

- А.Долгорханд, С.Амарзаяа, Б.Сувд, Б.Оюунбилэг, 17/39
Н.Эрдэнэбат **Хачигт энцефалит өвчний тархвар зүй, ийлдэс эмчилгээний зарим үр дүнг судалсан дүн**
- П.Начагням, Ж.Амарсанаа, Б.Саяболд, 17/39
Н.Лхасүрэн, Дэлгэрзаяа, Ж.Чинбүрэн, О.Баатархүү, Б.Цацралт-од, Л.Дашцэрэн, Д.Авирмэд **Архаг В гепатиттай өвчтөнүүдэд вирусийн серологи маркеруудын Монгол улс дахь өнөөгийн тархалт болон түүний ач холбогдол**
- Г.Нямаа, А.Бурмаа, Б.Тиан, С.Цацрал, 18/40
Ц.Наранзул, Н.Баясгалан, Б.Ариунсанаа, Л.Энхбаатар, Б.Ганцоож, Д.Либо, Б.Дармаа, П.Нямдаваа **Улаанбаатар хотын хүн амын дунд томуугийн цартахлын эсрэг дархлаа тогтоцын түвшинг хөөн судалсан дүн**
- Р. Одбилэг, С.Коннай, К.Охаши, М.Онума 18/40
Монгол тэмээ (Camelus bactrianus) болон лам гөрөөс (Lama glama)-ний зарим цитокиний молекул бүтцийг харьцуулан тодорхойлж, түүний вирүст халдварын эмгэг жамтай холбогдох байдлыг судалсан нь
- Д.Отгонбаатар, Ж.Дуламжав, Д.Цэрэнноров 19/41
Вирүсээр үүсгэгддэг байгалийн голомтот, зоонозын халдварт өвчний судалгааны үр дүнгээс
- К.Отани, А.Сүзүки, К.Тома, Т.Итамура, Х. 19/41
Отомару, Н.Фүжи, Х.Галанг, Е. Меркадо, С.Луписан, Х.Ошитани **Азийн хоёр орон: Япон, Филиппинд хүний метапневмонии вирүсийн эргэлт**
- Р.Туул, Д.Отгонбаяр, У.Наранчимэг, П.Нямдаваа, 20/42
В. Лим, Г.Вүү, Ю.Жээ **Монгол улсад оношлогдсон улаанбурханы вирүсийн генотип**
- Р.Туул, Д.Отгонбаяр, У.Наранчимэг, П.Нямдаваа, 21/42
В. Лим, Г.Вүү, Ю.Жээ **Өмнөговь аймагт бүртгэгдсэн гахай хавдрын халдварын молекулын эпидемиологи**
- Р.Туул, Д.Отгонбаяр, У.Наранчимэг, П.Нямдаваа, 21/43
В.Лим, Г.Вүү, Ю.Жээ **Монгол улсад эргэлдэж байгаа улаануудын вирүсийн генотип**
- Р.Туул, Д.Отгонбаяр, У.Наранчимэг, П.Нямдаваа, 22/43
С. Накажима **Монгол улсад анх удаа бүртгэгдсэн парвовирүс В19-ийн халдварын дэгдэлт**
- Ш. Түмэнжаргал, А.Луковски, С.Геелрих, 22/44
В.Стээры, П. Ваалдэн **Арьсны Т-эст лимфомын үе дэхь хавдрын эсрэг Т-эс ба Т-эпитопийн өөрчлөлт**
- Д.Сувд, Х.Цэрэнсүрэн, Д.Батжав, Х.Цацрал, 23/44
Э.Золзаяа, С.Шоодол, Л.Төмөрхүү, Т.Ариунаа,
-Д.Отгонбаатар, Ж.Оюунбилэг **Вирүсийн үйлчлэлээр сэдээгдсэн элэгний анхдагч өмөн үүсэх механизмыг судлах амьтны загвар**
- Ж.Сэлэнгэ, И.Мөнхжаргал, А.Амбасэлмаа, 24/45
Р.Туул, П.Дэлгэрмаа, С.Амарзаяа, Ж.Байгалмаа, Б.Бямбажав **Өмнөговь аймагт 2011 онд бүртгэгдсэн гахай хавдрын дэгдэлтийн судалгаа, тархалтын эрсдлийн үнэлгээ**
- The epidemiology analysis of tick borne encephalitis** by A.Dolgorkhand, S.Amarzaya, B.Suvd, B.Oyunbileg and N.Erdenebat
- Current Distribution of HBV Serological Markers in Chronic HBV Patients and its Significance in Mongolia** by P.Natsagnyam, J. Amarsanaa, B. Sayabold, N. Lkhasuren, Delgerzaya, J.Chinburen, O. Baatarkhuu, B.Tsatsralt-Od, L.Dashtseren and D. Avirmed
- Prevalence of antibodies to the pandemic of influenza virus in Ulaanbaatar** by G.Nyamaa, A.Burmaa, B.Tian, S.Tsatsral, Ts.Naranzul, N.Bayasgalan, B.Ariunsanaa, L.Enkhbaatar, B.Gantsooj, D.Liboo, B.Darmaa and P.Nymadawa
- Comparative study of some selected cytokine molecular structures in Mongolian bactrian camel (Camelus bactrianus) and llama (lama glama) and its implications in pathogenesis of viral infections** by R. Odbileg, S. Konnai, K. Ohashi and M. Onuma
- Some study results of zoonotic and natural focus infectious diseases caused by virus** by D.Otgonbaatar, J.Dulamjav and D.Tserennorov
- Circulation of human metapneumovirus in Two Asian Countries, Japan and the Philippines** by K.Otani, A.Suzuki, K.Tohma, T.Imamura, H.Otomaru, N.Fuji, H.Galang, E.Mercado, S.Lupisan and H.Oshitani
- Measles Virus Genotypes Diagnosed in Mongolia** by R.Tuul, D.Otgonbayar, U.Naranchimeg, P.Nymadawa, W. Lim, G.Woo and Y. Jee
- Molecular Epidemiology of Mumps Virus Infection Registered in Umnugovi Province** by R.Tuul, D.Otgonbayar, U.Naranchimeg, P.Nymadawa, W. Lim, G.Woo and Y. Jee
- Rubella Virus Genotypes Circulating in Mongolia** by R.Tuul, D.Otgonbayar, U.Naranchimeg, P.Nymadawa, W. Lim, G.Woo and Y. Jee
- Parvovirus B19 Infection Outbreak Registered for the First Time in Mongolia** by R.Tuul, D. Otgonbayar, U.Naranchimeg, P.Nymadawa and S.Nakajima
- Tumor-specific T cells and epitopes in cutaneous T cell lymphoma** by Sh.Tumenjargal, A.Lukowsky, S. Gellrich, W.Sterry, Peter Walden
- Mongolian marmot as animal model for study molecular mechanisms of hepatocellular carcinoma** by D.Suvd, H.Tserensuren, D.Batjav, H.Tsatsral, E.Zolzaya, S.Tsoodol, L.Tumurkhuu, A.Ariunaa, D.Otgonbaatar and J.Oyunbileg
- Mumps outbreak in Umnugovi province in 2011 and mumps risk assessment** by J.Selenge, I.Munkhjarga, A.Ambaselmua, R.Tuul, P.Delgermaa, S.Amarzaya, J.Baigalmaa and B.Byambajav

- П.Сувд, З.Сайнжаргал,Т.Цэвээнсүрэн *Монгол улс дахь цочмог сул саажилтын (ЦСС) лабораторийн тандалт судалгааны дүн 2009-2011* 24/45 *-Laboratory studies AFP surveillance in Mongolia 2009-2011* by P.Suud, Z. Sainjargal andTs Tseveensuren
- Ц. Цэвээнсүрэн, Ц. Энхмаа, З. Сайнжаргал , Б. Сайнчимэг, Д. Лхагвадолгор *Аденовирүсийн халдвараар үүсгэгдсэн нүдний эмгэгийг лабораторийн аргаар оношилсон дүн* 25/46 *-Results of laboratory analysis of eye disease, infection adenovirus* by Ts. Tseveensuren, Ts. Enkhmaa, Z. Sainjargal , B. Sainchimeg and D. Lkhavgadolgor
- Д. Энхсайхан, Ч. Эрдэнэчимэг, Ж.Байгалмаа *Энгийн херпес вирус-1 ба 2 IgM-ийг ФХЭБУ-аар тодорхойлсон дүн* 25/46 *-Identification of HERPES SIMPLEX-1 and 2 IgM in patients using ELISA* by D. Enkhsaikhan, Ch. Erdenechimeg, J. Baigalmaa
- Шинжилгээ судалгаа**
- Ч.Майцэцэг, Н.Баясгалан, С.Цацрал, Б.Дармаа, П.Нямдаваа, *Мультиплекс бх-ПГУ болон R-Mix хибрид эсийн өсгөвөрийн аргаар амьсгалын замын вирусүүдийг илрүүлсэн дүн* 47 **Original research articles**
Comparison of detecyion of respiratory viruses by multiplex real-time PCR assay and by the r-mix ready cell culture Ch.Maitsetseg, N.Bayasgalan, S.Tsatsral, B.Darma, P.Nymadawa
- Товч мэдээ ажиглалт**
- Адууны томуугийн А(Н3N8) вирусийн халдвар оношлогдов* 53 **Short communications and observations**
-He equine influenza A(H3N8) virus infection registered in Mongolia
- Хепативирүс нохойд амьсгалын замын цочмог халдвар сэдээдгийг илрүүлэв* 53 *Hepatitis C virus is caused acute respiratory disease in dog*
- Австралид Хендра вирүст халдвар эрс нэмэгджээ* 53 *-Hendra virus infection increased in Australia*
- Бодрол бясалгал**
- Гоц аюултай бүс* 54 **Contemplations and reflections**
- Especially dangerous zone
- Эрдэм шинжилгээний өгүүлэгийн англи товчлол** 65 **English abstracts of the original research articles**

Бид урагшилж байна



1982 онд Оросын ургамал судлаач Д.И.Ивановский тамхины навч цоохортох өвчин үүсгэгч нь нянгын шүүрэнд шүүгдэдгүй, гэрлийн микроскопт харагдадгүй бичил биетэн болох тухай анх бичиж, 1935 онд америкийн эрдэмтэн Wendell Stanley анх удаа вирусийг талст хэлбэрээр ялгаж авсанаас хойш вирус судлалын шинжлэх

ухаан тасралтгүй ургашиж байгаа ч одоог хүртэл вируст халдвар нь анагаах ухааны анхаарал татсан тулгамдсан асуудлуудын нэг хэвээр байсаар байна. Вирус нь зөвхөн эсийн удамшилийн болон уураг нийлэгшүүлэгч аппаратын тусламжтайгаар л үржиж чаддаг эсийн бүтэц үйл ажиллагаа, ялангуяа удамшилын материал болох нуклейн хүчлийг “өөрчилдөг” тул зарим хавдар (элэгний, умайн хүзүүний г.м.) үүсэх нэг гол нөхцөл болдог байна. Иймээс ч сүүлийн үед вирусийн эсрэг зарим вакцинуудыг “хавдарын вакцин” гэж нэрлэх болжээ. Түүнчлэн цаг уурын өөрчлөлт, нийгэм биологийн олон хүчин зүйлийн нөлөөгөөр сүүлийн жилүүдэд шинэ болон сэргэж буй халдваруудын тоо эрс нэмэгдэж хүн амын эрүүл мэнд улс орны эдийн засагт асар их хохирол учруулж байгаа ба тэдгээрийн дийлэнх нь вирусийн халдварууд байгаа юм.

Монгол улсад гэхэд л зөвхөн сүүлийн 10 жилд халдварууд АЦХХШ (SARS), халдварт эритема, гар хөл амны өвчин, томуугийн А/Н1N1 v –ийн, хачигт энцефалит зэрэг халдварууд шинээр бүртгэгдэн Шувууны томуу, Баруун нилийн халдварын голомт илрээд байна. Мөн ХДХВ/ДОХ, Вируст гепатит зэрэг бусад вирусээр үүсгэгддэг халдваруудын асуудлууд ч анхаарал татсан хэвээр байна. Вируст халдваруудтай тэмцэх онол арга зүйн үндэс нь вирус судлалын шинжлэх ухаан, манай вирус судлаачдын олон жилийн судалгааны үр дүн байдаг нь тодорхой.

Манай улсад анагаах ухааны вирус судлал нь хэдийгээр 1921 оноос үндэс суурь нь тавигдсан гэж үздэг боловч, вирус судлалын лабораторийн алба

үүсч хөгжсөн 1974 оноос эрчимтэй хөгжиж ирсэн. Чухам энэ үеэс буюу 1978 оноос манай эрдэмтэдийн судалгаа онол арга зүйн шинэ түвшинд гарч ирж “Хүн мал эмнэлгийн вирус судлалын тулгамдсан асуудлууд” –анхны онол практикийн бага хурлыг МЭЭШХ-тэй хамтран зохион байгуулж эхэлж байсан бол 5 дугаар хурлаас эхлэн анагаахын вирус судлал бие даан зохион байгуулж ирсэн нь энэ салбар хэрхэн өргөжин хөгжиж байгаа илтгэх болов уу гэж бодож байна. Монголын анагаах ухааны вирус судлалын судалгааны цар хүрээ, арга зүйн жил ирэх тутам улам өргөжин боловсронгуй болж байгааг 2 жил тутам зохион байгуулагдаг “Вирус судлалын тулгамдсан асуудлууд” онол практикийн бага хуралд хэлцэгдэж буй илтгэлүүд, оролцож буй судлаачдын бүрэлдэхүүнээс харж болно.

Анхны хуралд хэлэлцүүлж байсан илтгэлүүд шинжлэх ухааны тэр үеийн түвшинг илэрхийлж, Монголд элбэг тохиолддог вируст халдваруудын тархвар зүй, эмнэл зүйн судалгаанд ГТУ, ЦНУ, ФХЭБУ зэрэг оншлогооны аргуудыг ашиглах, нэвтрүүлэх, боловсронгуй болгох болон вирусийг өсгөвөрлөх энгийн аргуудын судалгааны үр дүнгүүд хэлцэгдэж байсан бол сүүлийн үеийн судалгааны ажлуудын онол арга зүйн түвшин илт сайжирч шинэ түвшинд гарсан нь мэдрэгдэж байна.

1990 оны дунд үеэс вирусийн геномын судалгаанууд хийгдэж эхэлсэн ч голдуу гадаадын эрдэм шинжилгээний лабораториудад гүйцэтгэж байсан бол 2000-аад оны дунд үеэс Монголын анагаах ухааны вирус судлалд полимеразын гинжин урвалын арга зэрэг молекул биологийн аргууд нэвтэрч одоо манай судлаачид вирусийг геном, нуклейн хүчлийн түвшинд бие даан судалгаа явуулж, вирусийн геномын дараалалыг тогтоож, хувирч мутацид орсон “шинэ” вирусийг илрүүлдэг болоод байгааг сүүлийн жилүүдийн хурлын илтгэлүүдээс харж болно.

Мөн манай хуралд сүүлийн жилүүдэд Япон, Герман, Франц, БНХАУ, ОХУ-ын эрдэмтэд тогтмол оролцдог болсон нь энэ хурлын ач холбогдол нэр хүнд улам нэмэгдэж байгаагийн нэг жишээ мөн. Бид урагшилж байна.

Сайн үйлс улам дэлгэрэх болтугай!

Монголын Вирус Судлалын Нийгэмлэгийн гүйцэтгэх захирал, ХӨСМС-ийн дэд эрхлэгч, ХӨСҮТ-ийн Нэгдсэн лабораторийн албаны дарга, Анагаах ухааны доктор М.Алтанхүү

**“ВИРҮС СУДЛАЛЫН ТУЛГАМДСАН АСУУДЛУУД” Үндэсний арвангуравдугаар бага хурал, 2011 оны
9 дүгээр сарын 9 Улаанбаатар хот**

**“ВИРҮС СУДЛАЛЫН ТУЛГАМДСАН АСУУДЛУУД”
Үндэсний арвангуравдугаар бага хурал
2011 оны 9 дүгээр сарын 9 Улаанбаатар хот**

Хурал зохион байгуулах хороо

Дарга: **Д.Нямхүү**, Халдварт өвчин судлалын Үндэсний төвийн захирал, анагаах ухааны доктор

Дэд дарга: **Ж.Оюунбилэг**, НЭМХ-ийн захирал, Академич, биологийн шинжлэх ухааны доктор

Нарийн бичгийн дарга: **Д.Отгонбаатар**, БГХӨСҮТ-ийн захирал, клиникийн профессор

Нарийн бичгийн дарга: **М.Алтанхүү** Монголын вирус судлалын нийгэмлэгийн гүйцэтгэх захирал, ХӨСҮТ-ийн НЛА-ны дарга, анагаах ухааны доктор

Гишүүд: **Д.Абмэд**, ХӨСҮТ-ийн НЛА-ны Шимэгч судлалын лабораторийн эрхлэгч, биологийн ухааны доктор

Л.Энхбаатар, Халдварт өвчинтэй тэмцэх Монголын үндэсний холбооны гүйцэтгэх захирал, анагаах ухааны доктор

Д.Энх-амгалан, МАУА-ын референт

Ш.Мягмарсүрэн, ХӨСҮТ-ийн вирус судлалын тасгийн ХДХВ-ийн лабораторийн эмч, Анагаах ухааны магистр

Ц.Наранзул, ХӨСҮТ-ийн НЛА-ны Вирус Судлалын лабораторийн эмч, анагаах ухааны магистр

Хурлын редакцийн зөвлөл

Хариуцлагатай редактор **П.Нямдаваа** Монголын вирус судлалын нийгэмлэгийн ерөнхийлөгч, Академич, анагаахын шинжлэх ухааны доктор, профессор

Нарийн бичгийн дарга **Б.Дармаа**, ХӨСҮТ-ийн НЛА-ны вирус судлалын лабораторийн эрхлэгч, анагаах ухааны доктор

О.Баатархүү, ЭМШУИС-ийн Халдварт өвчин судлалын тэнхимийн багш, анагаах ухааны доктор

Р.Оюунгэрэл, ХӨСҮТ-ийн эрдэмтэн нарийн бичгийн дарга, анагаах ухааны доктор

П.Сувд, НЭМХ-ийн Энтервирусийн лабораторийн эрхлэгч биологийн ухааны магистр

Р.Туул, ХӨСҮТ-ийн НЛА-ны Улаан бурханы Үндэсний лабораторийн эрхлэгч, анагаах ухааны доктор

Д.Энхсайхан, ХӨСҮТ-ийн НЛА-ны вирус судлалын лабораторийн вирус судлаач, биологийн ухааны магистр

Ч.Эрдэнэчимэг, ХӨСҮТ-ийн ДОХ/БЗДХ-ын тандалт судалгааны албаны тасгийн эрхлэгч, анагаах ухааны доктор

Д.Цэрэнноров, БГХӨСҮТ-ийн дэд захирал, биологийн ухааны доктор

БАЙГУУЛАГУУДЫН НЭРИЙН ТОВЧЛОЛ БА ТАЙЛАЛ

АУХ	Монгол улсын Анагаах ухааны хүрээлэн
БГХӨСҮТ	Монгол улсын Байгалийн голомтот халдварт өвчин судлалын үндэсний төв
ГАУТ	Монгол улс, "Гялс" Анагаах ухааны төв
МАУА	Монголын анагаах ухааны академи
МВСН	Монголын вирус судлалын нийгэмлэг
МИСМВХ	ХБНГУ, Мюнстерийн их сургуулийн Молекул вирус судлалын хүрээлэн
МЭЭСХ	Монголын элэгний эмгэг судлалын холбоо
НЭМХ	Монгол улсын Нийгмийн эрүүл мэндийн хүрээлэн
ОБОЭТ	Монгол улс, Орхон аймгийн бүсийн оношлогоо, эмчилгээний төв
СКХТ	АНУ, Сан Диего хот, Сидни Киммелийн Хавдар судлалын төв
ТИСВТ	Япон улсын Сендай хотын Тохоку их сургуулийн Вирус судлалын тэнхим
ТТБЭМ	Монгол улс, "Таны төлөө бид" эмэгтэйчүүдийн эмнэлэг
УМЭАЦТЛ	Монгол улсын Улсын мал эмнэлгийн ариун цэврийн төв лаборатори
ХААИС	Монгол улсын Хөдөө аж ахуйн их сургууль
ХӨСҮТ	Монгол улсын Халдварт өвчин судлалын үндэсний төв
ХСҮТ	Монгол улсын Хавдар судлалын үндэсний төв
ШУАБХ	Монгол улсын Шинжлэх ухааны академийн Биологийн хүрээлэн
ЭМШУИС	Монгол улсын Эрүүл мэндийн шинжлэх ухааны их сургууль

“ВИРУС СУДЛАЛЫН ТУЛГАМДСАН АСУУДЛУУД”
Үндэсний арвангуравдугаар бага хурлын хөтөлбөр

08:30-09:00	Бүртгэл	
I Хуралдаан: Модератор П.Нямдаваа, МВСН, Д.Нямхүү, ХӨСҮТ		
09:00-09:10	Нээлт	Д.Нямхүү, ХӨСҮТ
09:10-09:40	Лекц 1: Монгол улсад ялгасан томуугийн вирусүүдийн хемагглотининий эволюци	П.Нямдаваа, МВСН
09:40-10:10	Лекц 2: Монгол улсад тархсан хепатитийн В вирусийн удамшлын хэвшинж ба элбэг тохиолдох мутаци	Ц.Оюунсүрэн, ШУАБХ
10:10-10:40	Лекц 3: Томуугийн эсрэг вакцин бүтээх шинэ зарчим	Д.Анхлан, МИСМВХ
10:40-11:30	Цайны завсарлага: Зураг авхуулах, Ханын илтгэлтэй танилцах	
11:30-12:15	Лекц 4: Томуугийн эсрэг эмийн бэлдмэл эрэлхийлэх шинэ чиглэл	С.Людвиг, МИСМВХ
12:45-13:00	Лекц 5: Хүний риновирус С ба энтеровирус 68 хэмээх хоёр пикорнавируст халдварын эпидемиологи	Х.Ошитани, ТИСВТ
13:00-14:00	Үдийн хоол, Ханын илтгэлтэй танилцах	
II Хуралдаан: Модератор Ж.Оюунбилэг, НЭМХ, Д.Отгонбаатар, БГХӨСҮТ		
14:00-14:15	Илтгэл 1: Монгол улсад ялгасан томуугийн цартахлын А(Н1N1) вирусийн эмэнд тэсвэржилтийн судалгааны дүн	Ц.Наранзул, Б.Дармаа, Д.Энхсайхан, Ч.Майцэцэг, Г.Нямаа, Н.Баясгалан, П.Нямдаваа, ХӨСҮТ, МАУА

14:15-14:30	Илтгэл 2: Монгол улсад илрүүлсэн аденовирусийн ийлдэс судлалын хэвшинжийг нуклейн хүчлийн аргаар тодорхойлсон дүн	<u>Н.Баясгалан</u> , К.Тоома, Ц.Наранзул, Г.Нямаа, Б.Дармаа, С.Цогтсайхан, А.Сузуки, П.Нямдаваа, <i>ХӨСҮТ, ТИСВТ, ЭМШУИС, МАУА</i>
14:30-14:45	Илтгэл 3: Сорьц авалт болон томуугийн вирусийн илрэлтийн хамаарлыг судалсан дүнг	<u>Э.Эрдэнэжаргал</u> , Л.Баяржаргал, М.Баттүвшин, Б.Дармаа, <i>ОБОЭТ, ХӨСҮТ</i>
14:45-15:00	Ретровирусийн эсрэг эмчилгээний дүнг ХДХВ-ийн тоон хэмжээгээр хянах нь	<u>Б.Уянга</u> , Ш.Мягмарсүрэн, Ч.Байгальмаа, М.Алтанхүү, <i>ХӨСҮТ</i>
15:00-15:15	Хепатитийн В ба С вирусийн нуклейн хүчлийн тоон үзүүлэлт сорьцын хэлбэр болон урвалын нөхцлөөс шалтгаалах нь	<u>Н.Наранбат</u> , Г.Өнөрсайхан, П.Нямдаваа, <i>ГАУТ, МАУА</i>
15:15-15:30	В вирус хепатитийн онош, эмчилгээний Монгол улс дахь өнөөгийн байдал ба парадокс	<u>Ж.Амарсанаа</u> , П.Нацагням, Б.Саяболд, Н.Лхасүрэн, Ж.Чинбүрэн, О.Баатархүү, Б.Цацралт-од, Л.Дашцэрэн, Д.Авирмэд, <i>МЭЭСХ, АУХ, ХСҮТ, ЭМШУИС, ХӨСҮТ</i>
15:30-16:00	Цайны завсарлага, Ханын илтгэлтэй танилцах	
III Хуралдаан : Модератор М.Алтанхүү, МВСН, П.Нямдаваа, МАУА		
16:00-16:15	Сэргэнт эсийн насжилтын өөрчлөлтүүдийг томуугийн вирусийн хемагглотинин экспресслэгч трансген хулганын загвар дээр судласан дүн	<u>Ш.Түмэнжаргал</u> , Ф.Линтон, <i>ХААИС, СКХТ</i>
16:15-16:30	Бог малын зарим лентивирусийн эсрэгбиеийн тархалтыг монгол малд судласан дүн	<u>С.Сугар</u> , Э.Базаррагчаа, Ш.Энхээ, <i>УМЭАЦТЛ</i>
16:30-16:45	Хепатитийн А вирусийн эсрэгтөрөгч илрүүлэх ФХУ-ын оношлуур үйлдвэрлэх технологийн туршилтын дүн	<u>Л.Алтантуяа</u> , П.Сувд, Б.Энхтуяа, О.Дуламсүрэн, Б.Сайнчимэг, Ж.Оюунбилэг, Б.Энхжаргал, Ч.Цэенпил, С.Лхагва, <i>НЭМХ</i>
16:45-17:00	Хепатитийн А вирусийг хүний анхдагч эсийн өсгөвөрт өсгөвөрлөсөн дүн	<u>Э.Алтанцэцэг</u> , Ц.Цэвээнсүрэн, Э.Мөнгөнчөдөр, Д.Сувд, Р.Туул, Ч.Энхтайван, А.Ариунаа, Ж.Оюунбилэг, <i>НЭМХ, ХӨСҮТ, ТТБЭМ</i>
17:00-17:20	Асуулт хариулт, ярилцлага	
17:20-17:25	Хаалт	П.Нямдаваа
17:30-18:30	МВСН-ийн бүх гишүүдийн хурал	П.Нямдаваа

ТОВЧЛОЛ

Нэг. ЛЕКЦҮҮД

1.1. Монгол улсад ялгасан томуугийн вирүсүүдийн хемагглютининий генийн эволюци

П.Нямдаваа

Монголын вирүс судлалын нийгэмлэг

Томуугийн вирүсийн гадаргуугийн гликопротеин сэртэн болох хемагглютинин нь вирүсийн эмгэгтөрөх чадвар, эзэн организмын сонголтонд чухал үүрэгтэй бөгөөд томуугийн эсрэгтөрөгчийн хурдан хувьслын шалтгаан болдог тул сүүлийн 20-30 жилд нэн эрчимтэй судлагдсан юм.

Монгол улсад ялгасан томуугийн вирүсийн хемагглютининий генийн 150-аад нүклеотидын дараалал олон улсын нээлттэй мэдээллийн сан GenBank-д бүртгэгдсэн бөгөөд энэхүү лекцэнд тэдгээрийн эволюцийг био-информатикийн аргаар судласан дүнг танилцуулах юм.

Монголд ялгасан томуугийн вирүсийн төлөөлөл омгуудын GenBank-д бүртгэгдсэн хемагглютининий генийн нүклеотидын дарааллаас MEGA4 ба GENEIOUS программын тусламжтайгаар филогенетикийн дендрогаммыг PAUP сорилоор хийж, A(H1) (M.I.Nelson, C.Viboud, L.Simonsen et al., 2008), A(H3) (C.A.Russel, T.C.Jones, I.G.Barr et al., 2008) ба B (J.Shen et al., 2009), хемагглютининий эволюцийн судалгааны дүнтэй жишжээ. Гарсан үр дүнг Монгол дахь томуугийн эпидемиологийн судалгаанд ашиглаж болох боломжийг мөн авч үзсэн болно.

1.2. Монголд тархсан гепатитийн В вирүсийн удамшлын хэв шинж ба элбэг тохиолдох мутаци

Ц.Оюунсүрэн

*ШУА-ийн Биологийн хүрээлэнгийн
Молекул Биологийн Лаборатори*

Гепатитийн В вирүс(НВV)-г халдвар нь дэлхий дахины эрүүл мэндийн тулгамдсан асуудлын нэг бөгөөд элэгний архаг үрэвсэл, хатуурал, элэгний өмөн үүсч, хөгжихөд хүргэдэг голлох хүчин зүйлийн нэг юм.

НВV-ийг одоогоор уг вирүсийг 8 (А-Н) генотип буюу удамшлын хэвшинж болгон ангилж байна. НВV-ийн удамшлын хэвшинжүүд нь Дэлхийн газарзүйн бүсүүдэд харилцан адилгүй тархсаны зэрэгцээ тэдгээрийн элэгний эмгэг үүсгэх эрсдэл нь ч өөр өөр гэж үздэг.

НВV нь Монголын хүн амын дунд өргөн тархсан вирүсийн нэг юм. Монголд илрүүлсэн НВV-ийн нийт 2 мянга гаруй дээжид геномынх нь болон, зарим генийнх нүклеотидын дараалал тогтоох судалгааг олон арга ашиглан хийж, үр дүнг нь нийтлүүлжээ. Эдгээр судалгаануудын дүнд манай хүн амын дунд НВV-ийн D генотип зонхилон (93%-97%) тархсныг нь тогтоосон байна. Мөн Б.Цацралт-Од нар [2005] НВV-ийн А генотип монголчуудад тохиолдож байгааг тодорхойлсон бол, Азид ховор тохиолддог F генотипийг М.Такахаши нар [2004] илрүүлжээ. Д.Даваалхам нар [2007] НВV халдвар авсан 57 хүүхдийн 5.3%-д А генотип илрүүлсэн байна.

Эдүгээ НВV-ийн D генотипийг дотор нь D1-D4 гэсэн 4 субгенотип буюу дэд хэвшинж болгон ангилж байгаа. Монголын хүн амын дунд НВV-ийн D1 ба D3 субгенотип зонхилон тохиолдож буйн дотор D3 дэд хэвшинжийн тархалт 78.6% байна.

Мөн уг вирүсийн хэд хэдэн генотипийн давхар халдвар авах явдал элбэг тохиолдох ба тэдгээрийн 10% орчимд рекомбинант омог олддог. Манай хүүхдүүдийн дунд НВV А/С рекомбинант генотип, насанд хүрэгсэдийн дунд С/D рекомбинант генотип омгуудыг илрүүлжээ. Генотип хооронд болон субгенотипүүдийн хооронд явагдах рекомбинаци нь вирүсийн генетикийн шинэ хувилбарыг бий болгож, Дэлхий дахинд тархсан НВV-ийн генетик олонлогийг улам баяжуулж байдаг.

Генетикийн хувьд тогтвортой вирүсийн популяци үүсчбуйболоходрекомбинацийнүзэгдлээсгаднаНВV-ийн бүх генотипүүдэд тохиолдох мутаци ба мутантын шалгарал чухал байр эзэлнэ. Вакцин болон эмчилгээ, эмийн бодисуудын үйлчлэл, дархлалын урвал зэргээс “дайжих” замаар төрөл бүрийн мутантууд үүсдэг. Зарим орны хүн амын дунд НВV-ийн гадаргуугийн (S) уургийн генийн мутаци оношлогоо, эмчилгээнг хүндрүүлдэг тухай бичигдсэн байдаг. Харин манай хүүхдүүдийн 30%-д S генийн мутаци илэрсэн ч энэ нь дархлаажуулалтын үр дүнд онцын нөлөөгүй байна. Харин НВV-ийн зохицуулагч хэсгийн, тухайлбал, цөмийн суурь промотер (BCP: basal core promoter) ба цөмийн уураг хариуцсан генийн мутаци нь НВeAg уургийн нийлэгжлийг багасгах, саатуулахаас гадна элэгний өвчний явцад ихээхэн нөлөөтэй байдаг байна.

НВV-ийн мутацийн элэгний анхдагч өмөн (ЭАӨ) үүсэхэд хэрхэн нөлөөтэйг тогтоохын тулд BCP ба цөм генийн мутацийн судалгаа хийсэн. Судалгааны дүнд геномын A1752C/T1753V гэсэн нүклеотидын дан болон давхар мутаци нь элэгний архаг үрэвсэл (ЭАУ) оноштой өвчтөний 20.0%-д тодорхойлогдсон бол ЭАӨ бүхий бүлгийн 52.2%-д илэрсэн. НВeAg эерэг дээжтэй харьцуулахад сөрөг дээжинд A1896 болон T1764/G1766 мутацийн тохиолдол их байв. Харин A1762T/G1764A-ийн мутацийн давтамж ЭАУ ба ЭАӨ

бүлэгт ижил бага (15%) байсан хэдий ч вирус, ДНХ –ийн агууламж ихтэй ($>5 \log \text{copies/ml}$) ЭАӨ оноштой өвчтөний 75.0%-д уг мутаци тодорхойлогдсон. Дээрх мутаци HBV тээгчдийн 4.2%-д, харин ЭАӨ бүлгийн 34% илэрсэн нь A1762T/G1764A болон A1752C/T1753V мутаци элэгний өвчин даамжирахад нөлөөтэй байж болзошгүйг харууллаа.

Дээрхи судалгаануудаас үзэхэд Монголын хүн амын дотор HBV-ийн удамшлын нэг хэвшинж (D) голлон тархсан байна. BCP ба цөмийн гений мутаци нь HBV хамааралт ЭАӨ үүсэхэд нөлөөтэй байж болзошгүй бөгөөд эдгээр мутацийг HBV-ийн D генотипийн халдвар авагсадын эмгэг архагших болон өвчин даамжрах явцыг таамаглах молекул маркер болгон ашиглах боломжтой гэж үзнэ.

1.3. Томуугийн эсрэг вакцин бүтээх шинэ зарчим

Д.Анхлан

Мюнстэрийн Их сургуулийн Молекул вирус судлалын хүрээлэн, ХБНГУ

Вакцинжуулалт нь дэлхий дахинд томуугийн вирусийн халдвартай тэмцэх, сэргийлэх шилдэг арга хэрэглэл болсоор байна. Нэн саяхан гэхэд дэлхийн эрүүл мэндийн хамтын нийгэмлэг 2009 онд „гахайн томуу“ гэж нэрлэгдсэн томуугийн цартахлын эсрэг вакциныг бүтээж үйлдвэрлэсэн билээ. Энэ вакциныг амжилттай хэрэглэсний ачаар уг цартахлыг бүрэн хяналтандаа авч, зогсоож чадсан. Томуугийн А вирусийн удамшлын төрх асар их хувисамтгайн улмаас дараагын цартахал хэзээ гарахыг урьдчилан мэдэх боломжгүй юм. Бид томуугийн WSN/33 вирусийн NP генд амин хүчлийн өөрчлөлтгүй цэгчилсэн мутаци үүсгэн, эмгэгөрөх чадваргүй вакцины омгыг урвуу генетикийн аргаар бүтээсэн. Энэхүү рекомбинант эмгэгтөрөгч бус омгоор вакцинжуулсан туршлагын хулганыг зэрлэг омгийн WSN/33 вирусийн үхүүлэх тунгаар халдаахад өвчлөхгүй дархлаатай байлаа. Томуугийн вирусийн NP ген дээр хийгдсэн туршилтын үр дүн нь томуугийн эсрэг амьд, сулруулсан вакцин бүтээх цоо шинэ зарчим нээж өгч байгаа төдийгүй, энэ технологийг сегментэт геномтой бусад бүх вирусийн вакцин бүтээхэд ашиглаж болох юм. Мөн энэ лекцэнд одоогийн зөвшөөрөгдөн хэрэглэгдэж байгаа томуугийн вакцинаас гадна улам илүү найдвартай, үр дүн сайтай вакцин нэн шуурхай бүтээн үйлдвэрлэх бололцоог тавьж буй урвуу генетикийн шинэ технологийн давуу талыг танилцуулахыг зорилоо.

1.4. Томуугийн эсрэг эмийн бэлдмэл эрэлхийлэх шинэ чиглэл

С.Людвиг,

Мюнстэрийн их сургуулийн Молекул вирус судлалын хүрээлэн, ХБНГУ

Томуу өвчин Дэлхий нийтийг хамарсан цартахал үүсгэдэг халдварын нэг байсаар байна. Хүнтөрөлхтөн одоогоор энэ халдварын эсрэг томуугийн вирусийн нейраминидазын саатуулуур оселтамивир, занамивир, M2-ионы сувгийн саатуулуур амантадин, римантадин гэсэн дөрөвхөн өвөрмөц эмчилгээний бэлдмэлтэй байна. Харамсалтай нь сүүлийн жилүүдэд эдгээр эмийн бэлдмэлд тэсвэржсэн омог бий болон тархаж буй мэдээлэл ихэсч байгаа билээ. Иймээс шинээр тархан дэлгэрч болзошгүй томуугийн тахалт тархалтын үед хэрэглэх бололцоотой шинэ эмийн бэлдмэл хайх нь томуу судлаачдын нэгэн тулгамдсан зорилт юм. Томуугийн ямар шинэ омог цартахал үүсгэн тархаж болохыг урьдчилан тааварлах боломжгүй тул томуугийн вирусийг эсрэгтөрөгчийн төрхөөс нь хамааралгүйгээр саатуулж чадах эмийн бэлдмэл хайх нь одоо чухал болоод байна.

Томуугийн вирус нь эсэд нэвтрэн орсныхоо дараа эсийн дохиоллын хэд хэдэн тогтолцоог идэвхижүүлдэг. Эсийн эдгээр дохиоллын тогтолцоонууд нь нян, вирусийн эсрэг эсийн төрөлх (innate) дархлаа ажиллаж эхэлсний илрэл гэж үздэг. Томуугийн вирус төрөлх дархлааны энэ механизмыг өөрийн репродукцид ашиглах хандлагатай тул эсийн доторхи дохиоллын эдгээр тогтолцоо нь шууд вирус дээр үйлчлэлгүйгээр вирусийн репродукцийг саатуулж болох эмийн бэлдмэлийн бай болгон ашиглаж болох шинэ бололцоо нээж байгаа юм.

Сүүлийн хэдэн жил манай судлагааны баг эсийн дохиоллын зарим тогтолцоонд нөлөөлөх замаар томуугийн эсрэг шинэ бэлдмэл хайх судалгаа хийж байна. Тухайлбал, вирусийн рибонүклеопротеин эсээс экспортлогдох процессийг зохицуулдаг митогенээр идэвхижигч, микротубультай холбоот протейн киназийн хэлхээ (MAPK or microtubule-associated protein kinase cascade), болон эсийн апоптозын зохицуулалтанд оролцдог, В лимфоцит идэвхижүүлэгч цөмийн каппа факторын хэлхээг (NF- κ B pathway) тасалдуулах нь томуугийн вирусийн репродукцийг эс хордуулах үйлчлэлгүйгээр саатуулдаг болохыг бид судлан тогтоогоод байна. Энэ саатуулах үйлдэл нь томуугийн вирусийн тэсвэржсэн омог үүсгэх хандлагагүй нь судлаачдын анхаарлыг ихээхэн татаж буй болно.

Бид ДЭМБ-ын зөвлөмжийг удирдлага болгон дээрхи үйлдэл бүхий ургамлын гаралтай химийн нэгдлүүд хайхад ихээхэн анхаарч байна. Энэ лекцэнд

томуугийн эсрэг эмийн бэлдмэл хайх дээрхи шинэ чиглэлүүдийн тухай шүүмжлэлт тоймыг тусгах юм.

1.5. Хүний риновирус С ба энтеровирус 68 хэмээх хоёр пикорнавируст халдварын эпидемиологи

Х.Ошитани

Япон улс, Сендай хотын Тохоку их сургуулийн Анагаах ухааны сургуулийн Вирус судлалын тэнхим

Амьсгалын замын цочмог халдвар (АЗЦХ) Дэлхий нийтийн нийгмийн эрүүл мэндийн тулгамдсан асуудал хэвээр байсаар байна. АЗЦХ-ын судалгаанд молекул биологийн арга техник эрчимтэй нэвтэрч байгаа нь АЗЦХ сэдээгч шинэ вирусүүд нээх буюу өмнө нь мэдэгдэж байсан үүсгэгчийн шинэ төрхийг илрүүлэхэд хүргэж байна. Манай судалгааны баг сүүлийн жилүүдэд Филиппин улсын Лейте хот дахь Зүүн Визавасын Бүсийн анагаах ухааны төвийг түшиглэн амьсгалын замын хүндэрсэн халдвар(АЗХХ - sARI: severe acute respiratory infection)-ын этиологи, эпидемиологийг судлаж байгаа бөгөөд энэ лекцэнд уг судалгааны зарим үр дүнг нэгтгэн илтгэх юм.

Хүний риновирус С (HRV-C) бол риновирусийн шинэ төрөл зүйл бөгөөд АЗЦХ-ийн үүсэлд гүйцэтгэх үүрэг нь бүрэн тодроогүй байгаа болно. Бид 2008 оны 5 дугаар сараас 2009 оны 5 дугаар сарын хооронд АЗХХ оноштой 816 өвчтөнөөс хамар-залгиурын арчдас цуглуулж, ПГУ-аар HRV илрүүлэх судалгаа хийхэд 243(29.8%) сорьцонд риновирус илэрсэн бөгөөд нуклеотидын дарааллаараа өөр хоорондоо ихээхэн ялгаатай омгууд олдсон юм. Мөн цусны 30 сорьцонд HRV-ийн эсрэгбие ихэссэн байлаа. Эсрэгбие эерэг сорьцны 3% (4/131) нь HRV-A, 0% (0/25) нь HRV-B, 31% (26/83) нь HRV-C эерэг байв. Энэ нь HRV-C илүү эмгэгтөрөх чадавхитай байж болзошгүйг баталж байгаа юм.

Энтеровирус 68 (EV68) анх 1962 онд АЗЦХ бүхий хүүхдээс илэрсэн байна. Хэдүйгээр энэ вирусийг пикорнавирусийн овгийн энтеровирус төрөлд хамааруулсан боловч хүчилд тэсвэртэй зэрэг зарим төрхөөрөө риновирустэй төстэй болно. Дээрхи судалгаанд хамрагдсан HRV-C халдвар оношлогдсон өвчтөний 21-д нь EV68 давхар оношлогдсоны 2 нь нас барсан юм. EV68 нь ховор тохиолдох энтеровируст тооцогддог бөгөөд бидний энэ судалгаа нь уг халдварын хамгийн олон тохиолдол бүхий дэгдэлтийн анхны бичиглэл болсон билээ. Энэ судалгааны үр дүн нийтлэгдсэний дараа АНУ, Япон, Нидерландад EV68 халдварын томоохон дэгдэлтүүдийг илрүүлсэн юм.

ХОЁР. АМАН ИЛТГЭЛҮҮД

2.1. Монгол улсад ялгасан томуугийн цартахлын А(H1N1) вирусийн эмэнд тэсвэржилтийн судалгааны дүн

Ц.Наранзул¹, Б.Дармаа¹, Д.Энхсайхан¹, Ч.Майшцэг¹, Г.Нямаа¹ Н.Баясгалан¹, П.Нямдаваа^{1,2}

¹Халдварт Өвчин Судлалын Үндэсний Төв,

²Монголын Анагаах Ухааны Академи

Томуугийн вирусийн хими заслын бэлдмэлд тэсвэржилтийг судлах нь уг халдварыг хянах, сэргийлэх, эмчилэхэд шийдвэрлэх нөлөөтэй юм. Бид Монгол улсад идэвхитэй эргэлтэнд байгаа томуугийн цартахлын вирусийн эмийн бодист тэсвэржилтийг тандан судлах зорилгоор 2009-2011 онд ялгасан цартахлын А(H1N1) вирусийн 292 омгийн нейраминидазын саатуулуур (НАС) (оселтамивир)-т, 7 омгийн M2 уургийн саатуулуур (амантадин) –т тэсвэржилтийг судаллаа

НАС-д тэсвэржилтийн тоон үзүүлэлтийг NA-Star (Applied Biosystems, Foster City, CA) цомог, Hoffman-La Roche Ltd компаниас авсан оселтамивир карбоксилат, ДЭМБ-ын Томуугийн Хамтын Ажиллагааны Төв (ТХАТ) өөс ирүүлсэн НАС-д мэдрэг болон тэсвэржсэн хяналтын омгуудыг ашиглан Veritas Microplate Luminometer уншигч машинаар, НАС-д тэсвэржсэн H274Y мутац илрүүлэх шинжилгээг нэг шатлалт бх-УТ-ПГУ-аар хийв. Нейраминидаз(NA) болон M2 генийн нуклеотидын дараалал тогтоох шинжилгээг Applied Bio system Big-Dye TerminatorV3.1 cycle Sequencing цомог, ДЭМБ-ын ТХАТ-ийн праймеруудыг ашиглан ABI 3130 x1 Genetic analyzer-аар хийж, үр дүнгийн боловсруулалтыг MEGA 5.01 программаар гүйцэтгэлээ.

НАС-т тэсвэржилтийг тодорхойлсон 292 омгоос нэг омог (A/Dundgovi/381/2010(H1N1)v)-т вирусийн NA-ын идэвхийг 50% (IC50) саатуулах эмийн төвшрүүлэг 65.6 nM (мэдрэг хяналт 31.6 nM байхад) илэрч, энэ омогт бх-УТ-ПГУ болон NA генийн нуклеотидын дараалал тогтоох шинжилгээгээр NA генийн 274 дүгээр байрлалд гистадин тирозинаар (H274Y) солигдсон мутац тодорхойлогдсон нь оселтамивирт тэсвэржсэн болохыг баталж байна (ген банкны дугаар: ADM33443). Энэ омгийн NA генийн 106, 248, 274 дугаар амин хүчлийн байрлалд мөн мутац тодорхойлогдсон болно.

M2 генийн нуклеотидын дараалал тогтоох шинжилгээ хийсэн 7 омогийн (Ген банкны дугаар: CY053364, CY053365, CY054547, CY054549, CY055171, CY065990, CY065998) 6-д нь 31 дүгээр амин хүчил серин аспаргинаар солигдсон [S31N]) мутац, харин нэг омогт 31 дүгээр амин хүчил серин аспартатаар солигдсон [S31D]) мутац илэрч бүгд амантадинд тэсвэржсэн байна.

2.2. Монголд илрүүлсэн аденовирүсийн ийлдэс судлалын хэвшинжийг нүклейн хүчлийн аргаар тодорхойлсон дүн

Н.Баясгалан^{1,3}, К.Тоома², Ц.Наранзул¹,
Г.Нямаа¹, Б.Дармаа¹, С.Цогтсайхан³,
Х.Ошитани², П.Нямдаваа^{1,4}

¹Халдварт Өвчин Судлалын Үндэсний Төв,

²Япон улсын Сендай хот Тохоку их сургууль,

³Эрүүл Мэндийн Шинжлэх Ухааны Их Сургууль

⁴Монголын Анагаах Ухааны Академи

Хүний аденовирүс (HAdV's) бол хос утаслаг ДНХ агуулсан, бүрхүүлгүй вирүс бөгөөд генетикийн болон эсрэгтөрөгчийн төрхөөрөө 7 бүлэг, 52 ийлдэс-судлалын хэвшинжид хуваагддаг. Сүүлийн жилүүдэд аденовирүсийн зарим шинэ дэд хэв шинжүүдийг тодорхойлсон байна [Н. Ishiko et al., 2008, СМ. Robinson et al., 2011, МР. Walsh et al., 2009, МР. Walsh et al., 2010.]. HAdV нь амьсгалын замын болон ходоод-гэдэсний цочмог үрэвсэлт өвчин, конъюнктивит үүсгэдэг

Манай судлаачдын судалгаагаар ТТӨ-ний сэжигтэй өвчтөнүүдээс цуглуулсан хамар-залгиурын арчдасанд иммунфлюоресцент микроскоп(ИФМ)-ын шууд аргаар 5.7%-д [П.Нямдаваа ба бусад, 1988], R-Mix(DHI) хибрид эсийн өсгөвөр ашигласан ИФМ-ын шууд аргаар 9.6%-д [С.Цацрал ба бусад, 2009], FTD компаний оношлуур ашигласан, олон сорьцот, бодит хугацааны ПГУ(multiplex, real-time PCR)-аар 5.4%-д [С.Цацрал ба бусад, 2011] аденовирүс илэрсэн байна.

Бид Монгол улсын хүн амын дунд амьсгалын замын цочмог халдвар(АЗЦХ), конъюнктивит үүсгэн идэвхитэй эргэлтэнд байгаа хүний аденовирүсийн дэд хэвшинжүүдийг тодорхойлох зорилгоор энэхүү судалгааг хийлээ.

R-Mix (DHI, USA) хибрид эсийн өсгөвөрт (2010 онд ХӨСҮТ-ийн Вирүс судлалын лабораторид нийт n=1288; эерэг n=20) ИФМ-ын шууд аргаар аденовирүс эерэг тодорхойлогдсон 20 сорьцонд вирүсийн генетик хэвшинжийг тодорхойлов. Хамар залгиурын болон нүдний арчдас сорьцноос QIAamp DNA mini Kit (QIAGEN) цомог ашиглан вирүсийн ДНХ-ийг ялгаж, QIAGEN one step PCR цомог, Primus-96 plus термосайклер ашиглан ПГУ, Applied Bio system BigDye TerminatorV3.1 cycle Sequencing цомог, ABI 3130 x1 Genetic analyzer ашиглан гексон генийн нүклеотидын дараалал тогтоох шинжилгээг тус тус хийж, үр дүнгийн боловсруулалтыг MEGA 5.01 программаар хийлээ. Сорьцны 80% нь хамар залгиурын арчдас 20% нь нүдний арчдас байлаа. Шинжилгээгээр аденовирүсийн 3 бүлэгт хамаарах 7 дэд хэвшинжийг илрүүлснээс 6(30%) нь HAdV B7,

5(25%) нь HAdV B3, 4(20%) нь HAdV D8, 2(10%) нь HAdV C1, 1(5%) нь HAdV C5, 1(5%) нь HAdV C2, 1(5%) нь HAdV C6 хэвшинжид тус тус хамаарч байлаа. Эмнэлзүйн шинж тэмдэгээр нь авч үзвэл аденовирүсийн хүний дэд хэвшинжүүд (HAdV B7, HAdV B3, HAdV C1, HAdV C2, HAdV C5, HAdV C6) нь АЗЦХ-ыг сэдээсэн байна. Монголын хүний амын дунд орчиж байгаа аденовирүсийн ийлдэс судлалын тархалтын бүрэн дүр зургийг гаргахын тулд нэмэлт судалгаа шаардлагатай.

2.3. Сорьц авалт болон томуугийн вирүсийн илрэлтийн хамаарлыг судалсан дүн

Э.Эрдэнэжаргал¹, Л.Баяржаргал¹, М.Баттүвшин¹,
Б.Дармаа²

¹Орхон аймгийн Бүсийн Оношлогоо Эмчилгээний
Төвийн Вирүс Судлалын Лаборатори,

²Халдварт Өвчин Судлалын Үндэсний Төв

Лабораторийн шинжилгээний үнэн зөв хариу нь эрүүл мэндийн тусламж үйлчилгээ, тархвар судлал, нийгмийн эрүүл мэндийн олон үйл ажиллагаанд шийдвэрлэх нөлөөтэй. Шинжилгээний үр дүн нь мэргэжилтний арга техник, ажлын гүйцэтгэлээс гадна сорьцын төрөл, түүнийг зөв цуглуулах, хадгалах, зөөвөрлөх ажиллагаанаас ихээхэн хамаардаг бөгөөд энэ талын судалгаа мэдээлэл манай улсын лабораторийн практикт ховор байна. 2010-2011 томуугийн улиралд Орхон аймгийн вирүс судлалын лабораторид шинжилсэн сорьцыг өвчин эхэлснээс хойш цуглуулсан хугацаа, сорьцийн төрөл зэрэг үзүүлэлтийг вирүс илрэлттэй харьцуулан судлах зорилго тавилаа.

Энэ судалгаанд Орхон аймгийн вирүс судлалын лабораторид 2010 оны 11 сараас 2011 оны 3 дугаар сард тус аймгийн өрхийн эмнэлгүүд болон нэгдсэн эмнэлгээс хүлээж авсан 429 сорьцыг хамрууллаа

Сорьцоос вирүсийн РНХ-г Солонгос улсын Bioneer компаны RNA ялгах цомгоор ялгаж, томуугийн вирүсийн дэд хэвшинж илрүүлэх шинжилгээг бодит хугацааны полимеразийн гинжин урвал(бхПГУ)аар AccuPower Real time PCR цомог ашиглан Bioneer, EX-ICYCLER 96 машин дээр хийж гүйцэтгэлээ.

Судалгааны үр дүнд томуу гэсэн оноштой 186 сорьцноос 25(13.4%)-д, ТТӨ гэсэн оноштой 200 сорьцноос 17(8.5%)-д, АЗХХ оноштой 22 сорьцноос эерэг хариу байхгүй, бусад гэсэн оноштой 14 сорьцноос 2(14.2%)-д, онош тавиагүй 7 сорьцноос 1(14.3%)-д нь томуугийн вирүс тодорхойлогдов.

Өвчин эхэлсэн хугацаа болон сорьц авсан хугацааг харьцуулж үзэхэд өвчин эхэлсэнээс 1-3 хоногийн дотор цуглуулсан 321 сорьцны 40(12.5%) нь эерэг, 3-7 хоногт цуглуулсан 68 сорьцны 4(5.9%) нь эерэг,7

дээш хоногийн дараа цуглуулсан 22 сорьсны 1 (4.5%)-д нь эерэг хариу гарсан байна.

Сорьцын төрөл болон вирүс илрэлтийн хувийг харьцуулахад хамрын арчдас авсан 338 сорьцноос 36(10.6%) эерэг,хоолойн арчдас авсан 91 сорьцноос 9(9.8%) эерэг гарсан байна..

Томуугийн вирүс илрүүлэх шинжилгээний дүн нь өвчин эхэлснээс хойш сорьцийг цуглуулсан хугацаа болон сорьцийн төрлөөс хамааралтай байна.

2.4. Ретровирүсийн эсрэг эмчилгээний үр дүнг ХДХВ-ийн тоон хэмжээгээр хянах нь

*Б.Уянга, Ш.Мягмарсүрэн, Ч.Байгалмаа, М.Алтанхүү
Халдварт Өвчин Судлалын Үндэсний Төв*

Монгол улсад хүний дархлал хомсдлын вирүс (ХДХВ)-ийн ачаалал тодорхойлох шинжилгээг ХДХВ-ийн халдвартай хүмүүст 2009 оноос хийж эхэлсэн. ХДХВ-ийн ачаалал хэмжих УТ-ПГУ, branched DNA, NASBA аргуудыг голчлон ашигладаг бөгөөд манай улсад NASBA аргыг ашиглаж байна. ХДХВ-ийн ачааллыг хэмжих нь өвчний явц, эмчилгээг хянах үр дүнтэй юм.

Бид ХДХВ-ийн халдвартай монгол хүмүүст ХДХВ-ийн ачааллыг тодорхойлж, эмчилгээний үр дүнд вирүсийн ачаалал хир зэрэг буурч байгааг тогтоох зорилгоор энэ судалгааг хийлээ.

2009-2011 онуудад Biomerieux компанийн NucliSens EasyQ HIV-1 QT оношлуур ашиглан NASBA аргаар нийт 77 хүний вирүсийн ачааллын тоон хэмжээг тодорхойллоо. Эдгээр хүмүүсээс ретровирүсийн эсрэг эмчилгээ (РВЭЭ)-нд хамрагдсан 15 хүнд эмчилгээний өмнө болон эмчилгээ хийгдэж эхэлснээс хойш 3-6 сарын дараа вирүсийн ачааллыг тодорхойлсон. Олон улсын хэмжээнд вирүсийн ачааллын түвшинг маш бага (target not detected /<20 хуулбар/мл/ - 400 хуулбар/мл), бага (10 000-80 000 хуулбар/мл), өндөр (>100 000 хуулбар/мл) гэж ангилан үздэг.

Бидний судалгаагаар ХДХВ-ийн халдвартай хүмүүсийн цусанд вирүсийн ачаалал нь өвчний үе шат, тухайн хүний дархлалын байдлаас хамаарч янз бүр байсан ба судалгаанд хамрагдсан 77 хүнд ХДХВ-1-ийн ачаалал дунджаар 118 600 хуулбар/мл байв.

РВЭЭ-нд хамрагдсан 15 (19.5%) хүнд эмчилгээний өмнө ХДХВ-1-ийн ачааллын тоон хэмжээ дунджаар 426 926 хуулбар/мл байсан ба вирүсийн ачааллын түвшингээр ангилвал: ХВХВ-1-ийн ачаалал “маш бага”-тай хүн байхгүй, 5 (33.3%) хүнд вирүсийн ачаалал бага, 10 (66.6%) хүнд вирүсийн ачаалал өндөр байв.

Харин РВЭЭ-ний дараа ХДХВ-1-ийн ачааллын дундаж тоон хэмжээ 54 722 хуулбар/мл болж багассан

ба дээрх ангиллаар бүлэглэж үзвэл: 11 (73.4%) хүнд маш бага 3 (20%) хүнд, - бага 1 (6.6%) хүнд өндөр хэвээр байлаа.

Үүнээс үзэхэд РВЭЭ эхэлснээс хойш 3-6 сарын дараа вирүсийн ачааллын тоон хэмжээ дунджаар 8 дахин буурсан байв.

NASBA нь ХДХВ-1-ийн ачаалал хэмжих нь эмчилгээний үр дүнг хянах, эмчилгээний тактикийг боловсруулахад үр дүнтэй, тохиромжтой арга гэдэг нь харагдаж байна.

РВЭЭ нь ХДХВ-ийн халдвартай хүмүүсийн цусандахь ХДХВ-ийн ачааллыг үлэмж хэмжээгээр бууруулж үр дүнтэй болох нь харагдаж байна.

2.5. Хепатитийн В ба С вирүсийн нүклейн хүчлийн тоон үзүүлэлт сорьцын хэлбэр болон урвалын нөхцлөөс шалтгаалах нь

*Н.Наранбат, Г.Өнөрсайхан, П.Нямдаваа
“Гялс” Анагаах ухааны төв, ХХК, Монголын анагаах
ухааны академи*

Хепатитийн В (HBV) болон С (HCV) вирүст халдварын эмчилгээний дэглэм сонгох, өвчний тавиланг таамаглахад цусандахь эдгээр вирүсийн тоон хэмжээг тодорхойлох нь зарчмын ач холбогдолтой гэж судлаачид үзэж буй бөгөөд, хөгжингүй орнуудад бол нийтээр баримтлах зөвшөлцсөн удирдамж (consensus guideline) боловсруулан хэрэглэдэг байна [A.S.Lok and B.J.McMahon, 2007; M.G.Ghany et al., 2009].

Манай орны хувьд хепатитын вирүс тоолох шинжилгээ эхлэл шатнаа яваа, лабораторийн болон эмчилгээний зөвшилцсөн удирдамж байхгүй байгаа нь шинжилгээний дүнг жишихэд ихээхэн бэрхшээл учруулж, заримдаа өвчтөнийг чирэгдүүлэхэд хүрч байна. “Гялс” Анагаах ухааны төв(ГАУТ)-д 2009 оноос эхлэн HBV болон HCV-ийн нүклейн хүчил(НХ)-ийн тоон үзүүлэлтийг шинжлэж эхлэсэн бөгөөд энэ удаа бид дурьдсан шинжилгээнд сорьцын төрөл, болон хадгалах хугацаа, нүклейн хүчил ялгах арга шинжилгээний эцсийн үр дүнд ямар нөлөөтэйг судлах зорилт тавьсан болно.

Бид судалгаандаа түргэвчилсэн иммунхроматографын шинжилгээний “Acon”, USA оношлуураар HBsAg эерэг гарсан 41 шинжлүүлэгч, мөн пүүсийн оношлуураар anti-HCV эерэг гарсан 44 шинжлүүлэгчийн сорьц авч бүхэл цус, сийвэн, ийлдсээс НХ-ийг БНСУ-ын Bioneer компани ExiPrep 16 (автомат) арга, изопропанолоор тундасжуулах гар аргаар ялган авч, Bioneer Exicycler 96 багаж, уг пүүсийн оношлуур ашиглан бх-ПГУ-аар HBV болон HCV-ийн нүклейн хүчлийн тоон үзүүлэлтийг тодорхойлох шинжилгээ хийж, харьцуулсан юм.

Бүхэл цусанд хийсэн шинжилгээгээр HBV-ийн ДНХ эерэг үзүүлэлт ийлдэс болон сийвэнд хийснээс 2.2-4.5 дахин цөөн, харин HCV-ийн РНХ эерэг үзүүлэлт сийвэнгийнхтэй ойролцоо, ийлдэсэнд хийснээс 3.3-3.4 дахин бага байгаа нь HBV-ийн ДНХ илрүүлэхэд ийлдэс буюу сийвэнг, HCV-ийн РНХ илрүүлэхэд ийлдсийг ашиглах нь зүйтэй болохыг харуулсан болно. Гар болон автомат аргаар ялгасан НХ-ийн хэмжээ нь хоёр вирусийн аль алинд 2.2%-16% зөрөөтэй гарч байсан боловч зөрөө нь статистикийн хувьд үнэн магадтай байж чадсангүй. Харин сорьсны вирусийн НХ-ийн тоон хэмжээ бага байвал автомат аргаар НХ илрүүлэх нь статистик магадлалтай илүү байлаа.

Сорьц хадгалалтын хугацаа вирусийн НХ илрүүлэхэд нөлөөлж буй эсэхийг судлахдаа бид сийвэн ялгасан сорьц авч: 1) сийвэн хэвээр нь, 2) сийвэнгээс ялгасан ялгасан НХ-ийг 1-3 долоо хоног -70° С-д хадгалж НХ-ийн тоон үзүүлэлт өөрчлөгдөх эсэхэд ажиглалт хийлээ. Сийвэн болон ялгасан НХ хоёр хоёулаа -70° С-д нэн бага өөрчлөлттэй хадгалагдаж байсан бөгөөд вирусийн НХ-ийн тоо эхнээсээ цөөн байсан бол хадгалагдах явцад багасах нь илүүтэй байдаг бололтой.

Мөн лабораториуд шинжилгээний хариуг copies/ml(dl, l) болон IU/ml(dl, l)-ээр илэрхийлдэг, багаж бүрт copies/ml(dl, l)-ийг IU/ml(dl, l)-д шилжүүлэх өөр өөр коэффициент хэрэглэдэг нь зарим тохиолдолд өвчтөнүүд төдийгүй, эмч нар төөрөлдөх шалтаг болдог ажээ.

Иймээс HBV болон HCV-ийн нуклейн хүчлийн тоон үзүүлэлтийн шинжилгээ хийж байгаа лабораториуд болон эмчлэгч эмч нар хамтран манай нөхцөлд тохирсон зөвшилцсөн удирдамж боловсруулах нэн шаардлагатай болжээ хэмээн бид үзэж байна.

2.6. В вирус хепатитийн онош, эмчилгээний Монгол улс дахь өнөөгийн байдал ба парадокс

Ж.Амарсанаа^{1,2}, П.Нацагням¹, Б.Саяболд¹,
Н.Лхасүрэн¹, Дэлгэрзаяа¹, Ж.Чинбүрэн^{1,3}, О.Баатархүү^{1,4},
Б.Цацралт-од^{1,5},

Л.Дашцэрэн¹, Д.Авирмэд^{1,2}

¹ Монголын Элэгний Эмгэг Судлалын Холбоо,

² Анагаах ухааны Хүрээлэн,

³ Монголын Хавдар судлалын Үндэсний Төв,

⁴ Эрүүл Мэндийн Шинжлэх Ухааны Их сургууль,

⁵ Халдварт Өвчин Судлалын Үндэсний Төв

Монгол орон нь В гепатитын тархалт өндөртэй орнуудын тоонд ордог ба хүн амын 10 орчим хувь нь HBV-н халдвартай. Хавдрын өвчлөлийн тэргүүлэх шалтгаан нь вирус шалтгаантай гепатит бөгөөд тэдгээрийн тал орчим хувийг В гепатитын вирус эзлэж

байна. Бидний судалгаа нь HBV вирус тоо болон серологи маркерын шинжилгээг нэгтгэж хийсэн Монгол дахь анхны судалгаа юм. Элэгний өвчлөлийн өнөөгийн байдлыг архаг В гепатиттай өвчтөнүүдэд үнэлэхэд аль шинжилгээний арга нь ач холбогдол өндөр байгааг илрүүлэхэд бидний судалгааны зорилго оршино. Happy Veritas, клиник оношлогооны лабораторид HBV вирус тоо шинжлүүлсэн, тохиолдлоор сонгосон 300 өвчтөнүүдэд статистик дүн шинжилгээ хийсэн. Taqman Real-Time PCR, HBV-combo rapid tests болон Биохими, Цусны дэлгэрэнгүй шинжилгээг энэхүү судалгаанд ашигласан болно.

300 HBsAg эерэг хүмүүсийн вирусыг тоолж үзэхэд 40.6% нь вирус тоо >500 copies/ml байсан. Ийлдсийн HBV DNA сөрөг үзүүлэлт циррозтой өвчтөнүүдэд 58%, харин циррозгүй өвчтөнүүдэд 51% байсан ба 2 бүлэгт онцын ялгаа ажиглагдаагүй. HBsAg эерэг хүмүүсийн 5.3% нь HBeAg эерэг үзүүлэлттэй байв. HBV эерэг хүмүүсийн дундаж нас нь 38 байсан бол HBeAg эерэг хүмүүсийнх 22 байлаа.

Хэдийгээр вирусыг тоолох нь архаг В гепатиттай өвчтөнүүдэд эмчилгээний үр дүнг тооцоход чухал шинжилгээ болдог хэдий ч элэгний архаг өвчлөлийн явцыг тогтооход ач холбогдолгүй байсан. HBsAg эерэг хүмүүсийн 40%-нь HBV DNA эерэг хүмүүс байсан. HBV DNA сөрөг хүмүүсийн АлАТ өндөр, элгэнд фиброзтой байсан учраас тэдгээрийг эрүүл зөөвөрлөгч гэж үзэхэд хүндрэлтэй юм. Энэ тохиолдолд тэдгээр хүмүүст HBsAg нь тоо хэмжээг тодорхойлох нь ашиг тустай байж болно. HBsAg-ийг эмчилгээний үр дүнг хянахад төдийлөн хэрэглэдэггүй. Тийм учраас мэдрэг чанар сайн, өргөн хүрээний шинжилгээ зайлшгүй шаардлагатай байна. Хэдийгээр барууны орнуудад HBeAg- эерэг үзүүлэлт HBV-н халдварыг илрүүлэх болон шийдвэр гаргахад чухал үүрэгтэй байдаг боловч, бусад Азийн орнуудтай адил Монголын хувьд энэ нь өөр тохиолдол юм. Учир нь HBeAg(+) хүмүүс HBV-ын халдвартай хүмүүсийн өчүүхэн хувийг л эзлэж байна.

2.7. Сэртэнт эсийн үйл ажиллагааны насжилтын өөрчлөлтийг томуугийн вирусийн хемагглютинин экспресслэгч трансген хулганын загвар дээр судалсан дүн

Ш.Түмэнжаргал¹, Фюлис Лиинтон²

¹ХААИС, Мал эмнэлэг - Биотехнологийн сургууль,

Халдварт өвчин - Микробиологийн тэнхим

²Сидней Киммелийн Хавдарын Төв, Сандиго,

Калифорни, АНУ

Өндөр настай хүн, амьтад нь хорт хавдар болон халдварт өвчинд өртөмтгий байдаг. Үүний шалтгаан болох сэрээ булчирхай, гэнэн/ насжилттай Т эсүүдийн тухай бусад судлаачид бичиж нийтлүүлсэн. Бид Т

эсийн насжилтын өөрчлөлтийн бас нэг шалтгаан нь сэртэнт эсийн насжилттай холбоотой өөрчлөлтөд байж болох юм гэж үзсэн.

CD8+ ба CD4+ Т эсүүдийн удааширсан үржилтийг насжилттай хулганад CFSE будагийн тусламжтайгаар харуулсан. Харин залуу сэртэнт эсийг насжилттай хулганад тарихад энэ удаашралт буурсан. Мөн насжилттай хулгана дахь сэртэнт эсийн гажигтай шилжилтийг иммунофлуоресценц мөн Флоу сютометрийн тусламжтайгаар харуулсан. Насжилттай хулганы дэлүүнд Gr-1+, B220+, CD11cintermediate сэртэнт эсүүдийн тоо багасч харин CD4-, CD11b+, CD11cbright эсүүдийн тоо нь ихэссэн байсан.

Насжилттай сэртэнт эсийн тэвчил өөрчлөгдөөгүй байсныг InsHA- транженик хулгана дээр харуулсан. Томуугийн вирүсийн гадаргууны хемагглютинин /HA/ уураг нь инсулин промоторын хяналтан доор цөсний бета эсүүдэд трансгенээр хийгддэг бөгөөд үүний эсрэг Т эсүүд нь тэвчилтэд орсон байдаг.

Бид HA – пептидийн эсрэг Клон-4 трансген CD8+ Т эсүүдийг залуу болон насжилттай InsHA хулганад шилжүүлэх туршилт хийсэн. HA уургийг кодлосон томуугийн A/PR8 (H1N1) вирүсээр тариагүй үед тэвчил бий болж InsHA хулганууд сахарын өвчин үүсгэхгүй. Харин тухайн вирүсээр тарихад бүх залуу хулганууд сахарын өвчтэй болж байхад насжилттай хулгануудын зөвхөн тал нь сахарын өвчтэй болж байсан.

2.8. Бог малын зарим лентивирүсийн эсрэгбиеийн тархалтыг монгол малд судалсан дүн

*С.Сугар, Э.Базаррагчаа, Ш.Энхээ
УМЭАЦТЛ*

Бог малын Маеди-Висна, Ямааны үе-тархины үрэвсэл өвчин нь Retrovirus-овог, Lentivirus-ийн төрлийн Маеди-Виснагийн вирус (MBV), Ямааны үе-тархины үрэвсэлийн вирүс (ЯҮТҮВ)-ээр үүсгэгдэнэ. Бид өөр өөр эсрэг төрөгч бүхий ЭЛИЗА урвалаар эдгээр өвчний эсрэг биенийг ялган илрүүлэхийг зорив.

Төв, Увс, Завхан, Архангай аймгийн нутгаас цуглуулсан хонины 45, ямааны 14 цусны ийлдсийг MBV-gag ба ЯҮТҮВ_gp135 эсрэг төрөгч бүхий хоёр янзын ЭЛИЗА урвалын цомгийг ашиглан шинжлэв. MBV-gag-ЭЛИЗА цомгийг Францын ID VET, ЯҮТҮВ_gp135-ЭЛИЗА цомгийг АНУ-ын VMRD компанид тус тус үйлдвэрлэсэн.

MBV-gag-ЭЛИЗА урвалаар хонины 12 ийлдэс эерэг, хонины 33, ямааны 14 ийлдэс тус тус сөрөг байв. ЯҮТҮВ_gp135-ЭЛИЗА урвалаар хонины 10,

ямааны нэг ийлдэс тус тус эерэг, бусад ийлдэс сөрөг гарав. MBV-gag-ЭЛИЗА урвалаар 5, ЯҮТҮВ_gp135-ЭЛИЗА урвалаар 4, хоёр урвалаар 7 эерэг дүн үзүүлж, 43 ийлдэс энэ хоёр урвалаар сөрөг байв.

Маеди-Виснагийн вирүс болон Ямааны үе-тархины үрэвсэлийн вирүсийн халдвар нэг сүрэгт хам байхын зэрэгцээ нэг малд холимог тохиолдож байна. Маеди-Висна болон Ямааны үе-тархины үрэвсэл өвчний эсрэг биенийг илрүүлэхэд MBV-gag-ЭЛИЗА ба ЯҮТҮВ_gp135-ЭЛИЗА урвал тус бүрдээ өвөрмөц байна. Бог малын Lentivirus-ийн халдварыг ялган илрүүлэхэд MBV-gag-ЭЛИЗА ба ЯҮТҮВ_gp135-ЭЛИЗА-г хослон хэрэглэхийг санал болгож байна.

2.9. Хепатитийн А вирүсийн эсрэгтөрөгч илрүүлэх ФХУ-ын оношлуур үйлдвэрлэх технологийн туршилтын дүн

*А.Алтантуяа, П.Сувд, Б.Энхтуяа, О.Дуламсүрэн,
Б.Сайнчимэг, Ж.Оюунбилэг, Б.Энхжаргал, С.Лхагва,
Ч.Цэенпил
Нийгмийн Эрүүл Мэндийн Хүрээлэн, Биотехнологийн
Үйлдвэр, Судалгаа, Сургалтын Төв*

Монголын хүн амындунд түгээмэл тархсан халдварт өвчний нэг нь хепатитийн А вирүсийн халдварын нэг учир ХАВ илрүүлэх, эх орны үйлдвэрийн оношлогооны бэлдмэл үйлдвэрлэх технологи боловсруулах зорилго тавин, анти-HAV IgG эерэг түүхий эд сонгож, IgG ялгаж оношлуур бэлтгэхэд ашиглах, цомгийн бусад иж бүрдлийг бэлтгэж, шалгах ажлуудыг хийж гүйцэтгэлээ. Сонгосон IgG –ээр урвалын самбарыг мэдрэгжүүлж, глутарьалдегидын хоёр шатлалт аргаар (Avtameas, Ternynck. 1971, Engvall.1978 нар) пероксидаза ферменттэй холбож коньюгат бэлтгэн, оношуурыг шалгах сорьцуудыг ПГУ-аар шинжлэв.

ФХУ-аар шинжлэхэд ихсийн ийлдсийн 75 сорьцын 67 нь /89.3%/, санамсаргүй сонголтоор сонгосон 64 хүний ийлдсийн 62 /96.9%/нь анти HAV IgG эерэг тодорхойлогдов. Мөн ХӨСҮТ-д Анти-HAV IgM эерэг тодорхойлогдож эмчлүүлсэн 7 хүүхдийн ийлдсэнд анти-HAV IgG үзэхэд бүгд эерэг байлаа. Насанд хүрэгсдийн ийлдсийн хэмжээ болон анти-HAV IgG-ийн титр бага байсан учир ихсийн ийлдсийг ашиглан иммуноглобулин тундасжуулах 3 аргыг ашиглан харьцуулан туршив.

Ихсийн ийлдсээс тус бүр 3 мл-ийг авч аммони сульфатын болон натри сульфатын өөр өөр концентрацтай 3 аргаар тундасжуулж тундсыг хэмжихэд 1,3-р аргын тундасжуулалтаас тус бүр 0,059гр, 2-р аргын тундасжуулалтаас 0,005 гр тундас гарлаа. Эдгээр тундсыг 25% болгон БФУ-д уусгаж, “batch”аргаар цэвэрлээд ФХУ-аар шинжилэхэд гэрлийн шингээлт anti-HAV IgG 1-р аргынх 0,726, 2-р аргынх 0,894 3-р аргынх 1,926 байлаа, Мөн

спектрофотометрээр хэмжин E280 :1,35 томъёогоор тооцоход уургийн хэмжээ 1-р аргынх 0,331 мг/мл, 2-р аргынх 0,301 мг/мл байсан ба 3-р аргынх хэмжээ бага учир хэмжигдээгүй. Гарсан тундас, IgG-ийн титрээс үндэслэн 1-р аргыг илүү зохистой гэж үзлээ.

ХӨСҮТ-д анти-HAV IgM эерэг тодорхойлогдож эмчлүүлсэн хүүхдийн ийлдсээс Аммони сульфатын $/(NH_4)_2SO_4/$ уусмалаар IgG тундасжуулж, хроматографын “batch” болон клонкын аргаар цэвэрлэж IgG-ийн хэмжээг ФХУ –ын аргаар тодорхойлж оношлуур бэлтгэхэд сонгож авлаа.

“Batch” болон колонк ашиглан цэвэрлэсэн IgG –ээр пероксидаза ферменттэй холбож бэлтгэсэн коньюгатыг 1:200.....1:5000 хүртэл шингэрүүлэлт хийж ажлын концентрацыг тогтооход 1:50 байлаа.

Тетраметилбензидин, этанол, устөрөгчийн хэт исэл ашиглаж субстрат бэлтгэв.

Оношлуурыг шалгахад 64 өтгөний сорьцыг авч ПГУ-ын аргаар ХАВ /РНХ/-ыг шинжлэхэд 36 /56,2%/ нь эерэг байлаа.. Боловсруулалт хийсэн сорьцуудад бэлтгэсэн оношлуураар урвал тавихад ПГУ-аар эерэг 36 сорьцын 4-ийг илрүүлээгүй байсан нь ПГУ-аар сул эерэг урвал өгсөн сорьцууд байлаа.

Энэхүү судалгаан дээр тулгуурлан анти-HAV IgG, анти-HAV IgM илрүүлэх оношлуур туршин хийх боломжтой бөгөөд дараах зүйлсийг анхаарах нь зөв болов уу гэсэн дүгнэлтэнд хүрлээ.Үүнд:

1. Ихсийн ийлдсээс IgG ялгасан туршилтын дүнд аммони сульфатын 80%-ийн уусмалаар тундасжуулах нь илүү үр дүнтэй байна.

2. Иммуноглобулиныг цэвэрлэхэд “batch” болон “колонк”-ийн аргаас гарах үр дүн ойролцоо, “batch” арга нь хугацаа, “колонк”-ийн арга нь төхөөрөмж илүү шаардагдах талтай.

3. Хепатит А өвчнөөр ихэвчлэн хүүхэд өвддөг, насанд хүрэгсэд хэдийгээр халдвар авсан ч эмнэлзүйн тодорхой илрэлгүй өнгөрдөг учир эмнэлэгт оношлогддоггүй, анти-HAV IgG-ийн титр бага байдаг

нь ажиглагдлаа. Иймээс түүхий эдийн сонголтыг онцгой анхаарах нь зүйтэй байна.

2.10. Хепатитийн А вирусийг хүний анхдагч эсийн өсгөвөрт өсгөвөрлөсөн дүн

Э.Алтанцэцэг¹, Ц.Цэвээнсүрэн¹, Э.Мөнгөнчөдөр¹,
Д.Сувд¹, Р.Туул², Ч.Энхтайван³,
А.Ариунаа¹, Ж.Оюунбилэг¹

¹Нийгмийн Эрүүл Мэндийн Хүрээлэн, БҮССТ

²Халдварт Өвчин Судлалын Үндэсний Төв

³“Таны төлөө бид” Эмэгтэйчүүдийн эмнэлэг

Хепатитийн А вирус (ХАВ) нь хүнсний бүтээгдэхүүн, ундны ус зэргээр дамжин халдварлахаас гадна халдвартай өвчтнөөс хүнд шууд халддаг. Манай орны хувьд ХАВ-ийн халдвар, нийт халдварт өвчний 22,3%, вирүст хепатитийн 84,9%-ийг тус тус эзэлж байна.

ХАВ-ийг эсийн өсгөвөрт өсгөвөрлөн ялгаж, уг вирусийг молекул биологийн шинжилгээгээр илрүүлэх нь энэ судалгааны гол зорилт байв. Хепатит А оноштой 24 өвчтнөөс өтгөний сорьц цуглуулав. Эсийн өсгөвөр гарган авахын тулд 7–10 долоо хоногтой хүний үр хөврөлийн булчинлаг эдийг салган, фибробласт эсийн анхдагч өсгөвөрийг бэлтгэв. ХАВ-ийн халдвартай өвчтөнүүдээс цуглуулж, боловсруулалт хийсэн өтгөний сорьцийг хүний үр хөврөлийн фибробластын анхдагч эсийн өсгөвөрт халдварлуулж, 8 удаа зорчуулан дасгаж өсгөвөрлөлөө. Зорчуулалт бүрийн дараа ПГУ-ын аргаар шинжилгээ хийхэд 3 дахь удаагийн зорчуулалтаас эхлэн ПГУ-аар эерэг гарч байв. Шинжилгээнд ОХУ-д үйлдвэрлэсэн Ампли-Синс © HAV-Eph оношлуур ашиглав. Хүний үр хөврөлийн фибробластын анхдагч эсийн өсгөвөрийг бэлтгэж, улмаар уг эсийг ашиглан ХАВ-ийг өсгөвөрлөх боломжтой нь энэ судалгаагаар батлагдлаа. Ингэснээр ХАВ-ийн генотипийг нарийвлан тогтоох, вакцины нутгийн омог гарган авах боломж бүрдэж байна.



ГУРАВ. ХАНЫН ИЛТГЭЛҮҮД

3.1. Хүнд хэлбэрийн хачигт энцефалитын үүсгэгчийг судалсан дүн

Д.Абмэд¹, Ж.Батаа¹, М.А. Хаснатинов², Г.А.Данчинова²,
Б. Оюунбилэг¹, У.Өнөрсайхан³, Мягмар⁴, С.Ариунаа⁴

¹Халдварт Өвчин Судлалын Үндэсний Төв

² ОХУ-ын Анагаах ухааны академийн

Дорнод сибирийн салбарын

Эрхүүгийн Халдвар Нян Судлалын Хүрээлэн

³Байгалийн голомтот халдварт Өвчин

Судлалын Үндэсний Төв

⁴Булган аймгийн нэгдсэн эмнэлэг

Хачигт энцефалитын вирус (ХЭВ)-ийн Баруун Европын, Урал-Сибирын ба Алс дорнодын хэвшинжийн вирусүүд Евразид тархсан ба тэдгээр нь харилцан адилгүй эмнэлзүйтэй хачигт энцефалит (ХЭ)-ын өвчлөл үүсгэдэг байна (Борисов, 2000). Сэлэнгэ аймгийн нутгаас түүвэрлэсэн хачгаас ялгасан вирусүүд нь ХЭВ-ийн Урал-Сибирын хэвшинжтэй төстэй вирус болохыг бид судлаж тогтоосон бөгөөд энэ аймагт ХЭ-аар өвчлөгсдийн эмнэлзүй нь ихэнхдээ дунд зэргийн хүндрэлтэй, эндэгдэл гарсан тохиолдолгүй байв (Абмэд, Батаа нар 2006, 2009). Бид Булган аймагт гарсан хүнд хэлбэрийн ХЭ-ийн тохиолдлыг судалсан дүнг үндэслэн энэ өгүүлийг бэлтгэлээ. Булган аймгийн нэгдсэн эмнэлэгт 50 настай өвчтөн Р өндөр халуурна, толгой хүчтэй өвдөж, хоёр хөл явж чадахгүй байна гэсэн зовиуртай ирж “ХЭ-ын мэнэн энцефалит ба саатай хэлбэр” оноштой хэвтэж эмчлүүлсэн байна. Өвчтөн 10 хоногийн өмнө ойн хачигт хазуулж, түүнээс хойш 6 хоногийн дараа эмнэлзүйн шинж тэмдэг илэрсэн бөгөөд бодит үзлэгээр 39-40 хэм халуунтай, унтаа байдалтай, хүүхэн хараа гэрлийн урвал суларсан, хүзүүний булчингууд 3-4 см чангаралттай, доод мөчдийн мэдрэхүй суларч, хоёр хөл дээрээ зогсож чадахгүй байв. Фермент холбоот урвалаар хийсэн шинжилгээгээр онош батлагдаж, стандарт эмчилгээ хийсэн боловч өвчтөн 6 хоног ухаангүй байсаар нас барсан байна. Түүний тархины эдээс авсан сорьсноос ХЭВ-ийг ялгаж авсан. Филогенетикийн судалгаар уг вирус нь ХЭВ-ийн Алс дорнодын хэвшинжид хамаарагдаж байгааг тогтоосон юм. Алс дорнодын хэвшинжийн ХЭВ нь хүнд хэлбэрийн эмнэлзүйтэй, нас баралт өндөртэй ХЭ-ын өвчлөлийг үүсгэдэг нь тогтоогдсон ба ОХУ-ын Алс дорнодын зарим нутагт хүнд, голомтот хэлбэр 30-60%-тай, нас баралт 30-35% хүрсэн ХЭ-ын өвчлөл тохиолддог байна (Леорова, 1987). Манай оронд хүнд хэлбэрийн ХЭ оношлогдож, үүсгэгчийг нь хожим тогтоосон ба цаашид ХЭВ-ийн тархсан нутгуудад уг вирусийг зөөвөрлөгч хачиг болон өвчлөгсдөөс ялгаж хэвшинжийг нь тогтоох ажлыг хийх шаардлагатай

байна. Шинжилгээний аргууд: Вирус ялгах-эсийн өсгөвөр, Молекул биологи-ХЦ-ПГУ, сиквенс, Тархвар судлал-эргэмж судалгаа, асуумж, өвчтний түүх.

3.2. Хепатитийн С вирусийн тоог тодорхойлох шинжилгээг Монгол оронд оношлогоонд нэвтрүүлэхийн ач холбогдол болон сургамжтай тал

Ж.Амарсанаа^{1,2}, П.Нацагням¹, Б.Саяболд¹, Н.Лхасүрэн,
Дэлгэрзаяа¹, Ж.Чинбүрэн^{1,3}, О.Баатархүү^{1,4}, Б.Цацралт-
од^{1,5}, Л.Дашцэрэн¹, Д.Авирмэд^{1,2}

¹ Монголын Элэгний Эмгэг Судлалын Холбоо,

² Анагаах ухааны Хүрээлэн,

³ Хавдар судлалын Үндэсний Төв ,

⁴ Эрүүл Мэндийн Шинжлэх Ухааны Их Сургууль,

⁵ Халдварт Өвчин Судлалын Үндэсний Төв

Монголын нийт хүн амын 17% нь HCV-р халдварлагдсан . Энэ нь манай орныг HCV-н халдварлалт хамгийн өндөр орнуудын нэг болгодог . HCV-н тоо хэмжээг тодорхойлох шинжилгээ нь бараг 10 гаруй жилийн өмнө үүсч хөгжсөн хэдий ч Монголд анх удаа 2009 онд нэвтэрсэн байна . Нийт 212 HCV халдвартай өвчтөнүүд энэхүү судалгаанд оролцсон ба бүгд Happy Veritas клиник лабораторид HCV-н тоо хэмжээг тодорхойлох шинжилгээг (Taqman Real-Time PCR method) АНУ-ын AB17000 , Applied Biosystems машинаар хийсэн Судалгаанд хамрагдсан хүмүүсээс 35 нь анти-HCV тодорхойлуулсан . Шинжилгээний дүнгээр нь вирусийн тоо өндөр >2 сая HCV copies/ml болон бага-дунд <2 сая HCV copies/ml гэж хуваасан . Энэ 2 групптээ элэгний үйл ажиллагааг шинжлэхэд вирусийн тоо бага-дунд группт элэгний ферментүүд хэвийн (АлАТ<30 IU) өвчтөн 47% байхад , вирусийн тоо өндөр группт ердөө 3,1% байна . Вирусийн тоо бага-дунд группт АлАТ-н дундаж 70 IU АсАТ-н дундаж 45 IU байхад, вирусийн тоо өндөр группт АлАТ-н дундаж 109 IU АсАТ-н дундаж 74 IU байна . Мөн тромбоцитын дундаж вирусийн тоо бага-дунд группт 213,000 , өндөр группт 198,000 . HCV RNA болон anti-HCV хоюуланг нь шинжлүүлсэн 35 өвчтөний 68,5% нь (n=24) Anti-HCV and HCV-RNA хоюул эерэг, харин 31,5% anti-HCV эерэг, HCV-RNA сөрөг байна . Эдгээр өвчтөнүүдэд HCV-ийн дархлаа тогтсон гэж үзнэ . HCV-н тоо хэмжээг тодорхойлох шинжилгээг Монгол орны оношлогооны арга зүйд нэвтрүүлснээрээ өмнө нь HCV-ийн халдвартай тооцогдож байсан өвчтөнүүдийг халдвартай юу эсвэл HCV-ийн дархлаатай юу гэдгийг ялган оношлох боломжтой болох юм. Бид мөн HCV вирусийн тоо болон элэгний ферментүүдийн хооронд шууд хамаарал байгааг тогтоолоо . Мөн энэхүү оношлогооны арга нь Монголд анх удаа вирусийн эсрэг эмчилгээний хяналтыг хийх боломж олгож байгаа юм .

3.3. Томуугийн цартахлын А(Н1N1) вирусийн эсрэг вакцины үр ашгийг судалсан дүн

Д.Бадрал¹, Ч.Уртнасан², Н. Баясгалан², А. Бурмаа²
¹"Монголын Талбарын Тархвар Судлал"
 сургалтын хөтөлбөр,
² Халдварт өвчин судлалын үндэсний төв

Манай улс Эрүүл Мэндийн Яамнаас тодорхойлсон зорилтот бүлгийн хүмүүсийг дархлаажуулах бодлогын хүрээнд сүүлийн 2 жилийн хугацаанд нийт 723.625 буюу хүн амынхаа 27%-ийг цартахлын вирусийн эсрэг вакцинаар дархлаажуулсан. Бид вакцины үр ашгийг тохиолдол-хяналтын судалгааны аргад түшиглэн 2011 оны 1 дүгээр сарын 1-нээс 3 дугаар сарын 31-нийг дуустал хугацаанд Улаанбаатар хотын харуулдан тандалтын нэгжүүдэд томуу, томуу төст (ТТӨ)-тэй гэж оношлогдон, ХӨСҮТ-ийн Вирус судлалын лабораторид сорьц ирүүлсэн тохиолдлуудаас сонгон хийлээ.

Тохиолдлын бүлэгт лабораториор томуугийн цартахлын А(Н1N1) вирус эерэг тодорхойлогдсон 82, хяналтын бүлэгт томуугийн вирус сөрөг тодорхойлогдсон 1209 тохиолдлоос санамсаргүй түүврийн аргаар 271 (22.4%) тохиолдлыг тус тус сонгон авч биечлэн ярилцах, утсаар харилцах хэлбэрээр асуумж судалгааг хийсэн.

Дээрхи хугацаанд томуугийн харуулдан тандалтын нэгжүүдээс ХӨСҮТ-ийн Вирус судлалын лабораторид ирүүлсэн 1910 сорьцонд томуугийн вирусийн РНХ илрүүлэх шинжилгээ хийхэд 122 (6.4%)-д томуугийн цартахлын А(Н1N1) вирус эерэг тодорхойлогдсоны 82 (67%) нь Улаанбаатар хотоос цуглуулсан сорьц байлаа. Шижилгээнд сорьц өгсөн хүмүүсийн дундаж нас тохиолдлын бүлэгт 11, хяналтын бүлэгт 15 байж, тохиолдлын бүлгийнхний 54% нь эрэгтэй, 46% эмэгтэй, харин хяналтын бүлгийнхний 46% эрэгтэй, 54% нь эмэгтэйчүүд байна. Мөн тохиолдлын бүлгийн 77 (87.5%), хяналтын бүлгийн 180 (66.4%) нь цартахлын эсрэг вакцинд хамрагдаагүй байсан ба вакцины үр ашиг 82.6% (95% ИХ: 0.05-0.33)-тай байна.

Томуугийн цартахлын А (Н1N1) вакцин тухайн вирусийн эсрэг 82.6%-ийн хамгаалах дархлааг бий болгосныг судалгааны үр дүн харуулж байна.

3.4. ЭМШУИС-ийн Сувилахуйн сургуулийн эх барихуйн ангийн оюутнуудад гепатит В, С вирусийн халдварын тархалтыг судалсан нь

З.Батцэцэг¹, Ж.Сарантуяа¹, Н.Бира²
 1. ЭМШУИС-ийн Молекул биологи-Удам зүйн тэнхим
 2. ЭМШУИС-ийн Хоол боловсруулах эрхтний эмгэг судлалын тэнхим

Вирус гепатит нь дэлхийд өргөн тархсан халдварт өвчин бөгөөд энэ өвчний эсрэг эрчимтэй тэмцэж байгаа ч өвчлөлт буурахгүй байна. 2005 оны байдлаар дэлхий даяар 2 тэрбум хүн гепатит В вирус(НВV)ийн халдвараар өвдөөд байгаа ба тэдгээрийн 350 сая нь архаг халдвартай амьдарч байна. (О.Баатархүү 2006)

Манай оронд жилд дунджаар 8000 хүн өвчилж, үүнээс гепатит В вирусийн тархалт 9,9%, гепатит С вирус(НСV)ийн тархалт 1.71% (Д. Даваалхам 2001), ажил мэргэжлийн хувьд эрсдэлт бүлгийн хүмүүсийн дунд гепатит С вирусийн илрэлт 20.8% (О.Баатархүү 2006) гэж судлаачид тодорхойлсон байдаг. Эрсдэлт бүлэг болох ЭМШУИС-ийн Сувилахуйн сургуулийн (СС) эх барихуйн ангийн оюутнуудын дунд НВV, НСV-ийн халдварын тархалтыг тогтоон, цаашид түүнээс урьдчилан сэргийлэх арга хэмжээний чиглэлийг тогтоох зорилгоор энэхүү судалгааг хийж байна.

Судалгаанд ЭМШУИС-ийн СС-ийн эх барихуйн ангийн 1-3 курсийн 62 оюутнуудыг хамруулан асуумж судалгаа авч, ийлдсэнд HBsAg, анти-HBsAg, анти-HCV IgG илрүүлэх шинжилгээг DRG Int., (USA) компанийн ELISA (мэдрэг чанар 99,9%) цомог ашиглан хийлээ.

Нийт 62 сорьцноос 10(16.1%)-д нь анти-HCV IgG, 2(3.2%)-д нь HBsAg, 19(30.6%)-д нь анти-HBsAg эерэг тодорхойлогдов. Манай оронд эрүүл мэндийн салбарт ажиллаж буй эмч, эмнэлгийн ажилчдын дунд HBsAg 28,3%, анти-HCV 18.3% илэрсэн судалгаа байна. (Д. Отгонбаяр., 2010)

Элэгний архаг өвчнөөс урьдчилан сэргийлэх гол арга бол гепатит В вирусийн эсрэг дархлаажуулалт юм. Хөгжингүй орнуудад эмч, эмнэлгийн ажиллагсад мэргэжлээс шалтгаалан НВV-ийн халдвар нийт халдварын тохиолдлын 10% -аас бага хувийг эзэлдэг ба энэ нь халдвар хамгаалах дэглэм ба вакцин болон вирусийн эсрэг эм хэрэглэсэнтэй холбоотой юм. Бидний судалгаанд хамрагдагсад нь 1992 буюу түүнээс хойш төрсөн бөгөөд орон даяарх гепатит В вирусийн дархлаажуулалтанд хамрагдсан байх ёстой бүлэг боловч анти-HBsAg 30,6 % байгаа нь НВV-ийн эсрэг дархлал тогтоц бага байгааг харуулж байна. Судалгаанд оролцогчдоос асуумж судалгаагаар дархлаажуулалтанд хамрагдсан байдлыг тодруулахад 62 оюутны 60 нь мэдэхгүй гэсэн хариулт өгсөн тул халдварын дараахи дархлаа эсвэл дархлаажуулалтын

дараахи дархлаа гэдгийг ялгах боломжгүй байлаа. Судалгааг үргэлжлүүлэн хийх шаардлагатай байна.

3.5. Адууны томуу өвчний шинэ тохиолдол

Д.Батчулуун¹, Х.Бодьсайхан¹, Ш.Энхээ¹,
Ж.Бэх-Очир², С.Сугар¹, Х.Ганзориг¹

¹Улсын Мал Эмнэлэг Ариун Цэврийн Төв Лаборатори,

²Мал Эмнэлгийн Хүрээлэн

2011 оны 7 дугаар сарын 05-нд Хүй долоон худаг орчмын уяачдын уяж байгаа морьдод ханиах, хамраас усархаг, өтгөн идээтэй гоождос гарах шинж тэмдэгтэй өвчин илэрсэн юм. Уг өвчний шалтгааныг тогтоох зорилгоор дээжийг Улсын Мал Эмнэлэг Ариун Цэврийн Төв Лабораторийн малын гоц халдварт өвчний оношлогоо, тандалтын лабораторид шинжилгээ хийв. Эмнэлзүйн шинж тэмдэг бүхий 8 адуунаас цус, хамрын арчдас авч вирус өсгөвөрлөх, Буцаан хувиргах-Полимеразын гинжин урвал (БХ-ПГУ), Бодит хугацааны-Полимеразын гинжин урвал, Цус наалдалт саатуулах урвал (ЦНСУ), Цус наалдуулах урвал (ЦНУ)-аар шинжлэв. Арчдасны дээжийг тахианы хөврөлжүүлсэн өндгөнд 3 хоног өсгөвөрлөөд ЦНУ-аар шинжилэхэд 7 дээж 1:8-1:64 таньцтай байв. Цусны ийлдэсийг Италийн Венецийн Мал Эмнэлгийн Хүрээлэнд үйлдвэрлэсэн адууны томуугийн Н3N8, Н7N7 хэвшил тодорхойлох стандарт эсрэгтөрөгч ашиглан ЦНСУ-аар шинжлэхэд бүх ийлдэс 1:8-1:16 таньцтай байв. Адууны томуугийн хэвшил өвөрмөц праймер (Invitrogen, USA) ашиглан БХ-ПГУ, Бодит хугацааны ПГУ-аар шинжилсэн дүнгээр А/Н3N8 хэвшил вирусийн ген илрэв.

Хүй долоон худаг орчмын уяачдын адуунд илэрсэн ханиах, хамраас усархаг, өтгөн идээтэй гоождос гарах шинж тэмдэг бүхий өвчин нь А/Н3N8 хэвшэл вирусээр үүсгэгдсэн томуу өвчин болохыг тогтоов.

3.6. Хачигт энцефалит өвчний тархвар зүй, ийлдэс эмчилгээний зарим үр дүнг судалсан нь

А.Долгорханд¹, С.Амарзаяа¹, Б.Сувд¹,
Б.Оюунбилэг², Н.Эрдэнэбат³

¹Монголын "Талбарын Тархвар Судлал" сургалтын хөтөлбөр

²Халдварт Өвчин Судлалын Үндэсний Төв,

³Сэлэнгэ аймгийн БГХӨСТ

Хачигт энцефалит өвчин нь Flaviviridae овгийн Flavivirus-ийн төрлийн вирусээр үүсгэгддэг халдварт өвчин.

Монгол Улсад 2004-2009 онд бүртгэгдсэн хачигт энцефалит өвчний 72 тохиолдлын өвчний түүхэнд

тархвар зүйн бичиглэл судалгаа хийсэн.

2005-2009 онд хүний өвчний 72 тохиолдол тэмдэглэгдэж, 2007 онд хамгийн олон тохиолдол бүртгэгдсэн байна. Хачигт энцефалит өвчнөөр бүх насныхан өвчилснөөс 15-29 насны, эрэгтэйчүүд зонхилон өвчилж, хамгийн бага нь 4 настай, хамгийн их нь 60 настай хүн ба өвчлөгсдийн дундаж нас 29.4±11.8 байна. Нийт өвчлөгсдийн ихэнх нь хачигт халдварын голомтот нутагт албан томилолтоор ажиллах, мод бэлтгэх, бугын эвэр, эмийн ургамал түүх үедээ халдвар авч өвчилсөн байна. Эргэмж судалгаанд хамрагдсан 46 хүний 25 (54.3%) хүнд ямар нэг үлдэц шинж тэмдэг илэрсэн байсан. Хачигт энцефалитын иммуноглобулин эмчилгээ хийлгэсэн өвчтний 81.1%, хийлгээгүй өвчтний 66.6%-д ямар нэг үлдэц шинж тэмдэг илэрсэн боловч статистикийн хамаарал бүхий ялгаа ажиглагдсангүй (P=0.6).

2005-2009 онд 5 аймгийн 19 сумаас нийт 72 хүн халдвар авч, 15-29 насны эрэгтэйчүүд зонхилон өвчилсөн байна. Эргэмж судалгаанд хамрагдсан 46 хүний 25 (54.3%-д ямар нэг үлдэц шинж тэмдэг илэрсэн хэдий ч иммуноглобулин эмчилгээнд хамрагдсан болон хамрагдаагүй өвчтнүүдэд илэрсэн үлдэц шинж тэмдэг статистикийн хувьд ялгаагүй байна.

3.7. Архаг В гепатиттай өвчтөнүүдэд вирусийн серологи маркеруудын Монгол улс дахь өнөөгийн тархалт, ач холбогдол

П.Нацагням¹, Ж.Амарсанаа^{1,2}, Б.Саяболд¹,
Н.Лхасүрэн¹, Дэлгэрзаяа¹, Ж.Чинбүрэн^{1,3}, О.Баатархүү^{1,4},
Б.Цацрал-од^{1,5}, Л.Дашцэрэн¹, Д.Авирмэд^{1,2}

¹Монголын Элэгний Эмгэг Судлалын Холбоо,

²Анагаах ухааны Хүрээлэн,

³Хавдар судлалын Үндэсний Төв,

⁴Эрүүл Мэндийн Шинжлэх Ухааны Их Сургууль,

⁵Халдварт Өвчин Судлалын Үндэсний Төв

HBsAg серопозитив түвшин Монголын эрүүл хүн амын дотор ойролцоогоор 10% байна. Хэдийгээр вирусийн халдварын тархалтын талаар олон судалгааны ажил хийгдэж байсан ч вирусийн бусад маркерыг үзсэн нарийвчилсан судалгааны ажил өмнө нь хийгдэж байгаагүй. Бид HBV-н бүх 5 маркерын серопозитив түвшинг тогтоох зорилгоор энэ судалгааг хийв. 2009 оны 1 сараас 10 сар хүртэлх хугацаанд HBV-ийн 5 серологи маркерууд HBsAg, HBeAg, HBsAb болон HBeAb, HbcAb шинжлүүлсэн 1,961 хүнийг судалгаанд хамруулсан. АНУ-н ACON Laboratories-с худалдан авсан HBV combo test болон цусны дэлгэрэнгүй шинжилгээг Японы Sysmex, XS800i hematology analyzer ашиглан хийсэн. Microsoft Excel программаар боловсруулав.

1,961 хүнээс HBsAg эерэг байсан 381 өвчтөн

дээр дүн шинжилгээ хийхэд HBV-ээр халдварлагдсан эрэгтэйчүүд 53.2% (n=203) , эмэгтэйчүүд 46,8% (n=178) . HBsAg эерэг хүмүүсийн 3,6% нь HBeAg эерэг(хүйсийн харьцаа ижил) байна . HBeAb эерэг өвчтөнүүд 19,9% (n=76) , HBcAb болон HBeAb хоюул эерэг 77,6% (n=59) байна. HBcAb эерэг өвчтөнүүд нийт өвчтөнүүдийн 39,3%(n=150)-г эзэлж байна , үүний 59,4% (n=89) нь эрчүүд. Ямар нэг эсрэг бие илрээгүй, зөвхөн HBsAg эерэг 203 хүн(53,2%) байсан . Бид мөн элэгний циррозын нэг илтгүүр болох тромбоцитын тоог тодорхойлсон ба энэхүү судалгаагаар цусны дэлгэрэнгүй шинжилгээ бүрэн хийлгэсэн (n=90) өвчтөнүүдийн 8,8% (n=8) нь циррозтой байна . Эдгээр циррозтой өвчтөнүүдэд альбумины хэмжээ <3,4 g/dl. HCV (anti-HCV) болон HBV (HBsAg) давхар халдвартай өвчтөнүүд нийт өвчтөнүүдийн 3,6% (n=14)-г эзэлж байна.

HBV-ийн халвартай хүмүүсийн ойролцоогоор 9% циррозтой ба нийт хүн амын 0,8% (n=24,000) нь циррозтой . HBV болон HCV-ийн хам халдвартай бол элэгний цирроз үүсэх эрсдэл бусад орны судалгааны үр дүнтэй харьцуулахад 7,1 vs. 1,9% харьцангуй өндөр . HBeAg-ны эерэг түвшин барууны орнуудтай харьцуулахад маш бага 3,7% байна.

3.8. Улаанбаатар хотын хүн амын дунд томуугийн цартахлын эсрэг дархлаа тогтоцын түвшинг хөөн судалсан дүн

Г.Нямаа^{1,2}, А.Бурмаа¹, Б.Тиан³, С.Цацрал¹, Ц.Наранзул¹, Н.Баясгалан¹, Б.Ариунсанаа², Л.Энхбаатар¹, Б.Ганцоож⁴, Д.Либ³, Б.Дармаа¹, П.Нямдаваа^{1,4}

¹Халдварт өвчин судлалын үндэсний төв,

² ЭМШУИС, БАС-ийн Бичил амь дархлаа судлалын тэнхим,

³БНХАУ-ийн өвчний хяналт сэргийлэлтийн төв,

⁴Монголын анагаах ухааны академи

Улаанбаатар хотын 6 дүүргийн оршин суугчдаас цар тахал бүртгэгдэхээс өмнө 2009 оны 6 дугаар сард 1109, цартахлын оргил үед 2009 оны 11 дүгээр сард 1121, цартахлын эхний давалгаа зогссоны дараа 2010 оны 6 дугаар сард 1120, нийт 3350 ийлдэс цуглуулж шинжлэв. Бүх ийлдсийг томуугийн цартахлын вирүсийн A/California/07/09(H1N1) лавлагаа омгийг ашиглан цус наалдахыг саатуулах урвал (ЦНСУ)-ын бичил хувилбараар БНХАУ-ийн өвчний хяналт сэргийлэлтийн төвд эсрэг биеийн таньцыг тодорхойллоо.

2009 оны 6-р сард цуглуулсан 1109 ийлдсэнд цартахлын эсрэг дархлаа тогтоцын түвшин 12 насны ангилалд хамгийн бага ($\geq 40\%$ эсрэг биеийн титертэй хүн амын давхрага 1,1%) байлаа ($P < 0,001$). Халдварын өмнөх эсрэгтөрөгч өвөрмөц эсрэгбиеийн таньц 10-

19, 20-29 насныханд 2,1%, 1,6%, харин 70 ба түүнээс дээш насны бүлгийн хүмүүст хамгийн өндөр буюу 3,1% байлаа. 2009 оны 11-р сард цуглуулсан 1121 ийлдсэнд цартахлын эсрэг дархлаа тогтоцын түвшин бүх насны ангилалд ($\geq 40\%$ эсрэг биеийн титертэй хүн амын давхрага 24,1%) болж өссөн байлаа ($P < 0,001$). Халдварын болон вакцины дараах 2010 оны 6-р сард цуглуулсан 1120 ийлдсэнд цартахлын эсрэг дархлаа тогтоцын түвшин 12 насны ангилалд хамгийн өндөр ($\geq 40\%$ эсрэг биеийн титертэй хүн амын давхрага 56,6%) 2 хүртэл насны хүүхдэд 39,4%, 5-9 настай хүүхдэд 65,0%, харин 60-69 насныханд 34,2%, 70 ба түүнээс дээш насны бүлгийн хүмүүст 31,4% байлаа. Судалгаанд хамрагдсан 1120 хүний 39,6% нь цартахлын эсрэг дархлаажуулалтанд хамрагдсан гэсэн өгүүлэмжтэй байлаа.

Бидний энэ судалгааны дүн нь Монголд бүртгэгдсэн A(H1N1) 2009 томуугийн цартахлын дэгдэлт 2009 оны 10 дугаар сараас эхэлсэн гэсэн эпидемиологийн дүгнэлтийг баталж байна.

Талархал

Энэхүү судалгааг хийхэд үнэлж барашгүй туслалцаа үзүүлсэн “Томуугийн тандалтын тогтолцоо байгуулан хөгжүүлэх” төслийн хүрээнд санхүүжүүлсэн АНУ-ын засгийн газарт, БНХАУ-ийн өвчний хяналт сэргийлэлтийн төвийн хамт олонд зохиогчид баярлаж талархсанаа илэрхийлж байна.

3.9. Монгол тэмээ (Camelus bactrianus) болон лам гөрөөс (Lama glama)-ний зарим цитокиний молекул бүтцийг харьцуулан тодорхойлж, түүний вирүст халдварын эмгэг жамтай холбон судалсан нь

Р. Одбилэг^{1,2}, С.Коннай², К.Охаши², М.Онума²

¹Монгол улс, Улаанбаатар хот, Мал эмнэлгийн хүрээлэн, Вирус судлалын лаборатори,

²Япон улс, Саппоро хот, Хоккайдогийн их сургууль, Мал эмнэлгийн магистр, доктор, мэргэшлийн сургууль

Тэмээ, лам гөрөөс нь Camelidae бүлэгт багтдаг. Хоёр бөхт тэмээг уналга эдэлгээ, тээвэрт ашиглаж, тэдгээрийн ноос, арьс шир, мах, сүүг хэрэглэж байгаа нь үйлдвэрлэлийн болоод Монголын мал эмнэлэгт чухал ач холбогдолтой. Ерөнхийдөө, тэмээ болон лам гөрөөс нь зарим халдварт өвчинд тэсвэртэй байдаг боловч адуу, үхэр, хонь зэрэг амьтад өвчилдөг вирүст халдвар ба бусад өвчин үүсгэгчээр өвчилдөг.

Монгол тэмээ болон лам гөрөөсний зарим цитокиний молекул бүтцийн харьцуулсан судалгааг хийхдээ гарал үүслийн шинжилгээ, амин хүчлийн дараалалыг тогтоох ба молекул колоны аргыг ашиглав.

Тэмээний зарим цитокиний нуклеотид ба амин

хүчлийн дараалал, гарал үүсэл нь лам гөрөөс, гахай, үхэртэй адил төсөөтэй болох нь шинжилгээгээр тогтоогдсон. Тэмээ болон лам гөрөөсний цитокиний амин хүчлийн дараалалыг тогтоосон нь өвчний гаралтын үе дэхь, ялангуяа тэмээ, лам гөрөөсний вируст халдварын үеийн шингэний болон эсийн дархлааны хариу урвалын мөн чанарыг тайлбарлахад голлох үүрэгтэй юм. Өнөөгийн байдлаар, Cam-elidae бүлгийн тэмээ болон лам гөрөөсний вируст халдварын үе дэхь цитокиний зохицуулалтын талаар мэдээлэл бага байгаа бөгөөд, цаашид цитокиний нийлэгжүүлэлт ба вируст халдварын эмгэг жамын хоорондын харилцан холбоог үргэлжлүүлэн судлах шаардлагатай байна.

3.10. Вирусээр үүсгэгддэг байгалийн голомтот, зоонозын халдварт өвчний судалгааны үр дүнгээс

*Д.Отгонбаатар, Ж.Дуламжав, Д.Цэрэнноров
БГХӨСҮТ*

Олонулсыннийгмийнэрүүлмэндийнбайгууллагууд сүүлийн 20 гаруй жилийн хугацаанд хяналтандаа авсан шинээр тархаж буй халдварт өвчнүүдийн 75 хувь нь зоонозын буюу зэрлэг болон гэрийн тэжээвэр амьтдын дундаас үүссэн халдварууд байсан.

1991-2008 онд шинээр хяналтанд авсан вирусээр үүсгэгдсэн 20 өвчний халдварын эх уурхай нь тэмээ, хонь ба харх зэрэг мэрэгч амьтад, зэрлэг болон тэжээвэр шувууд байсныг тогтоосноор нотлогоо болгож, цаашид жил тутамд нэмэгдэх хандлагатайг хүрээлэн буй орчин, байгаль, уур амьсгалын өөрчлөлт, хүн амын хэт төвлөрөлт, шилжилт хөдөлгөөн зэрэг нийгэм-эдийн засгийн хүчин зүйлүүдтэй холбон тайлбарлаж байна.

Монгол улсын хэмжээнд вирусээр үүсгэгддэг зоонозын халдваруудаас хүн амыг урьдчилан сэргийлэх, эрт илрүүлэлт, хариу арга хэмжээг оновчтой хэрэгжүүлэх зорилгоор 2007 онд БГХӨСҮТ-д вирус судлалын лабораторийг байгуулснаас хойш 2011 оны байдлаар вирусийн эсрэгбие, эсрэгтөрөгчийг илрүүлэх хурдавчилсан сорил, дархан туяарах урвал, фермент холбоот урвал, иммуноблотингийн урвал, УТ-ПГУ болон бодит цагийн УТ-ПГУ зэрэг шинжилгээний аргуудаар галзуу, хачигт энцефалит, баруун Нилийн халуурал, бөөрний хам шинжит цусархаг халуурал, Японы энцефалит, Крым-Конгын цусархаг халуурал, шувууны томуу зэрэг вирусээр үүсгэгддэг халдваруудын шинжилгээ, судалгааг хийж байна.

Вирусээр үүсгэгддэг зоонозын халдварын шинжилгээ, судалгаанд гадаад орнуудтай хамтын ажиллагааг түлхүү хөгжүүлснээр Монголын

нутагт орчиж буй зарим вирусийн гарал үүслийг тодорхойлсон. Монголын нутагт орчиж буй галзуугийн вирус нь Steppe бүлгийн ОХУ-ын Тывагийн 765(w) (генийн сангийн ^oAY352483) омогтой ойр төрлийн, цогцосны тархинаас ялган авсан хачигт энцефалитын вирус нь Буриадад хээрийн оготноос (Clethrionomys glareolus) илрүүлсэн 740-84 (генийн сангийн ^oEU878282) вирусстэй төрөл ойрын Алс Дорнодын дэд хэв шинжийн вирус болохыг тус тус тодорхойлж, мөн генийн санд шувууны томуугийн H13N8 хэв шинжийн вирусийг (A/herring gull/Mongolia/454/2008(H13N8) бүртгүүлсэн. Түүнчлэн Ховд, Увс, Баян-Өлгий аймгийн нутагт шувууны томуугийн АН3N6 АН4N6, АН1N1, АН13N8 хэв шинжийн вирусүүдийг 11 зүйлийн зэрлэг шувуунаас ялгасан нь хамтын ажиллагааны үр дүн төдийгүй анагаах ухааны нотолгоонд суурилсан шинжилгээ, судалгааг өргөжүүлэх үйл ажиллагаанд чухал ач холбогдлоо өгч байна. Байгалийн голомтот, зоонозын халдварт өвчний вирус судлалын асуудлыг эхлүүлэн тодорхой үр дүнд хүрч байгаа ба цаашид вирус судлалын илрүүлэх, тодорхойлох шинжилгээг өргөжүүлэх, нарийвчилсан судалгааг эхлүүлэх, лабораторийн биоаюулгүй ажиллагааг сайжруулах шаардлагатай байна.

3.11. Азийн хоёр орон: Япон, Филиппинд хүний метапневмонии вирусийн эргэлт

К.Отани¹, А.Сүзүки¹, К.Тома¹, Т.Итамура¹, Х. Отомару¹, Н.Фүжи¹, Х.Галанг², Е. Меркадо², С.Луписан², Х.Ошитани¹

¹Япон улсын Сендай хот, Тохоку их сургууль, Вирус судлалын тэнхим

²Филиппин улсын Халуун орны Өвчин Судлалын Хүрээлэн

Хүний метапневмонии вирус(hMPV) нь парамиксовирусийн ангилалд хамаардаг, бүтэц, эмнэл зүйн илрэлээрээ респиратор синцитиаль вирусстэй төстэй. Томуу өвчний хувьд халуун орнуудаас дэлхийн бөмбөрцгийн өмнөд ба хойд хэсгийн сэрүүн бүсийн орнуудад дамжин улирлын чанартай тархдаг зүй тогтолтой байдаг. Харин дэлхий нийтэд hMPV-ийн тархалтын талаар судалгаа хомс байна. Иймээс бид Япон, Филиппин улсуудад өвчлөл үүсгэн эргэлтэнд байгаа hMPV-ийн генотипийг 6 сарын давтамжтайгаар тогтоож, харилцан хамаарлыг судлахыг зорилгоо.

Филиппин улсын, Таклобанд хүүхдийн уушигны хүнд хэлбэрийн хатгалгааны улмаас эмнэлэгт хэвтэн эмчлүүлэгсэдээс хамар, залгиурын арчдас цуглуулсан.

Японы Синдай хотын хувийн эмнэлгүүдэд үзүүлсэн болон гурав дахь шатлалын эмнэлэгт хэвтэж эмчлүүлсэн амьсгалын замын цочмог халдвартай хүмүүсээс хамар, залгиурын арчдас цуглуулж, LLC-

МК2 эсийн өсгөвөрт халдааж вирус өсгөвөрлөв. Хоёр улсад цуглуулсан бүх сорьцноос РНХ-ийг ялгаж, хоёр шатлалт урвуу транскриптазат полимеразийн гинжин урвал(УТ-ПГУ) болон нэг шатлалт бодит хугацаа(бх) ны УТ-ПГУ-ын шинжилгээ, F генийн хэсэгчилсэн сиквенс хийж, генетик хэвшинжийг тодорхойлов.

Филиппин улсын, Таклобанаас 2008 оны 5 дугаар сараас 2011 оны 6 дугаар сарын хооронд цуглуулсан 1,514 сорьцны 45-д нь hMPV илэрсэн. Энд hMPV-ийн генотипийн 2 өөр бүлэглэл тодорхойлогдов: эхнийх буюу А-2; В-1 генотип нь 2009 оны 3-4 дүгээр сард, харин В-1 генотип нь 2010 оны 10-11 дүгээр сард тус тус эргэлтэнд байсан байна. В-1 генотипийн вирус нь маш бага өөрчлөлттэйгөөр дор хаяж гурван жил тасралтгүй эргэлтэнд байсан нь харагдаж байна.

Синдайд 2010 онд 127 сорьцноос 1-д нь, 2011 онд 387 сорьцноос 18-д нь hMPV эерэг тодорхойлогдож, 2011 оны 5 -6 дугаар сард уг халдварын дэгдэлт болсон нь ажигдагдав. 2010 онд А-2, 2011 онд А-2, В-2 генотипийн вирусүүд эргэлтэнд байж, 2010 ба 2011 оны А-2 генотип нь нуклейтидийн дараалалаараа ялгаагүй байлаа. 2010 онд Филиппинд илэрсэн вирус, 2011 онд Японд илэрсэн вирусээс генотипээрээ ялгаатай байна. А генотип нь 2 орон хоёуланд нь 2 жилийн давтамжтайгаар илэрсэн. Эдгээр А генотипийн вирусүүд нь ялгаатай боловч нэг бүлэглэлд хамаарч байна. 2010 ба 2011 онд Азийн хоёр оронд илэрсэн hMPV-ийн генотипийн бүлэглэлүүд нь хоорондоо холбоогүй байна. hMPV-ийн эволюци нь томуугаас өөр байж магадгүй.

3.12. Монгол улсад оношлогдсон улаанбурханы вирусийн генотип

Р.Туул¹, Д.Отгонбаяр¹, У.Наранчимэг¹, П.Нямдаваа¹, В. Лим², Г.Вүү², Ю.Жээ³

¹Халдварт Өвчин Судлалын Үндэсний Төв,

²Хонг Конгийн Нийгмийн Эрүүл Мэндийн Төв Лаборатори,

³ДЭМБ-ын Номхон Далайн Баруун Бүс

Улаанбурханы халдварын тархалтыг хянах тандалтын судалгаанд уг вирусийн генотипийг тогтоох шинжилгээг улам өргөнөөр ашиглах болж байна. Улаанбурханы вирус нь ийлдэс судлалын хувьд зөвхөн нэг хүрээнд багтах боловч генетикийн хувьд найман клайд (А–Н), 23 генотипэд хуваагддаг билээ [ДЭМБ, 2007]. Улаанбурханы вирусийн тодорхой нэг генотип газарзүйн тодорхой нэг бүсэд нутагшмал байдлаар голлон тархдаггүй ч давамгайлсан тархсан генотип байдаг. 2002 онд Монгол улсад бүртгэгдсэн улаанбурханы дэгдэлтийн үүсгэгч нь тухайн үед Хятадад оношлогдож байсан омгуудтай адилхан Н1 генотипийн вирус байсан юм [Р.Туул, 2007]. 2003 оноос хойш манайд улсад улаанбурханы алаг цоог

өвчлөл бүртгэгдсээр байна.

Улаанбурханы халдварыг таслан зогсоох хөтөлбөрийн үр дүнг үнэлэхийн тулд, Монгол улсад эргэлдэж байгаа улаанбурханы вирусийн генотипийг тогтоох нь энэ судалгааны гол зорилт байв. 2006–2010 онуудын хооронд улаанбурхан оноштойгоор хэвтэж эмчлүүлсэн өвчтнүүдээс цуглуулсан 73 ийлдсийг шинжлэв. Эдгээр ийлдсэнд улаанбурханы эсрэг өвөрмөц IgM эсрэгбиеийг илрүүлэх шинжилгээг ФХУ-ын оношлуур ашиглан (Dade Behring Enzygnost/Siemens, Marburg, Germany)-аар хийлээ. Цуглуулсан сорьцоос QIAamp Viral RNA Kit (Qiagen, Hilden, Germany)-ийг ашиглан нийт рибонуклеин хүчил (РНХ)-ийг үйлдвэрлэгчийн зааврын дагуу ялгаж гадаад праймерууд (MVN1: 5'-GCT ATG CCA TGG GAG TAG GA-3'; MVN2R: 5'-GGC CTC TCG CAC CTA GTC TA-3'), ПГУ-ын эм урвалж (SuperScript™ III One-Step RT-PCR Kit), Platinum Taq DNA Polymerase (Invitrogen, Carlsbad, CA) зэргийг ашиглан, УТ-ПГУ-аар нуклеопротеин уургийн N генийн C-төгсгөлийн 590 хос сууриас тогтсон фрагментийг олшруулав. Эхний ПГУ-ын бүтээгдэхүүнээс авч, дотоод праймерууд (MVN3: 5'-CCA TGG GAG TAG GAG TGG-3'; MVN4R: 5'-CTC TCG CAC CTA GTC TAG-3')-ыг ашиглан, үүрэн ПГУ-аар 581 хос сууриас тогтсон фрагментийг олшрууллаа. ПГУ-ыг тавих бүрдээ GeneAmp 9700 PCR system-ийн термоциклер (Applied Biosystems, Foster City, CA)-ийг ашиглав. ПГУ-аар эерэг гарсан бүтээгдэхүүнүүдийг QIA quick PCR Product Purification Kit (Qiagen, Germany) ашиглан цэвэрлэв. Цэвэрлэсэн бүтээгдэхүүнүүдийн нуклеотидийн дарааллыг тогтоохдоо, тусгай цомог (ABI PRISM Big Dye Terminator cycle sequencing kit) болоод MVN3, MVN4R праймеруудыг хамт ашиглаж, ABI PRISM 3100/3130xl DNA sequencer (Applied Biosystems)-ээр шинжлэв. Тогтоосон бүх нуклеотидүүдийн дарааллаас праймеруудын бүсийг хасч, үлдсэн нуклеотидийн дараалалд филогенетикийн шинжилгээ хийхдээ Bio-Edit (version 7.0.5.3), SIMMONIC (version 1.5), MEGA (version 4.1 beta) зэрэг программыг ашигласан болно. MEGA (version 4.1 beta) программыг ашиглан зэрэгцүүлэн нийлүүлэх аргаар (1,000 bootstraps) N генийн C төгсгөлийн 444 хос суурийн нуклеотидийн дараалалд үндэслэн филогенетикийн модны зургийг байгуулав (генотипийн шинжилгээ хийх цонхны 450 хос суурийн 3' төгсгөлийн 6 хос нуклеотид ороогүй болно).

Улаанбурханы онош батлагдсан 73 өвчтөнөөс 6 хүнд нь улаанбурханы вирусийн омгууд илэрч, тэдгээрийн генотипийг нь амжилттай тогтоолоо. Улаанбурханы вирусийн 3 омог нь D6 генотип байсан бөгөөд цөм 2006 онд хэвтэж эмчлүүлсэн гурван өвчтөнөөс, тууралт эхэлсний дараах 2 хоногт багтаан цуглуулсан ийлдсэнд илрэв (Сорьцын дугаар: 167, 175, 179). Нөгөө 3 омог нь Н1 генотипийн вирус байсан

бөгөөд цөм 2008 буюу 2009 онд хэвтэж эмчлүүлсэн гурван өвчтөнөөс, тууралт эхэлсний дараах 2 хоногт багтаан цуглуулсан ийлдсэнд илэрсэн юм (Сорьцын дугаар: 102, 103, 300).

Улаанбурханы вирүсийн халдварын алаг цоог хэлбэрүүд өөр өөр генотипээр үүсгэгдэж болох нь энэ судалгаанаас харагдаж байна. Монгол улсад 2006 онд бүртгэгдсэн улаанбурханы өвчлөл тухайн үед Европын улсуудад илэрч байсан D6 генотипийн вирүсээр үүсгэгдэж байжээ. Гэтэл манай улсад 2008 болон 2009 онд бүртгэгдсэн улаанбурханы алаг цоог хэлбэрийг H1 генотипийн вирүс үүсгэж байсан нь тогтоогдов. H1 генотипийн вирүс урьд өмнө нь Хятад болон Монгол улсад оношлогдож байсан юм.

3.13. Өмнөговь аймагт бүртгэгдсэн гахай хавдрын халдварын молекулын эпидемиологи

Р.Туул¹, Д.Отгонбаяр¹, У.Наранчимэг¹, П.Нямдаваа¹, В. Лим², Г.Вүү², Ю.Жээ³

¹Халдварт Өвчин Судлалын Үндэсний Төв,

²Хонг Конгийн Нийгмийн Эрүүл Мэндийн Төв Лаборатори,

³ДЭМБ-ын Номхон Далайн Баруун Бүс

Улаанбурхан-улаанууд-гахай хавдрын хавсарсан вакцин (MMR vaccine)-ыг 2009 оны есдүгээр сараас эхлэн Монгол улсад хэрэглэж эхэлсэн ч, гахай хавдрын вирүс хүн амын дунд эргэлдсээр байна. Тухайлбал, 2011 оны гуравдугаар сард Өмнөговь аймгийн Гурван тэс сумд гахай хавдрын дэгдэлт бүртгэгдсэн билээ.

Өмнөговь аймгийн Гурван тэс сумд бүртгэгдсэн гахай хавдрын үүсгэгчийн генотипийг тогтоож, молекулын эпидемиологийг тодруулах нь энэ судалгааны гол зорилт болно. Өмнөговь аймгийн Гурван тэс сумын халдвартын тасаг болон аймгийн нэгдсэн эмнэлэгт гахай хавдар оноштойгоор хэвтэж эмчлүүлсэн 18 өвчтнөөс ийлдсийн 18, хамарзалгиурын арчдасын 15, шээсний 18, нийт 51 сорьцыг цуглуулж, шинжилгээнд ашиглах хүртэл –70оС-ийн хэмд хадгалж байв. Цуглуулсан бүх 18 ийлдсэнд гахай хавдрын эсрэг өвөрмөц IgM эсрэгбиеийг илрүүлэх шинжилгээг ФХУ-ын оношлуураар (Novatech, Germany)-аар хийхэд, 10 сорьцонд эерэг гарав. Цуглуулсан сорьцоос QIAamp Viral RNA Kit (Qiagen, Hilden, Germany)-ийг ашиглан нийт рибонүклеин хүчил (РНХ)-ийг үйлдвэрлэгчийн зааврын дагуу ялгаж (Qiagen One Step RT-PCR kit)-ийг ашиглан эхний шатны УТ-ПГУ-аар олшруулав. SH генийн 639 хос сууриас тогтсон фрагментийг бүхлээр нь олшруулахдаа 2 өөр цоги праймеруудыг ашигласан юм. Тухайлбал, SH1 (5'-AGTAGTGTCCGATGATCTCAT-3') болон SH2R (5'-GCTCAAGCCTTGATCATTGA-3') праймеруудыг эхний шатны УТ-ПГУ-д ашигласан бол, SH3 (5'-GTCCGATGATCTCATCAG-

GTAC-3') болон SH4R (5'-AGCTCACCTAAAGT-GACAAT-3') праймеруудыг үүрэн ПГУ-д ашиглалаа. ПГУ-ыг тавих бүрдээ GeneAmp 9700 PCR system-ийн термоциклер (Applied Biosystems, Foster City, CA)-ийг ашиглав. ПГУ-аар эерэг гарсан бүтээгдэхүүнүүдийг QIA quick PCR Product Purification Kit (Qiagen, Germany) ашиглан цэвэрлэв. Цэвэрлэсэн бүтээгдэхүүнүүдийн нүклеотидийн дарааллыг тогтоохдоо, (ABI PRISM Big Dye Terminator cycle sequencing kit) цомог болон SH1, SH2R праймеруудыг хамт ашиглаж, ABI PRISM 3100/3130xl DNA sequencer (Applied Biosystems)-ээр шинжлэв. Тогтоосон бүх нүклеотидүүдийн дараалалд филогенетикийн шинжилгээ хийхдээ BioEdit (version 7.0.5.3), SIMMONIC (version 1.5), MEGA (version 4.1 beta) зэрэг программыг ашигласан болно. MEGA (version 4.1 beta) программыг ашиглан зэрэгцүүлэн нийлүүлэх аргаар (1,000 bootstraps) SH генийн 316 хос суурийн нүклеотидийн дараалалд үндэслэн филогенетикийн модны зургийг байгуулав.

Эмнэлзүйн 51 сорьцийг шинжлэхэд 4 өвчтөний хамар залгиурын арчдаст гахай хавдрын вирүсийн РНХ УТ-ПГУ-аар илрэв. SH генийн 316 хос сууриас тогтсон нүклеотидийн дараалалд үндэслэн филогенетикийн модны зургийг байгуулснаар эдгээр 4 омог нь цөм гахай хавдрын вирүсийн F генотипэд хамрагдаж байлаа. Өмнөговь аймагт бүртгэгдсэн гахай хавдрын дэгдэлтийн үүсгэгч нь гахай F генотипийн вирүс байсан нь батлагдлаа.

3.14. Монгол улсад эргэлдэж байгаа улаануудын вирүсийн генотип

Р.Туул¹, Д.Отгонбаяр¹, У.Наранчимэг¹, П.Нямдаваа¹, В. Лим², Г.Вүү², Ю.Жээ³

¹Халдварт Өвчин Судлалын Үндэсний Төв,

²Хонг Конгийн Нийгмийн Эрүүл Мэндийн Төв Лаборатори,

³ДЭМБ-ын Номхон Далайн Баруун Бүс

Монгол улсын хэмжээнд улаанбурхан-улаанууд-гахай хавдрын хавсарсан вакцин (MMR vaccine)-ыг 2009 оноос эхлэн есөн сартай бүх хүүхдэд тарьдаг болсон билээ. Гэвч улаанууд өвчний алаг цоог тохиолдол манай улсад тасралтгүй бүртгэгдсээр байгаа юм.

Монгол улсын хүн амын дунд эргэлдэж байгаа улаануудын вирүсийн генотипийг тогтоох нь энэ судалгааны гол зорилт мөн. 2008–2010 онуудад улаанууд оноштойгоор хэвтэж эмчлүүлсэн өвчтөнүүдээс цуглуулсан 109 ийлдсэнд улаануудын эсрэг өвөрмөц IgM эсрэгбиеийг илрүүлэх шинжилгээг ФХУ-ын оношлуур (Dade Behring Enzygnost/Siemens, Marburg, Germany)-аар хийлээ. Сорьцоос QIAamp Viral RNA Kit (Qiagen, Hilden, Germany)-ийг ашиглан нийт рибонүклеин хүчил (РНХ)-ийг ялгаж (Qiagen One

Step RT-PCR kit) -ийг ашиглан эхний шатны УТ-ПГУ-аар олшруулав. ДЭМБ-аас зөвлөмж болгож байгаа зааврын дагуу E1 генийн 739 хос сууриас тогтсон фрагментаар генотипийг тогтоохдоо үүрэн ПГУ-д гурван өөр цогц давхцсан дараалалтай праймеруудыг ашигласан бөгөөд ПГУ-ыг тавих бүрдээ GeneAmp 9700 PCR system-ийн термоциклер (Applied Biosystems, Foster City, CA)-ийг ашиглав. ПГУ-аар эерэг гарсан бүтээгдэхүүнүүдийг QIA quick PCR Product Purification Kit (Qiagen, Germany) ашиглан цэвэрлэв. Цэвэрлэсэн бүтээгдэхүүнүүдийн нуклеотидийн дарааллыг тогтоохдоо, тусгай цомог (ABI PRISM Big Dye Terminator cycle sequencing kit), праймеруудыг хамт ашиглаж, ABI PRISM 3100/3130xl DNA sequencer (Applied Biosystems)-ээр шинжлэв. Тогтоосон бүх нуклеотидүүдийн дараалалд филогенетикийн шинжилгээ хийхдээ BioEdit (version 7.0.5.3), SIMMONIC (version 1.5), MEGA (version 4.1 beta) зэрэг программыг ашигласан болно. Генотипийг тогтоох цонхны хэсэг нуклеотидийн дараалалд (<739 хос суурь) үндэслэн MEGA (version 4.1 beta) программыг ашиглан зэрэгцүүлэн нийлүүлэх аргаар (1,000 bootstraps) филогенетикийн модны зургийг байгуулав.

2009-2010 онд эмчлүүлсэн 4 өвчтөнөөс тууралт гарсны дараах 2 хоногт багтаан цуглуулсан 4 ийлдсэнд улаануудын вирусийн 1E генотип оношлогдов (Сорьцын дугаар: 20, 40, 39, 50). Монгол улсын хүн амын дунд улаануудын вирусийн 1E генотип идэвхтэй эргэлдэж байгаа нь тогтоогдов. Улаанууд өвчнийг эрт оношлох, лабораторийн шинжилгээний дүнг батлахад молекулын шинжилгээний арга чухал ач холбогдолтой нь энэ судалгаагаар батлагдаж байна.

3.15. Монгол улсад анх удаа бүртгэгдсэн парвовирус В19-ийн халдварын дэгдэлт

*Р.Туул¹, Д.Отгонбаяр¹, У.Наранчимэг¹,
П.Нямдаваа¹, С. Накажима²*

¹Халдварт Өвчин Судлалын Үндэсний Төв
²Японы Нагояа Хотын Их Сургуулийн Вирус
Судлалын Танхим

Халдварт эритем буюу тавдугаар өвчин, “алгадуулсан хацар” өвчин гэх зэргээр нэрлэгддэг энэ халдвар нь гол төлөв 4–10 насны хүүхдүүдийг өвчлүүлдэг бөгөөд парвовирус В19-өөр үүсгэгдэнэ. Хэдийгээр халдварт эритемийн эмнэлзүйн онцлог төрх бараг хоёр зууны турш тодорхой мэдэгдэж байсан боловч уг өвчин парвовирус В19-өөр үүсгэгддэг нь дөнгөж 1980-аад оны эхээр тогтоогдож эхэлжээ. Өнөөгийн байдлаар, халдварт эритемийн цорын ганц үүсгэгч нь парвовирус В19 мөн гэдэг нь гарцаагүй батлагдаад байна. Монгол улсад парвовирус В19-ийн халдварын анхны дэгдэлт 2005 оны дөрөвдүгээр сард

Улаанбаатар хотын Багануур дүүрэгт бүртгэгдсэн билээ.

Халдварт эритем өвчний түргэн оношлогоонд ПГУ-ыг хэрэглэсний ач холбогдлыг судлах гол зорилт тавив. Монгол улсад анх удаа бүртгэгдсэн парвовирус В19-ийн халдварын талаарх нарийвчилсан мэдээлэл нь түүхийн үүднээс чухал ач холбогдолтой юм.

Багануур дүүрэгт бүртгэгдсэн халууралт, тууралттай өвчний дэгдэлтийн үеэр өвчтөнүүдээс цуглуулсан 22 ийлдсийн сорьцонд улаанбурханы эсрэг өвөрмөц IgM болон улаануудын эсрэг өвөрмөц IgM-ийг тодорхойлох шинжилгээг зах зээл дэх ФХУ-ын оношлуурууд (Dade Behring Enzygnost/Siemens, Marburg, Germany)-аар тус тус хийхэд энэ хоёр халдвар огт илрээгүй тул, эдгээр сорьцонд энтеровирус болон хүний парвовирус В19-ийн геномын нуклеотидүүд илрүүлэх шинжилгээг ПГУ-аар хийсэн болно. Цуглуулсан сорьцуудаас Isogen-LS (Nippon gene, Japan)-ийг ашиглан ДНХ болоод РНХ-ийг ялав. Энтеровирусийн геномыг илрүүлэхийн тулд VP4 болон VP2 бүсүүдийн үндсэн хоёр праймер (EVP4F: 5’>CTACTTTGGGTGTCCGTGTT (551-570) ба OL68-1R: 5’>GGTA AYTCCACCACCANCC (1197-1178)-ыг ашигласан бол, хүний парвовирус В19-ийн геномыг илрүүлэхийн тулд NS1 болон VP1 бүсүүдийн нуклеотидийн дараалалд үндэслэн бүтээсэн шинэ хоёр праймер (B19-2612F: 5’>GCTTT GTAGATTATGAGTAA (2612-2631) ба B19-2894R: 5’>GGTGGTCAGATA ACTGTCCA (2894-2875)-ыг ашиглав. Дээрх праймерууд дахь N-ийн оронд C/G/T, Y-ийн оронд C/T байж болно. ПГУ-ын бүтээгдэхүүнийг QIA quick PCR Purification Kit (Qiagen, Germany)-ээр цэвэрлэсэн бөгөөд Capillary SEQ 3100 аппарат (Applied Biosystems)-аар нуклеотидүүдийн дарааллыг тогтоолоо.

ПГУ-аар, хүний парвовирус В19-ийн 300 орчим хос сууриас тогтсон нуклеотидийн судал 4 өвчтөний ийлдсэнд илэрсэн бөгөөд эдгээр ийлдсийг тууралт эхлэхээс 7–13 хоногийн өмнө цуглуулсан байв. VP1 бүсийн 2632-аас 2874 дахь нуклеотидүүдийн хоорондох 243 сууриас тогтсон хэсгийн дарааллыг судлан үзэхэд дөрвөн өвчтөнд илэрсэн вирусүүдийн генийн дараалал нь үндсэндээ адилхан боловч, зургаан нуклеотид болон гурван амин хүчлээр хоорондоо ялгаатай, өмнө нь Хшу нарын мэдээлж байсан парвовирус В19-ийн омогтой төсөөтэй вирус болох нь тогтоогдов (Hsu et al., J Gastroenterol Hepatol 20, 733-738, 2005). Монгол улсад анх удаа бүртгэгдсэн халдварт эритем өвчний үүсгэгч нь хүний парвовирус В19 байсан нь батлагдав. Халууралт болон тууралттай өвчнүүдийг ялган оношлоход орчин үеийн молекул биологийн арга чухал ач холбогдолтойг энэ судалгаа батлан харуулж байна.

3.16. Арьсны Т-эст лимфомын үе дэх хавдрын эсрэг Т-эс ба Т-эпитопийн өөрчлөлт

Ш. Түмэнжаргал¹, Аансгар Луковски², Сюлке Геелрих², Воолфрам Стээри², Пиитр Ваалдэн²
¹ХААИС, Мал эмнэлэг - Биотехнологийн сургууль, Халдварт өвчин - Микробиологийн тэнхим
²Клиникийн судалгааны групп “Өмөн үүгийн дархлаа” Шарите, Гүмболдын анагаахын их сургууль, Берлин, Герман

Арьсны лимфомийн өмөн үүгийн эсрэг Т эсийн эпитопийг/ӨҮТЭ/ илрүүлэн шинээр нээх болон өмөн үүг устгагч Т эсийн дархлааны хариу урвалыг тодорхойлох асуудал нь бидний судалгааны гол зорилго юм. Бид арьсны лимфоматай өвчтөнгийн өмөн үүгийн орчмоос өмөн үүгийн эсрэг устгагч Т эсийн 2 клонийг эсийн өсгөвөрт үржүүлж авсан. Клонуудийн таньцын байгалийн болон нийлэг эпитопуудийг пэптид сангийн тусламжтайгаар тодорхойлоход нийлэг эпитоп/мимотоп-ийн Т эсийг идэвхжүүлэх чадвар өндөр гарсан. Эдгээр мимотопоос заримыг нь өмөн үүгийн эсрэг эмчилгээний вакцинд хэрэглэсэн. Вакцины эхний үе шатуудад мимотопийн эсрэг Т эсийн тоо олширч мөн тэдгээрийн өмөн үүг устгах чадвартайг ин витро туршлагаар нотолсон.

Өмөн-үүгийн эсрэг энэхүү Т эсийн хариу урвал нь өвчтөний арьсан дахь өмөн-үүг устгаж байсан. Мимотопийн эмчилгээний вакцин нь өмөн-үүгийн эсрэг дархлааны сул хариу урвалыг идэвхжүүлэх боломжтойг харууллаа.

Бидний тодорхойлсон ӨҮТЭ өмөн-үү доторхи болон захын Т эсийн хариу урвалуудыг тодорхойлох боломжийг нээж өглөө. Өмөн-үүгийн хүндэрсэн шатны үед эсрэг Т эсүүд нь эффектор санамжтай устгагч шинж чанартай байсан боловч устгагч эсийн молекулууд дутуу болон бараг байхгүй байсан.

3.17. Вирүсийн үйлчлэлээр сэдээгдсэн элэгний анхдагч өмөн үүсэх механизмыг судлах амьтны загвар

Д.Сувд¹, Х.Цэрэнсүрэн¹, Д.Батжав², Х.Цацрал¹, Э.Золзаяа², С.Цоодол¹, Л.Төмөрхүү¹, Т.Ариунаа¹, Д.Отгонбаатар², Ж.Оюунбилэг¹
¹НЭМХ, ²БГХӨСҮТ

Монголын хүн амын дунд тохиолдож буй элэгний архаг өвчний тохиолдлын 96,4% нь вирүсийн шалтгаантай байна. Мөн элэгний хорт хавдраар өвчлөгсдийн 73.4%-д /Ж. Оюунбилэг, 1996/ гепатит В вирүсийн маркер илэрсэн байдаг нь энэ өвчин зонхилон В гепатитын халдвараас үүдэлтэй болохыг

харуулж байна. Иймээс бидний судалгааны зорилго нь элэгний HBV, монгол тарваганы Хепадна (MMHV) вирүсийн халдвараас улбаатай вирүст гепатит болон түүний даамжрал болох архаг гепатит, элэгний хатуурал, элэгний анхдагч өмөн (ЭАӨ)-гийн явц, механизмыг судлах, мөн эм, эмчилгээ, сэргийлэлтийн зориулалттай бэлдмэлүүдийг турших амьтны in vivo загвар гаргаж авахад чиглэгдсэн юм. Монгол тарваганы хепаднавирүсийг (MTXB, MMHV) байгаль дахь тарваганы ийлдэсний 42, элэгний 76 сорьц цуглуулж боловсруулалт хийн, ОХУ-д үйлдвэрлэсэн хүний гепатит В вирүсийг оношлоход зориулагдсан “Ампли Сенс HBV-Eph” оношуурыг ашиглан ПГУ-ын аргаар шинжлэв. MTXB-ийн халдвар илэрсэн сорьцуудыг цельсийн -20 хэмд хадгалаж, гаршуулсан тарвагыг халдварлуулах туршилтад ашиглав.

Гаршуулах хоёр тарвагыг хээрийн судалгаагаар тохиромжтой гэж тогтоосон Хэнтий аймгийн Дэлгэрхаан сумын Хэрлэн Баян Улааны “Гаталын Хөх Ханан” уул орчим 33249015 сектороос хавх тавьж барин БГХӨСҮТ-д тусгайлан бэлдсэн байранд байршуулж, 5 сарын турш гаршуулан тэжээж, тэжээх явцдаа идэш тэжээлийн бодит орц норм, биеийн жин, халуун, хөдөлгөөн, зан үйлдэл зэрэг үзүүлэлтүүдийг тогтмол хянаж байв.

Тарваганы ийлдэс, элэгний нийт 118 сорьцонд хепаднавирүсийн ДНХ тодорхойлох шинжилгээг ПГУ-ийн аргаар хийхэд 9 сорьц нь (+) эерэг тодорхойлогдов. Гаршуулж тэжээсэн тарвагыг эдгээр сорьцуудаар халдварлуулалт хийхийн тулд амьтантай харьцах халдвар хамгаалалын дэглэм, эмжүүлэлт хийх, зүрхнээс цус авах, булчинд халдвар хийх, халдваргүйжүүлэх зэргийг багтаасан аюулгүй ажиллагааны аргачлалыг боловсруулан ажиллав. Энэ аргачлалын дагуу хоёр тарваганд тус бүр булчин сулруулагч болон нойрсуулагчийг тарьж харзсаны дараа хепаднавирүс эерэг тодорхойлогдсон сорьцоор далны булчинд тарьж халдварлуулалт хийсэн. Халдварлуулатын өмнө тарвага тус бүрээс ‘0’ цусны сорьц авсан. Халдварлуулалт хийснээс хойш хоорондоо сарын зайтайгаар 4-5 удаа цусыг авч ийлдсийг ялган шинжилгээг ПГУ-аар хийж халдварын явцыг хянасан болно. Шинжилгээний дүнгээс хархад халдварлуулалт хийснээс хойши 1-2 сард халдвар авсан магадлал илүү байсан. Мөн олон улсын болон НЭМХ дээр Монгол тарваганы хепаднавирүсийн талаар урьд хийгдэж байсан судалгаануудын үр дүн, хуримтлуулсан мэдлэгийг энэхүү төслийн хүрээнд хийсэн туршилт судалгааны үр дүнтэй уялдуулан боловсруулж архаг гепатит, элэгний анхдагч өмөнг судлах тэдгээрийн эсрэг үйлчлэлтэй эм биобэлдмэлийг in vivo турших амьтны загварыг гарган авав. Амьтны загвар гарган авах судалгааны ажилд дараах ажлуудыг хамруулан гүйцэтгэв.

Үүнд:

1. Тарвагыг хээрийн бус нөхцөлд байршуулах, тарвага барих, гаршуулах аргачлал боловсруулав.

2. Тарвага дээр туршилт явуулах, тарвагатай харьцах аюулгүй байдлын аргачлал боловсрууж, судалгаа хийв.

3. Эрүүл тарвагыг халдварлуулах чадвар бүхий Монгол тарваганы хепаднавирүс /МТХВ/ ялган МТХВ-ээр халдварлуулах аргачлал боловсруулан тарьж, хэрэглэв.

4. Архаг халдварыг хянах, хепаднавирүсийн “Х” гений бүтээгдэхүүн болох WНх- ийн нийлэгжлийг шалгах аргачлал боловсруулав.

5. МТХВ-ийн архаг халдвараас үүдэлтэй элгэнд үүсэх хавдрын өөрчлөлтүүдийн маркерууд болох тарваганы элэгний эсийн зохицууллагын n-Мус болон IGF-II генүүдийн нийлэгжлийг шалгах аргачлал боловсруулж, халдварлуулсан тарваганы элэгний эсийн өөрчлөлтийг хянав.

Энэхүү загварыг судалгааны байгууллага, эм үйлдвэрлэгч ба импортлогч улсын болон хувийн компаниуд элэгний архаг үрэвсэл, анхдагч өмөнг эмчлэхэд болон урьдчилан сэргийлэхэд зориулагдсан эм бэлдмэлийн үйлчлэл, чанарыг турших зорилгоор ашиглах боломжтой юм. Эрүүл тарвагыг халдварлуулах чадвар бүхий Монгол тарваганы хепаднавирүс нь халдвар бүхий ийлдэс хэлбэрээр хадгалагдаж байгаа учир, цаашид уг вирүсийн тогтмол эх үүсвэртэй болох нь дараагийн шатны судалгааны зорилт болж байна.

3.18. Өмнөговь аймагт 2011 онд бүртгэгдсэн гахай хавдрын дэгдэлтийн судалгаа, тархалтын эрсдлийн үнэлгээ

Ж.Сэлэнгэ¹, И.Мөнхжаргал¹, А.Амбасэлмаа², Р.Туул², П.Дэлгэрмаа², С.Амарзаяа², Ж.Байгалмаа², Б.Бямбажав³

¹ Монголын талбарын тархвар судлалын сургалтын хөтөлбөр-2

² Халдварт Өвчин Судлалын Үндэсний Төв

³ Өмнөговь аймгийн Эрүүл мэндийн газар

2011 оны 3 сард Өмнөговь аймагт гахай хавдрын дэгдэлт бүртгэгдсэний дагуу уг халдварын эмнэлзүйн оношийг батлах, дэгдэлтийн судалгаа хийж баталгаажуулах, халдвар цааш тархах эрсдлийн үнэлгээ хийсэн юм. Өмнөговь аймгийн Гурван тэс сумын эмнэлгийн өвчний бүртгэлийн дэвтэр, мэдээлэх хуудас, өвчтөний түүхэнд судалгаа хийж, өвчилсөн байж болзошгүй хүмүүс, сургуулийн багш, эмч нартай уулзан ярилцаж, эмнэлзүйн оношийг баталгаажуулах зорилгоор 18 өвчтнөөс сорьц цуглуулав. Мөн гахай хавдрын тандалтын түүхэн мэдээ баримт болон бусад холбогдох баримт материалд судалгаа хийж одоогийн дэгдэлтийн үр дүнтэй уялдуулан халдвар

тархах эрсдлийг үнэлж үзлээ. Тус сумаас, гахай хавдар өвчний тодорхойлолтод тохирсон 153 хүнийг судалгаагаар илэрч, 5–14 насны бүлэгт өвчлөл хамгийн өндөр байсан бол 1-ээс дооших насанд өвчлөл бүртгэгдсэнгүй. Хүйсийн ялгаа ажиглагдаагүй. Гахай хавдартай өвчтнүүдийн 24 (15.6%) нь эмнэлэгт хэвтэн эмчлүүлсэн ба 9 (6%) нь менингит, төмсөгний үрэвсэл, нойр булчирхайн үрэвсэлээр хүндэрсэн байна. Халдвар дамжсан байдлыг авч үзвэл 94 (72.3%) нь сургууль, цэцэрлэгийн хавьтал, 17 (13%) нь гэр бүлийн гишүүд, 2 (1.5%) нь төрөл садангийн хүнд хоёрдогчоор халдварласан ба 16 (12.3%) тохиолдлын хавьтал тодорхойлогдоогүй. Лабораторийн шинжилгээгээр 10 (6.5%) өвчтөний эмнэлзүйн онош батлагдав. Тархварзүйн тахирмагаас харахад эхний нэг тохиолдол нь уг дэгдэлтийн эх уурхай байсан нь батлагдсан бөгөөд гурван сарын хугацаанд зарим халдвар дөрвөн хүн дамжин халдварлаж, дэгдэлт дээд цэгтээ хүрээд буурчээ. Эрсдлийн үнэлгээгээр Монгол улсад гахай хавдрын дэгдэлт 2–5 жилийн үечлэлтэйгээр, ихэвчлэн нэг газар нутгийг хамран I сараас V сарын хооронд бүртгэгддэг байна. Манай улсын хэмжээнд улаанбурхан-улаанууд-гахай хавдрын эсрэг хавсарсан вакциныг 2009 оноос дархлаажуулалтын үндэсний товлонд багтаан нэвтрүүлж, 2 хүртлэх насны хүүхдүүдэд тарьж байгаа юм. Өмнөговь аймгийн Гурван тэс суманд бүртгэгдсэн гахай хавдрын дэгдэлт нь уг вакцинжуулалт нэвтэрснээс хойш анх тохиолдож буй томоохон дэгдэлт байсан боловч вакцинд хамрагдсан хүүхдүүдийн дунд өвчлөл бүртгэгдээгүй. Гахай хавдрын халдвар цааш дамжин тархах эрсдэл бага байжээ.

Монгол улс дахь цочмог сул саажилтын (ЦСС) лабораторийн тандалт судалгааны дүн 2009-2011

П.Сувд, З.Сайнжаргал, Т.Цэвээнсүрэн
НЭМХ

ДЭМБ-аас дэлхийн улс орнуудын өмнө дэвшүүлж байгаа өнөөгийн гол зорилт нь полиогийн зэрлэг вирүс илэрч байгаа 3 бүсийн (Африк, Зүүн өмнөд Ази, Газар Дундын тэнгисийн бүс) халдвар эргэн тархах өндөр эрсдэл бүхий хэмээн бүртгэгдсэн 6 орноос (Пакистан, Афганистан, Энэтхэг, Нигери, Египет, Сомали) полио чөлөөт бүс рүү зөөгдөхөөс урьдчилан сэргийлэх ЦСС-ын тандалтын системийг боловсронгуй болгож, мэдээллийг сайжруулах, вирүс шинээр тархахаас сэргийлэх, халдварт саагийн эсрэг вакцины хамралтыг сайжруулахад чиглэгдэж байна. 2009-2011 онд ЦСС оноштойгоор хот хөдөөгөөс ирүүлсэн 31 хүүхдийн болон Улаанбаатар хот болон хөдөө орон нутгийн (Хөвсгөл, Орхон, Дундговь аймгаас бусад 18 аймгийн) 0-5 насны эмнэлзүйн хувьд эрүүл гэсэн

оноштой нийт 528 хүүхдийн өтгөний сорьцонд полио болон полиобус энтеровирусын хэт дархан ийлдэс ашиглан өндөр мэдрэг бүхий RD-A, L20B шугаман эсийн өсгөвөрт саармагжуулах урвалын бичил хувилбараар хийж гүйцэтгэв. ЦСС оноштойгоор хот хөдөөгөөс ирүүлсэн 31 хүүхдийн 62 сорьцны 3 хүүхдийн 6 (9,6%) сорьцонд полиобус энтеровирус илэрлээ. Хот хөдөөгийн 0-5 насны 528 (хотоос 118, хөдөө орон нутгаас 410) өтгөний сорьцонд шинжилгээ хийхэд 65(12.3%) энтеровирусийн омог, 7(1,3%) полиовирусийн омог илэрлээ. Улаанбаатар хотын 118 хүүхдийн сорьцноос 12(10.1%) сорьцонд, хөдөө орон нутгийн 410 хүүхдийн сорьцноос 53(12.9%) сорьцонд тус тус энтеровирусийн омог, хөдөө орон нутгийн 7(1,7%) сорьцонд полиовирусийн омог илэрлээ. Полиовирусийн 7 омог (2-PV1+PV3;PV2+PV3;PV1+PV2+PV3;PV1+PV2;PV2;PV1) 1,2,3 настай хүүхдүүдийн өтгөний сорьцонд илэрсэнийг ДЭМБ-ын Япон улсын Токиогийн Вирус судлалын Хүрээлэнгийн лавлагаа лабораторит илгээж баталгаажуулахад бүгд вакцины Sabin омог болох нь тогтоогдлоо. Ялгасан энтеровирусийн омгуудыг нарийвчлан авч үзвэл 6(9.2%) Echo-25; 8(12.3%) Echo-14; 7 (10.7%) Echo-6; 3(4.6%) Cox B; 5(7,6%) Echo-30; 4(6.1%) Cox A9; 4(6.1%) Echo-4; 2(3.0%) Echo-12; 28(43%) хүрээ тодорхойгүй энтеровирус илэрлээ. Эрүүл хүүхдийн сорьцны 12.3%д энтеровирус илэрсэн нь олон улсад баримталдаг эрүүл хүүхдийн сорьцны 10-аас доошгүй хувьд илэрч байх ёстой гэсэн үзүүлэлтийн хэмжээнд байна. Насны ангиллаар авч үзэхэд энтеровирус илэрсэн хувь 3- 4 настай хүүхдийн сорьцны 14-17.7% буюу бусад насныхнаас харьцангуй илүү байсан нь гэдэс ходоодны /fecal-oral/ замаар дамждагтай холбоотойгоор энэ насны хүүхдийн хөдөлгөөн болон эрүүл ахуйн дэглэмтэй шууд хамааралтай байх магадлалтай юм. Хүрээ тодорхойгүй энтеровирусийн хувь өндөр байгаа нь манай лабораторит ашиглаж байгаа энтеровирусийн 24 хүрээ тодорхойлох оношлуур нь (Echo вирусийн 20 хүрээ, Cox A вирусийн 2 хүрээ, Cox B вирус, EV-71,CA-16) бусад хүрээний энтеровирус илрүүлж чадахгүй байгаатай холбоотой байж болох юм.

Аденовирусийн халдвараар үүсгэгдсэн нүдний эмгэгийг лабораторийн аргаар оношилсон дүн

Ц. Цэвээнсүрэн¹, Ц. Энхмаа², З.Сайнжаргал¹,
Б. Сайнчимэг¹, Д. Ахагвадолгор²
¹Нийгмийн Эрүүл Мэндийн Хүрээлэн,
²Улсын Клиникийн Төв Эмнэлэг

Монгол орны хүн амын дунд бүртгэгдэж буй вирус халдваруудын дотор аденовирусийн гаралтай нүдний өвчлөл багагүй хувийг эзэлдэг. Улсын клиникийн төв

эмнэлэгийн амбулаторын нүдний кабинетад жилд 11850 хүн үйлчлүүлснээс 1290 тохиолдол буюу 10.89% нь вирусийн халдвар, үүнээс 95%-нь аденовирусийн халдвар, 3.7% нь херпес вирусийн халдвар, 1.3% нь бусад вирусийн халдвар болохыг эмнэл зүйгээр оношилжээ. Бид судалгаандаа аденовирусийн халдвараар үүсгэгдсэн нүдний эмгэгийг лабораторийн аргаар оношлох зорилго тавьсан. Судалгаанд Улсын клиникийн төв эмнэлгийн амбулаторын нүдний кабинетад ирж үйлчлүүлсэн 18-55 насны аденовируст халдвар оноштой 50 хүн хамрагдсан. Дээрх хүмүүсээс нүдний салстын хусам, цус, өтгөний сорьцыг шинжилгээнд авч аденовирусийг илрүүлэх шинжилгээг полимеразын гинжин урвалын аргаар хийв. Нийт 50 сорьцонд лабораторийн шинжилгээ хийхэд 43 сорьцонд буюу 86%-д нь аденовирус илэрсэн. Үүнд: нүдний хусамын 15 сорьцны 14(93%) нь, цусны 15 сорьцны 12(80%) нь, өтгөний 20 сорьцны 17(85%) нь вирус илэрсэн байна. Насны ангиллаар авч үзвэл: 18-30 насны 20 хүний 16(80%-д нь, 31-40 насны 15 хүний 13(86,6%-д нь, 41-50 насны 15 хүний 14(93,3%-д нь аденовирус илэрсэн байна. Судалгааны дүнгээс харахад манай орны хүн амын дунд аденовируст үүсгэгдсэн нүдний өвчлөл өндөр байна. Нүдний хусамын сорьцонд хамгийн их буюу 93%-д нь аденовирус илэрч байгаа нь вирус илрүүлэх лабораторийн шинжилгээнд нүдний хумсын сорьцыг авахад тохиромжтой болохыг харуулж байна. Мөн 41-50 насныхан аденовируст илүү өртөмтгий байна. Аденовирусийн халдварыг лабораторийн аргаар оношлох нь халдварыг нууц үед нь илрүүлэх, онош баталгаажуулах ач холбогдолтой юм.

Энгийн херпес вирус-1 ба 2 IgM-ийг ФХЭБУ-аар тодорхойлсон дүн

Д. Энхсайхан, Ч. Эрдэнэчимэг, Ж.Байгалмаа
Халдварт Өвчин Судлалын Үндэсний Төв

Вирусийн гаралтай өвчнүүдийн дотор херпес вирусийн халдвар, тэр дундаа энгийн херпесийн халдвар (ЭХХ) дэлхийд түгээмэл тархсан өвчний тоонд ордог. ДЭМБ-ын мэдээгээр зөвхөн АНУ-д 40-60 сая хүн энгийн херпес вирусийн (ЭХВ) халдвар авсан байдаг ба жил бүр 1-2 сая хүн шинээр халдвар авч, тэдгээрийн 600-800 мянган хүнд нь эмнэлзүйн ямар нэгэн шинж тэмдэг илэрдэг.

Херпест халдвар эмнэлзүйн олон хэлбэрээр тохиолддог. Энэ өвчний үүсгэгч ЭХВ-1 (HSV1) ба ЭХВ-2 (HSV2) вирусүүд херпесвирусийн овогт багтдаг бөгөөд анхны халдварын дараа мэдрэлийн зангилаанд бугшмал хэлбэрээр байж, дархлаа сулрахад илрэн гардаг. Өвчний үед гол төлөв ам уруул болон бэлэг эрхтний арьс салст бүрхэвчид байрлалтай жижиг

цэврүүнцэр гардгаар онцлог юм. Тууралтат цочмог, дахилтат халдварыг бусад олон халдварын агент үүсгэдэг учир херпест халдварын үед өвчин үүсгэгчийг тогтоох зайлшгүй шаардлагатай.

Монгол улсад 1996 оноос эхлэн эмнэлзүйн шинжээр херпес гэж оношлогдсон өвчтөнүүдэд ийлдэс судлалын аргаар үүсгэгчийн хэвшинжийг тодорхойлон, энэ талаар зарим судалгааг явуулах болсон. Ч. Эрдэнэчимэг нарын (2001) судалгаагаар судалгаанд хамрагдсан 607 хүний 78,6%-д энгийн херпесийн халдвар (ЭХХ) оношлогдож, үүнээс 76,5% нь энгийн херпесийн вирус (ЭХВ)-2-оор халдварлагдсан байв.

Энэхүү судалгаагаар Халдварт Өвчин Судлалын Үндэсний Төв (ХӨСҮТ)-ийн ДОХ, Бэлгийн Замаар Дамжих Халдвар (ДОХ/БЗДХ)-ын тандалт судалгааны албаны амбулаториор үйлчлүүлэгсдээс санамсаргүй

түүвэрлэлтийн аргаар ийлдэс цуглуулж, эдгээр хүмүүс ЭХВ-1 ба ЭХВ-2-ын цочмог халдвар байгаа эсэхийг ХБНГУ-ын NovaTec Immundiagnostica GmbH үйлдвэрийн NovaLisa™ Herpes Simplex Virus 1+2 (HSV) IgM-ELISA гэх ФХЭБУ-ын оношлуураар тодорхойлов.

. ХӨСҮТ-ийн ДОХ/БЗДХ-ын тандалт судалгааны албаны амбулаторид үйлчлүүлсэн 230 хүний ийлдсэнд ФХЭБУ-аар HSV (1+2) IgM-г тодорхойлов.

Судалгаанд хамрагдсан 18-42 насны 230 хүнээс нэг ч хүнд эмнэлзүйгээр энгийн херпесийн халдварын шинж тэмдэг илрээгүй байна. Тэдний 18,7 % (43)-д ийлдэс судлалын шинжилгээгээр ЭХВ 1 ба 2-ын IgM эерэг тодорхойлогдож, энгийн херпесийн халдвар шинж тэмдэггүй хэлбэр илэрсэн байна.

Энгийн херпесийн шинж тэмдэггүй хэлбэр уг халдварын шинж тэмдэг эмнэлзүйгээр илрээгүй үйлчлүүлэгчдийн 18,7 % (43)-д тохиолдож байна.



**The 13th National Conference "CURRENT TOPIC OF VIROLOGY"
September 9, 2011**

The 13th National Conference “CURRENT TOPIC OF VIROLOGY”
09 September, 2011, Ulaanbaatar, Mongolia

Conference committee:

Chairman: Dr. D.Nyamkhuu, MD, PhD, Director- General, National Center of Communicable Diseases (NCCD), Mongolia

Vice-Chairman: Prof.J.Oyunbileg, BSc(Biol), PhD, DSc(Biol), Member, Mongolian Academy of Medical Sciences, Director-General, Institute of Public Health, Mongolia, Prof. D.Otgonbaatar, MD, PhD, Director- General, National Center for Infectious Diseases with Natural Foci,

Secretary: Dr M.Altankhuu, MD, PhD, Executive Director, Mongolian Society for Virology; Head, Department of Laboratory Services, NCCD, Mongolia,

Members: **D.Abmed**, BSc(Biol), PhD, Head, Parasitology of Laboratory, NCCD, Mongolia,
Dr L.Enkhbaatar, MD, PhD, Executive Director, Mongolian National Association for Control of Infectious Diseases,
Dr.D.Emkh-amgalan, MD, MPH, Administrative officer, Mongolian Academy of Medical Science,
Dr.Sh.Myagmarsuren, MD, MSc(Med), Virologist, NCCD,
Dr. Ts.Naranzul, MSc(Med), Virologist, NCCD

Editorial Board:

Editor-in-Cheif: Prof. P.Nymadawa, MD, PhD, DSc (Med) (President, Mongolian Society of Virology(MSV), President, Mongolian Academy of Medical Sciences, and Member, New York Academy of Sciences, USA)

Secretary: Dr. B. Darmaa, MD, PhD, Scientific Secretary, MSV; Head Virology laboratory, National Center for Communicable Diseases(NCCD)

Members: Dr. O.Baatarkhuu, MD, PhD, Lecturer, Department of Infectious Diseases, Health Sciences University, Mongolia (HSUM),
Dr. R.Oyungerel, MD, PhD, (Scientific Secretary, Scientific Council, NCCD; Lecturer, Department of Infectious Diseases, (HSUM),
Ms. P.Suvd, MSc(Biol), Head Enterovirus lab, Public Health Institute, Mongolia
Dr. R.Tuul, MD, PhD, Virologist, Virology laboratory, NCCD
Ms. D.Tserennorov, BSc(Biol), PhD, Deputy director National Center for Infectious Diseases with Natural Foci
Ms. D.Enkhsaikhan MSc(Biol), Head Enterovirus laboratory, NCCD

The program of the 13th National Conference
 "CURRENT TOPIC OF VIROLOGY"
 September 9, 2011, Conference Hall, NCCD

08:30-09:00	Registration	
Session 1. Moderators; Prof.P.Nymadawa, <i>MSV</i> and Dr D.Nyamkhuu, <i>NCCD</i>		
09:00-09:10	Opening	D.Nyamkhuu, <i>NCCD</i>
09:10-09:40	Lecture 1: Evolution of hemagglutinin genes of influenza viruses isolated in Mongolia	P.Nymadawa, <i>MSV</i>
09:40-10:10	Lecture 2: Genotypes and frequent mutations of HBV detected in Mongolia	Ts.Oyunsuren, <i>IBMAS</i>
10:10-10:40	lecture 3: A new strategy to develop a vaccine against influenza	D. Anhlan , <i>IMVUM</i>
10:40-11:30	Tea/Coffee break: Photo session, Poster presentations	
11:30-12:15	Lecture 4: Pursuing new avenues in anti-influenza therapy	S. Ludwig, <i>IMVUM</i>
12:45-13:00	Lecture 5: Epidemiology and etiological roles of two picornaviruses: human rhinovirus C and enterovirus 68	H.Oshitani, <i>DVTU</i>
13:00-14:00	Lunch, Poster presentations	
Session 2: Moderators Prof.J.Oyunbileg, <i>PHI</i> and Dr D.Otgonbaatar, <i>NCIDNF</i>		
14:00-14:15	Presentation 1: Antiviral drug resistance study of pandemic A(H1N1) viruses isolated in Mongolia	<u>Ts.Naranzul</u> , B.Darmaa, D.Enkhsaikhan, Ch.Maitsetseg, G.Nyamaa, N.Bayasgalan and P.Nymadawa, <i>NCCD, MAMS</i>

14:15-14:30	Presentation 2: Serotypes of human adenoviruses detected in Mongolia	<u>N.Bayasgalan</u> , K. Tohma, Ts.Naranzul,
14:30-14:45	Presentation 3: The study on correlation of specimen collection terms and influenza virus detection	G.Nyamaa, B.Darmaa, S.Tsogtsaikhan, A.Suzuki, H.Oshitani and P. Nymadawa, <i>NCCD, DVTU, HSUM, MAMS,</i>
14:45-15:00	Presentation 4: Monitoring of antiretroviral therapy by measuring HIV viral load	<u>E.Erdenejargal</u> , L.Bayarjargal, M.Battuvshin, and B.Darmaa, <i>RDTCO, NCCD</i>
15:00-15:15	Presentation 5: Study on correlations of specimens type and reaction conditions for quantitative detection of hepatitis B and C viruses	<u>B.Uyanga</u> , Sh.Myagmarsuren, Ch.Baigalmaa, and M. Altankhuu, <i>NCCD</i>
15:15-15:30	Presentation 6: Current status and paradox in HBV diagnosis and management in Mongolia	<u>N.Naranbat</u> , G.Unursaikhan, and P.Nyamdawa, <i>GMC, MAMS</i>
15:30-16:00	Tea break, Poster presentations	<u>J. Amarsanaa</u> , P.Natsagnyam, B.Sayabold, N.Lkhasuren, J.Chinburen, O.Baatarkhuu, B.Tsatsralt Od, L.Dashtseren, and D.Avirmed, <i>MASLD, IM, NCC, HSUM, NCCD</i>
Session 3: Moderators Dr. M.Altankhuu, <i>MSV</i> and Prof. P.Nymadawa, <i>MAMS</i>		
16:00-16:15	Presentation 7: Age-related changes of dendritic cell function in mouse Flu-model	<u>Sh.Tumenjargal</u> and Ph. Linton, <i>AUM, SKCC</i>
16:15-16:30	Presentation 8: Study of prevalence of antibody to some lentiviruses in Mongolian small ruminants	<u>S.Sugar</u> , E.Bazarragchaa, and Sh.Enkhee, <i>CVLM</i>
16:30-16:45	Presentation 9: Test results of ELISA kit production technology for detection of hepatitis A virus	<u>L.Altantuya</u> , P.Suvd, B.Enkhtuya, O.Dulamsuren, B.Sainchimeg, J.Oyunbileg, B.Enkhjargal, S.Lkhagva and Ch.Tseyenpil, <i>PHI</i>
16:45-17:00	Presentation 10: Result of isolation of hepatitis A virus in human primary fibroblast cell culture	<u>E.Altantsetseg</u> , Ts.Tseveensuren, E.Mungunchudur, D.Suvd, R.Tuul, Ch.Enkhtaivan, A.Ariunaa, and J.Oyunbileg
17:00-17:20	Questions, discussion	<i>PHI, NCCD, WfY</i>
17:20-17:25	Closing	P.Nymadawa
17:30-18:30	Meeting of members of Mongolian Society of Virology	P.Nymadawa

ABSTRACTS

One. lectures

1.1. Evolution of hemagglutinin genes of influenza viruses isolated in Mongolia

P.Nymadawa
Mongolian Society of Virology

A surface glycoprotein of hemagglutinin (HA) of influenza viruses has studied intensively in the last 20-30 years worldwide due to its important functions for virus pathogenicity and host range selection and its extremely variable nature.

Over 150 HA nucleotide sequences of influenza viruses isolated in Mongolia were released by GenBank.

The maximum likelihood trees of HA genes released by GenBank of the representative influenza virus strains isolated in Mongolia has been constructed using PAUP test with MEGA4 and GENEIOUS packages.

A phylogenetic analysis the obtained results was performed in comparison to the published data on HA A(H1) (M.I.Nelson, C.Viboud, L.Simonsen et al., 2008), A(H3) (C.A.Russel, T.C.Jones, I.G.Barr et al., 2008) and B (J.Shen et al., 2009), and discussed their possible implications for the surveillance of influenza in Mongolia.

1.2. GENOTYPES AND FREQUENT MUTATIONS OF HBV DETECTED IN MONGOLIA

Ts.Oyunsuren
Laboratory of Molecular Biology, Institute of Biology,
MAS

HBV infection causes serious health problems worldwide and a major factor for chronic hepatitis, cirrhosis and HCC development.

Globally, HBV has substantial genetic heterogeneity. Genetic analyses of HBV has allowed at present to classify it into eight distinct genotypes (A-H) that have different geographical distributions, and associated with different risks for liver diseases.

In Mongolia HBV is one of widespread viruses among the population. To determine the current genotypic variation of HBV among the Mongolian population, more than 2 thousand isolates were genotyped by several researchers using different methods including the virus genomic DNA or its parts. Genotype D was found in 93%-97% of HBV isolates. Genotype A or F in Mongolia were found by B.Tsatsralt-Od et al. [2005], and M.Takahashi et al.[2004]. D.Davaalkham et al. [2007] has reported 5.3% genotype A among 57 mongolian children infected with HBV.

At present, genotype D can be distinguished into four

subgenotypes, D1-D4. In Mongolia, subgenotypes D1 and D3 were found, with predominance of subgenotype D1 in 78.6% among the studied population.

Coinfections with different genotypes of HBV is relatively frequent and about 10% was confirmed to be intertypic recombinant. In Mongolia A/D or C/D isolates were found in children and adults, respectively. Recombination between genotypes, or within genotypes generates novel variants of the virus that contribute to make HBV more divergent worldwide.

Apart from recombination, mutations and mutant selection are observed within all genotypes of HBV. Different mutant variants may emerge under the pressure of neutralizing antibody response, leading to vaccine resistance and resistance to immunotherapy.

HBV S gene mutant variants which lead to serious diagnostic and preventive problems in some populations, were detected in about 30% of mongolian children, although it was showed that this mutation does not play a significant role in vaccination failure in the country. The mutation in regulatory region of HBV genome such as the basal core promoter (BCP) or core region which related to a lower expression of HBsAg, directly affects the clinical outcome of liver diseases.

In order to study the association of HBV mutation with HCC development, BCP and core mutations were analyzed. The results showed a higher prevalence of either, or both of C1752/V1753 mutations in liver cancer (HCC) group (52.2%) to chronic hepatitis (CH) (20%), suggesting the association of these mutants with progressive liver diseases in patients with HBV genotype D in Mongolia.. The higher frequency of A1896, the precore stop codon mutation as well as T1764/G1766, BCP mutation in HBeAg negative patients comparing to HBeAg positives were identified. Although T1762/A1764 double mutation was rarely found (15%), the mutation frequencies were similar in CH and HCC groups. Despite low incidence of T1762/A1764 mutation in genotype D, this mutation was found in 75% of HCC patients with high viral load (>5 log copies/ml). Regarding to T1764/G1766 double mutation, an appreciable increase in prevalence of this mutation from inactive carriers (4.2%) to HCC patients (34%) were observed.

In conclusion, HBV spread among the mongolian population has less heterogeneity comparing to other populations. The point mutations in core and BCP regions may play a role in HBV related HCC development and thus, could serve as a molecular marker in predicting the clinical outcomes of patients with chronic hepatitis B infected with genotype D in Mongolia.

1.3. A new strategy to develop a vaccine against influenza

D.Anhlan

Institute of Molecular Virology, University of Muenster, Germany

Vaccination was and remains worldwide the best prophylactic strategy to combat influenza virus outbreaks. Recently, the world public-health community developed and produced a corresponding vaccine against the so-called pandemic "swine flu" in 2009. The pandemic was successfully controlled and stopped by using this vaccine. Because of the great genetic variation of influenza A viruses (IAV) it is not possible to predict when the next flu pandemic will emerge. We developed an apathogenic mutant A/WSN/33 (H1N1) viruses with one or more silent mutations in the NP gene by reverse genetics methods. The vaccinated mice that were infected with this apathogenic mutant WSN virus survived a lethal challenge dose of wild type WSN virus. The results on the NP gene of IAV are evidence for the feasibility of this strategy to develop a live attenuated vaccine, a principle that might be applicable for all viruses with segmented genomes.

In this talk I also will discuss the currently approved influenza vaccines and the advantage of new technologies such as reverse genetics that can be used for rapid production of an efficient and safe vaccine.

1.4. Pursuing new avenues in anti-Influenza therapy

S.Ludwig

Institute of Molecular Virology, University of Muenster, Germany

Influenza is still one of the major plagues worldwide with the threatening potential to cause pandemics. We are currently limited to four licensed anti-influenza drugs: the neuraminidase inhibitors oseltamivir and zanamivir, and the M2 ion-channel inhibitors amantadine and rimantadine. In recent years, there is an increasing incidence of resistance to these FDA-approved anti-influenza drugs. This underlines the urgent need for novel antivirals in preparation for future influenza epidemics or pandemics. Because we cannot predict the strain of influenza virus that will cause the next epidemic or pandemic, it is important that we develop novel anti-influenza drugs with broad activity against all strains, and subtypes that would not show the tendency to induce viral resistance.

Influenza virus infection results in the activation of a variety of intracellular signaling responses. It is a common view that most of these signaling events are initiated as an innate cellular response to defend the invading pathogen. While influenza viruses have evolved strategies to

keep these responses in a tolerable limit, the virus also has acquired the capability to exploit some of these activities to support efficient replication. This dependence of influenza virus propagation on cellular signaling factors provides opportunities for a novel mode of antiviral interventions that targets essential host factors instead of viral components. In the last couple of years we have identified several cell signaling targets that are suitable for antiviral strategies, including the classical mitogenic MAPK cascade, that regulates active viral RNP export, or the NF-kappaB pathway, that interferes with the apoptotic response. Inhibition of these pathways efficiently blocked virus replication in cells and animals without toxicity or the tendency to induce resistant virus variants. Furthermore, we also focused on the antiviral activity of natural plant products, to meet recommendations of the WHO in its current research agenda. The future perspectives of these novel antiviral attempts will be critically discussed.

1.5. Epidemiology and etiological roles of two picornaviruses: human rhinovirus C and enterovirus 68

H.Oshitani

Department of Virology, Graduate School of Medicine, Tohoku University, Sendai, Japan

Acute respiratory infections are an important public health issue worldwide. With progress of molecular techniques, a number of new viruses associated with respiratory infections have been found and new insights have been obtained for previously known respiratory viruses. We have been conducting etiological study on severe acute respiratory infections among hospitalized children in Eastern Visayas Regional Medical Center in Leyte, the Philippines.

Human rhinovirus C (HRV-C) is a newly found species of HRV. But etiological significance of this virus is still controversial. Between May 2008 and May 2009, a total of 816 nasopharyngeal swabs were tested for HRV by reverse transcription polymerase chain reaction (RT-PCR) and 243 samples (29.8 %) were positive for HRV. There were large sequence diversity for all three species, HRV-A, HRV-B and HRV-C. Among these patients, 30 serum samples were also positive for HRVs. The serum positive rates were different among HRV species, 3% (4/131) for HRVA, 0% (0/25) for HRVB, and 31% (26/83) for HRVC, and were the highest on 2 days after the onset of symptoms. These results suggest that HRVC may have a different pathogenicity and can more commonly cause viremia than infections caused by HRVA and HRVB.

Enterovirus 68 (EV68) was isolated for the first time from hospitalized children with respiratory infec-

tions in 1962. Although this virus is categorized as one of enteroviruses, it shares some common characteristics with HRV including acid sensitivity. EV68 has been only identified sporadically and is one of the most rarely identified enteroviruses. In the same study population with HRV-C, we found 21 cases of EV68 including 2 deaths, which was the largest cluster of EV68 cases reported so far. After we found EV68 between 2008 and 2009 in the Philippines, a number of other countries including the United States, Japan, the Netherlands have reported significant increase in EV68 detection. Molecular analysis so far could not reveal the reason why such increasing trend in many countries had been observed recently.

Two. ORAL PRESENTATIONS

2.1. Antiviral drug resistance study of pandemic A(H1N1) virus isolated in Mongolia

Ts.Naranzul¹, B.Darmaa¹, D.Enkhsaikhan¹, Ch.Maitsetseg¹, G.Nyamaa¹, N.Bayasgalan¹ and P.Nymadawa^{1,2}

¹National Center of Communicable Diseases, Mongolia

²Mongolian Academy of Medical Sciences

The antiviral resistance surveillance of influenza viruses is significant impact on control, prophylaxis and therapy of the disease.

In this study, we analyzed 292 pandemic influenza A(H1N1) viruses for neuraminidase inhibitor (NAI) resistance detection and 7 strains for amantadine resistance detection of the M2 gene which were isolated in 2009-2011 years.

The NA inhibitor susceptibility of influenza virus was determined by chemiluminescent NA inhibition assay using NA-Star (Applied Biosystems, Foster City, CA) kit performed with Veritas Microplate Luminometer Reader according to the manufacturer's protocol. The oseltamivir carboxylate was provided by F.Hoffman-La Roche Ltd. NA inhibition assay data were analyzed using Robosage software comparing test data with the data produced NA inhibitor sensitive and resistance strains which provided by WHO Influenza Collaboration Center, Melbourne, Australia. The rt RT-PCR analysis was performed for presence/absence resistance NA gene mutation H274Y of the strains.

The NA and M2 gene sequencing was performed by the standard methods with Applied Biosystems 3130xl Genetic Analyzer using primers supplied by WHO Collaboration Centers and sequencing data were analyzed by using MEGA 5.01 software.

All viruses tested (n=292) were sensitive to oseltamivir with one exceptions of A/Dundgovi/381/2010(H1N1)

v with 65.6 nM IC₅₀ values and containing H274Y) mutation by rt RT PCR and sequencing analysis on NA gene (ProteinBank accession number: ADM33443).

The strain had an amino acid changes on 106, 248, 274 positions also. The virus strains were resistance to amantadine which analysed in this study. The six strains were contained a change at amino acid 31 (serine to asparagine [S31N]) and one strain had a S31D mutation in M2 gene (GeneBank accession numbers: CY053364, CY053365, CY054547, CY054549, CY055171, CY065990, CY 065998 and CY080592) by gene sequencing.

2.2. Serotypes of Human Adenoviruses detected in Mongolia

N.Bayasgalan^{1,3}, K.Tohma², Ts.Naranzul¹, G.Nyamaa¹, B.Darmaa¹, S.Tsogtsaikhan³, A.Suzuki², H.Oshitani² and P.Nymadawa^{1,4}

¹National Center of Communicable Diseases, Ulaanbaatar, Mongolia

²Tohoku University, Sendai, Japan

³Health Sciences University of Mongolia

⁴Mongolian Academy of Medical Sciences

Human Adenoviruses (HAdVs) are non-enveloped, double-stranded DNA-containing viruses sub-divided into 7 groups and 52 serotypes according to their antigenic characteristics. And recently, some novel HAdVs in addition to the previously described serotypes were reported [H. Ishiko et al., 2008, CM. Robinson et al., 2011, MP. Walsh et al., 2009, MP. Walsh et al., 2010.]. HAdVs are frequent cause of acute respiratory infections (ARI), gastro-enteritis and conjunctivitis.

Mongolian researchers have detected adenoviruses in 5.7% by direct immune-fluorescent microscopy (IFM) [P. Nymadawa et al., 1988], in 9.6% by direct IFM on hybrid cell culture R-Mix (DHI, USA) [S.Tsatsral et al., 2009], and in 5.4% by multiplex rt-PCR using FTD (Luxemburg) kits [S.Tsatsral et al., 2011] from nasopharyngeal samples with ARI patients.

The purpose of this study was to establish serotypes of HAdVs circulating in Mongolia.

We have selected 20 samples positive for adenoviruses in R-Mix cell culture (detected in 2010 in the Virology Laboratory, NCCD, Mongolia; n=20 from the total 1288 samples) by direct IFM. DNAs were extracted from clinical samples (nasopharyngeal and eye swab) using QIAamp DNA Mini Kit (QIAGEN) according to the manufacturer's protocol. The 1st PCR were performed using the adenovirus hexon gene specific primers and the nested PCR were performed using the loop 1 and the loop 2 specific primers. The electrophoresis was carried out in a 1.0% agarose gel containing ethidium bromide.

The sequencing was performed using BigDye Terminator Cycle Sequencing Kit (Applied Biosystems), and the sequences of the loop 1 and the loop 2 were determined by ABI 3130 x1 Genetic analyzer. The results have revealed 7 different serotypes belonging to 3 groups of adenoviruses. Of these, 6 (30%) were HAdV B7, 5(25%) were HAdV B3, 4(20%) were HAdV D8, 2(10 %) were HAdV C1, 1(5%) was HAdV C2, 1(5%) was HAdV C5 and 1(5%) was HAdV C6, respectively. By the clinical symptoms all human serotypes were causing ARI. It is needed further studies to establish common serotypes of HAdV circulating among Mongolian population.

2.3. The study on correlation of specimen collection terms and influenza virus detection

E.Erdenejargal¹, L.Bayarjargal¹, M.Battuvshin¹, B.Darmaa²

¹*Virology laboratory, Regional Diagnostic Treatment Center, Orkhon Province*

²*National Center of Communicable Diseases*

The reliable laboratory results are significant role in health care services, epidemiological investigations and other public health activities.

The laboratory result depends on performance of lab technicians by correct techniques, collection, storage and transportation of appropriate specimens.

We attempted to compare influenza virus detection rate with sample collection date from onset of disease and type of specimens among the samples received, processed in virology laboratory in Orkhon province.

We analyzed 429 samples which were collected from outpatients in the family clinics and admitted cases in provincial hospital between November 2010 to March 2011 in Orkhon.

RNAs were extracted from clinical samples using extraction kit Bioneer, Korea company, according to the manufacturer's protocol and rt RT-PCR were performed using the AccuPower Influenza Real time PCR kit (Bioneer) by Bioneer, EXICYCLER rt PCR system.

There were 25(13.4%) positive for influenza viruses of 186 samples with diagnosed influenza, 17(8.5%) positive for influenza viruses of 200 samples with diagnosed ILI, no any influenza positive for influenza viruses of 22 samples with diagnosed sARI, 2(14.2%) positive for influenza of 14 samples with diagnosed other diseases and 1(14.3%) positive for influenza viruses of 14 samples collected not marked any diagnose in the sample collection form.

There were detected 25(13.4%) positive of 186 samples with diagnosed as influenza, 17(8.5%) positive of 200 samples with diagnosed as ILI, no any positive of 22 samples with diagnosed as sARI, 2(14.2%) positive of

14 samples with diagnosed other diseases and 1(14.3%) positive of 14 samples collected not marked any diagnose in the sample collection form.

40(12.5%) positive from 321 samples collected 1-3 days after onset, 4(5.9%) positive from 68 samples collected 3-7 days after onset, 1 (4.5%) positive from 22 samples collected ≥ 7 days after onset of disease. The 36(10.6%) samples were positive from 338 nasal swab samples and 9(9.9%) samples were positive from 91 throat swab samples by compared sample type and virus detection rate

A laboratory result of influenza virus detection depends on sample collection time after onset of diseases and type of specimens.

2.4. Monitoring of antiretroviral therapy by measuring HIV viral load

B.Uyanga, Sh.Myagmarsuren, Ch.Baigalmaa, M.Altankhuu

National Center of Communicable Diseases

The HIV viral load is measured by using three different types of tests: Reverse-transcriptase polymerase chain reaction (RT-PCR), Branched DNA (bDNA) and Nucleic acid sequence-based amplification (NASBA)

In Mongolia HIV viral load monitoring started in 2009 using the NASBA assay. HIV viral load (RNA) level gives prognostic information HIV progression and on response to therapy.

The purpose of our research was to determine the level of HIV viral load in Mongolian HIV infected persons and response to antiretroviral therapy (ART) by measuring HIV viral load.

During 2009-2011, the viral load testing was done in 77 persons with HIV infection using NASBA methodology by NucliSens EasyQ HIV-1 QT assay of Biomerieux Company.

15 (19.5%) persons were tested before and 3-6 month after starting ART. International viral load level: very low (target not detected / < 20 cps/ml/ - 400 cps/ml), low (10 000-80 000 cps/ml), high (> 100 000 cps/ml). Depending on clinical stage and immunology status of the patient, the average viral load for 77 persons with HIV infection was 118 600 cps/ml.

For 15 persons tested before ART, the level of viral load was 426 926 in average. Among them low level of viral load was in 5 (33.3%), high level was in 10 (66.6%) persons. No person had a very low viral load.

After ART the viral load decreased by 54 722 cps/ml on average. After ART viral load level was very low in 11 (73.4%), was low in 3 (20%), and high in 1 (6.6%) person. For all persons treated the viral load decreased up to 8 times after 3-6 months of the initiation of ART. NASBA assay was effective for measuring HIV viral load

in HIV infected persons.

The ART significantly decreased HIV viral load in HIV infected persons and is shown to be effective in the treatment of HIV infection.

2.5. Study on correlations of specimen types and reaction conditions for quantitative determination of hepatitis B and C virus nucleic acids

*N.Naranbat, G.Unursaikhan and P.Nymadawa
"Gyals" Medical Center, Co., Ltd., Mongolian Academy
of Medical Sciences*

Researchers are agree about the importance of quantitative determination of nucleic acids (NA) of HBV and HCV for selection of therapeutic intervention type and for developing of prognosis of the disease. Therefore in the developed countries it is customary to develop and upgrade consensus guidelines for diagnosis and treatment based of HBV and HCV infections on viral counts [A.S.Lok and B.J.McMahon, 2007; M.G.Ghany et al., 2009;].

In our country it is just starting to introduce quantitative determination of HBV and HCV NAs and there is no consensus guidelines for diagnosis and treatment of viral hepatitis based on viral counts, so far. This is a challenging situation and sometimes it creates bias for patients and doctors. "Gyals" Medical Center, Co., Ltd. is performing of viral NA counts of HBV and HCV since 2009 and this small experimental observation is aimed to test whether specimen types and storage conditions of samples, methods of NA extraction affect the final results of the laboratory investigations.

We have tested 41 samples tested positive for HBsAg with rapid immune-chromatographic test kits of "Acon", USA and 44 samples tested positive for anti-HCV by the same method. NAs of the selected samples in the forms of whole blood, serum and plasma were extracted by an automatic extractor (ExiPrep 16, Bioneer, Korea) and by the classic isopropanol extraction in parallel. HBV and HCV NAs were determined quantitatively in rt-PCR with Bioneer Exicycler 96, Bioneer, Korea.

DNA quantity of HBV in the whole blood samples were 2.2-4.5 times lower than in sera and plasmas, whereas RNA quantity in the whole blood samples were approximately equal those in plasma, however, 3.3-3.4 times lowers than in sera. So, it can be concluded sera and plasmas are both suitable for HBV DNA quantification, and only sera are more suitable for HCV RNA quantification by rt-PCR. The quantity of HBV DNA and HCV RNA were differing in all kinds of samples by 2.2%-16% by hand and automatic NA extraction, however, the difference was statistically not significant. Quantifica-

tion with the automatic extraction has shown statistically significant better results in the samples with low viral load samples.

For testing of storage conditions we have tested only plasma samples in 2 conditions: 1) plasma samples, and 2) NA samples extracted from plasma and stored in -70°C for 1-3 weeks. There were no significant difference of viral counts in 2 types of samples over 1-3 weeks storage in -70°C.

Some bias has been created also when different laboratories use different expressions like copies/ml (or /dl, l) and IU/ml (or /dl, l). Also different companies are recommending different coefficients for calculations of IU/ml from copies/ml expressions.

We consider it is time now to develop a consensus guideline specific for Mongolia on diagnosis and treatment of viral hepatitis based on the viral loads by laboratories using this technology together with clinicians.

2.6. Current status and paradox in HBV diagnosis and management in Mongolia

*J.Amarsanaa^{1,2}, P.Natsagnyam¹, B.Sayabold¹,
N.Lkhasuren¹, Delgerzaya¹, J. Chinburen^{1,3}, O.Baatarkhuu^{1,4},
B.Tsatsralt-Od^{1,5}, L. Dashtseren⁵ and D. Avirmed^{1,2}
¹Mongolian Association for the Study of Liver Diseases,
²Institute of Medicine, Mongolia,
³National Cancer Center of Mongolia,
⁴Health Science University of Mongolia,
⁵National Center of Communicable Diseases of Mongolia*

Mongolia is a country with high prevalence of Hepatitis B infection. 10% of the population is estimated to be positive for HBsAg. Hepatitis virus is the leading cause of cancer related death in Mongolia with HBV being responsible for half the incidence. Our study is the first of the kind that combines data on HBV viral load and other serology markers in Mongolian patients.

Aim: We are committed to unveil which of the diagnostic modalities are important for clinicians to assess the current state of liver disease for chronic hepatitis B patients.

Statistical analysis was performed in 300 randomly selected patients who were tested for HBV viral load at Happy Veritas, Clinical Diagnostics Laboratory. Diagnostic methods by Taqman Real-Time PCR, HBV-combo rapid tests, biochemistry, CBC were used in the study.

300 patients with positive HBsAg were tested for viral load. Only 40.6% of patients had detectable viral load of >500 copies/ml. Serum HBV DNA negativity rate was 58% in cirrhotic patients, whereas 51% was negative in non-cirrhotic patients with no significant difference between the two. HBeAg positivity was 5.3% among HBsAg positive patients. Though the mean age of HBV

positive patients were 38, it was 22 for HBeAg positive patients.

HBV viral load is not important for estimating progression of chronic liver disease. Though viral load is important to assess response to treatment in chronic HBV patients, HBV DNA positive patients make only 40% of HBsAg positive patients. It is difficult to assume that HBV DNA negative patients are healthy carriers because they still have ALT elevations and liver fibrosis. In such cases HBsAg quantification could be of use to those patients. HBsAg is hardly used to assess treatment response, but there is immense pressure to develop sensitive, wide range reproducible assays for that purpose. Though HBeAg positivity has important role in assessing HBV infection and in decision making in western countries, it is not the case in Mongolia, like other Asian countries. HBeAg(+) patients make only a small portion of HBV infected population.

2.7. Age-related changes of dendritic cell function in mouse Flu-model

Sh.Tumenjargal¹ and Phyllis Linton²

¹*Mongolian Agricultural University, School of Veterinary Medicine and Biotechnology, Department of Microbiology and infectious diseases*

²*Sidney Kimmel Cancer Center, CA, USA*

The higher susceptibility for cancer and infections are more often occurs in aged individuals. The contribution of thymic output, the limited/restricted repertoire of naive/senescent T cells as cause for the diminished immune response in aged has been reported by others. We proposed that the decline/alteration in T cell responses in the aged is compounded by suboptimal generation of mature, immunogenic dendritic cells (DC) and the limited interaction between DCs and T cells.

Delayed/limited expansion of virus-specific CD8+ and CD4+ T cells observed in aged host using CFSE-staining. Co-transfer of young DC improved their responsiveness which indicate the diminished function of aged DC. Also a defective migration of DCs in aged mice demonstrated using immunofluorescence and multi-color flow cytometry. Decrease of Gr-1+, B220+, CD11c-intermediate DC-subset and increase in CD4-, CD11b+, CD11cbright cells were observed in aged spleen cells.

We demonstrated evidences that the tolerance function of aged-DC might be retained. In InsHA-mice, transgenic expression of the influenza virus hemagglutinin (HA) is under control of the insulin promoter found in the pancreatic islet beta-cells, and transgene expression leads to peripheral tolerance of HA-specific T cells.

Clone-4 transgenic CD8+ T cells which are transgen-

ic for a HA-peptide were transferred to young and aged InsHA mice. In the absence of the influenza A/PR8 virus (H1N1)-challenge through immunization which express the homologous HA protein, tolerance ensues and no diabetes occurs in InsHA-mice. Upon viral challenge, all young mice become diabetic while around half of the aged mice did not.

2.8. Study of prevalence of antibody to lentivirus in Mongolian small ruminants

S.Sugar, E.Bazarragchaa, Sh.Enkhee
State Central Veterinary Laboratory

Small ruminant Maedi-Visna (MV) and Caprine arthritis encephalitis (CAE) are caused by the lentivirus (maedi-visna virus (MVV) and caprine arthritis-encephalitis virus (CAEV)), a member of the Retroviridae family. We attempted to differentiate the diseases by antibody detection enzyme-linked immunosorbent assay (ELISA) tests with different antigens.

Fifty nine serum (45 sheep, 14 goats) collected from four provinces (Tuv, Uvs, Zavkhan and Arkhangai) were tested by ELISA against MVV-gag and CAEV_gp135 antigens. The used kit's manufactured; MVV_gag-ELISA kit is in France. ID VET and CAEV_gp135-ELISA kit is in USA. VMRD Inc.

Twelve positive of sheep 45 serum and negative all goat 14 serum by MVV_gag-ELISA for MV. Ten of sheep 45 serum and one of goat 14 serum positive by CAEV_gp135-ELISA for CAE. Other 43 serum give negative results by both tests. Five, three and seven serum of sheep reacted with MVV_gag-ELISA, CAE_gp135-ELISA and both ELISA, respectively. Only one goat sera was positive by CAE_gp135-ELISA.

Specificity of MVV gag-ELISA and CAE_gp135-ELISA is good for MVV antibody and CAEV antibody, respectively.

Developed MVV and CAEV infection in a herd, and mixed infection in individual animal. Combination of MVV_gag-ELISA and CAE_gp135-ELISA might afford detection of small ruminant Lentivirus infection.

2.9. Test results of ELISA kit production technology for detection of hepatitis A virus

L.Altantuya, P.Suvd, B.Enkhtuya, O.Dulamsuren,
B.Sainchimeg, J.Oyunbileg, B.Enkhjargal, S.Lkhagva and
Ch.Tseyenpil

¹*Public Health Institute, Biotechnology Production, Research, and Training Centre*

Our aim is to prepare in-house ELISA kits for detecting for antigen of hepatitis A virus based on sandwich principle.

The method is applied for laboratory tests of against anti-HAV. The ELISA techniques presented here have been developed in our laboratory. The anti-IgG is absorbed in the well and the remaining sites are blocked with protein such as BSA. The well is incubated with serum, and IgG adsorb to the catching antibodies. The immobilized IgG is visualized with enzyme conjugated IgG specific antibodies. The color reaction developed by the HRP horseradish peroxidase.

The optimal dilution of the peroxidase-conjugated antibodies in our experiments is between 1:200 and 1:5000. We have elaborated the producing technology and standard of antigen to hepatitis A virus ELISA kit provided methods of quality control, physical, chemical, biological, virological, bacteriological characters, storage, transport and package principles.

The ELISA should be checked routinely by positive and negative controls and the reproducibility of the ELISA results.

2.10. Result of isolation of Hepatitis A virus in primary fibroblast cell culture

E.Altantsetseg¹, Ts.Tseveensuren¹, E.Mungunchudur¹, D.Suvd¹, R.Tuul²,

Ch.Enkhtaivan³, A.Ariunaa¹, J.Oyunbileg¹

¹Public Health Institute, Biotechnology Production, Research and Training Centre

²National Center of Communicable Diseases,

³Gynecological Hospital "For you"

HAV infection is primarily transmitted by the fecal-oral route, by either person-to-person contact or consumption of contaminated food or water. There were an estimated hepatitis A 22.3% of total infectious diseases in our country, and 84,9% of total hepatitis.

The goal of the study was to isolate and to adapt native hepatitis A virus on human embryo primary fibroblast cell culture from patients hepatitis A. Samples were collected from 24 patients with diagnosis of hepatitis A. Human embryo fibroblast cell culture was prepared and infected hepatitis A virus in cell culture was detected by PCR method. Established human embryo fibroblast primary cell culture and infected it with native hepatitis A virus isolated from stool specimens of infected patients. We did several passages on human embryo fibroblast primary cell culture to fatherly adapt and propagate this native HAV culture. Infectivity and adaption of virus were monitored with PCR method using kits (Ампли-Синс ® HAV-Eph, Russia). We detected HAV after 8 passages of initial infection in human embryo fibroblast primary cell culture. Adaptation of native HAV culture to grow in human fibroblast cell culture would provide us with sustain source of HAV, which will enable us to develop our studies for determination its genotype, or to vaccine strain.

Three. POSTER PRESENTATIONS

3.1. Results of study on etiology of severe acute Tick born encephalitis

D.Abmed¹, J.Bataa¹, G.A.Danchinova², M.A.Khasnatino², B.Oyunbileg¹, U.Unursaikhan³, M.Myagmar⁴, S.Aryuna⁴

¹National Center for Communicable Diseases,

²Institute of Epidemiology and Microbiology, Siberian Branch, Russian Academy of Medical Sciences, Irkutsk

³National Center for Infectious Diseases with Natural Foci

⁴Health Center, Bulgan Province

There are three genotypes of Tick born encephalitis virus (TBEV) worldwide as West European, Ural-Siberian and Far Eastern. Virus of different genotypes cause different clinical signs of Tick born encephalitis (TBE). We have studied strains isolated from brain of patient died due to TBE in Bulgan province. The genetic characteristics of Mongolian TBEV from patient indicate that Far Eastern subtype and the clinical features of TBE caused by these virus were severe acute form. In the future it is important to study the TBEV from vector ticks and patient in territories distributed TBEV parts of Mongolia. Methods: Virus isolation-cell culture, molecular biological studies-RT-PCR and sequencing.

3.2. Introduction of HCV Quantification as a Diagnostic Tool in Mongolia : Its Significance and Lessons Learned

J.Amarsanaa^{1,2}, P.Natsagnyam¹, B.Sayabold¹, N.Lkhasuren¹, Delgerzaya¹, J.Chinburen^{1,3}, O.Baatarkhuu^{1,4}, B.Tsatsralt-Od^{1,5}, L.Dashtseren¹, D.Avirmed^{1,2}

¹ Mongolian Association for the Study of Liver Diseases

² Institute of Medicine, Mongolia,

³ National Cancer Center of Mongolia ,

⁴ Health Science University of Mongolia,

⁵ National Center of Communicable Diseases of Mongolia

17% of Mongolian population is infected with HCV , which makes the country one of the top HCV infected countries in the world . Though HCV quantification method was developed almost a decade ago it was only in 2009 , when it was first introduced in Mongolia .

Method: Total of HCV 212 patients were enrolled in the study , all of whom had HCV quantification at Happy Veritas clinical laboratory . HCV quantification (Taqman Real-Time PCR method) was performed by AB17000 , Applied Biosystems , USA . Commercially available HCV quantification kit was used in the study . Anti-HCV was purchased from ACON laboratories, USA

Out of 212 patients who had HCV quantified only 35 were also checked for HCV antibody . Patients were divided in high viral load >2 million HCV copies/ml, and low-intermediate <2 million HCV copies/ml . We

checked for liver function tests in both groups . Only 3,1% of patients in the high group had normal liver enzymes (ALT<30 IU) , while 47% had normal liver enzymes in low-intermediate group . Average ALT was 109 IU and AST 74 in high group, while the ALT 70 IU, and AST 45 IU in low-intermediate group. Mean platelet number was 198,000 in high , and 213,000 in low-intermediate group . Out of 35 patients who were checked for both HCV RNA and anti-HCV 68,5% (n=24) positive for both Anti-HCV and HCV-RNA, while 31,5% were positive for anti-HCV but HCV-RNA negative . These patients are believed to be immune to HCV .

With the introduction of HCV quantification method as a diagnostic tool, it became possible to distinguish truly HCV immune patients who were considered as HCV infected before. We noticed positive correlation HCV viral load with liver enzymes. The method allows treatment monitoring for the first time in Mongolia.

3.3. Pandemic influenza A (H1N1) vaccine efficacy in Ulaanbaatar, Mongolia, 2011 year

D.Badral¹, Ch. Urtnasan², Н. Баясгалан², А. Бурмаа²

¹*Mongolian Field Epidemiology Training Programme,*

²*National Center for Communicable Diseases, Mongolia*

A total of 723.625 people were vaccinated with the pandemic A (H1N1) vaccine in the last two years in Mongolia, based on priority groups identified by Ministry of Health. More than 27% of the population received the vaccine in Mongolia. From January 1 to March 31, 2011, we conducted a case-control study to estimate the efficacy of the pandemic A (H1N1) vaccine in Ulaanbaatar city.

Cases were defined as an ILI patient with laboratory confirmed pandemic influenza A (H1N1) and controls were ILI patients with laboratory result negative for influenza A(H1N1) in Ulaanbaatar from January to March 2011. All cases were included in the study and controls were selected randomly among all influenza A (H1N1) negative ILI patients. Data was collected by using face to face and phone interviews.

Mongolian influenza like illness (ILI) sentinel surveillance system had identified and tested 1910 specimens for viruses among ILI patients, of which 122 (6.4%) were positive of pandemic influenza A (H1N1). Among them, 82 (67.2%) patients were from Ulaanbaatar city. A total of 82 cases and 271 controls were recruited from 1209 ILI patients. The mean 11 aged of cases and 15 aged of control groups. There was among 54% male and 46% female of cases, 46% male and 54% female of control groups. In case group, 77 (8

7.5%) were not vaccinated and in the control group,

180 (66.4%) were not vaccinated. Vaccine efficacy was estimated to be 82.6% (95% CI: 0.05-0.33).

Pandemic influenza A (H1N1) vaccine was 82.6% effective protection immunity against the present pandemic virus. On the basis of this result, we recommend vaccination against influenza A (H1N1) for vulnerable populations in Mongolia

3.4. Research on Hepatitis B, C epidemics among the students of Obstetric department of Nursing faculty, HSUM

Z.Battsetseg¹, J.Sarantuya¹, N.Bira²

¹*Molecule Biology- Genetic department, HSUM*

²*Gastroenterology Department, HSUM*

Viral hepatitis is one of the widespread diseases in worldwide; infection rate is not reducing even tough globally fighting against it. In 2005, Hepatitis B virus (HBV) infection rate counted over 2 trillion, among them 350 million are chronic carriers of the disease (O.Baatarkhuu 2006).

In our country hepatitis B virus infection rate is 9,9%, hepatitis C virus infection rate is 1.71% (D. Davaalkham 2011), hepatitis C 20.8 % of them were in workplace risks (O.Baatarkhuu 2006).

Therefore, we have selected one of the high risk groups, students in Obstetric department of Nursing College of NSUM to test their endemicity of HBV and HCV with the purpose of evaluating the methods of preventing further transmission.

First, second and third year students (n=62) of Obstetric department of Nursing Faculty, HSUM had participated in the study. General self-reported data were collected and the tests of HBsAg, anti-HBs, anti-HCV IgG were taken from participant's serum using ELISA method by DRG Int., (USA) kit.

Positive results are found in anti-HCV 10, HBsAg 2, anti-HBs 19 out of total 62 samples. In our country doctors and hospital worker's infection rate is HBsAg 28,3%, anti-HCV 18.3% (D. Otgonbayar., 2010)

The main prevention method is vaccination of HBV. In developed countries, less than 10% of doctors, hospital workers are affected with HBV with the help of vaccination and viral drug use and comply with sanitary hygiene. Unfortunately, there was no vaccination administered to doctors and hospital workers in Mongolia until now. The participants of our research are born in after 1992, which should have been vaccinated by National Hepatitis B virus vaccination, but in our study anti-HBs was 30%, it means the vaccination rate is low among the students. In the survey, questioned whether the students had taken immunization or not, 60 out of 62 was unaware of it, therefore it is not possible to identify

whether it is an after-infection immunization or after-vaccine immunization.

We will continue our research including determining Hepatitis C genomes, and will conclude the issues about HBV vaccination in our research.

3.5. New cases of the equine influenza

*D.Batchuluun¹, Kh.Bodisaikhan¹, Sh.Enkhee¹,
J.Bekh-Ochir², S.Sugar¹, Kh.Ganzorig¹*
¹State Central Veterinary Laboratory,
²Institute of Veterinary Medicine

In 5th July 2011, developed illness with clinical sign, were showing a cough, sloppy and foul secretion from nose in racing horses on the around Khui doloon khudag near the Ulaanbaatar. For diagnosis of the disease and distinguish of causing agent collected samples from clinically horses, which samples performed in SCVL. A total of 8 blood and nasal swabs were collected from the influenza suspected horses and tested by virus isolation, RT-PCR, real-time PCR, hemagglutination inhibition (HI) test and hemagglutination assay (HA). Suspension of nasal swabs were inoculated in embryonated chicken eggs, and incubated at 3 days. Seven of 8 samples were positive by HA test in 1:8-1:64 titers. By HI test using standard H3N8 and H7N7 antigen (IZSve, Italy) detected H3N8 specific antibody with 1:8-1:16 titers in serum samples. Equine influenza virus A/H3N8 specific gene was detected by RT-PCR and real-time RT-PCR.

The results from all assays revealed that the causative agent of the outbreaks was an equine H3N8 influenza virus.

3.6. The epidemiology analysis of tick borne encephalitis

*A. Dolgorkhand¹, S.Amarzaya¹, B.Suvd¹,
B.Oyunbileg², N.Erdenebat³*
¹Mongolian Field Epidemiology Training Programme
²National Center for Communicable Diseases,
³Center of Infectious Diseases with Natural Foci,
Selenge province

Tick-borne encephalitis (TBE) is infectious disease and caused by Flavivirus

We described all 72 tick-borne encephalitis cases, which are registered during 2004-2009. 46 patients out of 72 were involved into physical examination.

In 2004-2009, totally 72 human cases of TBE were registered in Mongolia and the highest incidence was in 2007. The cases were registered in all age groups, most of cases registered among population 15-24 of age. The median age was 29.4 ±11.8 with range 4-60. Most of

patients visited to the endemic forest areas for work such as wood processing, collection of medical herb and etc.

We found that 25(54.3%) individuals had a different type of neurological sequel after recovering. 81.1% of individuals, who had treated by TBE immunoglobulin had sequel and 66.6% of individuals, who did not treated by TBE immunoglobulin had sequel but no difference with statistical significance (p=0.6) between those results.

During 2004-2009, seventy two TBE cases were registered in 19 sub-provinces of 5 provinces in Mongolia. 25(54.3%) individuals out of 46 had a different type of neurological sequel after recovering but no statistically significant difference between percentage of neurological sequel among individuals with TBE immunoglobulin treatment and without treatment.

3.7. Current Distribution of HBV Serological Markers in Chronic HBV Patients and its Significance in Mongolia

*P.Natsagnyam¹, J.Amarsanaa^{1,2}, B.Sayabold¹,
N.Lkhasuren¹, Delgerzaya¹, J. Chinburen^{1,3}, O.Baatarhuu^{1,4},
B.Tsatsralt-Od^{1,5}, L. Dashteren⁵ and D. Avirmed^{1,2}*
¹Mongolian Association for the Study of Liver Diseases,
²Institute of Medicine, Mongolia,
³National Cancer Center of Mongolia,
⁴Health Science University of Mongolia,
⁵National Center of Communicable Diseases of Mongolia

HBsAg seropositivity rate in healthy Mongolian population is about 10%. Although the prevalence for the virus infection has been confirmed in many other studies, the extended investigation for other viral markers was not reported before. We intended to assess the seropositivity of all five HBV markers for the first time in Mongolia

Total of 1,961 patients were assessed for five HBV seromarkers HBsAg, HBeAg, HBsAb and HBeAb, HBcAb during January 2009 and October 2009. HBV combo test was purchased from ACON Laboratories, Inc, USA. CBC was done using Sysmex, XS800i hematology analyzer, Japan. Statistical analysis was performed Microsoft Excel software. Out of 1,961 patients 381 were positive for HBsAg

In this single center study, we analyzed all patients (n=381) positive for HBsAg. HBV infected males represented 53.2% (n=203) of the total, with females representing 46.8% (n=178). Only 3.6% of HBsAg positive patients were positive for HBeAg, with equal sex proportions. HBeAb+ patients comprise 19.9% (n=76) out of which 77.6% (n=59) were positive for both HBcAb and HBeAb. Patients with HBcAb comprise 39.3% (n=150) of the pool, with males representing 59.4% (n=89). 203 patients (53.2%) were only positive for HBsAg, with no any antibodies present. We also checked platelet num-

bers for clues of liver cirrhosis . According to our study 8,8% (n=8) of the patients who had full CBC (n=90) were cirrhotic .

All of those patients had albumin level <3,4 g/dl . Patient with double infection for both HCV (anti-HCV) and HBV (HBsAg) made 3,6% (n=14) of the pool .

Cirrhotic patients may comprise nearly 9% of HBV infected patients , which will make around 24,000 patients (0,8% of the country population) . Patients with bearing both HBV and HCV have higher risk of developing liver cirrhosis 7,1 vs. 1,9% consistent with the data of other countries . HBeAg positivity rate was very low 3,7% , which is much lower than that of western nations .

3.8. Prevalence of antibodies to the pandemic of influenza virus in Ulaanbaatar

G.Nyamaa^{1,2}, A.Burmaa¹, B.Tian³, S.Tsatsral¹, Ts.Naranzul¹, N.Bayasgalan¹, B.Ariunsanaa², L.Enkhbaatar¹, B.Gantsooj⁴, D.Liboo³, B.Darmaa¹, P.Nymadawa^{1,4}

¹ Virology Laboratory, National Center Communicable Diseases,

² Mongolia, Health Science University of Mongolia,

³ Disease Control and Surveillance Center of China,

⁴ Mongolian Academy of Medical science

Serum panel was collected before the outbreak of pandemic influenza, June 2009, 1109 serum samples, after pandemic influenza, November 2009, 1121 serum samples, and finally post pandemic outbreak, June 2010, 1120 serum samples were collected respectively from 6 districts of Ulaanbaatar. Serum antibody titers were determined using the haemagglutination– inhibition (HI) test with comparison to reference strains A/California/07/09(pH1N1) at Disease Control and Surveillance Center of China.

As expected, pre-existing protective antibodies to the 2009 pandemic influenza A(H1N1) virus was low across all age as compared to other during and after serum panels (HI=40%, p<0.001). The samples collected during pandemic influenza, November 2009, has shown greater protection against flu with 40% antigenic reactivity (p<0.001). Serum panel collected after pandemic flu and vaccination has shown substantial protection at age 2 which 36% had reactive antibody, age 5-9 had 38.7% reactive antibody. However 60-69 age section showed lowest protective antibody reactivity which was 6.6%. Interestingly, 10% of 70 years old had protective antibody.

At the last serum panel, 39.6% of population had vaccinated for pandemic influenza and among age groups, the number differed from one another such as 50% of age 4 had vaccinated, 46,6% of age 5-9, 53,1% of 10-19, 46,0% of 20-29, 47,3% of 30-59 and finally people over 70 years old was less vaccinated in which

only 21,4% had protective antibody.

It was evident that H1N1 flu was endemic in Mongolia and it does confirm epidemiological data in 2009.

Acknowledgment

This research was funded by “Development of pandemic flu surveillance system” CDC, USA and authors thank to the funding agency and Disease Control and Surveillance Center of China.

3.9. Comparative study of some selected cytokine molecular structures in Mongolian bactrian camel (*Camelus bactrianus*) and llama (*Lama glama*) and its implications in pathogenesis of viral infections

R. Odbileg^{1,2}, S. Konnai², K. Ohashi², M. Onuma²

¹ Laboratory of Virology, Institute of Veterinary Medicine, Ulaanbaatar, Mongolia

² Graduate School of Veterinary Medicine, Hokkaido University, Japan

Camels and llamas are members of the Camelidae family. Bactrian camels are of great commercial and veterinary importance in Mongolia, largely for transports, milk, meat, hides and wool. In general, camels and llamas are relatively disease-resistant animals, but they can be infected with viral infections and many pathogens, which infect cattle, sheep and horse.

Comparative assessment of cytokines from Mongolian bactrian camel and llama was done by molecular cloning, sequencing and phylogenetic analysis. Homology analyses of nucleotide and deduced amino acid sequences of camel cytokines and phylogenetic analysis based on their nucleotide sequences indicated the close relationship in these cytokine genes between llama, pig and cattle.

Molecular characterization of cytokines from the camel and llama will be useful in elucidating the humoral and cell-mediated immune responses that correlate with disease outcome, especially during the viral infections in camels and llamas. At the present, little is known about cytokine regulation during viral infections in these animals, and further studies are necessary to understand the relationship between cytokine expression profile and pathogenesis during viral infections in the Camelidae family.

3.10. Some study results of zoonotic and natural focus infectious diseases caused by virus

*D.Otgonbaatar, J.Dulamjav, D.Tserennorov
National Center for Infectious Diseases with
Natural Foci, Mongolia*

International public health organizations are informing that 75 percent of recently controlled emerging infectious diseases were zoonosis over the past two decades by confirmed as a sources of 20 novel viral diseases such as camel, sheep, rat and other rodents, wild and domestic birds between 1991 and 2008, and even in the further, rapidly increasing trend the reason how correlated with socio-economic factors such as environmental, climate change and ecological factors, and population over density and movement.

Since 2007, NCIDNF established virology laboratory sets for appropriate prevention, early detection and response in Mongolia. In 2011, we have been studying on the caused by virus zoonotic diseases such as rabies, tick borne encephalitis, west Nile fever, avian influenza, hemorrhagic fever with renal syndrome, Japanese encephalitis and Crimean-Congo hemorrhagic fever via the serology based detection methods and so on rapid test, fluorescence assays, ELISA, western blotting, RT-PCR and real time RT-PCR.

Owing to the develop of the foreign cooperated activities on the virology based research works have been significantly getting some results on the some causative agents of Mongolian territory which issues will be demonstrate for not only collaborated results but also expanding on the evidence based study of medical science: Isolated rabies virus is to be closely related with group of Steppe of the Tyva 765 of Russian strains (GenBank AY352483), detected as a tick-borne encephalitis viruses from dead body samples medulla oblongata, cerebral cortex, and pia mater of brain, its closest relative was virus 740-84 (GenBank EU878282) isolated from large-toothed redback voles (*Clethrionomys glareolus*) in Buryatia and genetically closest to the representatives of the Far East subtype, and we also reported into GenBank one of the isolated AIV which is A/herring gull/Mongolia/454/2008(H13N8). Also were detected some different subtypes of AIVs such as AH3N6 AH4N6, AH1N1 and AH13N8 viruses from wild birds of 11 species in the territory of Bayan-Ulgii, Khovd and Uvs provinces.

Such as achievements of the viral zoonotic and natural focus diseases, we will go on to the strengthening virology laboratory such as improving biosafety, expanding novel techniques to identify and to determine, and starting scrupulous experiments in the near future.

3.11. Circulation of human metapneumovirus in Two Asian Countries, Japan and the Philippines

*K.Otani¹, A.Suzuki¹, K.Tohma¹, T.Imamura¹,
H.Otomaru¹, N.Fuji¹, H.Galang², E.Mercado²,
S.Lupisan², H.Oshitani¹*

¹Department of Virology, Tohoku University Graduate School of Medicine, Japan

²Research Institute for Tropical Medicine, Philippines

Human metapneumovirus (hMPV) is classified in the paramyxoviridae whose viral structure and the clinical manifestation resembles that of respiratory syncytial virus. In influenza, there has been theory that the virus in the tropical climate jumps to the temperate zone in northern and southern hemisphere, leading seasonal pattern in both hemisphere. But little has been known on the global dissemination of the hMPV. Since we experienced the cluster of hMPV in Philippines and in Japan with 6-month interval, we compared hMPV in both areas to assess their link.

In Tacloban, Philippines, nasopharyngeal swab (NPS) was collected from patient who required admission due to severe pneumonia for etiological study on severe childhood pneumonia. In Sendai, Japan, NPS was collected from outpatients in the private clinics and admitted cases in the tertiary hospitals as a part of surveillance for acute respiratory infection. In Sendai, NPS was inoculated on LLC-MK2 cells for isolation. In both study sites, RNA was extracted and subjected for either two-step reverse transcriptase PCR (RT-PCR) or one-step real-time RT-PCR. Partial sequence of the F gene was analyzed for the genotyping.

In Tacloban between May 2008 and June 2011, hMPV was detected from 45 of 1,514 cases. There were two clusters of hMPV: former in period between March and April 2009 and later between October and November 2010. Genotypes in former cluster were A-2 and B-1 whereas only B-1 in later cluster. Viruses in Genotype B-1 showed little diversity indicating continuous circulation of the genotype in the area for at least three years.

In Sendai, hMPV was detected 1 out of 127 cases in 2010 and 18 out of 387 cases in 2011. Large community outbreak was observed from May to July 2011. Circulating virus was genotypes A-2 in 2010 while A-2 and B-2 in 2011. Viruses in genotype A-2 detected in 2010 and 2011 shared identical sequence.

The viruses detected in the Philippine in 2010 (later cluster) and in Japan in 2011 were in distinct genotypes. On the other hand, genotype A-2 was detected in both area but with 2-year interval. Those A-2 viruses in each area created common clades but were distinct, suggesting that viruses have evolved in similar pattern independently.

There was no viral link between clusters of hMPV detected in the different part of the Asia between 2010 and 2011. Evolutionally pattern of hMPV may be different from that of influenza.

3.12. Measles Virus Genotypes Diagnosed in Mongolia

R.Tuul¹, D. Otgonbayar¹, U.Naranchimeg¹,
P.Nymadawa¹, W. Lim², G.Woo², Y. Jee³

¹National Center for Communicable Diseases, Mongolia,

²Public Health Laboratory Center, Hong Kong, China,

³World Health Organization, WPRO

Genotyping of measles virus (MeV) is increasingly being applied in the surveillance of measles transmission. Serologically monotypic MeV has eight distinct genetic clades (A–H) subdivided into 23 genotypes which are not geographically confined, however, there are predominant circulating strains in certain areas [WHO, 2007]. Viral strains detected during the 2002 outbreak of measles in Mongolia belonged to genotype H1 and these strains were closely related to those detected in China [R.Tuul, 2007]. Since 2003 there were registered only sporadic cases of measles in this country.

The current study aimed at identifying the genotypes of MeV circulating among population of Mongolia to assess the progress of measles elimination. There were investigated 73 serum samples collected from patients with measles cases between the years 2006 and 2010. Serum samples were tested for the presence of measles specific IgM antibody using commercial enzyme immunoassays (Dade Behring Enzygnost/Siemens, Marburg, Germany). Total RNA was extracted from original specimen using QIAamp Viral RNA Kit (Qiagen, Hilden, Germany) according to the manufacturer's instructions. A 590 bp fragment at the C-terminal of the nucleoprotein (N) gene was amplified by the first RT-PCR with extracted RNA using outer primers (MVN1: 5'-GCT ATG CCA TGG GAG TAG GA-3'; MVN2R: 5'-GGC CTC TCG CAC CTA GTC TA-3') and reagents supplied in the SuperScript™ III One-Step RT-PCR kit with Platinum Taq DNA Polymerase (Invitrogen, Carlsbad, CA). A 581 bp fragment was amplified by the nested PCR with 1 µl of the first-round PCR product and inner primers (MVN3: 5'-CCA TGG GAG TAG GAG TGG-3'; MVN4R: 5'-CTC TCG CAC CTA GTC TAG-3'). All PCR reactions were performed using a GeneAmp 9700 PCR system thermocycler (Applied Biosystems, Foster City, CA). Positive PCR products were purified with QIA quick PCR Product Purification Kit (Qiagen, Germany). The purified products were then sequenced using primers MVN3 and MVN4R together with the ABI PRISM Big Dye Terminator cycle sequencing kit, followed by analysis with ABI PRISM 3100/3130xl DNA sequencer (Applied Biosystems). All

sequences obtained, excluding the primer region, were subjected to phylogenetic analysis using BioEdit (version 7.0.5.3), SIMMONIC (version 1.5), and MEGA (version 4.1 beta). Phylogenetic trees were constructed based on 444 bp of C-terminus N gene (lacking 6 bp in the 3' end of the 450 bp genotyping window), using the neighbor-joining method (1,000 bootstraps) with MEGA (version 4.1 beta).

A total of 6 strains were genotyped successfully among the 73 confirmed measles cases. Three strains belong to genotype D6 which was detected in 3 serum samples collected within 2 days of rash onset in 2006 (Sample labels: 167, 175 and 179). And, three strains belong to genotype H1 which was detected in 3 serum samples collected within 2 days of rash onset in 2008 and 2009 (Sample labels: 102, 103 and 300).

This study shows that sporadic cases of measles can be caused by different strains. MeV genotype D6 strains that mostly detected in European region circulated also in Mongolia in 2006. But, H1 genotype described previously in China and Mongolia has caused sporadic cases during the years of 2008 and 2009.

3.13. Molecular Epidemiology of Mumps Virus Infection Registered in Umnugovi Province

R.Tuul¹, D. Otgonbayar¹, U.Naranchimeg¹,
P.Nymadawa¹, W. Lim², G.Woo², Y. Jee³

¹National Center for Communicable Diseases, Mongolia,

²Public Health Laboratory Center, Hong Kong, China,

³World Health Organization, WPRO

Although MMR vaccine introduced in Mongolia since September 2009, mumps viruses (MuV) are still circulating among population of this country. An outbreak of mumps has been registered in Gurvan-tes soum of Umnugovi province in March 2011.

This study aims to clarify the molecular epidemiology of MuV infections in Umnugovi province, Mongolia. A total of 51 specimens, including 18 serum samples, 15 throat swabs and 18 urine samples were collected from 18 mumps patients hospitalized in infectious disease wards of the Gurvan-tes soum and general hospital of Umnugovi province, and were stored at -70°C until use. All 18 serum samples were tested for the presence of mumps specific IgM antibody using commercial enzyme immunoassays (Novatech, Germany) and 10 samples were positive. Total RNA was extracted from original specimen using QIAamp Viral RNA Kit (Qiagen, Hilden, Germany) according to the manufacturer's instructions. Nested PCR amplification of a 639 bp fragment encompassing the entire small hydrophobic (SH) gene was done with 2 sets of primers. Primers SH1 (5'-AGTAGT-

GTCGATGATCTCAT-3') and SH2R (5'-GCTCAAGCCT-TGATCATTGA-3') were used for the first-round RT-PCR, and SH3 (5'-GTCGATGATCTCATCAGGTAC-3') and SH4R (5'-AGCTCACCTAAAGTGACAAT-3') were used for the nested PCR. All PCR reactions were performed using a GeneAmp 9700 PCR system thermocycler (Applied Biosystems, Foster City, CA). Positive PCR products were purified with QIA quick PCR Product Purification Kit (Qiagen, Germany). The purified products were then sequenced using primers SH1 and SH2R together with the ABI PRISM Big Dye Terminator cycle sequencing kit, followed by analysis with ABI PRISM 3100/3130xl DNA sequencer (Applied Biosystems). The nucleotide sequences were analyzed by using BioEdit (version 7.0.5.3), SIMMONIC (version 1.5), and MEGA (version 4.1 beta). The phylogenetic tree was drawn based on 316 bp of SH gene, using the neighbor-joining method (1,000 bootstraps) with MEGA (version 4.1 beta).

Of 51 clinical specimens, 4 throat swabs were positive for MuV RNA by RT-PCR assay. The phylogenetic tree analysis based on 316 bp of the SH gene showed all four strains sharing identical sequences and belonged to genotype F. This study confirms that the outbreak of mumps virus infection in Umnugovi province was caused by genotype F strain.

3.14. Rubella Virus Genotypes Circulating in Mongolia

R.Tuul¹, D. Otgonbayar¹, U.Naranchimeg¹,
P.Nymadawa¹, W. Lim², G.Woo², Y. Jee³

¹National Center for Communicable Diseases, Mongolia,

²Public Health Laboratory Center, Hong Kong, China,

³World Health Organization, WPRO

Combined measles, mumps and rubella (MMR) vaccination was introduced for all children at nine months of age in Mongolia in 2009. However, the sporadic cases of rubella are still being registered in this country.

The current study aimed at identifying the genotypes of RuV circulating in Mongolia. There were investigated 109 serum samples collected from patients with rubella between the years 2008–2010 in National measles laboratory, Mongolia. All serum samples were tested for the presence of rubella specific IgM antibody using commercial enzyme immunoassays (Dade Behring Enzygnost/Siemens, Marburg, Germany). Total RNA was extracted from original specimen using QIAamp Viral RNA Kit (Qiagen, Hilden, Germany) according to the manufacturer's instructions. RNA was added to the first-round RT-PCR and amplified using Qiagen One Step RT-PCR kit. Three sets of overlapping nested RT-PCR primers

covering the 739 bp genotyping window of E1 gene required by WHO were used. All PCR reactions were performed using a GeneAmp 9700 PCR system thermocycler (Applied Biosystems, Foster City, CA). Positive PCR products were purified with QIA quick PCR Product Purification Kit (Qiagen, Germany). The purified products were then sequenced using PCR primers together with the ABI PRISM Big Dye Terminator cycle sequencing kit, followed by analysis with ABI PRISM 3100/3130xl DNA sequencer (Applied Biosystems). Sequence analysis was performed by using BioEdit (version 7.0.5.3), SIMMONIC (version 1.5), and MEGA (version 4.1 beta). The phylogenetic tree was constructed using the neighbor-joining method (1,000 bootstraps) in MEGA (version 4.1 beta) with partial sequences (<739 bp) of the genotyping window.

Rubella virus strains of genotype 1E were detected in 4 serum samples collected within 2 days of rash onset in 2009-2010 (Sample labels: 20, 40, 39 and 50), based on the partial sequences obtained.

The current study confirmed that genotype 1E of rubella virus is in active circulation among population of Mongolia. The results of this study showed that molecular assays are important tools in early diagnosis of rubella and laboratory test confirmation.

3.15. Parvovirus B19 Infection Outbreak Registered for the First Time in Mongolia

R.Tuul¹, D. Otgonbayar¹, U.Naranchimeg¹,
P.Nymadawa¹, S.Nakajima²

¹National Center for Communicable Diseases, Mongolia,

²Department of virology, Nagoya City University, Japan

Erythema infection, also known as fifth disease or "slapped-cheek" disease, most commonly affects children between the ages of four and 10 years and is the most recognizable illness associated with parvovirus B19 infection. Although the clinical features of erythema infectiosum have been recognized for almost two centuries, not until the early 1980s was the link between this exanthem and parvovirus B19 established. It is now known that parvovirus B19 is the only etiologic agent of erythema infectiosum. The first parvovirus B19 infection outbreak in Mongolia was registered in April 2005, in Baganuur district, Ulaanbaatar city.

The purpose of this study was to analyze the usefulness of PCR in the rapid diagnosis of Erythema infectiosum cases. The detailed information on the agent that caused the first parvovirus B19 infection outbreak in Mongolia is very important for historical review.

Twenty two serum samples were collected from patients during the rash and fever disease outbreak in Baganuur district. All serum samples were tested for the presence of measles specific IgM antibody and rubella specific IgM antibody using commercial enzyme immunoassays (Dade Behring Enzygnost/Siemens, Marburg, Germany) respectively and all results were negative for these two infections. We performed PCR assays for the presence of genomic sequences from enteroviruses and human parvovirus B19 in these specimens. Both DNA and RNA were extracted from 50 µl of original specimen using Isogen-LS (Nippon gene, Japan). Common primers at VP4 and VP2 regions of enterovirus (EVP4F: 5'>CTACTTTGGGTGTCCGTGTT (551-570) and OL68-1R: 5'>GGTA AYTCCACCACCANCC (1197-1178) were used for the detection of enterovirus genome. For the human parvovirus B19 genome analysis there were used new primers constructed at NS1 and VP1 regions (B19-2612F: 5'>GCTTT GTAGATTATGAGTAA (2612-2631) and B19-2894R: 5'>GGTGGTCAGATA ACTGTCCA (2894-2875), where N: /C/G/T, Y: C/T. PCR products were purified using QIA quick PCR Purification Kit (Quiagen, Germany). The purified PCR products were sequenced Capillary SEQ 3100 (Applied Biosystems).

Four serum samples had positive bands in PCR for human parvovirus B19 at about 300 bp. All these serum samples had been collected seven to thirteen days before onset of the rash. Nucleotide sequences of 243 bases from 2632 to 2874 at VP1 region were determined. Four strains had the same nucleotide sequences and differed in six nucleotides and three amino acids compared to that of parvovirus B19 cl TW-9 reported by Hsu et al. (J Gastroenterol Hepatol 20, 733-738, 2005). This study confirms that the first outbreak of Erythema infectiosum in Mongolia was caused by human parvovirus B19. Our results emphasize the importance of modern molecular biologic methods in differential diagnosis of rash and fever diseases.

3.16. Tumor-specific T cells and epitopes in cutaneous T cell lymphoma

Sh.Tumenjargal¹, Ansgar Lukowsky¹, Sylke Gellrich², Wolfram Sterry² and Peter Walden²

¹Mongolian Agricultural University, School of Veterinary Medicine and Biotechnology, Department of Microbiology and infectious diseases

² Clinical research group "Tumorimmunology" Charite - University Medicine, Humboldt University, Germany

The identification of tumor-associated T cell epitopes (TATE) in cutaneous T cell lymphoma (CTCL) and the characterization of the tumor-specific cytolytic immune responses against the tumor are the major challenges

of our research study. Two tumor-specific T cell clones were established from the tumor-infiltrating lymphocytes (TIL) of a CTCL patient. The potential natural epitopes and synthetic epitopes (mimotope) for these T cell clones were identified using a combinatorial peptide library. Mimotope peptides are synthesized and tested for the higher T cell stimulating capacity (functional avidity, cytotoxicity, cytokine release). Some of the mimotopes were chosen for therapeutic vaccination in CTCL-patients. The frequency of the mimotope-specific T cells increased during the first cycles of the vaccine and their tumoricidal capacity demonstrated in vitro. The anti-tumor immune responses correlated also with clinical appearance of the tumor-lesions. The identification of TATE allowed further characterization of the tumor-specific T cells in the periphery and at the tumor site of the patient.

The tumor-specific T cells isolated from the tumor nodule during the disease progression state failed to show effector functions in comparison to the tumor-specific T cells in the periphery. This cells had the effector memory phenotype but expressed none or less amount of the cytolytic effector molecules.

3.17. Mongolian marmot as animal model for study molecular mechanisms of hepatocellular carcinoma

D.Suvd¹, H.Tserensuren¹, D.Batjav², H.Tsatsral¹, E.Zolzaya², S.Tsoodol¹, L.Tumurkhuu¹, A.Ariunaa¹, D.Otgonbaatar², J.Oyunbileg¹

¹Public Health Institute,

²National Center for Infectious Diseases with Natural Foci, Mongolia

96.4% of an etiology for Hepatocellular Carcinoma in Mongolian population have been determined as due to virus infection. Also 73.4% of the patients with the liver carcinoma had infected Hepatitis B virus (J.Oyunbileg, 1996). It is demonstrates that the hepatocellular carcinoma were induced by chronic B hepatitis. Therefore, we aimed to propose an animal model on study of the molecular mechanisms of hepatocellular carcinoma that induced as an infection of HBV, and Mongolian Marmot Hepadnavirus (MMHV) and test a drug and medical preparations for treatment of chronic hepatitis.

Marmots blood and liver samples from marmots in the wild were gathered from plaque free area, and maintained in laboratory conditions. Serum and liver samples were further screened for Mongolian marmot hepatitis viral infection with human HBV. PCR based diagnostic kit (Russia). Healthy, free of MMHV animals were subjected to intramuscular infection with the serum containing MMHV in laboratory conditions. Infection course were monitored for elevation of MMHV expression level in blood by PCR during 5 months.

16 samples (21%) out of 76 liver and 42 serum samples collected from the wild were positive for MMHV infection. 2 out of 4 captured woodchucks ceased from the injuries acquired during capturing with fall-trap, while 2 woodchucks adapted well to laboratory conditions and were used in experiments. Infection of two healthy marmots resulted in acute viral hepatitis; the course of infection coheres with the results of similar experiments conducted at the Cornell University, Ithaki, NY.

Basing on the knowledge of international scientists in this field and the results of our previous and present studies we developed our Mongolian marmot-MMHV model composed of infective to healthy Mongolian marmot MMHV, methods for keeping woodchuck in laboratory conditions, methods for infection with MMHV and monitoring chronic infection and induced with it liver cell regulation disorder resulted in HCC. Basing on the knowledge of international scientists in this field and the results of our previous and present studies we developed Mongolian marmots-MMHV model composed of infective to healthy Mongolia woodchuck MWHV, methods for keeping woodchuck in laboratory conditions, methods for infection with MWHV and monitoring chronic infection and induced with it liver cell regulation disorder resulted in HCC.

3.18. Mumps outbreak in Umnugovi province in 2011 and mumps risk assessment

J.Selenge¹, I.Munkhjargal¹, A.Ambaselmaa², R.Tuul², P.Delgermaa², S.Amarzaya², J.Baigalmaa², B.Byambajav³

¹ *Mongolian Field Epidemiology Training Programme*

² *National Center for Communicable Diseases*

³ *Health Department, Umnugovi province*

Mumps outbreak were registered in Umnugovi province in March 2011. We carried out an investigation in order to confirm clinical diagnosis, determine the existence of the outbreak and assess the risk of further spreading of mumps infection to the rest of the country. There were checked existing line-list and medical records of soum hospital, conducted face to face interview with all probable cases and their close contacts, teachers and doctors of Gurvan tes soum, Umnugovi province. For confirmatory testing collected clinical specimens from 18 patients. We reviewed historical data of mumps surveillance and other data in combination with current outbreak data.

We found that 153 people met the case definition

of mumps in Gurvantes soum of Umnugovi province. There was no case among <1 year old and highest attack rate was among children in 5–14 year age group and there was no difference in the incidences between male and female. Twenty-four patients (15.6%) were hospitalized and 9 (6%) cases reported with complications with meningitis, orchitis and pancreatitis. Ninety-four cases (72.3%) had contact with a case at school or kindergarten and 17 (13%) cases secondary spread to family members, 2 (1.5%) cases with relatives, and 16 (12.3%) had not identified exposures. Ten cases (6.5%) were confirmed by the laboratory. Epidemiologic curve suggested, single index case is the source of outbreak, within 3 month-time, outbreak peaked and 4 generation of patients occurred. The risk assessment indicated that Mongolia had mumps outbreaks every 2–5 years, mostly outbreaks occurred locally, and in January-May. Measles-Mumps-Rubella (MMR) vaccine has been introduced into routine immunization among children under two years old since 2009. Thus, we confirmed the mumps outbreak which was the first ever outbreak with a high number of cases after the MMR vaccine introduction. However, no cases occurred among the vaccinated children. Risk of further spreading to the rest of the country was low.

3.19. Laboratory studies AFP surveillance in Mongolia 2009-2011

P.Suvd, Z.Sainjargal, Ts.Tseveensuren
Public Health Institute, Biotechnology Production,
Research and Training Centre

In frames of the study work to control virus circulation after eradication of poliomyelitis we have carried out during 2009-2011 virological tests of AFP cases and faeces of 0-5 years healthy children both in Ulaanbaatar and in rural area in laboratory condition. Viral test was carried out in the culture of RD-A and L20B cell line by manual for polio laboratory that is published by WHO.

We detected 6 nonpolioenterovirus (2 CoxA9, 4 Echo-4) strains of 62 AFP cases.

Out of the total of 528 tests we have identified 7(1.02%) OPV related poliovirus Sabin strain and 65(12.3%) of nonpolio-enterovirus strains. Among them were 6(9.2%)Echo-25; 8(12.3%) Echo-14; 7 (10.7%) Echo- 6; 3(4.6%) CoxB; 5(7,6%) Echo-30; 4(6.1%) Cox A9; 4(6.1%) Echo-4; 2(3.0%) Echo-12; 28(43%) nonpolio-enterovirus strains.

3.20. Results of laboratory analysis of eye disease, infection adenovirus

*Ts.Tseveensuren¹, Ts.Enkhmaa², Z.Sainjargal¹,
B.Sainchimeg¹, D.Lkhavgadolgor²*
*¹Public Health Institute,
²State Central Clinical Hospital*

Eye disease caused by adenovirus occupy a large part among the other infectious diseases caused by virus being registered among the population. In our country annually about 11850 patients visited the ophthalmology cabinet of the State Central Clinical Hospital, and from them 1290 cases or 10.89% were diagnosed to have viral infections, including 95% were sick of adenovirus infection, 3.7% had a herpes virus infection, 1.3% infection of other species respectively. We aimed to diagnose eye disease caused by adenovirus infection using the laboratory method. In the research 50 patients aged 18-55 who visited the ophthalmology cabinet of the State Central Clinical Hospital and diagnosed that they were infected with adenovirus were involved. We took the samples from the sediment from eye mucosa, blood, and excrements of the patients and analyzed them using the method of polymerases chain reaction to reveal adenovirus. Totally 50 samples are subjected to the laboratory test and subsequently adenovirus was detected in 43 samples or 86%. Including, adenovirus is detected in 14 samples (or 93%) from 15 samples taken from eye sediment; in 12(80%), from 15 blood samples; in 17(85%) –from 20 samples from excrement respectively. According to age classification: 16(80%) person from 20 people aged 18-30, 13(86.6%) from 15 patients aged 31-40, 14(93.3%) person from 15 people aged 41-50 were infected with adenovirus.

As shown the research result the level of eye disease cases caused by adenovirus is relatively high among the population of our country. In most cases adenovirus is detected in eye sediment or in 93%, which shows that

it is most appropriate to take samples in sediment of eye for laboratory analyze to identify viruses. Also it is assumed that people aged 41-50 are mostly subjected to adenovirus. Diagnosing adenovirus using laboratory method is significant for identifying at the latent period and prove the diagnose.

3.21. Identification of Herpes simplex-1 and 2 IgM in patients using ELISA

D. Enkhsaikhan, Ch. Erdenechimeg, J. Baigalmaa
National Center for Communicable Diseases

Herpes simplex virus infection is commonly spread worldwide. In Mongolia, from 1996 sero-studies to identify virus stain of herpes virus has been undertaken. According Ch. Erdenechimeg (2001), herpes simplex was diagnosed in 78.6% of 607 patients enrolled in the study and it was identified that 76,5% of the diagnosed patients were infected with herpes simplex virus 2 (HSV2). This indicates that herpes infection is commonly spread in the population.

Study participants were selected randomly from the clients of HIV, STI department of the National Center for Communicable Diseases. Total of 230 clients were recruited and serum of the clients were obtained. Serum were tested for HSV 1 and 2 IgM using reagent NovaL-isaTM Herpes Simplex Virus 1+2 (HSV) IgM-ELISA.

No clinical signs were presented in 230 study participants. The participants were age of 18-42 years. HSV 1 and 2 IgM were positive in 18,7 % (43) of all participants in serologic testing. This indicates presence of asymptomatic herpes simplex virus infection in the participants.

In 18,7 % of study participants, HSV 1 and 2 IgM positive and herpes simplex virus presented asymptomatic infection in these patients.



ШИНЖИЛГЭЭ СУДАЛГАА

Мультиплекс бх-ПГУ болон R-Mix хибрид эсийн өсгөвөрийн аргаар амьсгалын замын вирусүүдийг илрүүлсэн дүн

Ч.Майцэцэг¹, Н.Баясгалан¹, С.Цацрал¹, Б.Дармаа¹, П.Нямдаваа^{1,2}
Халдварт өвчин судлалын үндэсний төв, Вирус судлалын лаборатори¹
Монголын анагаах ухааны академи²

Монгол улсад 2003-2007 онд бүртгэгдсэн ТТӨ оноштой өвчтөнүүдээс цуглуулсан эмнэлзүйн 7073 сорьсны 691(6.8%)-д л томуугийн вирус илэрсэн байна [1]. Нүклейн хүчилд суурьласан арга хэрэглэснээр томуугийн вирусийн илрэлт 20-25% хүртэл нэмэгддэг тул ДЭМБ 2009 оноос энэ аргыг өдөр тутмын оношлогоонд ашиглаж эхлэхийг ТҮТ-үүдэд зөвлөмж болгосон билээ (ДЭМБ). Гэвч ТТӨ үүсгэгчийн 70-80% нь тодорхой бус байсаар байгаа бөгөөд судлаачид түргэвчилсэн оношлолын олон аргуудыг туршин хэрэглэсэн боловч тулхтай үр дүнд хүрч чадахгүй байгаа юм.

Харин сүүлийн үед олон төрлийн вирусийг нэгэн зэрэг илрүүлэх ПГУ-ын (мультиплекс бх-ПГУ) аргыг энэ зорилгоор хэрэглэж буй нь судлаачдын анхаарлыг татаж байна. Тухайлбал J.Mahony, S.Chong, F.Merante нар 20 төрлийн амьсгалын замын үүсгэгч илрүүлэх боломжтой ПГУ-ын аргыг туршин 294 хамарзалгиурын арчдасанд судалгаа хийж үзэхэд уг арга нь дархан туяаралт бичил харуурын арга болон эсийн өсгөврөөс илүү мэдрэг төдийгүй клиникийн лабораторид уламжлалт аргуудаар илрүүлэх боломжгүй амьсгалын замын өвчин үүсгэгчийг 43%-аар нэмж илрүүлж байна гэдгийг тогтоосон байна [2].

Манай лабораторид ТТӨ оноштой өвчтөнөөс авсан хадгалагдаж буй (архивын) сорьцонд үүсгэгчийн бүрэлдэхүүнийг тодорхойлох шинжилгээг мультиплекс бх-ПГУ-аар тодорхойлж туршсан С.Цацрал нарын судалгаагаар уг аргыг хэрэглэснээр ТТӨ-тэй хүний амьсгалын замын сорьсны 40-70%-д нь үүсгэгчийг илрүүлэх боломжтой [3] гэсэн нааштай үр дүнд гарсанд үндэслэн энэ аргыг ТТӨ-ний вирус судлалын байнгын тандалтанд нэвтрүүлэх бололцоог турших зорилгоор бид энэ судалгааг хийсэн юм.

Материал, арга зүй:

Эмнэлзүйн сорьц: 2010 оны 10 дугаар сараас 2011 оны 7 дугаар сарыг дуустал хугацаанд томуугийн харуулдан тандалтын нэгжүүдээс (ТХТН) цуглуулсан, бх-ПГУ-ын аргаар шинжлэхэд томуугийн вирус илрээгүй 661 хамар, залгиурын арчдасыг эмнэлзүйн сорьц болгон авч шинжлэгдэхүүнийг 4°C-ын температурт хамгийн удаандаа 24 цаг (шинжилгээний явцад), уг шинжилгээг хийх хүртэл -70°C-д хадгалав.

Сорьцнуудаас нийт нүклейн хүчлийг ExiPerp™ (Bioneer, Korea) автомат ялгагч ашиглан ялгав.

I хэсэг: Мультиплекс бх-ПГУ-ын арга ашиглан амьсгалын замын вирус илрүүлэх: Люксембургийн Fast Track Diagnostics пүүсийн амьсгалын замын өвчин үүсгэгч (томуугийн А ба В вирус, цар тахалын А(H1N1) вирус, иж томуу 1, 2, 3, 4 вирус, риновирус, коронавирус (NL63, OC43, 229E, HKU1), амьсгалын замын синциталь вирус, хүний метапневмовирус, аденовирус, бокавирус, энтеровирус, парэховирус болон Mycoplasma pneumonia) илрүүлэх шинжилгээг мультиплекс ПГУ-ын аргыг ашиглан үйлдвэрлэгчийн зааврын дагуу Applied Biosystems-ийн Fast Real-Time PCR System 7500 машинаар хийж гүйцэтгэв.

Урвалын нийт холимог 25 мкл: 1 мкл '25x RT PCR enzyme mix', 12.5 мкл '2xRT PCR buffer' (AgPath-ID One-Step RT-PCR Kit), 1.5 мкл PP mix (FTD respiratory pathogens 21 kit) байв.

ПГУ-ын программ: Реверс транскрипцын шат 50°C-д 15 мин, денатурац 95°C-д 10 мин, нийт 40 цикл 95°C-д 8 сек, 60°C-д 34 сек урвал явагдана.

II хэсэг: ДТБХ-ын аргаар ТТӨ үүсгэгч вирус илрүүлэх: 2010 оны 10 дугаар сараас 2011 оны 4 дүгээр сарыг дуустал хугацаанд томуугийн харуулдан тандалтын нэгжүүдээс (ТХТН) цуглуулсан 274 сорьцонд "DIAGNOSTIC HYBRIDS" пүүсийн хурдавчилсан R-Mix эсийн өсгөвөр болон амьсгалын замын вирус илрүүлэх оношлуурын цомгийг ашиглан ДТБХ-ын аргаар ТТӨ үүсгэгч вирус илрүүлэх шинжилгээг үйлдвэрлэгчийн зааврын дагуу хийв.

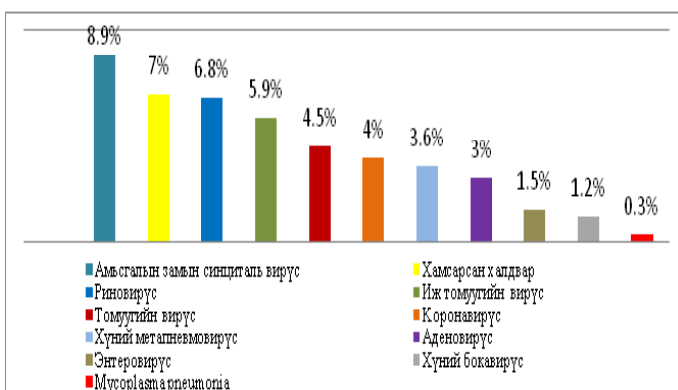
Үндсэн зарчим: R-mix хибрид эсийн өсгөвөрт сорьцоо халдааж 24-72 цаг өсгөвөрлөсний дараа 'DFA respiratory virus screening reagent' ашиглан будаж флюоресцент микроскопоор харж үр дүнд тодорхойлно.

Судалгааны үр дүн:

I хэсэг: Судалгаанд 661 эмнэлзүйн сорьцыг шинжлэгдэхүүн болгон авч нүклейн хүчлийг ExiPerp™ (Bioneer, Korea) автомат ялгагчаар ялган Applied Biosystems-ийн Fast Real-Time PCR System 7500 машинаар оношлогоог хийж гүйцэтгэв. Нийт 661 сорьсны [хүйсийн харьцаа эр/эм=321/340; дундаж нас 10 нас; насны хязгаар 0.2-78 нас] 310(46.9%)-д нь 19 үүсгэгч эерэг тодорхойлогдсон байна. (Хүснэгт 1)

Мультиплекс бх-ПГУ-аар илрүүлсэн ТТӨ-ний үүсгэгчийн бүрэлдэхүүн

Үүсгэгчийн төрөл	Илрэлт		Хүйсийн харьцаа эр/эм	Дундаж нас
	тоо	%		
Амьсгалын замын синциталь вирус	59	8.9	31/28	2.3
Хамсарсан халдвар	46	7	20/26	5.4
Риновирус	45	6.8	23/22	9.1
Иж томуугийн вирус	39	5.9	19/20	5.1
I хэвшинж	3	7.7	1/2	5.6
II хэвшинж	1	2.6		
III хэвшинж	25	64	12/13	6.2
IV хэвшинж	10	26	5/5	2.3
Томуугийн вирус	30	4.5	16/14	6.8
A(H1N1)Pnd	6	20	4/2	1.3
Коронавирус	27	4	12/15	13
229E	5	18.5	3/2	16
NL63	3	11	2/1	1.3
OC43	12	44	4/8	19.9
HKU1	7	26	2/5	4.1
Хүний метапневмовирус	24	3.6	12/12	2.7
Аденовирус	20	3	12/8	4.6
Энтеровирус	10	1.5	7/3	3.5
Хүний бокавирус	8	1.2	1/7	11.5
<i>Mycoplasma pneumonia</i>	2	0.3	1/1	3
Эерэг	310	46,9	155/155	5,9
Сөрөг	351	53,1	166/185	14,1
Нийт сорьц	661	100	321/340	10

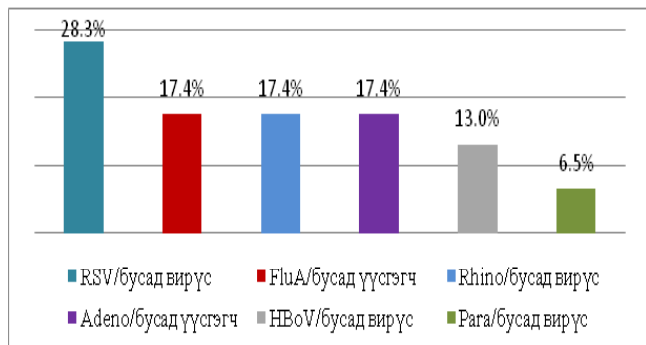


Зураг 1. 2010 оны 10-р сараас 2011 оны 07-р сар хүртэл хугацаанд цуглуулсан сорьцноос илрүүлсэн үүсгэгчийн эзлэх хувь

2010/2011 оны томуугийн улирлын туршид амьсгалын замын синциталь вирус, риновирус, иж томуугийн вирус давамгайлсан тохиолдсон байна. Амьсгалын замын синциталь вирус, хүний метапневмовирус, иж томуугийн вирус, аденовирус болон *Mycoplasma pneumonia* нь бага насны хүүхдэд; риновирус, томуугийн А вирус, коронавирус, хүний бокавирус нь сургуулийн насны хүүхдэд голчлон амьсгалын замын өвчин үүсгэж байгаа зураглал ажиглагдаж байна. Судалгааны үр дүнгээс харахад амьсгалын замын өвчин үүсгэгчид нь наснаас хамааралтайгаар өвчлөл үүсгэж байна. ($P < .0001$)

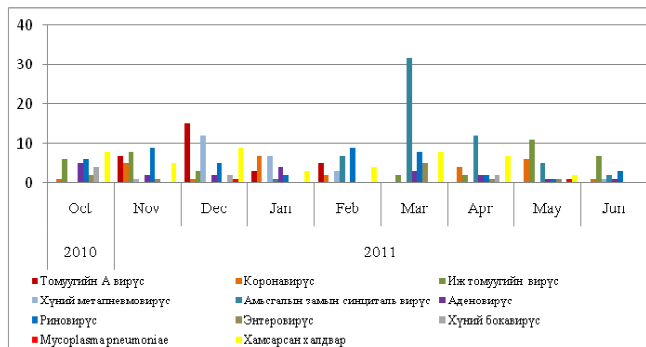
Мультиплекс бх-ПГУ-ын арга нь эмнэлзүйн нэг сорьцон дахь үүсгэгчидийн хамсарсан халдварыг нэг цаг үед илрүүлэх боломжтой юм. Манай судалгаанд авсан нийт сорьцны 7% нь 2 үүсгэгчээр хам халдварласан байна. Үүний 28.3% нь амьсгалын замын синциталь вирус бусад вирусгүй, 17.4% нь томуугийн

А вирус бусад үүсгэгчтэй, 17.4% нь риновирус бусад вирусгүй, 17.4% нь аденовирус бусад үүсгэгчтэй, 13% нь хүний бокавирус бусад вирусгүй, 6.5% нь иж томуугийн вирус коронавирүс, энтеровирүстэй хамсарсан халдвар үүсгэснээс голчлон риновирус нь хүний бокавирусгүй; хүний метапневмовирус нь аденовирусгүй; амьсгалын замын синциталь вирус нь риновирус, иж томуугийн вирус 3-р хэвшинж, аденовирусгүй хам халдварлаж байгаа зүй тогтол харагдав. (Зураг-2)



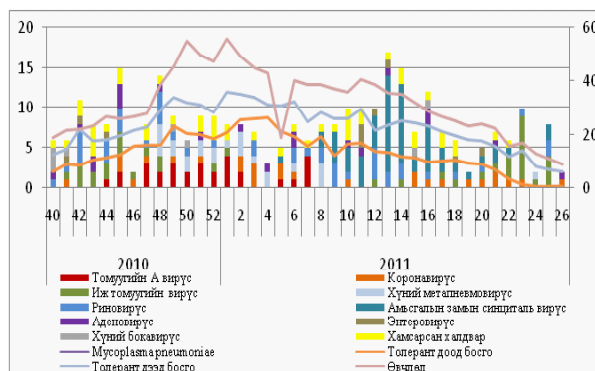
Зураг 2. 2010 оны 10-р сараас 2011 оны 07-р сар хүртэл хугацаанд цуглуулсан сорьсноос илрүүлсэн вирусийн хамсарсан халдвар

Амьсгалын замын өвчин үүсгэгч вирусүүд болох томуугийн А вирус, коронавирүс, иж томуугийн вирус, хүний метапневмовирус нь өвлийн саруудад; амьсгалын замын синциталь вирус нь хаврын сар, зуны эхний сард; аденовирус, риновирус нь жилийн туршид; энтеровирус хаврын саруудад эргэлтэнд байсан зураглал харагдаж байна. (Зураг-3)



Зураг 3. 2010 оны 10-р сараас 2011 оны 07-р сар хүртэл хугацаанд дахь амьсгалын замын өвчин үүсгэгчийн хөдлөлзүй

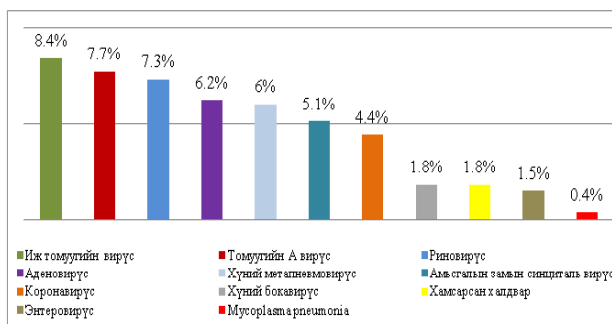
Дүнг нэгтгэн үзвэл 2010 оны 40-43 дугаар долоо хоногт иж томуугийн вирус, риновирус, аденовирус; 2010 оны 44 дүгээр долоо хоногтоос 2011 оны 5 дугаар долоо хоногт томуугийн дэгдэлттэй зэрэгцэн коронавирүс, метапневмовирус; 2011 оны 6-18 дугаар долоо хоногт амьсгалын замын синциталь вирус, риновирус; 2011 оны 19-26 дугаар долоо хоногт иж томуугийн вирус, амьсгалын замын синциталь вирус давамгайлсан тохиолдсон байна. (Зураг-4)



Зураг 4. Монгол улсад 2010-2011 онд бүртгэгдсэн өвчлөлтэй харьцуулсан байдал

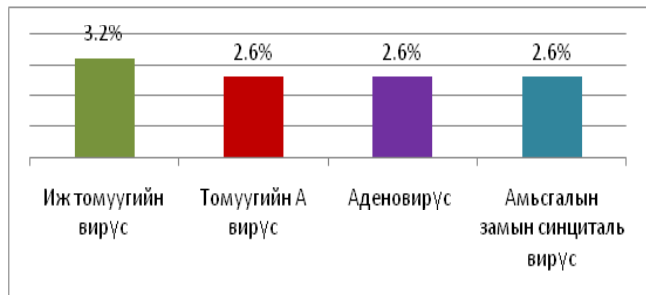
II хэсэг: Нийт цуглуулсан 661 эмнэлзүйн сорьсноос 2010 оны 10 дугаар сараас 2011 оны 4 дүгээр сар хүртэлх хугацааны 274 сорьсонд амьсгалын замын өвчин үүсгэгчийг мультиплекс бх-ПГУ-ын арга болон R-mix хибрид эсийн өсгөврийн арга ашиглан илрүүлж тус хоёр аргын мэдрэг болон өвөрмөц чанарыг харьцуулж үзлээ.

I бүлэг: Мультиплекс бх-ПГУ-ын аргаар нийт 274 эмнэлзүйн сорьсонд үүсгэгч үзэхэд [хүйсийн харьцаа эр/эм=116/158; дундаж нас 10 нас; насны хязгаар 0.2-73 нас] 137(50%) сорьсонд 13 үүсгэгч эерэг тодорхойлогдсон байна. Үүнд 21(7.7%) нь томуугийн А вирус, 17(6.2%) нь аденовирус, 14(5.1%) нь амьсгалын замын синциталь вирус, 23(8.4%) нь иж томуугийн вирус, 12(4.4%) нь коронавирүс, 4(1.5%) нь энтеровирус, 5(1.8%) нь хүний бокавирус, 15(6.0%) нь хүний метапневмовирус, 1(0.4%) нь Mucorplasma pneumonia, 20(7.3%) нь риновирус, 5(1.8%) нь хамсарсан халдвар тус тус байлаа. (Зураг-5)



Зураг 5. Мультиплекс бх-ПГУ-ын аргаар илэрсэн үүсгэгч

II бүлэг: R-mix хибрид эсийн өсгөвөрийн аргаар нийт 274 эмнэлзүйн сорьсонд амьсгалын замын өвчин үүсгэгч 4 төрлийн 7 хэвшинжийн вирус үзэхэд [хүйсийн харьцаа эр/эм=116/158; дундаж нас 10 нас; насны хязгаар 0.2-73 нас] 30(11%) сорьсонд амьсгалын замын өвчин үүсгэгч 4 төрлийн вирус эерэг тодорхойлогдсон байна. Үүнд 7(2.6%) нь томуугийн А вирус, 7(2.6%) нь аденовирус, 7(2.6%) нь амьсгалын замын синциталь вирус, 9(3.2%) нь иж томуугийн вирус байлаа. (Зураг-6)



Зураг-6. R-mix хибрид эсийн өсгөвөрийн аргаар илэрсэн вирус

Оношлогооны аргуудын харьцуулалт: Судалгааны материал болох 274 шинжлэгдэхүүнд амьсгалын замын өвчин үүсгэгч 4 төрлийн 7 хэвшинжийн вирусийг R-Mix хибрид эсийн өсгөвөрт тодорхойлсон үр дүнг мультиплекс бх-ПГУ-ын аргаар тодорхойлсон үр дүнтэй харьцуулахад дараах үзүүлэлттэй байна. (Хүснэгт 2)

Хүснэгт 2

ТТӨ үүсгэгч вирус	R-Mix эсийн өсгөвөр	Мультиплекс бх-ПГУ
Томуугийн А вирус	7	21
Томуугийн В вирус	0	0
Амьсгалын замын синцираль вирус	7	14
Аденовирус	7	17
Иж томуугийн вирус 1	0	2
Иж томуугийн вирус 2	0	0
Иж томуугийн вирус 3	9	19
Эерэг	30 (11%)	73 (26.6%)
Сөрөг	244(89%)	201(73.4%)
Нийт сорьц	274(100%)	274(100%)

R-Mix эсийн өсгөвөрт өсгөвөрлөгдсөн үр дүнг мультиплекс бх-ПГУ-н үр дүнтэй харьцуулсан байдал

R-mix хибрид эсийн өсгөвөрт өсгөвөрлөн ДТБХ-ын аргаар тодорхойлсон үр дүнг мультиплекс бх-ПГУ-ын аргаар тодорхойлсон үр дүнтэй харьцуулсан хүснэгтээс харахад томуугийн А хүрээний вирус 33.3%, амьсгалын замын синцираль вирус 50%, аденовирус 41.2%, иж томуугийн вирус 3-р хэвшинж 47% тус тус тохирч байна. Харин иж томуугийн 1-р хэвшинжийн вирусийн хувьд R-Mix эсийн өсгөвөрт өсгөвөрлөгдсөн үр дүн нь мультиплекс бх-ПГУ-ын аргаар тодорхойлсон үр дүнтэй нийцэхгүй байна. Мультиплекс бх-ПГУ-ын мэдрэг болон өвөрмөц чанар, эерэг болон сөрөг үр дүнгийн үзүүлэлтийг 100% гэж тооцвол R-mix хибрид эсийн өсгөвөрийн хувьд мэдрэг чанар нь 41%, өвөрмөц чанар нь 100%, эерэг үр дүнгийн үзүүлэлт 100%, сөрөг үр дүнгийн үзүүлэлт 82% байна. Мультиплекс бх-ПГУ-ын арга нь R-mix хибрид эсийн өсгөвөрийн аргаас үүсгэгч илрүүлэх чадварын хувьд давуу байна гэсэн дүгнэлтийн үнэн магадтай эсэхийг статистикийн Хи-квадрат (X²) -ын шалгуураар шалгаж үзэхэд $p=0,001$ буюу 99.9%-ийн үнэн магадтай байна.

Хэлцэмж:

Судалгааны I хэсэгт бид ТТӨ гэж оношлогдсон

эмнэлзүйн сорьцонд амьсгалын замын өвчин үүсгэгчид болох томуугийн А вирус, цар тахалын А(H1N1) вирус, иж томуу 1, 2, 3, 4 вирус, риновирус, коронавирус (NL63, OC43, 229E, HCU1), амьсгалын замын синцираль вирус, хүний метапневмовирус, аденовирус, бокавирус, энтеровирус, болон Mycoplasma pneumonia-г мультиплекс бх-ПГУ-ын аргаар илрүүлээ. Судалгааны үр дүнг харахад 2010/2011 оны томуугийн улирлын туршид манай оронд тогтмол 5-9 төрлийн үүсгэгч нэг цаг хугацаанд зэрэгцэн эргэлтэнд байсан бөгөөд амьсгалын замын синцираль вирус, риновирус, иж томуугийн вирус давамгайлсан тохиолдсон байна. Бидний өмнө нь хийсэн эргэмж судалгаагаар 2008/2009 оны томуугийн улиралын туршид риновирус, иж томуугийн вирус, бокавирус давамгайлсан тохиолдож байсан [3] нь манай энэ удаагийн судалгааны үр дүнтэй ерөнхийдөө тохирч байна. Мөн бидэнтэй төстэй судалгаа хийсэн зарим орны судлаачдын үр дүнтэй манай үр дүн ойролцоо гарч байна. Тухайлбал Хонг Конгд амьсгалын замын өвчний улмаас эмнэлэгт хэвтэн эмчлүүлсэн хүүхдүүдээс 12 сарын хугацаанд цуглуулсан 475 сорьцонд мультиплекс ПГУ-ын аргаар 20 амьсгалын

замын өвчин үүсгэгч илрүүлсэн судалгааны үр дүнгээр 47% нь эерэг үр дүнтэй байснаас томуу, иж томуугийн вирус болон амьсгалын замын синциталь вирус 51%-ийг нь эзэлж байсан [4] бол Германд хийгдсэн судалгаанд 1995 оны 11-р сараас 1998 оны 4-р сар хүртэлх хугацаанд цуглуулсан сорьцоос амьсгалын замын өвчин үүсгэгч илрүүлэхэд 395(35%) нь эерэг тодорхойлогдсон ба илэрсэн үүсгэгчийн 37.5% нь амьсгалын замын синциталь вирус, 20% нь томуугийн А вирус, 12.9% нь аденовирус, 10.6% нь энтеровирус байсан байна [5].

2010/2011 онд амьсгалийн замын өвчин үүсгэгч вирусүүд болох томуугийн А вирус, коронавирүс, метапневмовирус нь өвлийн саруудад; амьсгалын замын синциталь вирус нь хаврын сар; аденовирус, риновирус нь жилийн туршид эргэлтэнд байсан нь бас бидний өмнөх судалгааны үр дүнтэй тохирч байна.

Бусад судалгааны дүнтэй харьцуулахад амьсгалын замын халдварын 1-5% нь аденовирусээр үүсгэгддэг ба аденовирус нь жилийн туршид эргэлтэнд байсан [6], риновирус нь жилийн туршид халдвар үүсгэх ба халдварын оргил үе нь хаврын улирал, намрын сүүлээр байсан [7], хүний метапневмовирус зонхилон өвөл хаврын саруудад тохиолдох ба амьсгалын замын синциталь вирусийн халдвартай давхцах юмуу өмнө нь өвчлөл үүсгэх [8] бөгөөд нийт амьсгалын замын өвчний 6.9% нь энэ вирусээр сэдээгддэг, коронавирүс нь амьсгалын замын өвчлөлийн 5-30%-ийг үүсгэдэг [9] зэрэг нь манай үр дүнтэй дүйж байна.

Мультиплекс бх-ПГУ-ын арга нь эмнэлзүйн нэг сорьцон дахь вирусүүдийн хамсарсан халдварыг нэг цаг үед илрүүлэх боломжтой юм. Манай судалгаанд авсан нийт сорьцны 7% нь хоёр вирусээр хам халдварласан байна. Бидний өмнөх судалгаагаар 8.2% нь хоёр вирусээр хам халдварласан байсан [4]. Мөн Jong-Han Lee, Jin-Kyong нарын хийсэн бидэнтэй төстэй судалгаанд 6.8%-тай хамсарсан халдвар тохиолдсон байна[10].

Судалгааны II хэсэгт мультиплекс бх-ПГУ-ын арга болон хибрид эсийн өсгөврийн арга хоёрын мэдрэг болон өвөрмөц чанарыг харьцуулан үзэхэд мультиплекс бх-ПГУ-ын мэдрэг болон өвөрмөц чанар, эерэг болон сөрөг үр дүнгийн үзүүлэлт нь бүгд 100% байсан бол хибрид эсийн өсгөврийн хувьд мэдрэг чанар нь 41%, өвөрмөц чанар нь 100%, эерэг үр дүнгийн үзүүлэлт 100%, сөрөг үр дүнгийн үзүүлэлт 82% байна. Иймээс мультиплекс бх-ПГУ-ын арга нь R-mix хибрид эсийн өсгөвөртэй харьцуулахад мэдрэг чанар болон сөрөг үр дүнгийн үзүүлэлтээрээ давуу байна.

Гадны бусад орнуудад хийгдсэн бидний хийсэн судалгаатай төстэй судалгаануудад мультиплекс ПГУ-ын арга нь уламжлалт аргууд болох эсийн өсгөвөр, дархан туяаралт бичил харуурын арга зэргээс илүү мэдрэг болох нь харагдаж байна. W. Y. Lam, Apple C.

M. Yeung нар 303 эмнэлзүйн сорьцонд дээрх аргуудаар оношлогоо хийж үзэхэд вирус илрэлт мультиплекс ПГУ-ын аргын хувьд 48.5% , эсийн өсгөврийн хувьд 20.1%, дархан туяаралт бичил харуурын аргаар 13.5% байсан байна. Мөн J. Mahony, S.Chong нарын хийсэн мультиплекс ПГУ-ыг аргыг эсийн өсгөвөр/ дархан туяаралт бичил харуурын аргатай харьцуулсан судалгаагаар мультиплекс ПГУ нь дээрх аргаас 42%-аар илүү вирус илрүүлж байсан [11]. Melanie W. Szymis, David M. Whiley, Marion Thomas, M. Mackay нарын судалгаанд амьсгалын замын халдвар бүхий 598 өвчтөний хамар залгиурын арчдасанд мультиплекс бх-ПГУ болон дархан туяаралт бичил харуурын аргаар амьсгалын замын эмгэг төрөгч үзэхэд мультиплекс бх-ПГУ-ын аргаар нийт 598 сорьцны 202(33.7%) -д вирус эерэг тохиолдсон бол дархан туяаралт бичил харуурын аргаар 179(29.9%) нь эерэг байсан байна. Мультиплекс бх-ПГУ-ын арга нь бүх вирусийн хувьд дархан туяаралт бичил харуурын аргаас мэдрэг байсан байна. [12]

Дүгнэлт

Мультиплекс бх-ПГУ-ын шинжилгээг ТТӨ-ний үүсгэгч тодорхойлох байнгын шинжилгээ болгох нь зүйтэй.

Номзүй

1. Darmaa B, Tsatsral S, Naranzul T, Enkhsaikhan D, Burmaa A, Nymadawa P. (2009): Influenza virus strains circulating in Mongolia in 2003-2007, *Mongolian Journal of Health Science*, 6(1):8-19.
2. J. Mahony, S. Chong, F. Merante, S. Yaghoubian (2007): Development of a Respiratory Virus Panel Test for Detection of Twenty Human Respiratory Viruses by Use of Multiplex PCR and a Fluid Microbead-Based Assay, *J. Clin.Mic* 45(9):2965-2970
3. Tsatsral.S, Maitsetseg.Ch, Darmaa.B, Nymadawa.P,(2010):Dynamics of respiratory viruses circulating in Mongolia in (2008-2009), *Mongolian Journal of Infection Disease Research*, 1(38):8-11
4. Sung RY, Chan PK, Tsen T, Li AM, Lam WY, Yeung AC, Nelson EA. (2009): Identification of viral and atypical bacterial pathogens in children hospitalized with acute respiratory infections in Hong Kong by multiplex PCR assays. *J Med Virol*, 81(1):153-9.
5. Griffin, M.R., F.J.Walker, M.K.Iwane, G.A.Weinberg, M.A.Staat, and D.D. Erdman.(2004): Epidemiology of respiratory infections in young children: insights from the new vaccine surveillance network. *J Pediatr. Infect. Dis* ,23:S118-S192
6. American Academy of Pediatrics.(2003): Adenovirus infections, p. 190-192. Red book 2003. Report of the Committee on Infectious Diseases, 26th ed . *American Academy of Pediatrics, Elk Grove Village, IL*
7. James B. Mahony, Regional Virology Laboratory, St. Joseph's Healthcare Hamilton, and Department of Pathology and Molecular Medicine, McMaster Uni

versity, Hamilton, Ontario, Canada. (2008): Detection of respiratory viruses by molecular methods. *J.Clinical Microbiology*, 21(4): p.716-747

8. Mackay, I.M., S. Bialasiewicz, Z. Waliuzzaman, G.R. Chidlow, D.C. Fegredo, S. Laingam, P. Adamson, G. B. Harnett, W. Rawlinson, M. D. Nissen, and T. P. Sloots. (2004): Use of P gene to genotype human metapneumovirus identifies 4 viral subtypes. *J.Infect. Dis.* 190:1913-1918.

9. Vabret, A., T. Mourez, S. Gouarin, J. Petitjean, and F. Freymuth.(2003): An outbreak of OC43 coronavirus respiratory infection in Normandy France. *J.Clin. Infect. Dis.* 36:985-989.

10. Jong-Han Lee, Jin-Kyong Chun, Dong Soo Kim, Yongjung Park, Jong Rak Choi and Hyon-Suk Kim, (2010): Identification of Adenovirus, Influenza virus, Parainfluenza virus and Respiratory syncytial virus by Two kind of Multiplex Polymerase Chain Reaction and a Shell Vial Culture in Pediatric Patients with Viral Pneumonia, *J. Yonsei. Med*, 51(5):761-767

11. Britta Grondahl, Wolfram Puppe, Andrea

Hoppe, Inka Kuhne, Josef A. I. Weigl, and Heinz-Josef Schmitt(1999): Rapid Identification of Nine Microorganisms Causing Acute Respiratory Tract Infections by Single-Tube Multiplex Reverse Transcription-PCR: Feasibility Study. *J.Clin.Mic.* 37:1-7

12. Melanie W. Syrmis, David M. Whiley, Marion Thomas, Ian M. Mackay, Jeanette Williamson, David J. Siebert, Michael D. Nissen, and Theo P. Sloots(2004): A Sensitive, Specific, and Cost-Effective Multiplex Reverse Transcriptase-PCR Assay for the Detection of Seven Common Respiratory Viruses in Respiratory Samples. *J Mol.Diagnostics. vol* 6, no 2.

Талархал: Энэхүү судалгааны тандалтын хэсгийг санхүүжүүлсэн “Томуугийн тандалтын сүлжээг бэхжүүлэн хөгжүүлэх” Монгол-АНУ-ын хамтарсан төсөл IU511IP000331 болон сорьц цуглуулахад туслалцаа үзүүлсэн ТХТН-үүдэд талархсанаа илэрхийлье.

Танилцаж, нийтлэхийг зөвшөөрсөн сэтгүүлийн зөвлөлийн гишүүн, анагаах ухааны доктор Р.Туул



Товч мэдээ, ажиглалт

Адууны томуугийн А(НЗН8) вирусийн халдвар оношлогдов

2011 оны 7 дугаар сарын 05-нд Хүй долоон худаг орчмын уяачдын уяж байгаа морьдод ханиах, хамраас усархаг, өтгөн идээтэй гоождос гарах шинж тэмдэг илэрсэн тул адуунаас авсан дээжинд Улсын Мал Эмнэлэг Ариун Цэврийн Төв Лаборатор(УМЭАЦТА)-ийн малын гоц халдварт өвчний оношлогоо, тандалтын лабораторид шинжилгээ хийхэд адууны томуугийн А(НЗН8) хэвшлийн вирусийн халдвар болохыг оношлов.

Мөн Улаанбаатар хот, Дархан-Уул, Дорнод, Сүхбаатар аймгуудаас дээж ирүүлсэн байна. Адууны томуу гарсантай холбогдуулан уг өвчинтэй тэмцэх зааврын дагуу арга хэмжээ авах, тандалт хийж өвчлөл, тархалтын талаар бодитой мэдээлэл цуглуулах, үзлэг шинжилгээ хийх ажлыг зохих шатны мал эмнэлгийн газруудад өгч ажиллуулах шаардлагатай байна.

Д.Батчулуун

Хепацивирүс нохойд амьсгалын замын цочмог халдвар сэдээдгийг илрүүлэв

Хүний гепатитийн С вирус (ХСВ - HCV: hepatitis C virus) нь нэг утаслаг РНХ агуулсан, бөмбөлөг вирус бөгөөд флавивирүсийн овгийн хепацивирүсийн

төрөлд хамааруулдаг юм. Энэ вирус хүнд архаг гепатит сэдээдэг ба одоогоор эсийн өсгөвөрт болон хүнээс өөр амьтанд халдварлуулж чадаагүй байгаа билээ [1]

Гэтэл саявтар АНУ-ын хэсэг судлаачид амьсгалын замын цочмог халдвар (АЗЦХ) бүхий нохойн хамрын арчдаснаас нэг төрлийн вирус илрүүлсэн нь хэд хэдэн генийнхээ нуклеотидын дарааллаар ХСВ-тэй ижил төрхтэй байсан тул нохойн гепатитын вирус (НХВ – CHV canine hepatitis virus) хэмээн нэрлэжээ [2]. АЗЦХ-ын 5 дэгдэлтийн үед цуглуулсан 33 нохойн хамрын арчдсанд НХВ-ийн хеликазын ген илрүүлэх пример ашиглан бх-ПГУ тавьж үзэхэд 60-67%-д нь эерэг гарсан нь энэ вирус нохойн популяцид АЗЦХ үүсгэх нь элбэг байж магадгүй гэж үзэхэд хүргэжээ.

Энэ шинэ олдвор нь амьсгалын замын вирус судлалчдад бас нэг шинэ вирус судлах зам нээж буй бол, хепацивирүс судлаачдад хүний гепатитын судалгааны нэг шинэ загвар нээж байгаагаараа эрдэмтдийн анхаарлыг ихээхэн татаж байна.

Номзүй:

1. Hepatitis C virus, http://en.wikipedia.org/wiki/Hepatitis_C_virus, accessed on August 10, 2011;
2. Kapoor, A., Simmonds, P., Gerold, G. Et al (2011): Characterization of a canine homolog of hepatitis C virus, PNAS, 108 (28);11608-11613;

П.Нямдаваа

Австралид Хендра вирүст халдвар эрс нэмэгджээ

Энэ оны 6 дугаар сараас эхлэн Австралийн зүүн эргийн муж улсуудад Хендра (Hendra) вирүст халдварын 12 бичил дэгдэлт гарч 78 адуу өвчлөж, 5 нь үхсэн [1] нь энэ вирүсийг анх 1994 онд Австралийн Квинсленд муж улсын төв Брисбен хотын ойролцоох Хендра тосгонд илрүүлэн бичсэнээс [2] хойш бүртгэгдсэн бүх дэгдэлт, хамрагдсан адууны нийлбэр тооноос даваад байгаа тул Австралийн мал эмнэлгийн болон нийгмийн эрүүл мэндийн албад нэмэлт арга хэмжээ авч эхэлсэн байна [3].

Малайзид гахайнаас илрүүлсэн [4] Нипа (Nipah) вирүстэй хамтатган Хендра вирүсийг Paramyxoviridae овгийн Henipavirus хэмээн нэрлэсэн шинэ төрөл болгон ангилаад байгаа юм. Энэ вирүсийн байгалийн эзэн нь Pteropodidae овгийн нэгэн зүйл дулаан орны сарьсан багваахай гэж үзэж байгаа бөгөөд адуунаас хүнд ахуйн хавьтлын замаар дамжин халдаж, 50% хүртэл эндэгдэлтэй өвчин үүсгэх боломжтой аж. Хүний өвчин нь 5-14 хоногийн нууц үеийн дараа ТТӨ хэлбэрээр эхлээд дараа нь дагжих, хүчтэй толгой өвдөх, толгой эргэх, унтамхай болох зэрэг шинж тэмдгүүд давамгайлж, энфецалитаар нас бардаг байна [5].

Энэ удаагийн дэгдэлтийн үеэр хийсэн идэвхитэй тандалтын үр дүнд Хендра вирүсийн эсрэгбиеийг гэрийн тэжээвэр нохойд анх илрүүлсэн нь энэ вирүсийн халдан тархах амьтдын зүйлийн тоог нэмэгдүүлсэн тул судлаачид, малын болон нийгмийн эрүүл мэндийн мэргэжилтнүүдийг сэрэмжлэх арга хэмжээ авахад хүргэж, зарим талаар мал дагасан бизнесийн үйл ажиллагаанд саад учруулж эхлээд байгаа аж [6-8]. Энэ удаагийн дэгдэлтийн үеэр хүний өвчлөл, эндэгдэл бүртгэгдээгүй байгаа юм байна [1, 3]. Гэвч ажил төрөл, аялал жуулчлалаар Австрали болон Малайз, Энэтхэг, Индонез г.м. Зүүн-өмнөд азийн дулаан орноор зорчих хүмүүс Хендра болон Нипа вирүст халдвар гарч буй буюу гарч байсан нутаг дэвсгэрээр аялахгүй байх, адуу, гахай, нохой зэрэг мал, амьтанд шууд хүрэлцэхгүй байх зэрэг болгоомжлох арга хэмжээ авах нь зүйтэй.

Номзүй:

1. Hendra virus outbreak 2011, <http://www.abc.net.au/news/specials/hendra-virus/> accessed on August 14, 2011;
2. Murray, K., Selleck, P., Hooper, P. et al., (1995): A morbillivirus that caused fatal disease in horses and humans, Science, 268: 94-97;
3. Call for urgent action amid hendra virus speke, <http://www.abc.net.au/news/2011-07-25/call-for-urgent-action-amid-hendra-virus-spike/2808598> accessed on August 14, 2011;
4. Chua, K.B., Bellini, W.J., Rota, P.A. et al. (2000): Nipah virus: a recently emergent deadly paramyxovirus, Science, 288: 1432-1435;
5. Henipavirus, <http://en.wikipedia.org/wiki/Henipavirus> accessed on August 16, 2011;
6. Deadly horse virus found in dog, <http://www.google.com/hostednews/afp/article>

П.Нямдаваа

Бодрол бясалгал

Ричард Престон

**ГОЦ АЮУЛТАЙ БҮС
(Вирүст халдварын тухай бодит түүх)**

Үргэлжлэл
Түрүүч нь манай сэтгүүлийн
2011 оны №3(40) дугаарт

Эбола вирүст цусархаг чичрэг бол халдвар авсан 10 хүн тутмын 9 нь эндэж төгсдөг аюулт өвчин. Шинжлэх ухааны адал явдалт бүтээлээр мэргэжсэн АНУ-ын зохиолч Ричард Престоны 1994 онд нийтлүүлсэн "The Hot Zone" хэмээх зохиол бол энэ аюулт өвчнийг судласан үнэн түүх дээр үндэслэсэн чансаатай бүтээл бөгөөд манай сайн вирүс судлалчдын нэг, доктор Э.Пүрэвдаваагийн орчуулгаар 2010 онд "Гоц аюулт бүс" нэрээр "Адмон" хэвлэлийн газар хэвлэсэн билээ.

Р.Престоны энэ бүтээл бол байгалийн голомтот шинэ халдвартай анх тулгарахын аюул осол, аймшгийн тухай чин үнэнээр нь бичсэнээрээ нийтэд алдаршсан бөгөөд дэлхийн 30 шахам орны хэлээр орчуулагдаж, Дастин Хоффман нарын АНУ-ын кино одод тоглосон "Тахалт дэгдэлт" (Outbreak) хэмээх Холливудын аймшгийн киноны зохиолын эх болсон юм. Р.Престоны энэ бүтээл зөвхөн сонирхолтой уран зохиол төдий бус, гоц аюултай халдварт өвчинтэй гэнэт тулгарах үед мэдүүштэй сургамж арвинтай тул АНУ-ын Вүүдрү Вильсоны Сан(Woodrow Wil-

son Foundation)-гийн ажилтан Э.Голденкранц энэ зохиолыг дээрхи сангаас жил бүрийн зун зохион байгуулдаг биологийн багш нарын зуны сургуулийн сургалтын материал болгон 2004 онд найруулсан нь одоо интернетээр чөлөөтэй ашиглаж болох хичээл болсон байна (Р.Престоны тухай дэлгэрэнгүй мэдээллийг түүний вэб-сайт <http://richardpreston.net> болон интернетийн "Википедиа" тайлбар толийн өгүүлүүдээс (http://en.wikipedia.org/wiki/Richard_Preston, http://en.wikipedia.org/wiki/The_Hot_Zone) авна уу).

Халдварт өвчинтэй тэмцэх Монголын үндэсний холбоо Р.Престоны энэ ном бол халдварт өвчинтэй тэмцэх ажил, үйлст оролцдог хүн бүрийн уншвал зохих бүтээл хэмээн үзэж буй тул доктор Э.Пүрэвдаваагийн зөвшөөрснөөр сэтгүүлдээ цувралаар нийтлүүлэхээр шийдсэн юм.

Энэ номын монгол эхийг "Интерном" дэлгүүрээс худалдан авч болохоос гадна drgpurev@gmail.com хаягаар орчуулагчтай харилцан олж авч болно.

Сэтгүүлийн зөвлөл

**Нэгдүгээр дэвтэр
ЭЛГОН УУЛЫН СҮҮДЭР**

ЭМЧ ӨВЧИЛМӨӨ

1980 оны 1 дүгээр сарын 15

Сувилагч, асрагч нар, өвчтөн зөөвөрлөдөг тэрэг түрсээр гүйж ирээд, Шарль Моне өргөн, дээр нь хэвтүүлж, эрчимт эмчилгээний тасагт хүргэнгүүтээ, чанга яригчаар эмч дуудаж, өвчтөн цус алдаж байгааг мэдэгдлээ. Шем Мусоке гэдэг залуухан эмч ирж, цус алдаж байгаа өвчтөнд туслахаар яаравчлав. Наргиа шогч зантай энэ эмч, Найробийн эмнэлгийн хамгийн залуу, хамгийн сайн эмч нарын нэг бөгөөд

олон цагаар тасралтгүй ажиллаж чаддаг, маш их хөдөлмөрч, яаралтай тусламжийг үнэхээр чадварлаг үзүүлдэг туршлагатай мэргэжилтэн юм.

Шем Мусоке эмчийг ирэхэд, Шарль Моне тэргэн дээр хэвтэж байсан бөгөөд маш их цус алдсан нь харваас илэрхий ч, чухам ямар шалтгаанаас болж цус алдсаныг нь төсөөлөх арга байсангүй. Өвчний шалтгааныг тодруулах гэж оролдох цаг ч байсангүй. Өвчтөн арай чамай амьсгалж байснаа сүүлдээ амьсгалахаа бүр больчихлоо. Түүний уушгинд цус орсноос амьсгал нь түгжирчээ. Мусоке эмч өвчтөний судсыг барьж үзлээ. Судас нь сулхан, маш удаан цохилж байв. Энэ хооронд, нэг сувилагч ларингоскоп гэдэг багаж барьсаар гүйж ирлээ. Зөөлхөн резин хоолой бүхий энэ багажийг хүний амьсгалын замыг

чөлөөлж онгойлгоход хэрэглэдэг юм. Мусоке эмч өвчтөний толгой талд зогсоод, цээжнийх нь агших, тэлэх хөдөлгөөнийг сайн ажиглахын тулд, цамцыг нь урж яраад, нүүр рүү нь тонгойн, нүдрүү нь эгц харав.

Хамар, ам нь нил цус болсон Шарль Моне ув улаан нүдээрээ Мусоке эмчийг гөлрөвч, нүднийх нь алим хөдөлгөөнгүй болж, хүүхэн хараа нь өргөсжээ. Энэ бол тархины гэмтлийн шинж бөгөөд өвчтөн огт ухаангүй байгааг харуулдаг юм.

Мусоке эмч, резин бээлий өмсөж ч амжсангүй, шуудхан л өвчтөний амьсгалын замыг чөлөөлөхөөр, толгойг нь гэдийлгэн цагаан мөгөөрсөн хоолойд нь ларингоскопоо шургуулахаар зэхэв. Тэр, эхлээд өвчтөний аман дахь бөөлжисний үлдэгдэл, салс, цус зэргийг арилгах гэж хэлийг нь хуруугаараа тойруулан арчтал, хар бижирмэгтэй тослог зүйл гарт нь наалдлаа. Бөөлжис, цусны үнэр өвчтөнөөс ханхлавч Мусоке эмч иймэрхүү юманд хэдийнэ дассан болохлоор тоосонгүй, ажилдаа л улайрсаар байлаа. Тэр, багажныхаа байрлалыг зөв тохируулахаар, нүүрээ Чарльз Монетийн нүүрэнд бараг шүргэтэл бөхийгөөд хоолой руу нь шагайв. Тэгээд, өвчтөний хэлийг дарж байгаад, залгиур хоолойных нь араар ларингоскопоо гулгуулан түлхэж, уушигны харанхуй хөндий рүү оруулаад, дурангаа шагайн уушгиных нь дотор талыг шалгалаа. Энэ үед, Шарль Моне гэнэт татваганан хөдөлснөө бөөлжчихөв. Хар, улаан өнгийн зүйлс холилдон бөөлжис багажийг нь дагаад оргилон цацагдсанаа Мусоке эмчийн нүүрэн дээр шүршин бууж, нүд болон амруу нь урсан орлоо. Эмчийн цагаан халаат, цээж нилдээ бөөлжсөнд будагдаж, хар бижирмэг бүхий өтгөн улаан шингэн судал татан урсч байв.

Эмч Шарль Монегийн толгойг эвтэйхэн байрлуулаад аман дахь цусыг нь хуруугаараа малтан гаргалаа. Мусоке эмчийн гар, бугуй, шуу нилдээ цус болсноос гадна өвчтөний тэрэг, өрөөний шал тэр аяараа цусанд будагдлаа. Энэ үед, эрчимт эмчилгээний тасгийн хэдэн сувиллагч нүдэндээ ч итгэж чадахгүй, чухам юу хийхээ ч мэдэхгүй, ар талаар нь бужигнацгааж байв. Мусоке эмч, өвчтөний хоолой руу шагайн, багажаа уушгиных нь гүнд оруулан дурандаад, амьсгалынх нь замыг тэр аяар нь бөглөсөн цусыг цэвэрлэтэл өвчтөний уушги хэрчигнэн, агаар сорж байгаа нь соностсоноо, амьсгалж эхэллээ. Гэвч Шарль Моне нүх сүв болгоноороо маш их цус алдсанаас, биед нь шингэн бараг байхгүй болж, шоконд гүнзгий орсон байв. Түүний биеэр эргэлдэх цус хүрэлцэхгүй болж, судасных нь лугшилт хэт түргэсэн, цусных нь даралтын заалт “тэг” рүү буусаар байв. Иймээс Шарль Моне цус сэлбэх зайлшгүй шаардлагатай боллоо. Мусоке эмч, сувиллагчийхаа авчирсан хүүдийтэй цусыг өлгүүрт тогтоогоод, өвчтөний гарын хураагуур судсанд зүүг нь хатгав. Гэтэл өвчтөний цус хатгасан

зүүг нь даган зогсолтгүй садран урсаад, цус сэлбэж болсонгүй. Мусоке эмч, Шарль Монегийн гарын судсыг тэмтрэн үзэж байгаад, өөр хэд хэдэн газар дахин дахин хатгаж үзсэн ч болсонгүй. Цус нь бүр ихээр олгойдож байв. Зүү хатгасан газар болгоны судас нь чанаж болгосон хөндий гоймон шиг хэврэг болж, зүүний оромноос цус гоожин гарыг нь даган урсаад, огт бүлэгнэхгүй байлаа. Иймээс, зүү хатгасан жижигхэн нүхээр цус алдсаар өвчтөн нь үхчих вий гэж Мусоке эмч эмээгээд, Шарль Моне цус сэлбэх гэж оролдохоо болилоо. Өөр арга байсангүй. Энэ хооронд, өвчтөний гэдэснээс цус алдсан хэвээр байсан бөгөөд цусных нь өнгө сүүлдээ хар давирхай шиг боллоо.

Мусоке эмч өвчтөнийхөө амийг аврах гэж, дэргэдээс нь огтхон ч ходелгүй, чармайн оролдсон боловч дийлсэнгүй., Шарль Монегийн бие улам муудаж, ухаан оролгүй байсаар, өглөө эрт нас барав.

Ер нь, тэр чухам ямар өвчнөөс болж үхсэнийг хүмүүс огт мэдэлгүй өнгөрчээ. Аргагүй ээ, энэ бол үнэхээр тайлбарлахын аргагүй үхэл байв. Талийгаачийн цогцост хийсэн шинжилгээгээр бөөр нь гэмтэж, элэг нь үхжсэн байсан нь тогтоогджээ. Гэхдээ, түүний элэг, нас барахаас нь нилээд хэд хоногийн өмнөөс ажиллагаагүй болсон нь ив илхэн байсан бөгөөд өнгө нь шарлан, зарим газраа уйланхай шиг болж, яг л үхээд гурав хоносон цогцосны элэг шиг харагдаж байжээ. Өөрөөр хэлбэл, Моне нас барахаасаа өмнө үхдэл шиг болсон байжээ. Гэдэсний хана гуужиж ховхрох нь, гол төлөв, үхээд удсан цогцосын бас нэг шинж байдаг юм. Шарль Монегийн үхлийн шалтгаан чухам юу байв аа? Бүү мэд. Түүний үхлийн шалтгаан байж болзошгүй маш олон зүйл байсан боловч тэдний дотроос чухам энэ нь гээд сонгоод нэрлэхимээр зүйл үнэндээ байсангүй. Талийгаачийн бараг бүх эд, эрхтний үйл ажиллагаа алдагдсан, цус нь нөжирсөн, их хэмжээний цус алдсан, элэг нь зөөлрөөд нухаш шиг болсон, гэдэс дотор нь цусаар дүүрсэн зэргийн аль нь ч үхлийн шалтгаан болж чадахаар байв. Чухам юу болоод өнгөрсөн, ямар төрлийн өвчин байсныг бүрэн тодорхойлох үг, хэллэг эцэстээ эмч нарт дутагдсан учир, үхлийн шалтгааныг “Хэт түргэн явцтай элэгний дутал” гэж оношлоод, өвчнийх нь түүхийг хаажээ. Талийгаачийн цогцсыг, оршуулгын журмын дагуу ус нэвтэрдэггүй хүүдийд хийгээд тэр нутагт оршуулсан боловч, хэдэн жилийн дараа намайг Найробид очиход тэр булш хаа байгааг мэдэх хүн байгаагүй билээ.

1980 оны 1 дүгээр сарын 24

Шем Мусоке эмчийн нүд, амруу нас барсан өвчтний бөөлжис орсноос хойш яг ес хоногийн дараа нуруугаар нь өвдөж эхэлжээ. Үнэндээ, ингэж

өвдөхөөр юм огт болоогүй, урьд нь ч ингэж хүчтэй өвдөж байсангүй. Харин гуч дөхөж байгаа болохлоор, энэ насанд зарим хүний ууц нуруугаар сүрхий өвдөж эхлэх тохиолдол байдаг тул, тийм л юм болж байгаа байх гэж Мусоке эмч бодоод, огт тоосонгүй. Тэрээр өнгөрсөн долоо хоногт маш их ядарч, машинаа ч арайхийн барьж байсан билээ.

Мусоке эмч, эртүүд зүрхний өвчтэй хүний дэргэд бүхэл шөнөжин зогсоогоороо ажиллаж хоносны маргааш нь, хаанаас ч юм бүү мэд хөдөөнөөс цус алдаж ирсэн нөгөө франц хүний дэргэд бас л шөнөжингөө зогсоогоороо ажиллаж хоносон билээ. Хэдэн шөнө дараалан, зогсоо зайгүй ажиллаад сайн унтаж, амарч чадаагүй болохлоор ядарч байгаа биз гэж тэр боджээ. Сүүлдээ бүх биеэр нь өвдөж эхэлсэн боловч, өнөөх өвчтөний бөөлжистэй хутгалдсанаас халдвар авчихсан юм болов уу гэдэг бодол санаанд нь огт орсонгүй.

Нэг өдөр Мусоке эмч толинд нүүрээ харж байхдаа, нүдээ улайсныг ажиглажээ. Нүд улайсныг бодоход, хумхаа туссан юм болов уу гэж тэр жаахан гайхаад л өнгөрөв. Гэтэл сүүлдээ халуурч эхэллээ. Энэ нь, гарцаагүй ямар нэг халдварт өвчин түүнд туссаныг харуулж байв. Нуруугаар нь өвддөг байсан бол, одоо хамаг биеийх нь булчин тэсэхийн аргагүй өвдөж эхэлсэн тул хумхаагийн эм уусан боловч дээрдэх шинж илэрсэнгүйд хумхаа өвчнийг эмчилдэг тариа хийж өгөөч гэж Мусоке эмч нэг сувилагчаасаа гуйжээ.

Тэр сувилагч Мусоке эмчийн гарын булчинд тариа хийж өглөө. Тариа хийсэн газар тэсвэрлэхийн аргагүй өвдөж байв. Урьд нь тариа хийлгэхэд хэзээ ч ингэж өвддөггүй байсан болохлоор, энэ явдал нэг л жигтэй санагдсанаас гадна хэзээ ч мартагдахааргүй айхавтар өвдөлт байлаа. Ерийн нэг тариа хийхэд яагаад ингэж сүрхий өвдөж байгаа юм бол гэж Мусоке эмч гайхсаар байв. Удалгүй, хэвлийгээр нь өвдөж эхэлсэнд балнад өвчин туссан юм болов уу гэж бодоод, антибиотик хүрэлцэхүйц тунгаар уусан боловч, тэр нь өвчнийг анагаахад нэмэр болсонгүй. Хэдийгээр, бие өвдөж байсан ч, Мусоке эмч өвчтнүүдээ эмчлэх шаардлагатай байсан тул эмнэлэг дээрээ ажилласаар л байлаа. Эцэстээ, түүний ходоод, булчин зэрэг нь бүр тэсвэрлэхийн аргагүй өвдөж, арьс нь шарлаж эхлэв.

Мусоке эмч хүн мөртлөө өөрийхөө өвчнийг оношлож чадалгүй, өвдөлтийг нь тэсвэрлэж ажилласаар ажилласаар, сүүлдээ ямар ч тэнхээ чадалгүй болсон тул Найроби хотын эмнэлгийн эмэгтэй эмч Антонио Багшавед биеэ үзүүлээ. Антонио Багшаве эмч Мусокег анхааралтай гэгч нь үзсэн хэрнээ халуурсан, нүд нь улайсан, бие нь шарласан, хэвлийгээр нь өвдсөн зэргээс үндэслэн тодорхой онош тавих боломж байсангүй. Харин Мусокег цөсний чулуутай юм уу, эсвэл элэгний буглаатай байх гэж боджээ.

Яагаад гэвэл, энэ хоёр өвчний аль алиных нь үед халуурах, арьс шарлах, хэвлийгээр өвдөх шинжүүд илэрдэг юм. Харин Мусокегийн нүд яагаад улайсан байдаг билээ? Үүнийг Антонио Багшаве эмч хараахан тайлбарлаж чадсангүй. Ямар ч байсан, Мусокегийн элгийг хэт авиагаар шинжлэе гэж Антонио Багшаве эмч шийджээ. Гэтэл, энэ шинжилгээгээр Мусокегийн элэг жаахан томорсноос биш, өөр ямар ч сэжигтэй зүйл илэрсэнгүй. Сүүлдээ Мусоке эмчийн бие тун доройтсон тул түүнийг өрөөнд нь хэвтүүлэн, сувилагч нар ээлжээрээ хонон өнжин асарч байв. Явандаа түүний нүүр огт хөдөлгөөнгүй, баг өмссөн мэт боллоо.

Антонио Багшаве эмч анхандаа цөсний чулуутай л холбоотой байх гэж бодож байсан өвчин нь одоо үхэлд ч хүргэж магадгүй болсон тул онош тодруулах бичил хагалгаа хийлгэх шаардлагатайг Мусокед зөвлөжээ. Тэгээд, тус эмнэлгийн мэс заслын гол өрөөнд, Имре Лофлер эмчээр ахлуулсан мэс засалчид Мусокед хагалгаа хийн, элэгнийх нь харалдаа зүсч, булчингуудыг нь яран, хэвлийх нь хөндийг нээтэл, цочирдмоор, бас гайхмаар өөрчлөлт харагдав. Мусокегийн элэг үрэвсэн, хавагнаж хөөгөөд, ув улаан өнгөтэй болсон байсан бөгөөд цөсний чулуу байсангүй. Энэ хооронд, Мусоке цус алдсаар л байлаа. Ямар ч мэс заслын үед, огтгосон судаснуудаас цус гоожиж байгаад, удалгүй аяндаа зогсох юм уу, зогсохгүй бол цус тогтоох үйлчилгээтэй гель жаахан түрхэхэд гоожихоо больдогсон. Гэтэл, Мусокегийн судаснуудаас цус гоожоод зогсохгүй, огт бүлэгнэхгүй, яг л хемофили өвчтэй хүн шиг болсон байлаа. Эмч нар түүний элгийг цус тогтоогч гелиэр нэлэнхүйд нь бүрхэн цацсан боловч, сэвсгэр хөөсний завсраар цус нь нэвт шүүрэн гоожсоор л байв. Хэвлийх нь хөндийд ихээр хуралдсан цусыг эмч нар, байн байн соруулан авч байсан ч, зүслэг хийсэн газраас тасралтгүй гоожих цус дахин хуралдсаар л байлаа. Зүйрлэн хэлбэл, хөрсний тогтоол усны дор нүх ухахад, дорхноо усаар дүүрээд, түвшин нь өөрчлөгддөггүйн адил, өвчтөний цусыг соруулах тутам яах ийхийн зуургүй дахин хуралдсаар байв. Тэр удаагийн мэс заслыг хамт хийлцсэн нэг эмч: “Ёстой тохойгоор татсан цусан дотор ажиллаж байсан шүү” гэж хожим нь хүмүүст ярьсан байж билээ. Тэр үед, эмч нар Мусокегийн элгийг биопсийн зүүгээр хатган, эдээс нь өчүүхэн сорьц авч, хадгалагч уусмалтай шилэнд хийсний дараа, өвчтөнд хийсэн зүслэгээ яаравчлан битүүлж оёжээ.

Мэс заслын дараа Мусокегийн бие эрс муудан, бөөрний дуталд орж, бараг үхэж байгаа хүн шиг харагдаж байлаа. Яг энэ үеэр, түүнийг эмчилж байсан Антониа Багшаве эмч гадаадад явсан тул, Давид Сильверстейн гэдэг эмч, оронд нь эмчлэхээр боллоо. Халдаж халдаж хар халзанд нь гэгчээр, бүр Мусоке эмч өөрөө бөөрний дуталд орж, диализ хийлгэх

шаардлагатай болсон нь тус эмнэлгийг бүхэлд нь түгшүүрийн байдалтай болгож, түүнд хайртай нөхөд нь, мэргэжил нэгт андыгаа алдахаас айж байлаа. Давид Сильверстейн эмч Мусокег ямар нэгэн ховор вирусийн халдвараар өвчилсөн байх гэж сэжиглэж эхлэв. Тэгээд тэрээр өвчтөнөөсөө цус авч, эсийг нь тунгаан, алтан шаргал өнгөтэй, тунгалаг ийлдсийг нь ялгаж аваад, нэлээд олон жижиг шилэнд савлаж хөлдөөлөө. Удалгүй, Давид Сильверстейн эмч тэдгээр ийлдсээс заримыг нь Өмнөд Африкийн Сандрингхэм хот дахь Үндэсний Вирус Судлалын Хүрээлэнгийн лабораторид, заримыг нь АНУ-ын Жеоржиа муж улсын Атланта хот дахь Өвчний Хяналт Сэргийлэлтийн Төвийн лабораторид шинжлүүлэхээр илгээгээд, шинжилгээний хариуг нь хүлээж байлаа.

ОНОШ ТОДРОВ

Давид Сильверстейн эмч, Африкийн Найроби хотод суурьшин, тэндээ ажиллаж, амьдардаг ч гэсэн, АНУ-ын Колумбын тойргийн Вашингтон хотын ойролцоо бас нэг байртай ажээ. Саяхны нэг зун, зарим ажил төрлөө амжуулахаар түүнийг Америкт ирсэн байхад нь, тэднийхээс холгүй орших нэгэн их дэлгүүрийн цайны газар би түүнтэй уулзсан юм. Тэр удаа бид хоёр нэг жижигхэн ширээнд хамт суугааж Моне, Мусоке хоёрын өвчний талаар тэр надад ярьж өгсөн билээ. Сильверстейн бол насаар тавь дөхсөн, намхан нуруутай, туранхайвтар биетэй, ширвээ сахалтай, нүдний шил зүүдэг, соргог, түргэн харцтай, нэвт шувт ширтдэг хүн. Тэрбээр, америк хүн мөртлөө швахили хэлний аялагатай ярьдаг юм. Бид хоёрын тааралдсан тэр өдөр Сильверстейн бат бөх эдээр хийсэн хүрэм, цэнхэр жинс өмссөн байсан бөгөөд арьс нь сайхан борлож, тавлаг амарсан шинжтэй, сэргэлэн харагдаж байж билээ. Тэрбээр, эмч төдийгүй бас нисгэгч хүн бөгөөд голдуу хувийхаа онгоцоор зорчдог ажээ.

Өмнөд Африкт хамгийн томд тооцогдох хувийн нэгэн эмнэлэгт ажилладаг Сильверстейн эмч, өөрөө Найроби хотын нэр хүнтэй хүмүүсийн нэг төдийгүй, Кенийн ерөнхийлөгч Даниел арап Мойн хувийн эмч учраас, түүнийг гадаадад айлчлах болгонд нь дагаж явдаг байлаа. Сильверстейн, авилгалд автсан улс төрчид, ан хийн аялж яваад өвчилсөн жүжигчид, Англи болон Африкийн бие муутай язгууртан гээд л Зүүн Африктаа нөлөө бүхий олон хүнийг бас эмчилдэг төдийгүй, Диана буюу хатагтай Деламерегийн хувийн эмч тул, түүнийг дагаж их аялнаа. Энэ хатагтай, хэдийгээр нас ахиж, зүрхний өвчтэй болсон ч, Кенийн эргийн дагуу далайн гүнээс загас барих дуртай байсан юм. Хатагтайг загас барихаар явах бүрд, Сильверстейн эмч дэргэд нь байж, цусных нь даралт, зүрхнийх нь сохилтыг хянах үүрэгтэй. Сильверстейн бас Берил Маркхэмийн эмч байлаа. Маркхэм бол, Зүүн Африкт нисгэгчээр ажиллаж байсан он жилүүдийхээ дурсамж – “Баруун зүгийн шөнө” хэмээх сонирхолтой ном

бичсэн эмэгтэй бөгөөд Найроби хотын нисгэгчдийн клубээс ер салдаггүй, сал пал хийсэн, зогсоо зайгүй архи уудгаараа нэрд гарсан хүн билээ (“Намайг анх танилцахад л тэрээр архи нилээн залдаг хижээл авгай байсан” гэж Сильверстейн эмч хэлсэн).

Мусоке эмч Сильверстейн эмчийн эмчилсэн алдар цуутны нэг болжээ. Сильверстейн надад ярихдаа: “Би Мусоке эмчид тэнхрүүлэх эмчилгээ л хийж байлаа. Миний хийж чадах юм тэр л байв. Түүнд аль болох тэжээллэг юм өгч, халуун нь нэмэгдээд ирэнгүүт бушуухан буулгахыг л хичээж байсан юм. Товчхоноор хэлбэл, эмчилгээний тодорхой төлөвлөгөө ерөөсөө байхгүй өвчний үед хийвэл зохих үндсэн эмчилгээг л түүнд хийж байсан даа” гэсэн билээ.

Нэг удаа, Сильверстейн эмчийг Найроби дахь гэртээ байхад, шөнийн хоёр цагт утас нь дуугарчээ. Утасдсан хүн нь Кенид ажилладаг нэг америк судлаач байсан бөгөөд Өмнөд Африкийн вирус судлалчид Мусокегийн цусанд маш сонин юм илрүүлсэн байна гээд, “Түүний цусанд Марбург вирус илэрчээ. Энэ бол маш ноцтой зүйл. Гэхдээ бид Марбург вирусийн тухай ч нэг их юм мэдэхгүй” хэмээжээ.

Сильверстейн эмч, урьд өмнө нь, Марбург вирусийн тухай сонсож байгаагүй бөгөөд энэ тухайгаа надад ярихдаа: “Утсаар ярьсныхаа дараа, би буцаад унтаж чадаагүй. Марбург вирус гэж чухам юу болох талаар элдвийг бодож, бараг л сэрүүнээрээ зүүдлэх шахуу юм болсон доо” гэсэн юм. Тэр шөнө Сильверстейн, хамтран зүтгэгч, дотны найз Мусоке эмчийг нь шаналгасан өнөөх сүрхий өвчний талаар нэг бодож, ямар гээч аюултай бичил биетэн эмнэлгийхний дунд чөлөөтэй тархаж байгаа юм бол гэж нэг зовсоор орондоо хэсэг хэвтжээ. Тэгтэл, түрүүний утсаар ярьсан хүний хэлсэн “Бид Марбург вирусийн тухай ч нэг их юм мэдэхгүй” гэсэн үг чихэнд нь дахин дахин сонстсоор байлаа. Сильверстейн унтаж бүр чадахгүй болохлоор нь, шуудхан хувцаслаж, машинаа асаагаад, эмнэлгүүрүүгээ давхисаар, үүрээр ажил дээрээ иржээ. Ирэнгүүтээ, анагаах ухааны нэг сурах бичиг олоод түүнээс Марбург вирусийн талаар бичсэн зүйлийг хайв.

Энэ вирусийн талаар маш товчхон зүйл бичигдсэн байлаа. Марбург вирус нь, Африкийн бичил биетэн мөртлөө герман нэр авчээ. Энэ вирусийг анх илрүүлсэн газрых нь нэрээр нэрлэсэн байв. Марбург гэдэг нь Германы төв хэсэгт оршдог эртний нэгэн хот бөгөөд ой мод, нугаар хүрээлэгдсэн ногоон хөндийд оршдог, олон үйлдвэртэй хот юм. Марбург хотод, африкийн ногоон сармагчны бөөрний эсийг ашиглан вакцин үйлдвэрлэдэг Берингийн үйлдвэрт энэ вирусийн халдвар анх 1967 онд гарчээ. Тэр үед, Берингийн үйлдвэр Уганда улсаас сармагчин байнга худалдан авдаг байсан бөгөөд тав, зургаан зуугаар нь, онгоцоор тээвэрлэдэг сармагчны дотор, уг вирус огт мэдэгдэлгүйгээр зөөвөрлөгдөн Германд нэвтэрчээ.

Марбург вирусийн халдвар авсан хоёр, гуравхан сармагчин өвчний нууц үедээ байсан нь харахад мэдэгдээгүй бололтой. Ямар ч байсан, тэдгээр амьтдыг Берингийн үйлдвэрт авчирсны дараахан, тэдний дунд энэ вирусийн халдвар тархаж, зарим сармагчин цус алдан шоконд орон, үхэж эхэлжээ. Удалгүй, Марбург вирус сармагчны хүрээнээс хальж, хүмүүст халдварлан, улмаар тус хотын хүн амын дотор тархах аюул нүүрлэсэн байна. Энэ бол вирус хэт үржиж олширсны нэг жишээ юм.

Марбург вирусийн халдвараар өвчилсөн хүмүүсийн дотроос Берингийн үйлдвэрийн сармагчинг тэжээж, байрыг нь цэвэрлэдэг байсан Ф. Клаус гэдэг ажилчинд энэ өвчний хамгийн анхны онош тогтоогджээ. Тэр хүний өвчин 1967 оны 8 дугаар сарын 8-ны өдөр илрээд, хоёр долоо хоногийн дараа нас барсан байна...

Сильверстейн эмчийн олсон нөгөө номонд, Марбург вирусийн талаар ердөө ийм жаахан мэдээлэл бичигдсэн байлаа. Тэр үед, Марбург вирусийн талаар хэвлэгдсэн цорын ганцхан ном нь Марбургийн Их Сургуулиас 1970 онд зохиосон симпозиум дээр хэлэлцсэн илтгэлүүдийн эмхтгэл байв. Сүүлд нь, бид тэр номоос дараах мэдээллийг олж авсан юм.

– Сармагчин маллагч П. Хайнрих ээлжийнхээ амралтыг дуусган 1967 оны 8 дугаар сарын 13-нд ажилдаа ороод, 14-нөөс 23-ны өдрүүдэд сармагчин нядалж байсан. Өвчний анхны шинж тэмдэг 8 дугаар сарын 21-ний өдөр илэрсэн.

– Лаборант Л. Ренате 1967 оны 8 дугаар сарын 28-нд халдвартай материал агуулж байсан хуруу шил ариутгах гэж байгаад хагалж, 9 дүгээр сарын 4-ний өдөр өвчилж эхэлсэн гэх мэтээр өнөөх номд бичсэн байлаа.

Марбург вирусийн халдварт өртсөнөөс хойш, долоо хоног орчмын дараачаас толгой өвдөж эхлээд, хүчтэй халуурах, цус нөжирч судас бөглөрөх, цус алдах зэрэг шинж илэрч, өвчтөн улам дордсоор шоконд орон, нас барж байжээ. Марбург хотод халдварт өвчин гарсны дараах хэдхэн хоногийн дотор 31 хүн өвчилснөөс 7 нь цусандаа хутгалдан үхсэн тул ёстой нөгөө галав юүлэх гэдэг нь болж байгаа юм болов уу гэж тэндэхийн эмч нар боджээ. Марбург вирусийн халдвараар өвчилсөн 4 хүн тутмаас нэг нь нас барж байсан нь энэ вирус туйлын аюултайг гэрчилж байна. Тэр үед, өвчтөнийг хамгийн орчин үеийн эмнэлэгт эмчилж, зүрх уушгины үйл ажиллагааг нь дэмжих аппарат багажийг хэрэглэсэн ч гэсэн, өвчлөгсдийн 25 хувь нь нас барж байжээ. Гэтэл энэ вирусийн халдвар гарахаас өмнө хамгийн аюултайд тооцогддог байсан шар чичрэгийн вирусийн халдварын үед өвчтнүүдийг түргэн хугацаанд эмнэлэгт хүргэж амжвал 20 хүн тутмаас нэг нь нас бардаг байжээ.

Марбург вирус бол, филовирүсүүдийн дотроос хамгийн анх нээгдсэн нь юм. Филовирүс гэдэг нь

“утаслаг вирус” гэсэн утгатай латин үг. Филовирүсийн төрөл зүйлүүд өөр хоорондоо адилхан боловч, харин бусад вирусээс огт ондоо. Ихэнх вирус, электрон-микроскопоор чинжүүний үр шиг бөмбөлөг хэлбэртэй харагддаг бол утаслаг вирусийн хэлбэр дүрсийг орооцолдсон олсны тасархай, үс, хорхой, тэр бүү хэл могойтой ч адилтгасан байдаг юм. Филовирүс халдварласан эзнээ сүйрүүлэн цусыг нь садартал гоожуулж байх үедээ цустай нь хамт ялгарсаар л байдаг. Хэрэв яг тэр үед нь өвчтөний цусанд электрон-микроскопын шинжилгээ хийж үзвэл, филовирүсүүд чанасан гоймон овоолсон юм шиг хэлбэр дүрстэй харагдана. Зарим Марбург вирусийн үзүүр хуйлран гогцоо үүсгэсэн байдаг.

Марбург вирус хүний тархийг туйлын аймшигтай сүйдэлж, төв мэдрэлийн системийг гэмтээдэг ба энэ үед тархинд гарсан өөрчлөлт нь галзуу өвчнийг санагдуулахаар байдгийг герман эрдэмтэд бичжээ. Үнэндээ Марбург вирус галзуугийн вирүстэй төстэй харагдах тал бий. Хэдийгээр галзуугийн вирус сум шиг хэлбэртэй боловч задраад сунавал утас шиг харагдах бөгөөд хэрэв мушгираад гогцоо үүсгэвэл цагираг хэлбэртэй болж Марбург вирүстэй адилхан болно. Иймээс зарим эрдэмтэн Марбург вирусийг галзуугийн вирүстэй төрлийн холбоотой байх гэж үзээд түүнийг “галзуугийн сунасан вирус” гэж нэрлэж байсан удаа бий. Гэвч Марбург вирус биеэ даасан огт өөр бүлэгт багтдаг нь хожим тодорхой болсон билээ.

Шарль Монег нас бараад удаагүй байхад филовирүсийг вирусийн шинэ овог болгон ангилж, Марбург вирүстэй хамт Эбола чичрэг үүсгэгч хоёр зүйлийн вирусийг уг омогт багтаажээ. Эбола чичрэгийн үүсгэгчид нь Зайрын Эбола вирус, Суданы Эбола вирус хоёр билээ. Филовирүсүүдээс арай аюул багатай нь Марбург вирус, хамгийн их аюултай нь Зайрын Эбола вирус юм. Эбола чичрэгээр өвчилсөн 10 хүн тутмын 9 нь үхэж, нас баралтын түвшин 90 хувьд хүрнэ. Өөрөөр хэлбэл, Зайрын Эбола вирус бол хүн төрөлхтнийг жинхэнэ хүйс тэмтрэгч мөн.

Харин Эбола вирусийн төрөл Марбург вирус нь хүний биед радио-идэвхит цацраг шиг нөлөөлөн бүх эс, эдийг гэмтээдэг бөгөөд ялангуяа дотор эрхтэн, холбогч эд, нарийн гэдэс, арьс зэргийг дэндүү хорлонтой гэмтээдэг ажээ. Германд энэ халдвараар өвчлөөд амьд мэнд үлдсэн хүмүүсийн үсний уг үхжиж, яг л цацраг туяанд түлэгдсэн мэт туг тугаараа унаж, зарим нь хожгор, зарим нь халзан болсон байна. Марбург хотод энэ халдвараар өвчилсөн хүмүүс биеийхээ бүх нүх сүв болгоноор цус алдаж байсан бөгөөд нэг эрэгтэй хүнийг нас барахаас нь өмнөхөн авсан гэрэл зураг дээр нүцгэн цээжээ гарган хэвтэх тэр хүний царай нь гөлийгөөд, цээж, гар, нүүр нь цус хурсан толбоор дүүрч, хөхний нь толгойноос цусны дусал бөнжийсөн байж билээ.

Уг халдвараар өвчлөөд амьд үлдэж, өвчин эдгэрэх

үед хүмүүсийн нүүр, гар, хөл, бэлэг эрхтний арьс гуужихаас гадна заримдаа эрэгтэй хүний төмсөг хавдан, зарим хэсэг нь уусч илжирснээс айхавтар шаналдаг ажээ. Халдвартай цогцост задлан шинжилгээ хийхэд тусалдаг байсан нэг хүнд ийм үрэвслийн тун аягүй тохиолдол оношлогдсон байлаа. Үүнээс гадна, Марбург вирус нүдний алимны доторх шингэнд хэдэн сараар хадгалагддаг тухай бичсэн байв. Чухам яагаад энэ вирус хүний төмсөг болон нүдний эдэд илүү сайн үржиж амьдардгийг одоо хүртэл тайлбарлаж чадаагүй л байгаа юм. Нэг хүн Марбург вирусийн халдварыг бэлгийн замаар эхнэртээ халдаасан тохиолдол ч бичигдсэн байсныг энд бас цухас дурдья.

Марбург вирус хүний уураг тархинд маш хачин нөлөө үзүүлдгийг эмч нар ажиглажээ. Энэ талаар нөгөө номонд бичихдээ: “Ихэнх өвчтөн дүнсгэрдүү болохын зэрэгцээ бага зэрэг хэрцгий авир гаргах юм уу эсвэл юмыг үгүйсгэх хандлагатай болдог байв. Тухайлбал, хоёр ч өвчтөн, хэвтэхээр дороос юм нухаад байна гэж байнга гомдоллодог байснаас нэг нь бүр солирсон нь гарцаагүй тархи гэмтсэний уршиг мөн. Бас О.В.Ханс гэдэг өвчтөнд тархины гэмтлийн ямар ч шинж илрэхгүй, халуун нь буурч, бие нь овоо гайгүй болж байснаа, гэв гэнэтхэн муудаж, даралт нь огцом буурсаар, шоконд орон нас барсан аж. Түүний цогцост задлан шинжилгээ хийн, гавлын ясыг нь нээж үзэхэд, тархины нь гол хэсэгт, гарцаагүй үхэлд хүргэх маш их хэмжээний цус харвалт үүссэн байв. Энэ нь, түүний хувьд гадагш цус алдсан бус, харин тархи руугаа цус алдсан хэрэг юм” гэжээ.

Марбург вирусийн оршин амьдарч байдаг байгалийн эх уурхайг нь олохын тулд Марбург хотод аваачсан сармагчингуудын нутаглаж байсан газрыг яг таг олж тогтоох ажлыг Олон улсын анагаах ухааны гол гол байгууллага, тэр үед, яаралтай эхэлсэн байна. Марбург вирус халдвар авсан сармагчныг маш богино хугацаанд сүйрүүлж байснаас үзэхэд түүний оршин амьдрахад тохирсон эзэн нь сармагчин лав биш бөгөөд уг вирус байгалийн хэвийн нөхцөлд сармагчингуудын дунд тархан орчиж байдаггүй нь илэрхий юм. Иймээс, Марбург вирус өөр нэг амьтны биед удаанаар хадгалагдан амьдардаг байх ёстой. Энэ нь ямар амьтан бэ? Шавьж уу, мэрэгчид үү, аалз уу, аль эсвэл хэвлээр явагчид уу? Чухам хаанаас, тэдгээр сармагчинг барьсан юм болоо? Тэнд л, энэ вирусийн нуугдан амьдардаг нутаг нь байж таарах билээ. Германд Марбург вирусийн халдвар анх дэгдсэний дараахан ДЭМБ-ын ивээл дор байгуулсан судлаачдын баг тэдгээр сармагчинг барьсан газрыг олж тогтоохоор Уганда улсруу нисчээ. Гэтэл Марбургт авчирсан сармагчингуудыг Угандагийн төв хэсгийн энд тэндээс барьсан байсан тул дээрх багийхан вирусийн жинхэнэ эх уурхайг олж чадсангүй.

Халдварын эх уурхай чухам хаана байсан бэ? гэдэг асуултын хариу олон жилийн турш олдолгүй учир

битүүлэг хэвээр л байлаа. Тэгтэл, 1982 онд Английн нэг малын эмч, Марбургийн халдвартай сармагчинтай холбоотой, нүдээр үзсэн зүйлээ ярьж, нилээд зүйлийг тодруулж өгсөн юм. Тэр хүн, одоохондоо нэрээ нууцлах нь дээр гэж үзсэн тул, түүнийг би ноён Жонс гэж нэрлэе. Германд, Марбург вирусийн халдвар анх дэгдсэн 1967 оны зун, өнөөх сармагчингуудыг ачуулсан Энтеббе хотын гадаад худалдааны газрын мал эмнэлгийн байцаагч нь амралттай байх хооронд ноён Жонс сармагчны эрүүл мэндийг үзэж шалгах ажлыг түр хийж байсан юмсанжээ. Сармагчин худалдаалдаг тэр газрыг сармагчны наймаачин нэг баян эр буюу ноён Жонсын хэлснээр бол нүдэнд дулахан нэг луйварчин эзэмшдэг байсан бөгөөд жил бүр 13000 орчим сармагчин Европруу наймаалдаг байжээ. Энэ бол маш их тоо бөгөөд ихээхэн мөнгө хүүлдэг байжээ гэсэн үг. Нэг удаа, нөгөө халдвартай сармагчин дунд багтсан амьтдыг шөнийн нислэгээр Лондонруу илгээж, тэндээс Германд хүргэжээ. Гэтэл, удалгүй тэдгээр амьтдын дунд вирусийн халдвар дэгдэж, улмаар хүн амын дунд тархахыг “оролджээ”.

Ноён Жонсыг Английн нэг хотод мал эмнэлгийн зөвлөхөөр ажиллаж байгааг нь би утастсаар байж олж мэдсэн юм. Тэр надад хэлэхдээ: “Тэдгээр сармагчинг ачуулахын өмнө миний хийсэн зүйл гэвэл, тэднийг үзэж шалгасан юм” гэсэн билээ.

“Хэн шалгасан юм бэ?” гэж намайг асуухад Жонс:

“Би шалгасан юм. Сармагчин эрүүл харагдаж байна уу, үгүй юү гэдгийг би үзэж, харж шалгадаг байлаа. Заримдаа, ачуулах гэж байгаа сармагчингаас ганц хоёр нь бэртсэн юм уу, арьс нь зулгарсан байдаг байсан” хэмээн хариулав. Тэр үед, ноён Жонс сармагчинг үзэж шалган, өвчтэй харагдсаныг нь гадаадад гаргахаар ачуулалгүй, түүж үлдээгээд, эрүүл амьтдыг нь онгоцонд ачихаас өмнө, тэднийг алж устгадаг байх гэж боддог байжээ. Нөгөө сармагчингуудыг ачуулснаас хойш, хэдхэн хоногийн дараа Германд халдвар дэгдэж эхэлснийг мэдээд ноён Жонс түгшин сандарснаа надад ярихдаа: “Гадаадад сармагчин гаргах зөвшөөрөлд би гарын үсэг зурсан болохлоор ёстой айсан. Тэр халдвараар хүмүүс өвчилж, нас барсан нь зөвхөн миний л буруугаас болсон гэж одоо хүртэл боддог юм. Ийм харамсалтай явдал болохоос ямар нэг аргаар сэргийлж чадах байсан юм биш үү гэсэн бодол байнга төрдөг дөө. Гэхдээ тэр үед, тийм арга даанч байгаагүй” гэсэн юм. Ингэж хэлэхээс ч аргагүй, үнэн зүйл билээ. Тэр үед, Марбург вирус шинжлэх ухаанд нээгдээ ч үгүй, харахад өвчтэй гэмээргүй хоёр гуравхан сармагчин айхавтар халдвар дэгдээчихнэ гэж санаанд орохын ч аргагүй үе байсан билээ. Иймээс, ноён Жонсыг буруутгаж зэмлэхийн арга үнэндээ байхгүй.

Ноён Жонсын яриаг цааш сонсох тусам улам түгшүүртэй болж байлаа. Тэр өгүүлэхдээ: “Би

өвчилсөн сармагчингуудыг алж устгадаг байх гэж анхандаа боддог байлаа. Гэтэл, тэдгээр амьтдыг алж устгадаггүй байсныг сүүлд нь мэдсэн юм. Пүүсийн эзэн өвчтэй сармагчингуудыг хайрцагт хийлгээд Виктори нуурын дундах нэг жижиг арал дээр аваачиж суллан тавьдаг байжээ. Иймээс, хааяагүй өвчтэй сармагчин давхилдсан тэр арал, чухамдаа, сармагчны вирусүүд үүрлэсэн уурхай буюу тахлын голомт болсон гоц аюултай арал болон хувирч болзошгүй болсон байлаа. Түүгээр ч барахгүй, нөгөө пүүсийн эзэн нөхөр сармагчны тоо дутахаар нь тэрхүү аралруу очиж нөгөө амьтдаасаа барьж, тоог нь гүйцээдэг байсан байх. Гэхдээ, хичнээн сармагчин барьсныг нь би яаж мэдэх вэ?" гэсэн юм.

Ноён Жонсын бодож байгаагаар Марбург вирус чухам тэр арал дээр анх үүсч, тэндхийн сармагчингуудын дотор орчиж байсан учир, тэндээс барьсан зарим сармагчин Германд очоод өвчилсөн байж болох талтай ажээ. Сүүлхнээр нь, ДЭМБ-ын судлаачдын баг халдварын эх уурхайг тогтоохоор тэнд ирэхэд, пүүсийн эзэн "Юм асуухгүй л бол, юу ч бүү хэл!" гэж ноён Жонст зааварлажээ. Тэгтэл, хэн ч түүнээс юм асуусангүй, тэр ч ДЭМБ-ын багийн эрдэмтэдтэй уулзсангүй өнгөрчээ. Дээрх судлаачид сармагчны эрүүл мэндийг хянадаг байсан энэ хүнтэй уулзаагүй явдал нь "Тарвал судлалын үүднээс бол тун муу хэрэг боловч, пүүсийн арилжаа наймааны бодлого талаасаа бол сайн зүйл болсон" гэж ноён Жонс ярьсан юм. Нээрээ л, сэжигтэй арлаас өвчний сэжигтэй сармагчин барьж гадаадад гаргасныг нь илрүүлсэн бол, нөгөө сармагчны наймаачин чажлаасаа зайлуулагдаж, Уганда улс ч гадаад валютыхаа үнэлж баршгүй эх сурвалжийг алдах байжээ.

Марбург вирусийн халдвар дэгдсэний дараахан ноён Жонс түүний хувьд тун чухал байж болох нэгэн зүйлийг эргэн санасан байна. Тэрбээр, 1962 оноос 1965 оны хооронд Уганда улсын зүүн захад орших Элгон уулын налуу энгэрт суурьшин, малын өвчин судалж байжээ. Тэр үед Грек голын дагуу амьдардаг хүмүүс цус алдах өвчнөөр зовж, "арьсанд нь сонин тууралт гарч" үхдэг тухай, мөн тэр орчмын сармагчингууд яг ийм өвчнөөр үхдэг тухай орон нутгийн ахлагч нар түүнд ярьдаг байжээ. Ноён Жонс, тэр яриа үнэн худлыг мэдэх гэж хөөцөлдсөн ч үгүй, тэр өвчний мөн чанарыг судлах бололцоо ч байсангүй өнгөрчээ. Эргээд бодоход, Марбург вирусийн халдвар Германд анх дэгдэхээс бүр өмнө энэ вирусийн нуугдмал халдвар Элгон уулын налуу энгэрүүдэд гарч байсан бололтой.

* * *

Марбург вирусийн халдварын талаарх Ноён Жонсын хувийн үзэл бодол нь харанхуй нүхэнд гар чийдэн тусган гэрэлтүүлэх мэт надад санагдаж билээ. Түүний үзэл бодол нь, халуун орны вирусийн үүсэл,

тархалттай холбоотой томоохон үзэгдлийн талаар явцуухан боловч түгшүүр төрүүлэхүйц ойлголтыг надад өгсөн юм. Түүний хэлснээр бол, Марбург хотод аваачсан сармагчингуудын заримыг Виктори нуурын доторх Сесе арлууд гэж нэрлэдэг хэсэг жижиг арлаас барьжээ. Сесе арлууд бол, Виктори нуурын баруун хойт талын нам дор хэсэгт оршдог, ой модоор хучигдсан олтригууд бөгөөд Энтеббегээс туйлын амархан оччих газар юм. Халдварын голомттой арал нь, багцаалбал, Сесе арлуудын дотор ч юм уу эсвэл тэндээс их л ойрхон газар оршдог бололтой. Гоц аюултай тэр арлын нэрийг ноён Жонс огт санахгүй байсан юм. Түүний мэдэж байгаагаар, тэр арал Энтеббед "тун ойрхон" гэнэ. Ямар ч байсан, ноён Жонсын тэр үеийн дарга, нөгөө сармагчны наймаачин Сесе арлууд дээр очиж, тосгоныхонтой наймаа хийж, тэндээс сармагчин худалдан авдаг байжээ. Тосгоныхон сармагчинг тахалтай адил зэвүүцэн үзэж, тэднээс салж байгаадаа баярлах төдийгүй бүр мөнгөөр өгч байгаадаа туйлаас баярсан хөөрдөг тул, сармагчны наймаачин Сесе арлуудаас зэрлэг сармагчин худалдан авч, хэрэв тэр амьтан нь өвчилбөл, Энтеббегийн ойролцоох аль нэг арал дээр суллан тавьдаг байжээ. Тэгж байгаад л, эцэст нь, гоц аюултай арлын зарим сармагчин Европд хүргэгдсэн бололтой.

Виктори нуурын Сесе арлуудруу харсан баруун эргийн, бусдаас зэлүүдхэн, хэсэг нам дор газрын зэгсэн шугуй дунд, Касенсеро хэмээх загасчдын суурин буй. Касенсеро суурин бол ДОХ өвчин дэлхийд анх гарсан газруудын нэг юм. Ер нь, Виктори нуурын баруун хойт эрэг бол ДОХ өвчин анх голомтлон тархсан газрын нэг мөн болохыг тарвал судлаачид тогтоосон билээ. ДОХ өвчнийг үүсгэгч вирус, анх Африкийн хүн дүрст сармагчин, бичнүүдээс үүсч, тэдгээрээс хүн төрөлхтний дунд ямар нэг замаар халдварлан тархжээ. Энэ вирус хүн дүрст сармагчнаас хүнд халдан тархаж, хүний биед дасан зохицож чадахуйц болтлоо дэс дараалсан, түргэн хугацааны мутацид орсон байх гэж бодогдоно. ДОХ-ын вирус хүн төрөлхтөнд аюул учруулж эхэлснээс хойших он жилүүдэд Касенсеро тосгон бүр сүйрчээ. Тэнд оршин суугчдын дийлэх нь энэ вирусийн халдвараар үхэж, Виктори нуурын эргийн дагуух бусад суурингууд ч газрын зургаас үндсэндээ бүрмөсөн арчигдсан хэмээн ярьжгаадаг юм.

Касенсеро тосгоныхон бол загасчид төдийгүй цууд гарсан хулгайн наймаачид байсан бөгөөд одоо ч хэвээрээ билээ. Тэд модон буюу моторт завиар хориотой барааг нуурын наана, цаана гаргахдаа Сесе арлуудыг нуувч газраа болгон ашигладаг юм. Хэрэв өнөөх сармагчны наймаачин Виктори нуурын эргэн тойрноос амьтнаа авдаг байсан бол Касенсеро суурин болон түүний хөрш арлуудын хулгайн наймаачидтай заавал уулздаг байсан байж таарна гэсэн таамаглал аяндаа төрнө.

ДОХ өвчний үүслийн талаарх нэг ерөнхий онолоор бол уг өвчин 1960-аад оны эцсээс хүн төрөлхтөнд халдварласан гэж үздэг. Тэр үед цоо шинэ, ихээхэн ашигтай бизнес Африкт хөгжсөн нь сармагчны наймаа байжээ. Тэндээс л анагаах ухааны судалгаанд ашиглах сармагчинг үйлдвэр хөгжсөн орнуудад худалдаалж эхэлсэн бөгөөд ялангуяа Уганда улс элдэв төрөл, зүйлийн сармагчнаар маш баян байлаа. Тийнхүү, сармагчны худалдаа төв Африкийг бүхэлд нь хамрахыг дагалдан, энэ бизнест оролцдог үндсэн ажилчид, сармагчин баригчид, сармагчин тэжээгчид нь, туйлын олон зэрлэг сармагчид, ховор вирус агуулагч амьтадтай байнга ажилладаг болжээ. Тэдгээр амьтдыг олноор нь, нэг торонд чихэж байлгадаг байснаас, бие биендээ нөлөөлж, вирус дамжин халдварлахад хүргэжээ. Үүнээс гадна, өөр өөр зүйлийн сармагчинг нэг дор хольж байлгаснаас, нэг зүйлийн амьтныг өвчлүүлэгч вирус нөгөө зүйлд дамжин халдварлах маш таатай нөхцлийг бүрдүүлсэн байна. Энэ нь, нэг ёсондоо вирус хурднаар хувьсан өөрчлөгдөх байгалийн лаборатори болж, чухам ийм хувьслаар ХДХВ үүсчээ. Сармагчны наймаагаар дамжин ХДХВ хүн төрөлхтөнд халдсан уу? ДОХ өвчин Викторин нуур доторх арлуудаас анх тархсан уу? Эсвэл, гоц аюултай нөгөө арлаас тархсан уу? Бүү мэд дээ. ДОХ өвчин болоод Марбург вирусийн халдварын үүсэл гарлыг тодруулахыг чармайсан хэнд ч болов учир явдал улам бүдгэрсээр, бүх мөр балран арилах боловч, тэдгээрийн хооронд ямар нэгэн нууц холбоо байна гэдэг нь аяндаа мэдрэгдэнэ. Өөрөөр хэлбэл, энэ хоёр вирус нэг зоосны хоёр тал шиг л санагддаг юм.

* * *

Марбург вирусийн халдвар хүнд илэрснийг мэдмэгцээ Давид Сильверстейн эмч Найроби хотын эмнэлгийг хааж, хөл хорио тогтоох хэрэгтэй гэж Кенийн эрүүлийг хамгаалах байгууллагын дээд удирдлагаас шаарджээ. Эмнэлэг дотор байсан жаран долоон хүн, хөл хорионд хамрагдагсдын дийлэнх нь эмнэлгийн ажилчид байв. Хөл хорио тогтоосон хугацаанд эмнэлэгт үзүүлэхээр ирсэн өвчтөнүүд хаалган дээрээс нь л буцахаас өөр аргагүй болжээ.

Шарль Монегийн цогцост задлан шинжилгээ хийсэн эмч нараас гадна, тэр талийгаач, Мусоке эмч хоёрыг асарч байсан сувиллагчид, хоёр өвчтөний аливаа шингэн ялгадстай харьцаж байсан асрагч, сувиллагч, техникийн ажилчид болоод Мусокед хагалгаа хийсэн мэс засалчид, цөмөөрөө хөл хорионд орлоо. Тус эмнэлгийн эмч ажилчдын ихэнх нь ноён Моне болон Мусоке эмчтэй шууд харьцаж байсан буюу тэр хоёрын цус, бусад шингэнтэй харьцаж байсан нь тогтоогджээ. Мусокед мэс засал хийсэн хоёр эмч “тохойгоо хүртэлх цусан дотор” ажиллаж байснаа тодхон санасаар, хоёр долоо хоногийн турш,

хөл хорионд хөлсөө гоожуулан суухдаа, Марбургийн халдвар хэдийд эхэлдэг юм бол доо хэмээн боддог байжээ.

Тийнхүү, вирүсээр дүүрсэн, ганцхан хүн-бөмбөг гэмтлийн тасгийн хүлээлгийн өрөөнд явж ороод, тэндээ дэлбэрч, эцэстээ эмнэлгийн бүх үйл ажиллагааг зогсооход хүргэжээ. Талийгаач Шарль Моне нэг ёсондоо усан дороос хөөргөдөг, холын тусгалтай пуужин мэт Найробийн эмнэлгийг дотроос нь дэлбэлсэн нь тэр билээ.

Шарль Монегоос халдвар авсан Шем Мусоке эмч харин үхлийн аюултай вирүстэй үзэлцээд, ялан гарч амьд мэнд үлдэж чадсан юм. Түүнийг өвчлөөд, арав хоносны дараа л байдал сайнаар эргэж эхлэхийг нь эмч нар ажиглажээ. Эхэндээ Мусоке чиг баримжаагаа алдаж, ууртай догшин болоод орондоо тайван хэвтэж чадахгүй, эмээ уух дургүй байлаа. Нэг өдөр сувиллагч түүнийг орон дээр нь эргүүлэн хэвтүүлэхийг оролдож байтал Мусоке нүүррүү нь нудрагалаад “Надад таяг байна шүү. Чамайг би болгоод өгье л дээ!” гэж хашгирчээ. Энэ явдал түүний бие сайжирч эхлэх үед болсон бөгөөд нилээд хэд хоногийн дараа халуун нь дарагдаж, нүднийх нь цус харвалт арилаад, ухаан санаа нь хэвийн болж, аажим боловч бүрэн төгс эдгэрчээ.

Найробийн эмнэлгийн тэргүүний эмч нарын нэг Шем Мусоке одоо өөрийг нь эмчилсэн Давид Сильверстейны багийн гишүүнээр ажиллаж байна. Нэг удаа, би түүнтэй ярилцаж, чухам ямар явдал тохиолдсоныг лавлахад, Марбург вирусийн халдвараар өвчилсөн хэдэн долоо хоногт бараг ухаангүй байснаа тэр ярихдаа: “Би зөвхөн бүүр түүрхэн л юм санаж байна. Хамгийн гол нь толгой их эргэж байсан. Мэс засал хийлгэхийн өмнө би дуслын системээ гараасаа санжигнуулсаар өрөөнөөсөө гарч байснаа санадаг юм. Тэгээд нэг мэдэхэд би орон дээр хэвтчихсэн, сувиллагчид намайг тойроод л эргэлдээд байх шиг санагдсан. Эмч надруу яаран гүйж ирснийг бас санаж байна. Харин тэр үед нэг их өвдөж байсныг санахгүй юм. Өвчин бүр эхлэж байх үед бүх булчин, ар зоогоор өвдөж байсан л даа” гэж билээ. Тэр үед Шем Мусоке эмчээс өөр Марбургийн вирүст халдвараар өвчилсөн хүн тэр эмнэлэг дээр дахин гаралгүй өнгөрчээ.

Ер нь вирус хүн амыг сүйрүүлэхээр бэлтгэж байгаагийн анхны шинж тэмдэг нь янз бүрийн цаг хугацаанд, уг дэвсгэр нутгийн янз бүрийн газарт гарч байгаа халдварын алаг цоог дэгдэлтүүд байдаг юм. Гэхдээ эдгээр дэгдэлт нь тэрхэн үедээ, халдварын бичил дэгдэлт маягтай л байна. Найроби хотын эмнэлэгт гарсан, Марбург вирусийн халдвар ч гэсэн ялгаагүй, тусгаарлагдмал орон зайд үүссэн нэг төрлийн онцгой байдал байлаа. Тэр удаагийн тохиолдол бол урьд өмнө нь мэдэгдэж байгаагүй ширэнгэ ойн вирүсээр сэдээгдсэн халдварын бичил дэгдэлт байсан ч, үхлийн аюултай ийм халдвар хүн төрөлхтний дунд тэсрэлт

маягаар дэгдэж, яваандаа тасралтгүй тархах аюул учруулж болох дохио сануулга байсан юм.

Тэр үед Мусоке эмчийн ийлдсийг дэлхийн зарим томоохон лабораторид илгээснээр, тэдгээр лабораторийн бичил биетний цуглуулгад амьд Марбург вирус нэмэгджээ. Тэр вирус Мусоке эмчийн цусанд Шарль Монегийн хар бөөлжиснөөс орсон бол, харин Шарль Монегийн цусанд Китумын агуйгаас л орсон байж таарна. Эдүгээ Мусоке омог хэмээн нэрлэгдэх болсон тэрхүү Марбург вирус АНУ-ын Армийн лабораторийн гүн хөлдөөгчид хадгалагдаж байгаа бөгөөд амьтны хүрээлэн гэдэг шиг “гоц аюултай бичил биетний хүрээлэн” болсон тэр газраа үхэшгүй мөнх хадгалагдсаар байх нь дамжиггүй.

ОФИЦЕР ЭМЭГТЭЙ

1983 оны 9 дүгээр сарын 25, 18:00 цаг

Шарль Моне нас барснаас хойш бараг дөрвөн жил өнгөрчээ.

АНУ-ын Мериланд муж улсын Турмонт хэмээх ердийн нэгэн хотод орой болж байлаа. Муж улсын баруун хэсгээр хойноос урагшаа сунайсан Аппалачийн нурууны нэгэн оргил болох Катоктин уулын сэрвэн хийгээд түүнийг бүрхсэн ой мод, тэр аяараа намуухан, алтан шаргал өнгөөр гийгүүлэгджээ. Зун битгий л дуусаасай гэж мөрөөдсөн охид хөвгүүд, ямар нэг сонин хачин юмтай тааралдах гэж хотын гудамжаар задгай машинтай сэлгүүцэнэ. Боловсорч гүйцсэн алимны үнэр, хатсан навчисны үнэр, талбайд гандсан сүрлийн үнэр холилдон намар цагийн согтоом анхилам үнэр болон агаарт түгжээ. Хотын захад ургасан алимны төгөлд шөнийг өнгөрүүлэхээр шавсан хар тодлын сүрэг моддын мөчирт гуагчина. Тэртээ хойно Геттисбургийн замаар гэрлээ гялбалзуулсан машины цуваа тасралтгүй урсаж харагдана.

Энэ орой хотын төвийн ойролцоох, Виктория хатан хааны үеийн барилгын загвараар баригдсан нэгэн байрны гал тогооны өрөөнд АНУ-ын армийн малын эмч, хушууч цолтой эмэгтэй Нанси Жакс гал тогооныхоо лангууны ард зогсоод хүүхдүүддээ оройн хоол хийж байлаа. Тэр бичил долгионы зууханд тавагтай зүйл тавиад товчлуурыг нь дарав. Ойрдоо хүүхдүүд нь тахианы шарсан мах идээгүй болохлоор өнөө орой дуртай хоолыг нь хийж өгөхөөр бэлтгэж байгаа нь энэ. Нанси Жакс биед чөлөөтэй богино өмд, богино ханцуйтай цамц өмсөөд хөл нүцгэн байв. Түүний хоёр хөл дээр бие хамгаалах урлагаар хичээллэсний үр дүн нь энэ дээ гэсэн шиг баахан сорви тогтжээ. Долгиотсон шаргал үсээ мөрөн дээгүүрээ тайрсан энэ эмэгтэйн ногоовтор нүдийг бүр сайн ажиглавал, хоёр өнгөтэй харагддаг юм. Нүднийх нь эвэрлэг бүрхэвч хуван шар, доторх хүрээ нь ногоовтор өнгөтэй. Гуалиг нуруутай, тамирчин

хүний төрхтэй, түргэн хөдөлгөөнтэй, гар хөлөө савчих зантай Нанси өмнө нь, төрсөн нутаг “Газар тариалангийн хатан хаан” гэж алдаршсан Канзас муждаа ажиллаж байжээ.

Өнөөдөр хүүхдүүд нь бүр ядарчихаад, амарч ч амжаагүй байсан тул оройх нь хоолыг бушуухан хийж өгөхөөр ээж нь яарч байв. Таван настай Жейме охин, яарч байгаа ээжийхээ хөлнөөс нь зүүгдэж, хувцаснаас нь самардан чангаахад Нанси хажуу тийш хазайн, охиныхоо гарыг тавиулахад, өнөөх нь дахиад л ээжийхээ нөгөө талаас зүүгдээд авах тул дахиад л зайлахаас өөр аргагүй байлаа. Настай нь харьцуулбал, арай намхан нуруутай Жейме охин, ээжийгээ дуурайсан ногоовтор нүдтэй хүүхэд юм. Энэ үед Нансигийн долоон настай хүү Жейсон зочдын өрөөнд зурагт үзэж байв. Горзгор нуруутай, туранхай биетэй, тайван дөлгөөн зантай Жейсон том болохоороо аав шигээ өндөр хүн болох шинжтэй.

Нансигийн нөхөр Жералд Жакс бас л малын эмч бөгөөд хүн болгон Жерри хэмээн дууддаг юм. Нөхөр нь одоо Техаст сургалтанд оролцож байгаа болохлоор Нанси хүүхдүүдтэйгээ үлдсэн билээ. Жерри түүнрүү утсаар ярьж, Техаст чөтгөр ч тогтохооргүй халуун байгааг хэлээд, эхнэрээ санаж байна, гэртээ байгаа бол сайхнаа гэжээ. Нанси ч нөхрөө санаж байлаа. Жерри тэр хоёр бүр коллежид байхдаа л хамт амьдрахаар шийдсэн бөгөөд тэр цагаас хойш цөөн хэдэн хоногоос илүү хугацаагаар бие биенээсээ холдож байсангүй.

Нанси Жакс, Жерри Жакс хоёр, товчхоноор хэлбэл Жаксууд армийн мал эмнэлгийн “Жижиг нохдын эмч нарын зөвлөл” хэмээх, үздэг нохойнууд шигээ жижигхэн зөвлөлийн гишүүд бөгөөд хоёулаа армийн харуулын ноход, адуу, үхэр, хонь, гахай, луус, туулай, хулгана, сармагчин гээд армийн бүх амьтдыг үзэж, эмчилдэг юм. Түүнээс гадна, армийн хоол хүнсийг тэд бас шалгах үүрэгтэй.

Нанси, Жерри хоёр эртний маягийн энэ байраа Форт Детрик хотод ажиллах томилолтоо авсны дараахан ажилд нь ойрхон, ирж очиход амрыг бодож, худалдан авчээ. Гал тогооны өрөө нь дэндүү жижигхэн бөгөөд хананаас нь усны хоолой, сахилгааны утас санжиж харагдана. Тэр өрөөнөөс холгүй, мөргөцөг гаргасан цонхтой зочдын өрөө бий. Зочдын өрөөнд байдаг халуун орны ургамал, тагнай өвсний цуглуулгын дунд Херки гэдэг нэртэй Амазоны нэгэн тотийг торонд хийжээ.

Гэнэт тэр тоть:

“Ай хөө, ай хөө,

Ажил тараад гэрийн зүг явцгаана хөө” хэмээн хангинатал дуулснаа, “Ээж ээ! Хөөш ээж!” гэж бахардан хашгирав. Тотьны дуу яг л Жейсон ээжийгээ дуудаж байгаа юм шиг сонстсон тул, Нанси эхэндээ мэдэлгүй “Яасан бэ?” гэснээ, хүүг нь тоть дууриасныг сая анзаараад, “Гажигтай тархи!” хэмээн амандаа

бувтнав.

Тоть нь Нансигийн мөрөн дээр суух хүслээ илэрхийлж байгаа нь тэр ажээ. Тоть дахиад л “Ээж ээ! Хөөш ээж! Жерри! Жейме! Жейсон!” хэмээн энэ айлын бүх хүний нэрийг дуудан хашгирлаа. Хэн ч, өөрт нь хариу хэлээгүй тул, “Квай гол дээрх гүүр” хэмээх дуурийн хурандаа Богийн маршийг исгэрснээ, дараа нь “Юу гэнэ ээ? Юу-уу? Ээж ээ! Хөөш ээж!” хэмээн хашгирав.

Тотио торноос нь гаргах зав Нансид үнэндээ байсангүй. Тэр, шаламгай гэгч нь хөдлөн таваг, хоолны мөнгөн хэрэгсэл гаргаж, лангуун дээр тавьж байлаа. Нансигийн гар нь хэтэрхий огцом, түргэн хөдөлгөөнтэйг ажигласан, Форт Детрикийн зарим офицер, түүнийг аюултай нөхцөлд нарийн ширийн ажил гүйцэтгэхэд тохирохгүй “дэндүү түргэн гартай” гэж шүүмжилдэг билээ. Нанси, бие хамгаалах урлагаар хичээллэж эхэлсэн нь нэг талаар хөдөлгөөнөө тайван, уян, хүчтэй болгоно гэж найдсаных, нөгөө талаар эмэгтэй офицерийн хувьд армид ажил мэргэжилдээ ахих гэж оролдоод урам хугарсных байв. Нанси 162 см өндөр нуруутай ч, өөрөөсөө хорь гаруй сантиметр өндөр, том биетэй цэрэг эрстэй зодооны сургууль хийх дуртай. Том биетэй эрсийг жаахан балбаад өгөх нь Нансид тун аятайхан санагддаг бөгөөд өрсөлдөгчийхөө толгойноос ч дээгүүр өшиглөж чаддаг болсондоо сэтгэл нь тун ханамжтай байлаа. Гэхдээ, гар нь дэндүү туяхан болохлоор, гол төлөв, хөлөөрөө тулалддаг юм. Арагшаа эргэлттэй үсрэлтээр дөрвөн давхар банзыг хуга өшиглөж чадах болсон буюу нүцгэн хөлөөрөө ч хүн алаад хаячих дайны чадвартай болсон байв. Нанси, заримдаа, хөлийхөө хурууг гэмтээчихсэн, хамраас нь цус гоожчихсон, эсвэл нүд нь хөхөрчихсөн гэртээ ирдэг удаа бий. Тэхэд нь Жерри толгой сэгсрээд, “Миний муу эхнэр жаахан өөр өнгөөр өнгөлүүлчихэж” гэж дапаалдаг юм.

Хушууч Нанси Жакс гэрийнхээ бүх ажлыг хийдэг ч гэсэн, нэг гэм нь ийм ажилд тэр үнэндээ дургүй. Шалны бүтээлгэнд шигдчихсэн жимсний чанамалыг арилгах гээд үрж суухад шагнал авчихсан юм шиг сэтгэгдэл төрөхгүй нь мэдээжээс гадна, тэгээд сууж байх цаг зав ч үнэндээ олддоггүй юм. Гэхдээ, хааяа хааяахан, гэрээ цэвэрлэх дур гэнэт хүрч, юм хумаа эмхэлж цэгцэлсээр хэдэн цагаар эргэлдэх удаа байлгүй яахав. Тэр бас гэрийнхнийхээ хоол ундыг бүгдийг нь бэлтгэх үүрэгтэй. Өрхийн тэргүүн Жерригийн хувьд, гал тогооны ажилд даанч нэмэргүйгээс гадна мотоцикл, далбаат завь мэтийн хүний санаанд ормооргүй зүйлийг гэв гэнэтхэн худалдаад авчихдаг сонин зантай тул эхнэр нь хааяа түүнтэй зөрнө өө. Жерри, Канзас мужийн Форт Рилей хотод ажиллаж байхдаа эхнэртэйгээ огт зөвлөж ярилгүйгээр далбаат завь худалдан авсан удаатай. Түүгээр ч барахгүй, улаан савхин доторлогоотой, дизель хөдөлгүүртэй, чөтгөр

ч аймаар кадиллак машин бас худалдан авчээ. Эхэн үедээ Нанси нөхөртэйгөө цуг тэр машинаар ажилдаа явдаг байсан боловч, үнийг нь төлж дуусахаас өмнө, өнөөх машин нь замын турш хар утаа савсуулдаг болжээ. Арга буюу нэг өдөр Нанси нөхөртөө: “Хүсээд байвал чи, энэ ямбий машиныхаа улаан савхин бүрээстэй бүх суудал дээр нь ганцаархнаа суугаад, хар утаа савсуулж яв! Харин би, энэ машинд чинь дахиад хэзээ ч суухгүй шүү” гэж хэлснээр асуудал шийдвэрлэгдэж, Жерри нөгөө муу кадиллакаа зараад, “Хонда аккорд” худалдан авчээ.

Жаксынхны байшин бол энэхотын эртний загвартай барилгуудын хамгийн том нь. Тоосгоор барьсан, занар дээвэртэй, их бууны асар том цамхагтай, тэр байшингийн өндөр өндөр цонх, пөмбөгөр орой, модон хавтангуудыг америкийн алтлаг өнгийн туулайн бөөр модоор хийжээ. Тэдний байшин замын яг өнцөгт, түргэн тусламжийн цэгийн ойролцоо байдаг учраас шөнө болгон түргэний машины дохио хангинаж тэднийг сэрээх нь хэцүү. Энэ байшинг хямдхан худалдаж авсан нь бас учиртай. Тэр үед энэ байшинг зарах гэж зөндөө удаан хүлээсэн байсан бөгөөд хуучин эзэн нь зоорийн давхартаа өөрийгөө дүүжилж үхсэн тухай яриа хот даяар түгсэн байв. Жаксынхан энэ байшинг худалдан авсны дараахан нэг өдөр нөгөө амиа хорлосон хүний бэлэвсэн эхнэр тэднийд иржээ. Хуучин байраа харах гэж ирсэн тэр үрчгэр нүүртэй, хөгшин авгай цэнхэр нүдээрээ Нансийг ширтэн: “Охин минь, чи энэ байшинг үзэн ядах болно доо. Би тэгсэн юм шүү” гэжээ.

Жаксынхны байшинд тотьноос гадна бас өөр амьтад бас бий. Зочдын өрөөнд төмөр утсаар хийсэн торон дотор Сампсон гэдэг сүрхий нэртэй аварга могой байдаг юм. Тэр могой үе үе торноосоо алдууран алга болж, байшингийн эргэн тойрноор сэлгүүцэхээс гадна, заримдаа хоолны өрөөн дэх ширээний голын хөндий рүү авирч ороод тэндээ хэдэн хоногоор ч унтчихдаг билээ. Хүмүүс хоол идээд сууж байгаа ширээн дотор нь аварга могой унтаж байгаа гэж бодохоос заримдаа Нансигийн бие зарсхийдэг юм. Хэрэв үүнийг мэддэггүй хүн оройнхоо хоолыг идэж суутал, гэнэт ширээнээс нь аварга могой гараад ирвэл юуны чинь гайхахтай манатай, үхтлээ айна шүү дээ. Нэг удаа тэр могой торноосоо зугтаагаад хэдэн өдөр алга болчихжээ. Гэрийхэн хоолныхоо ширээг нүдэж, тоншиж могойг айлган гаргах гэсэн боловч нөгөөх нь тэнд байсангүй. Гэтэл нэгэн шөнө Нанси байрныхаа пөмбөгөр орой доторх ажлыхаа өрөөнд сууж байтал байшингийн шувуун нурууны тэндээс могой нь гэнэтхэн гарч ирээд, нүүрнийх нь өмнө дүүжлэгдэн, зовхигүй нүдээрээ ширтэхэд цочин хашгирсан удаатай.

Тэднийд бас ирланд үүлдрийн сеттер нохой, айредале үүлдрийн терьер нохой бий. Жаксынхан Армийн янз бүрийн албанд томилогдох бүрдээ

гэрийхээ зөөврийн экосистем болсон амьтдаа хайриганд хийхийг нь хайриганд хийж, торонд хийхийг нь торонд хийгээд нүүдэг байв.

Нанси Жерридээ хайртай. Түүнээс илүү өөрийг нь ойлгодог хүн ертөнцөд байхгүй. Нөхөр нь өндөр нуруутай, хурц хүрэн нүдтэй, харцага шиг шонхор хамартай, үзэсгэлэнтэй царайтай, цагаасаа эрт бууралтсан үстэй сайхан эр билээ. Нансид нөхрийх нь ү мөнгөн өнгөтэй юм шиг санагдахаас гадна хэл нь бас мөнгөлөг юм шиг бодогддог юм. Жерри өнөөх улаан савхин доторлогоотой кадиллак машиныг худалдан авах гэж мөнгөн хэлээ яасан чадварлаг ашиглаж байсан гээч.

Эхнэр, нөхөр хоёрын хувьд гэрээс гарч олны хөлийн газраар явах нь маш ховор. Тэр хоёр Канзас муж улсын хөдөө нутагт хоорондоо гучин хоёрхон километр зайтай, шувуу нисээд буучихаар газар өссөн боловч хүүхэд байхдаа бие биеэ мэддэггүй байжээ. Харин Канзасын Улсын Их Сургуулийн мал эмнэлгийн ангид орсон хойноо хоёулаа танилцаж, хэдхэн долоо хоног үерхээд л ханилан суухад Нанси хорин настай байсан юм. Эхнэр, нөхөр хоёр их сургуулиа дүүргэх үедээ мөнгөөр тарчигхан, бас ч өртэй байсан тул шууд малын эмчээр ажиллаж эхлээ гэхнээ хөрөнгөөр гачигдаж, арга буюу армид ажиллахаар хамтдаа нэрээ бичүүлсэн билээ.

Ажлын өдрүүдэд хоол хийх зав Нансид олддоггүй болохлоор хагас сайн өдөр болгон дараачийхаа долоо хоногийн хоолыг нэгмөсөн бэлтгэдэг юм. Ингэхдээ, вааран тогоонд үхрийн мах битүү шарах юм уу эсвэл нилээд хэдэн тахиа шараад, хүүдийд хэсэглэн хийж хөлдөөдөг билээ. Тэгээд, орой ажлаасаа ирээд, хөлдөөсөн хоолоо бичил долгионы зууханд халааж бэлэн болгодог юм. Өнөө орой ч, Нанси мөн л ингэж тахианы мах халааж байхдаа, “Ер нь хоолондоо ногоо хольж идэцгээе байз. Лаазалсан ногоон шош холивол яах бол, хүүхдүүд минь уулаасаа шошинд дуртай сан” гэж бодонгоо хөргөгчөө нээж, Леббийн ногоон шош нэг лаазыг гаргав.

Тэгээд Нанси шошныхоо лаазыг нээх гэж онгойлгогч хайн, ганц хоёр шургуулга онгичив. Олсонгүй. Сүүлдээ тэр, юм хутгадаг халбага, ногоо

арилгагчаас эхлээд элдэв зүйлийн юмс пиг чихээстэй том шургуулгаруу очлоо. “Яршиг, тэр муу лааз онгойлгогчийг чөтгөр аваг!” гэж Нанси бодох зуураа, мал төхөөрдөг том хутга шургуулганаас гаргав. “Лааз онгойлгохдоо энэ хутгыг хэрэглэж болохгүй шүү, гэмтэй” гэж аав нь түүнд дандаа сануулдаг байсан ч, Нанси тэр зөвлөгөөг нь огт тоодоггүй ажээ. Нанси хутгаараа лааз руу дэлстэл, үзүүр нь төмөрт шигдэн орлоо. Тэгэхлээр нь, хутганыхаа бариулын дээрээс баруун гарыхаа ирмэгээр цохиж байтал, гар нь гэнэтхэн хальтирч, хутганы ирийг даган гулгалаа. Алга нь хутганы ирэнд нилээд гүн зүсэгдсэнээс хорсч эхлэв.

Том хутга ч шалан дээр хангинан унаж, цусны том том дусал ч лангуун дээр асгарлаа. “Ээ, муу гөлөг, чамайг!” гэж Нанси хараагаад, баруун гараа шалгатал, алга нь яг голоороо, сүрхий гүн зүсэгдсэн байв. Яс гэмтэж, шөрмөс огтлогдчихоогүй байгаа даа гэж санаа нь зовсон эзэгтэй юу ч болсон цусаа тогтоох гэж шархан дээрээ дараад, угаалтуур руу бөхийн цоргыг нь онгойлгож, гараа усан дор тостол, угаалтуур нь ув улаан өнгөтэй боллоо. Нанси, хуруунуудаа хөдөлгөж үзтэл, зүв зүгээр байсан нь шөрмөс гэмтээгүйг харуулах тул, тийм ч аюултай шарх биш юм гэж бодлоо. Тэр, гараа толгой дээрээ өргөсөөр угаалгын өрөөнд орж, шархны лент олоод, цусаа бүлэгнэж эхлэхээр нь зүсэгдсэн шархны ирмэгүүдийг хооронд нь нийлүүлж байгаад нөгөө лентээрээ дарж наалаа. Нанси ер нь цус харж чаддаггүй зантай, өөрийхөө цусыг ч үзэн яддаг билээ. Энэ нь цус чухам ямар аюултай байж болохыг, цусанд юу агуулагдаж байж болохыг сайн мэддэгээс л тэр юм.

Ингээд, ээж нь гараа шархдуулсан болохлоор, өнөө орой хүүхдүүдээ усанд оруулахаа больж, тэднийг унтуулахаар оронд нь хэвтүүлээд, сурсан зангаараа тэврэн хэвтэв. Энэ шөнө ээжийнхээ өвөрт Жейме унтлаа. Нанси, ер нь хүүхдүүдээ өвөртлөж унтахаас татгалздаггүй бөгөөд Жерриг эзгүй хойгуур хоёр хүүхдийхээ ойр байдаг зантай. Ялангуяа Жейме аавыгаа эзгүй хойгуур жаахан ааш гаргадаг учраас өнөөдөр охиноо жаахан аргадаж тайвшруулах хэрэгтэй юм шиг ээжид нь санагджээ.

Англи хэлнээс орчуулсан Э.Пүрэвдаваа



COMPARISON OF DETECTION OF RESPIRATORY VIRUSES BY A MULTIPLEX REAL-TIME PCR ASSAY AND BY THE R-MIX READY CELL CULTURE

Ch.Maitsetseg¹, N.Bayasgalan¹, S.Tsatsral¹,
B.Darma¹, P.Nymadawa^{1,2}

¹National Center of Communicable Diseases, Mongolia,

²Mongolian Academy of Medical Sciences

Introduction: Respiratory viruses are a major cause of human morbidity and mortality globally. In average the influenza virus isolation has yielded only in 9.8% positive results in Mongolia in 2003-2007 [B.Darma et al., 2009]. PCR assays are now becoming routine methods for diagnosis of respiratory virus infections, but the large and increasing number of viral pathogens makes laboratory diagnosis with individual assays challenging. This study has been performed to investigate possibilities to introduce multiplex rt-PCR into routine practice of screening of influenza-like illness (ILI) samples.

Materials and methods: 661 nasopharyngeal archival swabs collected in 2010-2011 and kept at -70° C have been selected for this study.

Nucleic acid isolation: has been done with ExiPrep™ Viral DNA/RNA kit, Bioneer, Korea according to the manufacturer's instruction.

Detection of the respiratory viruses: 1) has been performed by Fast Real Time PCR System 7500, Applied Biosystems, USA using Respiratory Pathogens Kit, Fast-Track Diagnostics, Luxemburg, according to the manufacturer's instruction, and 2) has been done by Direct Immunofluorescent microscopy using Respiratory Kit and R-Mix (DHI, USA) hybride cell culture according to the manufacturer's instruction.

Results: For the 1st part were selected 661 samples collected between October 2010 and July 2011 where no influenza viruses were detected by real-time PCR. In 310(46.9%) samples have been detected 17 types of pathogens with the prevailing detection of respiratory syncytial virus in 59(8.9%) samples, rhinovirus in 45(6.8%) samples, parainfluenzaviruses in 39(5.9%) samples indicating the outbreak has been caused mainly by these agents.

For the 2nd part from 661 nasopharyngeal archival swabs collected in the period from October 2010 to April 2011 have been selected 274 samples and detection of agents were compared by multiplex real-time PCR and R-mix hybrid cell culture. If by multiplex real-time PCR the specificity and sensitivity were 100%, by R-mix hybrid cell culture the sensitivity was 41% and the sensitivity was 100%.

Conclusion: Multiplex real-time PCR method is to be recommended for routine screening of ILI samples.

*Mongolian Journal of Infectious Disease Research Disease Research, 2011,
№ 4(41):47-52;
2 Table, 6 Figure and 12 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, анагаах ухааны доктор, 99092337, amurd@magicnet.com
Г.Батбаатар, Монголын дархлаа, нян судлалын нийгэмлэгийн тэргүүн, анагаах ухааны доктор, дэд профессор, 99081827 gobi_bat@yahoo.com
Г.Зулхүү, Монголын халдвартын эмч нарын нийгэмлэгийн тэргүүн, анагаах ухааны доктор, дэд профессор, 99196772, zulkhuu@yahoo.com
Д.Нямхүү, ХӨСҮТ-ийн ерөнхий захирал, Анагаах ухааны доктор, профессор, 99100155
Д.Отгонбаатар, БГХӨСҮТ-ын ерөнхий захирал, анагаах ухааны доктор, клиникийн профессор, 99113549,632859
Л.Энхбаатар, ХӨТМҮХ-ны гүйцэтгэх захирал, анагаах ухааны доктор, 99780134, cmb1691@yahoo.com
- Эрхэлсэн нарийн бичгийн дарга:**
- 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 институтын Дархлал судлалын лабораторийн тэргүүлэх судлаач, биологийн ухааны доктор, biragina@mail.nih.gov
- О.Баатархүү**, ЭМШУИС-ийн халдвартын тэнхимийн багш, анагаах ухааны доктор, 99188386, baatarkhuu65@yahoo.com
- Ж.Батаа**, ХӨСҮТ-ийн Зоонозын халдварын тасгийн эрхлэгч, анагаах ухааны доктор, 96012505
- Д.Даваалхам**, ЭМШУИС-ийн Эпидемиологи-биостатикийн тэнхимийн эрхлэгч, анагаах ухааны доктор, 91990560, dawaalkham@hsum.edu.mn
- Я.Дагвадорж**, ЭМШУИС-ийн халдвартын тэнхимийн эрхлэгч, анагаах ухааны доктор, дэд 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
- Ч.Мөнхцэцэг**, ЭМЯ-ны халдварт өвчин, тархвар судлалын мэргэжлийн зөвлөлийн нарийн бичгийн дарга, анагаах ухааны доктор, 99136244, munkh828@yahoo.com
- Н.Наранбат**, Анагаах ухааны доктор, “Гялс” анагаах ухааны төвийн гүйцэтгэх захирал, 99099471, naranbat@gyals.mn
- Ж.Оюунбилэг**, НЭМХ-ийн захирал, биологийн шинжлэх ухааны доктор, профессор, 99762000, jobileg@magicnet.mn
- Р.Оюунгэрэл**, ХӨСҮТ-ийн эрдэмтэн нарийн бичгийн дарга, анагаах ухааны доктор, ravjiroyun@yahoo.com
- 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,
- Н.Хүрэлбаатар**, ЭМЯ-ний төрийн нарийн бичгийн дарга, анагаах ухааны доктор, профессор, 99196665, khurel@nccd.gov.mn
- Б.Цацралт од**, ХӨСҮТ-ийн эрдэм шинжилгээ хариуцсан дэд захирал, анагаах ухааны доктор, 88031009
- С.Цогтсайхан**, ЭМШУИС-ийн Бичил амь-дархлаа судлалын тэнхимийн эрхлэгч, анагаах ухааны доктор дэд профессор, tsog_San@yahoo.com
- Н.Цэнд**, ХӨСҮТ-ийн зөвлөх, анагаах ухааны доктор, Эрүүлийг хамгаалахын гавьяат ажилтан 88858929
- Д.Цэрэнноров**, БГХӨЭСГ-ын 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: С.Эрдэнэпүрэв

Цаасны хэмжээ: А4

Хэвлэсэн тоо: 300ш

“СПИЙД ВЕЙ” ХХК-д хэвлэв.