3.1 cycle Sequencing цомог, ABI 3130 x1 Genetic analyzer ашиглан гексон генийн нуклеотидын дараалал тогтоох шинжилгээг тус тус хийв. Шинжилгээгээр 32 (56%) сорьцонд аденовирусийн ДНХ эерэг тодорхойлогдов. Аденовирусийн гексон генийн нуклеотидын дараалал тогтоох шинжилгээгээр 20 (62,5%)-д нь NAAdV D8, 5 (16%)-д нь NAAdV B6, 7 (21,5%)-д нь NAAdV B7 ийлдэст дэд хэв шинж тус тус тодорхойлогдлоо. Аденовирусийн халдвараар өвчилсөн хүмүүст конъюнктивит,

кератоконъюнктивит, толгой өвдөх шинжүүд давамгайлан илэрсэн байна. Аденовирусийн халдвараар өвчлөгсдийг насаар нь ангилж үзвэл 18-35 насны идэр залуучууд байсан ба шинж тэмдгийн эсрэг эмчилгээ хийснээс хойш 13-28 хоногийн дотор халдварын шинж тэмдэг арилж байсан нь NAAdV сөрөг өвчтөнүүдтэй харьцуулахад эмнэлзүйн шинж тэмдэг арилах хугацаа удаан байв. Аденовирусийн халдвар нь монгол хүн амын дунд жилийн турш эргэлтэнд байдаг боловч 4,5,10 ба 11 дүгээр сард идэвхжил ихтэй байгаа хөдлөл зүй ажиглагдлаа. Нарийвчилсан судалгааг үргэлжлүүлэн хийх шаардлагатай.

3.17 АДУУНЫ ТОМУУ ӨВЧНИЙ 2011 ОНЫ ДЭГДЭЛТИЙН ОНЦЛОГ БА ЯЛГАН АВСАН НЭН8 ХЭВШЛИЙН ҮҮСГЭГЧИЙН ШИНЖ

Ё. Мягмарсүх¹; Ж. Бэх-Очир¹; З. Батсүх¹; Х. Гари²; В. Томас^{2,3}, К. Витней²; Ф. Жон²; Б. Жон²; М. Памела⁴;

Г.Грегори²;

¹ХААИС-МЭЭШХ, ²ФИС, НЭМС, ШЭТХ

³ФИС, МЭСХӨЭСТ, ⁴АШТЭС, ДЭМБХТ

Бидний сүүлийн 40-өөд жил явуулсан судалгаагаар Монгол улсад адууны томуу өвчин 10 орчим жилийн давтамжтайгаар (1974-1975, 1984-1985, 1994-1995, 2007-2008) нэг удаа тахал (эпизоот) хэлбэртэй гарч, нийт 2,1 сая орчим адууны 22-42%-ийг өвчлүүлж, зарим жилд 20 орчим хувийг нь үхүүлж улс орны эдийн засагт багагүй хохирол учруулсаар иржээ. Сүүлийн жилүүдэд морин уралдааны уламжлал алдагдаж, жилийн 4 улиралд янз бүрийн наадам, бооцоот урандаан зэргийг зохион байгуулж, морьдыг олноор нь нэг дор бөөгнөрүүлдэг болсноос амьсгалын замаар амархан тархдаг, адууны томуу өвчний давтамж ойртож болзошгүй байна.

Дээрхи нөхцөл байдлыг харгалзан АНУ-ын Флоридагийн Их сургуультай байгуулсан хамтын ажиллагааны хүрээнд 2011 оноос эхлэн Монгол орны адуун сүргийн дунд томуу өвчний идэвхтэй

тандалтыг явуулж, шинэ вирусийг илрүүлж, шинж чанарыг судлах, өвчинд хяналт тавьж байх зорилго тавин ажиллаж байна.

Тандалтыг харьцангуй адуу олонтой, унаж эдлэх, ашиг шимийг ашиглах зорилгоор амьдрал ахуйдаа өргөн ашигладаг Төв, Дундговь, Хэнтий аймгуудын тодорхой сумдаас сар бүр 50 дээж (хамрын арчдас) цуглуулан, нэг хувийг Флоридагийн Их Сургуульд, үлдсэнийг нь өөрийн лабораторит үлдээж тус сургуулиас ирүүлсэн цомгийг ашиглан, Бодит цагийн ПГУ-аар томуугийн эсрэгтөрөгч илрүүлэх, эерэг гарсан дээжийг өсгөвөрлөн, вирус гарган авч, РНХ-г ялган, генийн дараалалыг тогтоож ирэв.

2011 оны 1-р сараас 9-р сарын хооронд дээрхи 3 аймгаас 745 адуунаас хамрын арчдас цуглуулав. Энэ хугацаанд буюу 2011 оны 7-р сард улсын баяр наадамд уралдахаар сойж байсан хурдан морьдын дунд томуугийн шинж тэмдэг илэрч улмаар уг өвчлөл хурдан морьдоор дамжин төвийн бүсэд бараг ганцхан сарын дотор тархсан болохыг тогтоосон. Тухайлбал 2011 оны 5, 6, 7, 8 ба 9-р сард цуглуулсан дээжнүүдэд Бодит цагийн ПГУ-ыг ашиглан шинжилгээ хийхэд 34 дээжинд адууны томуугийн А хүрээний вирус илэрсэн. Эдгээрийн 3 дээжнээс H3N8 хэв шинжийн вирус өсгөвөрлөж, РНХ ялган авч, генийн дарааллыг тодорхойлов. Үүсгэгчийн гарвал зүйг тодорхойлоход Монгол улсад дэгдсэн энэ удаагийн адууны томуу өвчний үүсгэгч нь 2007-2008 онуудад Азид гарч байсан H3N8 хэвшлийн адууны томуугийн вирүстэй төстэй болох нь батлагдав.

3.18 МОНГОЛ УЛСАД ИЛРҮҮЛСЭН ХҮНИЙ ИЖ ТОМУУГИЙН ДӨРӨВДҮГЭЭР ХЭВШИНЖИЙН ВИРҮСИЙН МОЛЕКУЛ БИОЛОГИЙН СУДАЛГАА

Н.Фужиги¹, Ч.Майцэцэг², Г.Нямаа², П.Нямдаваа^{2,3},

Х.Оюунтани¹

¹ТИС-ВСТ, ²ХӨСҮТ, ³МАУА

Хүний иж томуугийн дөрөвдүгээр хэвшинжийн вирус (PIV-4) нь таксономын ангиллаар Paramyxoviridae овогт хамаардаг бөгөөд амьсгалын замын халдвар сэдээдэг юм. Энэ вирусийг өсгөвөрлөх нь бэрхшээлтэй учраас хийгдсэн судалгаа ховор, PIV-4-ийн эмнэлзүйн ач холбогдол нь одоог хүртэл тодорхой бус байгаа билээ. Бид энэ мэдээлэлдээ Монгол улсад анх удаа PIV-4 илрүүлж, молекул биологийн судалгаа хийснээ танилцуулхаар бэлтгэлээ.

Бид томуугийн вирус илрээгүй хамар-залгиурын 2515 сорьцонд амьсгалын замын халдвар үүсгэгч 19 вирус, нян илрүүлэх шинжилгээг Fast Track Diagnostics, Luxembourg компаний оношлуур ашиглан бодит хугацааны мультитплекс ПГУ-аар хийлээ. Шинжилсэн сорьцуудыг ХӨСҮТ-ийн вирус судлалын лабораторид 2008 оны 11 дүгээр сараас 2013 оны 3 дугаар сард цуглуулж, -70°C-д хадгалж байсан болно.

Шинжилсэн нийт сорьцноос 1490 сорьцонд үүсгэгч илэрсний дотор 191 (12,8%) нь PIV, 30 (2%) нь PIV-4 байлаа.

PIV-4 эерэг 18 сорьцыг сонгон авч ердийн ПГУ-аар баталгаажуулах шинжилгээ хийв. Ингэхэд 12 сорьц нь баталгаажсан бөгөөд эерэг сорьцуудыг сиквэнсингээр давхар баталгаажуулав. Сиквэнсингийн дунд био-информатикийн анализ хийж үзэхэд 2012 оноос өмнөх сорьцууд нь бүгд 4В генотип байсан бөгөөд 2012 оноос 4А генотип илэрч эхэлсэн байна. PIV-4А хэвшинжийн 9 вирусийн фосфопротейны генийн нуклеотидын дэс дарааллыг жишиж үзэхэд 2 кластер болгон ангилж болохоор байлаа. Ийнхүү Монгол улсад 2012 оноос эхлэн PIV-4А вирусийн хэд хэдэн хувилбар зэрэгцэн оршиж эхэлсэн байна гэсэн дүгнэлт хийж болохоор байна.

**14 th NATIONAL CONFERENCE,
“CURRENT TOPICS OF VIROLOGY”
September 27, 2013**

ORGINAZING COMMITTEE:

Chairman: *M. Altankhuu*,
Executive Director,
MSV, MD, PhD (Med),
Associate Professor

**Deputy
Chairperson:** *R. Oyungerel*, Secretary of
Scientific Committee, NCCD, MD,
PhD (Med), Associate Professor
D. Tserennorov, MSV Board
member, NCZD Director in
charge, PhD (Biol)

Secretary: *B. Darmaa*, MSV Secretary,
Head of Virology Laboratory,
NCCD, PhD (Med)

Members : *D. Abmed*, MSV Board member,
Head of Parasitology Laboratory,
NCCD, PhD (Biol)
N. Bayasgalan, MSV member,
Researcher at Virology Laboratory,
NCCD
Ts. Naranzul, MSV member,
Researcher at Virology Laboratory,
NCCD, MSc (Med)
G. Nyamaa, MSV member,
Researcher at Virology Laboratory,
NCCD,
S. Sugar, MSV Board member, Chief
Microbiologis, State Central
Veterinary
Laboratory
P. Suvd, MSV member,
Head of Enterovirus Reference
Laboratory, PHI, MSc (Biol)
D. Tuul, Head of Supply Division,
NCCD

EDITORIAL BOARD:

Editor-in-chieff: *Prof P.Nymadawa*,
MD,PhD, DSc (Med),

Secretary *R. Tuul*, MSV Board member,
Head of Measles Reference
Laboratory, NCCD, MD, PhD
(Med)

Members: *Z. Adiasuren*,
MSV member, NCZD
adviser, MD, PhD (Med),
Clinical Professor

J. Bekh-Ochir,
MSV Board member,
Head of Veterinary Medicine
Department, Veterinary
Institute, PhD (Biol)

D. Davaalkham,
MSV Board member,
Lecturer, School of Public
Health, HSUM, PhD (Med),
Professor

Ya. Dagvadorj,
Lecturer, Department
of Infectious Diseases,
HSUM, PhD (Med), Professor

J. Oyunbileg,
MSV Board member,
Head of Biotechnology
Department, NCPH, PhD,
DSci (Biol), member, MAMS

L. Enkhbaatar,
MSV Board member,
PhD (Med)

D. Enkhsaikhan,
MSV member,
Manager, Laboratory
Department, NCCD,
PhD (Biol)

Ch. Erdenchimeg,
MSV member, Head
Surveillance Unit HIV/AIDS
and STI Surveillance
Department, NCCD, MD,
PhD (Med)

ABBREVIATIONS OF NAMES OF INSTITUTIONS

ASHC-SA	Altanbulag soum health center, Selenge aimag
CIMAU	Chinese Inner Mongolia Agricultural University, Khukhe Hotu, People's Republic of China
CDFP	Center for Dental and Facial Pathology, Ulaanbaatar, Mongolia
CPHHP-EPI-UF	College of Public Health & Health Professions, and Emerging Pathogens Institute, University of Florida, Gainesville, FL, USA.
CM-NTU	College of Medicine, National Taiwan University, Taipei, Taiwan, China
CVM,DIDP-UF	College of Veterinary Medicine, Department of Infectious Diseases and Pathology, University of Florida, Gainesville, FL, USA
DLM-NTUH	Department of Laboratory Medicine, National taiwan University Hospital, Taipei, Taiwan, China
DV-TUS	Department of Virology, Tohoku University of Sendai, Japan
ECO	Eye clinic "Orbita"
HSHC, SA	Huder Soum Health Center, Selenge aimag
IMV-WWU	Institute of Molecular Virology, Westfaelische Wilhelm University, Muenster, Federal Republic of Germany
IPB-CAMS	Institute of Pathogen Biology, Chinese Academy of Medical Sciences, Beijing, People's Republic of China
IVM-MNUA	Institute of Veterinary Medicine, Mongolian National University of Agriculture, Mongolia
MAMS	Mongolian Academy of Medical Sciences, Ulaanbaatar, Mongolia
MSV	Mongolian Society of Virology, Ulaanbaatar, Mongolia
NCCD	National Center of Communicable Diseases, Ministry of Health, Ulaanbaatar, Mongolia
NCMCH	National Center for Mother and Child Health, Ministry of Health, Ulaanbaatar, Mongolia
NCPH	National Center of Public Health, Ministry of Health, Ulaanbaatar, Mongolia
NCTM	National Center for Transfusion Medicine, Ministry of Health, Ulaanbaatar, Mongolia
NCZD	National Center of Zoonotic Diseases, Ministry of Health, Ulaanbaatar, Mongolia
NIIDJ	National Institute of Infectious Diseases, Tokyo, Japan
NRLA	National Serology Reference Laboratory of Australia, Fitzray, Victoria, Australia
SBM-HSUM	School of Biomedicine, Health Sciences University of Mongolia, Ulaanbaatar, Mongolia
SCFHHRP-SB.	
RAMS	Scientific Center of Family Health and Human Reproduction Problems, Siberian Branch of Russian Academy of Medical Sciences, Irkuts, Russian Federation
SCVL	State Central Veterinary Laboratory, Ministry of Industry and Agriculture, Ulaanbaatar Mongolia
SDGH	Sukhbaatar District General Hospital, Ulaanbaatar, Mongolia
SPH-HSUM	School of Public Health, Health Sciences University of Mongolia, Ulaanbaatar, Mongolia
WHO CC-SEIAB	
St CRH	World Health Organization Collaborating Center for Studies on the Ecology of Influenza in Animals and Birds, St. Jude Children's Research Hospital, Memphis, TN, USA

**PROGRAM OF THE 14th NATIONAL CONFERENCE
“CURRENT TOPICS OF VIROLOGY”**

September 27, 2013; Conference Hall, NCCD, Ulaanbaatar, Mongolia

08:30-09:00	Registration	
Session I: Moderators Dr М.АЛТАНХҮҮ, MSV, NCCD, Dr (Mrs) D.Tserenorov, MSV, NCZD		
09:00-09:10	Opening	Dr M.Altankhuu, MSV
09:10-09:45	Lecture 1: Research on human herpes viruses: Worldwide and in Mongolia	Prof.P.Nymadawa, MSV, MAMS
09:45-10:15	Lecture 2: Viruses as potential bioterrorism agents	Dr D.Anhlan, MSV, WWU-IMV
10:15-11:15	Lecture 3: Molecular epidemiology of respiratory syncytial virus in three Asian countries: Japan, Mongolia and the Philippines	Prof.H.Oshitani, DV-TUS
11:15-11:45	Tea/Coffee break, Photo session, Posters/Exhibition	
Session II: Moderators Dr (Mrs) B.Darma, MSV, NCCD, Dr J.Oyunbileg, MSV, NCPH,		
11:45-12:45	Lecture 4: Study on people affected by tick bites in Russia, Mongolia and other countries	G.A.Danchinova, SCFHHRP- SB.RAMS
12:45-13:00	Oral Presentation 1: Emerging and re-emerging viral diseases in animals of Mongolia	J.Bekh-ochir, S.Sugar, D.Batchuluun, R.Sodmondarjaa, Sh. Tserendorj IVM-MNUA, SCVL
13:00-14:00	Lunch, Posters/Exhibition	
Session III: Moderators Dr J.Bekh-Ochir, MSV, IVM-MUA, Dr (Mrs) R.Tuul, MSV, NCCD		
14:00-14:15	Oral Presentation 2: Determination of rabies nucleoprotein antibody titer in serum of experimental animals produced using recombinant plasmid	B.Boldbaatar, S.Inoue, A.Noguchi, Y.Kaku, A.Okutani, A.Yamada, IVM-MNUA, NIIDJ
14:15-14:30	Oral Presentation 3: Results of study on preparation and protective activity testing of an experimental vaccine against avian Newcastle Disease	Yo.Enkhmandakh, Q-J.Zhang, IVM-MNUA, CIMAU
14:30-14:45	Oral Presentation 4: Clinical manifestation, laboratory findings and therapy of tick-borne encephalitis in Mongolia	J.Bataa, D.Abmed, G.A.Danchinova, U.Narmandakh, B.Oyunbileg, S.Undarmaa, T.Chinbayr, M.A. Khasnatinov, NCZD, NCCD, SCFHHRP-SB. RAMS
14:45-15:00	Oral Presentation 5: Results of influenza surveillance of Dornogovi aimag and Baga-nuur District, of Ulaanbaatar city in 2011-2013	A. Burmaa, T.Kamigaki, G.Nyama, Ch.Maitsetseg, P.Nymadawa, H.Oshitani, NCCD, DV-TUS, MAMS
15:00-15:15	Oral Presentation 6: Molecular epidemiology of human rhinovirus infections in Mongolia in 2008-2013	S.Tsatsral, Z.-Ch.Xiang, Ch.Maitsetseg, P.Nymadawa, NCCD, IPB-CAMS, MAMS

15:15-15:30	Oral Presentation 7: Novel respiratory syncytial virus subtypes detected in Mongolia in 2012–2013	G.Nyamaa, N.Fuji, H.Otomaru, Ch.Maitsetseg, B.Darmaa, S. Akira, H.Oshitani, P.Nymadawa, NCCD, SBM-HSUM, DV-TUS, MAMS
15:30-15:45	Tea/Coffee break, Posters/Exhibition	
Session IV: Moderators Dr M.Altankhuu, MSV, NCCD, Prof.P.Nymadawa, MSV, MAMS		
15:45-16:00	Oral Presentation 8: Laboratory surveillance of enteroviruses among children under 5 years age in Mongolia in 2011-2013	P.Suvd, Z.Sainjargal, NCPH
16:00-16:15	Oral Presentation 9: Molecular epidemiology and biotechnology studies of enterovirus 71 strains isolated in Mongolia	J.Oyunbileg, Ch.-N.Lee, O.Dulam-suren, P.Suvd, Y.-H.Yao, B.Ching, S.-Y. Chang, Z.Sainjargal, B.Enkhtuya, P.-Y. Hung, NCPH, CM-NTU, DLM-NTUH
16:15-16:30	Oral Presentation 10. Results of the national external quality assessment of serology tests for identifying transfusion-transmitted infections	T.Alimaa, G.Nyamaa, T.-A.Pham, B.Soyoloo, B.Uyanga, Ch.Batjargal, N. Sainkhuu, B.Darmaa, Y.Altantsetseg, G.Sarangua NCTM, NCCD, NRLAustralia
16:30-16:50	Questions/Answers, Discussions	P.Nymadawa
16:50-17:00	Closure	P.Nymadawa
17:00-18:00	General Session of MSVmembers	P.Nymadawa

ABSTRACTS

ONE.LECTURES

1.1.RESEARCH ON HUMAN HERPES VIRUS INFECTIONS: WORDWIDE AND IN MONGOLIA

P.Nymadawa
MSV, MAMS

Virus families and species belonging to the Order Herpesvirales are widely spread among different animals, insects and plants.

Viruses taxonomically classified to the Family Herpesviridae of the Order Herpesvirales are capable infect mostly mammals, including 8 types human herpes viruses (HHV). HHV are attracting interests of the researchers while they have strong tendency of inapparent and chronic persisting infections, and also as the target viruses of the first highly specific antivirals (acyclovir and its derivatives).

This lecture is a historical review on studies of HHV infections worldwide and in Mongolia, and will contain the author's thoughts on further research and health service actions needed for the control of HHV infections in Mongolia.

1.2.VIRUSES AS POTENTIAL BIOTERROR- ISM AGENTS

D. Ankhlan
IMV-WWU

“Anti-Terrorism Act of Mongolia” was passed in 2004 with the aim to protect people of Mongolia from terrorist actions. The duty of the Government against terrorisms includes among others registration/determination of categories of viral infectious agents that can be potentially used for bio-terrorist attacks, to improve the control mechanisms and to plan and maintain the preventive measures against spread of dangerous pathogens.

Especially, the surveillance activities for infectious diseases with zoonotic potential in Mongolia should be vigilant. Further, methods for early and rapid diagnosis of

diseases caused by these pathogens should be improved which are important for clinical management of the disease, for a control of its spread. With this kind action the potential damage caused by terror attacks can be minimized. The National Health Service has to install a programmatic action systematically to improve the knowledge of the health service manpower on detection, management and control of emerging and zoonotic infectious diseases in accordance to the worldwide accepted references and standards, especially, laboratory service performances. In addition, the stocks of required drugs and vaccines to protect from and treat severe viral infections should be built. The development of potential antiviral drugs from mongolian herbal medicines could be incorporated into the program and potential international collaborations have to be encouraged.

With the aim to support this activity, MAMS and Westfaelische-Wilhelms-University, Muenster, Germany have concluded an Agreement of Scientific Collaboration including studies on the biological characteristics and anti-influenza actions of some substances isolated from Mongolian endemic plants against influenza viruses isolated in Mongolia.

1.3.MOLECULAR EPIDEMIOLOGY OF RESPIRATORY SYNCYTIAL VIRUS IN THREE ASIAN COUNTRIES: JAPAN, MON- GOLIA AND THE PHILIPPINES

H. Oshitani,
DV-TUS

Respiratory syncytial virus (RSV) is one of the most important causative agents for severe acute respiratory infections in infants. RSV is divided into two major groups (RSV-A and RSV-B). Each group can be further divided into many genotypes based on phylogenetic analysis of the 2nd hypervariable region of the G gene. At least 10 genotypes have been identified for RSV-A. Recently, a new genotype of RSV-A that has the 72 nucleotide duplication in 2nd hypervariable region of the G gene (ON1) was identified.

We have studied phylogentic relationship between RSV-A strains identified in 2008-2013 in three Asian countries: Japan, Mongolia and the Philippines. Although viruses with similar sequences have been circulating in three counties, there were also some time lags in detect-

ing new genotypes. For example, ON1, has been detected from the second half of 2012 and becoming predominant strain in the Philippines. But the same genotype has not been identified in Mongolia until early 2013. Close monitoring of genotypes and other genetic characteristics in different countries is necessary to understand transmission dynamics of RSV at the global level.

1.4. STUDY ON PEOPLE AFFECTED BY TICK BITES IN RUSSIA, MONGOLIA AND OTHER COUNTRIES

G.A. Danchinova
SCFHHRP- SB.RAMS

For the first time for the analysis have been taken more than 41,000 people's clinical and epidemiological data affected by the bites of ticks in Russia and other countries of the world during the period 2007-2012 and

attended SCFHHRP- SB.RAMS. From 6.5 to 8 thousands people attend the above-mentioned Center annually and receive the medical consultation. In case of detection of tick-borne encephalitis virus, Borrelia species and other tick-borne pathogens, their RNA/DNA and antibodies are analyzed against to the all spectrum of tick-borne infections for effective treatment. The tick bites have been reported predominantly in the Irkutsk region, as well as in 29 administrative territories of Russia. In addition there were 5 patients with tick bites from Mongolia and 21 cases of bites from 10 other countries around the world: Germany (5), Ukraine (4) United States (3), Czech Republic (2), Sweden (2), and one each from Finland, Italy, Poland, Kazakhstan and Turkey. The clinical manifestations of tick-born diseases were different in cases registered in different geographical regions of Russia, and the World. All detected cases were treated successfully.

This study was conducted with the support of the Grants 08-04-90206 and 11-04-92221 of the Russian Fund for Basic Research.



TWO. ORAL PRESENTATIONS

2.1 EMERGING AND RE-EMERGING VIRAL DISEASES IN MONGOLIAN ANIMALS

*J.Bekh-Ochir*¹, *S.Sugar*², *D.Batchuluun*², *R.Sodnomdarjaa*², *Sh.Tserendorj*²
¹IVM-MUA, ²SCVL

Genetic mutations of microorganisms and their virulent modifications, ecological unbalance, global warming, new mode of life and world population structure change etc. cause the spread of new human and animal infectious diseases around the world and the re-emergence of some old ones.

In the last 10 years in Mongolia have been newly diagnosed the following animal viral diseases: the ovine pulmonary adenomatosis (Lun soum, Tuv province, Baynnuur and Buregkhangai soums, Bulgan province in 2006 and 2010), Maedi-Visna (Eruu, Khuder, Tushig and Zuunburen soums, Selenge province in 2007-2008), the bluetongue disease of sheeps (in the most soums of the steppe-forest region in 2007-2010), West Nile virus infection (Khovd and Bayn-Ulgii provinces in 2004, and Khovd, Khuvsgul, Bulgan and Darkhan-uul provinces in 2007), porcine reproductive and respiratory syndrome (Ulaanbaatar in 2007 and 2010), tick-borne encephalitis (Eruu and Khuder soums, Selenge province and Khylganat soum, Bulgan province, Dashbalbar soum, Dornot province in 2008-2009), avian influenza (Erkhel lake, Alagerdene soum, Khuvsgul province, Khunt lake, Saikhan soum, Bulgan province in 2005, Doitiin tsagaan and Duruu tsagaan lakes, Ugiinuur and Tsetserleg soums, Arkhangai province in 2006-2008 and Ganga lake, Dariganga soum, Sukhbaatar province in 2009-2010), Newcastle disease (Ulaanbaatar in 2010), bovine respiratory syncytial virus infection (Eruu, Khuder and Altanbulag soums, Selenge province in 2008). Also, some diseases like FMD considered as eliminated have been re-emerged in eastern provinces after 26 years in 2000-2010, sheep pox re-emerged after 29 years in 2006, and capripoxivirus infection re-emerged after 41 years in 2008.

2.2 DETERMINATION OF RABIES NUCLEOPROTEIN ANTIBODY TITER IN SERUM OF EXPERIMENTAL ANIMALS PRODUCED USING RECOMBINANT PLASMID

B.Boldbaatar^{1,2}, *S.Inoue*², *A.Noguchi*², *Y.Kaku*², *A.Okutani*², *A.Yamada*²
¹IVM-MNUA, ²NIIDJ

The goal of this study is to determine immunogenicity of pcDNA3.1/V5HisCVS-11-N recombinant plasmid, which contains the full length nucleoprotein gene (N) of rabies virus CVS-11 laboratory strain. The new recombinant plasmid was constructed and it was transformed into appropriate *E.Coli* strain. The purified recombinant plasmid DNA was injected into experimental animal with Shimadzu jet-injector in every 2 weeks. The immune serum was checked with indirect fluorescent antibody test and antibody titer was determined. The result of this study indicated that the rabies nucleoprotein antibody prepared using recombinant plasmid DNA might be useful tool for rabies diagnosis.

2.3 RESULTS OF STUDY ON PREPARATION AND PROTECTIVE ACTIVITY TESTING OF AN EXPERIMENTAL VACCINE AGAINST AVIAN NEWCASTLE DISEASE

*Yo.Enkhmandakh*¹, *Q-J.Zhang*²
¹IVM-MNUA, ²CIMAU

Because the Newcastle disease occurs periodically in majority of countries keeping poultry husbandry and almost all affected young birds die, the disease is considered as one of quarantineable diseases included in OIE list. The first outbreak of this disease was reported in Mongolia in 2010 and as a result of timely and effective implementation of diagnostic and preventive measures, the disease outbreak has been controlled successfully. Major way of prevention from this disease is vaccination.

The present study aimed to develop an experimental inactivated vaccine for prevention of avian Newcastle disease and investigate its protective activity compared with an existing live vaccine.

The experimental vaccine was prepared from the culture of avian Newcastle disease virus (NDV) of La Sota

strain in chicken embryo and was inactivated by formalin and mixed with MONTANIDE ISA 206 adjuvant (Seippic, France) in ratio of 2:1. The protective activity of the experimental vaccine was compared with the live vaccine Medivac ND-IB for the prevention.

The protective activity and immunity duration of the experimental vaccine were similar those of the live vaccine Medivac ND-IB in 28 day old chicks, whereas the protective activity of the experimental vaccine was greater in mature egg laying hens.

2.4 CLINICAL MANIFESTATION, LABORATORY FINDINGS AND THERAPY OF TICK-BORNE ENCEPHALITIS IN MONGOLIA

*J.Bataa¹, D.Abmed², G.A.Danchinova³, U.Narmandakh¹,
B.Oyunbileg²,
S.Undarmaa, T.Chinbayr, M.A. Khasnatinov³,
¹NCZD, ²NCCD, ³SCFHHRP-SB.RAMS*

In the past 10 years have been reported 210 cases of tick-borne encephalitis (TBE) in Mongolia (0.12/10,000). We have analyzed epidemiological and hospital documents of 48 patients with TBE registered in 2006-2012 in Mongolia.

Out of total 48 patients 7(13.2%) were bitten by ticks in May, 29(59.4%) in June and 12(26.4%) in July. TBE diagnosis was confirmed by laboratory (detection of IgM, and/or IgM to TBE virus) in 46(98%) cases. The isolated TBE virus strains were mostly belonging to Ural-Siberian serotype, except 2 strains of Far Eastern serotype isolated from the fatal cases registered in 2007-2008.

The average incubation period was 9.6 days. The clinical manifestation was: acute in 30(82.5%), persistent in 8(16.5%), and chronic in 10(28.5%) cases. The clinical expression was: light in 3(10.1%), intermediate in 35(69.7%), and heavy in 10(19.7%) cases. The clinical types were: feverish in 16(33%), meningeal in 7(13.2%), meningoencephalitis in 8(36.4%), polyradiculitis in 5(9.9%), and paralysis in 2(2.2%) cases. The main clinical symptoms were: weakness in 48(100%), strong head ache in 45(89.1%), persistent sleepiness in 45(89.1%), high fever in 43(85.5%), neck rigidity in 43(85.5%), coated tongue in 40(79.2%), nausea in 35(69.3%), pains in joints in 30(59.4%) cases respectively.

Specific treatment includes specific anti-TBE-virus immunoglobulin (0.1 mg/kg by special scheme) and antibiotics by special scheme according to the TBE Management Standard of Mongolia approved in 2003 and 2010. 16(33.35) cases have been recovered fully and in 32(66.6%) cases have been observed clinical improvements.

2.5 INFLUENZA SURVEILLANCE ACTIVITIES IN DORNOGovi PROVINCE AND BAGANUUR DISTRICT OF ULAANBAATAR CITY IN 2012-2013 SEASON

*A. Burmaa¹, T.Kamigak², G.Nyama¹, Ch.Maitsesteg¹,
P.Nymadawa^{1,3}, H.Oshitani²
¹NCCD, ²DV-TUS, ³MAMS*

During the period from October 1, 2012 to May 1, 2013 have been conducted an outpatient and inpatient influenza surveillances among the population of Sainshand, Zamyn-Uud, Dornogovi province and Baganuur district of Ulaanbaatar city.

During that period have been registered 1,191 ILI (419 cases per 10,000 population) and 567 sARI (200 cases per 10,000 population) cases in Baganuur district, 1,978 ILI (1,032 cases per 10,000 population) and 801 sARI (418 cases per 10,000 population) cases in Sainshand and 199 sARI (132.6 cases per 10,000 population) cases were hospitalized in Zamyn-Uud hospital. If compare these three different sites by the number of ILI and sARI cases in Sainshand the number of cases were two to three times higher than in other two places. From the hospitalized patients 1,544 (16.2%) were with sARI and there was one fatal case registered in Sainshand province hospital due to pneumonia.

We tested 453 naso-pharyngeal samples from ILI and sARI patients by rt-RT-PCR for detection of influenza viruses and 86(19.0%) positive samples have been detected. In parallel, we used 1,143 rapid kits for detection of influenza viruses and 204(14.4%) positive samples were detected. Ninety nine percent of positives were influenza A viruses and 2 samples were positive for both A and B.

In Mongolia in the whole, as well as in study areas the ILI activity was a relatively mild in the past influenza season and there was dominated influenza A(H3N2) viruses.

2.6 MOLECULAR EPIDEMIOLOGY OF HUMAN RHINOVIRUS INFECTIONS IN MONGOLIA IN 2008-2013

S.Tsatsral¹, Z.-Ch.Xiang², Ch.Maitsetseg¹, P.Nymadawa^{1,3}
¹NCCD, ²IPB-CAMS, ³MAMS

Background: Human rhinoviruses (HRV) are small, single-stranded, positive-sense RNA viruses classified within the genus *Enterovirus* in the family *Picornaviridae*. The first HRV was discovered in 1953 and by now HRV were classified into approximately 150 genotypes of HRV-A, B and C groups. HRV are the most frequent causes of acute upper respiratory tract infections (AURTI). HRV illnesses are common in all age groups, they occur throughout the year and they are present world-wide. In longitudinal family studies the overall HRV isolation rate in persons with RTIs has varied from 6.1% to 23.3. The prevalence of HRV infections has not been studied in Mongolia so far. Our study aims to fill out this gap of knowledge.

Materials and Methods: We have studied 2,515 nasopharyngeal swabs which were negative for influenza viruses by rt-PCR. These samples were collected from November 2008 to March 2013 from patients with AURTI and were kept at -70°C in NCCD. HRV in the clinical samples were detected by multiplex rt-PCR using “Respiratory pathogen 21, FTD” kit, Fast Track Diagnostics, Luxembourg. Also we used three sets of primers to detect VP4/VP2 and 5’NCR genes for genotyping of all HRVs. PCR products were cloned into pGEM-T Easy vectors and were verified by sequencing. Phylogenetic tree was constructed using MEGA 5.02 software.

Results: HRV have been detected in 11.4% (286/2515) of samples and 25.9% (74/286) of patients were co-infected with other respiratory viruses. HRV was the most frequently detected with bocaviruses (25.7%), human coronaviruses (18.9%) and RSV (18.9%).

HRV were detected in all age groups (ranged 0-85): 11.7% (200/1715) in patients 0-5 years old, 13.3% (31/233) in patients 6-10 years old, 11.4% (21/184) in patients 11-16 years old, 9.4% (23/244) in patients 17-46 years old and 7.7% (11/143) in patients over 47 years. HRV was detected throughout the year, however the peak of detection was in the early fall (September-October). We have genotyped 78.7% (225/286) HRV positive samples, of which

48% (108/225) were tested as positive for HRVA, 41.7% (94/225) for HRVC and only 7.1% (16/225) for HRVB. HRVB genotype was detected mostly at age of 7 years old, which is higher than HRVA and HRVC detected age groups.

Conclusions: HRV are the most common pathogen causing AURTI in Mongolia, and it is needed more detailed studies of epidemiology, transmission mechanisms and clinical manifestations of HRV infections to develop the effective control measures in the conditions of Mongolia.

2.7 NOVEL RESPIRATORY SYNCYTIAL VIRUS SUBTYPES DETECTED IN MONGOLIA IN 2012–2013

G.Nyamaa^{1,2}, N.Fuji³, H.Otomaru³, Ch.Maitsetseg¹, B.Darmaa¹, A.Suzuki³, H.Oshitani³, P.Nymadawa^{1,4}
¹NCCD, ²SBM-HSUM, ³DV-TUS, ⁴MAMS

Background: Human respiratory syncytial virus (RSV) is a common cause of severe acute lower respiratory tract infection (ALRTI) in young children accounting for ≈160,000 deaths/year worldwide. RSV strains have been divided into 2 major antigenic groups (A and B), which are further divided into several genotypes. The main genetic and antigenic differences between genotypes are found within the 2 hypervariable regions of the attachment glycoprotein (G). In 1999, a novel RSV B genotype, which contained a 60-nt duplication in the second hypervariable region of the G protein, was discovered in Buenos Aires, Argentina and named BA. Since then, genotype BA has almost completely replaced other RSV B strains worldwide and has diversified into several sub genotypes. A novel RSV A genotype with a 72-nt duplication in the second hypervariable region of G was reported in Ontario, Canada in 2010–11 and the genotype was named ON1. The prevalence of RSV new genotypes has not been studied in Mongolia, so, we have undertaking this study.

Materials and methods: Reverse transcription-PCR (RT-PCR) was used to detect RSV G gene in nasopharyngeal swabs collected from children with ALRTI from Nov.2012 to March 2013. Further G protein sequences was used to build phylogenetic trees.

Results: Totally 70 specimens were positive for RSV A/B. During the study period, subgroup A and B viruses detected in 14.1% (70/495) of the total samples

screened for influenza virus. Subgroup B viruses were predominant while only 2 samples were positive for subgroup A strain (2/70). Phylogenetic analyses showed that group B strains clustered into one genotype - genotype BA, whereas A strain clustered into the new genotype ON1.

Conclusion: Genotype A subgroup ON1 RSV was detected the first time in Mongolia. This could be representing the introduction of RSV new genotype into the population of Mongolia and further study is warranted to control the transmission.

2.8 LABORATORY SURVEILLANCE OF ENTEROVIRUSES AMONG CHILDREN UNDER 5 YEARS AGE IN MONGOLIA IN 2011-2013

*P.Suvd, Z.Sainjargal
NCPH*

The goal of our study was to control the virus circulation at the stage after eradication of poliomyelitis. To evaluate the sensitivity of the AFP surveillance system we have collected samples from all provinces every 2 year.

During the period from 2011 to 2013 a total of 603 samples were collected from healthy or hospitalized children under 5 years of age as well as some environmental samples. Viral test was carried in the of RD-A and L20B cell culture line according to the WHO manual for polio laboratory.

Out of the total of 603 tests we have identified 123 (20,3%) nonpolio enterovirus (NPEV) strains. 6 (13,6%) of NPEV were isolated from AFP cases, 105 (21%) were isolated from healthy people, 15 (37,5%) were isolated from children with different diagnosis. Among 123 NPEVs 88,6% were Echo viruses and 11,3% were Cox viruses.

Among the Echo viruses Echo virus 6 and 7 were diagnosed in children higher than the others.

2.9 MOLECULAR EPIDEMIOLOGY AND BIOTECHNOLOGY STUDIES OF ENTEROVIRUS 71 STRAINS ISOLATED IN MONGOLIA

*J.Oyunbileg¹, Ch.-N.Lee^{2,3}, O.Dulamsuren¹, P.Suvd¹,
Y.-H.Yao², B.Ching²,
S.-Y.Chang², Z.Sainjargal¹, B.Enkhtuya¹, P.-Y.Hung²
¹NCPH, ²CM-NTU, ³DLM-NTUH*

Enterovirus 71 (EV71) is a causative agent of hand-foot-mouth disease (HFMD). EV71 is classified into genotypes A, B and C, and genotypes B and C are further divided into B1-B5 and C1-C5 sub-genotypes based on the VP1 gene. VP1 is the main antigen of EV71 with high immunogenicity, and may stimulate immune system to elicit specific antibody response.

A big outbreak of HFMD in Mongolia started from 2008, and EV71 was isolated in the virology laboratory of NCPH.

In order to understand the molecular epidemiology of the EV71 infection in Mongolia, eight isolates of 2008 and two of 2009 were randomly selected in this study. The RNA were extracted and the VP1 genes were amplified by RT-PCR and were performed sequencing analyzes. Phylogenetic analysis of the VP1 genes showed that all these ten EV71 isolates were classified as sub-genotype C2. When compared VP1 genes of other 15 reference C2 strains from different countries two clusters were noticed, one cluster includes strains from 1995 to 2001, and the other cluster includes those from 2006 to 2009. The VP1 genes of these Mongolian isolates are closely related with the Russian strains of 2009. The fact that the Mongolian EV71 strains were originated from Russia needs more detailed studies with more reference strains from Russia and other countries.

We have constructed than recombinant adenoviruses containing genes of EV71 and some other genes. Five constructs with different combinations were generated, containing signal peptide (SP) gene, VP1 gene, mouse immunoglobulin gamma heavy chain (Fc) gene, or cholera toxin B subunit (CT) gene. Both Fc and CT were used to enhance the immune response. After the fragments containing the target gene were inserted into transfer vector (pShuttle-CMV), the plasmids were transformed into BJ5183 and underwent homologous recombination with pAdEasy-1.

All of these recombinant adenoviral vectors with five different combinations were transfected into human embryonic kidney cell (QBI-293A cell), and the recombinant adenoviruses were generated, named rADV/SP-VP-1FC-CT, rADV/

SP-VP1-Fc, rAD/SP-VP1-CT rADV/SP-VP1 and rADV/Sp-Fc-CT.

After QBI-293A cells were infected by recombinant adenoviruses, we used indirect immunofluorescence assay to detect the hexon protein of adenovirus and used PCR to detect the target genes. The result showed that the five different recombinant adenoviruses and rADV/control could be detected by anti-hexon protein antibody, but the cell control not.

The expression of VP1 protein was also detected by indirect immunofluorescence assay. It demonstrated that recombinant adenoviruses with VP1 gene (rADV/SP-VP1-FC-CT, rADV/SP-VP1-Fc, rAD/SP-VP1-CT and rADV/SP-VP1) could be detected by anti-VP1 protein antibody, but rADV/SP-Fc-CT, rADV/control and cell control not.

In order to detect the anti-VP1 protein antibody from mice, we used *E.coli* expression system to express VP1 protein. And we performed Western blot to detect VP1 protein with anti-histidine antibody and sera from EV71-infected mice. And it showed that VP1 protein could be detected at the site of 40KD. Finally, we used the sera from EV71 infected and uninfected mice to detect the VP1 protein in ELISA test. Although the number of sera was limited, we still could find that the optical density values were different.

2.10 RESULTS OF THE NATIONAL EXTERNAL QUALITY ASSESSMENT OF SEROLOGY TESTS FOR IDENTIFYING TRANSFUSION-TRANSMITTED INFECTIONS

*T.Alimaa*¹, *G.Nyamaa*², *T.-A.Pham*³, *B.Soyoloo*¹,
*B.Uyanga*², *Ch.Batjargal*²,
*N.Saihankhuu*², *B.Darmaa*², *Yo.Altantsetseg*²,
G.Sarangua, ¹NCTM, ²NCCD, ³NRLA

External Quality Assessment Scheme is done to evaluate the ability of laboratory for testing and system quality as well as to improve their reliability. National External Quality Assessment Scheme needs to be conducted to implement the objectives for reaching the quality of tests

to international standard and to reach the same results of tests done in different laboratories .

Ministry of Health of Mongolia has developed the National External Quality Assessment Scheme of Serology tests for identifying the STI (HIV, Syphilis, HepC, and HepB) by collaboration agreement with the Australian National Reference Laboratory for Serology.

The National Center of Communicable Diseases and the National Center of Transfusion Medicine have worked to implement the National External Quality Assessment Scheme for identifying HIV, Syphilis, HepC and HepB.

A control sample panel including a total of 20 positive and negative serum of anti HIV1/2, anti HCV, HBsAg and Syphilis was prepared and distributed twice to participating laboratories. The results were received and analyzed.

For the first evaluation, control samples were sent to 30 laboratories and 29 of them tested the samples and mailed the results. 28 of the laboratories tested HIV, 25 of them tested HBV, 26 of them tested HCV, and 25 of them tested syphilis correctly. For the second evaluation, number of participating laboratories was increased and control sample panel was sent to 45 laboratories (21 aimags, 5 soums, 9 districts and 10 hospital of Ulaanbaatar) and all of them (100%) sent back the results.

Control tests for HIV (97.7%) were done correctly by 44 laboratories. Control tests for HBV (93.0%) and HCV (100%) were done correctly by 43 laboratories whereas Syphilis (95.4%) was tested correctly by 44 laboratories.

Therefore, laboratories need to strictly follow the standard guidelines for laboratory tests by renewing it as well as identify the causes of wrong results and conduct the activity to correct and improve it.

THREE. POSTER PRESENTATIONS

3.1 COMPARISON OF TICK-BORNE ENCEPHALITIS VIRUSES DETECTED IN NEIGHBOURING TERRITORIES OF MONGOLIA AND RUSSIAN FEDERATION

*M.A. Khasnatinov¹, D. Abmed², J. Bataa³,
G.A. Danchinova¹, D. Tserennorov³, D Otgonbaatar³,
A.V. Liapunov¹, E.V. Arbatskaya¹*

¹ SCFHHRP-SB.RAMS, ² NCCD, ³ NCZD

In this work we compared the tick-borne encephalitis viruses that circulate in Russia and Mongolia. The phylogenetic analysis of structural genes of TBEV has been done to evaluate the evolutionary and geographic relationships between virus populations. It appeared that Far Eastern and Siberian subtypes are most common in Mongolia and neighbouring regions of Russia. Virus populations in Mongolia are closely related to TBEV from Buryat Republic and Irkutsk Region that indicate regular transfer of the virus over the state border. TBEV isolated in Mongolia are able to effectively reproduce in mammalian cells and are both neurovirulent and neuroinvasive for model animals. Besides this the TBEV in Mongolia is proven to cause fatal encephalitis in humans. Thus, the highest risk of human infection with TBEV in Mongolia is the feature of Selenge and Bulganaimags and intensive measures of prophylaxis are necessary both for residents and for tourists in those provinces. In Russia we detected the spread of TBEV northward with significant increase of the risk of TBE in northern parts of Irkutsk region that were previously assumed as TBE safe. This research has been supported by Russian Fund for Basic Research, grants №08-04-90206 and №08-04-90206-Mong_a.

3.2 EPIDEMIOLOGY OF SUSPECTED RABIES CASES IN MONGOLIA IN 2013

*B.Amgalanbayar, B.Uyanga, E.Tuvshintsetseg,
B.Bayar
NCZD*

We analyzed surveillance data of human cases who affected rabies high risk from 39 soum in 13 provinces and Ulaanbaatar city in January to

May 2013. Total 101 human cases who affected rabies high risk (3.7 cases per 100'000 population, 1 human rabies case), it is 3.4 times higher than previous months, 2012, 2.5 times higher previous months of last 5 years. It is relatively higher than previous year during first 5 months and at 1,2,6,11,14,15th epidemiological week was more higher than in last 5 years average. 62.4% of human rabies suspected cases had reported in Zavkhan, Uvs, Khovd, Gobi-Altai provinces which located western part of Mongolia. About 60.9% of them were male; no difference age was among cases. Age ranged 1-68 years old. Most cases including herder -37.9%, unemployed- 26%, student and pupils- 14.3%. 12.2% of all cases have been gotten saliva, removed skin of rabies suspected animal and livestock. 87.8% was bitten, attacked of the animals. Including dogs, cat-56.4%, wild animal-18.8%, and livestock- 24.8%, 72.3% of bitten animal were detected rabies antigen which mostly detected wild animal and livestock. The number of human cases who affected rabies high risk and bite animal ratio was 1.05:1 (23/22) in first 5 months of previous year, increased 1,3:1 (101/76) in first 5 months of 2013. Lesion located in head bitten by wolf, dog; in leg bitten by dog, wolf, and livestock, wildcat; in leg bitten only dog.

3.3 DETECTION CAUSATIVE AGENTS OF TICK-BORNE INFECTION BY PCR

*D.Abmed¹, M.A.Khasnatiff², J.Bataa³, G.A.Danchinova²,
D.Anu¹*

¹ NCCD, ² SCFHHRP-SB.RAMS, ³ NCZD

I. persulcatus, *Dermacentor* sp. ticks and samples from people bitten by ticks in Selenge, Orkhon, Bulgan, and Central provinces were studied for presence of tick-borne encephalitis virus, *Borrelia burgdorferi sensu lato*, *Rickettsia*, *Ehrlichia*, *Anaplasma* and *Babesia microti* agents of tick-borne infection. 78.0% of 142 *Dermacentor* sp. ticks and 46.0% of 261 *I.persulcatus* ticks were infected with *Rickettsia* sp., 2.0% of 91 *Dermacentor* sp. ticks and 43.0% of 28 *I.persulcatus* ticks were infected with *Ehrlichia* sp.+ *Anaplasma* sp., 34.0% of 91 blood from tick biting people and 6.3% of 32

I.persulcatus ticks were infected with *B. microti*. We identified the causative agent as variant of TBEV phylogenetically related to Siberian and Far-Eastern subtype, borrelia- *B. garinii*, *B. afzelii*, *Rickettsia* sp.- *R. raoultii*, *R. canadiensis*

3.4 DIFFERENTIAL DIAGNOSIS OF INFECTIOUS ERYTHEMA REGISTERED IN MONGOLIA

R.Tuul, D.Otgonbayar, U.Naranchimeg
NCCD

Laboratory differential diagnosis was carried out using the ELISA kits (Nova Lisa, Germany). The specific IgM against parvovirus B19 was determined in 10,8 percent of all tested patients. Anti parvovirus B19 IgM were found in 4,0 percent of age groups of

0-11 months, in 14,2% percent of age groups of 1-4 years, 17,3% of 5-9 years, 12,5 percent of age groups of 10-14 years, 8,3% of 15-19 years, 14.2 percent of age group more than 40 years.

3.5 LABORATORY SURVEILLANCE OF RUBELLA IN MONGOLIA IN 2010-2013

R.Tuul, U.Naranchimeg, D.Otgonbayar
NCCD

Confirmation of rubella clinical diagnosis was carried out using the ELISA kits (Siemens, Marburg, Germany). The specific IgM against rubella was determined in 24,8 percent of all tested patients. Anti rubella IgM were found in 9,0 percent of age groups of 0-11 months, in 7,8% percent of age groups of 1-4 years, 49,1% of 5-9 years, 45,8 percent of age groups of 10-14 years, 26,2% of 15-19 years, 18,6 percent of age groups of 20-24 years, 10,3% of percent of age groups of 25-29 years, 6,2 percent of 30-34 years, 7,6%, percent of age groups of 34-39 years, more than 40 years not detected anti-rubella IgM. The current study confirmed that genotype 1E of rubella virus is in active circulation among population of Mongolia in last tree years.

3.6 LABORATORY SURVEILLANCE OF MEASLES IN MONGOLIA IN 2000-2013

R.Tuul
NCCD

During 2000 totally were registered 2420 cases of measles and there were tested 1234 /50.9%/ of them. The specific IgM against measles was determined in 6.7 % and the specific IgM against rubella was determined in 48.1 % of all tested patients. In 2001 has been registered the outbreak of measles and there were tested 4006 cases of measles for the specific IgM against measles and rubella. In 72.5 % was determined the specific IgM against measles and in 4.4 % - the specific IgM against rubella. Measles cases started to decrease from 2002 and in 2003 were confirmed 18 cases, in 2004 - 2005 there were no confirmed measles cases. However during the 2006-2012 totally were tested 4417 samples and there were 73 confirmed positive cases for specific IgM against measles.

In 2002 we have isolated for the first time in Mongolia the measles virus from Mongolian patients. Our findings confirmed that these viruses belonged to genotype H1. During 2006-2010 we had continued sporadic measles cases and retrospective analysis of some positive serum samples showed that measles virus strains belonged to genotype D6 which was mostly detected in European region in 2006. The virus of genotype H1 was detected in serum samples from 2008 and 2009. Genotype H1 was circulated in China, Japan and Korea. This study shows that outbreaks and sporadic cases of measles were caused by viruses of different genotypes.

3.7 LABORATORY DIAGNOSIS OF MUMPS IN MONGOLIA IN 2008-2013

R.Tuul, U.Naranchimeg, D.Otgonbayar
NCCD

All 1119 serum samples were tested for the presence of mumps specific IgM antibody using commercial enzyme immunoassays (Novatech, Germany) and 62,3 percent of samples were positive. Anti mumps IgM were found in 40,0% of 0-11 months age group, in 55,2% of 1-4 years age group, in 65,3 % of 5-9 years age group, in 68,5% of 10-14 years age group, in 69,3% of 15-19

years age group, in 67,7 % of 20-24 years age group, in 61,5% of 25-29 years age group, 32,4 % of 30-34 years age group, in 35,7% of 34-39 years age group, in 26,8% of patients older than 40 years. Mumps virus circulated among population of Mongolia during 2009 belonged to novel genotype H3. The outbreak of mumps infection in Umnugovi province in March 2011 was confirmed the circulation of genotype F of mumps virus. In August of 2011 in Ulaanbaatar was circulated mumps virus of novel H3 genotype which was registered as a WHO reference strain. However F genotype of mumps virus circulated in 2012 in Ulaanbaatar may be associated with the transportation from Umnugovi province. Thus, in the years of 2009-2012 two different genotypes of mumps virus (H3 and F) were circulated among population of Mongolia.

3.8 SYMPTOMS AND SOME CLINICAL LABORATORY FINDINGS OF MUMPS IN MONGOLIA

A.Bilegt¹, M.Munkhzo², O.Chimedsuren³, B.Uyang¹, Ch. Batjargal¹
¹NCCD, ²SBM-HSUM, ³SPH-HSUM

The investigation has been done among 87 patients aged 3-47 years, who have been hospitalized in the Respiratory Department of the NCCD during 2011-2012. Virological and biochemical analysis had been done in all patients, 59.8% of patients were men and 40.2% were women. By age group 4.6% of are 0-4 aged, 35% are 5-9 aged, 18% are 10-14 aged, 18.4% are 15-19, 18.4% are people aged over 20 years.

The clinical features 8% of patients were stable, 47.1% heavy, and 44% were seriously. In 21.8% of patients parotide swelled on one side, 72.2% of patients on two side. Also, 55.2% detected abdominal pain, while in 44.8% patients not detected.

In 60.9% of patients detected mumps virus specific antibody and 39.1% of patients were negative. A total of 61.5% of men and 38.5% of women were antibody positive, 60% of men and 40% of women were antibody negative.

Amylase ferment was increased 101-500u/l / reference 28-100u/l/ times for 49%, of total patients, 501-900u/l times for 30%. Comparing am-

ylase ferment with antibody test, 51% of positive patients, 48% of negative patients have amylase ferment 101-500u/l more times.

Result shows that mumps is more vulnerable for people aged 5-19 years. A total of 74.7% of patients were school and kindergarten children's. Amylase ferment level was increased 9 times in 79.3% of patients.

3.9 CLINICAL FEATURES OF ROTAVIRAL DIARRHEA AMONG UNDER 5 YEARS OLD CHILDREN IN ULAANBAATAR, MONGOLIA

G.Sarangua¹, G.Oyunchimeg², D.Gerelmaa³, S.Altanchimeg¹, Ch.Batjargal¹, M.Altankhuu¹, G.Enkh-tuya¹, T.Bolortsetseg¹,
¹NCCD, ²SDGH, ³NCMCH

The children under 5 years old, who have been admitting diarrhea treatment at the MCHRC and SBDH, were enrolled in the study, thus they have filled the questionnaire which specialized in scope of surveillance.

All collected fecal specimens were treated with ELISA for rotavirus antigen detection. Overall 826 specimens were enrolled in the surveillance and rotavirus detected on 41% of specimens.

3.10 ANTIGENIC AND GENETIC CHARACTERISTICS OF INFLUENZA STRAINS CIRCULATED IN 2012/2013 SEASON IN MONGOLIA

N.Bayasgalan¹, Ts.Naranzul¹, G.Nyamaa¹, B.Darmaa¹, P.Nymadawa²
¹NCCD, ²MAMS

The influenza viruses causes of influenza outbreak every year due to antigenic drift and making difficulties to health services. The National Influenza Surveillance Network is based on Virology Laboratory NCCD and integrated ILI report and virological surveillance data with online reporting system (<http://www.flu.mn>).

The nasopharyngeal samples were collected from ILI patients in UB city, Gobisumber, Darkhan-Uul, Dornogobi, Dornod, Orkhon, Uvurkhangai, Selenge, Khovd, Khuvsgul, Khentii, Tuv provinces between October 2012

and June 2013 and isolated influenza viruses in cell culture. We have performed the HI on 75 strains and HA gene sequencing analyses on 5 A(H1N1)pdm09, 8 A(H3N2) strains and compared with vaccine strains. The nucleotide sequence analysis and phylogenetic trees have been constructed using Geneious Pro 5.5.6; Mega 5.0; Fig tree v1.3.1 programs.

The A(H1N1)pdm09 were closely related to A/California/7/2009-like and A(H3N2) related to A/Victoria/361/2011(H3N2)-like by HI test results.

HA gene sequence results of A(H3N2) shown that those strains had changes of 3-16 nucleotides from A/Victoria/361/2011(H3N2) which is WHO recommended vaccine strain 2012/2013 in Northern hemisphere and more closely to strains of Korea and USA (GenBank accession numbers: A/Sainshand/389/2013(H3N2) EPI456591; A/Ulaanbaatar/203/2013 (H3N2) EPI461845; A/Sainshand/731/2013 (H3N2) EPI439016; A/Ulaanbaatar/366/2013 (H3N2) EPI443680; A/Khovd/634/2013 (H3N2) EPI439013; A/Ulaanbaatar/702/2013 (H3N2) EPI445806; A/Choibalsan/483/2013 (H3N2) EPI461838; A/Ulaanbaatar/705/2013 (H3N2) EPI461848).

Most of the Mongolian A(H1N1)pdm09 viruses closely related to strains isolated in China and Europe (GenBank accession numbers: A/Sainshand/390/2013 (H1N1) pdm09 (EPI445800); A/Kherlen/658/2013 (H1N1) pdm09 (EPI445794); A/Ulaanbaatar/451/2013 (H1N1) pdm09 (EPI445803); A/Sainshand/1940/2012 (H1N1) pdm09 (EPI386010); A/Orkhon/528/2013 (H1N1) pdm09 (EPI445797).

The A (H1N1) pdm09 and A (H3N2) viruses circulated during 2012/2013 season in Mongolia similar antigenic and genetic characteristic with viruses isolated in neighboring countries.

3.11 ANTIVIRAL RESISTANCE OF INFLUENZA VIRUSES ISOLATED IN 2012/2013 SEASON IN MONGOLIA

Ts.Naranzul¹, J.Sarantuya², N.Bayasgalan¹, G.Nyamaa¹,
B.Darmaa¹,
¹NCCD, ²SBM-HSUM

Antiviral resistances of influenza viruses are may not be developed during the treatment and be transmitted widely in the absence of drug pressure. This transmission

is exemplified by the global spread of amantadine resistant A(H3N2) viruses since 2003, oseltamivir-resistant seasonal A(H1N1) viruses since 2007, and amantadine resistant pandemic A(H1N1) viruses in 2009, these events that increasing challenges of clinical management of influenza, especially given the current paucity of therapeutic choices.

We started the influenza virus antiviral resistance monitoring and exchange information with WHO Collaborating Centers for influenza since 2009/2010 season. In this study we are presenting the result of drug resistance surveillance of influenza during 2012/2013 cold season in Mongolia.

We have selected 20 A(H1N1)pdm09 and 66 A(H3N2) strains isolated in 2012/2013 for oseltamivir susceptibility testing and 16 A(H3N2) strains for screening the amantadine resistance mutations in the M gene.

A chemiluminescent NA inhibition assay was performed with Veritas Microplate Luminometer using the NA-Star kit according to protocols provided by WHO Influenza Collaboration Center, Melbourne, Australia. Data were analyzed using Robosage software comparing with sensitive and resistance strains.

Sequencing of M and NA genes were performed in Applied Biosystems 3130xl Genetic Analyzer using primers and protocols provided by CDC, USA and the data analysis were performed with Geneious Pro5.5.6, MEGA4, MEGA5, FluSurver programs.

The IC₅₀ value of Oseltamivir/Zanamivir to A(H1N1) pdm09 strains was IC₅₀=0.35/0.46 nM and to A(H3N2) strains was IC₅₀=0.4/1.7 nM. It means that they are sensitive to oseltamivir/zanamivir compared with control strain A/Denmark/528/2009 which IC₅₀ value is 116 nM.

There were not containing H275Y, E119V, R292K mutations in NA gene by genotypic analysis. Some sequences were uploaded into the GenBank with accession numbers as EPI445799, EPI445802, EPI445796, EPI460844, EPI445793, EPI462271, EPI462274, EPI443681, EPI456590, EPI460763, EPI439012, EPI445805, EPI462622, EPI439015.

All A viruses analyzed for amantadine resistance by sequencing were resistant with S31N mutation and all sequences have been deposited into the GenBank (accession numbers: EPI445798, EPI445801, EPI445795, EPI462789, EPI445792, EPI462270, EPI462273,

EPI461847, EPI461844, EPI456589, EPI461839, EPI439011, EPI445804, EPI461850, EPI462272, EPI439014).

All analyzed pandemic influenza A strains were resistant to amantadine and susceptible to Oseltamivir/Zanamivir

3.12 DETERMINATION OF HEPATITIS B AND C MARKERS AMONG THE ATTENDEES TO DENTAL CLINIC

A.Ariunaa¹, D.Chuhal², B.Sainchimeg¹, L.Altantuya¹, E.Mungunchudur¹, S.Lhagva¹, Ch.Tseinpil¹, J.Oyunbileg¹
¹NCPH, ²CDFP

Viral hepatitis transmitted by parenteral route and causing acute and chronic liver diseases as cirrhosis and hepatocellular carcinoma. It is still a significant public health problem in Mongolia. Since the introduction in 1991 the vaccination against viral hepatitis B the total viral hepatitis morbidity has been decreased by 3.6 times and the mortality of children under 5 years - by 10. However it is important to evaluate the carrier rate and HCC rate among the population regarding the vaccination. Totally have been screened 1256 people attended to dental clinic for HBsAg and anti-HCV and among them 4.91% were positive for HBsAg and 7.63% -positive for anti-HCV (in 2009 4.25% were positive for HBsAg and 19.52% for anti-HCV). Immune chromatography assay was less sensitive than ELISA. HBsAg detection rate was 6.1% by Immune chromatography assay and 7.25% - by ELISA. Anti-HCV detection rate was 5.6% by Immune chromatography assay and 10.5% - by ELISA. According to the other sources 57.89% of HBsAg positives and 66.29% of anti-HCV positives not having icteric hepatitis.

3.13 TEST RESULTS OF PREPARATION OF WESTERN BLOT KITS FOR HIV INFECTION

L.Tumurkhuu, J.Oyunbileg, Kh.Tsatsral
NCPH

Goal:

The goal of this project is to carry out a trial preparation of Western blot test kit for diagnosis and confirmation of HIV infection.

Objectives:

1. To determine various antibodies using recombinant proteins of human immunodeficiency virus.
2. To isolate and purify immunoglobulin G from anti-HIV human serum and prepare conjugate using alkaline peroxides and purified immunoglobulin G.
3. To prepare nitrocellulose membranes

Advantage of research:

Our researchers had carried out the trials and research to prepare ELISA kits for detection of hepatitis A, B, C viruses and human immunodeficiency virus (HIV) infections. However, research to prepare the Western blot testing systems was not carried out.

Results:

We prepared the test kit for detection and confirmation of HIV infection.

Conclusion:

1. We are summarizing that it is possible to prepare the western blot test kit for diagnosis and confirmation of human immunodeficiency virus (HV) infection.
2. Using of 12% delaminating gels higher results in SDS-PAGE-EF.
3. It is reasonable to prepare recombinant protein in our laboratory and to use it widely in research and practice.

Keywords:

Human immunodeficiency virus (HIV), antigen and antibody of HIV, Western blot testing method, SDS-PAGE, nitrocellulose membrane.

3.14 QUANTIFICATION HBV DNA IN PATIENTS WITH HEPATITIS B AND DELTA.

G.Sarangua¹, M.Altankhuu¹, E.Altansukh¹, Ch.Batjargal¹, T.TsatsralOd¹, T.Bolortsetseg¹, G.Enkhtuya¹, M.Chimedsuren²
¹NCCD, ²HSUM

Quantification of HBV DNA in serum are useful to:-Diagnose some cases of early acute HBV infection (before the appearance of HBsAg),Distinguish active from inactive HBV infection, Monitor a patient's response to anti-HBV therapy.The presence of HBV DNA in serum is a reliable marker of active HBV replication. HBV DNA levels in serum are useful in determining the status of chronic HBV infection, by differentiating between

active and inactive disease states. In our study with acute HBV infection patient's HBV-DNA are apr. 36436218 IU/ml, with chronic HBV infection patient's HBV-DNA are apr 252 IU/ml. Reactivation of inactive chronic HBV infection (HBeAg-negative state) may occur with or without reappearance of HBeAg in serum. In patients with HBeAg-negative disease, detection of HBV DNA is the only reliable marker of active HBV replication.

3.15 THE RESULT OF THE POPULATION-BASED SURVEY OF TICK-BORNE DISEASES IN SELENGE PROVINCE, MONGOLIA 2011-2012

A. Dolgorkhand¹, D. Otgonbaatar¹, B. Undraa¹, B. Uyanga¹, B. Baigalmaa¹, R. Oyungere², S. Oyunchimeg¹, B. Burmaaajav³, Z. Adiyasuren¹, S. Sugar⁴, B. Narantsetseg⁵, S. Ariunjargal⁶
¹NCZD, ²NCCD, ³MOH, ⁴SCVI
⁵HSHC, SA, ⁶ASHC, SA

Tick borne disease (TBD) is the infectious diseases which transmit through tick bite. The TBDs are officialy reported since 2005. of the TBD including tick borne encephalitis, Lyme disease and tick borne rickettsiosis. Our study objective was to determine knowledge of population and prevalence of TBDs in the study area. We conducted a cross sectional study in Altanbulag and Khuder soums of Selenge province. 657 people were randomly selected among the population of selected area. Blood samples were collected from 406 people. Percentages of female participants were 50.7% (333/657). Average age was 36.1±14.3 (range 5-78y/o). When stratify the population by occupation, the percentage of the unemployed people were too high (27.2%).

The knowledge about tick borne diseases of all participations was 79%. Level of knowledge about prevention TBDs was higher in Khuder soum than Altanbulag soum (27%). After the tick bite 32.5% (214) showed fever, headache, neck stiffness, local redness. However 93% of them did not contacted to the health care. By ELISA, IgG of tick borne encephalitis detected from 5.9% (24), IgG of Lyme disease positive in 8.6% (35), IgG of tularemia was 1.4% (6) and IgG of Spotted fever was 30.4% (41). By IFA test, IgG of tick borne rickettsiosis 13.9% (5) and IgG of Q fever was 4.6% (6) among the collected blood sampled from 406 people. We concluded that knowledge

of tick borne diseases of population was highest than Altanbulag soum. The prevalence of Spotted fever disease as highest compared to other TBDs at the selected areas.

3.16 DETECTION OF ADENOVIRUSES FROM PATIENTS WITH KERATOCONJUNCTIVITIS

N. Bayasgalan¹, B. Mungunshur², B. Darmaa¹, E. Sanjaa², S. Tsogtsaikhan³
¹NCCD, ²“Orbita” hospital, ³HSUM

Depending on the species HAdVs may cause infections of respiratory, conjunctival, corneal, gastrointestinal and genitourinary tracts. Researchers determined that B, C, E serotypes of HAdVs have been associated with respiratory infections and the D serotype commonly cause the conjunctival and corneal infections. The purposes of our study were to determine the genetic serotypes of HAdVs which are the main cause of conjunctivitis in Mongolia and to make a comparative analysis of clinical symptoms.

We have collected the eye samples from 57 patients admitted to Orbita clinic with eye inflammatory diseases between May 2011 and May 2012. All samples were tested by using PCR with HAdVs-specific primers and the phylogeny of HAdVs was analyzed based on the sequences of the hexon gene.

Viral DNA from clinical samples was extracted by using QIAamp DNA mini Kit (QIAGEN) and PCR was analyzed by using the Katara PCR kit, Primer /Forward 5'-CACATCGCCGGACAGGATGCTTCGGAGTA-3', Reverse 5'-GTGTTGTGAGCCATGGGGAAGGTG-GC-3' 1886bp/, Primus-96 plus thermocycler machine. The sequencing analysis of hexon gene was determined by Applied Bio system BigDye TerminatorV3.1 cycle Sequencing kit using ABI 3130 x1 Genetic analyzer.

The results indicated that 32 (56%) of the samples tested were positive for adenovirus DNA. We performed the sequence analysis of hexon gene in all of positive samples and 20 (62,5%) samples had the HAdV D8 serotype, 5 (16%) had the HAdV B6 serotype and 7(21,5%) had the HAdV B7 serotype respectively.

The clinical symptoms such as conjunctivitis, keratoconjunctivitis and headache were commonly shown in patients with adenoviral infection. The patients involved in our study were aged 18-35 years old and infection signs mostly were eliminating in 13-28 days after treatment and

the duration of the elimination was longer compared to HAdV negative patients.

Adenoviral infection has been in active circulation among the Mongolian population during all of the years with dynamic of high activation in April, May, October and November. In addition there is a need to conduct more detailed research.

3.17 ISOLATION AND CHARACTERIZATION OF H3N8 EQUINE INFLUENZA A VIRUS ASSOCIATED WITH THE 2011 EPIZOOTIC IN MONGOLIA

Myagmarsukh Yondon¹, Gary L. Heil², John P. Burks², Batsukh Zayat¹, Thomas B. Waltzek^{2,3}, Bekh-Ochir Jamiyan¹, Pamela P. McKenzie⁴, Whitney S. Krueger², John A. Friary², Gregory C. Gray²

¹IVM and DVAB, GM, ²CPHP and EPI, UF, USA

³CVM, DIDP-UF, USA, ⁴WHOCC-SEIAB-St.CRH, TN, USA

According to our last 40 years of study four large EIV epizootics were affecting 2,1 million Mongolian horses approximately every 10 years (in 1974–1975, 1983–1984, 1993–1994 and 2007–2008). Estimated attack rates have ranged from 22% to 42% and in some years death rates ranged around 20% among the infected horses which critically affected the economy and nomadic livelihood of Mongolia. In last years the old tradition of horse racing has been lost and there are organizing a lot of horse racing all around the year. Gathering of a lot of horses from different parts of Mongolia for the horse racing may become one of possible causes of outbreaks.

Our study was conducted in the frame of the University of Florida (UF), the Institute of Veterinary Medicine (IVM) and St. Jude Children's Research Hospital's joint project (2011) in order to monitor influenza viruses circulating among Mongolian horses.

The study was focused on isolation and characterization of influenza viruses, an active surveillance. Sample collection for the active surveillance study was focused on the three provinces with the highest density of horses (Tuv, Khentii, and Dundgovi). The surveillance objective was to collect nasal swabs from 50 horses from each selected province each month. Upon collection, each nasal swab was divided into 2 copies and one swab from each horse was shipped to the UF on dry ice for generic influenza A testing using molecular techniques, culture and sequencing analyses. At IVM the other copy of swabs were screened for detection of influenza A, using molecular techniques such as real-time reverse transcriptase polymerase chain reaction (rRT-PCR), culturing virus in

fertilized eggs and extraction of RNA.

A total of 745 samples were collected from the three provinces between January and September, 2011.

From all samples collected in May, June, July, August and September 34 specimens were positive for generic influenza A virus by rRT-PCR. Three specimens yielded detectable viruses. Gene sequence studies suggested that all three isolates were identical to H3N8 viruses. Phylogenetic analyses indicated the strain was very similar to other H3N8 EIVs circulated in Central Asia during 2007 and 2008. We assumed that reason of the spread of Influenza-like illness (ILIs) among horses to all 21 provinces in short period of time is participating of horses in annual horse races in July, 2011 in Ulaanbaatar where was registered the outbreak.

3.18 MOLECULAR ANALYSIS OF HUMAN PARAINFLUENZA TYPE 4 VIRUSES DETECTED IN MONGOLIA

N.Fuji¹, Ch.Maitsetseg², G.Nyamaa², P.Nymadawa^{2,3}, H.Oshintani¹

¹DV-TUS, ²NCCD, ³MAMS

Human parainfluenza virus type 4(PIV-4) is a member of the family *Paramixoviridae*, and known to cause respiratory tract infections. Due to the difficulties in virus isolation, the reports associated with PIV-4 are limited and clinical significance of PIV-4 is still unknown. We present here the first report of molecular analysis of PIV-4 in Mongolia. We have studied 2515 archival samples tested negative for influenza viruses by multiplex-real time-PCR which can detect 19 respiratory pathogens (Fast-track Diagnostics, Luxembourg). The samples were collected from patients with acute respiratory illness at influenza sentinel surveillance site all over the country from November 2008 through March 2013, and kept at -70°C in the National Influenza Center of Communicable Diseases. 1490 cases showed at least one respiratory pathogen positive. Among them, 191 (12.8%) were PIV and 30 (2%) were PIV-4. 18 PIV-4 positive cases were re-tested with conventional PCR and did sequence analysis. 12 samples were confirmed as PIV-4. All of samples which collected before 2012 were genotype 4B. After 2012, the circulating genotype was changed to 4A. Sequences from 9

PIV-4A were divided into two cluster. The results may indicate that several strains of PIV-4A were co-circulating in Mongolia since 2012.

ШИНЖИЛГЭЭ, СУДАЛГАА

МОНГОЛ УЛСАД СУУЛГАЛТАТ ХАМ ШИНЖТЭЙ ӨВЧТӨНҮҮДЭЭС МОЛЕКУЛ БИОЛОГИЙН АРГУУДААР ЭГЭЛ БИЕТЭН ШИМЭГЧДИЙГ ИЛРҮҮЛЭН, УДАМЗҮЙН ШИНЖ ТӨРХИЙГ ТОДОРХОЙЛСОН НЬ

Д.Ану¹, Х.Сун Хи², Д.Абмэд¹, Ж.Ён Ил², Ч.Шин Хеон²,
Д.Алтанцэцэг³, Б.Болормаа⁴, И.Сан Үн², И.Уон Жа²

¹Халдварт Өвчин Судлалын Үндэсний Төв, Шимэгч Судлалын Лаборатори

²БНСУ-ын Өвчний Хяналт Сэргийлэлтийн Төв, Хумхаа, Шимэгч судлалын Алба, Зоонозын Өвчин Судлалын Үндэсний Төв

⁴Халдварт Өвчин Судлалын Үндэсний Төв, Нян Судлалын Лаборатори

⁴Архангай аймгийн Зоонозын Өвчин Судлалын Төв

Giardia, *Cryptosporidium* төрлүүд нь түгээмэл гэдэсний шимэгчид бөгөөд хүн, тэжээвэр болон зэрлэг амьтдад суулгалт үүсгэдэг [1-5]. Нарийн гэдэсний дээд хэсэг шимэгчилдэг эгэл биетний шилбүүртний төрөл болох *Giardia*-ийн тархалт дэлхий даяар насны бүлгээс хамааран 1-30% хүртэл хэлбэлзэнэ. Ариун цэврийн нөхцөл муу, хүүхдийг бие зассаны нь дараа гарыг нь угаалгаж хэвшүүлээгүй хүүхдийн байгууллагад өвчлөл өндөр байдаг [6]. *Giardia* төрөлд одоогоор морфологи, трофозойтуудын бичил бүтцээрээ ялгаатай 6 зүйл багтана [7,8]. *G. duodenalis* А-гаас G хүртэл хэвшинжээс бүрдэх ба А, В хэвшинж нь хүн болон бусад хөхтөн амьтдаас ялгагдсан бол [9-11], С хэвшинж зөвхөн нохойнд, F зөвхөн мууранд, D нохой, муурын аль алинд халдварлана [12]. E үхэр, хонь, ямаанд, G харханд халдварладаг. Саяхан H хэвшинж далайн сээр нуруутнуудад халдварладаг нь тогтоогдсон [11].

Cryptosporidium-ын 22 зүйл тэдгээрийн ооцистын морфологи, халдварлах байрлал, сээр нуруутны зүйлийн ангилал, генетикийн ялгаан дээр үндэслэн хүлээн зөвшөөрөгдсөн [3]. Эдгээрээс *C. parvum*, *C. hominis* зүйлүүд хүн, үхэр, бусад хөхтөнд халдварлагдгийг тогтоожээ. Хөгжиж буй бүс нутгуудад 3-20% хүртэл тархсан. 2-оос доош насны хүүхэд, амьтад, мал аж ахуй эрхлэгчид, ижил хүйстэн эрчүүд, өвчтэй хүнтэй хамт байсан хүмүүс халдварт өргөх магадлал өндөр. Хүн өөрөө өөрөөсөө олон дахин халдварлах боломжтой. Өтгөн дэх шимэгчийн ооцист гадаад орчинд удаан хугацаагаар халдварлах чадвартайгаар орших бөгөөд ундны усыг

халдваргүйжүүлэгч бодисуудад тэсвэртэй[13]. *Giardia*, *Cryptosporidium* spp.-ийн ооцист, цист өтгөнтэй хамт ялгарч, өтгөн амын замаар, бохирлогдсон ус, хүнс, ялангуяа түүхий ногоогоор халдварлана. [14]. Суулгалт бүхий гиардиаз, криптоспорициоз хөгжиж буй улсуудад тулгамдсан асуудал болсоор байна. [15,16]. Ази, Африк, Латин Америкад ойролцоогоор 200 сая хүн шинж тэмдэг бүхий гиардиазаар өвчилж, жил бүр 500000 орчим шинэ тохиолдлууд [17] бүртгэгддэг бол 300,000 *Cryptosporidium*-ын халдвар АНУ-д жил тутам бүртгэгдэж байна [18]. Мөн Орос, Хятадад *Giardia*, *Cryptosporidium*-ын халдварууд бүртгэгддэг [19,20].

Үндэслэл. Монгол улсад сүүлийн 5 жилийн дунджаар халдварт өвчний 41230 тохиолдол бүртгэгдсэн. Үүний 6 хувь орчмыг суулгалтат халдвар эзэлж байсны 75% нь Улаанбаатар хотод бүртгэгджээ [21]. Харин ХӨСҮТ-ийн хэмжээнд 2011 онд 1564, 2012 онд 1399 хүн суулгалт бүхий өвчний улмаас гэдэсний халдварын тасагт хэвтэн эмчлүүлсэн байна (ХӨСҮТ-ийн 2011, 2012 оны дүн бүртгэлийн тайлангаас). Монгол орны хэмжээнд гэдэсний эгэл биетэн шимэгчийн халдварыг эрүүл хүмүүсийн дунд тогтоосон нэг л судалгаа байгаа [22], суулгалттай өвчтөнүүдээс шимэгчдийг илрүүлсэн тохиолдол бүртгэгдээгүй байгаа зэрэг нь судалгааны үндэслэл боллоо.

Зорилго. Суулгалтат өвчний улмаас хэвтэн эмчлүүлэгсэдийн суулгалтын шалтгаанд эгэл биетэн шимэгчийн оролцоог тодорхойлох, ын тулд өвчтөнүүдийн өтгөнөөс *G. duodenalis*, *C. parvum*-ыг

молекул биологийн аргуудаар илрүүлж, удмын шинж төрхийг тодорхойлон, шимэгчдийн тархалтыг тогтоохыг зорилоо.

Материал, аргазүй. ХӨСҮТ-ийн гэдэсний халдварын тасагт 2011 оны 2-3 сар, 2012 оны 3-6 сард хэвтэн эмчлүүлж байсан нийт 338 (2011 оны 200, 2012 оны 138) өвчтөний өтгөнийг цуглуулж, эгэл биетэн шимэгч илрүүлэх шинжилгээ хийж, өвчний түүхийг эргэн судаллаа. Бид судалгааны талаар өвчтөнүүд болон асран хамгаалагчид танилцуулан, тэдний зөвшөөрсний дагуу өтгөний сорьцыг авсан. Цуглуулсан өтгөнийг -20 хэмд хадгалж, БНСУ-ын ӨХСТ-ийн Хумхаа, Шимэгчийн Албанд шимэгчийн өндгийг тунадасжуулан, микроскопоор илрүүлэх болон Дархан туяаралт бичил харуурын шинжилгээ (ДТБХ)-г 2011 онд цуглуулсан нийт 200 сорьцонд,

Полимеразын гинжин урвал (ПГУ), бай генийн нуклеотидийн дарааллыг тогтоох, удмын шинж төрхийг тогтоох зэрэг шинжилгээнүүдийг 2012 онд цуглуулсан 138 сорьцонд хийсэн.

Cryptosporidium-ийн ооцист, *Giardia*-гийн цист илрүүлэх ДТБХ

Дархан туяаралт түрхцүүдийг үйлдвэрлэгч (Cell-labs Pty Ltd, Australia)-ийн зааврын дагуу CRYPTO/GIARDIA GEL цомгийг ашиглан бэлдэн, ДТБХ-ын 20х-40х өсгөлтөөр шинжлэв.

ДНХ ялгах. DNAzol (MRC) цомог ашиглан, үйлдвэрлэгчийн зааврын дагуу ялган, хэрэглэх хүртэл -20 хэмд хадгалав. ДНХ-ийн концентрацийг Nano Drop 2000 (Thermo scientific, USA) спектрофотометрээр шалгасан.

ПГУ	Ген	Сикэнс (5'-3')	Фрагментийн хэмжээ (bp)	Анилин температур (°C)	Уртасгах хугацаа (сек)	Лавлагаа
<i>G. duodenalis</i> эхний ПГУ	β-giardin	Форвард праямэр Gia7 (AAGCCCGACGACCTCACCCGCAGTGC) Рэвэрс праямэр Gia759 (GAGGCCGCCCTGGATCTTCGAGACGAC)	753	55	60	Сассит нар (2002)
<i>G. duodenalis</i> нэстэд ПГУ	β-giardin	Форвард праямэр (GAACGAACGAGATCGAGGTCCG) Рэвэрс праямэр (CTCGACGAGCTTCGTGTT)	511	55	60	Сассит нар (2002)
<i>C. parvum</i> 18S рДНХ	18S рДНХ	18SSF, Форвард праямэр (AGTCATAGTCTTGTCSCAAAGATT) 18SR3B, Рэвэрс праямэр (TTAACAAATCTAAGAATTTACC)	695	57	72	Morgan нар (2001)
<i>C. parvum</i> Эхний ПГУ	HSP70	HSPF4 Форвард праямэр (GGTGGTGGTACTTTTGATGTATC) HSPR4 Рэвэрс праямэр (GCCTGAACCTTTGGAATACG).	448	55	72	Khramtsov нар 1995
<i>C. parvum</i> Нэстэд ПГУ	HSP70	HSPF3 Форвард праямэр (GCTGSTGATACTCACTTGGGTGG) HSPR3 Рэвэрс праямэр (CTCTTGTCATACCAGCATC C)	325	55	72	Khramtsov нар 1995

***G. duodenalis*-ыг** илрүүлэх ПГУ, хэв шинжийг тодорхойлох RFLP-ПГУ

β-giardin генийг олшруулах нэстэд ПГУ-ыг явуулав [23]. Анхдагч ПГУ-д 1μM концентрацитай праямэрууд агуулсан Accure PCR Master mix (Bioneer, Korea) ашиглан, 753 bp фрагмент олшруулахыг зорив. Нэстэд ПГУ-аар 511 bp фрагмент олширсон. Олшруулсан бүтээгдэхүүнийг автомат электрофорезын машинд (QIAxcel, USA) харсан. ПГУ-ын бүтээгдэхүүнийг цэвэрлэн, (Qiagen, USA) 10U*Hae III* (Enzymomics, Korea) энзим ашиглан өмнө нь хэвлэгдсэн аргын дагуу

хэв шинжийг тодорхойлох шинжилгээг хийлээ [24].

***C. parvum*-ын 18S рДНХ, HSP (heat-shock protein)70 генүүдийг олшруулах ПГУ**

18S р ДНХ-ийн 695 bp фрагмент олшруулах ПГУ [25] явуулав. Нуклеотидын дарааллыг тогтоохын тулд *Cryptosporidium*-ын геномын ДНХ-ээс HSP70 генийг олшруулах нэстэд ПГУ [26] Amino Acid</keyword><keyword>Sequence Homology, Nucleic Acid</keyword></keywords><dates><year>1995</year></pub-dates><date>Jul-Aug</date></pub-dates></

dates><isbn>1066-5234 (Print явуулсан. Анхдагч ПГУ-аар 448 bp, нэстэд ПГУ-аар 325 bp фрагмент тус тус олшруулахыг зорилоо. ПГУ-ын протокол эхний ПГУ-ынхтай ижил байлаа. ПГУ-ын бүтээгдэхүүний нуклеотидын дарааллыг дараах 2 аргаар тодорхойлсон.

C. parvum-ын 18S рДНХ, HSP70 генүүдийн удамзүйн шинжилгээ

ПГУ-ын бүтээгдэхүүнийг электрофорезоор шинжилсний дараа агарозын гель цэвэрлэх, ДНХ цэвэрлэх цомгоор (Qiagen, USA) цэвэрлэн, ABI PRISM 3730XL Analyzer (Applied Biosystems, USA)-аар нуклеотидын дарааллыг тогтоов. Генотипийг батлахын тулд 18S рДНХ генийн фрагментийн нуклеотидын дараалалтай хамгийн төстэй сикэнсийг nucleotide blast (NCBI, USA) систем ашиглан хайсан. *Cryptosporidium* 18S рДНХ-ийн нуклеотидын дарааллыг GenBank-аас олов. Удмын модны зургийг the neighbor joining [27] аргаар MEGA (version 5.0) [28]b программаар гаргасан.

Үр дүн. 2011 онд ХӨСҮТ-д суулгалт халдварын улмаас хэвтэн эмчлүүлэгсдийн 12.7% (1564/200), 2012 онд хэвтэн эмчлүүлэгсдийн 9.8% (1399/138) манай судалгаанд хамрагдсан байна. 2011 онд цуглуулсан

нийт 200 сорьцонд шимэгчийн өндөг, ооцист, цистийг тунадасжуулан, микроскопоор илрүүлэх шинжилгээ хийхэд зөвхөн 1 сорьцноос *Enterobius vermicularis*-ийн өндөг илэрсэн бол, *C.parvum*-ын ооцист, *G.duodenalis*-ийн цист илрүүлэх ДТБХ-ын шинжилгээгээр шимэгч илрээгүй. 2012 онд *G. duodenalis*, *C. parvum* илрүүлэхээр цуглуулсан нийт 138 суулгалттай өвчтөнүүд 1–15 насны 85 хүүхэд, (дундаж нас 3.6), 16–74 насны 53 насанд хүрэгч (дундаж нас 32.5)-ээс бүрдэж байлаа.

C. parvum-ын тархалт Цочмог суулгалттай өвчтөнүүдийн 7 (5.07%)-д *C. parvum* илэрсэн. Тархалт 1-7 насны эрэгтэй хүүхдүүдийн дунд өндөр 85.7 % (6/7) байв. 3 нь 4-өөс доош, 3 нь 5-7 насны хүүхдүүд байлаа. Эдгээр эерэг тодорхойлогдсон өвчтөнүүдийн дунд 1 насанд хүрэгч байсан нь 39 настай жирэмсэн эмэгтэй байлаа.

G. duodenalis-ын тархалт Судалгаанд хамрагдсан цочмог суулгалттай өвчтөнүүдийн 138 өтгөний сорьцын 5 (3.62%)-д *G. duodenalis* илэрсэн бөгөөд халдвартай 5 хүүхэд бүгд 4-өөс доош насныхан байсан. Гиардиагийн халдвартай 5 хүний 1-ээс бусад нь 11 сараас 2 нас 8 сартай эрэгтэй хүүхдүүд байлаа.

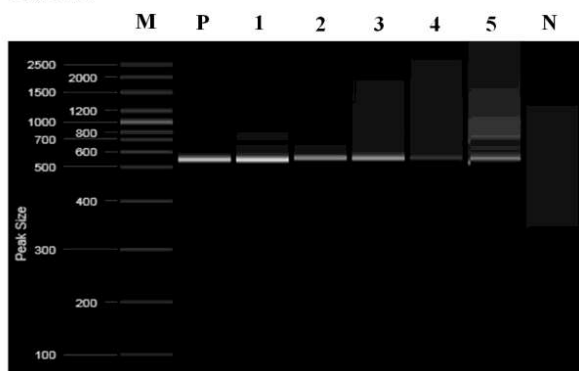
Хүснэгт 1. G. duodenalis, C.parvum –ын халдвар илэрсэн хүмүүсийн нас, хүйс.

Нас/хүйс (нас жилээр)	Сорьцын тоо	G. duodenalis эерэг (%)	C. parvum эерэг (%)
< 4	66	5 (7.57)	3 (4.62)
5 ~ 9	17	-	3 (17.65)
10 ~ 14	3	-	-
15 ~ 19	7	-	-
20 ~ 29	18	-	-
30 ~ 39	15	-	1 (6.67)
40 ~ 49	4	-	-
50 ~ 59	7	-	-
60 <	1	-	-
Хүйс			
Эмэгтэй	64	1 (1.56)	3 (4.68)
Эрэгтэй	74	4 (5.41)	4 (5.4)
Нийт	138	5 (3.62)	7 (5.07)

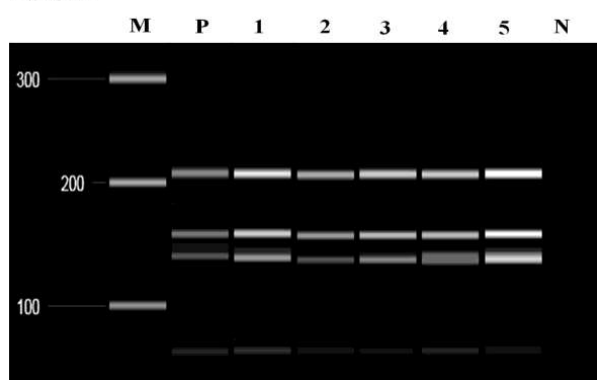
RFLP-ПГУ-аар *G. duodenalis*-ын хэвшинж
 β-giardin генийг олшруулах нэстэд ПГУ-аар таван сорьц *G. duodenalis* эерэг гарсан (Зураг 1A). *Hae* III энзимээр үйлчилсний дараа, хэвшинжүүдийг тодорхойлоход 201, 150, 110, 50 bp хэвшинжүүдийн зураглал гарч ирсэн (Зураг 1B). *G. duodenalis*-ын бүх 5 эерэг сорьцууд А хэвшинж байлаа.

***C. parvum*-ын удмын шинж төрх**
C. parvum-ын 18S rDNA, HSP70 генүүдийг олшруулах нэстэд ПГУ-аар 7 өтгөний сорьц эерэг тодорхойлогдсон. Нуклеотидын дарааллыг тогтоох шинжилгээгээр 7 эерэг сорьцууд бүгд *C. parvum* болох нь тогтоогдсон (Хүснэгт 2). Удмын шинжийг тодорхойлох шинжилгээ Mongol-H05, H07, H08, H16, H28 сорьцуудын 18S rDNA генийн фрагмент *C. parvum*-ын үхрийн генотип байлаа (Зураг 2A). HSP70 генийн шинжилгээгээр ижил үр дүн гарсан (Зураг 2B).

Panel A



Panel B



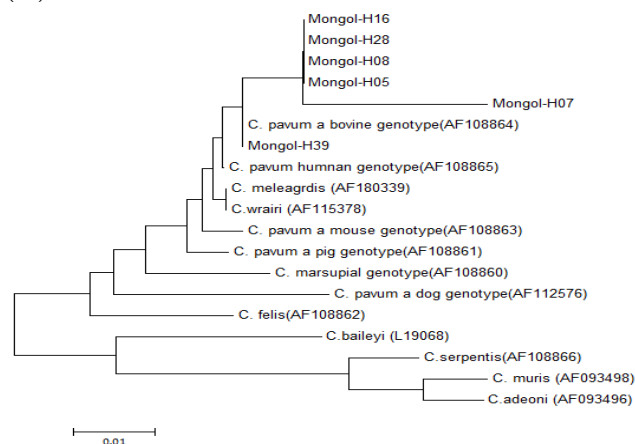
Зураг1. (A) (QIAxcel, USA) автомат электрофорезын аппаратаар 2 дахь *Giardia* β-giardin ПГУ-ын бүтээгдэхүүн (511bp)-ийг тодорхойлсон нь.

(B) RFLP-ПГУ-аар *Hae* III ашиглан *Giardia* β-giardin генийн ПГУ-ын бүтээгдэхүүнийг ялгасан нь. М мөр: 2.5 kb молекул маркер, Р мөр: *G. duodenalis*-ын эерэг хяналт, 1~5 мөр: Өтгөний сорьцууд, N: сөрөг хяналт.

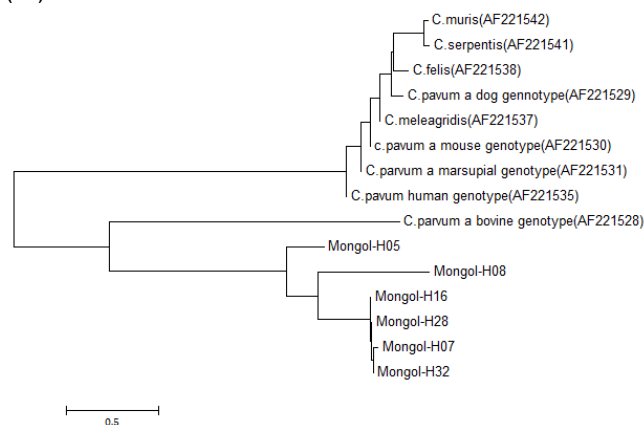
Хүснэгт 2. *C. parvum* эерэг өтгөний сорьцуудын 18S rDNA, HSP70 генүүдийн нуклеотидын дарааллыг тогтоох шинжилгээний дүн

Сорьцын нэр	Генотип (18S rDNA)	Генотип (HSP70)
Mongol-H05	<i>C. parvum</i>	<i>C. parvum</i>
Mongol-H07	<i>C. parvum</i>	<i>C. parvum</i>
Mongol-H08	<i>C. parvum</i>	<i>C. parvum</i>
Mongol-H16	<i>C. parvum</i>	<i>C. parvum</i>
Mongol-H28	<i>C. parvum</i>	<i>C. parvum</i>
Mongol-H32	T	<i>C. parvum</i>
Mongol-H39	<i>C. parvum</i>	T

T: Тодорхойлогдоогүй (A)



(B)



Зураг2. 18S rDNA(A), HSP70(B) генүүдийн нуклеотидын хэсэгчилсэн дарааллыг MEGA (version 5) программ, neighbor-joining аргаар тодорхойлсон *Cryptosporidium* зүйлүүд болон генотипүүдийн удмын холбоо. Бусад *Cryptosporidium* зүйлүүдийн нуклеотидын хэсэгчилсэн дараалал, генотипийг GeneBank-аас авлаа.

Хүснэгт 3. Өвчтөнүүдийн орон сууцны нөхцөл, нян судлал, молекул биологийн шинжилгээний дүн

Сорьцын дугаар	Нас	Хүйс	Хаана амьдардаг	Crypto 18S ПГУ	Генотип (18S)	Crypto HSB	Giardia ПГУ	Giardia Beta-gardin	Нян судлал
1	5	эр	Гэр	+	<i>C.parvum</i>	+	-	-	<i>Sh.flexneri</i>
2	7	эр	Орон сууц	+	<i>C.parvum</i>	+	-	-	
3	6	эр	Хашаа байшин	+	<i>C.parvum</i>	+	-	-	<i>Sh.flexneri</i>
4	39	эм	Нийтийн байр	+	<i>C.parvum</i>	+	-	-	<i>Sal.enteridis</i>
5	1	эр	Гэр	+	<i>C.parvum</i>	+	-	-	-
6	3	эм	Гэр	+	Тодорхойлог доогүй	+	-	-	-
7	2	эм	Гэр	+	<i>C.parvum</i>	+	-	-	-
8	3	эр	Орон сууц	-	-	-	+	+	-
9	0	эр	Гэр	-	-	-	+	+	-
10	0	эр	Гэр	-	-	-	+	+	<i>Sh.flexneri</i>
11	1	эм	Хашаа байшин	-	-	-	+	+	<i>Sh.flexneri</i>
12	2	эр	Хашаа байшин	-	-	-	+	+	<i>Sh.flexneri</i>

Хэлцэмж. Дэлхий дахинаа Giardia ба Cryptosporidium-ууд хүн амын дунд суулгалтын томоохон шалтгаан болдог. Азид суулгалттай өвчтөнүүдийн 2.0% Giardia-гийн халдвартай, Филипинд 1.9% Cryptosporidium-ын халдвартай байсан [29] бол Малайзад Giardia 0.7 %, Cryptosporidium 0.3 % [30] тогтоогдсон нь бидний дүнгээс бага байна. Этиопод G. lamblia 5.0%, C.parvum 1.8% [31], Бангладешт Cryptosporidium-ын халдвар 2.1%, G. lamblia 20% [32] байжээ. Хөгжиж буй орнуудад гиардиазын тархалт хамгийн өндөр байдаг нь 2 хүртэлх нас юм [33]. Мөн криптоспоридиозын тархалт 4 хүртэл насанд зонхилон илэрдгийг тогтоожээ [34]. Бидний судалгаагаар дээрх халдварууд хүүхдүүдийн дунд насанд хүрэгчдээс илүү тохиолдож байгаа нь бусад судалгаатай дүйж байна. Өмнө хийгдсэн судалгаануудад гиардиаз, криптоспоридиозын тархалт бага насны хүүхдийн дунд өндөр байгааг дархлаа сул байгаагаас халдварт илүү өртөмтгий [34] гэж үзсэн бол Фаубэрт нар Giardia-гийн халдвар авахад залгигдсан цистийн тоо, эзний нас, Giardia-гийн омгийн хоруу чанар, дархлаа тогтолцооны байдал зэрэг олон хүчин зүйл нөлөөлдгийг тодорхойлсон байна [35]. Бидний

судалгаагаар эгэл биетний халдвар илэрсэн 2 тохиолдлоос бусад нь гэр хороололд амьдардаг нь усны чанар, ус зөөвөрлөх, хадгалах савны ариун цэвэр, гар угаах нөхцөл байдалтай холбоотой байж болох юм. Халдварын хяналтын арга хэмжээг хэрэгжүүлэхэд G. duodenalis, C. parvum нь хүнд мал, амьтнаас дамжин халдварлах боломжтой гэдгийг анхаарах нь чухал. Хүний өтгөнөөс илрүүлсэн G. duodenalis-ийн хэвшинжүүд газарзүйн байрлалаараа харилцан адилгүй байх бөгөөд зөвхөн А, В хэв шинжүүд хүний халдварын бараг бүх тохиолдолд илэрдгийг тогтоосон байна [10]. Жишээлбэл, G. duodenalis-ийн А ба В хэвшинжүүд Тайланд, Хятад, Филиппинд бүртгэгдсэн [36][20][37]. Манай судалгаагаар зөвхөн А хэвшинж илэрч, энэ нь хүний өвчлөлтэй холбоотой болохыг тогтоолоо. Ижил төрлийн үр дүнг Өмнөд Солонгос, Япон, Египт, Бразилын судлаачид гаргажээ [38-41]. Giardia-гийн молекул биологийн шинжилгээний дүнгээр Монгол орны хүний халдварын эх үүсвэр нь зоонозын гаралтай, тухайлбал мал байж болзошгүй байгаа бөгөөд гадаад орчны хүчин зүйлүүдийг судлах шаардлагатайг зөвлөж байна. Иймд мал амьтдын өтгөн дэх Giardia-гийн хэвшинжүүдийн тархалтын судалгааг цаашид хийж, харьцуулан судлах хэрэгтэй.

Cryptosporidium зүйлүүд ооцистийн бүтэц, сээр нуруутны анги, генетикийн ялгаа зэргээрээ ангилагддаг. Жишээ нь: *C. parvum* хүн, мал, бусад хөхтөнд; *C. hominis* хүнд, *C. felis* мууранд халдварладаг[42][16]. Ялангуяа, Морган нар *C. parvum*-ын үхрийн генотип болон *C. hominis* нь хүний халдварт онцгой үүрэг гүйцэтгэдгийг дурджээ [43]. Өтгөний сорьцноос ялгасан *Cryptosporidium*-ын ДНХ үхрийн генотип болох нь удмын шинж төрхөөр тодорхойлогдов. Энэ нь Монгол оронд малаас, ялангуяа үхрээс хүнд халдварлах *Cryptosporidium*-ын зүйл байж болохыг, хүний халдварын зоонозын мөчлөгийг илрүүлэн, нотлох шаардлагатайг харуулж байна.

Дүгнэлт. Хүний өтгөнөөс *G. duodenalis*, *C. parvum*-ын генийг молекулын шинжилгээгээр Монгол орны хувьд анх удаа илрүүлж, цочмог суулгалтын шалтгаан болдгийг нотлон, халдварын тархалтыг тогтоолоо. Ялангуяа, *G. duodenalis* зоонозын гаралтай эмгэгтөрөгч болох А хэвшинж, *C. parvum* үхрийн генотип болох нь удмын шинж төрхийг тодорхойлох шинжилгээгээр тус тус батлагдсан. Энэ үр дүнгээр эдгээр эгэл биетнүүд мал, амьтнаас хүнд халдварлах чухал эмгэгтөрөгч илэрснийг харуулж байна. Цаашид *G. duodenalis*-ийн генетикийн бүтцийг бусад хөхтөнөөс илрүүлэн, харьцуулан судалж, үхэрт байх зүйлийг нарийвчлан тогтоох хэрэгтэй. Түүнчлэн *Giardia*, *Cryptosporidium* төрлүүдийн хүн ба амьтдын хооронд халдварлах эрсдэлт хүчин зүйлийг тогтоох тархварзүйн судалгаа чухал байна. Уг зүйлүүдийн тархварзүйн онцлогийг ойлгох, шимэгчдийн халдвараас сэргийлэх арга хэмжээг сайжруулахад нэмэр болохуйц үр дүн гарснаараа уг судалгааны ач холбогдол оршиж байна. Мөн эгэл биетний халдвартай 12 өвчтний 5-д өтгөнөөс нян судлалын шинжилгээгээр *Sh. flexneri*, 1-д *S. enteritidis* илэрсэн байгаа нь нянгийн болон шимэгчийн халдвар хавсран тохиолдох нь элбэг болохыг харуулж байна.

Криптоспорициоз нь мал, амьтнаас хүнд халдварлах боломжтой тул суулгалтаар өвдсөн мал, амьтанд хүрсэн бол гараа сайтар угаах, өтгөнтэй нь болгоомжтой харьцах хэрэгтэй. Хүн амд эрүүл ахуйн боловсрол олгох, ундны усыг буцалгаж хэрэглэх, ил задгай бие засалтыг хязгаарлах, хүүхдүүдийн дунд гар угаалтыг зааж, хэвшүүлэх зэрэг нь зөвхөн эгэл биетний халдвараас төдийгүй бусад суулгалт хам шинж бүхий өвчнүүдээс сэргийлнэ.

Номзүй.

1. Youssef M, Shurman A, Bougnoux M, Rawashdesh M, Bretagne S, Strockbine N. Bacterial, viral and parasitic enteric pathogens associated with acute diarrhea in hospitalized children from northern Jordan. *FEMS Immunol Med Microbiol* 2000;28:257–63. [PubMed: 10865179]
2. el-Sheikh SM, el-Assouli SM. Prevalence of viral, bacterial and parasitic enteropathogens among young children with acute diarrhoea in Jeddah, Saudi Arabia. *J Health Popul Nutr* 2001;19:25–30.
3. Xiao, L.F., Ronald, Molecular characterisation of species and genotypes of *Cryptosporidium* and *Giardia* and assessment of zoonotic transmission. *International Journal for Parasitology*, 2008. **38**(11): p. 1239-1255.
4. Xiao, L., Molecular epidemiology of cryptosporidiosis: An update. *Experimental Parasitology*, 2010. **124**(1): p. 80-89.
5. Thompson, R.C.A., Giardiasis as a re-emerging infectious disease and its zoonotic potential. *International Journal for Parasitology*, 2000. **30**(12–13): p. 1259-1267.
6. Ред. Дэйвид Л. Хейманн/П.Нямдаваа. УБ., (2010): Халдварт өвчний хяналтын лавлах, /Монгол орчуулга/, А.Монрсор/А.Бурмаа, Гиардиаз, х 117-119
7. Kulda J, N.E.I.K.J., editor. , *Giardia in humans and other animals*. Parasitic Protozoa Academic Press, 1995: p. 225–422.
8. Adam, R.D., *Biology of Giardia lamblia*. *Clinical Microbiology Reviews*, 2001. **14**(3): p. 447-475.
9. Monis, P.T.A., Ross H. Mayrhofer, Graham Ey, Peter L., Genetic diversity within the morphological species *Giardia intestinalis* and its relationship to host origin. *Infection, Genetics and Evolution*, 2003. **3**(1): p. 29-38.
10. Caccit, S.M.R., Una, Molecular epidemiology of giardiasis. *Molecular and Biochemical Parasitology*, 2008. **160**(2): p. 75-80.
11. Lasek-Nesselquist, E.W., David Mark Sogin, Mitchell L., The identification of a new *Giardia duodenalis* assemblage in marine vertebrates and a preliminary analysis of *G. duodenalis* population biology in marine systems. *International Journal for Parasitology*, 2010. **40**(9): p. 1063-1074.
12. McGlade, T.R.R., I. D. Elliot, A. D. Thompson, R. C. A., High Prevalence of *Giardia* detected in cats by PCR. *Veterinary Parasitology*, 2003. **110**(3–4): p. 197-205

13. Ред. Дэйвид Л. Хейманн/П.Нямдаваа. УБ., (2010): Халдварт өвчний хяналтын лавлах, / Монгол орчуулга/, L.Savioli/Н.Хүрэлбаатар, Криптоспоридиоз, х.249-253.
14. Karanis, P.K., C. Smith, H., Waterborne transmission of protozoan parasites: a worldwide review of outbreaks and lessons learnt. *J Water Health*, 2007. **5**(1): p. 1-38.
15. Feng, Y.X., Lihua, Zoonotic Potential and Molecular Epidemiology of Giardia Species and Giardiasis. *Clinical Microbiology Reviews*, 2011. **24**(1): p. 110-140.
16. Fayer, R.M., Una Upton, Steve J., Epidemiology of Cryptosporidium: transmission, detection and identification. *International Journal for Parasitology*, 2000. **30**(12-13): p. 1305-1322.
17. WHO, The World Health Report 1996. Available: <http://www.who.int/whr/1996/en/index.html>, 1996. Accessed 2012 Aug 3.
18. Mead, P.S.S., L. Dietz, V. McCaig, L. F. Bresee, J. S. Shapiro, C. Griffin, P. M. Tauxe, R. V., Food-related illness and death in the United States. *Emerg Infect Dis*, 1999. **5**(5): p. 607-25.
19. Karanis, P., et al., Occurrence of Giardia and Cryptosporidium in water supplies of Russia and Bulgaria. *Environmental Research*, 2006. **102**(3): p. 260-271.
20. Wang, R., et al., Genetic characterizations of Cryptosporidium spp. and Giardia duodenalis in humans in Henan, China. *Experimental Parasitology*, 2011. **127**(1): p. 42-45.
21. Монголын улсын үндэсний статистикийн хороо, статистикийн бюллетень 2011 он, 12 сар; 2012 он 12 сар
22. Korean J Parasitol. 2006 June; **44**(2): 171-174. Intestinal protozoan infections and echinococcosis in the inhabitants of Dornod and Selenge, Mongolia (2003) [Sun Huh](#), [Jae-Ran Yu](#), [Jong-Il Kim](#), [Chojjamts Gotov](#), [Radnaabazar Janchiv](#), and [Jeong-Sun Seo](#).
23. Caccit, S.M.D.G., Marzia Pozio, Edoardo, Sequence analysis of the β -giardin gene and development of a polymerase chain reaction-restriction fragment length polymorphism assay to genotype Giardia duodenalis cysts from human faecal samples. *International Journal for Parasitology*, 2002. **32**(8): p. 1023-1030.
24. Lalle, M.P., Edoardo Capelli, Gioia Bruschi, Fabrizio Crotti, Daniele Caccit, Simone M., Genetic heterogeneity at the β -giardin locus among human and animal isolates of Giardia duodenalis and identification of potentially zoonotic subgenotypes. *International Journal for Parasitology*, 2005. **35**(2): p. 207-213.
25. Morgan, U.M.M., Paul T. Xiao, Lihua Limor, Josef Sulaiman, Irshad Raidal, Shane O'Donoghue, Peter Gasser, Robin Murray, Allan Fayer, Ronald Blagburn, Byron L. Lal, Altaf A. Thompson, R. C. Andrew, Molecular and phylogenetic characterisation of Cryptosporidium from birds. *International Journal for Parasitology*, 2001. **31**(3): p. 289-296.
26. Khrantsov, N.V.T., M. Blunt, D. S. Montelone, B. A. Upton, S. J., Cloning and analysis of a Cryptosporidium parvum gene encoding a protein with homology to cytoplasmic form Hsp70. *J Eukaryot Microbiol*, 1995. **42**(4): p. 416-22.
27. Saitou, N.N., M, The neighbor-joining method: a new method for reconstructing phylogenetic trees. *Molecular Biology and Evolution*, 1987. **4**(4): p. 406-425.
28. Kumar, S.N., Masatoshi Dudley, Joel Tamura, Koichiro, MEGA: A biologist-centric software for evolutionary analysis of DNA and protein sequences. *Briefings in Bioinformatics*, 2008. **9**(4): p. 299-306.
29. Natividad, F.F., et al., Prevalence rates of Giardia and Cryptosporidium among diarrheic patients in the Philippines. *Southeast Asian J Trop Med Public Health*, 2008. **39**(6): p. 991-9.
30. Norhayati, M., et al., Intestinal parasitic infections in man: a review. *Med J Malaysia*, 2003. **58**(2): p. 296-305; quiz 306.
31. Kahsay Huruy, Afework Kassu, Andargachew Mulu, Netsanet Worku, Teshome Fetene, Simon Gebretsadik, Fantahun Biadlegne, Yeshambel Belyhun, Abebe Muche, Aschalew Gelaw, Belay Anagaw, Sisay Yifru, Yemataw Wondie, Assegedech Bekele, Moges Tiruneh, Dieter Reissig and Feleke Moges, Intestinal Parasitosis and Shigellosis among Diarrheal Patients in Gondar Teaching Hospital, Northwest Ethiopia. *BMC Research Notes* 2011, **4**:472.
32. Rashidul Haque, Dinesh Mondal, Anwarul Karim, Imarot Hossain Molla, Abdur Rahim, Abu S. G. Faruque, Nooruddin Ahmad, Beth D. Kirkpatrick, Eric Houpt, Cynthia Snider, and William A. Petri. Jr Prospective Case-Control Study of the Association between Common Enteric Protozoal Parasites and Diarrhea in Bangladesh. *Clin Infect Dis*. 2009 May 1; **48**(9): 1191-1197. doi:10.1086/597580.
33. Jaros, D.Z., W. Jaros, S. Wedrychowicz, H., Detection of Giardia intestinalis assemblages A, B and D in domestic cats from Warsaw, Poland. *Pol J Microbiol*, 2011. **60**(3): p. 259-63.
34. Derouin F, D.E., de Monbrison F, ANOFEL, Laboratory-based surveillance for Cryptosporidium in France, 2006-2009. *Euro Surveill*, 2010. **15**(33): p.

- 19642.
35. Faubert, G., Immune Response to *Giardia duodenalis*. *Clinical Microbiology Reviews*, 2000. **13**(1): p. 35-54.
 36. Siripattanapipong, S., et al., Determination of discriminatory power of genetic markers used for genotyping *Giardia duodenalis*. *Southeast Asian J Trop Med Public Health*, 2011. **42**(4): p. 764-71.
 37. Yason, J.A. and W.L. Rivera, Genotyping of *Giardia duodenalis* isolates among residents of slum area in Manila, Philippines. *Parasitol Res*, 2007. **101**(3): p. 681-7.
 38. Yang, R.L., Jeremy Ng, Josephine Ryan, Una, High prevalence *Giardia duodenalis* assemblage B and potentially zoonotic subtypes in sporadic human cases in Western Australia. *International Journal for Parasitology*, 2010. **40**(3): p. 293-297.
 39. Matsubayashi, M.K., I. Abe, N., Identification of genotypes of *Giardia intestinalis* isolates from a human and calf in Japan. *J Vet Med Sci*, 2005. **67**(3): p. 337-40.
 40. Abdel-Moneim, S.M.S., D. M., Genetic characterization of *Giardia lamblia* isolates from Egyptian patients with relation to clinical giardiasis. *J Egypt Soc Parasitol*, 2008. **38**(2): p. 547-60.
 41. Volotro, A.C.C.-M., L. M. Haddad, F. S. M. Brandro, A. Peralta, J. M. Fernandes, O., Genotyping of *Giardia duodenalis* from human and animal samples from Brazil using β -giardin gene: A phylogenetic analysis. *Acta Tropica*, 2007. **102**(1): p. 10-19.
 42. Alvarez-Pellitero, P.S.-B., Ariadna, *Cryptosporidium molnari* n. sp. (Apicomplexa: Cryptosporidiidae) infecting two marine fish species, *Sparus aurata* L. and *Dicentrarchus labrax* L. *International Journal for Parasitology*, 2002. **32**(8): p. 1007-1021.
 43. Morgan-Ryan, U.M.F., A. Ward, L. A. Hijawi, N. Sulaiman, I. Fayer, R. Thompson, R. C. Olson, M. Lal, A. Xiao, L., *Cryptosporidium hominis* n. sp. (Apicomplexa: Cryptosporidiidae) from *Homo sapiens*. *J Eukaryot Microbiol*, 2002. **49**(6): p. 433-40.

**Уншиж танилцан хэвлэхийг зөвшөөрсөн,
сэтгүүлийн зөвлөлийн гишүүн, биологийн
ухааны доктор Д.Цэрэнноров**

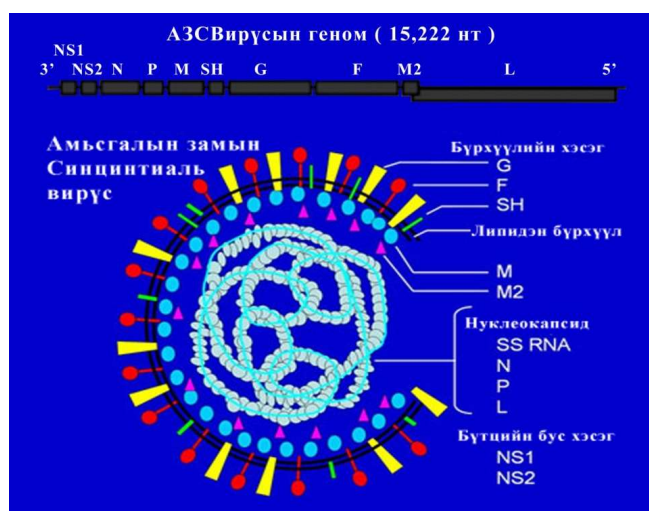
ТОЙМ ЛЕКЦ, ЗӨВЛӨГӨӨ

**АМЬСГАЛЫН ЗАМЫН СИНЦИТИАЛЬ ВИРҮСИЙН ХАЛДВАР
(ХЭВЛЭЛИЙН ТОЙМ)**

Г.Нямаа^{1,2}, П.Нямдаваа^{1,3},
Халдварт өвчин судлалын үндэсний төв¹
ЭМШУИС-ийн Био-Анагаахын Сургууль²
Монголын анагаах ухааны академи³

Бүтэц: Амьсгалын замын синцициаль вирусийг (АЗСВ) Дж.Моррис 1956 онд анх сармагчингаас илрүүлсэн ба вирусийн таксоном ангиллаар *Paramyxoviridae* овог, *Pneumovirus* төрөлд хамаарах, дугтуй бүхий, 150-200 nm голчтой бөмбөлөг хэлбэртэй, сөрөг утаслаг РНХ агуулсан, 15,25 kb молекул жинтэй вирус болно [1-3].

тогтсон нуклейнхүчлийн нийлэгжилтэнд оролцдог нуклейкапсидийн үндсэн уураг. Р уураг полимеразын идэвхитэй, L уураг полимеразыг тогтвортой байлгах үүрэгтэй. М1 уураг нь вирусийн гадна холбоог нуклеокапидтай холбож өгдөг. NS1, NS2 уураг нь интерфероны гаралтай вирусийн эсрэг хариу урвалыг эсэргүүцдэг [2-4]. (зураг 1)



Зураг 1 Амьсгалын замын синцициаль вирусийн бүтэц

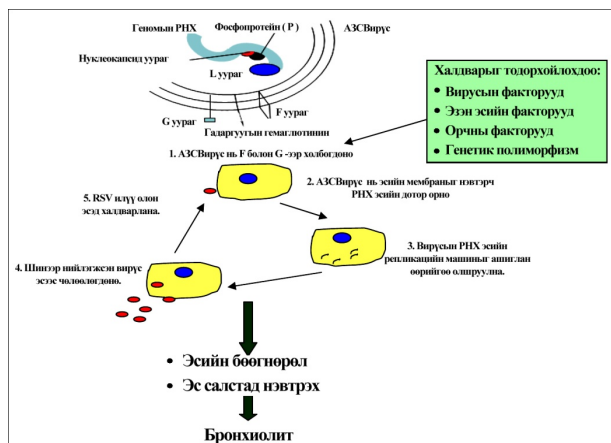
Гадаргуугийн F, G, SH гэсэн 3 уурагтай. Эдгээр уургууд нь вирус эсэд нэвтэрэхэд болон вирусийн бүтэцийг бүрдүүлэхэд оролцдог. Гадаргуугын G уураг вирусийг амьсгалын замын эпители эсэд холбож өгнө. Холбогдсоны дараа гадаргуугын F уураг хучуур эсийн ферментээр задарч вирусийн дугтуй хучуур эсийн мембрантай нэгддэг. Ингэснээр вирусийн нуклеокапсид эсрүү шууд орох бололцоотой болдог. Харин SH уургийн үүрэг нь тодорхойгүй байгаа ба сүүдийн үед судалгаа эрчимтэй хийгдэж байна. Вирион нь N, P, M1-2, L гэсэн 5 дотуур уураг агуулдаг. N уураг РНХ-д баг бэх холбогдон 391 амин хүчлээс

Тархалт: АЗСВ нь бага насны нярайд өвчлөл үүсгэгч гол вирус бөгөөд 2-оос бага насанд өндөр давтамжтай өвчлөл үүсгэнэ. Энэ үүсгэгч нь бронхиолит ба уушигны хатгаа, бронхит, отит, ба амьсгалын дээд замын өвчлөлийн гол үүсгэгч юм. Дэлхий дахинд өргөн тархсан [5]

АЗСВ өвөл болон хавар эрт өвчлөл үүсгэх ба голдуу сэрүүн уур амьсгалтай бүсэд арван хоёрдугаар сараас гуравдугаар сарын турш эргэлтэнд байдаг [6,7]. Уг вирусийн халдвар бага насны болон залуу хүмүүст ихэвчлэн амьсгалын доод замын өвчин үүсгэдэг энгийн ханиадтай төстэй шинж тэмдэг илэрдэг, зарим үед уушигны архаг өвчтэй хүмүүсийн болон бага насны хүүхэдийн зуурдаар нас барах шалтгаан нь болдог [8-10]. Өвчлөл өндөр байх улирлын үеэр насанд хүрэгчдэд өвчлөл долоо хоногт 0,5% байх ба сургуулийн насны хүүхдэд 1-2% байдаг. Англид хийсэн судалгаагаар дэгдэлтийн хамгийн их үедээ нэг долоо хоногт 1000 гаруй АЗСВ -ийн тохиолдол оношлогдсоноос 5-аас доош насныханд хамгийн их тохиолдол бүртгэгджээ [11-13]. Хөгжиж байгаа орнууд болон халуун бүсийн орнуудад АЗСВ -ийн халдварын тархалт бага байдаг. Халуун бүсийн орнуудад АЗСВ -ийн дэгдэлт борооны улиралд болон шашны баярын үед их тохиолддог байна. Үүний шалтгаан нь тодорхойгүй боловч зуны урт хугацааны амралтын дараагаар сургуулийн хичээл эхлэж хүн амын нягтаршил ихэсдэгтэй холбоотой байж болох юм [14-16]

Халдварын механизм: АЗСВ өвөл болон хавар эрт өвчлөл үүсгэх ба голдуу сэрүүн уур амьсгалтай бүсэд арван хоёрдугаар сараас гуравдугаар сарын турш эргэлтэнд байдаг.

Гуурсан хоолой амьсгалын замын хэсэгт үрждэг гадаргуугын G уураг вирусийг амьсгалын замын хучуур эсэд холбож өгнө. Холбогдсоны дараа гадаргуугын F уураг задарч эсийн мембрантай нийлж, вирусийн нуклеокапсид эсрүү шууд ордог. (Зураг 2)



Зураг 2 Амьсгалын замын синцитиаль вирус эсийн харилцан үйлчлэлийн механизм

Вирус эсээс гадагшлах үйл явц эндосомын тусламжтай явагддаг. Репликац явагдасны дараа шинээр бий болсон нуклеокапсид цитоплазмаас эсийн гадаргууруу нүүнэ. М уураг нь вирус нахиалах үед нуклеокапсидийг вирусийн бусад дотуур уурагтай холбож өгдөг ба вирус эсээс гадагшилж байх хооронд эзэн эсийн уургууд салдаг [16,17]. Халдварын үед амьсгалын замын хучуур эс ихээр гэмтдэг. АЗСВ халдварын үеийн шингэний дархлааны үр дүнд вирусийн эсрэг IgM, IgG, IgA үүдэг. Гэвч шингэний дархлааны хүчин зүйлс нь вирусийг устгахад хангалтгүй байдаг ба вирус амьсгалын доод замд өвчлөл үүсгэдэг. Анхдагч халдвар авсны дараа маш сул дархлаа тогтдог ба давтан халдвар авахад дархлаа хүчтэй тогтдог [2,18] Халдварын дараа CD4, CD8 болон Th1ba Th2 эсийн дархлаа өрнөхөөс гадна цитокинууд идвэхжидэг. Дархлаа сул өвчтөнд халдвар амьсгалын доод замын хэсэгрүү тархдаг [19]. Нярай болон дархлаа султай өвчтөнд АЗСВ-н халдвар амьсгалын доод замын халдвар болж хүндэрдэг. Т эсүүд вирусийг устгадаг учир уушигны эсэд морфологийн өөрчлөлт гардаг. Халдвар авсан эсэд IL-1,IL-8,IL-8 TNF зэрэг цитокинууд бий болдог. Энэ нь макрофаг, эозинофил, нейтрофил Т- лимфоцитыг

амьсгалын замд болон бусад ойр хавийн эрхтэнд идэвхжүүлдэг.

АЗСВ -ийн генотипийн ялгаа: АЗСВ -ийн А болон В бүлгүүдийн доторх омгуудын хувилбарт ялгааг моноклонт эсрэгбиеийн урвалын ялгаагаар тодорхойлж байсан бөгөөд сүүлдээ рибонуклеоза А задлаг аргаар тодорхойлох болсон [2,20]. G-генийн нуклеотидын дараалалын филогенетик анализаар А болон В бүлгийн ялгаа, мөн олон тооны генотипуудыг тодорхойлсон [21,22]. .

Молекул эпидмиологи: Дэгдэлтийн үед судалгаа хийхэд А болон В бүлгүүд сөөлжлөн илрэх хандлагатай, гэхдээ А бүлгийн тархалт арай илүү давамгайлдаг болох нь тодорхойлогдсон. Германд 1999-2007 оны хооронд АЗСВ-ийн халдварын 9 дэгдэлтээс 7 нь А бүлэг давамгайлан өвчин үүсгэсэн байсан. Энэтхэгт хийсэн судалгаагаар дараалсан 3 дэгдэлтийг А бүлэг сэдээсэн байна. В бүлэг улс орнуудад зонхилон нэг улирал ажиглагдсан [23]. Ижил улиралуудад АНУ-ын Бостонд хийсэн судалгаагаар хоёр бүлгийн хооронд цагийн болон газарзүйн бүсчилэлийн ялгаа ажиглагдаж байсан[24]. Финландэд хийсэн судалгаагаад А болон В бүлгүүдийн дэгдэлт 2 жилээр ээлжлэн давамгайлж байгаа нь ажиглагджээ[25]. Мөн АНУ-д 1000 гаруй дээжинд хийсэн судалгаагаар хоёр бүлгийн тархалт өөрчлөгдөж байгаа нь мөн ажиглагдсан[26].

Нэгдсэн вант улсын, Birmingham-д дэгдэлт бүрийн үеийн үүсгэгчийн янз бүрийн генотипын тархалтыг 1988 оноос 11 жилийн хугацаанд тодорхойлсон RT-PCR and RFLP зэргийг ашиглан генотипуудыг тодорхойлсон. Бүлэг А нь 8 дэгдэлтийн үед давамгайлж байсан, харин бүлэг В нь 1992–3, 1995–6 and 1998–99 онуудад давамайж байсан. Дэгдэлт бүр нь олон тооны генотип хувилбартай байгаа нь дэгдэлт бүрийн онцлог хамаарлыг харуулж байна. Ийнхүү жил бүр өөр генотип хувилбар илэрч, тэр нь дараа жил нь тодорхойлогдохгүй, дахин хэдэн жилийн дараа тодорхойлогдох зэргээр илэрч байна[27].

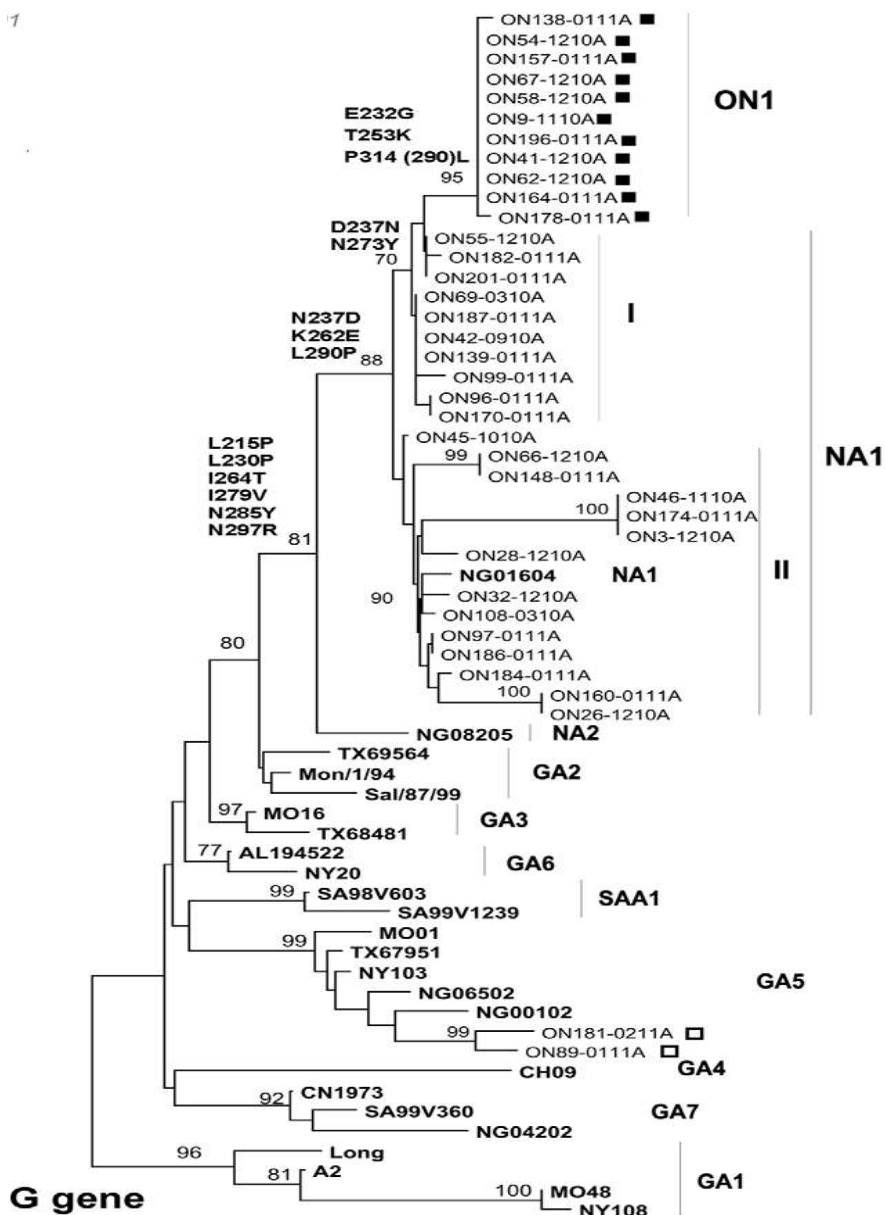
Гэсэн хэдий ч эдгээр нь зөвхөн эмнэлэгт хэвтэн эмчлүүлж байгаа хүүхдүүдэд хийгдсэн судалгаа бөгөөд энэ нь АЗСВ -ийн халдварын тархалтыг бүхэлд илэрхийлж чадахгүй юм.

Солонгосын сөүл хотод дэс дараалан гарсан халдварын 9 дэгдэлтийг тодруулж авч үзжээ. Birmingham-дахь судалгаатай харьцуулахад энэ судалгаагаар дэгдэлт бүрийн үед өөр өөр генотип илэрч байжээ.

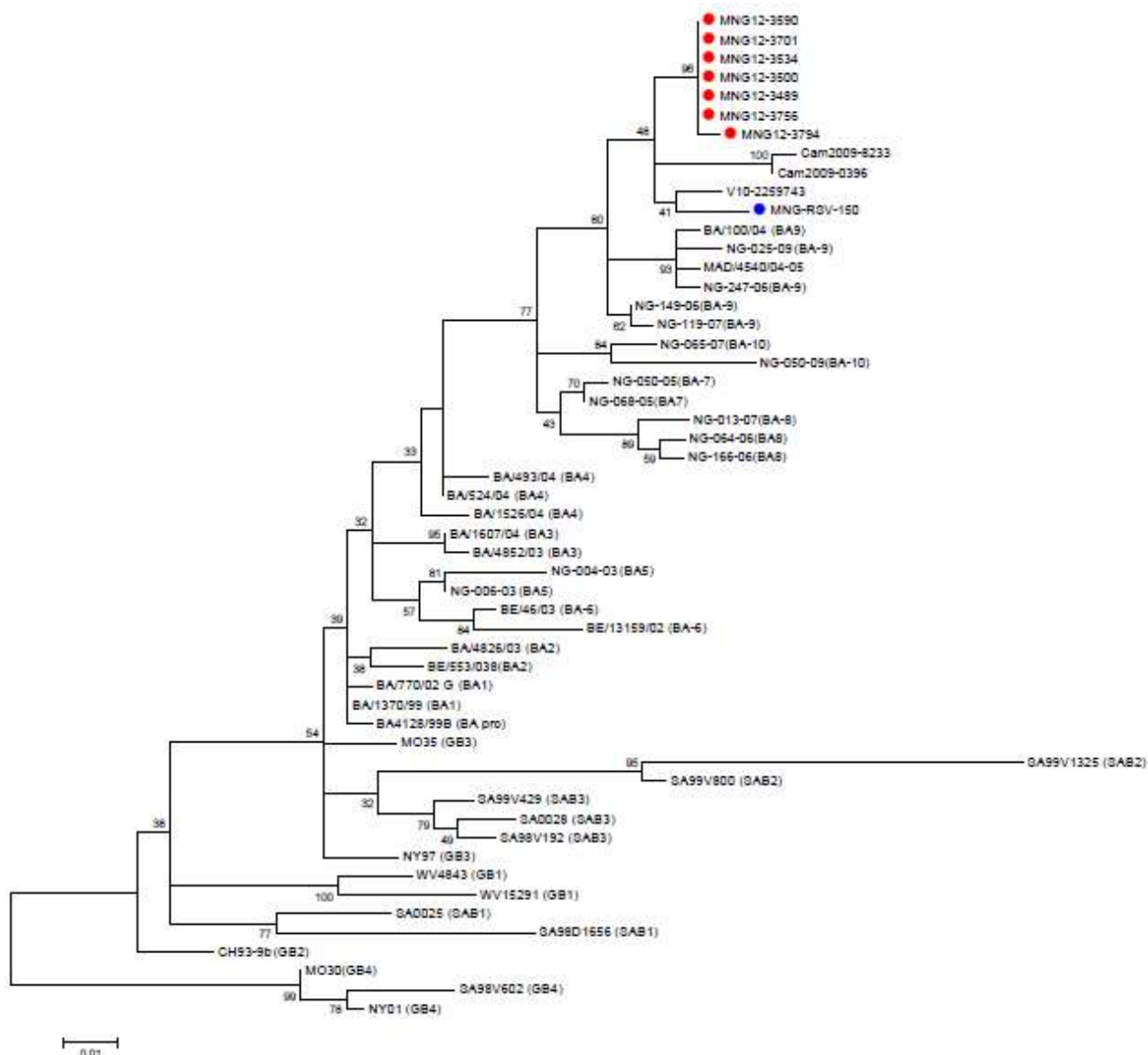
Сонирхолтой нь GA5 генотипын тархалт 1990-1991 онуудад мөн тодорхойлогдоогүй[28], мөн үүнтэй адилаар АНУ-д 1990-1995 онуудад дэгдэлт бүрийн үед генотипын ялгаа огт гараагүй бөгөөд харин 1994-1995 онуудад GA5 генотипын тархалт өндөр байжээ [29,30].

Дээрх судалгаануудад дурьдсанчлан G генд анализ хийснээр тодорхой генотипуудад хуваан ангилж байна. Дээрх байдлуудад дүгнэлт хийж үзэхэд дэлхий дээр эргэлдэж байгаа АЗСВ-ийн омгууд өөр хоорондоо ойролцоо болохыг харуулж байна [31,32]. 2010-2011

онд Канад улсад дэгдэлт үүсгэсэн А вирусийг судалж үзэхэд гадаргуугын G уургийн С хэсэгт 72 нуклеотидын хэсэг хоёр давтагдсан шинэ дэд генотип илэрснийг Ontario (ON1) хэмээн тэмдэглэх болсон байна [33]. 2011-2012 онд цуглуулсан сорьцонд Герман, Өмнөд Африк зэрэг оронд ON1 дэд генотиптэй А вирусийг илрүүлсэн байна (Зураг 3) Уг шинэ дэд генотип манай оронд 2013 оны нэг, гуравдугаар сард Улаанбаатар хотоос цуглуулсан сорьцонд илэрсэн (63) нь шинэ вирусийн хувилбар Дэлхий дахинаа хурдацтай тархаж буйг харуулж байна.



Зураг 3 Амьсгалын замын синцитиаль вирусийн А хэв шинжийн G генийн хэсгийн нуклейтидын дараалалын удмын холбоог maximum likelihood аргаар Mega5.2 программаар тооцоолж гарган авсан дендрогрaмм.



Зураг 4. Амьсгалын замын синцитиаль вирусийн G генийн хэсгийн нуклейтидын дараалалын удмын холбоог maximum likelihood аргаар Mega5.2 программаар тооцоолж гарган авсан дендрограмм. Монголд ялгагдсан VA генотипийг улаан, цэнхэр өнгөөр тэмдэглэв (63).

1999 онд Аргентин улсад В вирусийн гадаргуугын G уургийн 791 үлдэгдэлийн дараагаас эхлэн 60 нуклотидоор давхар гинж үүссэн Buenos Aires (BA) шинэ генотип тодорхойлогдож байсан[34] ба уг VA генотип сүүлийн 10 гаруй жилүүдэд эргэлтэнд байсаар байгаа билээ. Томуугийн 3 улиралд дараалан хийсэн судалгаагаар манай оронд 2011-2013 онд В хэв шинжийн үүсгэгч илэрсэн ба генотипийн хувьд VA бүлэгтэй ойролцоо байсан. (Зураг 4)

Энэ нь нэг газраас тодорхойлсон омгууд нь маш олон хувилбартай болохыг харуулж байна[35].

Газарзүйн бүсчлэлээр ангилах нь дутагдалтай байдаг[30].

G-гликопротеины эсрэгтөрөгчийн бүтэц: АЗСВ-ийн генотип хоорондын хамгийн их хувьсамтгай уураг нь холбогдогч буюу G гликопротеин юм. Энэ нь 2-р хэлбэрийн гликопротеин бөгөөд вирусын омгоосоо хамаараад 289-299 амин хүчлээс тогтдог. АЗСВ-ийн G уураг нь бусад парамиксовирусын холбогдогч уурагтай ижил биш болох нь харагддаг. Энэ уураг нь N болон С төгсгөлдөө гликозилжсон, серин, пролин, тиреоины үлдэгдэлээр баялаг юм[37].

G уургийн эктодомайн нь төв хэсэгтээ 4 цистейний үлдэгдлийг ихээр агуулсан. Энэ төв хэсэг нь ялимгүй гидрофоб шинж чанартай бөгөөд хуурамч рецепторын холбогдох хэсгийн үүрэг гүйцэтгэдэг. Хувьсамтгай хэсэг дэх серин, тиреониноор баялаг хэсэг нь O-гликозилжих боломжтой хэсэг нь болж өгдөг. G уургийн урьдал хэсэг 32kDa жинтэй, трансляцын дараах зохицуулгаар N-холбоот сахар холбогдсоноор комплекс хэлбэрт шилждэг, мөн O-холбоот сахар нэмэгддэг[38]. Уургийн хоёрдогч хэлбэр нь эсэд халдварласнаар үүсдэг.

G гликопротеины эсрэгтөрөгчийн бүтэц болон эсрэгбиеийн хариу урвал нарийвчлан судлагдаад байна[39]. Хулганы моноклонт эсрэгбиеийг ашиглаж эпитопын 3 хэлбэрийг тодорхойлоод байна. 1. Хамгаалагдсан эпитоп 2. Бүлэг өвөрмөц эпитоп 3. Омог өвөрмөц буюу хувьсамтгай эпитоп. Хамгаалагдсан болон бүлэг өвөрмөц эпитоп төв хэсэгтээ байрласан, бүх омгуудын өвөрмөц эпитоп хэсгийн уургийн 3-ны 1 нь карбокси төгсгөлтэй[40,41] Омог өвөрмөц анти-G моноклонт эсрэгбиеүүдийн ихэнх нь янз бүрийн хэсэгтэй гэхээсээ илүү уургийн O-гликозилжсэн, боловсорсон хэсэгтэй харилцан үйлчлэлдэг. Бусад моноклонт эсрэгбие нь гликозилжоогүй хэсгүүдтэй харилцан үйлчлэлдэг[42,43]

G уургийн эпитоп нь хүний convalescent sera-аар танигддаг. Энэ нь ихэнх ийлдэс нь төвийн хамгаалагдсан хэсгийг таньж болохыг харуулдаг, гэхдээ C төгсгөлийн хэсгийг таних нь маш өвөрмөц байдаг[44].

Эсрэгбиеийн хариу урвалаар эпитопын ихэнх хэсгүүдийг таньснаар уургийн карбоксил төгсгөлийн хувьсамтгай хэсэг нь уг вирус эзэн эсийн хариу урвалаас зайлсхийхийх тулд холбогдогч уургийнхаа эсрэгтөрөгчийн шинж чанарыг өөрчлөх боломжтой болохыг харуулж байна. Гэсэн хэдий ч уг вирусын эсрэгтөрөгчийн хувирамтгай байдал нь тухайн вирус дахин халдварлах чадварыг тайлбарлахад эргэлзээтэй болдог[45]. Энэ нь туршилтаар батлагддаг бөгөөд үйлчлүүлэгч өмнө нь халдварласан омгоороо дахин халдварладаг, гэсэн хэдий ч зарим үйлчлүүлэгчид дахин халдварлахад тэсвэртэй болсон байдаг[46].

АЗСВ-ийн хувьсал: АЗСВ нь генотипуудад хуваагдагдаж байгаа нь G гликопротеин хэмээх хувьсамтгай уурагтай холбоотой. Энэ нь G генийн нуклеотидын томоохон өөрчлөлтөөр амин хүчлийн

өөрлөлт болж байгаа болохыг харуулдаг[22,47]. АЗСВ-ийн А бүлгээс 48 зүйлийн G уургийн амин хүчлийн дарааллыг 1956 оноос хойш тодорхойлж баталгаажуулаад байгаа ч амин хүчлийн өөрчлөлт маш их явагдаж байжээ. Эндээс ялгасан зүйлүүд нь генотипийн хувьд тогтвортой бус болох ажиглагдсан. Тухайлбал, 1960 онд Нэгдсэн вант улс, швед, АНУ-д түгээмэл тодорхойлогдож генотип түүнээс хойш дахин тодорхойлогдоогүй[48].

Урагвайд хийгдсэн судалгаагаар А болон В бүлгүүдийн хувьсамтгай байдал нь мөн G гентэй холбоотой болохыг баталсан[47,49].

Гэсэн хэдий ч G генийн маш жижиг өөрчлөлтүүд ч ажиглагдаж болдог. Тухайлбал Куб-д 1994 онд илэрсэн генотип АНУ-д 1956 онд илэрсэн омогтой маш адилхан байсан. Дани-д хийсэн 3 дэгдэлтийн үед хийсэн судалгаагаар тухайн үед илэрсэн генотип нь 20 жилийн өмнөхтэй маш төстэй болохыг тодорхойлсон[50]. Zheng болон бусад эрдэмтэд M, SH G, F, M2 зэрэг генүүдийг тодорхойлж үзэхэд генетик өөрчлөлт үүсгэдэг эсэх нь батлагдаагүй[51].

Лабораторийн оношлогоо: Дэлхий нийтээр вирүс судлалын шинжилгээнд дараах 3 аргыг баримталж байна. Үүнд:

1. Серологийн шинжилгээ
 - Энзим иммуны арга
 - Иммунофлюоресценцийн арга
2. Вирүс судлалын арга
3. Нүклеин хүчилд суурилсан арга

Энэ нь амьсгалын замын халдварын лабораторийн оношлогооны “алтан стандарт” хэдий ч АЗСВ эсийн өсгөвөрт ургахдаа нэн ярвигтай байдаг. Иймээс уг вирүсийн илрүүлэлтэнд молекул биологийн илүү мэдрэг, хурдан аргуудыг хэрэглэх шаардлагаас улбаалан RT-PCR, nested PCR, бх-ПГУ, мультиплекс бх-ПГУ зэрэг шинжилгээний аргуудыг боловсруулсан[2].

Эмчилгээ, сэргийлэг: Идэвхитэй өвчлөл эхлэхээс өмнөхөн богино хугацаанд буюу өвчлөлийн үед халдварлана. Эмнэлзүйн шинж тэмдэг арилсаны дараа ялгарч болох бөгөөд ялангуяа хүүхдүүдэд хэдэн долоо хоногоор бугшина. Эмнэлзүйд халуурах, ханиах, амьсгал давчдах ба ходоод гэдэсний хямралтай хүүхдүүдэд бие хөрөх, толгой өвдөх, бронхит, бронхиолит, пневмонит ба пневмони зэрэг

шинж тэмдэгтэй хавсран янз бүрийн шинж тэмдэг илэрч болно. Шинж тэмдэг ба өвдөлт ихэвчлэн 2-5 хоногийн дотор хүндрэл өгөлгүй арилах боловч халдвар нь бактерийн синусит, отит, ба зарим тохиолдолд бактерийн гаралтай уушгины хатгаагаар хүндэрч болно[2,5] Дахин халдвар авах нь ихээхэн түгээмэл. Вирүсийн халдварын улирлын 6 сарын хугацаанд уушгины эмгэгээс болж эмчилгээ хийлгэх шаардлагатай 2 наснаас доош хүүхдүүд ба нярай эрсдэлтэй бүлэгт хамаарна.

АЗСВ-ийн халдвартай нярайг эмчлэх талаар нийтээр зөвшилцсөн арга хараахан байхгүй байна. Энэ нь ялангуяа аэрозоль хэлбэрээр рибавиринийг хэгэглэхэд хамаарна. АНУ, Канадад хийсэн судалгааг үл харгалзан аэрозоль хэлбэрийн рибавиринийг хэрэглэхэд өвчтөнүүдийн эмчилгээнд нааштай үр дүн гарсан судалгаа байна. Ханиахаас сэргийлэх, антигистамин хэрэглэх нь маргаантай бөгөөд ялангуяа хүүхдүүдэд аюултай байж болох юм[5]. Вирүст халдварын цочмог шатны эмчилгээ нь аливаа халдварт өвчний үеийнхтэй адил: 1) шалтгааны буюу вирүсийн эсрэг (этиотроп), 2) эмгэг жамын (патогенезийн) эмчилгээ гэсэн хоёр үндсэн хэсгээс бүрдэл болдог.

1. Вирүсийн эсрэг хими-заслын бэлдмэл (ВЭХБ) бүтээх боломжгүй, эсэд хортой нөлөөлөлгүйгээр вирүсийн репродукцийг саатуулах нөхцөлгүй гэж саяхан болтол үзэж байсан билээ. Гэтэл молекул биологи, вирүс судлалын ухаануудын сүүлийн 20 гаруй жилийн эрчимтэй хөгжил нь эмнэлзүйн практикт хэрэглэх түвшинд хүрсэн ВЭХБ-ийн тоо нэн хурдан өсөхөд хүргэж байна[52].

Вакцин: Энэ өвчний гаралт болон эмнэлзүйн үе шатуудыг сайжруулахын тулд эмээр эмчлэх эмчилгэний аргуудыг тодорхойлох ажил бүх нийтийг хамарч байна. Гэсэн хэдий ч одоогоор АЗСВ-ийн эсрэг вакцин боловсруулаагүй байна. Өндөр эрсдэлтэй нярайд АЗСВ өндөр тархалттай улиралд АЗСВ-саармагжуулагч эсрэгбиеийг (palivizumab) булчинд тарьж хэрэглэхэд хамгаалах үр нөлөө өндөр байдаг[53]. АЗСВ нь амьдралын эхэн үеийн бронхиттой хамааралтайгаар үхэл, эндэгдэл өндөр байдаг учраас судалгаа нь вирусын эсрэг вакцин бүтээх хөтөлбөрүүдэд чиглэгдэж байна. Гэхдээ эдгээр зорилгын хүрээнд одоогоор вирусын геномын судалгаа, экспресс болон репликаци талаар ойлголт авахад чиглэгдэж байна [54, 55].

Монголд судлагдсан байдал:

Манай оронд ТТӨ-ний үүсгэгчийг дархан туяаралт бичил харуурын арга(ДТБХ)-аар илрүүлэх шинжилгээг 1970-аад оноос анх ТҮТ-д (тэр үед ЭАХНСУ-д харьяалагдаж байсан) нэвтрүүлсэн бөгөөд 1976-1977 оны томуугийн улиралд 258 өвчтөний хамар-залгиурын арчдсанд хийсэн шинжилгээгээр АЗСВ-ийн халдвар 3.9%-д нь илэрч байжээ [56]. Мөн ТҮТ-д 1980-1986 оны хооронд нийт 2422 хамар-залгиурын арчдсанд томуугийн А болон В хэвшинжийн вирүс, иж томуугийн вирүс, аденовирүс, АЗСВ-ийг илрүүлэх шинжилгээг ЗХУ-ын коньюгат ашиглан ДТБХ аргаар хийхэд АЗСВ 62(2,55%)-г нь илэрсэн байна [57].

Гэвч 1990-ээд оны эдийн засгийн хямрал нь АЗЦХ-ын үүсгэгчийн бүтцийг тогтоох судалгааг нэг хэсэг бүрэн зогсоход хүргэсэн тул 2004 оноос ТҮТ-д АНУ-ын ӨХСТ-ийн тусламжаар хэрэгжүүлж эхлэсэн “Томуугийн тандалтын тогтолцоог бэхжүүлэх” төслийн хүрээнд томуугаас бусад АЗЦХ-ын үүсгэгчийг илрүүлэх шинжилгээнд R-Mix хибрид эсийн өсгөвөр ашигласан ДТБХ-ын шууд аргыг 2006 оноос туршин нэвтрүүлсэн бөгөөд томуугийн вирүсээс гадна, иж томуугийн вирүс, аденовирүс, АЗСВ илрүүлэх болж, үүний дотор АЗСВ-ийн илрэлт 2% орчим байсан байна (58).

Энэ үеэс вирүс судлалын оношийн шинжилгээнд ПГУ-ын арга эрчимтэй нэвтэрч эхлэсэн тул ТҮТ-д эхлээд томуугийн вирүсүүд, тэдгээрийн хэвшинжийг илрүүлэхэд, дараа нь АЗЦХ-ын бусад үүсгэгчийг илрүүлэхэд ПГУ-ын хувилбаруудыг 2008 оноос туршиж эхлэсэн юм (58). Мультиплекс бх-ПГУ нь нэг сорьцонд олон төрлийн үүсгэгчийг зэрэг илрүүлэх боломж олгосноос гадна мэдрэг чанар нь эсийн өсгөвөр, ДТБХ зэрэг уламжлалт аргуудаас 2-5 дахин мэдрэг байсан (59-61) тул АЗЦХ-ын үүсгэгч илрүүлэх мультиплекс, бх-ПГУ-ын аргыг 2009 оноос ТҮТ-ийн өдөр тутмын урсгал шинжилгээнд нэвтрүүлсэн бөгөөд 2008 оны 11 дүгээр сараас 2013 оны 3 дугаар сарыг дуустлах хугацаанд цуглуулсан томуугийн вирүс илрээгүй 2515 сорьцонд FTD, Luxemburg компаний цомог ашиглан мультиплекс бх-ПГУ-ын аргаар АЗЦХ-ын үүсгэгч илрүүлэх шинжилгээ хийхэд нийт 1490 үүсгэгч илрүүлсний 253 (17%) нь АЗСВ байлаа (62). Бид одоо Монголд улсад илрүүлсэн АЗСВ-ийн генотипийн тархалтыг Япон улсын Тохоку

их сургуулийн Вирус судлалын тэнхимийнхэнтэй хамтран судлаж эхлээд байна (63).

Номзүй

- Morris JA, Blount RE, Jr., Savage RE. Recovery of cytopathogenic agent from chimpanzees with coryza. *Proc Soc Exp Biol Med.* 1956;92(3):544-549.
- Collins PL., Crowe JF Jr Respiratory Syncytial Virus and Metapneumovirus, In: Field's Virology, 5th edition, v.II, pp.1601-1646;
- Dickens LE, Collins PL, Wertz GW. Transcriptional mapping of human respiratory syncytial virus. *J Virol.* 1984;52(2):364-369.
- Empey KM, Peebles RS, Jr., Kolls JK. Pharmacologic advances in the treatment and prevention of respiratory syncytial virus. *Clin Infect Dis.* 1258;50(9):1258-1267.
- Америкийн нийгмийн эрүүл мэндийн холбоо, ДЭМБ (2004): Халдварт өвчний хяналтын лавлах, 18 дахь хэвлэлийн монгол орчуулга, монгол орчуулгын редактор П.Нямдаваа, Улаанбаатар, х.19-30, 542-556;
- Sullender WM. Respiratory syncytial virus genetic and antigenic diversity. *Clin Microbiol Rev.* 2000;13(1):1-15.
- Carballal G, Videla C, Sequeira MD, Mistchenko A, Requeijo PV, Arbiza J. Respiratory syncytial virus: changes in prevalence of subgroups A and B among Argentinian children, 1990-1996. *J Med Virol.* 2000;61(2):275-279.
- Hall CB, Weinberg GA, Iwane MK, et al. The burden of respiratory syncytial virus infection in young children. *N Engl J Med.* 2009;360(6):588-598.
- Smith EC, Popa A, Chang A, Masante C, Dutch RE. Viral entry mechanisms: the increasing diversity of paramyxovirus entry. *Febs J.* 2009;276(24):7217-7227.
- Welliver RC. Respiratory syncytial virus and other respiratory viruses. *Pediatr Infect Dis J.* 2003;22(2 Suppl):S10-12.
- Hazlett DT, Bell TM, Tukei PM, et al. Viral etiology and epidemiology of acute respiratory infections in children in Nairobi, Kenya. *Am J Trop Med Hyg.* 1988;39(6):632-640.
- Nwankwo MU, Dym AM, Schuit KE, Offor E, Omene JA. Seasonal variation in respiratory syncytial virus infections in children in Benin-City, Nigeria. *Trop Geogr Med.* 1988;40(4):309-313.
- Cherian T, Simoes EA, Steinhoff MC, et al. Bronchiolitis in tropical south India. *Am J Dis Child.* 1990;144(9):1026-1030.
- Weber MW, Dackour R, Usen S, et al. The clinical spectrum of respiratory syncytial virus disease in The Gambia. *Pediatr Infect Dis J.* 1998;17(3):224-230.
- Sung RY, Chan RC, Tam JS, Cheng AF, Murray HG. Epidemiology and aetiology of acute bronchiolitis in Hong Kong infants. *Epidemiol Infect.* 1992;108(1):147-154.
- Othumpangat S, Gibson LF, Samsell L, Piedimonte G. NGF is an essential survival factor for bronchial epithelial cells during respiratory syncytial virus infection. *PLoS One.* 2009;4(7):0006444.
- Coral RP, Constant-Neto M, Silva IS, Barros S, Jawetz J. Influence of transposed stomach on cardiac function in patients with resected esophageal cancer. *Dis Esophagus.* 2004;17(4):307-309.
- Lemanske RF. Viral infections and asthma inception. *J Allergy Clin Immunol.* 2004;114(5):1023-1026.
- Becker Y. Respiratory syncytial virus (RSV) evades the human adaptive immune system by skewing the Th1/Th2 cytokine balance toward increased levels of Th2 cytokines and IgE, markers of allergy--a review. *Virus Genes.* 2006;33(2):235-252.
- Cristina J, Moya A, Arbiza J, et al. Evolution of the G and P genes of human respiratory syncytial virus (subgroup A) studied by the RNase A mismatch cleavage method. *Virology.* 1991;184(1):210-218.
- Cane PA, Matthews DA, Pringle CR. Identification of variable domains of the attachment (G) protein of subgroup A respiratory syncytial viruses. *J Gen Virol.* 1991;72(Pt 9):2091-2096.
- Sullender WM, Mufson MA, Anderson LJ, Wertz GW. Genetic diversity of the attachment protein of subgroup B respiratory syncytial viruses. *J Virol.* 1991;65(10):5425-5434.
- Arnott A, Vong S, Mardy S, et al. A study of the genetic variability of human respiratory syncytial virus (HRSV) in Cambodia reveals the existence of a new HRSV group B genotype. *J Clin Microbiol.* 1128;49(10):3504-3513.
- Hendry RM, Talis AL, Godfrey E, Anderson LJ, Fernie BF, McIntosh K. Concurrent circulation of antigenically distinct strains of respiratory syncytial virus during community outbreaks. *J Infect Dis.* 1986;153(2):291-297.
- Waris M. Pattern of respiratory syncytial virus epidemics in Finland: two-year cycles with alternating prevalence of groups A and B. *J Infect Dis.* 1991;163(3):464-469.
- Hall CB, Walsh EE, Schnabel KC, et al. Occurrence

- of groups A and B of respiratory syncytial virus over 15 years: associated epidemiologic and clinical characteristics in hospitalized and ambulatory children. *J Infect Dis.* 1990;162(6):1283-1290.
27. Cane PA, Matthews DA, Pringle CR. Analysis of respiratory syncytial virus strain variation in successive epidemics in one city. *J Clin Microbiol.* 1994;32(1):1-4.
 28. Choi EH, Lee HJ. Genetic diversity and molecular epidemiology of the G protein of subgroups A and B of respiratory syncytial viruses isolated over 9 consecutive epidemics in Korea. *J Infect Dis.* 2000;181(5):1547-1556.
 29. Coggins WB, Lefkowitz EJ, Sullender WM. Genetic variability among group A and group B respiratory syncytial viruses in a children's hospital. *J Clin Microbiol.* 1998;36(12):3552-3557.
 30. Cane PA, Weber M, Sanneh M, Dackour R, Pringle CR, Whittle H. Molecular epidemiology of respiratory syncytial virus in The Gambia. *Epidemiol Infect.* 1999;122(1):155-160.
 31. Cane PA, Matthews DA, Pringle CR. Analysis of relatedness of subgroup A respiratory syncytial viruses isolated worldwide. *Virus Res.* 1992;25(1-2):15-22.
 32. Peret TC, Hall CB, Hammond GW, et al. Circulation patterns of group A and B human respiratory syncytial virus genotypes in 5 communities in North America. *J Infect Dis.* 2000;181(6):1891-1896.
 33. Eshaghi A, Duvvuri VR, Lai R, Nadarajah JT, Li A, Patel SN, et al. Genetic variability of human respiratory syncytial virus A strains circulating in Ontario: a novel genotype with a 72 nucleotide G gene duplication. *PLoS ONE.* 2012;7:e32807. <http://dx.doi.org/10.1371/journal.pone.0171137>.
 34. Trento A, Casas I, Calderon A, Garcia-Garcia ML, Calvo C, Perez-Brena P, et al. Ten years of global evolution of the human respiratory syncytial virus BA genotype with a 60-nucleotide duplication in the G protein gene. *J Virol.* 2010;84:7500-12. <http://dx.doi.org/10.1128/JVI.00345-10>
 35. Zlateva KT, Vijgen L, Dekeersmaecker N, Naranjo C, Van Ranst M. Subgroup prevalence and genotype circulation patterns of human respiratory syncytial virus in Belgium during ten successive epidemic seasons. *J Clin Microbiol.* 2007;45(9):3022-3030.
 36. Faghiloo E, Salimi V, Rezaei F, et al. Genetic Diversity in the G Protein Gene of Human Respiratory Syncytial Virus among Iranian Children with Acute Respiratory Symptoms. *Iran J Pediatr.* 21(1):58-64.
 37. Cane PA. Molecular epidemiology of respiratory syncytial virus. *Rev Med Virol.* 2001;11(2):103-116.
 38. Wertz GW, Collins PL, Huang Y, Gruber C, Levine S, Ball LA. Nucleotide sequence of the G protein gene of human respiratory syncytial virus reveals an unusual type of viral membrane protein. *Proc Natl Acad Sci U S A.* 1985;82(12):4075-4079.
 39. Cherrie AH, Anderson K, Wertz GW, Openshaw PJ. Human cytotoxic T cells stimulated by antigen on dendritic cells recognize the N, SH, F, M, 22K, and 1b proteins of respiratory syncytial virus. *J Virol.* 1992;66(4):2102-2110.
 40. Melero JA, Garcia-Barreno B, Martinez I, Pringle CR, Cane PA. Antigenic structure, evolution and immunobiology of human respiratory syncytial virus attachment (G) protein. *J Gen Virol.* 1997;78(Pt 10):2411-2418.
 41. Rueda P, Palomo C, Garcia-Barreno B, Melero JA. The three C-terminal residues of human respiratory syncytial virus G glycoprotein (Long strain) are essential for integrity of multiple epitopes distinguishable by antiidiotypic antibodies. *Viral Immunol.* 1995;8(1):37-46.
 42. Garcia-Beato R, Martinez I, Franci C, Real FX, Garcia-Barreno B, Melero JA. Host cell effect upon glycosylation and antigenicity of human respiratory syncytial virus G glycoprotein. *Virology.* 1996;221(2):301-309.
 43. Garcia-Beato R, Melero JA. The C-terminal third of human respiratory syncytial virus attachment (G) protein is partially resistant to protease digestion and is glycosylated in a cell-type-specific manner. *J Gen Virol.* 2000;81(Pt 4):919-927.
 44. Cane PA, Thomas HM, Simpson AF, Evans JE, Hart CA, Pringle CR. Analysis of the human serological immune response to a variable region of the attachment (G) protein of respiratory syncytial virus during primary infection. *J Med Virol.* 1996;48(3):253-261.
 45. Hall CB, Walsh EE, Long CE, Schnabel KC. Immunity to and frequency of reinfection with respiratory syncytial virus. *J Infect Dis.* 1991;163(4):693-698.
 46. Watt PJ, Robinson BS, Pringle CR, Tyrrell DA. Determinants of susceptibility to challenge and the antibody response of adult volunteers given experimental respiratory syncytial virus vaccines. *Vaccine.* 1990;8(3):231-236.
 47. Garcia O, Martin M, Dopazo J, et al. Evolutionary pattern of human respiratory syncytial virus (subgroup A): cocirculating lineages and correlation of genetic and antigenic changes in the G glycoprotein. *J Virol.* 1994;68(9):5448-5459.

48. Cane PA, Pringle CR. Evolution of subgroup A respiratory syncytial virus: evidence for progressive accumulation of amino acid changes in the attachment protein. *J Virol.* 1995;69(5):2918-2925.
49. Martinez I, Valdes O, Delfraro A, Arbiza J, Russi J, Melero JA. Evolutionary pattern of the G glycoprotein of human respiratory syncytial viruses from antigenic group B: the use of alternative termination codons and lineage diversification. *J Gen Virol.* 1999;80(Pt 1):125-130.
50. Johansen J, Christensen LS, Hornsleth A, Klug B, Hansen KS, Nir M. Restriction pattern variability of respiratory syncytial virus during three consecutive epidemics in Denmark. *Apmis.* 1997;105(4):303-308.
51. Zheng H, Storch GA, Zang C, Peret TC, Park CS, Anderson LJ. Genetic variability in envelope-associated protein genes of closely related group A strains of respiratory syncytial virus. *Virus Res.* 1999;59(1):89-99.
52. Монголын анагаах ухааны академи, Халдварт өвчинтэй тэмцэх Монголын үндэсний холбоо (2006): Томуу-2006 хүн мал эмнэлгийнхэнд зориулсан гарын авлага, Ерөнхий редактор П.Нямдаваа, Улаанбаатар, х. 97-103, 182-208;
53. Revised indications for the use of palivizumab and respiratory syncytial virus immune globulin intravenous for the prevention of respiratory syncytial virus infections. *Pediatrics.* 2003;112(6 Pt 1):1442-1446.
54. Meissner HC, Long SS. Revised indications for the use of palivizumab and respiratory syncytial virus immune globulin intravenous for the prevention of respiratory syncytial virus infections: *Pediatrics.* 2003 Dec;112(6 Pt 1):1447-52.
55. Domachowske JB, Rosenberg HF. Respiratory syncytial virus infection: immune response, immunopathogenesis, and treatment. *Clin Microbiol Rev.* 1999;12(2):298-309.
56. Галбадрах, Д., Арслан, Р., Тимофеев, Э.В., Алтанхуяг, С., Шомбон, Н. (1979): Томуу, томуу-төст өвчнийг дархан-туяаралт бичилхаруурын аргаар оношлосон дүн, Монголын анагаах ухаан, №2(32):20-23;
57. Нямдаваа, П., Алтанхуяг, С., Тунгалагтуяа, П., Батболд, Ё. (1988): Улаанбаатар хотод 1980-1986 онд бүртгэгдсэн амьсгалын замын цочмог халдварт өвчний халдвар судлалын төрх, үүсгэгчийн бүрэлдэхүүн, Монголын анагаах ухаан, №3(67):19-34;
58. Цацрал, С. (2009): Хибрид эсийн өсгөвөр болон ПГУ-ын аргыг ашиглан амьсгалын замын зарим вирусийг эмнэлзүйн сорьцонд илрүүлэх харьцуулсан судалгаа, Анагаах ухааны магистрийн зэрэг горилсон нэг сэдэвт бүтээл, Эрүүл мэндийн шинжлэх ухааны их сургууль, Улаанбаатар, 60 х.;
59. Цацрал, С., Майцэцэг, Ч., Б.Дармаа, Нямдаваа, П. (2011): Монгол улсад 2008-2009 онд орчилд байсан амьсгалын замын өвчин үүсгэгч вирусүүдийг хөдлөлзүйг судласан дүн, Халдварт өвчин судлалын Монголын сэтгүүл, №4(41):50-55;
60. Майцэцэг, Ч., Баясгалан, Н., Цацрал, С., Б.Дармаа, Нямдаваа, П. (2011): Мультиплекс бх-ПГУ болон R-Mix хибрид эсийн өсгөвөрийн аргаар амьсгалын замын вирусүүдийг илрүүлсэн дүн, Халдварт өвчин судлалын Монголын сэтгүүл, №4(41):50-55;
61. Майцэцэг, Ч. (2011): Амьсгалын замын цочмог халдвар үүсгэгчийг мультиплекс бх-ПГУ-ын аргаар судласан дүн, Биологийн ухааны магистрийн зэрэг горилсон нэг сэдэвт бүтээл, Монгол улсын их сургууль, Улаанбаатар, 58 х.;
62. Nymadawa, P., Maitsetseg, Ch., Tsatsral, S. (2013): Non-influenza respiratory pathogens in Mongolia: Results of multiplex real-time polymerase chain reaction (mx-rt-PCR) surveillance in 2008-2013, Proceedings of the Options VIII for Control of Influenza, (in press);
63. Нямаа, Г., Фужи, Н., Отамару, Х. ба бусад (2013): Монгол улсад 2012-2013 онд ялгасан амьсгалын замын синцитиаль А вирусийн шинэ дэд генотип, Халдварт өвчин судлалын Монголын сэтгүүл, №6(56): (хэвлэлд);

ТОВЧ МЭДЭЭ, АЖИГЛАЛТ

**АКАДЕМИЧ П.НЯМДАВАА МОНГОЛЫН ШУА-ЫН АКАДЕМИЧДЫН
15 ДАХЬ ЦУВРАЛ ЛЕКЦЫГ “ВИРҮСИЙГ СУДЛАХЫН УЧИР”
СЭДВЭЭР УНШИВ**

Монголын шинжлэх ухааны академийн дэд ерөнхийлөгч, Монголын анагаах ухааны академийн ерөнхийлөгч, академич П.Нямдаваа 2013 оны 3 дүгээр сарын 29-ны өдрийн 15 цагт Монгол-Японы төвийн лекцын танхимд ШУА-ын академичдын 15 дахь цуврал лекцыг “Вирүс судлахын учир” сэдвээр уншив. ШУА-с нийт 14 академич лекц уншисан бөгөөд анхны лекцыг 2011 онд ерөнхийлөгч асан П.Очирбат уншиж байжээ. Өмнөх 14 лекцыг ШУА-ын “Эрдмийн ундраа” бүтээлийн I-р ботид хэвлэсэн байна. Лекцыг нээж ШУА-ын ерөнхийлөгч академич Б.Энхтүвшин үг хэлэв. ШУА-ын ерөнхийлөгч Б.Энхтүвшин академич П.Нямдаваагийн тухай оюутан цагаас эрдэм шинжилгээний ажилаа эхлэж анагаах ухааны доктор, шинжлэх ухааны докторын зэргийг Герман, ЗХУ-д хамгаалсан, 2007 онд “Бүтээлийн товчоон” 11 боть гаргасан ба 2013 оны 2 дугаар сарын 5-ны байдлаар академич П.Нямдаваагийн англи хэл дээр нийтлэгдсэн 45 бүтээл Google-Scholar-ийн бүртгэлд орсон нь нийтдээ 1002 удаа, 2008 оноос хойших 5 жилд 487 удаа иш татагдсан байна. Лекцинд ШУА-ын академичид, эрдэм шинжилгэний ажилчид, ХӨСҮТ, “Гялс” онош-судалгааны төв, ЗӨСҮТ, ЭМШУИС-ын багш оюутнууд, ШУА-ын Биологийн хүрээлэнгийн эрдэм шинжилгээний ажилчид нийт 150-200 гаруй хүн оролцов. Лекц ярилцлага 2 цаг гаруй үргэлжилж сонирхолтой явагдлаа.

Л.Энхбаатар
ТҮТ

ЭРҮҮЛ МЭНД-ЭРХЭМИЙН ДЭЭД БУЯН ЗАЯА

*Миний мэдэх цорын ганц гуа
сайхан бол эрүүл мэнд мөн. (Г.Гейж)*

Хүний эрүүл мэнд гэдэг бол нийгмийн хөгжлийн хамгийн чухал үзүүлэлтүүдийн нэг. Хүн зөвхөн өвчин эмгэггүй байх төдийгүй, улс орны нийгэм, эдийн засаг, эрүүл саруул, сайн сайхан байдлын тод илэрхийлэл, нийгмийн чухам үнэт баялаг билээ.

Эрүүл мэнд бол хүн төрөлхтөний амьдралд нийгмийн баялагыг бий болгогч, хувь хүн, гэр бүлд ирээдүйн дэвшил, амьдралын баталгаа болон нийгэм эдийн засгийн хөгжил өсөлтийг хамтад нь цогцлоон бүрдүүлдэг юм.

Хүний эрүүл мэнд доройтоход, мөнгө санхүүгийн гачаалд орж, үгүйрч ядуурахад хүрч, энэ гурвалжин өнцөгдөхөөр өвчин тусч, шаналж, санааширахын гашуун зовлон, үгүйрч барагдахын аюул нөмөрдөг. Хүн төгс төгөлдөр, эрүүл саруул байна гэдэг нь толгойн үснээс хөлийн хуруу хүртэлхи бүхий л эд эрхтнүүдийн эрүүл байхыг хэлнэ.

Хувь хүн та эрүүл мэнд, амьдралаа өөрийн гараар илбэн таалж, нээж, цогцлоон бүтээнэ. Танд эрүүл байхаас эрхэм чухал зүйл юусан билээ. Эрүүл мэнд юу ч хүлээдэггүйн учирт түүнийг нүдний цэцгий мэт хайрлан хамгаалж, явах учиртай.

Анагаах ухаан, эрүүлийг хамгаалах нь аливаа улс орны хөгжлийн хурдыг тодорхойлогч үндсэн шалгуур болох нэгдүгээрт, нялхас болон хүүхдийн нас баралтыг бууруулахад, хоёрдугаарт, хүний дундаж наслалтыг ахиулахад, гуравдугаарт, айл өрхийн амьжиргаа ахуй нөхцөлийг дээшлүүлэхэд чухал үүрэгтэй салбар юм.

Анагаах ухаан гэдэг бол хүн амын эрүүл мэндийг хамгаалах, бэхжүүлэх, тэднийг эмнэлгийн тусламжаар чанартай хангах болон хүний бие махбодийг эрүүл чийрэг байлгах, үг ярианы эрүүл саруул, тайван амгалан байдал, урт наслуулахад чиглэсэн нийгэм ахуйн төгс төвшинг илэрхийлсэн нийгмийн цогцолбор арга хэмжээ юм. Анагаах ухааны амин чухал үзүүлэлтүүд, улс орны эдийн засгийн өсөлт хоёр хоорондоо энэ утгаараа шууд хамааралтай байдагаа. Өвчин эмгэг хүндэрч, ужгирснаар эдийн засгийн

дарамтанд орж, хүний бүхий л амьдралыг зогсонги байдалд оруулдаг.

Анагаах ухааны нарийн мэргэжлийн тусламж амьдралын тодорхой хугацаанд л чухал байдаг бол харин нийгмийн эрүүл мэндийн тусламж, дэмжлэг хүн бүхэнд насан туршийн бүхий л хугацааны эрэмбэд цаг, минут бүрт чухалчлан тулгамдаж, чухал хэрэгцээ болж байдаг зүйл.

Хүнийг эв эрүүл байхаас нь буюу өвчлөхөөс бүр өмнө сэргийлэх, хүмүүсийн амьдрах хэв маяг, нөхцөлд сөргөөр нөлөөлөх эрсдэлт хүчин зүйлүүдийг тайлбарлан таниулах явдал туйлаас чухал. Эрүүл мэндээ хамгаалах хамгийн энгийн үйлдлийг бага балчираасаа эхлэн хүний амьдралын туршид эзэмшүүлэн хэвшүүлэх замаар эрүүл мэндэд нь нөлөөлж чадах билээ.

Эрүүл мэнд олон талын ашиг сонирхолын уулзварт байдаг нэн эмзэг тулгамдсан асуудал.

Өөртөө халамж анхаарал тавихаас залхуурдаггүй хүн бүр зөв амьдарч чадаж байна гэсэн хэрэг.

Дэлхий дээр байгаа агаар, ус хоёр шавхагдан барагдах зүйл гэдгийг ямагт санаж хэмнэж, гамнаж төлжүүлэх шилдэг арга ухааныг ямагт эрэлхийлэх учиртай.

Ус бол биес, юмсыг холбогч, Гал- энерги болон дулаан агуулагч. Амьсгал нь бидний амьдрал.

Анагаах ухааны ажиглалтаар бол хүмүүс агааргүй бол хэдхэн хором, ус уулгүйгээр 4-5 хоног, юм идэхгүй байвал хэдхэн долоо хоног амьдарч чаддагыг нотолсон.

Нар бидэнд гэрэл өгөөд зогсохгүй, нарны эрчим хүч нь хүний эрч хүч болж хувирдаг. Гал нь энергийг болон дулааныг агуулж байдагаа.

Бид агаараас хүчилтөрөгч гэдэг бие организмын эд эс бүрийг гэжээгч бүтээгдхүүнийг авдаг. Хүчилтөрөгч цусаар дамжиж, уушгинд очоод нүүрс хүчлийг залгидаг. Хүчилтөрөгчийн дутагдалд ороход

зүрх зогсдог учир бид гүнзгий, зөв амьсгалж сурах хэрэгтэй.

Эрдэмтэн мэргэд эд эрхтнийг ургуулах арга замыг хэдийнээ олсон ч усыг орлуулах зүйлийг олоогүй байна. Амьтай, амьгүй биетүүдийг бүрэлдүүлэгч усны найрлага, өчүүхэн төдийд өөрчлөгдөхөд, тэр зүйлс үрчийж, хорчийж, атирч, өвгөрч хөгшрөн, бутарч сүүрдэг. Хөгшрөлтөөс хамгаалах хүчин зүйл нь хүний дотоод ертөнцөд оршдог.

Биеийн шингэн сайн эргэлдэж байвал эрүүл байхын үндэс тэр мөн.

Хүнийг сэтгэл нь тодорхойлдог.

Хүн бүрийн эрүүл мэндийг сахин хамгаалах, эрүүл, аюулгүй орчинд аж төрөх, хөдөлмөрлөх нь төр, нийгмийн өдөр тутмын анхаарал халамжийг шаарддаг нийгэм, эдийн засгийн эрхэм зорилтуудын нэг.

Хүн амын эрүүл мэндийн байдал нь хөдөлмөр, ахуйн болон амьдрах нөхцөлөөс ихээхэн хамааралтай тул хүн амыг ариун цэвэр-эрүүл ахуйн дадал заншилд байнга сургах нь эрхэм чухал. Эрүүл саруул амьдрахын салшгүй бүрэлдхүүн хэсэг нь хувийн ариун цэврийг чандлан сахиж, амьдралын идэвхитэй үнэт жилүүдийг нэмэгдүүлэн, өвчнөөс ангид эрүүл саруул аж төрөх явдал юм. Цэвэрч хүн эрүүл байдаг.

Эх хүн ангир шар уургаараа нялх үрсээ амалж, наад зах нь ой хүртэл боломж бололцоогоо дайчлан шавхаж, хоёр нас өнгөртөл нь эхийн сүүгээр тэжээвэл нялх хүүхэд алив өвчинд өртөлгүй тариаллаг, өнгө төгөлдөр сэргэлэн цовоо өсөж бойждог.

Хүний хөдөлмөрлөх таатай нөхцөл байдал болон амьдрах чадварыг сайжруулж, үр бүтээлтэй амьдралын жилүүдийг уртасгаснаар эмнэлгийн тусламж, үйлчилгээний зардлыг багасгаж, эдийн засгийн хэмнэлтэд хүрч болохыг амьдралын идэвхи сайтай насалсан өндөр настангуудын амьдрал жишээ баталдагаа. Амьдрах насаа уртасгах шилдэг арга нь амьдрах насаа богиносгохгүй байх явдал юм.

Богино наслахын нэгэн учир нь бүдүүн гэдсэнд хоол тэжээл удаан хугацаагаар хадгалагдаж, олон олон нянг агуулж хоргодуулдаг явдал гэдгийг байнга санаж, бага багаар идэж, сүү, сүүн төрлийн бүтээгдэхүүнээр тогтмол хооллож, хүүхэд залуучууд, бага балчираасаа эхлэн, биеийн өсөлтийн үедээ ч бие бялдараа чийрэгжүүлж, өдөр дутмын дэглэмийг

чанд сахиж, эмх цэгцтэй цэвэр, цэмцгэр амьдрахыг эрхэмлэвэл зохилтой.

Өвчин эмгэгийн уртаас урт жагсаалтын эхэнд, өтгөн мөр хуримтлагдаж, хатах явдал хүнийг зовоон шаналгадаг болохоор амьдрахын тулд иддэг гэсэн оновчтой мэргэн сургаалыг мөрдөж, өдөрт бага багаар 3-4 удаа хооллож, буцалгасан цэвэр усыг аяга аягаар ууж байгууштай.

Хүний эрүүл мэндэд ямар нэг өө сэв гарахаас нь өмнө сэргийлж байгаа бүх арга хэмжээг анхдагч сэргийлэлтэнд хамааруулж, хувь хүн, хамт олон архи, тамхинаас хол байх нь илүү зохилтой.

Өвчин зовлон, эрт хөгшрөлтийн гол буруутан нь та өөрөө, өөр хэн ч биш ээ.

Хүний эрүүл мэндийг хамгаалах хамгийн шилдэг үр нөлөөтэй арга бол түүнийг цаг мөч, өдөр тутам л бэхжүүлж, бие мах бодь, сэтгэл санаагаараа байнга эрүүл сайхан, цог золбоолог, авхаалж самбаатай байж, эрүүл мэнддээ өөрөө байнга хяналт тавьж байх явдал мөн.

Хүний эрүүл мэнд “Тэнгэрээс” бууж ирэхгүй, харин өөрийнх нь эмх цэгц, дэглэм журам, өдөр тутмын цэвэрч, нямбай үйл ажиллагаа болон ажил хөдөлмөрийн үр шимд л бүрэлдэж тогтоно. Эрүүл сайхан амьдрахад орон гэрийн амар амгалан байдал, гадаад орчин нөхцөл их чухал. Эрүүл орчинд амьдрахад хүн бүхний идэвхтэй оролцоо хэрэгтэй. Тэсвэр хатуужил нь зөв амьдрахын шалгуур.

Эрүүл саруул, элэг бүтэн амьдралыг цогцлоож чадсан хүн л жинхэнэ баян тансаг гайхамшигт ид шидтэн билээ.

Эрүүл мэндийг дэлгүүрээс худалдан авч болохгүйн учирт биеийн жинг тодорхой зохист хэмжээнд нь барьж, эрүүл саруул байх үед нь л мөнгө хайргүй зарцуулах хэрэгтэй.

Биеийн жингийн зохистой харьцаа нь биеийн өндрөөс(см) биеийн жинг(кг) хасахад 100-тай тэнцүү байх нь зүйтэй гэдэг боловч энэ түүнээс бага байвал илүү зохистой.

Нар, салхи, гол горхи, био хий ашиглаж эрчим хүчний эх үүсвэр болгож, гүний худгаар хөдөөгийн хөдөлмөрчид болон хот тосгоны захаар суурьшигчдыг хангаж чадвал хүн амын ахуйн соёл, эрүүл мэндийн байдал, эдийн засагт илт мэдэгдэм ахиц өөрчлөлт

гарч, өгөөмөр тус ач холбогдлоо түгээх учиртай. Хүн төрөлхтөн цаг уурын өөрчлөлт, дулаарлын өмнө хүчин мөхөсдөж, хавар, намартаа шороон шар шуурга түйрэнд өртөх нь ихэслээ.

Эрүүл байхын тулд зөвхөн хүсээд зогсохгүй, чухам өнөөдрөөс эхлээд алхаагаа түргэсгэж, шогшиж, гүйж, ухаан бодлоо уралдуулж ажиллах хэрэгтэй.

Өвчнийг эмчилнэ гэдэг нэг л удаагийн үйлдэл, өвчнөөс сэргийлнэ гэдэг насан туршийн өдөр тутмийн асуудал.

Монгол хүний дундаж нас 68-д хүрч байна. Хүмүүс цагаасаа эрт үхэх учиргүй, тэдний амьдрал үр бүтээлтэй, өөрийн насандаа толиотой сайхан байж, хүндэтгэлтэйгээр амьдрах жамтай. Хэдийгээр эрүүл байх нь хүний эрх ч гэлээ түүнийг тийм ч хялбар эдэлдэггүй. Хүний бие махбод эмзэг бөгөөд хүрээлэн байгаа орчны зүгээс эрүүл мэндэд нөлөөлөх улам нэмэгдсээр байна.

Эрүүл мэнд нэн ялангуяа амьсгалын гол эрхтэн уушгины дайсан хөнөөлтэй тамхинд орж улмаар, дасах, садар самуун, зугаа цэнгэлд автах, хар тамхинд донтох, хот суурин газрын агаар бохирдож, зүрх судасны өвчинд даралт ихсэх, сэтгэл санааны дарамтанд ороогдож, хооллолтын буруу дэглэм, байнга их идэх, эсвэл өлөн зэлмэг явах, шорвог зүйл ихээр хэрэглэж, ундны усны чанарын гачаал болон төрөл бүрийн халдваргүй өвчнүүд нь цагаасаа эрт хөгшрөхөд нөлөөлж, вирус, нян, мөөгөнцөрийн гаралтай шавьж мэрэгч, цус сорогчоор дамждаг халдваруудын гаралт дахин сэргэж идэвхижих мэтийн эмзэг тулгамдсан асуудлууд бидний сэтгэлийг зовоох боллоо. Хорвоогийн юм бүхэн ашигтай байх албагүй.

Өвчин үүсэхэд нөлөөлж буй хүчин зүйлүүдийг яаж бууруулах вэ? Цаашид эрүүл мэндээ хэрхэн тогтоон хадгалах вэ? гэсэн асуудалд онцгой анхаарах хэрэгтэй. Хэд хэдэн хүчин зүйл нөлөөлж, нэг өвчин үүсгэдэг байхад нэг хүчин зүйл хэд хэдэн өвчин, эмгэгт байдал үүсгэх шалтгаан буюу хүчин зүйл болдог ч тохиолдлууд бий.

Эрүүл мэндээ байнга бэхжүүлж, амьдрах чадварыг улам илүү баталгаатай болгоход нөөц боломжийг ашиглавал зохино.

Эрүүл мэндийн арга хэмжээг өвчинд чиглүүлэхээс илүү хүмүүс, тэдний сайн сайхан байдал аливаа өвчнөөс урьдчилан сэргийлэх чиглэл болох нийгмийн

эрүүл мэндийн асуудалд анхаарлыг төвлөрүүлэх ёстой. Зарим хүмүүс өвчин эмгэг, зовиур шаналгаагаа тоохгүй явсаар ужгирч архагшихаас болгоомжилж, эв эрүүл байхаасаа эхлээд эмх цэгц, хувийн ариун цэврийг өдөр тутам сахих хэрэгтэй.

Хүн өөрийгөө хянан жолоодож, эрүүл мэндээ сайжруулахын төлөө гэр бүл, хамт олон, улс түмэнтэйгээ хамтран өөрсдөө хийж чадах, боломж болоцоогоо улам бэхжүүлж, эрүүл аж төрөх зан үйлийг дэмжин урамшуулах хэрэгтэй.

Эрүүл мэндийг хамгаалах гэдэг нь эрүүл мэндийн асуудлаар хүний ойлгож мэдэх, сурч боловсрох үйлст шинжлэх ухааны дэвшил болон бусад мэдээллийн тус нэмэр болж чадах бүхнээр хүний хэрэгцээг хангах хэрэгтэй. Мэднэ сурна гэдэг бол ялан дийлнэ гэсэн үг.

Эцэг эх нь хүүхдэдээ вакцин хийлгэхийг хүсч, эрүүл мэндийн төвүүдэд авчирдаг болгож сургаагүй цагт дэлхий дээрх бүх вакцин ч хүүхдийн халдварт өвчнийг устгаж чадахгүй.

“Эрүүл мэнд” гэж хүн өвчин эмгэггүй байх төдийгүй нэгдүгээрт, бие бялдар, хоёрдугаарт, оюун ухаан, гуравдугаарт, сэтгэл санаа, үг ярианы соёл болоод нийгмийн амьдралын сайн сайханы цогц бүрдэлийг хэлнэ.

Нийгмийн эрүүл мэнд нь:

- Биемахбодь, эд эрхтэний эрүүл мэнд
- Оюун санааны эрүүл мэнд
- Сэтгэхүйн болон сэтгэл хөдлөлийн эрүүл мэнд гэж гурав хуваагдах ба эдгээр нь харилцан өөр хоорондоо нягт хамааралтай олон хүчин зүйлсээс нөлөөлөгдөж байдаг.

Бие, организмын энергийн төв нь алганы яг гол цэгт байрладаг гэж үздэг. Энерги өөрөө эрч хүч, юмс үзэгдлийг энергижүүлж байдаг далд нарийн бүтцүүдийг судалдаг ухааныг эзотерик ухаан гэдэг. Сэтгэлийн баясал, баяр жавхлангийн энерги нь амжилт бүтээлийг дууддаг бол сэтгэлийн зовнил нь уур бухимдал, өвчин эмгэг үүсгэх гол шалтгаан болдог.

Бие эрүүл бол сэтгэл тайван, сэтгэл эрүүл бол бие махбодь амгалан.

Бясалгал, йогын бясалгал дасгалуудыг байнга хийснээр хувь хүний амьдралын хэв маяг өөрчлөгдөж,

анхаарал төвлөрөх нь идэвхжиж, амар тайван нигүүлсэн болоход сайн нөлөөтэй. “ Хүн сэтгэлээрээ, мал ходоодоороо гэдэг” гэдгийг санаж, тал хөндий шигээ уужим тайван байж, өглөө эртлэн босч, уулын орой ширтэж бай.

Хүн бүрт зургаадах мэдрэхүйн зөн совин гэж байдаг. Зөн совин зүүдээр илрэх нь илүүтэй. Иймд сонин гайхам, хар дарам зүүдээ манаж байхад юу нь буруу гэж.

Далдыг мэдрэх: Зүүд ямар байна хүний сэтгэхүй тийм л байдаг. Хүний сэтгэл сайхан байхаар сайн энерги гаргадаг. Сэтгэл зовнил нь өвчин үүсгэх гол шалтгаан болдог. Уур хилэн гэдэг бол бие мах бодь, сэтгэлийн хулгайч албин чөтгөр. Сэтгэлийн хөөрөл уур бухимдлыг төрүүлдэг.

Эрүүл мэндэд нөлөөтэй хүчин зүйлсэд

- Хувийн ариун цэвэр
- Байгаль цаг уурын хүчин зүйлс
- Биологи, хими, физикийн хүчин зүйлс
- Гадаад орчны нөлөө

Дөрвөн улиралдаа зохицуулж хувцаслах, зөв хооллох , өөртөө тохирсон жингээ барих зэрэг хүчин зүйлүүдэд санаа тавьж, хүний бие байгалиас заяахдаа явган явахад илүүтэй зохилдсон гэдгийг хэзээ ч мартаж болохгүй.

Хүний эрүүл мэндэд гурван хүчин зүйл илүүтэй хамаардаг.

1. Амьдралын хэв маяг-70 гаруй хувь
2. Гадаад орчны нөлөө-15%

3. Эмч, эмнэлгийн хүчин зүйл-10%

Хүний эрүүл мэндийг өвчин эмгэгийн төвшингээр нь:

- Цоо эрүүл хүмүүс
- Харьцангуй эрүүл хүмүүс
- Ээнэгшил бүхий архаг хууч өвчтэй хүмүүс
- Өвчинд өртөж, эрүүл мэндээ алдаж буй хүмүүс
- Хэвтэрийн буюу хүнд өвчтэй хүмүүс гэж таван зэрэглэлд хувааж үздэг.

Монгол хүн бүрийн эрүүл мэндийн асуудал нь хөгжилтэй гадаад орнуудын хүний эрүүл мэндээс хэзээ ч хоцрох учиргүй, ав адилхан эрхэм нандин үнэт, зүйл билээ. Өвчин хэлж ирдэггүй ч, дохио зангаа өгч, сэвэлзэж шивнэж ирдэг.

Уушиг, ходоод, элэг-цөс-дэлүү, зүрх, бөөр нь хүний таван цул эрхтэнд ордогоо.

Өвчтэй хаанаас, эрүүл гуйлгачин дээр гэх хэлц тархсан нь эрүүл байх нь хамгийн дээд жаргал болохыг таниулах гэсэн хэрэг буй заа.

Эрүүл энхийн нэгэн жаргалан. Нэг өдрийн амгалан - түмэн жаргалангийн үүд. Элдэв өвчнөөс сэргийлж, идэр биеэ хамгаалан, боловсон эмнэлгийг шүтэж үүрд эрүүл яв. Бодисын дотор хүний эрүүл бие юутай гайхамшиг Дашдоржийн Нацагдоржийн эдгээр тансаг шүлэглэлийг цээжлэж, амьдралдаа хэрэгжүүлж, амьдармаар.

**Анагаах ухааны доктор, дэд профессор
Н.Цэнд**

АЛТАЙН УУЛСАД ТАРВАГАН ТАХАЛТАЙ ТЭМЦСЭН МИНЬ

Ховд аймгийн Дарви сумын “Мөрөн” багийн “Музан-Хөшөөт”-ийн буюу “Сутай хайрхан” нутгийн уугуул. Ховд дахь Багшийн Дээд Сургуулийг биологи-химийн багш мэргэжилээр дүүргэсэн.

Говь-Алтай аймгийн “Тонхил” сумын нутаг “Угалзын нуруун”-ы суурин судалгааны бааз дээр БГХӨСҮТөвийн мэргэжилтэн нарын дагалдангаар ажиллаж байсан. 1994 онд Гоц халдвартын биологичийн мэргэжил олгох дамжаа дүүргэж БГХӨСудлалын биологичийн мэргэжил эзэмшсэн.

Ховд аймгийн БГХӨСТөвд тасралтгүй 26 дахь жилдээ ажиллаж байна. 1998-1999 онд тус байгууллагын даргаар ажиллаж байсан. Одоо Ховд аймгийн БГХӨСТөвийн шимэгч судлагчаар ажилдаг ба Ховд Их Сургуулийн Байгаль шинжлэл технологийн сургуулийн докторант.

Ардын хувьсгалын 70 жилийн ойн медаль. “Эрүүл мэндийн тэргүүний ажилтан” цол, тэмдэг, “Ховд аймгийн хүндэт иргэн” цол тэмдэг, “БГХӨСТөвийн” хүндэт тэмдэг, “Ардчилсан хувьсгалын 20 жилийн” ойн медаль, залуу үеийг халамжлан хүмүүжүүлэгч цол тэмдэг, “ЭМЯ-ны хүндэт жуух”, дипломууд болон баярын бичгүүдээр тус тус шагнагдаж байсан.

Хийж гүйцэтгэсэн үндсэн ажил үйлчилгээ: Байгалийн голомтот өвчний голомт хяналтын шинжилгээний 25-30 хоногын экспедицид 71 удаа, ДТ гесхлоран дустаар хийсэн шимэгчгүйтгэлийн ажилд 3 удаа, 1993 онд Мөст сумын “Тахайн толгой”-д гарсан тарваган тахлын уушигний хэлбэрийн дэгдэлт, 1995 онд Манхан сумын “Хүрт”-д гарсан булчирхайн хэлбэрийн тарваган тахал, 1995 онд Үенч сумын “Ганц харгайт”-д гарсан булчирхайн хэлбэрийн тарваган тахал, 1998 онд Мөст сумын Могойн харын “Бураат”-д гарсан булчирхайн хэлбэрийн тарваган тахал, 1998 онд Булган сумын төвд гарсан тарваган тахлын уушигны хэлбэрийн дэгдэлт, 1999 онд Булган сумын “Доод нарийн”-д гарсан булчирхайн хэлбэрийн тарваган тахал зэрэгт ойролцоогоор 1987-2011 онд бүгд 2025 хоног буюу 5 жил 6 сар хөдөө хээр, халдвар хамгааллын хатуу хяналт, тусгаарлагдмал орчинд ажиллаж байв.

Байгалийн голомтот өвчний голомт хяналтын шинжилгээгээр 37 411 хөхтөн амьтад болон шувуудаас

697 072, мэрэгч туулай хэлбэртний 3 952 2119 нүхний амсарт үзлэг хийх замаар 2117, мэрэгч туулай хэлбэртний 252 ноохойноос 10008 гадны шимэгч тус тус цуглуулан судалж, нян судлалын шинжилгээнд хамрууласнаас байгалийн голомтот өвчний 42 нянгийн өсгөвөр илэрчээ.

Эрдэм шинжилгээ, судалгааны ажил: 2002 онд Ховд Их Сургуулийн биологийн тэнхимд магистрантурт суралцаж биологийн ухааны магистрын зэрэг хамгаалж, 2003 онд “Монгол-Алтайн хоёр зүйл тарваганы эктопаразитын судлагаа” 5.6 хэвлэлийн хуудас нэгэн сэдэвт бүтээл тууривж, БГХӨСҮТөвийн дэд захирал биологийн ухааны доктор (PhD) Д.Цэрэнноровоор, 2009 онд “Ховд аймгийн байгалийн голомтын 14 өр голомтонд 1981-2006 онд хийгдсэн голомт хяналтын шинжилгээний шимэгч судлалын ажлын бүх тоон үзүүлэлтүүдийн түүвэр” 32.1 хэвлэлийн хуудас бүтээлийг тус аймгийн БГХӨСТөвийн дарга биологийн ухааны магистр А.Оюунчимэгээр, 2010 онд “Ховд аймгийн байгалийн голомтот өвчин судлалын товчоон” 39.2 хэвлэлийн хуудас бүтээл тууривж, БГХӨСҮТөвийн дэд захирал биологийн ухааны доктор (PhD) Д.Цэрэнноров, БГХӨСҮТ-ийн микробиологийн секторын эрхлэгч, их эмч, анагаах ухааны доктор (Ph.D), клиникийн профессор Ж. Мягмар нараар редакторлуулж хэвлүүлсэн.

Эрдэм шинжилгээ судлагааны ажил хийж, эрдэм шинжилгээ, онол практикын 40 орчим илтгэл өгүүлэл бичиж, гадаад дотоодын мэргэжлийн хэвлэлд нийтлүүлэн судлаачдын хүртээл болгосон.

ХААИС-ийн Ховд дахь салбарын багш Ц.Сэрвэдийн бичсэн “Мал эмнэлгийн микробиологи” номыг хянан тохиолдуулсанаас гадна Ховд Их Сургуулийн биологийн төгсөх ангийн 6 оюутны баклавын ажлыг удирдаж хамгаалуулсан.

Гадаад дотоодын байгалийн голомтот өвчин судлаачид ба биологчид Монгол-Алтайд тэмдэглээгүй *Ceratophyllus vagabundus Boheman, 1865*; *Rhadinopsylla li ventricosa Ioff et Tifl, 1946* гэсэн 2 зүйлийн бүүрэгний тархалтыг шинээр тэмдэглэсэн ба Монгол-Алтайд алтайн хар тарвага (*Marmota baibacina kastchenko, 1899*)-ыг гадаад дотоодын тарвага судлаачид Баян-

Өлгий аймгийн нэр бүхий 11 Ховд аймгийн 2 сумдын нутаг нийт 13 сумын нутагт тархсан гэсэн дээр нэмж Ховд аймгийн Булган, Мянгад, Увс аймгийн Өмнөговь сумын хэсэгхэн газар нутагт энэ зүйл тарваганы шинэ тархалт байгааг тогтоогоод энэ тухай мэдээ нийтлэлийг гадаад дотоодын мэрэгжилийн хэвлэлд хэвлүүлэн тарвага судлаачдын сонорт хүргэсэн.

ХИС-ийн биологийн тэнхимийн багш оюутнуудтай хамтран 2007 онд Их нууруудын хотгорт тарвага нутагшуулах оролдлого хийж байсан.

Дурсамж: Миний нэг багш *Homo sapiens* хэмээх нэгэн зүйл амьтан нь мод тарьж, хүүхэд асарч, бичиж туурваж онтогенез (нэгэн биеийн хөгжөлөө) хөгжөлөө дуусгадаг. Мод тарих гэдэг нь өнгөтэй өөдтэй амьдрах гэж нийгэмд хөдөлмөрлөн, гэр орон, ахуй амьдралаа өөд нь татах, хүүхэд асарч гэдэг нь үр төлөө үлдээж, тэднийгээ өсгөж сургууль соёл төгсгөж, нийгэмд бие хүн болгох, бичиж туурвах гэдэг нь өөрийнхөө түүхийг үлдээж цаасан дээр нэртэй, цасан дээр мөртэйгээр насыг элээхийг хэлдэг жамтай гэдэг байж билээ.

1989 онд Угалзын нурууны суурин судалгаанд дагалдангаар ажиллаж Ж. Батболд (Ph.D), Б.Дэмбэрэл, Д.Цэрэнноров (Ph.D), 1994 онд Улаанбаатар хотод ГАХӨЭСТөвд гоц халдвартын биологчийн олгох курс хийж Ж.Дэмбэрэл, З.Адъяасүрэн (Ph.D), А.Баваасан, Л.Гоогормаа (хүний гавьяат эмч), Д.Цэрэнноров (Ph.D), Ж.Мягмар (Ph.D) нараас гоц халдвартын чиглэлээр их зүйлийг сурч мэдэж авснаар өнөөдрийг хүртэл тус байгууллагад 25 жил тасралтгүй ажиллаж амьдарч явна. Эдгээр нэр хүндтэй багш нараасаа гадна Говь-Алтайн Гүнд ах (БГХӨСТ-ийн дарга), Баянхонгорын Бямбаа эгч (БГХӨСТ-ийн амьтан судлагч) болон системийн байгууллагын хөдөлмөрч олон найз нөхөд ах эгч дүү нарыгаа хүндэлж бичиж туурвиж хэвлүүлсэн зүйлийг нь уншиж, тодорхой чиглэлүүдээр санал бодлоо солилцож хамтран ажиллаж байгаадаа баяртай явдаг.

Шинэ ажилд ороод 2 дахь удаагийн шинжилгээнд гарлаа. Ховд аймгаас гарч замдаа Даян пан өгсөж хоноод Мөст, Алтай, Цэцэг 3 сумийн зуслан нутаг Ангиртын голын Нарангийн амны Хортын ам хэмээх зүлэг ширэгтэй тунгалаг урсгалтай голын дэргэд эрт ирж буудлан байрлав.

Гурван хантай 3 жижиг гэр, 1 майхан барьж, түүнээс арай зайдуухан газар сонгон нэг том гэрээр

лаборатори хийж дэргэд нь бэлтгэмэлчийн 1, анчидын 1, зараскын 1 платка барьж, тэр оройдоо халдвартай ба сэжигтэй материалын нүх ухаж, жартаа татаж их л наргиантай зугаатай байсныг санаж байна.

Маргааш нь агнан бэлтгэгч нар андаа гарлаа. Үлдсэн бид нар лабораторио тохижуулж бас бус зүйлийг хийлээ. Би самналтын протоколь шугамдаж бэлдэв. Бүүрэг тодорхойлох бичгээ барьж голын хаяанд уншиж, бүүрэгийн ангилал зүйн чухал шинжүүдийг зургаас харж цээжилэн өдрийг өнгөрөөв. Оройхон агнан бэлтгэгч нар ирэв. Халдвартай ба сэжигтэй материал хадгалах байрны хаалгаар очиж харлаа. Маш олон материал (тарвага) ирсэн байв.

Өглөө нь босож цай ундаа ууж дуусаад амьтан судлагч Ш.Гантөмөр, пара-лаборант Г.Ганчулуун бид 3 зараскад орлоо. 5 анчны агнасан 120 тарваганд орж нилээд чилж гарч ирээд лабораторит ортол их эмч Х.Баатар, бак-лаборант С.Батнасан нар чи хүлээж бай! Цайгаа ууж ирээд бүүргээ тодорхойлж өдөрт нь багтааж нян судлалд өг гэлээ. Удалгүй ирж бүүрэгээ тодорхойлох гэж нилээд удаж арай хийн нэг юм дуусгаад гарч иргэл тарвага өвчих ажилтай боллоо. Ингээд тарваган тахлын хамгаалах өмсгөлтэй өдрийн турш тарвага өвчиж эхлэв.

Тэр өдөр орой нар жаргатаал сууж 3 тарвага өвчив. Хүмүүс тус тусын өвчсөн тарваганы арьсаа байгууллагын дарга асан Л.Загдаа, ЭМГ-ын дарга Адьца нарт шалгуулан тэлж байв. Миний өвчсөн тарваганы арьсыг шалгах ээлж ирж би 3 арьсаа аваачиж дэлгэж үзүүлтэл пөөх нөхөөр! чи өдөржин сууж хийсэн ажил чинь энэ үү гээд 9 удаа цоолсон арьсыг дэлгүүлэн бариулж зогсоогоод загнаж гарлаа. Намайг өвчиж чадлахгүй нөхөр байна гээд өөр ажилд томилж өгөөсөө гэж бодож зогслоо. Гэтэл өвчиж сур маргааш ингэж нэгч цоолж болохгүй гэлээ. Маргааш нь маш их хичээж байгаад 5 тарвага өвчив. Дээд тал нь 3-4 цоолов. Энэ мэтээр өвчсөөр байгаад дараа жил нь 9 минутанд 1 тарвага өвчдөг болж сайжирсан шүү.

Тэр үед аймаг бүрийн гоц халдвартынхан өндөржүүлсэн зохион байгуулалттай ангийн бригад гэж гараад агнан сийрүүлэлт буюу мэргэчгүйтгэл хийх замаар тарваган тахал түүнтэй хам тохиолдох байгалийн голомтот өвчний шинжилгээ хийхээс гадна тарваганы арьс, мах, өөх тосыг нь бэлддэг байсан юм.

АУДЭС төгсөж ирээд надтай нэг тушаалаар томилогдож ирсэн Ч.Одонгэрэл эмч маань тарвага

өвчих зуураа би эмч болж цагаан халат өмсөөд ажлаа хийнэ гэж бодож байснаас биш тарвага гэж ийм заваан балиар амьтныг өвчөөд сууна гэж бодох нь бүү хэл зүйдлээ ч үгүй гэж их л гомдолтой ярьж байж билээ. Өнгөрсөн нийгэм хүнээр юм нийлгэж сургаж, биеэ дайчилах чадвар эзэмшүүлж байсан юм шүү.

Нэг өдөр, урьд өдөр нь их бороо орсон тул халдвартай ба сэжигтэй материал хадгалах байранд цөөн тооны тарвага байсан тул би анчдыг даган тарваганд явах боломж олдов. Ангиртын голын хөндий уруудан явсаар нэг уулын ам өгсөж нилээд яваад машинаас бууцгаав. Анчин Ж.Нямжав 25 сумтай Төз-8 маркын калибр буу өгөв. Сумаа тоолж халаасандаа хийж нярав Н.Халамия ахыг дагаад уул өөд өгслөө. Гэтэл Халамия ах чи миний тарвага үргээнэ. Чи өөр тийш яв гээд хөөж байна. Салаад өөр тийш явлаа.

Хад чулуу, өвс ургамал ажиглан гайхаж явтал энд тэнд тарваганууд хошигноод бөөн юм боллоо. Харж байтал нэг шар үнэг харайж явна. Дагаад хөөлөө. Үнэг зогсох бүрийд нь хэвтэж, сууж хэд хэд буудлаа. Хаачсан нь мэдэгдэхгүй алга боллоо. Уулын оройд гараад ирсэн байв. Нилээд амарч суулаа. Босож уул нуруулдаж тарваганы уугаар тарвага даллаж явлаа. Өнөө хошигноод байсан тарваганууд бүгд алга. Явж их хад асгатай газар ирэв. Мярраж гэтэж өдөржин яваад 2 мөндөл агналаа. Хоосонгүй юм чинь гэж бас баяртай байлаа. Буцаж уул нуруулдаж явсаар уулын ам уруудаж буугаад манайхан дээрээс энэ хөндий уруудан орж ирнэ гэж нилээд хүлээж хэвтэж байгаад унтаж орхижээ. Нэг сэрсэн чинь нар юу юугүй жаргах дөхөж байна. 2 ууттай мөндөлөө машины яг улаан зам дээр тавиад араас гүйцээд ирнэ гээд алхсаар нэг айлын ойролцоо ирэв. Хөлөө усанд угааж нилээд суулаа манайхан сураг алга. Гэдэс их өлсөж байна. Гадуур хувцасаа тайльж тавиад айл уруу алхаж орвол эмгэн өвгөн 2 байна. Мэнд усаа мэдэлцлээ. Тараг хийж өглөө. Дараа нь шөлтэй хоол идэж байгаад манайхан дээш өнгөрөөгүй биз гэлээ. Гэтэл айлын өвгөн хүү минь танхайхан их оройтолгүй буцдаг даа. Өнөөдөр оройтоод байна. Шөнө боллоо. Хүү минь чамайг нааш явсаныг танайхан харсан уу? Хараагүй бол чамайг цаадуул чинь хүлээгээд, чи энд идэж, уугаад суугаа юм биш биз гэнгүүт гараад алхаж, хувцасаа өмсөж аваад буугаа бариад буцаад алхалаа. Шөнө болж одод тэнгэрт түгжээ. Айсан хүнд аргал хөдлөнө гэгчээр хад чулуу хөдлөөд байгаа юм шиг харагдаад, үнгэлцэг хаграхнээ. Зарим үед буудаад

таарсан усын бакиал гутлаараа туулаад алхаад байлаа. Уулын ам өгсөж нилээд дээр гарлаа. Алсад дэнж дээр шөнийн харанхуйд айлын хаалга онгорхой байгаа нь тод харагдаж байлаа. Дууяа ахаа гэж хэд хэд ориллоо. Тэгтэл машин асаж хүрч ирлээ. Шөнө хаана тэнээд явдаг хар дурак бэ? гээд Дууяа ах загнаж байна. Тарвага алж явлаа гэж хэнэгч үгүй хариулав. Хуц дурак минь шөнө чамд алагддаг тарвага гэж юу байдаг юм дуугай бай! дээр гараад суу ядаг хар дурак вэ! гэж заналаа. Шөнийн 02 цаг өнөрч байлаа. Айлын гадаа иртэл манайхан бөөнөөрөө гарч ирээд зогсож байна. Бүгд машинд суулаа. Зарим нь эргүү, тэнэг амьтан гэнэ, зарим нь за яах бэ амьд байсан яамаа гэнэ. Ингэж байцаалгаж загнуулж явтал гайтай машин шаварт сууж, чамаас боллоо мангар пацаан минь явж чулуу олж ир гэж шөнөжин чулуу зөөлгөв. Үүр цайж байхад шаварт суусан ГАЗ-66 машинаа арай гэж шавраас гаргав. Ирээд жаахан хэвтэж өглөө 7 цаг өнгөрч байтал хэргийн эзэн бос эрт зараскадаа ор. Эртхэн тарвага өвчиж эхлэнэ гээд босголоо. Нүүр гараа угааж гэрт ортол миний тухайн бөөн яриа. Энэ мангар нөхөрийг дахиж дагуулж явахгүй. Алга болж хүн хэрэгт хийх мангар бацаан байна. Эндээс холдуулж болохгүй нөхөр байна энэ тэр гээд баахан юм ярьцгаана би ичиж хам хум цай уугаад ээлжит ажилдаа орлоо. Өдөржин шөнжин алхсан бүх бие буларчээ. Нуруу хөшөөд хөлийн булчин өвдөөд арай гэж тарвага өвчиж байхад чи гавъяа байгуулсан биш, дээш хараад хэвтээд байлгүй хурдан тарвагаа өвч гэж загнуулан байж хэдхэн тарвага өвчив.

Бүтэн сар тарвага өвчиж бүүргээ тодорхойлж сураад буцаж ирж байлаа. 24 настай төгсөж энэ хамт олны дунд орохдоо над шиг анчинд алагдсан 2 гэнэн мөндөл шиг өрөвдмөөр, бас гэнэн тэнэг амьтан байждээ би.

Хэд хэдэн тарваган тахлыг голомтонд ажиллсан юм. Тэдгээрээс заримыг нь дурсаж бичмээр санагдлаа. 1995 онд Манхан сумын Хүртын нуруунд хүн халдвар авч өвчлөөд тэнд их эмч Х.Баатар, Лаборант Х.Цэндсүрэн, ариутгагч Ч.Баймурат, Э.Мөнхнасан бид ажиллаад буцаж ирээд удаагүй байтал дахин дуудлага ирж, их эмч Д.Дашравдан, ариутгагч Ч.Баймурат, жолооч Г.Дуламсүрэн ах, бид эмнэлгийн эмгэг анатомын туслах ажилчин Б.Даваажав, эмгэг анатамич их эмч Б.Оюунчимэг, халдвартын их эмч Оюунцэцэг бид Үенч сумын “Ганц харгайт” очиж ажиллав. 8 настай хүүхэд тарвага өвчих явцдаа

халдвар авч нас баржээ.

Шарилыг нэг майханд үлдээж, Ах дүү 2 айлын гэрийг уулнаас доош зөөж голын хаяанд авч ирж барих хэрэгтэй болж (машин очих ямарч боломжгүй газар, ачаалж зөөх машин ч байхгүй) тэр айлын хүмүүстэй манай хэд тахлаас хамгаалах нэг дүгээр зэргийн өмсгөлтэйгээр гэрийг зөөж, би сумын төвд холбоо барьж сумын дайчлах төлөвлөгөөг хэрэгжүүлэхээр болов. Утсан холбоо барих ямарч боломж байхгүй. Талдаа 90 гаруй км уул хаданд давхиж сумын төв ороод сумын ОК-ыг (онцгой комисс) хуралдуулж 1 ба 2 дугаар хавьтлуудыг маш хурдан олох, пост эргүүл, манай хүмүүст орон байр, хоол хүнс, төвд байдлын тухай мэдээ дамжуулж зааварчлгаа авах гэсээр байтал шөнө дунд боллоо. Буцаад иртэл өглөө болж наацанд 2 туйл нь тод харагдсан савханцар харагдлаа. Урьдчилсан байдлаар тарваган тахлын булчирхайн хэлбэр гэсэн онош аваад буцаад сумын төв дахилаа. Мэдээгээ өгч 1 ба 2-р хавьтал эм тариа, шарил чиндарлахад шаардлагатай материал энэ тэр гэсээр байтал үд хүрч буцаад очлоо. Шарилаа чандарлаж, (тэр үед Д.Дашравдангийн эхнэр манай эхнэр хоёр жирэмсэн юу юугүй амаржих дөхсөн байлаа. Дашка маань намайг дуудаж байна. Очтол сум ороод 2 гэрлүүгээ яриарай нөгөө 2-ын биеийг асуу, энэ талийгаач охин танай Заяа, манай Гэрэлээ 2-той чацуу юм байна. Найз нь яаж чандарлана даа. Нүхий нь ухаж дуусаад, 100 татчихаад л чиний авч ирсэн шатаах зүйлсийг хийж байгаад дээр нь шарилыг авч ирж байрлуулаад галтай бамбар шидхээс гэж байж билээ. Бид 2-ын эхнэрүүдийн хэвлийд байсан 2 одоо 9 дүгээр ангид сурч байна) тэр хавьд байгаа 1-р хавьталуудыг нэг майхан татуулан тусгаарлаж байтал нян судлалын анхны хариу тарваган тахлын булчирхайн хэлбэр гэсэн онош гарч дахин сум давхилаа. Гэх мэт 2 талдаа давхисаар 72 цаг гаруй явж ирлээ. Хамгийн сүүлд ирэхдээ Үенчийн цэргийн ангиас нэг богино долгионы радио станцтай 2 цэрэг авч ирэв. Тэр 2 цэрэг ээлжлэн 2 цаг тутамд уул өөд гарч мэдээг суманд сум аймагт дамжуулдаг болов.

Ажил нэлээд цэгцэрсэн учир жаахан унтах санаатай хадны ёроолт тавьсан пүүгээгээ задалтал голдоо ортол норчихсон хамгийн дотор нь байсан дэвсээ даавууг гаргаад мишигтал ус гоожиж байж билээ.

Маргааш нь тэр орчимоос лабораторит тарваганы

үхдэл олж авч ирж өгөхөөр явлаа. Харгайтын гол уруудаад явж байтал яг үхэх гэж байгаа тарвагатай таарлаа. Үхэх хүртэл нь ажиглаж суулаа. Тэр үед дижитал зургийн аппарат байдаг байсан бол гэж одоо боддог юм. Дахин тахлаар үхэж байгаа тавагатай тэгж таарахгүй шүү дээ. 2 цаг орчим ажиглан харсан юм даг. Тэр тарваганы хөдөлгөөн нь удааширч, ам, хамраар нь хөөстэй цус гарч, ургашаа явах гэж тэмцэвч биеэ дааж явж чадахгүй дэмий л газар самардан хөлөө сарвааж, хойт 2 хөлөөрөө шороо хойш нь тээж, урд 2 хөлөөрөө шороог ургаш хойш тээсээр толгойгоо даахгүй болтолоо хөдлөж байгаад түргүүлээ харсан чигээрээ, хошуугаараа газар хатган нам болдог юм билээ. Хөдлөхгүй нам үхсэний дараа халдвар хамгааллын зааврын дагуу уутанд хийж хаяг зүйлт бичин лабораторит авч ирж өглөө. Маргааш орой нь халдварын I бүсэд хоол хүргэж өгөх үед манай Дашка, (Д.Дашравдан эмч минь) Мөнхөө минь чамд маш их баярлсан шүү. Нөгөө үхдэлээс чинь маш гоё цэвэрхэн өсгөвөр илэрлээ гэж байсан юм.

Үенч сумын зуслан Мухар нарийнд отряд байралж байлаа. Зараскад ороод гарч ирээд хамгаалах өмсгөлөө тайлж байтал хажуу уулын энгэрт нилээд дээр бүргэд тарвага идэж байна. Г.Ганчулуунаа тэр бүргэд идэж байгаа үхдэл аваад ир гэтэл чи яв. Хоёулаа явъяа гээд байна. Бид 2 хуруудлаа. Ганаа ялагдаж явахаар болж нэг тарваганы уут аваад залхуутайн аргагүй тамхиа суунаглуулан алхаж байна. Би самналтын протоколоо хатаагаад, бүүрэгээ лаборторит оруулж тавиад, хувцасаа тайлж дуусаад гараа угааж, тамхи асааж суугаад харсан чинь манай Ганаа тарвага идэж байгаа бүргэдний нилээд наана надаас холгүй очоод сууж байна. Чи хурдал даа! наад бүргэд чинь тарвага идээд дууслаа гэтэл чи хүрээд ир гэнэ. Яваад очлоо. Амьсгаадан ханайлгаж бүргэдэнд дөхөөд очтол бүргэд нисээд явлаа. Очтол толгой, нурууны яс, арьс л үдэжээ. Түүнийг тарваганы уутанд хийж аваад бид 2 уулнаас буулаа. Чи заавал намайг дуудаад их гайхуулж байнаа гэтэл би тэр бүргэдээс чинь айгаад байсан юм. Нисч ирээд агадвал яана гэж манартдаг байгаа. Тэр зэмнээс тарваган тахал илэрсэн юм.

Цэцэг сумын Шаврын голд отряд гарсан байлаа. 2000 оны хавар цаг. Бид буух дөхсөн байв. Миний бие сумын төв орж буцах бензин шатахуун зохицуулах, аймагтай ярих ажил байв. Манай шинжилгээний багийн ойролцоо дуудлаганд ирсэн сумын эмчийн машинд дайгдан сум орж ажлаа амжуулаад голомт

хяналтын эмч Түмэннасангай мотоциклээр хамт буцах болов. Шинжилгээний багийн байр орох дөхөж явтал 2 бүргэд тарвага идэж байна. “Иж палета-5” мотоцикл хөх утаа суунаглуулан газар өөд өгсөж давхиад очлоо. Тарвага идээд бараг дуусчээ. Толгойн ястай арьс байна. Авах гэтэл хийх уут байдаггүй. Хаяад явахад хайран санагдаад мотоциклын ачлуурт ороож бүсээ урж боогоод авч ирж зараскад оруулав. Түүнээс тарваган тахлын өсгөвөр илэрч билээ.

Булган сумын төвд уушигний хэлбэрийн тарваган тахлаар 5 хүн өвчилж 3 нь нас барж, биднийг очиход амьд байсан 2 нь эдгэрч билээ. Энэ голомтонд БГХӨСҮТ-ийн их эмч З.Адьяасүрэн (Ph.D), Ангар нар ирж ажилаад илэрсэн 5 өсгөвөрөө аваад буцах болж, манай лабораторийн хэд дээр ирээд, Хэнд ямар тамхи байна. За хамаагүй ороодог байсан ч болно гээд сонинд тамхиа ороож татах зуураа за нөхөд минь настерианаар нам шаахгүй шүү! Ажлынхаа ард гарсан юм чинь удахгүй бууцгаана биз гээд инээж, тамхиа байгуулсаар машиндаа сууж байж билээ. Манай Ааяа эмч дахин заяахгүй үнэхээр ховор, эрдэм мэдлэгтэй, гүндүүгүй сайн эмч-багш хүн шүү. Энэ мэт хөгжилтэй сургамжтай зүйлсийг бичвэл маш олон зүйл байгаа тул ингээд зогсоё.

Байгууллагын дарга асан Л.Загдаа, Т.Содномдаржаа, О.Сүрэнхорлоо, П.Цогбадрах нарын хүнийг эвий нь олж ажиллуулж чаддаг, аливаа ажилд төвөгшөөж бухамдахгүй, ажилчдийн санаа бодлыг сайн сонсож ойлгодог, загнаж уурлавч уучилж чаддаг, хээгүй гүдэхэн, гүндүүгүй зан, А.Оюунчимэгийн хаяа би мэднэ, би чадна гэж романтик зан гаргадаг, энэ байгууллагын сайн сайхан, өнгөтэй өөдтэй байлгахын төлөө зүтгэдэг, бурханлаг дүр төрхөд хүндэтгэлтэй ханддаг зэрэг нь бидэнд бахархууштай юм.

Лабораторийн их эмч Х.Баатарын хүүхэд шиг гэнэн цайлган сэтгэл, хүнийг сайн муу, том жижиг гэж ялалгүй харьцдаг, хамгийн гол нь мэрэгжилдээ үнэхээр эзэн нь байж чаддаг сайхан чанар, хүнийг удирдан ажиллуулж чаддаг чадвар нь, голомт хяналтын бага эмч, нярав одоо гавъяаны амралтанд байгаа Н.Халамия ахын цаанаа ухаалаг байдлаа ил гарган амаа арчиж нэг нүдээ аньж байгаад намуухан дуугарч яриад, ха ха ха гээд дээш харж инээгээд нүдээ арчидаг, гялгар уутанд хийсэн хамрын тамхиа гаргаж ирээд хамраа будан байж татаад учирлан ярьдаг нь, шимэгч судлалын лаборант одоо гавъяаны

амралтанд байгаа Г.Ганчулууны гүндүүгүй, хээгүй гүдэхэн монгол зан, та нар намайг барж идэхгүй за юу? гээд хаахаадаг нь, амьтан маллагч одоо гавъяаны амралтанд байгаа П.Алимаа эгчийн харин тийм, яг үнэн гээд ам дагуулан ярьдаг, ариутгагч одоо гавъяаны амралтанд байгаа Ж.Жавзаа эгчийн миний дүү гээд л учирлаж заримдаа хамаагүй загандаг, лабораторийн машины жолооч асан Дууяа ахын хар дурак яг мөндөө чи гээд инээдэг, нярав асан одоо гавъяаны амралтанд байгаа Нооёо эгчийн хуеэ яадаг билээ гээд айлгүйтдэг, агнан бэлтгэгч асан Б.Эрдэнэбилэг ахын шогтой зүйл ярьж инээлгэдэг ба урт богинийн дууг дуулах дуртай, амьтан судлагч А.Үнэнбатын яав гич залуу, юм тэрчин гээд хүд хүд инээдэг, намайг халиагаач энэ таарч байна уу?, жаа жаа түүг хаяйч нам гэж торгууд үг аялгуу оруулж яриад тамхиа суунаглуулан татж утааг нь дээш үлээдэг, бактериологи их эмч одоо ХӨСҮТөвд их эмч Д.Дашравдангын учиргүй хурдан сэтгэж ажилдаг, сэтгэлийн их хөдлөгөөнтэй байдал, нүдээ ирмэн байж ярьдаг нь, бактериологи лаборант одоо гавъяаны амралт эдлэж байгаа С.Батнасангийн дайван дуугүй аливаа зүйлийг гол ч ухаанаар хадаж шийддэг, амьтан судлалын лаборант Н.Цагаанцоожын учиралж хэлж сургамжилдаг, сэтгэлийн хөдөлгөөнтэй бөгөөд өрөвч сэтгэл, урт богинын дууг сайхан дуулдаг нь, амьтан судлагч Ш.Гантөмөрын амьдрахын хар ухаан, өрөвч цайлган сэтгэл, хааяа дэндүү гэнэн болчимгүй ааш гаргадаг нь, агнан бэлтгэгч Н.Нямжавын дуулгавартай шудрага ажил үүргээ сайн мэддэг байдал, биологич-сургалт хариуцсан мэргэжилтэн О.Ожуугийн дуугүй байж, аливаа зүйлийг дотороо бясалган байж хаяа гайгүй дуугардаг, мөн гүндүүгүй хээгүй зан, амьтан судлагч-дүн бүртгэгч Ц.Сайнбэлэгийн ажил эхэлбэл яг ном журмаар нь оролдож, ойлгож байна уу? гээд тайлбарлан хийдэг, биологийн онол практикын мэдлэгээр дажгүйч амархан ууралж хэнд ч хамаагүй ах дүүдээ тунирхаж байгаа мэт ааш гарагдаг, серо-лаборантаар ажиллаж байсан одоо цагдаагийн ахмад Н.Цэндсүрэнгийн тарвага хурдан өвчдөг, хүнд нэр хоч өгч алиалж байдаг нь, ариутгагч Ч.Баймуратын илэн далангүй зөвлөж ярьдаг, хүнд итгэж чаддаг сайхан зан, ариутгагчаар ажиллаж байсан Э.Мөнхнасангийн хүнд тусархуу, сайхан сэтгэл, хүнд гомдоод түүнийгээ хэлж чадахгүй өөрөө шаналж явдаг гэнэн цайлган зан, сахиул Л.Лхагвасүрэнгийн болохгүй ш дээ тэрчин тийм л байх ёстой байхгүй юу тээ гээд ярьдаг, өглөө биднийг ажилдаа ирэхэд мод услах юм уу, хашаан дотор салхинд хийсч ирсэн цаас хог түүгээд сайхан

амарсан уу? гэж мэндлээд нааш цааш харж, байшин саваа ажиглан явж байдаг нь, хошин шог зүйл ярьж хүн цаашлуулан тоглоом хийдэг, надад тийм ажил гарлаа би гялс яваад ирье цаадуулдаа хэлж байгаарай гэдэгч юм уу, хааяа халамцуу явж байвал та шууд гэртээ харь ингэж болохгүй шүү дээ гэж занах аргадах хоёрын завсар хэлээд өнгөрдөг, бэлтгэмэлч А.Янжмаагийн юу ч боддоггүй цайлган цагаан зан, амархан гомддог гомдомхой ааш, серо-лаборант Н.Отгонцэцэгийн цайлган цагаан, шудрага зан, эмэгтэй хүнд баймааргүй гэвчээр, хэнэггүй, гүндүүгүй байдал, тоглоом сайн даадаг, хөзөрийг хорхойсон тоглож булхайддаг нь, ня-бо Ш.Хабибагийн бүгдийн ээж шиг, хүлээцтэй тайван зан, нярав Ю.Эрдэнэчимэгийн дуулгавартай байдал, юу ч бодолгүй хэнийг ч хамаагүй чанга дуугаран хашгирч загнадаг цайлган цагаан зан зэрэг нь олон жил хамт ажиллаж, хөдөө хээр ч, төв сууринд ч, зовсон ч жаргасан ч хамтдаа байсаар ижилдэн, сэтгэлд хоногшин үлдэж, нэг гэр бүлийн ахан дүүс шиг дасаж дээ.

Залуу хойч үедээ захих нь: Байгалийн голомтыг судлаглаач бид байгалийн геобиоценозын тодорхой нэгэн бүсэд хүний үйл ажилгааны оролцоогүйгээр бүрэлдэн тогтсон хүн гараар барьж нүдээр үзэхийн аргагүй байгалийн хуулыг судлан бичигчид юм. Иймд биологи, газар зүй, геобиоценоз, биоценоз, экологи, эпизоотологи, эпидемиологи, амьтан судлал, шимэгч судлал, нян судлалын талаар тодорхой мэдлэгтэй байх шаардлагатайг санаж байнга уншиж туйрвиж байх хэрэгтэй гэж боддог.

Хүн аливаа зүйлийг хийхдээ эхлээд учрах бэрхшээлийг нь тооцон бодогоо орхиж, хийх арга замыг нь сайтар тунгааж уйггүй хөдөлмөрлөж чадвал арга нь олдохгүй зүйл нэг ч үгүй. Эхлээд учрах бэрхшээлийг нь тооцож няцдаг нь ажлын амжилтад муугаар нөлөөлдөг.

Хүнээс тус авсан бол бүү март, хүнд тус хийсэн бол хариу бүү нэх. Аливаа ажил хэрэг болон учирсан бэрхшээлийн өмнө бүү сөгд, арга замыг нь сайн тунгаан бодож ол. Ямарч зорилгогүй дардан зам дагаж явсанаас өмнөө зорилго тавиад замгүй газрыг сонго гэж үг бий. Дарга ч бай цэрэг ч бай хувийн хариуцлагаа ухамсарлаж, өөрийнхөө хариуцсан ажилд ямагт эзэн нь бай.

Надад олон алдаа дутагдал бий. Миний нэг алдаа нь хүн бүрийг өөртэйгээ адилхан санаж хүүхэд шиг гэнэн цайлган хэвээрээ 50 настай золгож байгаа явдал гэж боддог. Жаахан муу санаатай явахгүй бол итгэж байсан сайн найз нөхөр гэнэт дайсан болчихсон байдгийг ухуурахгүй бол болдоггүй юм билээ. Яг “Тунгалаг тамир” киноны Цахиур Төмөрийг хутгалдаг Түгжил шиг... Энэ бол миний туулж, амсаж эхлэж байгаа үнэн түүх. Энэ нийгэм, энэ хүмүүсийн дундаас хүн муу санааг сурч авдаг юм байна шүү!!! Манай нярав байгаад тэтгэвэртэй гарсан бага эмч Н.Халамия ах та нар талийгаач нараас битгий айж бай! Амьд хүнээс л айж яв! гэж нэгэнтэй хэлж байсан нь хатуу хорвоогын үнэн гэлтэй. Гэхдээ хүн бүхэн муу биш л дээ. Би хүнд гомдож явсангүй. Зарим үед гэнэт хүмүүс надад гомдсон байдгийг би ойлгодоггүй юм.

Ухаарч эвийг нь олж аргадаж амьдрахгүй бол хүчилж болддоггүй хорвоо гэдгийг ойлгож ядаж явнам. Нэг хаалга хаагдсан бол нөгөө хаалга онгойж л таарна даа. Бодох л зүйл шүү! Энэ хорвоод сайн сайхныг дууддаг хүчин байхад далдын муу ёрын хүчин бас байдаг бололтой тэр нь сайнаасаа илүү ихээхэн орон зайг эзэлсэн нь аймшигтай мэт.

Энэ бүхнийг өөрийгөө рекламдах гэж биш залууст хэрэгтэй болох болов уу? гэж бодоод эдгээрийг бичлээ. Миний бие нь мэдлэгээр хомсхон, чадвараар ядуу-дутмаг эгэл жирийн нэгэн биологич билээ. Их зүйлийг нуршиссан тул эрхэм ноёд, хатагтай та бүхнээс хүлцэл өчье.

Олхон овогт Даваасүрэнгийн Мөнхтөмөр

MOLECULAR DETECTION AND PHYLOGENETIC CHARACTERIZATION OF INTESTINAL PROTOZOAS IN DIARRHEAL PATIENTS IN MONGOLIA

D.Anu¹, Sung-Hee Hong², D.Abmed¹, D.Altantsetseg³, Young-Il Jeong², Shin-Hyeong Cho², B.Bolormaa¹, San-Eun Lee², Won-Ja Lee²

¹*Parasitology Laboratory, National Center for Communicable Diseases*

²*Division of Malaria & Parasite Diseases, Korea National Institute of Health, Korea Centers for Disease Control and Prevention*

³*Bacteriology Laboratory, National Center for Communicable Diseases*

Molecular epidemiological analysis such as phylogenetic characterization is useful for studying the zoonotic potential and the correlation with the genetic variability between the parasite and human. This study intended to molecular detection of the *G.duodenalis* and *C.parvum*

infections and phylogenetic identification of stool samples from hospitalized patients with diarrhea in Mongolia.

Methods

A total of 138 stool samples from diarrheal patients in Mongolia were analyzed for detection of above protozoas using nested PCR amplification. The β -giardin gene for *G. lamblia* was targeted and performed to PCR-RFLP using restriction enzyme with Hae III. In case of *C. parvum*, the 18S rDNA and heat-shock protein (HSP70) gene were subjected to phylogenetic analysis.

Results

A total of 5 (3.62%) and 7 (5.07%) out of 138 fecal samples were positive for *G. duodenalis* and *C. parvum*, respectively. The children group less than 7-year-old was prevalent in *G. duodenalis* and *C. parvum* infection. The assemblage-specific fragment patterns in 5 positive cases with *G. duodenalis* revealed to assemblage A. All 7 positives identified to the 18S rDNA and HSP70 gene for *C. parvum* were placed in a bovine genotype.

Mongolian Journal of Infectious Disease Research, 2013, №6(55): 45-52, 4 Tables, 3 Figs and 43 References;



“Халдварт өвчин судлалын Монголын сэтгүүл”-ийн редакцийн зөвлөл

Ерөнхий эрхлэгч:

П.Нямдаваа, ХӨТМҮХ-ны тэргүүн, анагаахын шинжлэх ухааны доктор, профессор, академич, Эрүүлийг хамгаалахын гавьяат ажилтан, 99112306, nymadawa@gmail.com

Дэд эрхлэгчид:

М.Алтанхүү, Монголын вирус судлалын нийгэмлэгийн гүйцэтгэх захирал, ХӨСҮТ-ын нэгдсэн лабораторийн албаны дарга, анагаах ухааны доктор, дэд профессор 99092337, amurd@nccd.gov.mn

Г.Батбаатар, Монголын дархлаа, нян судлалын нийгэмлэгийн тэргүүн, ЭМШУИС-ийн захирал, анагаах ухааны доктор, профессор, 99102212 gobi_bat@yahoo.com

Ч.Мөнхцэцэг, Монголын тархвар судлаач эмч нарийн нийгэмлэгийн тэргүүн, ХӨТМҮХ-ны гүйцэтгэх захирал, анагаах ухааны доктор, 99136244, munkh828@yahoo.com

Н.Наранбат, Монголын сүрьеэтэй тэмцэх холбооны гүйцэтгэх захирал, “Гялс” анагаах ухааны төвийн гүйцэтгэх захирал, анагаах ухааны доктор, 99099471, naranbat@gyals.mn

Д.Нямхүү, ХӨСҮТ-ийн захирал, Анагаах ухааны доктор, профессор, 99100155

Д.Отгонбаатар, БГХӨСҮТ-ын захирал асан, анагаах ухааны доктор, клиникийн профессор, 99113549,632859

Р.Оюунгэрэл, Монголын халдвартын эмч нарын холбооны тэргүүн, ХӨСҮТ-ийн эрдэмтэн нарийн бичгийн дарга, анагаах ухааны доктор, ravjiroyun@yahoo.com

Эрхэлсэн нарийн бичгийн дарга:

Л.Энхбаатар, Анагаах ухааны доктор, 99780134, cmb1691@yahoo.com

Хүндэт гишүүд:

Д.Дандий,

Биологийн ухааны доктор, төрийн шагналт, 99881009

Ч.Долгор,

ЭМШУИС-ийн зөвлөх багш, анагаах ухааны доктор, профессор, ардын эмч, 99725670

Н.Дондог,

“Эрүүл мэнд- дархлаажуулалт” төрийн бус байгууллагын гүйцэтгэх захирал, клиникийн профессор, 99948695

Г.Жамба,

ЭМШУИС-ийн захирлын зөвлөх, анагаах ухааны доктор, профессор, гавьяат багш, 458010

Гишүүд:

Д.Абмэд,

ХӨСҮТ-ийн паразитологийн тасгийн эрхлэгч, биологийн ухааны доктор, 99778211, 454188 abmed99@yahoo.com

З. Адьяасүрэн,

БГХӨЭСТ-ын зөвлөх, анагаах ухааны доктор, клиникийн профессор, 99166676, adiyas_z@yahoo.com

Д.Анхлан,

ХБНГУ-ын Мюнстерийн Их сургуулийн Үрэвслийн молекул биологийн төвийн Молекул вирусологийн хүрээлэнгийн эрдэм шинжилгээний ажилтан, анагаах ухааны доктор, (45)-251-83-52214, anhlan@uni-munster.te

Б.Арьяа,

АНУ-ын Үндэсний эрүүл мэндийн хүрээлэнгийн Настан судлалын

институтийн Дархлал судлалын лабораторийн тэргүүлэх судлаач, биологийн ухааны доктор, biragina@mail.nih.gov

О.Баатархүү,

ЭМШУИС-ийн халдвартын тэнхимийн эрхлэгч, анагаах ухааны доктор, дэд профессор 99188386, baatarhuhu65@yahoo.com

Ж.Багаа,

ХӨСҮТ-ийн Зоонозын халдварын тасгийн эрхлэгч, анагаах ухааны доктор, 96012505

Д.Даваалхам,

ЭМШУИС-ийн Эпидемиологи-биостастикийн тэнхимийн эрхлэгч, анагаах ухааны доктор, дэд профессор 91990560, dawaalkham@hsum.edu.mn

Я.Дагвадорж,

ЭМШУИС-ийн халдвартын тэнхимийн эрхлэгч, анагаах ухааны доктор, профессор, 91180537, dahgwah@yahoo.com

Б.Дармаа,

ХӨСҮТ-ийн Вирус судлалын лабораторийн эрхлэгч, анагаах ухааны доктор, 99754821

Т.Дэлгэр,

ХӨСҮТ-ийн зөвлөх эмч, клиникийн профессор, хүний гавьяат эмч, 99170153

Ж.Оюунбилэг,

НЭМҮТ-ийн захирал, Биотехнологийн үйлдвэр, судалгаа сургалтын төвийн захирал, биологийн шинжлэх ухааны доктор, профессор, 99762000, jobileg@magicnet.mn

Р.Туул,

ХӨСҮТ-ийн Улаан бурхны лавлагаа

лабораторийн эрхлэгч, анагаах ухааны доктор, 99093674, r_tuul@yahoo.com

Н.Хоролсүрэн,

ЭМШУИС-ийн халдвартын тэнхимийн багш, анагаах ухааны доктор, 99189309, khorolnran@yahoo.com

Ж.Хулан,

МУИС-ын Биотехнологийн сургуулийн багш, биологийн ухааны доктор, 99501489

Н.Хүрэлбаатар,

Анагаах ухааны доктор, профессор, 99196665, khurel@nccd.gov.mn

Б.Цацралт-од,

ХӨСҮТ-ийн эрдэм шинжилгээ эрхэлсэн дэд захирал, анагаах ухааны доктор, 88031009

С.Цогтсайхан,

ЭМШУИС-ийн Бичил амь-дархлаа судлалын тэнхимийн эрхлэгч, анагаах ухааны доктор, профессор, 91918246, tsogt_san@yahoo.com

Н.Цэнд,

ХӨСҮТ-ийн зөвлөх, анагаах ухааны доктор, Эрүүлийг хамгаалахын гавьяат ажилтан 88858929

Д.Цэрэнноров,

ХӨСҮТ-ийн дэд захирал, биологийн ухааны доктор, 99883159, 99069998 dnorov_99@yahoo.com

Ч.Эрдэнэчимэг,

ХӨСҮТ-ийн ДОХ/БЗДХ-тай тэмцэх албаны тасгийн эрхлэгч, анагаах ухааны доктор, 99263767, ch_erdenechmg@yahoo.com

Редакцийн хаяг:

Улаанбаатар, Төв шуудан ш/х 119,

“Халдварт өвчин судлалын монголын сэтгүүл”-ийн редакцийн зөвлөл
Эрхэлсэн нарийн бичгийн дарга Л.Энхбаатар, ХӨСҮТ, Захиргааны байр,
Амьсгалын замын вирус судлалын лаборатори

E-mail: cmb1691@yahoo.com; Утас:455847

Хэвлэлийн дизайнер: Ц.Оюунцэнгэл

Цаасны хэмжээ: А4

Хэвлэсэн тоо: 200ш

“Бишрэлт Тэнгэр” ХХК-ийн хэвлэх

үйлдвэрт хэвлэв. Утас: 327511, 99100927

ТЭМДЭГЛЭЛ

ТЭМДЭГЛЭЛ