

АГУУЛГА

РЕДАКЦИЙН ЗУРВАС

- *Ж.Оюунбилэг* **Коронавирус**т халдварын оношилгоо, эмчилгээ урьдчлан сэргүүлэлт

“ВИРУС СУДЛАЛЫН ТУЛГАМДСАН АСУУДЛУУД” ҮНДЭСНИЙ АРВАН НАЙМ ДУГААР БАГА ХУРАЛ

- Байгууллагын нэршилт ба тайлал
- Хөтөлбөр

ТОВЧЛОЛУУД

НЭГ.ЛЕКЦИЙН

- *Ж.Оюунбилэг*, **КОВИД-19 ба вакцин** 10/33
- *Ким Мулхолланд*, Дэлхийн КОВИД-19-ийн нөхцөл байдлын талаархи мэдээлэл 10/33
- *Южин Жонг*, БНСУ-д КОВИД-19 цар тахлын эсрэг авч хэрэгжүүлж буй хариу арга хэмжээ ба туршлага 10/33

ХОЁР. АМАН ИЛТГЭЛҮҮД

- *Ц.Наранзул, Ф.Сей-Ичиро, Г.Цогзолмаа, Н.Баясгалан, Ч.Хишигмөнх, Н.Мина, В.Шинжи, С.Анхбаяр, Б.Цэрэндүлам, Б.Дармаа, Л.Баттөр, П.Нямдаваа* **Монгол Улсад КОВИД-19 цартахлын эхний давалгаа үүсгэсэн SARS-CoV-2 вирүсийн геномын шинжийг судалсан дүн** 11/33
- *Б.Уянга, С.Мөнгөнбагана, Ш.Сувд-Эрдэнэ, Д.Ганзориг, Д.Ганболд, Д.Отгонбаяр, Н.Цогбадрах* **Монгол Улсад КОВИД-19 халдвар хүнээ амьтанд дамжсан тохиолдол** 11/34
- *Ж.Буджав, А.Бямбажав, Г.Есөнзаяа, Г.Уранбилэг, С.Анхтуяа, Д.Баяржаргал, Х.Доржханд, Б.Соёлоо, Ц.Уянга, М.Орхон, М.Ариунмарал, Х.Болор, Ж.Болортуяа, Э.Цээпил, М.Мөнгөнхуяг, С.Мөнхбаяр, Б.Мөнхбат, Ж.Оюунбилэг, Ц.Ганзориг, Я.Амаржаргал, Ц.Билэгтсайхан,* **КОВИД-19 халдвар болон вакцинжуулалтын дараах дархлаа тогтцыг тодорхойлсон дүн** 11/34
- *Клэйр вон Моллендорф* **Улаанбаатар хотын насанд хүрэгчдийн дунд уушгины хатгалгааны тархвар зүй ба эрсдэлт хүчин зүйлс** 12/35
- *Лиен Анх Ха До* **КОВИД-19 эрүүл мэндийн хяналтын арга хэмжээг цуцалсаны дараа амьсгалын замын синцитиаль вирус ба улаан бурханы халдварыг хэрхэн хянах вэ?** 13/35
- *Ч.Баттогтох, М.Ундрэм, Б. Батзориг, Д.Золзаяа, Э.Оюунсүрэн, А.Оюунбаатар, М.Баттөр, Г.Ануужин, Б.Отгонжаргал, Э.Гэрэлмаа, Б.Батзаяа, Н.Хүрэлбаатар, Д.Даваалхам, П.Нямдаваа, Э.Ренчиндорж, Лин-Ви Ле* **Монгол Улсын хүн амын насны бүлэгт суурилсан шинэ коронавирүсийн ийлдэс тархварзүйн когорт судалгаа** 13/36
- *Д.Оюунгэрэл, Ч.Уртнасан, С.Алтанчимэг, Б.Ганцоож, А.Бурмаа, О.Дашпагма, М.Цогт* **КОВИД-19 халдварын эсрэг дархлаажуулалтын дараах урвалыг тандан судалсан дүн** 14/36
- *Ж.Зандраа, С.Золзаяа, Г.Жамба* **SARS-COV-2 илрүүлэх урвуу транскрипцын полимеразын гинжин урвалын (УТ-ПГУ) оношлуур гаргаж, үр дүнг баталгаажуулсан нь** 14/37
- *Б.Туул, О.Номуун, Д.Марал, Б.Хүрэлсүх, Э.Арьяа, Б.Номин, Д.Лхагвасүрэн, Ц.Наранзул, Б. Дармаа, Д. Гантулга, Ц.Оюунсүрэн* **SARS-COV-2 вирүсийн эсрэг эсрэгбие илрүүлэх нуклеокапсид уурагт суурилсан фермент холбоот эсрэгбиений урвалын цомгийн судалгаа** 15/37
- *Б.Оюунбилэг, Ж.Сараниэцэг, Д.Баян-Өндөр* **Цуллаг эрхтэн шилжүүлэн суулгуулсан реципиентүүдэд Мрнх вакцины дараа anti-SARS-CoV2-с эсрэгбие тодорхойлсон нь** 15/37
- *Д.Лхамсүрэн, Н.Хишигсүрэн, П.Наранжаргал, П.Батгэрэл, Б.Амармэнд, Н.Наранбат* **Монгол эрэгтэйчүүдийн дунд хүний папиллома вирүсийн тархалтыг судалсан дүн** 16/38

EDITORIAL

- **Diagnosis, treatment and prevention of COVID-19** by *J.Oyunbileg*

18TH NATIONAL VIROLOGY CONFERENCE“CURRENT TOPIC OF VIROLOGY”

- Abervation
- Program

ABSTRACTS

ONE. LECTURES

- **COVID-19 and Vaccine** by *J.Oyunbileg*
- **Update on the global COVID-19 situation** by *Kim Mulholland*
- **Korean COVID-19 response and experience** by *Yujin Jeong*

TWO. ORAL PRESENTATIONS

- **Genomics study of the SARS-CoV-2 that caused the first wave of the COVID-19 pandemic in Mongolia** *Ts.Naranzul, F.Seiichiro, G.Tsogzolmaa, N.Bayasgalan, Ch.Khishigmunkh, N.Mina, W.Shinji, S.Ankhbayar, B.Tserendulam, B.Darmaa, L.Battur, P.Nymadawa*
- **Transmission of COVID-19 from humans to animals in Mongolia** *B.Uyanga, S.Mongonbagan, Sh.Suvd-Erdene, G.Ganzorig, D.Ganbold, D.Otgonbayar*
- **Evaluation of Immune Response after COVID-19 infection and vaccination** *J.Budjav, A.Byambajav, G.Yesuzaya, G.Uranbileg, S.Ankhtuya, D.Bayarjargal, Kh.Dorjkhand, B.Soyoloo, Ts.Uyanga, M.Orkhon, M.Ariunmaral, Kh.Bolor, J.Bolortuya, E.Tseepil, M.Mungunkhuyag, S.Munkhbayar, B.Munkhbat, J.Oyunbileg, Ts.Ganzorig, Ya.Amarjargal, Ts.Bilegtsaikhan*
- **Epidemiology and risk factors for pneumonia in adults in Ulaanbaatar** *Claire von Mollendorf*
- **How can we control respiratory syncytial virus and measles virus infections when the COVID-19 public health control measures are lifted?** *Lien Anh Ha Do*
- **Seroprevalence of SARS-CoV-2 in Mongolia, a prospective, age-stratified nationwide cohort** *Ch.Battogtokh, M.Undram, B.Batzorig, D.Zolzaya, E.Oyunsuren, A.Oyunbaatar, M.Battur, G.Anuijin, B.Otgonjargal, E.Gerelmaa, B.Batzaya, N.Khurelbaatar, D.Davaalkham, P.Nymadawa, E.Ryenchindorj, Linh-Vi Le*
- **Adverse events following immunization for COVID-19 in Mongolian** *D.Oyungere, Ch.Urtnasan, S.Altanchimeg, B.Gantsooj, A.Burmaa, O.Dashpagma, M.Tsogt*
- **Detection of SARS-CoV-2 S antibody in solid organ transplantation recipients of mongolia after mrna vaccination** *B.Oyunbileg, J.Sarantsetseg, D.Bayan-Undur*
- **Development of in-house ELISA kit based on the nucleocapsid protein to detect antibodies against SARS-CoV-2** *B.Tuul, O.Nomuun, D.Maral, B.Khurelsukh, E.Ariya, B.Nomin, D.Lhagvasuren, Ts.Naranzul, B.Darmaa, D.Gantulga, Ts.Oyunsuren*
- **Detection of SARS-COV-2 s antibody in solid organ transplantation recipients of mongolia after mRNA vaccination** *B.Oyunbileg, J.Sarantsetseg, D.Bayan-Undur*
- **Results of a study on the prevalence of human papillomavirus among Mongolian men** *D.Lkhamsuren, N.Khishigsuren, P.Naranjargal, P.Batgerel, B.Amarmend, N.Naranbat*

- Ц.Ариунаа, Т.Уянгаа, Н.Даваасүрэн, П.Вилайфон, И.Ноутлади, 16/38 • **Isolation and Phylogenetic analysis of canine parvovirus type 2** Ts.Ariunaa, T.Uyanga, N.Davaasuren, P.Vilaiphone, I.Noutlady, B.Naranbat, B.Chimedtseren, B.Boldbaatar, G.Nyamdavaa, Sh.Tumenjargal, Ch.Tungalag and Ts.Erdene-Ochir
- Б.Номин, Т.Халиунаа, Л.Алтантуяа, Б.Анхмаа, Б.Ичинхорлоо, 17/39 • **Results of production of A hepatitis specific immunoglobulin by chromatography** B.Nomin, T.Khaliunaa, L.Altantuya, B.Ankhmaa, B.Ichinkhorloo, J.Oyunbileg, B.Sainchimeg
- Б.Номин, Т.Халиунаа, Л.Алтантуяа, Б.Анхмаа, Б.Ичинхорлоо, 17/39 • **Comparative study of depression and fear for COVID-19 in hospitalized patients with COVID-19 in gobi-altai and zavkhan aimags** D.Usukhjargal, S.Batsaikhan
- Б.Номин, Т.Халиунаа, Л.Алтантуяа, Б.Анхмаа, Б.Ичинхорлоо, 18/40 • **Current status of vaccination against rabies and awareness and attitudes in population in gobi-altai and zavkhan province** D.Usukhjargal, D.Enkhtuvshin, S.Batsaikhan
- Д.Өсөхжаргал, С.Батсайхан Говь-алтай, завхан аймгийн 17/39 • **Determination of antibody responses following SARS-COV-2 vaccination** D.Maral, B.Khurelsukh, O.Nomuun, E.Ariya, B.Tuul, B.Nomin, Ts.Naranzul, B.Darmaa, D.Lkhagvasuren, D.Gantulga, Ts.Oyunsuren
- Д.Өсөхжаргал, Д.Энхтүвшин, Б.Чимэд-Очир, М.Мөнгөнцэцэг, 18/40 • **Association between MBL2 gene RS1800450 polymorphism and MBL protein** Ch.Altanshagai, L.Narantsetseg, S.Munkhbayarlakh, T.Buyankhuu
- Д.Марал, Б.Хурэлсүх, О.Номуун, Э.Арьяа, Б.Туул, Б.Номин, 19/40 • **Humoral immune response in health care workers after SARS-COV-2 vaccination** B.Oyunbileg, B.Urangoo, Ch.Bolor, J.Sarantsetseg
- Ц.Наранзул, Б.Дармаа, Д.Лхагвасүрэн, Д.Гантулга, 19/41 • **Hepatitis B virus E antigen and antibody detection in people who counted hepatitis B virus load** B.Namuunzul, N.Khishigsuren, N.Naranbat
- Ч.Алтаншагай, Л.Наранцэцэг, С.Мөнхбаярлах, Т.Буянхүү MBL2 20/41 • **Survey on HBV immunization coverage and immunity among health care workers in Mongolia** N.Naranzul, N.Khurelbaatar, B.Burmaajav, A.Enkhjargal, B.Tumurbat, O.Baatar
- Б.Оюунбилэг, Б.Урангоо, Ч.Болор, Ж.Саранцэцэг 20/41 • **Clinical manifestations of COVID-19 in children** B.Munkh-Undrakh, B.Tsolmon, D.Naranzul, L.Enkhsaikhan, S.Tsogtsaikhan, G.Khorolgarav, Ts.Chinbayar, G.Sarankhuu, B.Munkh-Undrakh, A.Indra, B.Namuun, S.Undariya, M.Serjmyadag, D.Tsedensodnom, R.Oyungere
- Б.Номуун, Э.Арьяа, Б.Туул, Б.Номин, Ц.Наранзул, 21/42 • **Prevalence of sexually transmitted infections among pregnant women attending an antenatal clinic** P.Tumendemberel, L.Munkh-Erdene, T.Khosbayar, J.Davaalkham, Sh.Myagmarsuren, N.Amarbayasgalan, G.Ichinkhorloo, J.Soyolmunkh
- Ч.Алтаншагай, Л.Наранцэцэг, С.Мөнхбаярлах, Т.Буянхүү MBL2 21/42 • **Integrated molecular epidemiologic analysis of HIV-1 cases diagnosed in Mongolia and its importance in public health** Z.Setsen, J.Davaalkham, O.Shinichi
- Б.Оюунбилэг, Б.Урангоо, Ч.Болор, Ж.Саранцэцэг 22/42 • **Surveillance study of viruses circulating 2010-2020 in Mongolia causing respiratory infection** Ts.Naranzul, N.Bayasgalan, S.Ankhbayar, Ch.Khishigmunkh, Kh.Batchimeg, B.Tserendulam, B.Gantsooj, B.Darmaa, J.Sarantuya, P.Nymadawa
- Н.Наранзул, Н.Хурэлбаатар, Б.Бурмаажав, А.Энхжаргал, 23/43 • **The result of surveillance for SARS-COV-2 nucleic acids, anti-infection immune system and clinical process among patients with COVID-19** S.Ankhbayar, Ts.Naranzul, G.Tsogzolmaa, N.Bayasgalan, G.Sarangua, Ch.Khishigmunkh, M.Uuganchimeg, B.Gantsooj, Ch.Khurelbaatar, B.Darmaa, L.Battur, S.Ariuntugs, L.Enkhsaikhan, P.Nymadawa
- Б.Мөнх-Ундрах, Б.Цолмон, Д.Наранзул, Л.Энхсайхан, 23/44 • **Results of active surveillance for delta variant of SARS-COV-2 in Mongolia** D.Oyungere, A.Burmaa, B.Darmaa, B.Enkhtuya, S.Ankhbayar, Ch.Tuvshintur, M.Tsogt, J.Nyamsuren
- С.Цогтсайхан, Г.Хоролгарав, Ц.Чинбаяр, Г.Саранхүү, Б.Мөнх- 24/44
- П.Түмэндэмбэрэл, Л.Мөнх-Эрдэнэ, Т.Хосбаяр, Ж.Даваалхам, 22/42
- З.Сэцэн, Ж.Даваалхам, О.Шиничи Монгол улсад бүртгэгдсэн 22/43
- Ц.Наранзул, Н.Баясгалан, С.Анхбаяр, Ч.Хишигмөнх, 23/43
- С.Анхбаяр, Ц.Наранзул, Г.Цогзолмаа, Н.Баясгалан, Г.Сарангуа, 23/44
- Д.Оюунгэрэл, Ж.Нямсүрэн, Б.Дармаа, Б.Энхтүяа, С.Анхбаяр, 24/44

- Ч.Түвшинтөр, Д.Бадрал, Т.Ууганжаргал, Ж.Нямсүрэн, Б.Соёлмаа, Д.Оюунгэрэл **КОВИД-19 батлагдсан тохиолдлын ойрын хавьтлын тархвар судлалын шинж чанар, халдварт өртсөн байдал** 24/45
- **Epidemiological characteristics of infection in COVID-19 close contacts in ulaabaatar city, Mongolia** Ch.Tuvshintor, D.Badral, T.Uuganjargal, J.Nyamsuren, J.Soyolmaa, D.Oyungerel
- Г.Цогзолмаа, С.Анхбаяр, Ц.Наранзул, Б.Пүрэвбат, Ч.Хишигмөнх, Н.Баясгалан, Б.Ганцоож, Б.Бумдэлгэр, Х.Батчимэг, А.Баярзаяа, Б.Дармаа **Монгол улсад хэрэглэж буй SARS-COV-2 вирусийн эсрэгтөрөгч илрүүлэх түргэвчилсэн оношлуурын мэдрэг чанарыг судалсан дүн** 25/45
- **Evaluation of rapid antigen tests to detect SARS-COV-2 in Mongolia** G.Tsogzolmaa, S.Ankhbayar, Ts.Naranzul, B.Purevbat, Ch.Khishigmunkh, N.Bayasgalan, B.Gantsooj, B.Bumdelger, Kh.Batchimeg, A.Bayarzaya, B.Darmaa
- Л.Чинзориг, Б.Цолмон, Б.Нямдулам, Н.Цэрэннадмид, Э.Оюунчимэг **КОВИД-19 болон сүрьеэ хавсарсан өвчлөлийн үхлийн түвшин** 25/45
- **The case fatality rate of Tuberculosis/COVID-19 co-infection** L.Chinzorig, B.Tsolmon, B.Nyamdulam, N.Tserennadmid, E.Oyunchimeg
- Б.Нямдулам, Д.Гаравням, Ц.Батзаяа, Г.Оюунчимэг, Э.Оюунчимэг **ХӨСҮТ-ийн сүрьеэгийн клиникт бүртгэгдсэн КОВИД-19 халдварын дэгдэлтийн судалгаа** 26/46
- **COVID-19 Outbreak at the tuberculosis clinic, NCCD** B.Nyamdulam, D.Garavnyam, Ts.Batzaya, G.Oyunchimeg, E.Oyunchimeg
- Б.Төгөлдөр, Б.Анхмаа, С.Ариунтөгс, Т.Халиунаа, Д.Сугаржав, Б.Ичинхорлоо **0-5 насны эрүүл хүүхдийн дундах энтеровирусийн эргэлтийг сүүлийн арван жилээр судалсан дүн** 26/46
- **Study on the rate of Enterovirus infection among children of age between 0 to 5 for the last decade** B.Tuguldur, B.Ankhmaa, S.Ariuntugs, T.Khaliunaa, D.Sugarjav, B.Ichinkhorloo
- Б.Номин-Эрдэнэ, Б.Төгөлдөр, Б.Анхмаа, С.Ариунтөгс, Т.Халиунаа, Ц.Сайнбаяр, Д.Сугаржав, О.Бүдханд, Д.Нандинцэцэг, Б.Номин, М.Гансмаа, Б.Хоролгарав, Б.Оюунсувд, Б.Ичинхорлоо **SARS-COV-2 вирус илрүүлэх лабораторийн шинжилгээний дүн** 27/46
- **Laboratory test results for SARS-COV-2** B.Nomin-Erdene, B.Tuguldur, B.Ankhmaa, S.Ariuntugs, T.Khaliunaa, Ts.Sainbayar, D.Sugarjav, O.Budkhand, D.Nandintsetseg, B.Nomin, M.Gansmaa, B.Khorolgarav, B.Oyunsuvd, B.Ichinkhorloo
- Т.Халиунаа, Б.Анхмаа, Б.Төгөлдөр, Д.Сугаржав, С.Ариунтөгс, Б.Ичинхорлоо **Бохир усны дээжид полио болон полио-бус энтеровирус илрүүлсэн дүн** 27/47
- **Detection of polio and non-polio enteroviruses in wastewater** T.Khaliunaa, B.Ankhmaa, B.Tuguldur, D.Sugarjav, S.Ariuntugs, B.Ichinkhorloo
- Э.Мөнхтуяа, Б.Отгонжаргал, Э.Болормаа, Б.Ичинхорлоо, Н.Цогбадрах, Л.Баттөр, Н.Хүрэлбаатар, Ч.Баттогтох **SARS-COV-2-ийн өвөрмөц мутацийг бодит хугацааны урвуу транскрипцийн полимеразын гнижин урвалын аргаар илрүүлсэн дүн** 27/47
- **Detection of SARS-COV-2 specific mutations by real time RT-PCR** E.Munkhtuya, B.Otgonjargal, E.Bolormaa, B.Ichinkhorloo, N.Tsogbadrakh, L.Battur, N.Khurelbaatar, Ch.Battogtokh

СУДАЛГАА ШИНЖИЛГЭЭ

- Д.Оюунгэрэл, А.Бурмаа, Б.Дармаа, Б.Энхтуяа, С.Анхбаяр, М.Цогт, Ж.Нямсүрэн **SARS-COV-2 вирусийн дельта хувилбараар монголд халдварласан тохиолдлын тархвар судалгаа** 48/115
- **Results of active surveillance for delta variant of SARS-COV-2 in Mongolia** D.Oyungerel, A.Burmaa, B.Darmaa, B.Enkhtuya, S.Ankhbayar, Ch.Tuvshintur, M.Tsogt, J.Nyamsuren
- Д.Оюунгэрэл, Ч.Уртнасан, С.Алтанчимэг, Б.Ганцоож, О.Даашпама, М.Цогт, А.Бурмаа **КОВИД-19 халдварын эсрэг дархлаажуулалтын дараах урвалыг тандан судалсан дүн** 57/115
- **Adverse events following immunization for COVID-19 in Mongolia** D.Oyungerel, Ch.Urtnasan, S.Altanchimeg, B.Gantsooj, A.Burmaa, O.Dashpagma, M.Tsogt
- Ч.Түвшинтөр, Д.Оюунгэрэл, Д.Бадрал, Т.Ууганжаргал, Ж.Нямсүрэн **Улаанбаатар хотод бүртгэгдсэн КОВИД-19 халдварын батлагдсан тохиолдлын ойрын хавьтлын халдварт өртсөн байдал** 70/116
- **Epidemiological characteristics of infection in COVID-19 close contacts in Ulaabaatar city, Mongolia** Ch.Tuvshintor, D.Badral, T.Uuganjargal, J.Nyamsuren, J.Soyolmaa, D.Oyungerel
- Ц.Наранзул, Ф.Сей-Ичиро, Г.Цогзолмаа, Н.Баясгалан, Ч.Хишигмөнх, Н.Мина, В.Шинжи, С.Анхбаяр, Б.Цэрэндулам, Б.Дармаа, Л.Баттөр, П.Нямдаваа **Монгол улсад КОВИД-19 цартахлын эхний давалгаа үүсгэсэн SARS-COV-2 вирусийн геномын шинжийг судалсан дүн** 80/117
- **Genomics study of the SARS-COV-2 that caused the first wave of the COVID-19 pandemic in Mongolia** Ts.Naranzul, F.Seiichiro, G.Tsogzolmaa, N.Bayasgalan, Ch.Khishigmunkh, N.Mina, W.Shinji, S.Ankhbayar, B.Tserendulam, B.Darmaa, L.Battur, P.Nymadawa
- Ц.Наранзул, Н.Баясгалан, С.Анхбаяр, Ч.Хишигмөнх, Х.Батчимэг, Б.Цэрэндулам, Б.Ганцоож, Г.Нямаа, Б.Дармаа, Ж.Сарантуяа, П.Нямдаваа **Монгол улсад 2010-2020 онд вирусийн шалтгаант амьсгалын замын халдвар үүсгэгчдийн тандалт судалгаа** 86/117
- **Surveillance study of viruses circulating 2010-2020 in mongolia causing respiratory infection** Ts.Naranzul, N.Bayasgalan, S.Ankhbayar, Ch.Khishigmunkh, Kh.Batchimeg, B.Tserendulam, B.Gantsooj, B.Darmaa, J.Sarantuya, P.Nymadawa
- Г.Цогзолмаа, С.Анхбаяр, Ц.Наранзул, Б.Пүрэвбат, Ч.Хишигмөнх, Н.Баясгалан, Б.Ганцоож, Б.Бумдэлгэр, Х.Батчимэг, Б.Дармаа **Монгол улсад хэрэглэж буй SARS-COV-2 вирусийн антиген илрүүлэх түргэвчилсэн оношлуурын мэдрэг чанарыг судалсан дүн** 103/118
- **Evaluation of rapid antigen tests to detect SARS-COV-2 in Mongolia** G.Tsogzolmaa, S.Ankhbayar, Ts.Naranzul, B.Purevbat, Ch.Khishigmunkh, N.Bayasgalan, B.Gantsooj, B.Bumdelger, Kh.Batchimeg, B.Darmaa

АБАЛНЫ БИЧИГ БАРИМТ

- **Коронавирус халдварын үед авч хэрэгжүүлэх арга хэмжээг эрчимжүүлэх тухай** 109

БОДРОЛ, БЯСАЛГАЛ

- **Л.Энхбаатар** **Эрдмийн их далайд уруу татсан хоёр ах минь буюу Монголд хелиобиологийн шинжлэх ухаан үүссэн нь** 112

ENGLISH ABSTRACTS OF THE ORIGINAL RESEARCHER ARTICLES

- **Results of active surveillance for delta variant of SARS-COV-2 in Mongolia** D.Oyungerel, A.Burmaa, B.Darmaa, B.Enkhtuya, S.Ankhbayar, Ch.Tuvshintur, M.Tsogt, J.Nyamsuren
- **Adverse events following immunization for COVID-19 in Mongolia** D.Oyungerel, Ch.Urtnasan, S.Altanchimeg, B.Gantsooj, A.Burmaa, O.Dashpagma, M.Tsogt
- **Epidemiological characteristics of infection in COVID-19 close contacts in Ulaabaatar city, Mongolia** Ch.Tuvshintor, D.Badral, T.Uuganjargal, J.Nyamsuren, J.Soyolmaa, D.Oyungerel
- **Genomics study of the SARS-COV-2 that caused the first wave of the COVID-19 pandemic in Mongolia** Ts.Naranzul, F.Seiichiro, G.Tsogzolmaa, N.Bayasgalan, Ch.Khishigmunkh, N.Mina, W.Shinji, S.Ankhbayar, B.Tserendulam, B.Darmaa, L.Battur, P.Nymadawa
- **Surveillance study of viruses circulating 2010-2020 in mongolia causing respiratory infection** Ts.Naranzul, N.Bayasgalan, S.Ankhbayar, Ch.Khishigmunkh, Kh.Batchimeg, B.Tserendulam, B.Gantsooj, B.Darmaa, J.Sarantuya, P.Nymadawa
- **Evaluation of rapid antigen tests to detect SARS-COV-2 in Mongolia** G.Tsogzolmaa, S.Ankhbayar, Ts.Naranzul, B.Purevbat, Ch.Khishigmunkh, N.Bayasgalan, B.Gantsooj, B.Bumdelger, Kh.Batchimeg, B.Darmaa

OFICIAL DOCUMENTS

- **Intensification of response during COVID-19 pandemic**

CONTEMPLATIONS AND REFLECTIONS

- **My dearest brothers in science, who induced me into the vast ocean of knowledge and the emergence of heliobiological science in Mongolia** L.Enkhbaatar

РЕДАКЦИЙН ЗУРВАС

“ВИРУС СУДЛАЛЫН ТУЛГАМДСАН АСУУДЛУУД”
ҮНДЭСНИЙ АРВАН НАЙМ ДУГААР БАГА ХУРАЛ
2021 ОНЫ 10 ДУГААР САРЫН 15
УЛААНБААТАР ХОТ

Нэг. ХУРАЛ ЗОХИОН БАЙГУУЛАХ ХОРОО

Дарга: Ц.Билэгтсайхан, ХӨСҮТ-ийн ерөнхий захирал, АУ-ы доктор, дэд профессор

Дэд дарга: Ц.Эрдэнэ-Очир, Мал эмнэлгийн хүрээлэн, ХААИС-ийн Тэнхимийн эрхлэгч, мал эмнэлгийн ухааны доктор, МВСН-ийн дэд тэргүүн

Д.Энх-Амгалан, Монголын анагаах ухааны академийн ерөнхий эрдэмтэн нарийн бичгийн дарга
Н.Цогбадрах, Зоонозын Өвчин Судлалын Үндэсний Төв (ЗӨСҮТ)ийн захирал, анагаах ухааны доктор
Д.Нарантуяа, Нийгмийн Эрүүл Мэндийн Үндэсний Төв (НЭМҮТ)ийн захирал, анагаах ухааны доктор

Нарийн бичгийн дарга: Б.Дармаа, Монголын вирус судлалын нийгэмлэг(МВСН)ийн тэргүүн, ХӨСҮТ-ийн Вирус судлалын лабораторийн эрхлэгч, анагаах ухааны доктор, дэд профессор

Гишүүд: Д.Анхлан, ХБНГУ-ын Мюнстерийн их сургуулийн эрдэм шинжилгээний ажилтан, анагаах ухааны доктор, МВСН-ийн тэргүүлэгч

Н.Наранбат, “Гялс” анагаах ухааны төвийн гүйцэтгэх захирал, анагаах ухааны доктор, дэд профессор, МВСН-ийн тэргүүлэгч

Д.Абмэд, биологийн ухааны доктор

Д.Энхсайхан, Монголын вирус судлалын нийгэмлэгийн тэргүүлэгч гишүүн, биологийн ухааны доктор

Б.Ичинхорлоо, НЭМҮТ-ийн хүн амын генетик, биотехнологийн үйлдвэр судалгааны төвийн дарга, анагаах ухааны доктор

Г.Цогзолмаа, ХӨСҮТ-ийн Вирус судлалын лабораторийн вирус судлаач, анагаах ухааны доктор

Б.Жүгдэржав, ХӨСҮТ-ийн БЗДХ-ын тандалт судалгааны албаны их эмч, анагаах ухааны доктор

Г.Нямаа, ХӨСҮТ-ийн Вирус судлалын лабораторийн вирус судлаач, анагаах ухааны магистр, МВСН-ийн нарийн бичгийн дарга

Ш.Мягмарсүрэн, ХӨСҮТ-ийн БЗДХ-ын лабораторийн эрхлэгч, анагаах ухааны магистр, МВСН-ийн тэргүүлэгч

Хоёр. ХУРЛЫН РЕДАКЦИЙН ЗӨВЛӨЛ

Дарга: Ж.Оюунбилэг, Монголын вирус судлалын нийгэмлэг(МВСН)ийн дэд тэргүүн, академич, биологийн шинжлэх ухааны доктор, профессор

Нарийн бичгийн дарга: Ц.Наранзул, ХӨСҮТ-ийн Вирус судлалын лабораторийн вирус судлаач, анагаах ухааны доктор

Гишүүд:

Ц.Оюунсүрэн, ШУАкадемийн биологийн хүрээлэнгийн молекул биологийн лабораторийн эрхлэгч, академич, биологийн шинжлэх ухааны доктор, профессор

М.Алтанхүү, анагаах ухааны доктор, дэд профессор, МВСН-ийн тэргүүлэгч

Д.Даваалхам, АШУҮИС, НЭМС-ийн захирал, анагаах ухааны доктор, профессор

Р.Оюунгэрэл, АШУҮИС, АУС-ийн Халдварт өвчин судлалын тэнхимийн эрхлэгч, анагаах ухааны доктор, дэд профессор

Ч.Баттогтох, АШУҮИС, БАС, Бичил амь судлалын тэнхимийн эрхлэгч, анагаах ухааны доктор, профессор, МВСН-ийн тэргүүлэгч

Д.Цэрэнноров, ЗӨСҮТ-ийн захиргаа, төлөвлөлт, хүний нөөц, статистикийн албаны дарга, биологийн ухааны доктор, МВСН-ийн тэргүүлэгч

Ч.Эрдэнэчимэг, анагаах ухааны доктор

Ч.Хишигмөнх, ХӨСҮТ-ийн Вирус судлалын лабораторийн вирус судлаач, анагаах ухааны магистр

Н.Баясгалан, ХӨСҮТ-ийн Вирус судлалын лабораторийн вирус судлаач, анагаах ухааны магистр

БАЙГУУЛЛАГУУДЫН НЭРИЙН ТОВЧЛОЛ БА ТАЙЛАЛ

МВСН	Монголын вирус судлалын нийгэмлэг, Улаанбаатар хот, Монгол улс
МАУА	Монголын анагаах ухааны академи, Улаанбаатар хот, Монгол улс
ХӨСҮТ	Халдварт өвчин судлалын үндэсний төв, Улаанбаатар хот, Монгол улс
НЭМҮТ	Нийгмийн эрүүл мэндийн үндэсний төв, Улаанбаатар хот, Монгол улс
МХСХ	Мурдохын Хүүхдийн Судалгааны Хүрээлэн, Австрали улс,
МИС	Мельбурны Их Сургууль, Австрали Улс
ЛЭАХОАУС	Лондонгийн Эрүүл Ахуй, Халуун Орны Анагаах Ухааны Сургууль, Их Британи улс
ӨХТ, БНСУ	Өвчний Хяналтын Төв, Бүгд Найрамдах Солонгос Улс
МЭС	Мал Эмнэлгийн Сургууль, Хөдөө Аж Ахуйн Их Сургууль, Улаанбаатар хот,
ХӨҮХ	Халдварт Өвчний Үндэсний Хүрээлэн, Токио хот, Япон Улс
ЗӨСҮТ	Зоонозын Өвчин Судлалын Үндэсний Төв, Улаанбаатар хот, Монгол улс
УХТЭ	Улсын Хоёрдугаар Төв Эмнэлэг, Улаанбаатар хот, Монгол улс
АУХ	Анагаах Ухааны Хүрээлэн, Улаанбаатар хот, Монгол улс
АШУҮИС	Анагаахын Шинжлэх Ухааны Үндэсний Их Сургууль, Монгол улс
ЭМЯ	Эрүүд Мэндийн Яам, Улаанбаатар хот, Монгол улс
УНТЭ	Улсын Нэгдүгээр Төв Эмнэлэг, Улаанбаатар хот, Монгол улс
БХ	Биологийн Хүрээлэн, Улаанбаатар хот, Монгол улс
МУИС	Монгол Улсын Их Сургууль, Улаанбаатар хот, Монгол улс
ХААИС	Хөдөө Аж Ахуйн Их Сургууль, Улаанбаатар хот, Монгол улс

**“ВИРУС СУДЛАЛЫН ТУЛГАМДСАН АСУУДЛУУД”
ҮНДЭСНИЙ АРВАН НАЙМ ДУГААР БАГА ХУРЛЫН ХӨТӨЛБӨР**

2021 оны 10 дугаар сарын 15, Баасан гараг Туушин Зочид буудал, Соёмбо танхим

08:30-09:00	Бүртгэл	Зохион байгуулагчид
I Хуралдаан: Модератор Дэд профессор Ц.Билэгтсайхан, ХӨСҮТ, Проф. Ж.Оюунбилэг, МВСН, НЭМҮТ		
09:00-09:05 09:05-09:10	Нээлт:	С.Энхболд, Эрүүл мэндийн сайд Дэд профессор Ц.Билэгтсайхан, ХӨСҮТ, Ерөнхий захирал
09:10-9:15	Мэндчилгээ	Академич П.Нямдаваа, МВСН, МАУА
09:15-09:45	Лекц 1: КОВИД-19 ба вакцин	Профессор Ж.Оюунбилэг, МВСН, НЭМҮТ
09:45-10:15	Лекц 2: КОВИД-19-ийн дэлхийн нөхцөл байдлын талаархи мэдээлэл	Профессор Ким Мулхолланд, МХСХ, МИС-Австрали, ЛЭАХОАУС-Англи улс
10:15-10:30	Асуулт, хариулт	Илтгэгчид
10:30-11:00	Цайны завсарлага: Зураг авахуулах, Ханын илтгэл/үзэсгэлэн	
II Хуралдаан, Модератор: Дэд профессор П.Эрдэнэ-Очир, МВСН, ХААИС, Дэд профессор Н.Наранбат, МВСН, “Гялс” Анагаах Ухааны Төв		
11:00-11:30	Лекц 3: КОВИД-19 цар тахлын эсрэг БНСУ-д авч хэрэгжүүлж буй хариу арга хэмжээ ба туршлага	Южин Жонг, Олон улсын харилцааны хэлтсийн захирал, ӨХТ, БНСУ
11:30-11:40	Илтгэл 1: Монгол Улсад КОВИД-19 цартахлын эхний давалгаа үүсгэсэн SARS-CoV-2 вирусийн геномын шинжийг судалсан дүн	Ц.Наранзул, Ф.Сей-Ичиро, Г.Цогзолмаа, Н.Баясгалан, Ч.Хишигмөнх, Н.Мина, В.Шинжи, С.Анхбаяр, Б.Цэрэндулам, Б.Дармаа, Л.Баттөр, П.Нямдаваа, ХӨСҮТ, ХӨҮХ, МАУА
11:40-11:50	Илтгэл 2: Монгол Улсад КОВИД-19 халдвар хүнээс амьтанд дамжсан тохиолдол	Б.Уянга, С.Мөнгөнбагана, Ш.Сувд-Эрдэнэ, Д.Ганзориг, Д.Ганболд, Д.Отгонбаяр, Н.Цогбадрах, ЗӨСҮТ
11:50-12:00	Илтгэл 3: КОВИД-19 халдвар болон вакцинжуулалтын дараах дархлаа тогтцыг тодорхойлсон дүн	Ж.Буджав, А.Бямбажав, Г.Есөнзаяа, Г.Уранбилэг, С.Анхтуяа, Д.Баяржаргал, Х.Доржханд, Б.Соёлоо, Ц.Уянга, М.Орхон, М.Ариунмарал, Х.Болор, Ж.Болортуяа, Э.Цээпил, М.Мөнгөнхуяг, С.Мөнхбаяр, Б.Мөнхбат, Ж.Оюунбилэг, Ц.Ганзориг, Я.Амаржаргал, Ц.Билэгтсайхан, УХТЭ, АУХ, АШУҮИС, НЭМҮТ, ХӨСҮТ
12:00-12:10	Илтгэл 4: Улаанбаатар хотын насанд хүрэгчдийн дунд уушгины хаггалгааны тархвар зүй ба эрсдэлт хүчин зүйлс	Доктор Клэйр вон Моллендорф, МХСХ, МИС-Австрали
12:10-12:20	Илтгэл 5: КОВИД-19 эрүүл мэндийн хяналтын арга хэмжээг цуцалсаны дараа амьсгалын замын синцитиаль вирус ба улаан бурханы халдварыг хэрхэн хянах вэ?	Лиен Анх Ха До, МХСХ, МИС-Австрали
12:10-12:40	Асуулт, хариулт	Илтгэгчид
12:40-14:00	Үдийн хоол, Ханын илтгэл/үзэсгэлэн үзэх	

III Хуралдаан, Модератор: Доктор Н.Цогбадрах, ЗӨСҮТ, Профессор Ц.Оюунсүрэн, МВСН, Биологийн Хүрээлэн, ШУА		
14:00-14:10	Илтгэл 6: SARS-COV-2 вирусийн эсрэг эсрэгбие илрүүлэх нуклеокапсид уурагт суурилсан фермент холбоот эсрэгбиеийн урвалын цомгийн судалгаа	Б.Туул, О.Номуун, Д.Марал, Б.Хүрэлсүх, Э.Арьяа, Б.Номин, Д.Лхагвасүрэн, Ц.Наранзул, Б. Дармаа, Д. Гантулга, Ц.Оюунсүрэн, БХ, МУИС, ХӨСҮТ
14:10-14:20	Илтгэл 7: Монгол Улсын хүн амын насны бүлэгт суурилсан шинэ коронавирусийн ийлдэс тархварзүйн когорт судалгаа	Ч.Баттогтох, М.Ундрам, Б. Батзориг, Д.Золзаяа, Э.Оюунсүрэн, А.Оюунбаатар, М.Баттөр, Г.Ануужин, Б.Отгонжаргал, Э.Гэрэлмаа, Б.Батзаяа, Н.Хүрэлбаатар, Д.Даваалхам, П.Нямдаваа, Э.Ренчиндорж, Лин-Ви Ле, АШУҮИС, ЭМЯ, МАУА, ДЭМБ
14:20-14:30	Илтгэл 8: КОВИД-19 халдварын эсрэг дархлаажуулалтын дараах урвалыг тандан судалсан дүн	Д.Оюунгэрэл, Ч.Уртнасан, С.Алтанчимэг, Б.Ганцоож, А.Бурмаа, О.Дашпагма, М.Цогт, ХӨСҮТ
14:30-14:40	Илтгэл 9: SARS-COV-2 илрүүлэх урвуу транскрипцын полимеразын гинжин урвалын оношлуур гаргаж, үр дүнг баталгаажуулсан нь	Ж.Зандраа, С.Золзаяа, Г.Жамба, Чорос-Онош ХХК
14:40-14:50	Илтгэл 10: Цуллаг эрхтэн шилжүүлэн суулгуулсан реципиентүүдэд Мрнх вакцины дараа anti-SARS-CoV2-с эсрэгбие тодорхойлсон нь	Б.Оюунбилэг, Ж.Саранцэцэг, Д.Баян-Өндөр, УНТЭ
14:50-15:20	Асуулт, хариулт	
15:20-15:40	Цайны завсарлага, Ханын илтгэл	Илтгэгчид
IV Хуралдаан, Модератор: Дэд профессор Б.Дармаа, МВСН, ХӨСҮТ, Профессор Д.Отгонбаатар, МВСН		
15:40-15:50	Илтгэл 11: Монгол эрэгтэйчүүдийн дунд хүний папиллома вирусийн тархалтыг судалсан дүн	Д.Лхамсүрэн, Н.Хишигсүрэн, П.Наранжаргал, П.Батгэрэл, Б.Амармэнд, Н.Наранбат, “Гялс” Анагаах Ухааны Төв
15:50-16:00	Илтгэл 12: Нохойн парвовирусийн филогенетик судалгаа	Ц.Ариунаа, Т.Уянгаа, Н.Даваасүрэн, П.Вилайфон, И.Ноутлади, Б.Наранбат, Б.Чимэдцэрэн, Б.Болдбаатар, Г.Нямдаваа, Ш.Түмэнжаргал, Ч.Тунгалаг, Ц.Эрдэнэ-Очир, ХААИС, МЭС
16:00-16:10	Илтгэл 13: А гепатитийн өвөрмөц иммуноглобулины үйлдвэрлэлд хроматографийн аргыг хэрэглэсэн үр дүн	Б.Номин, Т.Халиунаа, Л.Алтантуяа, Б.Анхмаа, Б.Ичинхорлоо, Ж.Оюунбилэг, Б.Сайнчимэг, НЭМҮТ
16:10-16:20	Асуулт/ хариулт	Илтгэгчид
16:30-17:00	Хаалтын үйл ажиллагаа	

ТОВЧЛОЛУУД**НЭГ. ЛЕКЦҮҮД****1.1. КОВИД-19 БА ВАКЦИН***Ж. Оюунбилэг, МАУА, МВСН, НЭМУТ*

Шинэ корона вирусийн (АцХаХ-2) цар тахал 2019 оны 12-р сард БНХАУ-ын Ухань хотод дэгдсэнээс хойш түүний эсрэг авч хэрэгжүүлж буй арга хэмжээнд дархлаажуулалтыг чухалчилан авч үзэж хэрэгжүүлж байна. Корона вирусийн овогт 40 гаруй вирус хамаардаг ба РНХ агуулсан вирусүүд дотроо 30000 х.н. агуулсан хамгийн том вирус юм. АцХаХ-2 нь хүний эсийн ангиотензин хувиргагч энзимд (АХЭ) холбогдох бөгөөд түүний илрэл нь хүүхдэд бага, нас ахих тусам ихсэх тул хүүхдийн өвчлөл хөнгөн явцтай байна. БНХАУ-ын Юнань мужийн гар далавчтаны багийн сарьсан багбаахайнаас вирус дамжсан байх магадлалтай боловч лабораториос алдагдсан байж болзошгүйг ДЭМБ үгүйсгэхгүй байна.

Вирусийн сэртэн уургийн эсрэг дархлаа үүсгэдэгт суурилсан вакцин бүтээсэн бөгөөд уламжлалт идэвхгүйжүүлсэн, үржлийнх нь генийг таслан авсан амьд аденовирусийг зөөгч болгон ашигласан вектор вакцин, вирусийн мэдээлэлийн РНХ-д суурилсан мРНХ вакцин вирусийн уурагт суурилсан вакцин гэж ангилж байна. Монголд ч гэсэн В хепатитын эсрэг идэвхгүйжүүлсэн вакцин гарган авч, цагаан цэцэг, В хепатит, аденовирус, энтеровирус 71-ийн рекомбинант омог гарган авчээ. Монгол улсын хүн амын 65%-ийг шинэ корона вирусийн эсрэг дархлаажуулсан боловч COVID-ын өвчлөлийг хяналтанд хараахан авч чадаагүй байна.

Дэлхий дахинд вакцины судалгаа өргөн хүрээтэй явж байгаа бөгөөд Монгол улсад ч гэсэн шинэ корона вирусийн эсрэг вакциныг уламжлалт идэвхгүйжүүлсэн аргаар үйлдвэрлэх, вектор вакциныг технологи дамжуулан авах замаар үйлдвэрлэж хэрэглэх боломжтой.

1.2. ДЭЛХИЙН КОВИД-19-ИЙН НӨХЦӨЛ БАЙДЛЫН ТАЛААРХИ МЭДЭЭЛЭЛ*Ким Мулхолланд, МХСХ, МИС-Австрали, ЛЭАХОАУС-Англи улс*

КОВИД-19 нь дэлхийн улс орнуудад ялгаатай байдлаар нөлөөлөв. Эхний үе шатанд Австрали,

Шинэ Зеланд, Монгол эсвэл Вьетнам зэрэг зарим улс орнууд Европ, Америк тивд тохиолдсон аймшигт үр дагавараас зайлсхийсэн мэт харагдаж байв. Ядуу буурай орнууд, ялангуяа Африкт энэ вирус илэрсэн боловч өртөлт бага байсан юм. Эхэндээ математик загварчлалаар хүн амын 60-70% нь дархлаатай буюу сүргийн дархлаатай болох үед вирус алга болно гэсэн таамаглал гаргаж байсан. Гэтэл вирус нь хариу үйлдэл үзүүлж, илүү халдвартай хэлбэрт шилжиж, цаашлаад маш халдвартай Дельта хувилбарт хүрч, бараг бүх улс оронд шинэ давалгаа үүсгэв. Энэтхэг улс 2020 оны сүүлчээр сүргийн дархлааг олж авсан мэт харагдаж байсан боловч 2021 оны 5-р сард гарсан КОВИД-19 халдвараар нас баралтын тоо 2020 оны оргил үеэс 4 дахин их байв. Одоо Энэтхэгт байдал тогтворжиж байна, гэхдээ дэлхийн бусад орнуудад байдал хэр байна вэ?

1.3 БНСУ-Д КОВИД-19 ЦАР ТАХЛЫН ЭСРЭГ АВЧ ХЭРЭГЖҮҮЛЖ БУЙ ХАРИУ АРГА ХЭМЖЭЭ БА ТУРШЛАГА*Юэжин Жонг, ӨХТ-БНСУ*

Бид БНСУ-д КОВИД-19 цар тахлын эсрэг авч хэрэгжүүлж буй хариу арга хэмжээний стратегид дүн шинжилгээ хийж үндсэн таван хэсэг хуваасан болно.

1. КОВИД-19-ийн өнөөгийн байдал, урьдчилсан таамаглал болон саяхан дахин өссөн тохиолдлуудын талаар, 2. БНСУ-д гадаадаас ирж буй зорчигчидод авсан хорио цээрийн талаар, 3. Аль болох олон хүн хамруулах замаар халдварыг эрт илрүүлсэн үйл ажиллагаа, төв болон орон нутгийн засаг захиргаатай хамтран халвдарын тархалтыг цогцоор нь хянасан, өвчтөнүүдийг эрүүл мэндийн тогтолцооны өнөөгийн чадавхид тохируулсан эмчилгээнд хамруулсан талаар, 4. Вакцинжуулалтын байдал, вакцины үр нөлөөний үнэлгээ, хүн амыг үндэсний хэмжээнд вакцинжуулалтын хөтөлбөрт оролцохыг уриалсан үйл ажиллагааны талаар, 5. Солонгост тулгарч буй сорилтууд, хэвийн байдалд шилжихийн тулд КОВИД-19-ийн хариу арга хэмжээтэй хэрхэн дасан зохицох талаар. Эдгээр бүрэлдэхүүн хэсгүүдэд бид үр ашгийг дээшлүүлэхийн тулд хөтөлбөрүүддээ хэрхэн МХТ-ийн салбартай хамтарч ажиллаж буйгаа харуулав.

ХОЁР. АМАН ИЛТГЭЛҮҮД

2.1. МОНГОЛ УЛСАД КОВИД-19 ЦАРТАХЛЫН ЭХНИЙ ДАВАЛГАА ҮҮСГЭСЭН SARS-COV-2 ВИРҮСИЙН ГЕНОМЫН ШИНЖИЙГ СУДАЛСАН ДҮН

*Ц.Наранзул¹, Ф.Сей-Ичиро², Г.Цогзолмаа¹,
Н.Баясгалан¹, Ч.Хишигмөнх¹, Н.Мина², В.Шинжиг²,
С.Анхбаяр¹, Б.Цэрэндулам¹, Б.Дармаа¹, Л.Баттөр¹,
П.Нямдаваа³*
¹ХӨСҮТ, ²Япон Улс-ХӨҮХ, ³МАУА

Монгол улсад КОВИД-19 халдварын анхны батлагдсан тохиолдол 2020 оны 3 сард зөөвөрлөгдсөн хэлбэрээр бүртгэгдсэн бол 2020 оны 11 сараас додоодын халдвар тархсан. Бид судалгаандаа анх манай улсад бүртгэгдсэнээс хойш нэг жилийн хугацаанд тархсан SARS-CoV-2 вирүсийн хувилбарыг судлахаар эмнэлзүйн 20 сорьцонд вирүсийн бүрэн геномын дараалал тогтоох шинжилгээ хийв. Судалгааны дүнгээр дотоодын голомтолсон халдвар тархахаас өмнө буюу 2020 оны 11 сар хүртэлх хугацаанд илэрсэн SARS-CoV-2 вирүсийн гадаргуугийн гол эсрэгтөрөгч болох S уурагт аминхүчлийн A845S, R273S, D614G, D138Y, M153T, D839Y өөрчлөлтүүд илэрсэн бол 2020 оны 12 сарын 09-нөөс V143F, D614G, P681H өөрчлөлтүүд, 12 сарын 26-наас V143F, D614G, S640F, P681H өөрчлөлтүүд бүхий вирүсийн омгууд өвчлөл үүсгэн тархсан байна. КОВИД-19 халдвар манай улсын дотоодод тархахаас өмнө SARS-CoV-2 вирүсийн Ухань төст хувилбар голлон илэрч байсан бол дотоодын халвар тархаж эхэлснээс хойш вирүсийн гадаргуугийн S уургийн аминхүчлийн V143F, S640F өөрчлөлттэй шинэ хувилбар өвчлөл үүсгэсэн байна.

2.2. МОНГОЛ УЛСАД КОВИД-19 ХАЛДВАР ХҮНЭЭС АМЬТАНД ДАМЖСАН ТОХИОЛДОЛ

*Б.Уянга, С.Мөнгөнбагана, Ш.Сувд-Эрдэнэ,
Д.Ганзориг, Д.Ганболд, Д.Отгонбаяр, Н.Цогбадрах
ЗӨСҮТ*

2021 оны 08-р сарын байдлаар 19 оронд 8 зүйлийн амьтдад (нохой, муур, булга, халиу, буга, бар, арслан, горилло) Коронавирүст (КОВИД-19) халдвар авч, өвчилсөн байна (www.Oie.int). 2021 оны 8-р сарын 6-нд Минж нутагшуулах төвийн минжинд Коронавирүст халдварын сэжигтэй шинж тэмдэг илэрч, 2 минж үхсэн гэсэн дуудлагын дагуу ЗӨСҮТ-ийн баг очиж, 7 минж, амьтан маллагчаас сорьц авч

шинжлэхэд КОВИД-19 халдвараар өвчилсөн болох нь батлагдсан тул тархвар судалгаа хийлээ.

Үр дүн: Минж нутагшуулах төв нь дарга, малын эмч, биологич, жолооч, 4 амьтан маллагч нарын бүрэлдэхүүнтэй нийт 8 ажилтантай. Дарга, жолооч 6, малын эмч КОВИД-19 халдвараар өвчилсөн.

Амьтан маллагч нар ажил дээрээ гэр бүлээрээ байрлаж ажилладаг. Эхний амьтан маллагчид 7-р сарын 29-нд, дараагийн амьтан маллагчид 8-р сарын 1-нд шинж тэмдэг илэрсэн. Улмаар 8-р сарын 4-6-ны хороонд гэр бүлийн 3 хүнд шинж тэмдэг илэрсэн. Малын эмч 8-р сарын 1-нд ажилдаа орсон. Тус өдөр малын эмч, биологич, амьтан маллагч нар бүгд минжүүдийг бүлээр нь ээлжлэн нэг тороор зөөж гадаа усан санд гаргасан. 8-р сарын 3-наас нэг минж, 4-нөөс дахин нэг минж үхсэн тул үзлэг хийхэд ихэнхи минжид шинж тэмдэгтэй байсан.

8-р сарын 6-нд ЗӨСҮТ-ийн шинжилгээгээр амьтан маллагч “Г” болон минжүүд, 8-р сарын 10-д биологич, амьтан маллагч “БХ” болон түүний хүүхэд, батлагдсан. 8-р сарын 12-д малын эмч тус тус батлагдсан.

Дүгнэлт: Уг голомтонд хүнээс минжинд халдвар дамжсан бөгөөд нууц үеийн хугацаа хүнээс хүнд 3 хоног, хүнээс минжид 2 хоног байв. Энэ нь тухайн голомтонд КОВИД-19-ийн Дельта хувилбар эргэлдэж байх боломжтой тул цаашид нарийвчлан судалж байна.

2.3. КОВИД-19 ХАЛДВАР БОЛОН ВАКЦИНЖУУЛАЛТЫН ДАРААХ ДАРХЛАА ТОГТЦЫГ ТОДОРХОЙЛСОН ДҮН

*Ж.Буджаа¹, А.Бямбажав¹, Г.Есөнзаяа¹, Г.Уранбилэг¹,
С.Анхтуяа¹, Д.Баяржаргал¹, Х.Доржханд¹,
Б.Соёлоо¹, Ц.Уянга¹, М.Орхон¹, М.Ариунмарал¹,
Х.Болор¹, Ж.Болортуяа¹, Э.Цээпил¹, М.Мөнгөнхуяг¹,
С.Мөнхбаяр², Б.Мөнхбат³, Ж.Оюунбилэг⁴,
Ц.Ганзориг¹, Я.Амаржаргал¹, Ц.Билэгтсайхан^{1,5}
¹УХТЭ, ²АУХ, ³АШУҮИС, ⁴НЭМҮТ, ⁵ХӨСҮТ*

Одоогоор дэлхий нийтэд хэрэглэгдэж буй SARS-CoV-2-ийн вакцинууд нь вирүсийн титэм уургийн мэдээллийн РНХ-ийг ашиглах, вирүсийг идэвхгүйжүүлэх, аденовирүсийн векторт угсрах зэрэг технологиудыг ашиглаж байна. Бид уг судалгаагаар КОВИД-19-ийн халдвар болон 4 төрлийн вакцинжуулалтын дараах дархлааны хариу урвалыг үнэлэх зорилго тавьсан.

Мартериал, арга зүй: Вакцин хийлгэхээс өмнөх бүлэгт 100, 4 төрлийн вакцины хос тунд хамрагдсан

бүлэгт 334 (астразенека - 91, вероцелл - 112, спутник - 108, пайзер – 23), вакцинд хамрагдалгүйгээр КОВИД-19-ийн халдварт өртсөн бүлэгт 69, вакцины хос тунгийн дараа КОВИД-19-ийн халдварт өртсөн 54, нийт 557 хүнийг сайн дурын үндсэн дээр судалгаанд хамруулсан. Вакцины хос тунгаас хойш 14 хоног, 28 хоног, 2 сарын дараа, КОВИД-19-ийн шинж тэмдэг илэрснээс хойш 1-7 хоног, 8-14 хоног, 15-аас дээш хоногт эсрэгбиеийн түвшинг 3 төрлийн маркераар тус тус тодорхойлсон (Neutralizing antibody, S-RBD IgG, Total antibody). IL-6 цитокиний түвшинг Sysmex компаны Elecsys IL-6 (#49651502) оношлуур ашиглан Cobas-C501 бүрэн автомат анализатораар тодорхойлсон.

Үр дүн: Вакцины хос тунгийн дараах 14 хоногт эсрэгбиеийн түвшин хамгийн өндөр тодорхойлогдсон улмаар 1-2 сарын дараа аажим буурсан. Вакцин тус бүрээр дархлааны хариу урвал өдөөх чадвар нь ялгаатай буюу эсрэгбиеийн түвшин харилцан адилгүй тодорхойлогдсон Тухайлбал, вероцелл вакцины бүлэгт саармагжуулагч эсрэгбие 52/122 (43%), SRBD-IgG 98/122 (80%), нийт эсрэг биеийн түвшин 108/122 (89%) эерэг буюу дархлаа өрнүүлэх хэмжээнд тодорхойлогдсон. Өсвөр, залуу насны бүлгийг 60-аас дээш насны ахмадуудтай харьцуулахад дархлаа тогтцын түвшин өндөр байсан. Вакцинд хамрагдсаны дараа халдварт өртсөн бүлэгт эсрэгбесийн түвшин вакцинд хамрагдаагүй, халдварт өртсөн бүлгээс 3-4 дахин их байсан. Өвөрмөц бус дархлааны үндсэн маркер IL-6 нь КОВИД-19-ийн халдварын дараа эрт үед хамгийн ихээр тодорхойлогдсон.

Дүгнэлт: Вакцины хос тунгийн дараах 14 хоногт шингэний дархлааны хариу урвалыг илтгэх эсрэгбиеийн түвшин хамгийн өндөр тодорхойлогдсон бөгөөд улмаар аажим буурч байна. Вакцинжуулалтанд хамрагдсан хүмүүст эсрэгбиеийн түвшин вакцин тус бүрээр харилцан адилгүй байна. Өсвөр залуу насны хүмүүстэй харьцуулахад настангуудад дархлаа тогтцын түвшин бага байна. Вакцин хийлгэсэн болон хийлгээгүй бүлэгт КОВИД-19 халдварын дараах дархлааны хариу урвал 4 дахин ялгаатай байгаа нь SARS-COV-2 вирүсийн эсрэг дархлааны хариу урвалд вакцины идэвхийг харуулж байна. Түүнчлэн халдварын дараах дархлааны хариу урвалын эхэн үед IL-6 цитокиний нийлэгжилт өндөр байгаад улмаар эсийн, шингэний дархлааны хариу урвалын хожуу шатанд багасч байна.

2.4. УЛААНБААТАР ХОТЫН НАСАНД ХҮРЭГЧДИЙН ДУНД УУШГИНЫ ХАТГАЛГААНЫ ТАРХВАР ЗҮЙ БА ЭРСДЭЛТ ХҮЧИН ЗҮЙЛС

Клэйр вон Моллендорф, МХСХ, МИС-Австрали

Дэлхий дахинд уушгины хатгалгаа нь хүүхэд болон насанд хүрэгчдийн өвчлөл, нас баралтын тэргүүлэх шалтгаан болсоор байна. Насанд хүрэгчдийн уушгины хатгалгаа нь хэд хэдэн эмгэг төрөгчөөс шалтгаалдаг бөгөөд ихэнх нь томуугийн вирүс болон Streptococcus pneumoniae-с шалтгаалдаг. Өндөр нас, тамхи таталт, архины хэрэглээ, хавсарсан өвчин ба агаарын бохирдол зэрэг нь уушгины хатгалгааны эрсдэлт хүчин зүйл болдог. Манай судалгаа нь Улаанбаатар хотод 18 -аас дээш насны эмнэлэгт хэвтэн эмчлүүлж буй насанд хүрэгчдийн дунд уушгины хатгалгааны эзлэх хувь, тэдгээрийн нөхцөлдүүлэгч хүчин зүйлсийг тогтоох зорилготойгоор хийгдсэн юм.

Материал, арга зүй: Улаанбаатар хотын Сонгинохайрхан, Сүхбаатар, Баянзүрх, Чингэлтэй гэсэн дөрвөн дүүргийн 18-аас дээш насны өвчтөний тухай мэдээллийг эмнэлэгт суурилсан уушгины хатгалгааны тандалт судалгааны хөтөлбөрийн хүрээнд цуглуулсан болно. Тандалтын мэдээллийг 2015 оны 1-р сараас 2019 оны 2-р сар хүртэл, 2019 оны 3-р сараас 2022 оны 3-р сар хүртэлх хугацаанд хамруулж судалсан.

Амьсгалын замын эмгэгтэй бүх өвчтөнг үзлэгт хамруулан, уушгины хатгалгаа өвчний эмнэлзүйн шинж тэмдэг бүхий тохиолдлыг бүртгэв. Бүртгэлийн явцад эрсдэлт хүчин зүйлс болон өвчтөний тухай бусад нарийн мэдээллийг цуглуулсан. Зарим оролцогчдоос CXR, хамар хоолойн арчдас болон шээс цуглуулсан. Арчдас авч пневмококк, томуу болон АЗСВ тодорхойлох шинжилгээ хийсэн. Шээсэнд пневмококкийн серотип- өвөрмөц эсрэгтөрөгч илрүүлэх шинжилгээ хийв.

Үр дүн: 2015 оны 1-р сараас 2021 оны 8-р сарыг дуустал дөрвөн дүүргийн эмнэлэгт амьсгалын замын халдварын шалтгаанаар нийт 19568 хүн хэвтэн эмчлүүлсэн бөгөөд 6701 хүн уушгины хатгалгаатай байснаас 8% нь уушгины хатгалгааны хүнд хэлбэртэй байв.

Уушгины хатгалгаа нь улирлын онцлогтой байсан ба өвчлөлийн оргил үе 11-3-р сард, хамгийн бага тохиолдол 6-8-р сард бүртгэгдсэн байна. Уушгины хатгалгаа өвчний оргил үе нь 2019, 2020 оны томуугийн оргил үетэй давхцаж байв. Бүх

хэлбэрийн уушгины хатгалгааны хамгийн өндөр тохиолдол 65-аас дээш насны хүмүүст тохиолдсон байна. Өвчлөл, нас баралтын харьцаа бага байв. Нас, хүйс, согтууруулах ундааны хэрэглээ, ажил мэргэжил, ахуйн нөхцөл зэрэг шалтгаануудын аль нэг нь өвчний хүндрэлд нөлөөлж байсан нь батлагдсан. Амжиргааны доогуур түвшний амьдралтай хүмүүсийн суурь өвчин болон тамхидалт нь олон төрлийн шинжилгээгээр өвчний хүндрэлд нөлөөлдөг байна.

Дүгнэлт: Бид Монгол Улсын Улаанбаатар хотын дөрвөн дүүргийн 18-аас дээш насныханд уушгины хатгалгаа өвчний тархалтыг судлахад өвчлөл өвлийн улиралд, 65-аас дээш насны хүмүүст хамгийн өндөр байв. Зарим эрсдэлт хүчин зүйлс хүнд хэлбэрийн уушигны үрэвсэлтэй холбоотой байв. Энэ судалгаа нь тус нутгийн насанд хүрэгчдийн дунд зонхилох тохиолдох уушгины хатгалгааны шалтгааныг судалж буй анхны системчилсэн тандалт юм.

2.5. КОВИД-19 ЭРҮҮЛ МЭНДИЙН ХЯНАЛТЫН АРГА ХЭМЖЭЭГ ЦУЦАЛСАН ТОХИОЛДОЛД АМЬСГАЛЫН ЗАМЫН СИНЦИТИАЛЬ ВИРУС БА УЛААН БУРХАН ӨВЧНИЙ ХАЛДВАРЫГ ХЭРХЭН ХЯНАХ ВЭ?

Доктор Лиен Анх Ха До, МХСХ, МИС-Австрали

КОВИД-19 цартахал нь олон оронд, ялангуяа бага, дунд орлоготой орнуудын дархлаажуулалтын хөтөлбөрт ихээр нөлөөлсөн байна. Бага дунд орлогтой орнуудын хувьд КОВИД-19 цартахлаас өмнө улаанбурхан өвчний тохиолдол сэргэж байсан бол өндөр орлоготой хэд хэдэн оронд амьсгалын замын синцитиаль вирусийн (АЗСВ) халдварын огцом өсөлт саяханы КОВИД-19 халдвартай зэргэцэн бүртгэгдсэн байна. Улаанбурхан ба АЗСВ-ийн аль аль нь дэлхийн хүн ам, түүнчилэн хүүхдийн өвчлөл болон нас баралтын гол шалтгаан болсоор байна. Дэлхийн хамгийн эмзэг нөхцөл байдалд амьдарч буй олон сая хүүхдүүд одоогийн КОВИД-19-ын үед ч улаанбурхан болон АЗСВ-ийн хүнд хэлбэрийн халдвар авах эрсдэл өндөртэй байна. Энэ хямралаас урьдчилан сэргийлэхийн тулд яаралтай арга хэмжээ авах шаардлагатай.

2.6. МОНГОЛ УЛСЫН ХҮН АМЫН НАСНЫ БҮЛЭГТ СУУРИЛСАН ШИНЭ КОРОНАВИРУСИЙН ИЙЛДЭС ТАРХВАРЗҮЙН КОГОРТ СУДАЛГАА

*Ч.Баттогтох¹, М.Ундрам¹, Б. Батзориг¹, Д.Золзаяа¹, Э.Оюунсүрэн², А.Оюунбаатар¹, М.Баттөр¹, Г.Ануужин¹, Б.Отгонжаргал¹, Э.Гэрэлмаа¹, Б.Батзаяа¹, Н.Хүрэлбаатар¹, Д.Даваалхам¹, П.Нямдаваа³, Э.Ренчиндорж¹, Лин-Ви Ле⁴
¹АШУУИС, ²ЭМЯ, ³ВСМСЗ, ⁴ДЭМБ*

Монгол улсын хүн амын дунд цар тахлын шинэ коронавирүсийн (SARS-CoV-2) халдварыг ийлдэс судлалын аргаар тодорхойлж, тархварзүйн үзүүлэлт гаргах зорилгоор хүн амын насны бүлэгт суурилсан ийлдэс тархварзүйн проспектив , үндэсний хэмжээний, эсрэгбие эерэг тохиолдолдурт хугацааны дагах судалгааны загвараар хийгдэж байна. ДЭМБ-ын UNITY протоколын хүрээнд хийгдэж буй уг судалгаанд Монгол орны газар зүйн бүсчлэлийн Баруун (Баян-Өлгий, Завхан), Хангай (Булган, Баянхонгор), Төв (Сэлэнгэ, Дорноговь, Өмнөговь), Зүүн (Дорнод, Хэнтий) бүс нутаг, Улаанбаатар, Эрдэнэт хотод амьдарч байгаа хүн амыг олон шатат санамсаргүй түүвэрлэлтийн аргаар сонгон судалгааны ажлын эхний шатны (2020 оны 10-12 сар) болон хоёрдугаар шатны (2021 оны 1-3 сар), гуравдугаар шатны (2021 оны 5-6 сар) шинжлэгдэхүүнийг цуглуулав. Ийлдсэнд SARS-Co-2-ийн нийт эсрэг биеийн илэрц, титрийг (Wantai Total Ab, Kantaro Quantitative SARS-CoV-2 IgG Antibody RUO) тодорхойлов. Судалгаанд Монгол улсын 5000 иргэнийг насны 10 бүлэгт ангилж хамруулсан ба ийлдсийн эсрэгбиеийн титр түвшинг үнэлэхэд 2020 оны 10-12 сарын байдлаар Монгол улсын хүн амын дунд SARS-CoV-2-ийн эсрэг эсрэгбиеийн илэрц 1.44% байсан бол 3 сарын дараа тухайн хүн амын 90,6% нь шинжилгээнд хамрагдаж ийлдэс эерэг үзүүлэлт 1.63% болж өссөн бол 2021 оны 5-6 сард судалгааны бүлгийн хүн амын 85,1% нь шинжилгээнд хамрагдаж ийлдсийн эсрэг биеийн илэрц 51.6% болж өссөн байна. Монгол улсын хүн амын дунд цар тахлын шинэ коронавирүсийн ийлдэс эерэг хувь 2020 онд маш бага түвшинд байсан бол 2021 оны 6 сарын байдлаар халдварын улмаас болон вакцинжуулалтын үр дүнд ийлдэс тархалтын эзлэх хувь эрс нэмэгдсэн байна.

2.7. КОВИД-19 ХАЛДВАРЫН ЭСРЭГ ДАРХЛААЖУУЛАЛТЫН ДАРААХ УРВАЛЫГ ТАНДАН СУДАЛСАН ДҮН

Д.Оюунгэрэл, Ч.Уртнасан, С.Алтанчимэг, Б.Ганцоож, А.Бурмаа, О.Дашнагма, М.Цогт ХӨСҮТ

Монгол улс 2021 оны 2 сарын 23-ны өдрөөс эхлэн КОВИД-19-ын эсрэг вакцинаар хүн амаа дархлаажуулж эхэлсэн ба 2021 оны 8 дугаар сарын 30-ны байдлаар 4 төрлийн вакцинаар зорилтот бүлгийн хүн амын 94.8%-ийг эхний тунгаар, 88.3%-ийг хоёр дахь тунгаар дархлаажуулаад байна.

Монгол улсын хүн амын дунд КОВИД-19 халдварын эсрэг вакцинжуулалтын дараа илэрсэн урвал хүндрэлийг тандан судалж, бусад улс орнуудтай харьцуулан, КОВИД-19 вакцины аюулгүй байдал, түүний үүсгэх урвал, хүндрэлээс хэрхэн сэргийлэх тухай зөвлөмжинд хувь нэмэр оруулах нь энэхүү судалгааны зорилго юм.

Вакцин тус бүрээр 1000 хүн байхаар тооцож 2021 оны 2 дугаар сарын 23-наас 6 дугаар сарын 1-нийг хүртэлх хугацаанд вакцинжуулалтанд хамрагдсан хүмүүсээс санамсаргүй түүврийн аргаар 4,000 хүнийг сонгон авч судалгаанд хамруулсан. ДДУХ-ын тандалтын тогтолцоог түшиглэн эргэмж байдлаар болон идэвхтэй тандалт хэлбэрээр, АНУ-ын Өвчний сэргийлэлтийн төв, Даян дэлхийн эрүүл мэндийн төлөө ашгийн бус байгууллагын санхүүжилтээр хийж гүйцэтгэсэн. Нийтдээ 40 судлаач (резидент эмч, ХӨСҮТ-ийн ХӨТСА-ны халдвар судлагч эмч нар)-ийг сургаж, мэдээллийг 7 хоногийн дотор утсаар цуглуулсан.

Үр дүн: Нийт 3,994 хүний мэдээлэл дээр дүн шшинжилгээ хийлээ. Вакцинжуулалтын дараа түгээмэл илрэх хөнгөн урвал 1-р тунгийн дараа 2,253 (56.4%) хүнд, 2-р тунгийн дараа 345 (8.6%) хүнд илэрсэн байна. Түгээмэл урвал вакцин тариулснаас хойш дунджаар 1.5 хоногийн дараа илэрсэн. 1-р тунгийн дараа АстраЗенека-Ковишилд вакцинд хамрагдсан хүмүүсийн 79%-д нь түгээмэл илрэх хөнгөн урвал илэрсэн нь бусад 3 вакцинтай харьцуулахад хамгийн өндөр байсан байна. Вакцин тарьсны дараа тарьсан газар хөндүүрлэх (1-р тун 26.9%, 2-р тун 18.4%), толгой өвдөх (1-р тун 19.9%, 2-р тун дараа 11.5%), 390С-ээс доош халуурах (1-р тун 14.9%, 2-р тун 5.1%), бие зарайх (1-р тун 12.5%, 2-р тун 5%), үе мөчөөр өвдөх (1-р тун 10.4%, 2-р тун 4.7%), ядрах (1-р тун 10%, 2-р тун 5.9%), нойр ихээр хүрэх (1-р тун 6.2%, 2-р тун 3.7%), булчин өвдөх (1-р тун 5.9%, 2-р тун 2.1%), дотор муухайрах (1-р

тун dose 3.6%, 2-р тун 1.7%) шинж тэмдэг нийтлэг илэрсэн байна. Хүнд урвалаас лимфаденит (1-р тун 0.3%, 2-р тун 0.2%), 390С хэмээс дээш халуурах (1-р тун 0.9%, 2-р тун 0.4%), амьсгал давчдах (1-р тун 0.2%, 2-р тун 0.2%), арьсны харшлын урвал (1-р тун 0.1%, 2-р тун 0.1%), нүүрний болон бүх биеийн хаван (1-р тун 0.1%) илэрсэн байна.

Дүгнэлт: Манай судалгаанд АстраЗенека-Ковишилд, Вероцелл, Комирнэти, Гам-КОВИД-Вак вакцинаар вакцинжуулагдсан иргэдийн дунд илрэх ДДУХ вакциныг ханган нийлүүлж буй үйлдвэрлэгч байгууллагаас вакцинтай хамт дагалдан ирдэг зааварт тусгасан ДДУХ-тэй харьцуулахад давтамжийн хувь бага байна. Нойр ихээр хүрэх, даралт ихсэх, толгой эргэх, гар хөл бадайрах шинж манай судалгааны хүн амд нийтлэг илэрсэн нь бусад улсын судалгаатай харьцуулахад онцлог байв.

2.8. SARS-COV-2 ИЛРҮҮЛЭХ УРВУУ ТРАНСКРИПЦЫН ПОЛИМЕРАЗЫН ГИНЖИН УРВАЛЫН (УТ-ПГУ) ОНОШЛУУР ГАРГАЖ, ҮР ДҮНГ БАТАЛГААЖУУЛСАН НЬ

Ж.Зандраа, С.Золзаяа, Г.Жамба Чорос-Онош ХХК

Коронавируст халдварын тархалт дэлхий даяар нэмэгдсэн хэвээр байна. Бодит хугацааны полимеразын гинжин урвал (rRT-PCR) нь коронавирусийг оношлох алтан стандарт юм. Шинжилгээнд хуурамч сөрөг болон хуурамч эерэг үр дүн гарах, оношлуурын мэдрэг чанар бага байх зэргээр шинжилгээнд эргэлзээ гардаг тул одоо хэрэглэж байгаа аргуудыг сайжруулах шаардлагатай байна. Бид шинээр оношлуур гаргаж, үр дүнгээ баталгаажуулсан талаарх өөрсдийн судалгаагаа толилуулж байна. Энэ оношлуур нь SARS-CoV-2 вирүсийн N болон Orf1ab гэсэн хоёр генийг байболгон ашиглана. Түүнчлэн хүний RnaseP генийг дотоод хяналт болгон ашигласан. Энэхүү оношлуурыг AccuPlex SARS-CoV-2 лавлагааны цомог болон хүний mPHX ашиглан туршиж судалсан. Лавлагааны материалыг оношлуурын урвалж чанарын судалгаа болон илрүүлэх доод хязгаарыг (LOD) тогтооход ашигласан. Мөн оношлуурыг эмнэлзүйн сорьцууд дээр (n=350; POS=200/NEG= 50, хамар залгиурын арчдасаас ялгасан PHX) Sansure novel CoV-2019 PCR оношлууртай харьцуулан судалгаа хийж баталгаажуулсан. Энэхүү оношлуурын үзүүлэлтүүд Sansure novel CoV-2019 pcr kit оношлууртай нийцэл сайтай байгааг туршилтаар баталсан. Бидний гаргаж

авсан оношлуурын мэдрэг чанар 98.25% (95% CI: 90.61–99.96%), өвөрмөц чанар 98.92% (95% CI: 94.15–99.97%) байсан.

Дүгнэлт: Бидний гаргаж авсан оношлуураар вирүсийн хоёр генийн хэсгийг илрүүлэх боломжтой. Оношлуурын энэ загвар нь өндөр мэдрэг болон өвөрмөцөөр оношилгоо хийх боломжтойг батлав.

2.9. SARS-COV-2 ВИРҮСИЙН ЭСРЭГ ЭСРЭГБИЕ ИЛРҮҮЛЭХ НУКЛЕОКАПСИД УУРАГТ СУУРИЛАСАН ФЕРМЕНТ ХОЛБООТ ЭСРЭГБИЕИЙН УРВАЛЫН (ФХЭБУ) ЦОМГИЙН СУДАЛГАА

*Б.Туул¹, О.Номуун¹, Д.Марал¹, Б.Хүрэлсүх¹, Э.Аръяа¹,
Б.Номин¹, Д.Лхагвасүрэн², Ц.Наранзул³, Б. Дармаа³,
Д. Гантулга¹, Ц. Оюунсүрэн¹
¹БХ, ²МУИС, ³ХӨСҮТ*

Шинэ зүйлийн коронавирус буюу амьсгалын почмог халтай хам шинжийн вирус-2 (SARS-CoV-2) нь 2019 оны 12-р дугаар сард анх бүртгэгдсэн ба түүнээс хойш дэлхий даяар тархан цар тахлын хэмжээнд хүрээд байна. Монгол хүн амын дунд ч уг вирус тархсантай холбоотойгоор 2021 оны 2-р дугаар сараас хүн амыг дээрх вирүсийн халдварын эсрэг дархлаажуулах ажил эхлэж үүнд хэд хэдэн төрлийн вакциныг ашиглах болсон. Иймээс вакцинжуулалтын үр дүнг тодорхойлох, нийт хүн амын дундах дархлаа тогтоцын байдлыг судлах зорилгоор эсрэгбие илрүүлэх шинжилгээг хийх шаардлагатай юм. Манай Молекул биологийн лабораторид гарган авсан фермент холбоот эсрэгбиеийн урвалын (ФХЭБУ) оношлуур нь хүний биед SARS-CoV-2 вирүсийн эсрэг эсрэгбие үүссэн эсэхийг илрүүлэх боломжтой бөгөөд бид молекул биологийн орчин үеийн арга зүйг ашиглан SARS-CoV-2 вирүсийн Nuургийн генийн хэсгийг олшруулан тухайн уургийг бактерийн эсэд нийлэгжүүлж ялган N уургийн өвөрмөц чанарыг тодорхойлон арга зүйг тогтворжуулан оношлуур бэлэн болгосон. Судалгаанд уг оношлуур болон олон улсад хэрэглэж буй БНХАУ-ын Вантай компанийн SARS-CoV-2 IgG ELISA оношлуур ашиглан КОВИД-19 өвчнөөр өвдөөд эдгэсэн 200 хүний цусны ийлдсийн дээж болон уг өвчин гарахаас өмнө (2017 онд) цуглуулсан 76 хүний цусны ийлдсийн дээжинд SARS-CoV-2 вирүсийн эсрэг эсрэгбиеийг тодорхойлсон. Судалгааны дүнд бидний боловсруулсан оношлуураар IgG хоёрдогч эсрэгбие ашиглан SARS-CoV-2 вирүсийн эсрэг эсрэгбиеийг тодорхойлоход 200 дээжнээс 124 (64%)

дээжинд эсрэгбие илэрсэн бол Вантай компанийн оношлуурт 122 (62%) дээжинд эсрэгбие илэрч 78 дээжинд эсрэгбие илрээгүй. Харин уг вирус тархахаас өмнөх 76 дээжинд SARS-CoV-2 вирүсийн эсрэг эсрэгбие илрээгүй болно. Үүнээс манай боловсруулсан оношлуур нь зах зээлд хэрэглэгдэж буй Вантай компанийн оношлууртай харьцуулахад ижил мэдрэг чанар сайтай, цаашид судалгаа шинжилгээний ажилд хэрэглэх боломжтой гэж үзэв.

2.10. ЦУЛЛАГ ЭРХТЭН ШИЛЖҮҮЛЭН СУУЛГУУЛСАН РЕЦИПИЕНТҮҮДЭД мРНХ ВАКЦИНЫ ДАРАА ANTI-SARS-CoV2-S ЭСРЭГБИЕ ТОДОРХОЙЛСОН НЬ

Б.Оюунбилэг, Ж.Саранцэцэг, Д.Баян-Өндөр УНТЭ

Дархлаа дарангуйлах эм ууж буй цуллаг эрхтэн шилжүүлэн суулгуулсан хүмүүст SARS-CoV-2 вирүсийн халдвар КОВИД-19 өвчнийг үүсгэхдээ хүнд хэлбэрийн өвчлөл үүсгэдэг тул эдгээр хүмүүс нь өндөр эрсдэлт бүлэгт хамаардаг. Уг эрсдэлт бүлэгт вакцины эсрэгбиеийн хэмжээг тодорхойлох судалгаа хийж эрсдэлийг үнэлэх шаардлага байгаа нь бидний судалгаа хийх үндэслэл болж байгаа юм.

Материал, арга зүй: Энэхүү судалгаандаа бөөр шилжүүлэн суулгасан 17, элэг шилжүүлэн суулгасан 11 реципиентийг хамруулсан бөгөөд Pfizer вакцины хоёр тун хийлгэснээс 30±2 хоногийн дараах сорьцонд Elecsys, Cobas e411 анализатораар SARS-Cov-2 вирүсийн S уургийн эсрэгбиеийг шинжилсэн.

Үр дүн: Судалгаанд хамрагдсан 28 реципиентийн дундаж нас 52.5±12, хүйсийн хувьд эр 19 (67.8%), эм 9 (32.2%) байсан ба трансплантациас хойших дундаж хугацаа 6.3±5 жил байв. Бидний судалгаанд хамрагдсан цуллаг эрхтэн шилжүүлэн суулгуулсан хүмүүст Пфайзер вакцины хоёрдугаар тунгаас хойш 30±2 хоног реципиентүүдийн 19/28 (67.8%)–д S-IgG эерэг, дундаж титр 119.5±106.4 U/ml байлаа.

Дүгнэлт: Судалгааны үр дүнгээс харахад дархлаа дарангуйлах эмнүүд микофенолат, такролимус, кортикостеройд бүхий гурвалсан эмчилгээ хэрэглэх үед эсрэгбие үүсэлт буурч байна. Уг судалгаа нь реципиентүүд мРНХ вакцины 2 тунгийн дараа ч халдварын эрсдэлтэй хэвээр байгааг болон хүн тус бүрийн онцлогийг харгалзан вакцинжуулалт хийх шаардлагатайг харуулж байна.

2.11. МОНГОЛ ЭРЭГТЭЙЧҮҮДИЙН ДУНД ХҮНИЙ ПАПИЛЛОМА ВИРУСИЙН ТАРХАЛТЫГ СУДАЛСАН ДҮН

*Д.Лхамсүрэн, Н.Хишигсүрэн, П.Наранжаргал,
П.Батгэрэл, Б.Амармэнд, Н.Наранбат
“Гялс” Анагаах Ухааны Төв*

Умайн хүзүүний өмөнгийн тэргүүлэх шалтгаан болох хүний папиллома вирус (ХПВ)-ийн халдварын тархалтыг эмэгтэйчүүдийн дунд судалсан судалгаа элбэг байдаг боловч эрэгтэйчүүдийн дунд (ХПВ)-ийн тархалтыг судалсан судалгаа байхгүй байна.

Материал, арга зүй: 2019 оны 07-р сараас 02-ноос 2021 оны 07-р сарын 30-ний хооронд Гялс Анагаах Ухааны Төв (ГАУТ)-өөр үйлчлүүлж хүний папилломын вирус илрүүлэх шинжилгээ хийлгэсэн үйлчлүүлэгчдийн үрийн шингэн (ҮШ)- ний 89 сорьцод хийсэн шинжилгээний хариуг судалгааны материал болголоо. ҮШ-ийг 100 мл-ийн ариун саванд цуглуулж (Coran diagnostics, USA) тасалгааны хэмд зөөвөрлөн нуклейн хүчлийг STARMag 96 proprep C plate, Universal cartridge (Seegene, Korea) ашиглан үйлдвэрлэгчийн зааврын дагуу ялгав. AnuplexTM II HPV28 Detection kit (Seegene, Korea) буюу ХПВ-ийн 28 хэв шинж илрүүлэх цомог ашиглан олшруулалтыг хийв.

Үр дүн: Судалгаанд хамрагдсан 89 эрэгтэйчүүдийн 47.1% (42/89)-д нь ХПВ эерэг тодорхойлогдсон байна. Нийт эерэг гарсан сорьцыг ХПВ-ийн хавдар үүсгэх өндөр эрсдэлтэй (ӨЭ) болон бага эрсдэлтэй (БЭ) хэвшинжээр хуваан авч үзвэл ӨЭ-тэй хэвшинж илэрсэн сорьц 31.5%(28/89) байсан ба БЭ-тэй хэвшинж 29.2% (26/89) байв. ХПВ-ийн тархалтыг насны бүлгээр авч үзвэл 15-19 насанд 0% (0/2), 20-24 насанд 58.8% (10/17), 25-29 насанд 33.3% (3/9), 30-34 насанд 50% (14/28), 35-39 насанд 43.8% (7/16), 40-44 насанд 44.4% (4/9), 45-49 насанд 60% (3/5), 50+ насанд 0% (0/2) байв. Шинжилгээний үр дүнд ХПВ-ийн дан хэвшинжийн халдвартай 69% (29/42), хоёр хэвшинжээр давхар халдварласан 14,3% (6/42), гурван хэвшинжээр давхар халдварласан 4,8% (2/42), дөрвөн хэвшинжээр халдварласан 7,1% (3/42) ба 5 ба түүнээс дээш хэвшинжээр халдварласан 4,8% (2/42) байв. ХПВ-ийн хамгийн их тархалттай 6 хэвшинжид ХПВ-6 нь 10,1% (9/89), ХПВ-43 нь 6,7% (6/89), ХПВ-11 нь 6,7% (6/89), ХПВ-51 нь 6,7% (6/89), ХПВ-16 нь 5,6% (5/89), ХПВ-73 нь 5,6% (5/89) орж байна.

Дүгнэлт: Эрэгтэйчүүдийн 47.1% (42/89)-д нь ХПВ эерэг гарч байгаа нь өндөр үзүүлэлт бөгөөд

ХПВ-ийн эсрэг дархлаажуулалтад эрэгтэйчүүдийг хамруулах шаардлагатайг харуулж байна.

2.12. НОХОЙН ПАРВОВИРУСИЙН ФИЛОГЕНЕТИК СУДАЛГАА

*Ц.Ариунаа, Т.Уянгаа, Н.Даваасүрэн, П.Вилайфон,
И.Ноутлади, Б.Наранбат, Б.Чимэдцэрэн,
Б.Болдбаатар, Г.Нямдаваа, Ш.Түмэнжаргал,
Ч.Тунгалаг, Ц.Эрдэнэ-Очир, ХААИС, МЭС*

Парвовирусийн халдвараар бүх насны нохой өвчилдөг. Эмнэлзүйн шинж тэмдэг нь бөөлжих, цустай шингэн алдах зэргээр илэрдэг, үхлийн аюултай халдварт өвчин юм. Нохойн парвовирус үүссэн цагаасаа хойш генетикийн өөрчилөлтөнд орж НПВ-2а, НПВ-2b, НПВ-2с хувилбарууд бий болсон. Одоогийн байдлаар Монголд нохойн парвовирусийн генотипийн тархалтын талаарх мэдээлэл хязгаарлагдмал байна. Энэхүү судалгаагаар бид Улаанбаатар хотод нохойн парвовирусийн генотипийн тархалтыг судалсан.

Материал, арга зүй: Улаанбаатар хотын жижиг амьтадын эмнэлгээр үйлчлүүлж буй нохойнуудаас халуурах, цусархаг шингэнээр гүйлгэх, бөөлжих зэрэг эмнэлзүйн шинж тэмдэг үзүүлсэн нийт 42 нохойноос баасны дээж цуглуулсан. Парвовирусийн ДНХ-г ПГУ-аар илрүүлж, VP2 уургийн нуклеотидын (NGS) хийж бүтэн геномын дараалалыг тогтоож, филогенетик шинжилгээ хийсэн.

Үр дүн: Бид 42 дээжний 23-аас НПВ-ийг илрүүлсэн. Бидний хийсэн судалгааны үр дүнгээс харахад НПВ-2а ба 2с дэд хэвшилүүд дээжний 34.7% -д, НПВ-2b дэд хэвшил дээжнүүдийн 30.4%-д илэрсэн байна. VP2 уургийн нуклеотидын дарааллыг NGS хийж бүтэн геномын дараалалыг тогтоосон. Гэсэн хэдий ч НПВ-2с дэд хэвшил нь шинэ, өмнө нь мэдээлэгдээгүй мутаци болох Pro 580 Thr, Tyr 584 His тус тус солигдсон байгааг харуулсан. Нэмж дурдахад, нохойн VP2 нуклеотидын дараалалыг тогтоож, ген банкинд хадгалагдаж буй өгөгдөлтэй харьцуулан удмын модны зураглалыг гаргахад НПВ нь Хятадын омогтой ижил төстэй байна.

Дүгнэлт: Одоогийн байдлаар бидний судалгааны дүнгээс харахад Улаанбаатар хотод НПВ-2с дэд төрөл нь давамгайлж байна. Ялгаж авсан НПВ-2с дэд төрөл нь гарал үүсэл нь Хятадын омогтой ижил төстэй байна. Тиймээс Монгол дахь нохойн парвовирусийн хувьслыг анхаарч, вакцинжуулалтын стратеги боловсронгуй болгох, эпидемиологийн судалгааг нэмэгдүүлэх шаардлагатай байна.

2.13. А ХЕПАТИТИЙН ӨВӨРМӨЦ ИММУНОГЛОБУЛИНЫ ҮЙЛДВЭРЛЭЛД ХРОМАТОГРАФИЙН АРГЫГ ХЭРЭГЛЭСЭН ҮР ДҮН

*Б.Номин, Т.Халиунаа, Л.Алтантуяа, Б.Анхмаа,
Б.Ичинхорлоо, Ж.Оюунбилэг, Б.Сайнчимэг, НЭМҮТ*

Дэлхийн хөгжиж буй орнууд, түүний дотор Монгол улсын хүн амын дунд А вирүст хепатитийн өвчлөл түгээмэл бөгөөд энэ халдварын эсрэг хэрэглэж буй амьд, сулруулсан вакцин нь өртөг өндөр, түүний хяналт, аюулгүй байдлын асуудал анхаарал татсан хэвээр байна. Коронавирусийн цар тахалтай тэмцэж буй өнөө үед аливаа халдварын эсрэг үүссэн эсрэгбие, тухайлбал цусны ийлдэснээс ялгасан иммуноглобулины ач холбогдол, хэрэглээ дэлхий дахинд сэргэх хандлага ажиглагдаж байна. Нөгөө талаас цусны бэлдмэлийн аюулгүй байдлыг улам сайжруулах нь чухал ач холбогдолтой болж байна. Прекалликрейн нь цус бүлэгнэлтийн фактор бөгөөд түүний хэмжээ багасах тусам цусанд агуулагдах өөхний хүчил буурч улмаар цусны бүлэгнэлт буурдаг. Иймд сүүлийн үед цуснаас гарган авсан биобэлдмэл нь прекалликрейн агуулаагүй байхад анхаарч, түүнийг зайлуулах, идэвхгүй болгох аргыг эрэлхийлж байна. Бид хроматографийн аргыг ашиглан А хепатитийн өвөрмөц иммуноглобулин гарган авах технологийн заавар боловсруулж, прекалликрейн агуулаагүй загвар бүтээгдэхүүн гарган авах туршилт судалгаа хийв. Судалгаанд Улаанбаатар хотын амаржих газруудад амаржсан эрүүл, хэвийн төрөлттэй нийт 2000 эхчүүдээс ихсийн цус цуглуулж, тус бүрт нь Үндэсний Фармакопейн өгүүлэлд /2011/ заасны дагуу HBsAg, anti-HCV, anti-HAV, anti-HIV болон тэмбүүгийн эсрэгбие илрүүлэх шинжилгээг ФХУ-ын аргаар, ийлдэсний ариун чанар, орчин (рН), гемапигмент, уургийн агууламж зэргийг бактериологи, биохимийн аргаар тус тус шинжлэв. Прекалликрейн идэвхжүүлэгчийг тодорхойлох цомог ашиглан ийлдэс болон гарган авсан иммуноглобулины загвар бүтээгдэхүүнд прекалликрейныг тодорхойлов. Түүхий эдийн гадаад байдлын үзүүлэлтийг литер тестээр шалгахад 404 дээж /25.8%/ нь шаардлага хангаагүй, 1134 /72.6%/ нь чанарын шаардлага хангасан. Шаардлага хангасан 1134 дээжид В хепатитийн гадаргын эсрэгтөрөгч, С хепатитийн эсрэгбие, ХДХВ, тэмбүүгийн эсрэгбие илрүүлэх шинжилгээг ФХУ аргаар хийснээс 27.6 % нь буюу 313 сорьц нь эерэг, 72.4% нь буюу 821 сорьц нь сөрөг байв. Сөрөг дүнтэй гарсан 831 дээжинд А хепатитийн вирүсийн эсрэгбие илрүүлэх шинжилгээ

хийхэд, 749 дээж (90.1%) нь (+) эерэг, 82 дээж (9.8%) нь сөрөг (-) байв. Хепатитийн А вирүсийн эсрэгбиеийн таньц эерэг ийлдэсийг сонгон авч А хепатитийн өвөрмөц иммуноглобулины туршилтанд түүхий эд болгон ашиглав. А хепатитийн вирүсийн халдвараас урьдчилан сэргийлэх, эмчлэх уургийн бэлдмэл үйлдвэрлэх технологийн судалгаа, туршилтын үр дүнд 97-99%-ийн цэвэршилттэй А хепатитийн өвөрмөц иммуноглобулиныг гарган авч, А хепатитийн өвөрмөц иммуноглобулин үйлдвэрлэх 10 бүлэг бүхий технологийн заавар боловсруулав.

Дүгнэлт: Нийт шинжилсэн ихсийн цусны ийлдэсний 90.1% нь А хепатитийн эсрэг бие (+) эерэг байгаа нь цаашид ихсийн цусны ийлдэсийг А хепатитийн өвөрмөц иммуноглобулины үйлдвэрлэлд ашиглахад түүхий эдийн нөөц хангалттай байгааг харуулж байна. Хроматографийн аргыг ашиглан прекалликрейн идэвхжүүлэгч (РКА) агуулаагүй А хепатитийн өвөрмөц иммуноглобулин гарган авав.

ГУРАВ. ХАНЫН ИЛТГЭЛҮҮД

3.1. ГОВЬ-АЛТАЙ, ЗАВХАН АЙМГИЙН ИРГЭДЭЭС КОВИД-19 ХАЛДВАР АВЧ ЭМНЭЛЭГТ ХЭВТЭН ЭМЧЛҮҮЛЭГЧДИЙН СЭТГЭЛ ТҮГШИЛТ БОЛОН СЭТГЭЛ ГУТРАЛЫН БАЙДЛЫГ ХАРЬЦУУЛАН ҮНЭЛСЭН ДҮН

Д.Өсөхжаргал, С.Батсайхан, Говь-Алтай, ЗӨСТ

2019 оны 12-р сарын 31-нд БНХАУ-ын Хубэй мужийн Вухан хотод онош нь үл мэдэгдэх уушгины хатгалгаа гарсныг мэдээллэсэн. 2020 оны 1 сарын 30-нд Олон Улсын Эрүүл Мэндийн Яаралтай Тусламжийн Байгууллагаас өвчний хурдацтай тархалтыг мэдээлж, улмаар 03 дугаар сарын 11-нд ДЭМБ-аас КОВИД-19 цар тахал хэмээн зарласан. Монгол улсад 2020 оны 11 сарын 10-наас эхлэн дотоодын анхны халдвар бүртгэгдсэн ба одоогийн 2021 оны 9-р сарын 27-ны өдрийн байдлаар 296,766 хүн халдвар авч, 1225 хүн нас бараад байна. КОВИД-19 халдварын үед илрэх шинж тэмдэг болон халдвараас урьдчилан сэргийлэх талаарх мэдээллийг олон нийтийн мэдээллийн хэрэгслээр үнэн зөв өгч байгаа нь ковидын халдвараас сэргийлэхэд чухал ач холбогдолтой байна. КОВИД-19 халдварын тархалтаар 21 аймгаас эхний тавд бүртгэгдэж байгаа Говь-Алтай, Завхан аймгийн халдварын тохиолдлыг сонгон авч эмнэлэгт хэвтэн эмчлүүлэгчдийн сэтгэл түгшилт, сэтгэл гутралын байдлыг үнэлэж

харьцуулах шаардлагатай байгаа нь энэ судалгааг хийх үндэслэл болсон.

Зорилго: Говь-Алтай, Завхан аймгийн иргэдээс КОВИД-19 халдвараар өвчилсөн эмчлүүлэгчдийн сэтгэл түгшилт болон сэтгэл гутралын байдлыг харьцуулан үнэлэх.

Материал, арга зүй: Говь-Алтай, Завхан аймгт коронавируст халдвар авсан 120 хүнээс судалгааны таниулсан зөвшөөрөл авч утсаар болон шууд ярилцлагаар асуумж авсан. Судалгааг аналитик судалгааны агшингийн загвараар хийж, мэдээллийг MS Excel, SPSS программ ашиглаж статистик боловсруулалт хийсэн.

Үр дүн: Судалгаанд Говь-Алтай аймгаас 60, Завхан аймгаас 60 нийт 120 иргэдийг хүн хамруулсан бөгөөд хүйсийн хувьд 43.3% (n=52) эрэгтэй, 56.7% (n=68) эмэгтэй, насны бүлэгээр 18 хүртлэх насных хамгийн бага буюу 6.7% (n=8), 50-дээш настай иргэд хамгийн их буюу 30.8% (n=59)-ийг эзлэж байна. Боловсролын байдлыг судлахад бүрэн бус дунд 18.3% (n=22), бүрэн дунд 47.5% (n=57), дээд 34.2% (n=41) эзлэж байгаа бөгөөд нийт оролцогчдын 55.8% (n=67) нь ажил эрхлэж байгаа иргэд байна. Судалгаанд оролцогчдоос коронавируст халдвараар эмчлүүлсэн хугацааг тодруулахад 0.8% (n=1) нь 5 хоног, 50% (n=60) нь 6-10 хоног, 36.7% (n=44) нь 11-15 хоног, 12.5% (n=15) нь 16-21 хоног тус тус эмнэлэгт хэвтэн эмчлүүлсэн байна. Завхан аймгийн 60 иргэний сэтгэл түгшилтийн байдлыг тодорхойлоход оролцогчдын 83.3% (n=50) нь сэтгэл түгшилтгүй, 16.7% (n=10) нь сэтгэл түгшилттэй байна. Сэтгэл гутралын байдлыг тодорхойлоход 80% (n=48) нь сэтгэл гутралгүй, 20% (n=12) нь сэтгэл гутралтай байна. Говь-Алтай аймгийн иргэдийн 40% (n=24) сэтгэл түгшилтгүй, 60% (n=36) нь сэтгэл түгшилттэй. Сэтгэл гутралын байдлыг тодорхойлоход 66.6% (n=40) нь сэтгэл гутралгүй, 33.3% (n=20) нь сэтгэл гутралтай байсан. Коронавируст халдвараар өвчилсөн иргэдийн сэтгэл гутрал болон сэтгэл түгшилтийг нас, хүйс, боловсрол, ажил эрхлэлт, эмчлүүлж буй хугацаатай хамааралтай эсэхийг харьцуулан, хамаарлыг тооцоход статистик ач холбогдолгүй ($p < 0.05$) гарсан.

Дүгнэлт: Говь-Алтай аймагт КОВИД-19 халдвараар өвчилсөн иргэд Завхан аймгийн иргэдээс 13.3% илүү сэтгэл гутралтай, 43.3 хувиар илүү сэтгэл түгшилттэй байна. Иймээс халдвар авч хэвтэн эмчлүүлж байгаа иргэдэд сэтгэл зүйн зөвлөмж, зөвлөгөөг өгөх шаардлагатай байна.

3.2. ГОВЬ-АЛТАЙ АЙМГИЙН ГАЛЗУУ ӨВЧНӨӨС УРЬДЧИЛАН СЭРГИЙЛЭХ ДАРХЛААЖУУЛАЛТ, ИРГЭДИЙН МЭДЛЭГ, ХАНДЛАГЫН ӨНӨӨГИЙН БАЙДЛЫГ СУДАЛСАН ДҮН

Д.Өсөхжаргал, Д.Энхтүвшин, Б.Чимэд-Очир, М.Мөнгөнцэцэг, С.Батсайхан Говь-Алтай, ЗӨСТ

Говь-алтай аймагт 1969 онд Төгрөг сумын Цагаанхайрхан багт галзуу чононд ноцуулан 4 хүн, 1997 онд Эрдэнэ сумд галзуу чононд ноцуулан 1 хүн нас барсан. Аймгийн нутаг дэвсгэрт галзуу өвчний голомт идэвхитэй байж мал болон зэрлэг амьтны өвчлөл их байна. Говь-Алтай аймагт 2021оны 1-р улиралын байдлаар галзуугийн сэжигтэй 21тохиолдол бүртгэгдэж, дархлаажуулалтандаа хамрагдаж байна. Эдгээр тохиолдлоос мал эмнэлгийн лабораторийн шинжилгээгээр галзуу болох нь батлагдсан эзэнтэй нохойнд 2 хүн хазуулж, адуунд-1 хүн, үхэрт-5 хүн хүрэлцэнийг вакцинд хамруулсан.

Зорилго: Говь-Алтай аймгийн иргэдийн дундах галзуу өвчний талаарх мэдлэг, хандлага, дархлаажуулалтын үр дүнд дүгнэлт хийх.

Материал, арга зүй: Судалгаанд Говь-Алтай аймгт, 2016-2020 онд галзуугийн эрсдэлд өртсөн тохиолдлын ЗӨСТ-ийн бүртгэл, галзуугийн эсрэг дархлаажуулалтын мэдээ, Говь-Алтай аймгийн нийт 160 иргэний галзуу өвчний тухай мэдлэг, хандлагын асуумж судалгаа авч, статистик боловсруулалтыг нэг агшингийн болон, ретроспектив загвараар хийж, судалгааны мэдээ материалыг Microsoft excel, google forms програм ашиглан боловсрууллаа.

Үр дүн: Говь-Алтай аймгийн галзуу өвчний эсрэг дархлаажуулалтын хамралтыг 2016-2020 оны байдлаар нэгтгэн үзэхэд галзуугийн сэжигтэй болон батлагдсан тохиолдолд өртсөний улмаас нийт 362 хүн дархлаажуулалтанд хамрагдсан байна. Дархлаажуулалтанд хамрагдсдын халдварын эх уурхайг дүгнэн үзэхэд гэрийн тэжээвэр нохой, муур, мал, зэрлэг амьтад галзуугийн эх уурхай болж байна. Зоонозын өвчний тандалтын стандарт асуумж судалгааны загварыг ашиглан иргэдээс авсан галзуу өвчний мэдлэг хандлага эрсдэлийн асуумж судалгаанд оролцсон нийт 160 иргэний 134(83.8%) нь эмэгтэй, 26(16,2%) нь эрэгтэй, 18-25 насны 50(31.2%), 26-45 насны 94(58.8%), 46-60 насны 16(10%) хүн байв. Иргэдийг боловсролын байдлаар үнэлэхэд ЕБСургууль 14(8.8%), ЕБ 11(6.9%), мэргэжлийн 26(16.4%), бакалавр 71(44.7%), магистр 35(22%), доктор

2(1.2%) -ийг эзэлж байна. Судалгаанд оролцогчдын мэдлэгийн түвшинг тогтооход: Галзуу өвчнөөр үнэг, чоно, хярс өвчилдөг гэж 120 иргэн хариулсан нь хамгийн өндөр үзүүлэлттэй байна. Мэдээллийг авч байгаа эх сурвалжийг дүгнэж үзэхэд ихэнхи нь телевиз, интернет, эмч эмнэлгийн ажилчдаас авдаг гэж хариулсан. Судалгаанд оролцогчдын хандлагыг тогтооход: Галзуугийн сэжигтэй мал амьтанд уруулж ноцуулсан үед яаралтай эмнэлэгт хандаж вакцин тариулна гэсэн нь хамгийн их буюу 85%, мэдэхгүй буюу ямарч арга хэмжээ авдаггүй гэж 15% нь хариулжээ. Галзуугаар мал амьтан өвчилсөн тохиолдолд мал эмнэлгийн болон нутгийн захиргаанд хандана гэж 124 иргэн буюу 77.4% нь хариулсан байна. Судалгаанд оролцогчдын эрсдлийг тогтоох: Танай нутагт галзуугаар мал амьтан өвчилж байсан уу гэсэн асуултанд 54% нь үгүй ба мэдэхгүй, 46% нь тийм гэж хариулсан байна. Та мал амьтнаа галзуугийн эсрэг вакцинд хамруулдаг уу гэсэн асуултанд 106(66.3%) нь тийм, 54(33.8%) нь үгүй гэж хариулжээ. Мөн золбин нохой чоныг зохион байгуулалттай устгадаг уу гэхэд 113(70.6%) нь тийм, 15(9.4%) нь үгүй, 32(20%) нь мэдэхгүй гэж хариулсан байна.

Дүгнэлт: Ард иргэдээс авсан асуумж судалгааг дүгнэхэд иргэдийн мэдлэг хандлага харьцангуй сайн боловч галзуу өвчний эх уурхай болох мал амьтдын галзуугийн өвчлөл жил бүр бүртгэгдэж, иргэдийн дунд галзуугийн сэжигтэй болон батлагдсан мал амьтанд уруулж ноцуулан эрсдэлд өртөн, дархлаажуулалтанд хамрагдсдын тоо буурахгүй байна. Эзэнтэй эзэнгүй нохойд уруулж хазуулсан тохиолдол хамгийн их буюу 89.5%-ийг эзэлж байна. Иймд эзэнтэй нохойг вакцинжуулж, эзэнгүй нохдыг устгах ажлыг эрчимжүүлэх, мөн галзуу өвчнөөс урьдчилан сэргийлэх иргэдийн мэдлэг, хандлагыг сайжруулах сургалт суртчилгааг тогтмол хийж байх шаардлагатай байна.

3.3. SARS-COV-2 ВАКЦИНЫ ДАРААХ ЭСРЭГБИЕЙН ХАРИУ УРВАЛЫГ ТОДОРХОЙЛСОН СУДАЛГАА

*Д.Марал¹, Б.Хүрэлсүх¹, О.Номуун¹, Э.Аръяа¹, Б.Туул¹,
Б.Номин¹, Ц.Наранзул²,
Б.Дармаа², Д.Лхагвасүрэн³, Д.Гантулга¹,
Ц.Оюунсүрэн¹, ¹БХ, ²ХӨСҮТ, ³МУИС*

Монгол улсад SARS-CoV-2 ийн анхны тохиолдол 2020 оны 11 сард бүртгэгдсэн ба түүнээс 4 сарын дараа хүн амыг вакцинжуулах ажлыг эхлүүлсэн.

Хүн амын дундах дархлаа тогтцын байдлыг судлах хэрэгцээ шаардлагын хүрээнд вакцинжуулалтын дараах SARS-CoV-2 вирүсийн эсрэгбиеийг тодорхойлох энэхүү ажлыг хийж гүйцэтгэлээ. Манай улсын дархлаажуулалтанд хамрагдсан нийт хүн амын 88% орчим нь ВВІВР-СoRV (Синофарм Co., Ltd, БНХАУ) вакцин хийлгэсэн тул энэхүү судалгаанд бид өөрсдийн боловсруулсан SARS-CoV-2 вирүсийн бүтцийн уураг болох нуклеокапсид уурагт суурилсан ФХЭБУ-н оношлуурыг ашигласан. Судалгаанд 235 хүн хамруулж ийлдэс цуглуулсан ба 3 бүлэгт хуваан үзсэн. Үүнд: вакцин хийлгээгүй буюу хяналтын 35 хүн (1-р бүлэг), дээрх вакцины 2 тунд хамрагдсанаас хойш 14-45 хоног өнгөрсөн 100 хүн (2-р бүлэг) болон вакцины сүүлийн тунгаас хойш 4 сар өнгөрсөн 100 хүн (3-р бүлэг) -ий ийлдсэнд SARS-CoV-2 өвөрмөц иммуноглобулин G тодорхойлсон. Судалгааны дүнд вакцин хийлгээгүй хяналтын бүлгийн хүмүүст иммуноглобулин G 8.6% илэрсэн (1-р бүлэг), вакцины хоёр тунд хамрагдаад 14-45 хоног болсон хүмүүст 88.0% (2-р бүлэг), харин 4 сар өнгөрсөн хүмүүст 65.0% (3-р бүлэг) илэрсэн. Судалгааны дүнд үндэслэн хяналтын бүлэгтэй харьцуулахад вакцины хоёр тунд хийлгэсэн хүмүүст SARS-CoV-2-т өвөрмөц эсрэгбиеийн агууламж 14-45 хоногт хамгийн өндөр байгаа ба цаашид хугацаанаас хамааралтай буурах магадлалтай байна гэж үзэв.

3.4. MBL2 ГЕНИЙН RS1800450 ПОЛИМОРФИЗМЫН ГЕНОТИП, ИЙЛДСИЙН МХЛ УУРГИЙН ХАМААРЛЫГ СУДАЛСАН ДҮН

*Ч.Алтанишагай¹, Л.Наранцэцэг², С.Мөнхбаярлах²,
Т.Буянхүү², ¹ГҮТ, ²АШУҮИС*

Австрали улсын Melbourne-ийн сургуулийн микробиологийн тэнхимийн E.Margot Anders нар 1990 онд томуугийн (influenza virus)-ийг идэвхгүйжүүлэгч ийлдсийн Я ингибитор бол төрөлхийн дархлаа тогтолцооны хавсаргын лектины замыг идэвхжүүлэгч манноз холбогч лектин (МХЛ) уураг болохыг тогтоосон. МХЛ уураг нь 10-р хромосомын q11.2-q21 хэсэгт байрлах MBL2 генд кодлогддог, 329 аминхүчлийн үлдэгдлээс тогтсон, 32 кДа молекул жинтэй ийлдсийн уураг юм. MBL2 генийн D54 цэгэн мутаци нь Евроазийн хүн амын дунд 20-25% тархалттай илэрдэг. Судалгаанд MBL2 генийн rs1800450 полиморфизмын генотип, ийлдсийн МХЛ уургийн агууламжийг тодорхойлох зорилго тавьлаа. Агшингийн судалгааны загвар

ашиглан МХЛ уургийн агууламжийг ФХЭБУ-аар, MBL2 генийн rs1800450 полиморфизмын генотипийг ПГУ-ОХУ-аар тодорхойлсон. Судалгаанд нийт 71 хүн оролцсон ба дундаж нас 36 ± 10 ийлдсийн МХЛ уургийн агууламж 2619.71 нг/мл байв. MBL2 генийн rs1800450 полиморфизм болон ийлдсийн МХЛ уургийн агууламжийг тодорхойлоход гомозигот GG генотипийн давтамж 77.5% гетерозигот GA генотипийн давтамж 16.9%, гомозигот AA генотип давтамж 5.6% илэрч, МХЛ уургийн агууламж 2574.3 нг/мл (GG), 1914.1 нг/мл (GA), 1824.3 нг/мл (AA) тодорхойлогдсон. Нийт судалгаанд оролцогчдын 22.5% MBL2 генийн rs1800450 полиморфизмын эрсдэлт генотип илэрч, эрсдэлт генотиптэй хүмүүст ийлдсийн МХЛ уургийн агууламж нь гомозигот GG гепотиптэй хүмүүсийнхээс статистик ач холбогдол бүхий бага байлаа ($p \leq 0.001$).

3.5. SARS-COV-2-Н ЭСРЭГ ВАКЦИНЫ ДАРААХ ШИНГЭНИЙ ДАРХЛААНЫ ХАРИУ УРВАЛЫГ ЭМНЭЛГИЙН АЖИЛЛАГСДАД ТОДОРХОЙЛСОН НЬ

Б.Оюунбилэг, Б.Урангоо, Ч.Болор, Ж.Саранцэцэг УНТЭ

Эмнэлгийн байгууллагын ажиллагсдад шинэ коронавирүсийн эсрэг вакцинжуулалтын дархлаа тогтоцыг тодорхойлох зорилготой энэхүү судалгааны хүрээнд УНТЭ-ийн вакцин хамрагдсан ажиллагсдаас вакцины хоёрдугаар тунгаас 30-90 хоногийн дараах шингэний дархлаа тогтоцыг SARS CoV-2 N болон S-RBD эсрэгбиеийн титр илрүүлэх шинжилгээгээр тодорхойллоо. Урьдчилан сэргийлэх үзлэгт хамрагдсан нийт 471 эмнэлгийн ажилтны 404 нь Астразенека (Covishield), 53 нь Синофарм, 14 нь Пфайзер вакцин хийлгэсэн. Үүнээс шалгуур хангасан 291 хүнийг судалгаанд хамруулж, ийлдэс ялган SARS CoV-2 N болон S-RBD эсрэгбиеийг Roche компанийн Cobas e411 бүрэн автомат анализатораар шинжилсэн.

Астразенека (Covishield) вакцин тариулсан 246 хүнд SARS-CoV-2-S-RBD IgG титр сөрөг 0%, сул эерэг 0.4%, эерэг 17.5%, хүчтэй эерэг 82.1%-д тодорхойлогдсон бол Синофарм вакцинтай 35 хүнд SARS-CoV-2-S-RBD IgG титр сөрөг 2.8%, сул эерэг 8.5%, эерэг 57.1%, хүчтэй эерэг 31.4%, Пфайзер вакцинтай бүх 10 хүнд 100% SARS-CoV-2-S-RBD IgG титр хүчтэй эерэг тодорхойлогдсон.

Бидний судалгаанд хамрагдсан УНТЭ-ийн 291 эмнэлгийн ажиллагсдад тухайн вакцины

хоёрдугаар тунгаас хойш 30-90 хоногийн дараа S-RBD IgG эсрэгбие Астразенека (Covishield) хийлгэсэн 246 хүнтэй бүлэгт 100%, Синофарм хийлгэсэн 35 хүнтэй бүлэгт 97.1%, Пфайзер хийлгэсэн 10 хүнтэй бүлэгт 100% эерэг буюу шингэний дархлааны хариу урвал үүссэн байна. Судалгааны дүнгээр нас залуу байх тусам эсрэгбиеийн титр өндөр байлаа.

3.6. ХЕПАТИТ В ВИРҮС (ХБВ)- ҮН АЧААЛАЛ ТОДОРХОЙЛСОН ХҮМҮҮСЭЭС ХЕПАТИТ В ВИРҮСИЙН Е ЭСРЭГТӨРӨГЧ БОЛОН ЭСРЭГБИЕ ИЛРҮҮЛСЭН ДҮН

Б.Намуунзул, Н.Хишигсүрэн, Н.Наранбат “Гялс” Анагаах Ухааны Төв

HBsAg (HBV-ийн гадаргуугийн эсрэгтөрөгч) ба HBeAg (HBV-ийн E эсрэгтөрөгч) эсрэгтөрөгч болон эсрэгбиеийг илрүүлэх нь HBV-ийн халдварыг оношилгоо эмчилгээний үндэс болдог. Нөгөөтэйгүүр, хэрэв HBeAg илрээгүй ч HBe-ийн эсрэгбие илэрсэн бол вирүсийн халдварын доод түвшинг илтгэх тул HBeAg илрүүлэх шинжилгээ нь эмчилгээний ач холбогдолтой юм.

Материал, арга зүй: “Гялс” АУТ-д 2019 оны 4 сарын 1-ны өдрөөс 2020 оны 6-р сарыг дуустал HBsAg эерэг үйлчлүүлэгчдээс цуглуулсан 2492 сорьцонд HBV-ийн ачааллыг тодорхойлж (Sansure, БНХАУ), эдгээрээс санамсаргүй түүврийн аргаар Хепатит В вирүсийн E эсрэг бие илрүүлэх шинжилгээг 213-н сорьцод, Хепатит В вирүсийн гадаргуугийн эсрэг төрөгч илрүүлэх шинжилгээг 236 сорьцод (VIDAS HBe/anti-HBe BIOMERIEUX, SA France) оношлуураар тус тус шинжлэв.

Үр дүн: HBV-ийн ачааллыг 2492 сорьцод тодорхойлоход 2254(90.4%) нь 1991 оноос өмнө төрсөн, вакцинжуулалтанд хамрагдаагүй хүмүүс байлаа. Үүнээс 514(22.28%) нь HBV-ийн ачаалал 2001 IU/ml-ээс их буюу ДЭМБ-ын болон Монгол улсын эмчилгээ, оношлогооны зөвлөмж ёсоор эмчилгээ хийлгэх шаардлагатай байсан бол 1740(69.1%) нь HBV-ийн ачаалал 0-2000 IU/ml хүртэл байлаа. HBV-ийн ачаалал тодорхойлсон 2492 сорьцноос санамсаргүй түүврийн аргаар HBV-ийн E эсрэгбие илрүүлэх шинжилгээг 213 сорьцод шинжлэхэд 174(81.6%) нь HBV ачаалал 2001 IU/ml-ээс бага тодорхойлогдсон сорьц байсан ба HBV-ын E эсрэгбие 24(13.7 %) нь эерэг, 149(85.6%) нь сөрөг гарсан бол 40 сорьц нь HBV ачаалал 2000 IU/ml-ээс дээш тодорхойлогдсон сорьц байснаас HBV-ын E эсрэгбие 27(69.2 %) нь

эерэг, 12 (30.7%) нь сөрөг байлаа. Харин HBV-ийн E эсрэгтөрөгч илрүүлэх шинжилгээг санамсаргүй түүврийн аргаар 236 сорьцод шинжлэхэд 196 (83.0%) нь HBV ачаалал 2001 IU/ml-ээс бага тодорхойлогдсон сорьц байснаас HBV-ын E эсрэгтөрөгч 158 (80.6) нь сөрөг, 38 (19.4%) нь эерэг гарсан бол 40 сорьц нь HBV ачаалал 2000 IU/ml-ээс дээш тодорхойлогдсон сорьц байснаас HBV-ын E эсрэгтөрөгч 27(69.2%) нь сөрөг, 13(30.7%) нь эерэг байлаа.

Дүгнэлт: HBV-ийн ачаалал 2000 IU/ml-ээс бага тодорхойлогдсон хүмүүсийн 19.4% (38/196)-д нь вирусийн репликаци явагдсаар байгааг харуулж байна. Иймээс HBV-ын ачаалал тодорхойдох шинжилгээний хариу 2000 IU/ml-ээс бага гарсан ч HBV-ын E эсрэгтөрөгч тодорхойлох шинжилгээ хийлгэж эерэг гарвал өвөрмөц эмчилгээ хийлгэх шаардлагатай байна.

3.7. МОНГОЛ УЛСЫН ЭРҮҮЛ МЭНДИЙН АЖИЛТНУУДЫН ДУНДАХ ХЕПАТИТИЙН В ВИРУС (ХВВ)-ИЙН ЭСРЭГ ДАРХЛААЖУУЛАЛТАД ХАМРАГДАЛТ, ДАРХЛАА ТОГТОЦЫГ СУДАЛСАН ҮР ДҮН

Н.Наранзул¹, Н.Хүрэлбаатар¹, Б.Бурмаажав², А.Энхжаргал³, Б.Төмөрбат³, О.Баатархүү^{1,4}
¹АШУУИС, ²Ач-АУИС, ³АУМА, ⁴МАУА

Манай улс 2012 оноос хойш анагаахын сургуулийн оюутнууд болон эрүүл мэндийн ажилтнууд (ЭМА)-ыг ХВВ-ийн эсрэг дархлаажуулалтад хамруулах зорилт бүхий бодлого хэрэгжүүлж байна. Иймд бодлогын орчны өөрчлөлтийн дараах ХВВ-ийн эсрэг дархлаажуулалтад хамрагдалт, үр нөлөөний байдлыг шинээр судлан тогтоох шаардлагатай байна. ЭМА-ын дундах ХВВ-ийн эсрэг дархлаажуулалтад хамралт, дархлаа тогтоцыг үндэсний түвшинд судлан тогтоох зорилгоор уг судалгааг хийв.

Материал, арга зүй: Судалгааг агшингийн загвараар, судалгаанд оролцогчдыг олон шатлалт түүвэрлэлтийн аргаар 2019-2021 онд Улаанбаатар хот болон Монгол улсын 4 бүсийн 36 эрүүл мэндийн байгууллагын ажилтнуудыг хамруулан, асуумж болон цусны сорьцонд HBsAg, anti-HBc, anti-HBs үзүүлэлтийг ХӨСҮТ-ийн Вирус хепатит, энтеровирусийн нэгдсэн лабораторид шинжлэв. Судалгааны үр дүнгийн статистик боловсруулалтыг SPSS21.0 програм ашиглан хийв.

Үр дүн: Судалгаанд нийт 1135 эрүүл мэндийн ажилтан хамрагдсан ба судалгаанд оролцогчдын 86.1% (977) нь эмэгтэй, 77.1% (875) нь гэрлэсэн.

Судалгаанд оролцогчдын 4.7% нь ХВВ-ийн халдвартай, 77.8% вакцинд хамрагдсан бөгөөд үүнээс 47.4% (538) нь ХВВ-ийн эсрэг вакцины бүрэн тунтай (3 тун) байв. Вакцины 3 тунг бүрэн хийлгэсэн хүмүүсийн 55.8% нь халдварын дараах дархлаатай, 36.6 % нь вакцины дараах дархлаатай байсан ($p < 0.001$).

Дүгнэлт: Судалгаанд оролцогчдын дархлаажуулалтад хамрагдалт өндөр, вакцины бүрэн тунд хамрагдагсдын гуравны нэг нь вакцины дараах дархлаажилттай байна.

3.8. ХҮҮХДИЙН КОВИД-19-ИЙН ЭМНЭЛЗҮЙН ИЛРЭЛ

Б.Мөнх-Ундрах¹, Б.Цолмон², Д.Наранзул², Л.Энхсайхан¹, С.Цогтсайхан¹, Г.Хоролгараг², Ц.Чинбаяр², Г.Саранхүү², Б.Мөнх-Ундрах², А.Индра¹, С.Ундарьяа¹, Б.Намуун¹, М.Сэржмядаг¹, Д.Цэдэнсодном¹, Т.Гантогтох¹, Р.Оюунгэрэл¹
¹АШУУИС, ²ХӨСҮТ

SARS-CoV-2-ын халдвар нь 2021 оны 9-р сарын 15-ны байдлаар дэлхий даяар 220 гаруй сая тохиолдол бүртгэгдэж, 4 сая хүний аминд хүрсэн байна. Насанд хүрэгчдэд SARS-CoV-2 нь ихэвчлэн амьсгалын замын өвчин үүсгэдэг, хүүхдүүдэд ихэвчлэн шинж тэмдэггүй байдаг (тохиолдлын 43–68%), ба нас барах нь ховор тохиолддог. Иймд хүүхдэд тохиолдох КОВИД-19 өвчний эмнэлзүйг судлахыг зорилгоор энэ судалгааг хийв.

Материал, арга зүй: Бид 2020 оны 11-р сарын 11-ны өдрөөс 2021 оны 6-р сарын 30-ний хооронд ХӨСҮТ-д КОВИД-19 өвчнөөр хэвтэн эмчлүүлсэн хүүхдүүдээс санамсаргүй түүврийн аргаар нийт 333 тохиолдлын өвчний түүхэнд эргэмж судалгааг хийв. Судалгааны үр дүнг STATA 16 программд үндэслэн боловсруулав.

Үр дүн: КОВИД-19-өөр өвдсөн хүүхдүүдийн дундаж нас 8.0 ± 5.1 , нийт тохиолдлын 52.3%(174) эрэгтэй, 47.7%(159) эмэгтэй байв. Эмнэлзүйн хувьд 49.3%(164) нь шинж тэмдэггүй буюу асимптоматик, 50.7%(169) шинж тэмдэгтэй буюу симптоматик хэлбэрээр өвчилсөн байна. Шинж тэмдэгтэй тохиолдлын 55.3% хөнгөн, 28.9% дунд, 15.3% хүнд, 0.6% нэн хүнд явцтай байв. Симптоматик хэлбэрийн үед ханиалгах шинж 52.1%, халууралт 25.4%, хоолой өвдөх 23.7%, толгой өвдөх 20.1%, нус гоожих 10.1%, суулгалт 4.1%, дотор муухайрах 2.4%, бөөлжих шинж 1.8% тус тус илэрсэн байна.

Дүгнэлт: КОВИД-19-өөр өвдсөн 2 хүүхэд

тутмын 1 нь шинж тэмдэггүй хэлбэрээр өвчилж, шинж тэмдэгтэй хэлбэрийн үед ханиалгах шинж давамгайлсан илэрч байна.

3.9. ЖИРЭМСНИЙ ХЯНАЛТАНД БАЙГАА ЭМЭГТЭЙЧҮҮДИЙН БЭЛГИЙН ЗАМААР ДАМЖИХ ВИРҮСИЙН ТАРХАЛТЫГ СУДАЛСАН ДҮН

*П.Түмэндэмбэрэл¹, Л.Мөнх-Эрдэнэ², Т.Хосбаяр²,
Ж.Даваалхам¹, Б.Жүгдэржав¹,
Ш.Мягмарсүрэн¹, Н.Амарбаясгалан¹, Г.Ичинхорлоо¹,
Ж.Соёлмөнх¹, ¹ХӨСҮТ, ²АШУУИС*

Бэлгийн замаар дамжин халдварладаг зарим вирүсийн халдвар нь эхээс урагт дамжин халдварлаж ураг зулбах, дутуу болон бага жинтэй төрөх, амьгүй төрөх, нярайд төрөлхийн гажиг үүсгэж улмаар эндэгдэлд хүргэх эрсдэлтэй байдаг. Иймд жирэмсний хяналтын хугацаанд зайлшгүй хийгдэх товлолт шинжилгээнд бэлгийн замаар дамжин халдварладаг вирүсийн халдвар илрүүлэх шинжилгээг оруулах хэрэгцээг үнэлэх зорилгоор жирэмсэн эмэгтэйчүүдийн дундах бэлгийн замаар дамжих вирүст халдварын тархалтыг судлах шаардлагатай байна.

Материал, арга зүй: Агшингийн судалгааны загварыг ашиглан Улаанбаатар хотын 3 дүүрэг, орон нутгийн 10 аймгийн Эрүүл мэндийн төвд жирэмсний хяналтанд анх удаа хамрагдахаар ирсэн 1963 эмэгтэйгээс асуумж авч, шинжилгээний сорьцонд цус болон умайн хүзүүнээс арчдас авч, ийлдэс судлалын болон бодит хугацааны полимеразын гинжин урвалын шинжилгээ хийсэн.

Үр дүн: Судалгаанд хамрагсадын дундаж нас 29.4 (95% ИИ, 29.1-29.7), 49,0% нь гэрлэсэн, 49,2% нь дээд боловсролтой эмэгтэйчүүд байна. Судалгаагаар хүний дархлал хомсдолын вирүсийн халдвар илрээгүй, вирүст гепатит HbsAg 5.4% (95% ИИ 4.05-5.95), anti-HCV 1.7% (95% ИИ 1.39-2.61), энгийн херпес вирүс 2 (ЭХВ-2) 1% (95% ИИ 0.57-1.43), цитомегаловирүс (ЦМВ) 39.5% (95% ИИ 37.86-42.14), хүний папилломын вирүс (ХПВ) 47.1% (95% ИИ 44.51-49.49)-д тус тус илэрсэн. Насны ангилалаар авч үзэхэд ЦМВ 15-19 насныханд хамгийн өндөр буюу 71.7%, ХПВ 20-24 насныханд 54,7% байна. Бүс нутгаар авч үзвэл Өмнөговь аймгийн жирэмсэн эмэгтэйчүүдийн дундах ХПВ, anti-HCV хамгийн өндөр 54.7%, 5.8%, Хөвсгөл аймагт ЦМВ 49.1%, Багануур дүүрэгт вирүст гепатит HbsAg 10.5% тус тус хамгийн өндөр тодорхойлогдсон.

Дүгнэлт: Судалгаанд хамрагдсан жирэмсэн эмэгтэйчүүдийн 41.7%-д нь бэлгийн замаар дамжин халдварладаг вирүсийн аль нэг халдвар илэрсэн бөгөөд ХПВ-ийн халдвар хамгийн өндөр, ЭХВ 2-ийн халдвар хамгийн бага бүртгэгдсэн байна

3.10. МОНГОЛ УЛСАД БҮРТГЭГДСЭН ХДХВ-1-ИЙН ХАЛДВАРЫН МОЛЕКУЛ ЭПИДЕМИОЛОГИЙН НЭГТГЭСЭН ДҮН ШИНЖИЛГЭЭ, ТҮҮНИЙ НИЙГМИЙН ЭРҮҮЛ МЭНДИЙН АЧ ХОЛБОГДОЛ

*З.Сэцэн¹, Ж.Даваалхам², О.Шиничи³
¹ЗЭМТ-ТББ, ²ХӨСҮТ, ³ДЭМАУУТ*

Өнгөрсөн хугацаанд Монгол улсад Хүний дархлаа хомсдолын вирүс (ХДХВ)-ийн халдварын 1997-2009 болон 2005-2016 оны тохиолдлуудын молекул эпидемиологийн анализ хийгдсэн боловч нэгтгэсэн дүн мэдээлэл байхгүй байна. Иймд бид Монгол улсад 1997-2016 онд оношлогдсон ХДХВ-ийн халдварын 160 тохиолдолд молекул эпидемиологийн дүн шинжилгээг хийж, дэд хэвшинжийн эзлэх хувь, кластеруудын хүн амын бүлгийг хамарсан байдлыг дүгнэлээ. Манай оронд тархсан ХДХВ-ийн дунд В дэд хэвшинж 66.6% буюу дийлэнх хувийг, CRF51_01В дэд хэвшинж 13.8%, CRF02_AG дэд хэвшинж 10.1% эзэлж байна. Мөн CRF01_AЕ, А, С, G дэд хэвшинжүүд бүртгэгдсэн. Филогенетикийн модны зураглалд В дэд хэвшинжийн (Кластер 1) болон CRF51_01В дэд хэвшинжийн (Кластер 2) хоёр томоохон кластер тодорхойлогдлоо. ХДХВ-1-ийн дэд хэвшинжийн тархалт бэлгийн өөр өөр чиг баримжаатай хүмүүсийн хувьд статистикийн ач холбогдол бүхий ялгаатай ($X^2=134.20$ ба $df=7$; $p<0.0005$) байна. Монгол улсад ХДХВ-ийн халдварын тохиолдлуудад хийгдсэн молекул эпидемиологийн судалгааны үр дүнгүүд нь үндэсний хэмжээнд хэрэгжиж буй ХДХВ-ийн халдварын тусламж үйлчилгээний заавар, урьдчилан сэргийлэх хөтөлбөрүүдийг шинэчлэх, төлөвлөх, хэрэгжүүлэхэд стратегийн ач холбогдолтой мэдээлэл болдог бөгөөд тухайлбал Монгол улс судалгааны үр дүнд үндэслэн 2013 оноос бүсийн орнуудыг манлайлан эмчилгээ-урьдчилан сэргийлэлтийг хэрэгжүүлж эхэлсэн бол 2021 оноос эрсдэлт бүлгийн хүн амын дунд Өртөлтийн өмнөх сэргийлэлтийг нэвтрүүлж байна. Цаашид мөн арга хэмжээг төлөвлөх, үр дүнг бодитоор дүгнэхэд молекул эпидемиологийн судалгааны ач холбогдол өндөр юм.

3.11. МОНГОЛ УЛСАД 2010-2020 ОНД ТАРХСАН ВИРҮСИЙН ШАЛТГААНТ АМЬСГАЛЫН ЗАМЫН ХАЛДВАР ҮҮСГЭГЧДИЙН ТАНДАЛТ СУДАЛГАА

*Ц.Наранзул¹, Н.Баясгалан¹, С.Анхбаяр¹,
Ч.Хишигмөнх¹, Х.Батчимэг¹, Б.Цэрэндулам¹,
Б.Ганцоож¹, Б.Дармаа¹, Ж.Сарантуяа², П.Нямдаваа³
¹ХӨСҮТ, ²АШУУИС, ³МАУА*

Дэлхий нийтэд хамгийн элбэг тохиолдож байгаа өвчин бол амьсгалын замын цочмог халдварт өвчин (АЗЦХӨ) юм. Хүн амын нас баралтын шалтгааны 5.7%-ийг амьсгалын замын халдвараас үүдэлтэй уушги, гуурсан хоолойн үрэвсэл эзэлж нас баралтын гуравдугаар байрт ордог. Дэлхий дахинд жилд дунджаар 3-5 сая хүн томуугийн халдвараар ойролцоогоор 290,000-аас 650,000 хүн уг өвчний улмаас нас бардаг.

Монгол улсад 2010-2020 онд илэрсэн амьсгалын замын вирусийн тархалт, томуугийн вирусийн эсрэгтөрөгч ба генетик шинжийг тодорхойлох зорилгоор энэ судалгааг хийв.

Материал, арга зүй: Томуугийн харуулдан тандалтын эмнэлгүүдээр үйлчлүүлсэн 34896 хүний амьсгалын замын сорьц цуглуулсан. Сорьцонд томуугийн вирусийг БхУТ-ПГУ-аар, амьсгалын замын бусад эмгэг төрүүлэгчийг мультитиплекс БхУТ-ПГУ-ын шинжилгээгээр илрүүллээ. Томуугийн вирусийн НА, NA, M2 генийн дарааллыг Өвчний Хяналт Сэргийлэлтийн Төвийн праймер, ABI 3130xl генетик анализатор ашиглан тодорхойлсон. Томуугийн вирусийн эмэнд тэсвэржилтийг химоллюминесценц ба флюоресцентэд суурилсан Нейраминидаз саатуулах урвалын шинжилгээ болон M2 генийн дарааллыг тогтоох аргаар тодорхойлж, эсрэгтөрөгчийн шинжийг Цус наалдахыг саатуулах урвалын шинжилгээгээр тодорхойлов.

Үр дүн: Томуугийн вирус илрэлтийн түвшин дундажаар 4633(13.3%) байсан бөгөөд үүнээс 25.3% нь А(H1N1)pdm09, 52.2% нь А(H3N2), 22.5% нь томуугийн В хэв шинж байв. Удмын хувьд томуугийн А(H1N1)pdm09 омгууд 7, 6с, 6b, 6b.1A ба 6b.1A/183P-5 бүлэгт, А(H3N2) омгууд 1, 3с, 3с.3A, А3, А2, А1b/137F, А1b/135K, А1b/197R бүлэгт, В вирус В/Victoria хувилбарын 1A, V1A.3 бүлэг ба В/Yamagata хувилбарын 3-р бүлэгт хамаарч байв. Эсрэгтөрөгчийн шинжээр томуугийн вирус ерөнхийдөө ДЭМБ -аас зөвлөмж болгосон вакцины омогтой тохирч байсан боловч 2012-2013, 2014-2015 оны А(H3N2) омгууд вакцины омгоос ялгаатай

байсан. Эмэнд тэсвэржилтийн судалгаагаар томуугийн А хэвшинжүүд S31N мутациас шалтгаалж амантадинд тэсвэржсэн бол А, В хэвшинжүүд нейраминидазын саатуулуурт мэдрэг байв. Бид олон төрлийн НАС эмэнд тэсвэржилтийг нөхцөлдүүлдэг NA уургийн амин хүчлийн G104R мутацийг томуугийн В вирусээс илрүүлсэн. Амьсгалын замын эмгэг төрүүлэгчдийн илрэлтийн түвшин 3024(47.2%) байв. Эдгээрээс риновирус 24.7%, АЗСВ 14%, бокавирус 7.5%, аденовирус 7.2%, иж-томуу-III 6.9%, метапневмовирус 6.4%, энтеровирус 6.1%, коронавирусийн 43, 63, 229, НКU хувилбарууд 10.9% байв.

Дүгнэлт: 2010-2020 онд манай улсын хүн амын дунд томуугийн вирус илрэлтийн дундаж түвшин 13.3% байсан бөгөөд 0-11 насны хүүхдүүдэд хамгийн бага (8.7%), 5-14 насныханд хамгийн өндөр (18.9%) байжээ. Энэ хугацаанд томуугийн А(H3N2) дэд хэвшинж давамгайлсан ба зарим жилүүдэд А(H3N2) омгууд эсрэгтөрөгчийн шинжээрээ вакцины омгоос ялгаатай байв. Монголд ялгасан томуугийн вирусийн А, В хэвшинжүүд НАС-т мэдрэг байсан бол А хэвшинжүүд нь M2 уургийн саатуулуурт тэсвэртэй байв. Риновирус, АЗСВ, бокавирус, метапневмовирус, иж-томуугийн вирус-III нь улираллаг чанартай дэгдэлт үүсгэдэг тул энэ шинж чанарт үндэслэн улирлын чанартай дархлаажуулалтын төлөвлөгөө боловсруулах боломжтой. ТТӨ-үүсгэгчдийн илрэлтийн түвшин дундажаар 47.2% байсан бөгөөд 0-4 насны хүүхдүүдэд хамгийн өндөр байв.

3.12. КОВИД-19 ХАЛДВАРЫН УЛМААС ЭМЧЛҮҮЛЭГЧДИЙН ДУНД SARS-CoV-2 НУКЛЕЙН ХҮЧЛИЙН ИЛРЭЛТ БА ХАЛДВАРЫН ЭСРЭГ ӨВӨРМӨЦ ДАРХЛАА ТОГТОЦ, ЭМНЭЛЗҮЙГ СУДАЛСАН ДҮН

*С.Анхбаяр¹, Ц.Наранзул¹, Г.Цогзолмаа¹,
Н.Баясгалан¹, Г.Сарангуа¹, Ч.Хишигмөнх¹,
М.Ууганчимэг¹, Б.Ганцоож¹, Ч.Хүрэлбаатар¹,
Б.Дармаа¹, Л.Баттөр¹, С.Ариунтөгс², Л.Энхсайхан³,
П.Нямдаваа⁴
¹ХӨСҮТ, ²НЭМҮТ, ³АШУУИС, ⁴МАУА*

КОВИД-19 цар тахлын хүрээ, SARS-CoV-2 вирусээр сэдээгдсэн амьсгалын замын цочмог хамшинжийн хүндрэлийн зэргийг тооцоолоход одоогийн мэдээлэл хангалттай нотолгоо өгч хараахан чадахгүй байна. Бид энэ судалгаагаар Монгол улсад уг цартахал анх голомтлон гарах үед бүртгэгдсэн 32 тохиолдлыг хамруулан амьсгалын

дээд замд вирусийн ачаалал, цусанд вирусийн эсрэг өвөрмөц дархлааны хариу урвал (IgG болон IgM үүсэлт), уушгинд үүссэн өөрчлөлтийг эмнэлзүйн хүнд-хүндэвтэр болон хөнгөн 2 бүлэгт харьцуулан судаллаа. Судалгаагаар амьсгалын дээд замд вирусийн ачаалал SARS-CoV-2 халдварын дараах дөрвөн долоо хоногийн турш илэрч, цаашид Бх-ПГУ-ын шинжилгээнд “сөрөг” хариу гарсан бол IgG-гийн таныц вирусийн ачаалалтай урвуу хамааралтайгаар хоёр дахь долоо хоногт өсч цаашид тогворжсон. Харин IgM 2-3 дахь долоо хоногт үүсч цаашид буурсан. Хүнд-хүндэвтэр болон хөнгөн бүлгийг харьцуулахад IgG үүсэлт нь хүнд-хүндэвтэр өвчтөнд 10 дахь хоногоос эхлэн огцом өсөх хандлага ажиглагдсан бол хөнгөн өвчтөнд IgM-ийн таныц сул илэрлээ. Хүнд-хүндэвтэр бүлгийн өвчтөнүүдийн КТГ-ын зургийг хөнгөн өвчтөнтэй харьцуулахад хүнд хэлбэрийн үед уушгины нэвчдэст өөрчлөлтүүд илэрч дэлбэнцрүүдийн агааржилт буурсан. Энэхүү судалгаа нь КОВИД-19 халдварын оношилогоо, өвчний үе шат, эдгэрэлтийг үнэлэх шалгуурт чухал ач холбогдолтой юм.

3.13. SARS-COV-2 ВИРУСИЙН ДЕЛЬТА ХУВИЛБАРААР МОНГОЛД ХАЛДВАРЛАСАН ТОХИОЛДЛЫН ТАРХВАР СУДАЛГАА

*Д.Оюунгэрэл, А.Бурмаа, Б.Дармаа, Б.Энхтуяа,
С.Анхбаяр, М.Цогт, Ж.Нямсүрэн, ХӨСҮТ*

SARS-CoV-2 вирусийн Дельта хувилбар (B.1.617.2) хувилбар эерэг тодорхойлогдсон дотоодын 268 тохиолдлын тархвар зүйн онцлогийг тодорхойлж, бусад улс оронд хийгдсэн судалгаатай харьцуулан судлахад уг судалгааны зорилго оршино.

Материал, арга зүй: Судалгаанд 2021 оны 6 дугаар сарын 22-ноос 8 дугаар сарын 22-ны хооронд SARS-CoV-2 вирусийн Дельта хувилбар батлагдсан 268 хүнийг хамруулж, эргэмж хэлбэрээр судалгааны мэдээг цуглууллаа. Дельта хувилбарын тандалтын зорилгоор 21 аймаг, Улаанбаатар хотын 9 дүүргийн лабораториос бх-ПГУ шинжилгээгээр SARS-CoV-2 вирусийн халдвартай болох нь батлагдсан, Ct утга нь 20-оос доош сорьцын 10-20%-ийг долоо хоногт нэг удаа баталсан хуваарийн дагуу ХӨСҮТ-ийн ВСЛ-д хүлээн авч Дельта хувилбар илрүүлэх шинжилгээг хийн, эерэг тогтоогдсон хүмүүст тархварзүйн тандалт судалгааг хийсэн.

Үр дүн: Шинжилгээгээр 7 дугаар сарын 26-наас эхлэн Дельта хувилбарын сорьцонд эерэг гарах хувь аажмаар нэмэгдэж, 8 дугаар сарын 20-

ны өдөр хамгийн их буюу 46% болж өссөн байна. Дельта хувилбар сорьцонд эерэг гарах хувиас R утгыг үндэслэн бид тооцож үзэхэд 8 дугаар сарын 7-ны өдрөөс огцом нэмэгдэж 8 дугаар сарын 20-ны байдлаар өдрийн байдлаар 4,094 хүн халдвар авсан байх магадлалтай байна. Дельта хувилбар эерэг тодорхойлогдсон нийт тохиолдлын 51.5% нь эмэгтэй, дундаж нас 36.3 байв. Нууц үеийн дундаж хугацаа 5 хоног, нийт тохиолдлын 248 (92.5%) эмнэлзүйн шинж тэмдэг илэрсэн ба хамар битүүрэх (65.3%), толгой өвдөх (59.3%), ядрах, сульдах (58.2%), хуурай ханиалгах (57.8%), хоолой өвдөх (51.1%) шинж хамгийн өндөр хувьтай байна. КОВИД-19-ийн эсрэг вакцины 1-р тунд 8 (3.6%) нь, 2-р тунд 213 (96.4%) нь хамрагдсан, вакцин хийлгэсэн хүмүүсийн 42.5% нь эмнэлэгт хэвтэн эмчлүүлсэн ба вакцин хийлгээгүй хүмүүстэй харьцуулахад 2.2%-иар бага байна.

Дүгнэлт: Бидний судалгаагаар Дельта хувилбараар бага насны хүүхэд, залуучууд, архаг хууч өвчтэй хүмүүс халдварт өртөх, хүндрэх, эмнэлэгт хэвтэн эмчлүүлэх эрсдэл өндөртэй байна.

3.14. КОВИД-19 БАТЛАГДСАН ТОХИОЛДЛЫН ОЙРЫН ХАВЬТЛЫН ТАРХВАР СУДЛАЛЫН ШИНЖ ЧАНАР, ХАЛДВАРТ ӨРТСӨН БАЙДАЛ

*Ч.Түвшинтөр, Д.Бадрал, Т.Ууганжаргал,
Ж.Нямсүрэн, Б.Соёлмаа, Д.Оюунгэрэл, ХӨСҮТ*

КОВИД-19 царталын эхэн үед вирусийн эсрэг өвөрмөц сэргийлэлтийн арга хэмжээ байхгүй учраас улс орнууд халдварын тархалтыг бууруулах ойрын хавьтлыг цаг алдалгүй илрүүлэх, тусгаарлах, олон нийтийг хамарсан хөл хорио тогтоох, маск зүүх, гар угаах, зай барих зэрэг арга хэмжээг авч хэрэгжүүлэн, халдварын тархалтыг тодорхой хэмжээгээр барьж чадсан. Энэхүү судалгаагаар Улаанбаатар хотод бүртгэгдсэн КОВИД-19 батлагдсан тохиолдлын ойрын хавьтлын мэдээлэлд дүн шинжилгээ хийн халдварт өртөх эрсдэл бүхий хүн ам, халдвар тархах эрсдэлтэй нөхцөлийг судлан тогтоохыг зорилоо. Судалгааны хүн ам нь SARS-CoV-2 вирусийн халдвартай болох нь батлагдсан тохиолдолд идэвхтэй тандалт хийж, ойрын хавьтлыг илрүүлэх асуумжийн дагуу хавьтлуудыг тогтоосон. Ойрын хавьтлыг тодруулах асуумж нь хүн ам зүйн мэдээлэл, хавьтал болсон хамаарал, газар, хугацаа, вирус судлалын шинжилгээний дүн зэрэг нийт 16 асуултаас бүрдэнэ.

Бид энэхүү судалгаагаар 2020 оны 11 дүгээр сарын 11-нээс 4 дүгээр сарын 1 хүртэлх хугацаанд

Улаанбаатар хотод бүртгэгдсэн 7,266 тохиолдлын 22,094 ойрын хавьтлын мэдээлэлд дүн шинжлгээ хийхэд 49.2% нь эмэгтэй, дудаж нас 32.3. Гэр бүлийн хавьтал хамгийн их буюу 10,867 (49.2%), хамт ажилладаг хүмүүс 5,395 (24.4%), батлагдсан тохиолдолд эмнэлгийн тусламж үзүүлж байхдаа хавьтал болсон 1,987 (9%) хүн байна. Дайралтын түвшин гэр бүлийн гишүүдийн дунд хамгийн өндөр буюу 23.9%, нэг караокед батлагдсан тохиолдолтой хамт үйлчлүүлсэн хүмүүсийн дунд 22%, батлагдсан тохиолдлын гэрт очиж тавилга угсах, хаалга засах, бариа хийх зэрэг үйлчилгээ үзүүлсэн хүмүүсийн 16.7%, батлагдсан тохиолдолтой нэг байр, гэр хорооллын нэг хашаанд амьдардаг хүмүүсийн 13.7%, тухайн батлагдсан тохиолдлын гэрээр зочилсон, гэрт нь хоносон, буяны ажилд оролцсон хамаатан садангийн 12.5%, хамт заал авсан, хоолонд орсон, нэг ширээнд сууж тоглосон найз нөхдийн 10% нь, нэг сувилал, амралтанд хамт амарсан, сувилуулж байх явцдаа ойрын хавьтал болсон хүмүүсийн 9.3% нь халдвар авсан байна. Хоёрдогч дайралтын түвшин караокегаар үйлчлүүлсэн хүмүүсийн дунд хамгийн өндөр буюу 91.7%, төрийн бус байгууллагаар үйлчлүүлсэн хүмүүсийн дунд хамгийн бага буюу 9.1% байна

Дүгнэлт: Батлагдсан тохиолдолтой хавьтал болсон бага насны хүүхэд, 65 болон түүнээс дээш насны хүн, эмэгтэйчүүд, гэр бүлийн гишүүд болон хамт караокед орсон, гэрээр явж ажил хийдэг хүмүүсийн дунд халдварт өртөх эрсдэл өндөртэй байна.

3.15. МОНГОЛ УЛСАД ХЭРЭГЛЭЖ БУЙ SARS-COV-2 ВИРҮСИЙН ЭСРЭГТӨРӨГЧ ИЛРҮҮЛЭХ ТҮРГЭВЧИЛСЭН ОНОШЛУУРЫН МЭДРЭГ ЧАНАРЫГ СУДАЛСАН ДҮН

Г.Цогзолмаа¹, С.Анхбаяр¹, Ц.Наранзул¹, Б.Пүрэвбат¹, Ч.Хишигмөнх¹, Н.Баясгалан¹, Б.Ганцоож¹, Б.Бумдэлгэр¹, Х.Батчимэг¹, А.Баярзаяа², Б.Дармаа¹, ¹ХӨСҮТ, ²ДЭМБ

Манай улсад SARS-CoV-2 вирүсийн антиген илрүүлэх түргэвчилсэн оношлуурыг 2020 оны 12 дугаар сараас эхлэн хэрэглэж эхэлсэн бөгөөд олон үйлдвэрлэгчийн оношлуурууд хэрэглээнд орж тэдгээрийн үр дүн, гүйцэтгэлийн талаарх судалгаа хийгдээгүй байна. Бид энэ судалгаандаа SARS-CoV-2 вирүсийн антиген илрүүлэх 22 төрлийн оношлуурыг мэдрэг чанарыг судлахдаа 810 үйлчлүүлэгчийн амьсгалын дээд замаас сорьц цуглуулан КОВИД-19

халдварын илрүүлэг шинжилгээг талбар дээр болон лабораторийн нөхцөлд гүйцэтгэв. Судалгааны үр дүнгээр түргэвчилсэн оношлуурын илрүүлгийн хязгаар Ct утга ≤ 25 байх үед 2 оношлуурын мэдрэг чанар $\geq 90\%$, 11 оношлуурын $\geq 80\%$, 9 оношлуурын мэдрэг чанар $\leq 70\%$ байв. Ct утгын хязгаарлалтгүй мэдрэг чанарыг тооцоолоход 7 оношлуурын мэдрэг чанар $\geq 80\%$ байсан бол бусад оношлуурын мэдрэг чанар $\leq 79\%$ байв. Энэхүү судалгааны ажил нь манай улсад хэрэглэгдэж буй SARS-CoV-2 вирүсийн антиген илрүүлэх түргэвчилсэн оношлуурын сонголт хийх, зөвлөмж гаргахад суурь дата болсон.

3.16. КОВИД-19 БОЛОН СҮРЬЕЭ ХАВСАРСАН ӨВЧЛӨЛИЙН ҮХЛИЙН ТҮВШИН

Л.Чинзориг, Б.Цолмон, Б.Нямдулам, Н.Цэрэннадмид, Э.Оюунчимэг ХӨСҮТ

Монгол Улсад КОВИД-19-ын дотоодын тохиолдол 2020 оны 11 сард бүртгэгдэж эхэлснээс хойш 2021 оны эхний 7 сарын байдлаар хүн амын дунд халдварын тархалт 4.8%, үхлийн түвшин 0.5% байна. Халдвар хүн амын дунд өргөн тархсантай холбоотойгоор сүрьеэтэй өвчтөн болон сүрьеэгийн эмчилгээний дараах хяналтад буй иргэдийн дундах КОВИД-19 халдварлалтын болон үхлийн түвшинг тодорхойлох зорилгоор уг судалгааг хийлээ.

Материал, арга зүй: Бичиглэл судалгааны аргаар КОВИД-19-ын бүртгэлийн нэгдсэн систем (www.tandalt.gerege.mn) болон сүрьеэгийн цахим бүртгэлийн нэгдсэн систем (tubis.mn)-ийн мэдээллийн сангаас өвчтөний мэдээллийг цуглуулж, SPSS программ ашиглан боловсруулалт хийсэн.

Үр дүн: Монгол Улсад 2020 оны 01 сарын 01-нээс 2021 оны 7 сарын 30-ны хугацаанд бүртгэгдсэн 5786 сүрьеэтэй өвчтөний мэдээлэл, 2020 оны 03 сарын 08-ны өдрөөс 2021 оны 07 сарын 23-ны өдөр бүртгэгдсэн КОВИД-19-тай өвчтөний мэдээлэлд дүн шинжилгээ хийхэд КОВИД-19 болон сүрьеэ хавсарсан 308 тохиолдол бүртгэгдэж, халдварлалтын түвшин 5.3% байв. Сүрьеэтэй өвчтөний дундах үхлийн түвшин CFR=0.05 байсан бол коронавируст халдвар, сүрьеэ хавсарсан өвчтөний дунд CFR=0.9 байв.

Дүгнэлт: Сүрьеэтэй өвчтөний дундах коронавируст халдварын тархалт хүн амын дундах тархалттай харьцуулахад ялгаа багатай байна. Сүрьеэ болон коронавируст халдварын хавсарсан тохиолдлуудын дундах нас баралт нь сүрьеэтэй өвчтөний нас баралтын түвшинтэй харьцуулахад өндөр байна.

3.17. ХӨСҮТ-ИЙН СҮРЬЕЭГИЙН КЛИНИКТ БҮРТГЭГДСЭН КОВИД-19 ХАЛДВАРЫН ДЭГДЭЛТИЙН СУДАЛГАА

Б.Нямдулам, Д.Гаравням, Ц.Батзаяа, Г.Оюунчимэг, Э.Оюунчимэг, ХӨСҮТ

2021 оны 3 дугаар сарын 25-нд ХӨСҮТ-ийн Сүрьеэгийн клиникт хэвтэж байсан 1 өвчтөн, 1 сахиур амт, үнэр мэдрэхгүй байна гэсэн зовиуртай байсан тул сорьц авч ПГУ-ын шинжилгээнд илгээхэд, КОВИД-19 халдвараар өвчилсөн болох нь батлагдсан тул дэгдэлтийн эх уурхайг тодорхойлох судалгаа хийсэн.

Материал, арга зүй: Тусгаарлах дэглэмээр ажиллаж байсан сүрьеэгийн клиникийн 4 тасагт (3 кластер) сүрьеэгийн оношоор хэвтэн эмчлүүлж байсан болон хэвтэн эмчлүүлэгчдийн сахиур, тасагт тусгаарлагдан ажиллаж байсан эмч, ажилтнууд, мөн гадуур сувилагч нараас КОВИД-19 халдвар илэрсэн хүмүүсийн “Өвчтөний түүх”, “ПГУ шинжилгээний дүн”, “КОВИД-19 батлагдсан тохиолдлын тархвар судалгааны хуудас”-аас баримт бичгийн аргаар судалгаа хийсэн.

Үр дүн: 2021 оны 3 дугаар сарын 25-наас 4 дүгээр сарын 15-ны өдрийн хугацаанд Сүрьеэгийн клиникийн эмч, ажилтан, өвчтөн, сахиур нийт 139 хүнээс хамар залгиурын сорьцыг 5 удаа авахад 56(AR=40.3%) тохиолдол КОВИД-19-өөр өвчилсөн болох нь ПГУ шинжилгээгээр батлагдсан. Хоёрдогч дайралтын түвшинг өртөлтийн кластер тус бүрээр тооцоход 1-р кластер AR=76.9%, 2-р кластер AR=59.5%, 3-р кластер AR=7.1% байна. Өвчтөнүүдийн дундаж нас 40.1, хүйсийн хувьд 50% нь эмэгтэй, 50% эрэгтэй, 76.7% (43)-д нь шинж тэмдэг илэрснээс, хуурай ханиалгах, халуурах, хоолой хөндүүрлэх, толгой өвдөх зэрэг шинж тэмдэг давамгайлсан байна.

Дүгнэлт: Тусгаарлах дэглэмээр ажиллаж байсан сүрьеэгийн клиникт гарсан коронавируст халдварын дэгдэлт нь 3-р кластерийн 1 эх уурхай (тусгаарлалтаас гадуур сувилагч)-гаас эхэлж, тусгаарлалтын эмч, сувилагч нарт, цаашлаад өвчтөнүүдэд дамжиж халдварласан байна.

3.18. 0-5 НАСНЫ ЭРҮҮЛ ХҮҮХДИЙН ДУНДАХ ЭНТЕРОВИРҮСИЙН ЭРГЭЛТИЙГ СҮҮЛИЙН АРВАН ЖИЛЭЭР СУДАЛСАН ДҮН

Б.Төгөлдөр, Б.Анхмаа, С.Ариунтөгс, Т.Халиунаа, Д.Сугаржав, Б.Ичинхорлоо, НЭМҮТ

Монгол улс ДЭМБ-ын полиомиелит чөлөөт бүс гэрчилгээг 2000 онд гардан авснаас хойш полио болон полио бус энтеровирусийн эргэлтэд хяналт тавих зорилгоор 0-5 насны харьцангуй эрүүл хүүхдийн дунд полио-бус энтеровирусийн лабораторийн тандалт судалгааг 21 дэх жилдээ явуулж байна. Энэхүү тандалтыг явуулснаар орчинд эргэлдэж буй полиовирусийг эрт илрүүлэх, хариу арга хэмжээг цаг алдалгүй авч хэрэгжүүлэх зэрэг чухал ач холбогдолтой. 0-5 насны эрүүл хүүхдийн дундах полио бус энтеровирусийн орчлыг судлах 2011-2020 он буюу сүүлийн 10 жилийн хугацаанд Нийгмийн эрүүл мэндийн үндэсний төвийн Полиомиелитын лабораторид хийгдсэн 0-5 насны, харьцангуй эрүүл хүүхдүүдээс цуглуулсан нийт 2056 өтгөний сорьцод хийсэн шинжилгээний дүнд эргэмж, баримтын судалгаа хийв. Эдгээр сорьцыг 21 аймаг, Улаанбаатар хотын 9 дүүргээс цуглуулж, ДЭМБ-аас зөвлөдөг батлагдсан аргачлалын дагуу RD-A болон L20B эсийн өсгөвөр ашиглан вирус илрүүлэх, ялган дүйх шинжилгээ хийсэн байна. Шинжилгээний дүнг SPSS программ ашиглан, илэрсэн полиобус энтеровирусийн хувь, улиралчлал, байршлаар дүн шинжилгээ хийв. Сүүлийн 10 жилийн хугацаанд нийт 2056 өтгөний сорьц шинжилснээс 17.9% (370)-д нь полио-бус энтеровирус илэрсэн байна. Үүнээс 74.8% (277) нь хөдөө орон нутаг, 24.2% (93)-д Улаанбаатар хотын оролцогчдоос илэрсэн. Орон нутгаас цуглуулсан 1420 сорьцын 19.5%-д, Улаанбаатар хотоос цуглуулсан 636 сорьцын 14.6%-д полио-бус энтеровирус илэрсэн байна. Улирлаар судалж үзэхэд полио-бус энтеровирусийн илрэх хувь намар (112), өвөл (104) харьцангуй их, хавар (79), зуны (75) улиралд бага байв. Оноор авч үзвэл 2013 (37.6%), 2015 (25.4%) онуудад хамгийн их, 2020 онд хамгийн бага (10.7%) байна.

Дүгнэлт: 0-5 насны хүүхдүүдийн дундах полио-бус энтеровирусийн илрэх хувь нь ДЭМБ-ын илрүүлвэл зохих шалгуур үзүүлэлтийн түвшинд(10%) хүрсэн байна. Полио-бус энтеровирус нь намар, өвлийн улиралд бусад улирлаас илүү илэрч байв.

3.19. SARS-COV-2 ВИРҮС ИЛРҮҮЛЭХ ЛАБОРАТОРИЙН ШИНЖИЛГЭЭНИЙ ДҮН

*Б.Номин-Эрдэнэ, Б.Төгөлдөр, Б.Анхмаа,
С.Ариунтөгс, Т.Халиунаа, Ц.Сайнбаяр, Д.Сугаржав,
О.Бүдханд, Д.Нандинцэцэг, Б.Номин, М.Гансмаа,
Б.Хоролгарав, Б.Оюунсүвд, Б.Ичинхорлоо, НЭМҮТ*

КОВИД-19 халдварын тохиолдлын лабораторийн шинжилгээний дүнд эргэмж судалгаа хийх зорилгоор энэ хугацаанд шинжилсэн сорьцын мэдээлэлд дүн шинжилгээ хийв. НЭМҮТ-ийн Молекул биологийн лабораторид 9 сарын хугацаанд нийт 243,362 сорьц шинжилснээс 5974 буюу 2,45%-д нь SARS-CoV-2 вирус илэрсэн байна. Эерэг тохиолдлыг сараар авч үзвэл 2021 оны 1 сард 1% (n=47), 2 сард 1% (n=55), 3 сард 2% (n=122), 4 сард 25% (n=1534), 5 сард 6% (n=383), 6 сард 33% (n=1974), 7 сард 11% (n=634), 8 сард 7% (n=417), 9 сард 14% (n=816) илэрчээ. SARS-CoV-2 вирус илэрсэн үйлчлүүлэгчдийн дундаж нас 35.6, насны бүлгээр ангилж үзвэл 0-10 насны хүүхэд 7% (n=425), 11-20 настай 9% (n=545), 21-30 настай 23% (n=1369), 31-40 настай 26% (n=1558), 41-50 настай 17% (n=989), 51-60 настай 10% (n=620), 61-70 настай 5% (n=290), 70-аас дээш настай 3% (n=178) байна. Халдвар авсан тохиолдлын 46% (n=2726) эрэгтэй, 54% (n=3248) эмэгтэй хүмүүс байв.

Дүгнэлт: НЭМҮТ-ийн Молекул биологийн лабораторид хийсэн шинжилгээний дүнгээр SARS-CoV-2 илэрсэн хувь 4-6 сард хамгийн өндөр байсан ба 7-8 сард буурч 9 сараас ихсэх хандлага ажиглагдаж байна. Халдвар авсан хүмүүсийн 26% нь хөдөлмөрийн (31-40) насныхан байв. Энэ нь бусад насны бүлгүүдтэй харьцуулахад халдварт өртсөн байдлаар давамгайлж байна.

3.20. БОХИР УСНЫ ДЭЭЖИД ПОЛИО БОЛОН ПОЛИО-БУС ЭНТЕРОВИРҮС ИЛРҮҮЛСЭН ДҮН

*Т.Халиунаа, Б.Анхмаа, Б.Төгөлдөр, Д.Сугаржав,
С.Ариунтөгс, Б.Ичинхорлоо, НЭМҮТ*

Энтеровирус нь гадаад орчинд харьцангуй удаан хугацаанд амьдрах чадвартай бөгөөд бохирдсон ус, хөрс, бохир гар, хоол хүнсээр дамжин халдварладаг. Энтеровирусийн халдвар нь шинж тэмдэггүй хэлбэрээс гар хөл амны өвчин, суулгалт, тууралтат халдвар, мөн зарим халдварт бус өвчний эмнэлзүйн механизмд нөлөөлж, хүндрэлийн шалтгаан болж байна. Бохир усанд полио болон полио-бус энтеровирус илрүүлэх зорилгоор Улаанбаатар хот

(n=27), Дархан-Уул (n=8), Сэлэнгэ (n=4) аймгуудын цэвэрлэх байгууламжаас 2019-2021 онд нийт 39 бохир усны дээж цуглуулав. Энтеровирус илрүүлэх шинжилгээг хийхдээ ДЭМБ-ын удирдамжийн дагуу “Хоёр үе шатлалт сепарацийн арга”-аар дээжийг боловсруулж, RD-A, L20B эсийн өсгөвөрт ялган дүйн шинжлэв. Шинжилгээний дүнгээр полиовирус илрээгүй, нийт дээжийн 33,3% (n=13)-д нь полио-бус энтеровирус илрэв. Эдгээрийг дээж цуглуулсан оноор нь авч үзвэл 2019 онд цуглуулсан дээжийн 75% (n=4), 2020 онд цуглуулсан дээжийн 53,8% (n=7), 2021 онд цуглуулсан дээжийн 10%-д (n=2) нь тус тус полио-бус энтеровирус илэрсэн. Байршлаар авч үзвэл Улаанбаатар хотоос цуглуулсан дээжийн 29.6% (n=8), Дархан-Уул аймгаас цуглуулсан дээжийн 62.5%-д (n=5) нь тус тус полио-бус энтеровирус илрэв. Сэлэнгэ аймгийн цэвэрлэх байгууламжийн бохир усанд полио-бус энтеровирус илрээгүй бол Дархан-Уул аймгийн цэвэрлэх байгууламжийн бохир усанд полио бус энтеровирусийн илрэх хувь хамгийн өндөр байв.

Дүгнэлт: Бохир усанд полиовирус илрээгүй нь хүрээлэн буй орчинд болон хүн амын дунд зэрлэг болон вакцинаас үүдэлтэй полиовирус эргэлтэнд байхгүй байгааг харуулж байна. Полио-бус энтеровирусийн илрэх хувь 2019 онд 75%, 2020 онд 53.8%, 2021 онд 10% болж буурсан байна.

3.21. SARS-COV-2-ИЙН ӨВӨРМӨЦ МУТАЦИЙГ БОДИТ ХУГАЦААНЫ УРВУУ ТРАНСКРИПЦИЙН ПОЛИМЕРАЗЫН ГИНЖИН УРВАЛЫН АРГААР ИЛРҮҮЛСЭН ДҮН

*Э.Мөнхтуяа¹, Б.Отгонжаргал², Э.Болормаа¹,
Б.Ичинхорлоо³, Н.Цогбадрах⁴, Л.Баттөр⁵,
Н.Хүрэлбаатар², Ч.Баттогтох²
¹ИЭ, ²АШУҮИС, ³НЭМҮТ, ⁴ЗӨСҮТ, ⁵ХӨСҮТ*

Монгол улсад тархаж буй SARS-CoV-2-ийн омогт өвөрмөц мутацийг бодит хугацааны урвуу транскрипцийн полимеразын гинжин урвал (бх-УТ-ПГУ)-ын аргаар илрүүлж улмаар вирусийн хувилбарыг таамаглах, тархалтын байдлыг тогтоох зорилготой ретроспектив, ажиглалтын судалгааны арга, агшингийн судалгааны загвараар 2021 оны 06-аас 09-р сард АШУҮИС, ХӨСҮТ, НЭМҮТ, ЗӨСҮТ, Интермед эмнэлгийн молекул биологийн лабораториудад хийгдэж байна. Монгол улсад тархсан дотоодын халдварын батлагдсан тохиолдлуудын хадгалагдаж байсан сорьцноос

санамсаргүй түүвэрлэлтийн аргаар сонгон SARS-CoV-2-ийн PHX-г StarMag 96 ProPrep C цомог хэрэглэн SEEPREP 32 нуклейн хүчил ялгах автомат систем (Seegene Inc, Korea)-ээр ялган, S (Spike) уургийн E484K, N501Y, HV69/70 делеци, L452R, W152C, K417T, K417N, P681R мутацийг Allplex SARS-CoV-2 Variants I, II, IV Assay цомгууд (Seegene Inc, Korea) ашиглан илрүүлэх бх-УТ-ПГУ-ын шинжилгээг CFX 96 Real-time PCR Detection System (Bio-Rad, USA) аппаратаар хийлээ. Судалгаанд 2020 оны 11 сараас 2021 оны 8 сард батлагдсан коронавирусийн халдварын тохиолдлын 2580 эерэг шинжлэгдэхүүнийг хамруулав. Шинжилгээнд хамруулсан бүх шинжлэгдэхүүнд Variants I, 879 шинжлэгдэхүүнд Variants II, 281 шинжлэгдэхүүнд

Variants IV оношлуураар мутаци илрүүлэх шинжилгээ хийлээ. Нийт шинжлэгдэхүүний 39.4% (1016)-д өвөрмөц мутаци илрээгүй бол 35.3% (911)-д альфа хувилбар, 8.6% (222)-д Дельта болон Дельта нэмэх хувилбар илэрч бусад мутацийн төрлүүд 16.7% (431)-д дан болон хавсарсан хэлбэрээр илэрлээ. 2020 оны 11-12 сарын эерэг тохиолдлуудад E484K, N501Y, HV69/70 делеци мутациуд илрээгүй ба 2021 оны 1 сараас өвөрмөц мутацийн төрлүүд илэрч эхэлсэн. Манай орны хувьд 2021 оны 1 сараас SARS-CoV-2-ийн альфа хувилбар тархаж эхэлсэн ба хүн амын дунд эргэлтэнд байсаар байна. Харин дельта хувилбар 7 сараас тархаж эхэлсэн бөгөөд 8 сард дельта нэмэх хувилбарын 5 тохиолдолд илэрсэн байна.

* * *

**18TH NATIONAL CONFERENCE,
“CURRENT TOPICS OF VIROLOGY”
OCTOBER 15, 2021
ULAANBAATAR, MONGOLIA**

ABBREVIATIONS OF NAMES OF INSTITUTIONS

MoH	Minister of Health, Ulaanbaatar, Mongolia
MSV	Mongolian Society of Virology, Ulaanbaatar, Mongolia
MAMS	Mongolian Academy of Medical Science, Ulaanbaatar, Mongolia
NCCD	National Center for Communicable Diseases, Ulaanbaatar, Mongolia
NVG, MCRI	New Vaccines Group, Murdoch Children’s Research Institute, Melbourne, Australia,
DP, UM	Department of Pediatrics, The University of Melbourne, Australia
LSHTM	London School of Hygiene and Tropical Medicine, London, United Kingdom
KDCA	Korea Disease Control and Prevention Agency, Republic of Korea
NIID	National Institute of Infectious Diseases, Tokyo, Japan
NCZD	National Center for Zoonotic Diseases, Ulaanbaatar, Mongolia
SSCH	Second State Central Hospital, Ulaanbaatar, Mongolia
IMS	Institute of Medical Sciences, Ulaanbaatar, Mongolia
MNUMS	Mongolian National University of Medical Sciences, Ulaanbaatar, Mongolia
NCPH	National Center for Public Health, Ulaanbaatar, Mongolia
PCV	Professional Committee for Virology, Ulaanbaatar, Mongolia
FCHM	First Central Hospital of Mongolia, Ulaanbaatar, Mongolia
IB	Institute of Biology, Ulaanbaatar, Mongolia
NU	National University, Ulaanbaatar, Mongolia
MULS	Mongolian University of Life Science, Ulaanbaatar, Mongolia

PROGRAM OF THE “CURRENT TOPICS OF VIROLOGY” 18th NATIONAL VIROLOGY CONFERENCE, MONGOLIA

Oct 15, 2021, Friday; Conference Hall, Tuusin Hotel, Ulaanbaatar, Mongolia

08:30-09:00	Registration	Organizers
I.Session, Chair: Prof. J. Ouynbileg, MSV& NCPH, Ass. Prof. Ts.Bilegtsaikhan, NCCD		
09:00-09:15	Opening conference Opening remarks	S.Enkhbold, MoH Prof. P.Nymadawa, <i>MSV & MAMS</i> Dr. Ts.Bilegtsaikhan, General Director, NCCD
09:15-09:45	Lecture I. COVID-19 and Vaccine	Prof. J. Ouynbileg, <i>MSV& NPC</i>
09:45-10:15	Lecture 2. Update on the global COVID-19 situation	Prof. Kim Mulholland, <i>NVG, MCRI, Melbourne, Australia, DP, UM, Australia; LSHTM, London, United Kingdom</i>
10:15-10:30	Question and Answer	
10:30-11:00	Group photo, Tea/Coffee Break, Posters	
II.Session, Chair: Ass. Prof. Ts.Erdene-ochir, MSV & MULS, Ass. Prof. N.Naranbat, MSV & “Gyals” Medical Center		
11:00-11:30	Lecture 3. Korean COVID-19 response and experience	Yujin Jeong, <i>Director/ Division of International Affairs at KDCA</i>
11:30-11:40	Oral Presentation 1: Genomics study of the SARS-CoV-2 that caused the first wave of the COVID-19 pandemic in Mongolia	Naranzul Ts. , Seiichiro F, Tsogzolmaa G, Bayasgalan N, Khishigmunkh Ch, Mina N, Shinji W, Ankhbayar S, Tserendulam B, Darmaa B, Battur L, Nymadawa P <i>NCCD, NIID, MAMS</i>
11:40-11:50	Oral Presentation 2: Transmission of Covid-19 from humans to animals in Mongolia	Uyanga B. , <i>Mongonbagan S, Suvd-Erdene Sh, Ganzorig G, Ganbold D, Otgonbayar D, Tsogbadrakh N, NCZD</i>
11:50-12:00	Oral Presentation 3: Evaluation of Immune Response after COVID-19 infection and vaccination	Budjav J. , Byambajav A., Yesuzaya G et al., <i>SSCH, IMS, MNUMS, NCPH</i>
12:00-12:10	Oral Presentation 4: Epidemiology and risk factors for pneumonia in adults in Ulaanbaatar	Dr. Claire von Mollendorf. <i>NVG, MCRI, Melbourne, Australia</i>
12:10-12:20	Oral Presentation 5: How can we control respiratory syncytial virus and measles virus infections when the COVID-19 public health control measures are lifted?	Dr.Lien Anh Ha Do. <i>NVG, MCRI, Melbourne, Australia, DP, UM, Australia</i>
12:20-12:40	Question and Answer	
12:40-14:00	Lunch, Posters/Expositions	Organizers
III.Session, Chair: Dr. N. Tsogbadrakh, NCZD, Prof. Ts.Oyunsuren, IB, Mongolian Academy of Science		
14:00-14:10	Oral Presentation 6: Development of in-house ELISA kit based on the nucleocapsid protein to detect antibodies against SARS-CoV-2	Tuul.B. , Nomuun. O, Maral.D, Khurelsukh.B, Ariya.E, Nomin.B, Lhagvasuren. D, Naranzul. Ts, Darmaa. B, Gantulga. D, Oyunsuren. Ts <i>IB, NU, Mongolia</i>
14:10-14:20	Oral Presentation 7: Seroprevalence of SARS-CoV-2 in Mongolia, a prospective, age-stratified nationwide cohort	Ch.Battogtokh. M.Undram, B.Batzorig, D.Zolzaya, E.Oyunsuren, A.Oyunbaatar, M.Battur,G. Anuujiin, B.Otgonjargal, E.Gerelmaa, B.Batzaya, N.Khurelbaatar, D.Davaalkham, P.Nymadawa, E.Ryenchindorj, Linh-Vi Le <i>MNUMS, MoH, PCV, WHO</i>
14:20-14:30	Oral Presentation 8: Adverse events following immunization for COVID-19 in Mongolia	D Oyungerel D. Urtnasan Ch, Altanchimeg S, Gantsooj B, A Burmaa, Dashpagma O, Tsogt M, <i>NCCD</i>
14:30-14:40	Oral Presentation 9: Development and validation of a new multiplex rt RT-PCR assay for SARS-CoV-2 detection	J. Zandraa,S. Zolzaya, G.Jamba <i>Choros-Onosh Ltd</i>

14:40-14:50	Oral Presentation 10: Detection of SARS-COV2-s Ab in solid organ transplantation recipients of Mongolia after mRNA vaccination	Oyunbileg.B , Sarantsetseg. J, Bayan-undur.D,
14:50-15:20	Question and Answer	
15:20-15:40	Tea/Coffee Break, Posters	
IV.Session, Chair: Ass. Prof. B.Darmaa, MSV, NCCD, Prof. D.Otgonbaatar, MSV		
15:40-15:50	Oral Presentation 11: Results of a study on the prevalence of human papillomavirus among Mongolian men	<u>D.Lkhamsuren</u> , N.Khishigsuren, P.Naranjargal, P.Batgerel, B.Amarmend, N.Naranbat "Gyals" Medical Center, LLC
15:50-16:00	Oral Presentation 12: Isolation and Phylogenetic analysis of canine parvovirus type 2	<u>Ariunaa Ts</u> , MULS
16:00-16:10	Oral Presentation 13: Results of production of A hepatitis specific immunoglobulin by chromatography	<u>B.Nomin</u> , T.Khaliunaa, L.Altantuya, B.Ankhmaa, B.Ichinkhorloo, J.Oyunbileg, B.Sainchimeg, NCPH
16:10-16:20	Question and Answer	
16:20-17:00	General Discussion and Closing	

ABSTRACTS

ONE.LECTURES

1.1. COVID-19 AND VACCINE

Professor J.Ouynbileg, MAMS, MSV, NPC

The vaccines against the new corona virus (SARS-2) are important tool to control pandemic disease, which started in WUHAN, PCR on December, 2019. SARS-2 is a largest RNA virus among all RNA virus families. The vaccines can be divided in 4 groups: 1. Traditional inactivated vaccine, 2. mRNA based vaccine, 3. Vector vaccine, based on adenovirus strains, which deleted the essential genes for replication, 4.Virus protein based vaccine.

Mongolia is a leading country in the world, vaccinating 65% of population. However, the pandemic disease not fully under controls. In Mongolia we got inactivated Hepatitis B vaccine, vaccinia - Hepatitis B, Adenovirus, Ent-71 Recombinant strains, by genetic engineering.

In Mongolia it's possible to produce the vaccine against new corona virus by traditional inactivated technology. Vector vaccine can be produced by technology transfer.

1.2. UPDATE ON THE GLOBAL COVID-19 SITUATION

*Professor Kim Mulholland
MCRI, UMA-AUS, LSHTM-UK*

COVID-19 has affected all countries in the world, often in very different ways. In the early stages, some countries, like Australia, New Zealand, Mongolia or Vietnam seemed to evade the terrible consequences endured by Europe and the Americas. Poorer countries, particularly in Africa, saw the virus, but seemed to be minimally affected. Initially mathematical modelers produced simple models predicting that when 60-70% of the population is immune, herd immunity will have been reached and the virus will go away. The virus responded by mutating into more infectious forms, eventually leading to the Delta variant which is extremely infectious, producing new waves in almost all countries. India appeared to have achieved herd immunity at the end of 2020, but a new surge in cases in 2021 led to a peak in COVID-19 mortality in May that was four times

more intense than the 2020 peak. Now India is settling, but what does this mean for the rest of the world?

1.3. KOREAN COVID-19 RESPONSE AND EXPERIENCE

Yujin Jeong, KDCA, Republic of Korea

The presentation is composed of five main areas unpacking Korea's Covid-19 response strategies; 1. the current status and trend of Covid-19, including the recent re-surge of confirmed cases, 2. the quarantine policy on the incoming travelers, 3. the three T's: the early detection via active and massive testing, comprehensive tracing by central and local governments, and the system of grouping patients to accommodate the treatment within the current capacity of healthcare system, 4. the vaccination status, the evaluation of the efficacy of the vaccines, and the efforts to encourage the public to participate in the nation vaccination program, and lastly, 5. the challenges that Korea faces and the next step to reconcile the Covid-19 responses, in order to go back to normal. In each of the components some examples of how we enhanced the effectiveness and efficiency by incorporating the ICT in our programs are illustrated.

TWO. ORAL PRESENTATIONS

2.1. GENOMICS STUDY OF THE SARS-COV-2 THAT CAUSED THE FIRST WAVE OF THE COVID-19 PANDEMIC IN MONGOLIA

*Ts.Naranzul¹, F.Seiichiro², G.Tsogzolmaa¹,
N.Bayasgalan¹, Ch.Khishigmunkh¹, N.Mina²,
W.Shinji², S.Ankhbayar¹, B.Tserendulam¹, B.Darmaa¹,
L.Battur¹, P.Nymadawa³
¹NCCD, ²NIID-JP, ³MAMS*

The first confirmed case of Covid-19 infection in Mongolia was reported in March 2020 as an imported case, while the clusters of the local transmission have been identified in November 2020. In our study, we analyzed the genomic changes of the SARS-CoV-2 virus that had been distributed for one year since it was first registered in Mongolia. Whole genome sequence was used to detect genomic variability of the virus in 20 samples. Before of domestic outbreak and until Nov 2020, changes in the amino acid A845S, R273S, D614G,

D138Y, M153T, and D839Y in the S protein that the main surface antigen of the SARS-CoV-2 virus was detected in 6 samples, which was reported as the imported cases. Viral strains with additional V143F, D614G, P681H changes from 09 Dec 2020 and V143F, D614G, P681H, S640F changes from 26 Dec 2021 in the S protein was detected in 14 samples of the local outbreak. Prior to the outbreak of COVID-19 in Mongolia, the original Wuhan strain-like SARS-CoV-2 virus was the causative agent of the infection, but after the local outbreak “new variant” that have the surface amino acid changes with V143F and S640F was prevalent in the domestic infection.

2.2. TRANSMISSION OF COVID-19 FROM HUMANS TO ANIMALS IN MONGOLIA

*B.Uyanga, S.Mongonbagan, Sh.Suvd-Erdene,
G.Ganzorig, D.Ganbold, D.Otgonbayar,
N.Tsogbadrakh, NCZD*

According information of OIE, dog, cat, mink, lion, tiger, gorilla and deer has detected COVID-19 since August on 2021. In 6 August, 2021 following information has received, beaver with suspicious COVID-19 and two beaver died has detected in beaver localization center. Sample collection was performed from worker and beavers and all samples had tested positive by PCR to SARS-CoV-2. Therefore, we conducted epidemiological investigation.

Results: Beaver localization center has eight workers as veterinarian, biologist, chief, driver and four animal caregivers. Three workers were recovered by COVID-19, as chief, driver and veterinarian. Four animal caregivers are live at work. First animal caregiver had symptoms at 29 July and second animal caregiver had symptoms at 1st of August. Then three members of families had symptoms between 4-6 Augusts. At 1st of August, veterinarian came work. Then that day all workers had worked together and beavers had released to outside by using a net. Since 3rd of August, one beaver had died, 4th of August one beaver had died. Therefore, veterinarian had conduct medical examination in all beavers and most of them had symptoms. According to the test of COVID-19, first animal caregiver and beavers confirmed at 6th of August, biologist and second animal caregiver and children of animal caregiver confirmed at 10th of august, veterinarian had confirmed at 12th of august.

Conclusion: In that case, transmission of COVID-19 from human to beavers had confirmed. And incubation period of human to human was three days and human

to beavers was two days. It seems that delta variant may circulating among beavers and workers. Therefore, we are conducting further study.

2.3. EVALUATION OF IMMUNE RESPONSE AFTER COVID-19 INFECTION AND VACCINATION

*J.Budjav¹, A.Byambajav¹, G.Yesuzaya¹, G.Uranbileg¹,
S.Ankhtuya¹, D.Bayarjargal¹, Kh.Dorjkhand¹,
B.Soyoloo¹.Bolor¹, J.Bolortuya¹, E.Tseepil¹,
M.Mungunkhuyag¹, S.Munkhbayar³, B.Munkhbat³,
J.Oyunbileg⁴, Ts.Ganzorig¹, Ya.Amarjargal¹,
Ts.Bilegtsaikhan^{1,5}
¹SSCH, ²IMS, ³MNUMS, ⁴NCPH, ⁵NCCD*

Currently, in the world SARS-CoV-2 vaccine technologies are based on mRNA of viral Spike protein, inactivated virus, and recombinant adenoviral vector. In this study we intended to assess the level of Covid-19 virus infection and post-vaccination immune response.

Materials and methods: A total 557 participants were enrolled in this study, such as unvaccinated and no COVID-19 infection group - 100, both dose vaccination group - 334, COVID-19 patients without vaccine - 69, COVID-19 patients with vaccination - 54. We have tested laboratory examinations at 14 days, 28 days and 2 months after both dose vaccination. Therefore, sample collected at 0 to 7 days, 8 to 14 days, > 14 days after diagnosed COVID-19 infection. We determined levels of Neutralizing antibody, S-RBD IgG and Total antibody by using Mindray CL-900i instrument (Mindray & Shinjyuku LLC, China) IL-6 cytokine level determined by Cobas-C501 automatic instrument (Sysmex LLC, Japan) with Elecsys IL-6 (#49651502) kit.

Results: The levels of neutralizing antibodies were a peak after both dose vaccination and gradually decreased 1-2 month later. There were different an immune responses in 4 kinds vaccine groups. In Verocell group, neutralizing antibody was positive 52/122 (43%), SRBD-IgG was detected positively 98/122 (80%), total antibody was positive 108/122 (89%). All antibody levels were a higher amount in the participants aged 18-29 years compared to over 60 years. In addition, in COVID-19 group without vaccination levels of three antibodies were 4 times lower than patients with COVID-19 with vaccination. IL-6, a cytokine that stimulates the activity of key cells in the innate immune response, is rapidly synthesized in the early stages of COVID-19 infection, and the activity of the IL-6 cytokine is reduced when the adaptive immune response is strongly intensified. The

results show that the level of vaccine-induced immunity gradually peaks in the 14 days after vaccination and reaches different levels, depending on age.

Conclusion: The levels of neutralizing antibodies were a peak after both dose vaccination and gradually decreased later. The amounts of neutralizing antibodies produced in all vaccinated participants were different. In the vaccinated group with younger age have a rapid increase in immune compared to older age. Moreover, COVID-19 group without vaccination, immune response is induced very weak compared patients with vaccination. A result indicating that the vaccine has been shown to have a significant effect on the immune response to COVID-19 infection. In addition, IL-6 cytokine activity is high at the beginning of infection-induced innate immune response in the intracellular levels.

2.4. EPIDEMIOLOGY AND RISK FACTORS FOR PNEUMONIA IN ADULTS IN ULAANBAATAR

Claire, MCRI, UMA-AUS

Community-acquired pneumonia is a leading cause of morbidity and mortality among both children and older adults worldwide. Pneumonia in adults can be caused by several pathogens, most importantly influenza and *Streptococcus pneumoniae*. Older age, smoking status, alcohol intake, comorbidities and air pollution exposure are important risk factors for pneumonia. Our study aims to establish the burden and determinants of pneumonia in hospitalised adults aged 18 years or older in Ulaanbaatar, Mongolia.

Materials and methods: Data were collected as part of an ongoing hospital-based pneumonia surveillance program among adults aged ≥ 18 years in four districts of Ulaanbaatar: Songinokhairkhan, Sukhbaatar, Bayanzurkh, and Chingeltei. Surveillance data were collected both retrospectively (January 2015—February 2019) and prospectively (March 2019—March 2022). All respiratory admissions are screened, and patients are enrolled if they meet the study clinical pneumonia case definition. Medical details, as well as risk factors are collected during medical record review. Prospectively enrolled participants have digital CXRs, nasopharyngeal swabs and urine collected. Swabs will be tested for pneumococcus, influenza, and RSV. Urine will be tested using a pneumococcal serotype-specific urinary antigen detection assay.

Results: From January 2015 to end August 2021,

there were a total of 19,568 respiratory admissions in the four district hospitals and 6,701 admissions met the study clinical pneumonia case definition, with 8% defined as severe pneumonia. Pneumonia admissions showed a seasonal pattern, with the highest number of cases presenting over the winter months (November-March) and lowest number of cases presenting during Mongolia's summer months (June-August). Peaks in pneumonia admissions coincided with reported influenza peaks in the 2019 and 2020 seasons. The highest incidence of all clinical and severe pneumonia was in adults >65 years old. The case-fatality ratio was low. Age, sex, alcohol intake, occupation and cooking fuel were associated with disease severity on univariate analysis only; while living below the poverty line, underlying medical conditions and heavy cigarette smoking remained associated with disease severity on multivariable analysis

Conclusion: We describe the epidemiology of pneumonia among adults ≥ 18 years in four districts of Ulaanbaatar, Mongolia. Incidence rates of pneumonia were highest in winter and adults aged >65 years. Certain risk factors were associated with severe pneumonia. To our knowledge, this is the first systematic pneumonia surveillance program examining all-cause pneumonia in adults in the region.

2.5. HOW CAN WE CONTROL RESPIRATORY SYNCYTIAL VIRUS AND MEASLES VIRUS INFECTIONS WHEN THE COVID-19 PUBLIC HEALTH CONTROL MEASURES ARE LIFTED?

Dr Lien Anh Ha Do, MCRI, UMA-AUS

The current COVID-19 pandemic has impacted immunization programs in many countries, especially in low- and middle-income countries (LMICs). In LMICs, a resurgence in measles cases was already occurring prior to the COVID-19 pandemic, while in several high income countries, a dramatic surge of respiratory syncytial virus (RSV) infections recently has been reported when current COVID-19 public health control measures are lifted. Both measles and RSV are well known as the two leading pathogens causing significant morbidity and mortality in pediatric population worldwide. Millions of children living in the most vulnerable of circumstances in the world now have significantly high risk of getting severe MeV and/or RSV infections in the coming “new normal” COVID-time. Urgent actions are required to prevent this looming crisis.

2.6. SEROPREVALENCE OF SARS-COV-2 IN MONGOLIA, A PROSPECTIVE, AGE-STRATIFIED NATIONWIDE COHORT

*Ch.Battogtokh¹, M.Undram¹, B.Batzorig¹, D.Zolzaya¹,
E.Oyunsuren², A.Oyunbaatar¹, M.Battur¹,
G.Anuujiin¹, B.Otgonjargal¹, E.Gerelmaa¹, B.Batzaya¹,
N.Khurelbaatar¹, D.Davaalkham¹,
P.Nymadawa³, E.Ryenchindorj¹, Linh-Vi Le⁴*
¹MNUMS, ²MoH, ³PCV, ⁴WHO

We are conducting a national cohort study for anti-SARS-CoV-2 serological testing, clinical illness and associated factors in Mongolia, by age-stratified population based longitudinal study design. Our investigation is conducted under the WHO UNITY Studies protocol covering the western (Bayan-Ulgii, Zavkhan), Khangai (Bulgan, Bayankhongor), Tuv (Selenge, Dornogovi, Umnugovi), Eastern (Dornod, Khentii) regions of Mongolia, and Ulaanbaatar and Erdenet cities. We used a multistage random sampling method. Currently three phases of the study have completed data collection including, the first stage (October-December 2020) and second stage (January-March 2021) and third stage (5-6 months of 2021). SARS-CoV-2 specific total antibodies and two-step confirmatory IgG antibody testing was conducted (Wantai Total Ab, Kantaro Quantitative SARS-CoV-2 IgG Antibody RUO). Follow-up completion rates were 100%, 90.6%, and 85.6% in this cohort of subjects. SARS-CoV-2 seropositive proportions were 1.44%, 1.63%, and 51.6%, respectively in Mongolia from September 2020 to June 2021.

By the mid 2021, a high proportion of subjects were seropositive in Mongolia. Although the herd-immunity of SARS-CoV-2 is a less known phenomenon of epidemiology. We report more than half of the subjects were seropositive to SARS-CoV-2 from a LMIC setting due to both higher confirmed case counts and high vaccination rate.

2.7. ADVERSE EVENTS FOLLOWING IMMUNIZATION FOR COVID-19 IN MONGOLIA

*D.Oyungerel, Ch.Urtnasan, S.Altanchimeg, B.Gantsooj,
A.Burmaa, O.Dashpagma, M.Tsogt, NCCD*

We aimed to evaluate the adverse events following the COVID-19 vaccines in Mongolia and will contribute

to the recommendations on the safety of the COVID-19 vaccine and its prevention.

The study protocol was developed using WHO guidance related to vaccine safety surveillance and was conducted using the active safety surveillance system of Mongolia by active surveillance. 4,000 participants who vaccinated by Vero cell (n=1,000), AstraZeneca-Covishield (n=1,000), Gam-COVID-Vac (n=1,000), Comirnaty (n=1,000) were randomly selected from Mongolian National Immunization program database from 23 February to June 1, 2021. The study was funded by the CDC of the USA and the Task Force for Global Health within the framework cooperation with NIC, NCCD Mongolia. Totally 40 surveyors collected data from participants in a week by cell phone according to the developed questionnaire with 85 questions.

A total of 3,994 participants' data were analyzed, of which 2,253 (56.4%) participants reported they have AEs after the first dose of the COVID-19 vaccine. After the second dose, the rate of presented AEs was reduced and only 345 (8.6%) participants had AEs. The average time of presenting AEs was 1.5 days which was the same as 2 doses. AstraZeneca-Covishield vaccine 79.0% of the recipients reported they had an adverse event following immunization which was the highest among the other 3 vaccines. The most frequently reported adverse reactions were mild and moderate such as injection site pain (after 1st dose 26.9%, 2nd dose 18.4%), systemic reactions such as headache after (1st dose 19.9%, 2nd dose 11.5%), fever below 39 degrees (1st dose 14.9%, 2nd dose 5.1%), chills (1st dose 12.5%, 2nd dose 5%), joint pain (1st dose 10.4%, 2nd dose 4.7%), tiredness (1st dose 10%, 2nd dose 5.9%), sleepiness (1st dose 6.2%, 2nd dose 3.7%), muscle pain (1st dose 5.9%, 2nd dose 2.1%) and nausea (1st dose 3.6%, 2nd dose 1.7%). Severe adverse events were rare and reported lymphadenitis (1st dose 0.3%, 2nd dose 0.2%), fever above 39 degrees (1st dose 0.9%, 2nd dose 0.4%), shortness of breath (1st dose 0.2%, 2nd dose 0.2%), skin allergic reaction (1st dose 0.1%, 2nd dose 0.1%), swelling of the face and whole body (1st dose 0.1%).

The overall frequency of adverse events was low among Mongolian people vaccinated by Vero cell, AstraZeneca-Covishield, Gam-COVID-Vac, Comirnaty vaccine compared with AEs which in vaccine manufacturer description. As well, sleepiness, hypertension, dizziness was the special AEs compared with other countries.

2.8. DEVELOPMENT AND VALIDATION OF A NEW MULTIPLEX REAL-TIME QUANTITATIVE REVERSE TRANSCRIPTASE-PCR ASSAY FOR THE CLINICAL DETECTION OF SARS-COV-2

*J.Zandraa, S.Zolzaya, G.Jamba
Choros-Onosh Ltd*

The outbreak of Coronavirus disease-2019 (COVID-19) caused by new human coronavirus SARS-CoV-2 continues to increase worldwide. The real-time reverse transcription polymerase chain reaction (rRT-PCR) is the gold standard for diagnosing COVID-19. However, possible false-negative and false-positive results along with low sensitivity of assay produce misleading consequences, making it necessary to improve current methods. In addition, we describe a new multiplex assay, targeting the SARS-CoV-2's N and ORF1ab genes. Human RNaseP internal control was modified to specifically co-amplify the RNaseP mRNA. The assay was tested by using AccuPlex SARS-CoV-2 Reference Material Kit and human target mRNA sequences. Reference material was used for analytical reactivity studies and determining Limit of Detection (LOD) of the assay. Also, multiplex assay was validated on a cohort (n = 350; POS = 200/NEG = 150) of RNA samples extracted from nasopharyngeal swab specimens, previously tested for the presence of SARS-CoV-2 using a Sansure novel CoV-2019 PCR kit. The overall sensitivity and specificity of the assay was: 98.25% (95% CI:90.61–99.96%), 98.92% (95% CI:94.15–99.97%) respectively.

Conclusion: The current method provides the amplification of two viral regions in the same PCR reaction. Thus, sensitive, accurate rRT-PCR method is obtained to diagnose SARS-CoV-2.

2.9. DEVELOPMENT OF IN-HOUSE ELISA KIT BASED ON THE NUCLEOCAPSID PROTEIN TO DETECT ANTIBODIES AGAINST SARS-COV-2

*B.Tuul¹, O.Nomuun¹, D.Maral¹, B.Khurelsukh¹, E.Ariya¹,
B.Nomin¹, D.Lhagvasuren², Ts.Naranzul³, B.Darmaa³,
D.Gantulga¹, Ts.Oyunsuren¹
¹IB, ²NUM, ³NCCD*

A novel coronavirus named as severe acute respiratory syndrome coronavirus 2 (SARS-CoV-2) that arisen in late December 2019 provoked a global pandemic and placed massive social burdens on society. On February 2021, Mongolia launched the vaccination

against Covid-19. Due to the pressing need to assess antibody responses to post vaccination, we developed a highly sensitive and specific SARS-CoV-2 nucleocapsid protein-based ELISA kit for the identification of SARS-CoV-2 IgG antibody, which could also be an important supplementary method for COVID-19 diagnosis of infected individuals. To create an in house- ELISA, we expressed the recombinant N protein in bacterial cells and then purified it to determine its specificity against SARS-CoV-2. This study included 200 positive serum samples from confirmed COVID-19 patients and 76 negative serum samples collected before the SARS-CoV-2 outbreak. Here, the performance of our in-house developed ELISA and a commercial ELISA kit (Wantai Biological Pharmacy Enterprise Co., Ltd) for identifying IgG antibody against SARS-CoV-2 in human sera and plasma is evaluated and compared. Among the 200 patients, our in-house developed ELISA kit detected antibody against SARS-CoV-2 in 64% of people (124/200) whereas commercial available kit identified 62% (122/200) of people. Also any specific antibodies were not detected in pre-pandemic 76 negative sera. Therefore this assay can be applied to determine SARS-CoV-2 seroprevalence in the general population as well as for epidemiological investigations.

2.10. DETECTION OF SARS-CoV-2 S ANTIBODY IN SOLID ORGAN TRANSPLANTATION RECIPIENTS OF MONGOLIA AFTER mRNA VACCINATION

B.Oyunbileg, J.Sarantsetseg, D.Bayan-Undur, FCHM

The Severe Acute Respiratory Syndrome coronavirus-2 has a major impact in solid organ transplant recipients and the effect of established mRNA based SARS-CoV-2 vaccines have to be evaluated for solid organ transplant patients (SOT) since they are known to have poor responses after vaccination.

Materials and methods: We investigated the SARS-CoV-2 immune response via SARS-CoV-2 S IgG detection in the serum of 17 renal transplant recipients and 11 liver transplant recipients after two doses of the mRNA based SARS-CoV-2 vaccine BNT162b2 following the standard protocol.

Result: The median age was 52.5±12 years. Nineteen (67.8%) of the 28 patients were male, and 9 (32.2%) were female. The mean time after organ transplantation was 6.3±5 years (5 months-16 years). The antibody response was evaluated once with an anti- SARS-CoV-2-S IgG CLIA (Elecsys Roche, Germany) 30+2 days after the

second dose. Only 19 of 28 (67.8%) SOTRs were tested positive for SARS-CoV-2-S IgG after the second dose of vaccine and median titer was 119.5 ± 106.4 U/ml.

Conclusion: Thus, the humoral response of SOTRs after two doses of the mRNA based SARS-CoV-2 vaccine BNT162b2 is impaired. Individual vaccination strategies and third dose of vaccine might be beneficial in these vulnerable patients.

2.11. RESULTS OF A STUDY ON THE PREVALENCE OF HUMAN PAPILLOMAVIRUS AMONG MONGOLIAN MEN

D.Lkhamsuren, N.Khishigsuren, P.Naranjargal, P.Batgerel, B.Amarmend, N.Naranbat
"Gyals" Medical Center, LLC

Studies on the prevalence of human papillomavirus (HPV) infection, a leading cause of cervical cancer, is common in women, but there are no studies in men (HPV).

Materials and methods: From July 2, 2019 to July 30, 2021, the results of the analysis of 89 samples of semen (S) of clients who were tested by the Gyals Medical Center (GMT) for the detection of human papillomavirus were studied. Semen specimens collect in a 100-mile sterile container (Copan Diagnostics, USA) and transport at room temperature. Nucleic acids were extracted with STARMag 96 prep C plate, Universal Cartridge kit (Seegene, Korea). Total 987 nucleic acid samples were screened for 28 HPV genotypes with Anyplex™ II HPV28 Detection kit (Seegene, Korea)

Results: HPV genomes were detected in 47.1% (42/89) of samples with semen. High risk (HR) genotypes of HPV were detected 31.5% (28/89). Low risk (LR) genotypes of HPV were detected 29.2% (26/89). The prevalence of HPV by age group is 0% (0/2) in 15-19 year olds, 58.8% (10/17) in 20-24 year olds, 33.3% (3/9) in 25-29 year olds, and 50% in 30-34 year olds. (14/28), 43.3% in 35-39 years (7/16), 44.4% (4/9) in 40-44 years, 60% (3/5) in 45-49 years, 0% in 50+ years (0 / 2) was. The results showed that 69% (29/42) of men were infected by only one genotype, while 14.3% (6/42) – by two, 4.8% (2/42) – by three, 7.1% (3/42) – by four, 4.8% (2/42)–by 5 or more genotypes simultaneously.

Among the six most prevalent types of HPV, HPV-6 is 10.1% (9/89), HPV-43 is 6.7% (6/89), and HPV-11 is 6.7% (6/89), HPV-51 is 6.7 (6/89), HPV-16 is 5.6% (5/89), and HPV-73 for 5.6% (5/89).

Conclusions: The 47.1% (42/89) of men are positive

for HPV, indicating the need for men to be vaccinated against HPV.

2.12. ISOLATION AND PHYLOGENETIC ANALYSIS OF CANINE PARVOVIRUS TYPE 2 (CPV-2)

Ts.Ariunaa, T.Uyangaa, N.Davaasuren, P.Vilaiphone, I.Noutlady, B.Naranbat, B.Chimedtseren, B.Boldbaatar, G.Nyamdavava, Sh.Tumenjargal, Ch.Tungalag and Ts.Erdene-Ochir, SVM, MULS

Canine parvovirus type 2 (CPV-2) causes highly contagious and fatal bloody diarrhea in puppies worldwide. Since its emergence, CPV-2 has been replaced with new genetic variants (CPV-2a, CPV-2b, and CPV-2c). Currently, information about the genotype prevalence of CPV-2 in Mongolia is limited. In this study, we investigated the genotype prevalence of CPV-2 in Ulaanbaatar of Mongolia.

Methods: Stool samples (n = 42) were collected from dogs showing symptoms of fever, diarrhea, or vomiting, or hemorrhagic symptoms, from various animal hospitals in Ulaanbaatar, Mongolia, between September 2016 and January 2018. Viral DNA detected by conventional PCR and further genotyping and phylogenetic analyses was performed using nucleotide sequencing of VP2 gene and NGS of full genome.

Results: We detected CPV-2 in 23 of 42 samples. Our results indicated that during 2016–2018, the new CPV-2a and 2c subtypes were detected in 34.7% of the samples, and the new CPV-2b subtype was detected in 30.4% of samples. VP2 protein sequence analysis and next-generation sequencing of the complete viral genome confirmed these antigenic types. However, sequence analysis indicated new and unreported mutations, Pro580Thr, and Tyr584His in the CPV-2c subtype. Additionally, high CPV-2 genetic diversity in the Mongolian dog population and striking similarities were also observed between sequences of the strains isolated from Mongolia and China over a similar time span.

Conclusions: Currently subtype CPV-2c has predominant in Ulaanbaatar, Mongolia and that the recent CPV-2c isolate from Mongolian field strain shares a common evolutionary origin with Chinese strains. Therefore, it is necessary to increasing attention in CPV-2 of the dogs in Mongolia for better understanding of epidemiology to enhance current vaccination strategies, being mindful of virus evolution.

2.13. RESULTS OF PRODUCTION OF A HEPATITIS SPECIFIC IMMUNOGLOBULIN BY CHROMATOGRAPHY

B.Nomin, T.Khaliunaa, L.Altantuya, B.Ankhmaa, B.Ichinkhorloo, J.Oyunbileg, B.Sainchimeg, NCPH

Vaccines against hepatitis A are expensive and remain a problem of control and safety issue. In the current fight against the coronavirus epidemic, the importance of antibodies against any infection, such as immunoglobulins isolated from blood serum, is growing. On the other hand, it is important to improve the safety of blood products. Prekallikrein is a blood clotting factor, and care should be taken to ensure that the immunoglobulin extracted from the blood does not contain prekallikrein. We developed a guideline for the production of hepatitis A-specific immunoglobulin using chromatographic methods and conducted experimental studies to produce a model product that did not contain prekallikrein. The study collected placental blood from a total of 2,000 healthy mothers who gave birth in maternity hospitals in Ulaanbaatar. In each case, HBsAg, anti-HCV, anti-HAV, anti-HIV, and anti-Syp were analyzed by the PCR method in accordance with the National Pharmacopoeia article /2011/. Serum purity, pH, hemapigment, and total protein were analyzed by bacteriology and biochemistry methods. When checking the appearance of raw materials by liter test, 404 samples /25.8%/ did not meet the requirements and 1134 /72.6%/ met the quality requirements. In 1134 eligible samples, 27.6% or 313 specimens were positive and 72.4% or 821 specimens were negative for HCV surface antibodies, hepatitis C antibodies, HIV and anti-Syp. Of the 831 negative samples tested for hepatitis A virus, 749 (90.1%) were positive and 82 (9.8%) were negative. Hepatitis A antibody titer-positive serum was selected and used in the experimental study.

Conclusion: 90.1% of the total plasma blood serum tested is positive for hepatitis A antibodies (+), indicating that there are sufficient raw materials for further use of placental blood serum for the production of hepatitis A specific immunoglobulins. Using chromatography, hepatitis A-specific immunoglobulin free of prekallikrein activator (PKA) was obtained.

TREE. POSTER PRESENTATIONS

3.1. COMPARATIVE STUDY OF DEPRESSION AND FEAR FOR COVID-19 IN HOSPITALIZED PATIENTS WITH COVID-19 IN GOBI-ALTAI AND ZAVKHAN AIMAGS

D.Usukhjargal, S.Batsaikhan, CZD-Gobi-Altai

On 31 Dec 2019, WHO was informed of cases of pneumonia of unknown cause in Wuhan, China. On Jan 30, 2020, the International Organization for Emergency Medicine announced the about disease was spreading rapidly internationally. On 11 Mar 2020, WHO General Director has announced COVID-19 as a pandemic. The first domestic case of COVID-19 was registered in Mongolia on 10th Nov, 2020 and currently, more than 296,766 people have been infected and more than 1225 have died in nationwide. Giving the accurate information of the symptoms and prevention of COVID-19 social media is important for the prevention of COVID-19. The study was based on the need to select Gobi-Altai and Zavkhan aimags, which are among the top five aimags in number of COVID-19 cases, and to assess the depression and fear for COVID-19 status of hospitalized patients. Goal is to assess the depression and fear for COVID-19 status of hospitalized patients infected with COVID-19 in Gobi-Altai and Zavkhan aimags.

Materials and method: We have selected total of 120 people from Gobi-Altai and Zavkhan aimags for study and questionnaire taken over the phone and meeting. The study was modeled on an analytical survey and we used to Microsoft Excel, SPSS for statistical data analysis.

Result: In our study, total of 60 people from Gobi-Altai and 60 people from Zavkhan aimag with a total of 120 participants with COVID-19 and 43.3% (n=52) were men and 56.7% (n=68) were women of them. By the age group, under 18 years old participants are 6.7% (n=8) or lowest and over 50 years old participants are highest or 30.8% (n=59). Of the total survey participants, 18.3% (n=22) have a secondary education, 47.5% (n=57) have a high school education and 34.2% (n=41) have a bachelor's degree and 55.8% (n=67) of them have employments. According to the duration of treatment for

COVID-19, 0.8% for 5 days, 50% for 6-10 days, 36.7% for 11-15 days, and 12.5% for 16-21 days in hospitalized. In determining the self-regulation of 60 citizens of Zavkhan, 83.3% (n=50) of the total participants were not anxious and 16.7% (n=10) were anxious and 80% (n=48) of the participants were not depressed and 20% (n=12) were depressed. In Gobi-Altai, 40% (n = 24) of the total participants were not anxious and 60% (n=36) were anxious and 66.6% (n = 40) of the participants were not depressed and 33.3% (n=20) were depressed. Depression and anxiety in people with COVID-19 were not related ($p<0.05$) to age, sex, education, employment, or duration of treatment.

Conclusion: People with coronavirus infection in Gobi-Altai are 13.3% more depressed and 43.3% more anxious than people in Zavkhan. Therefore, there is a need to provide psychological counseling and consulting to people who are infected and hospitalized.

3.2. CURRENT STATUS OF VACCINATION AGAINST RABIES AND AWARENESS AND ATTITUDES IN POPULATION IN GOBI-ALTAI PROVINCE

*D.Usukhjargal, D.Enkhtuvshin, B.Chimed-Ochir,
M.Munguntsetseg, S.Batsaikhan
CZD-Gobi-Altai*

In Gobi-Altai aimag, 4 men died in Tugrug soum bitten by rabies wolf in 1969 and 1 man died in Erdenesoum bitten by rabies wolf in 1997. Cattle and wild animal rabies cases regularly registered in territory of this aimag. As of first half of 2021, total of 21 suspected cases of rabies registered and have been vaccinating in Gobi-Altai aimag. 2 men bitten by rabies dog, 1 man bitten by rabies horse and 5 men bitten by rabies cow of these cases was confirmed by a veterinary laboratory.

Goal: To evaluate the vaccination against rabies and awareness, attitudes in population in Gobi-Altai aimag.

Materials and methods: Suspected case reports of rabies between 2016 and 2020 and report of vaccination against rabies in Gobi-Altai. Also, we used questionnaire survey on rabies awareness and attitudes of 160 people in Gobi-Altai.

Result: A total of 362 people have been vaccinated against suspected and confirmed cases of rabies between 2016 and 2020 in Gobi-Altai. Domestic animals such as dogs, cats, cattle and wildlife are major source of rabies. A total of the 160 people surveyed to assess their knowledge, attitudes, and risk of rabies, 83.8% (n=134)

were women and 16.2% (n=26) were men. By age group, 31.2% (n=50) are 18-25 years old, 58.8% (n=94) are 26-45 years old, and 10% (n=16) are 46-60 years old. In terms of education, 8.8% (n=14) have completed secondary education, 6.9% (n=11) have completed primary and secondary education, 16.4% have completed vocational education (n=26), 44.7% (71) have completed higher education, and 22% have master's degrees (n=35) and 1.2% (n=2) with doctoral degrees. A total of 120 people answered that fox, wolf and corsac is infected with rabies, which is the highest rate. According to the source of information, most of the information comes from public television, the Internet, and medical staff. A total of 85% respondents said they would go to the hospital immediately and be vaccinated when rabies animals were bitten and 15% said do not know or do not take any response. A total of 77.4% said that they would contact the veterinary and local authorities if they found out that the animals were infected with rabies. A total of 54% participants didn't know about wildlife and cattle rabies cases have registered in their area and 46% were informed. A total of 66.3% (n=106) answered yes and 33.8% (n=54) answered no when asked do you vaccinate your livestock against rabies.

Conclusion: According to the survey, the knowledge and attitudes of the people are relatively good, but animal rabies cases have being registered every year and the number of suspected cases of human rabies and vaccinated against rabies is not decreasing. Bitten by owned and stray dogs cases was highly or 89.5% of total suspected cases. There is a need for regular training and advocacy to improve the knowledge and attitudes of population to prevent rabies.

3.3. DETERMINATION OF ANTIBODY RESPONSES FOLLOWING SARS-COV-2 VACCINATION

*¹D.Maral, ¹B.Khurelsukh, ¹O.Nomuun, ¹E.Ariya, ¹B.Tuul,
¹B.Nomin, ²Ts.Naranzul, ²B.Darmaa, ³D.Lkhagvasuren,
¹D.Gantulga, ¹Ts.Oyunsuren, ¹IB, ²NCCB, ³NUM*

Mongolia reported the first case of the novel coronavirus SARS-CoV-2 in November 2020, and immunization began four months later. The aim of this research is to evaluate the overall immunogenicity of the SARS-CoV2 vaccine among the study population by SARS-CoV2 antibody ELISA. We used the in-house ELISA kit, which were developed by our team. The in-house ELISA test kit developed by was used

nucleocapsid protein, a structural protein of the SARS-CoV-2, considering 88% of the vaccinated population had received the BBIBP-CorV vaccine (Sinopharm Co., Ltd, China). This study included 235 participants, who were split into three groups by its post vaccination period. We determined Immunoglobulin G against SARS-CoV-2 in 35 people, who were unvaccinated, also serves as a control group (Group 1), and 100 participant's blood was obtained 14-45 days after immunization (Group 2), and 100 individual's blood was collected four months after vaccination (Group 3). AntiSARS-CoV 2 IgG was detected in 8.6 % of Group 1, 88.0 % of Group 2, and 65.0% of Group 3. Based on these findings, SARS-CoV-2 specific antibody levels are highest in individuals who had two vaccine doses 14-45 days ago compared to the control group, and are expected to decrease by the time.

3.4. ASSOCIATION BETWEEN MBL2 GENE RS1800450 POLYMORPHISM AND MBL PROTEIN

Ch.Altanshagai¹, L.Narantsetseg², S.Munkhbayarlakh², T.Buyankhuu², ¹GNC, ²MNUMS

MBL2 gene several polymorphisms are involved in the pathogenesis of many disease, including infectious disease. Our study aims determine genotype of MBL2 gene polymorphism and MBL protein. MBL proteins determined by ELISA. The rs1800450 polymorphism of the MBL2 gene determined by PCR-RFLP. Statistical analysis was performed in SPSS 22.0. The risk genotype of MBL2 gene' rs1800450 polymorphism was found in 22.5% of the total participants and serum MBL protein contents of people with the risk genotype was statistically low ($p \leq 0.001$).

3.5. HUMORAL IMMUNE RESPONSE IN HEALTH CARE WORKERS AFTER SARS-CoV-2 VACCINATION

B.Oyunbileg, B.Urangoo, Ch.Bolor, J.Sarantsetseg FCHM

Health care workers of First Central Hospital of Mongolia have vaccinated with three different vaccines against SARS-CoV-2. We detected SARS CoV-2 N and S-RBD antibodies after 30-90 days of second dose of vaccination.

Quantitation of antibodies to the spike protein of SARS-CoV-2 was performed for the detection of adaptive immune response in 291 HCWs vaccinated with Covishield, Sinopharm and Pfizer Biontech. Detection

and quantitation of SARS-CoV-2 N and S antibodies were performed by the electrochemiluminescence assay Cobas e411, Roche.

SARS-CoV-2-S-RBD IgG titer were negative 0%, weak positive 0.4%, positive 17.5%, strong positive 82.1% of 246 HCWs vaccinated with Covishield and were negative 2.8%, weak positive 8.5%, positive 57.1%, strong positive 31.4% of 35 HCWs vaccinated with Sinopharm.

In all HCWs vaccinated with Pfizer Biontech SARS-CoV-2-S-RBD IgG titers were strong positive.

Humoral immunity was produced in HCWs after two doses of Covishield vaccine 100%, Sinopharm 97.1%, Pfizer Biontech 100% respectively. Antibody titer was higher among younger age workers.

3.6. HEPATITIS B VIRUS E ANTIGEN AND ANTIBODY DETECTION IN PEOPLE WHO COUNTED HEPATITIS B VIRUS LOAD

B.Namuunzul, N.Khishigsuren, N.Naranbat "Gyals" Medical Center, LLC

Detection of the viral antigens HBsAg (surface antigen of HBV) and HBeAg (the hepatitis "e" antigen) and their corresponding antibodies is the cornerstone of diagnostic management of HBV infection. On the other hand, if HBeAg is not detected, but rather its antibody anti-HBe is found, a lower grade of viremia and infectivity has been assumed.

Materials and methods: The HBV load was determined in 2492 HBsAg-positive blood sample for Gyals, Hepatitis B virus E antigen (236)and antibody (213) testing (VIDAS HBe/anti-HBe (BIOMERIEUX, SA France) was performed.

Results: Of the 2,492 samples tested for HBV, 2,254 (90.4%) were born before 1991 and had not been vaccinated. Of these, 514 (22.28%) had a load greater than 2001 IU / ml, requiring treatment in accordance with WHO and Mongolian treatment and diagnostic recommendations, while 1740 (69.1%) had a load of 0-2000 IU / ml. Of the 2492 samples tested for HBV load, 174 (81.6%) were tested for HBV E antibodies in 213 samples, and 24 (13.7%) were tested for HBV load less than 2001 IU / ml. were positive and 149 (85.6%) were negative. Of the 40 samples identified as HBV loads above 2000 IU / ml, 27 (69.2%) were HBV E antibody and 12 (30.7%) were negative. Similarly, of the 2,492 samples tested for HBV stress, 196 (83.0%) tested for HBV E antigen in 236 samples, and 158 (80.6) tested

negative for HBV E antigen, 158 (80.6%) tested negative for HBV load less than 2001 IU / ml. 38 (19.3%) were positive. Of the 40 specimens identified as HBV loads above 2000 IU / ml, 27 (69.2%) were HBV E antigens and 13 (30.7%) were positive.

Conclusions: The result found that viral replication continued in 19.4% (38/196) of those diagnosed with an HBV load of less than 2000 IU / ml. Therefore, if the test result for HBV load is less than 2000 IU / ml, a positive test for HBV antigen E will require specific treatment.

3.7. SURVEY ON HBV IMMUNIZATION COVERAGE AND IMMUNITY AMONG HEALTH CARE WORKERS IN MONGOLIA

N.Naranzul¹, N.Khurelbaatar¹, B.Burmaajav², A.Enkhjargal³, B.Tumurbat³, O.Baatarkhuu^{1,4}
¹MNUMS, ²Ach-MU, ³AMP, ⁴MAMS

Since 2012, our country has been implementing a policy aimed to immunize medical school students and health care workers against hepatitis B virus. Therefore, there is a need of defining the status of HBV immunization coverage and immunity among the healthcare workers to reveal the impact of the policy action.

Materials and methods: This is a cross-sectional study, multi-stage sampling to evaluate HBV vaccination coverage among HCWs. Questionnaire and blood samples were taken from participants of the selected 36 health facilities in Ulaanbaatar and 5 aimags. Serological tests for HBSAg, anti-HBs, and anti-HBc were performed in collaboration with the NCCD. Data analyses was performed using SPSS-21 software.

Results: A total of 1,135 HCWs were involved in the study. 86.1% (977) of respondents were women and 77.1% (875) were married. 4.7% were infected with HBV, 77.8% of those surveyed were vaccinated against HBV, 47.4% (538) of the participants reported having received 3 full doses of vaccine while 52.6% (597) didn't receive the full dose or any dose., 55.8% of those who received three full doses of the vaccine had post-infection immunity, and 36.6% had post-vaccine immunity (p<0.001).

Conclusions: The immunization coverage of the study participants was high, and one-third of the full-dose vaccine recipients had post-vaccination immunization.

3.8. CLINICAL MANIFESTATIONS OF COVID-19 IN CHILDREN

B.Munkh-Undrakh¹, B.Tsolmon², D.Naranzul², L.Enkhsaikhan¹, S.Tsogtsaikhan¹, G.Khorolgarav², Ts.Chinbayar², G.Sarankhuu², B.Munkh-Undrakh², A.Indra¹, B.Namuun¹, S.Undariya¹, M.Serjmyadag¹, D.Tsedensodnom¹, R.Oyungerel¹
¹MNUMS, ²NCCD

SARS-CoV-2 has caused more than 220 million cases of COVID-19 and 4 million deaths globally, as of September 15, 2021. In adults, SARS-CoV-2 causes a predominantly respiratory illness; children are often asymptomatic (in 43–68% of cases) and death from COVID-19 are rare. We aimed to study the clinical features of COVID-19 in children.

Materials and Methods: From November 11, 2020 to June 30, 2021, we randomly selected 333 cases of COVID-19 from children admitted to the NCCD. Data analysis was done by Stata 16/SE.

Results: The average age of total cases was 8.0 ± 5.1 years, 52.3%(174) of all cases were male and 47.7%(159) were female. Clinically, 49.3%(164) were asymptomatic and 50.7%(169) were symptomatic. 55.3% of symptomatic cases were mild, 28.9% were moderate, 15.3% were severe, and 0.6% were critical severe. In the symptomatic form, 52.1% had a cough, 25.4% had a fever, 23.7% had a sore throat, 20.1% had a headache, 10.1% had a runny nose, 4.1% had diarrhea, 2.4% had nausea, and 1.8% had vomiting.

Conclusions: 1 in 2 children with COVID-19 is asymptomatic, with a predominance of cough in the symptomatic form.

3.9. PREVALENCE OF SEXUALLY TRANSMITTED INFECTIONS AMONG PREGNANT WOMEN ATTENDING AN ANTENATAL CLINIC

P.Tumendemberel¹, L.Munkh-Erdene², T.Khosbayar², J.Davaalkham¹, Sh.Myagmarsuren¹, N.Amarbayasgalan¹, G.Ichinkhorloo¹, J.Soyolmunkh¹
¹NCCD, ²MNUMS

Some sexually transmitted viral infections during pregnancy have been associated with adverse pregnancy outcomes such as severe birth defects, miscarriage, premature and low weight birth, stillbirth, and fetal death. Therefore, it is necessary to study the prevalence of sexually transmitted viruses among pregnant women

in order to assess the need to include testing for sexually transmitted viruses in routine antenatal testing.

Materials and methods: Cross-sectional study was conducted among 1963 pregnant women attending an antenatal clinic in 3 district hospitals of the Ulaanbaatar city and 10 aimags' Health Center of the Mongolia. Structured questionnaires were used to collect demographic and behavioral information, and clinical and gynecologic examinations were performed to detect clinical signs of STIs. Blood samples, vaginal swabs, and cervical swabs were collected, respectively, to test for sexually transmit viruses.

Results: The average age of the participants was 29.4 (95% CI, 29.1-29.7), 49.0% were married, and 49.2% had higher education. No HIV was detected among pregnant women, who participated in the study. The overall prevalence of HBsAg and anti-HCV was 5.4% (95% CI 4.05-5.95) and 1.7% (95% CI 1.39-2.61), cytomegalovirus (CMV) in 39.5% (95% CI 37.86-42.14), and human papillomavirus (HPV) in 47.1% (95% CI 44.51-49.49), respectively. Looking at ages, CMV is highest in 71.7% of 15–19-year-olds and 54.7% in 20–24-year-olds. Regionally, HPV and anti-HCV were highest among pregnant women in Umnugovi aimag at 54.7% and 5.8%, CMV in Khuvsgul aimag at 49.1%, and viral hepatitis HbsAg at 10.5% in Baganuur district.

Conclusions: 41.7% of the participants were diagnosed some of the sexually transmitted virus infections, and HPV infection was the highest and HSV2 infection was lowest prevalence registered.

3.10. INTEGRATED MOLECULAR EPIDEMIOLOGIC ANALYSIS OF HIV-1 CASES DIAGNOSED IN MONGOLIA AND ITS IMPORTANCE IN PUBLIC HEALTH

Z.Setsen¹, J.Davaalkham³, O.Shinichi²
¹YHC- NGO, ²AIDS CC-NCGHM, ³NCCD

Information on molecular epidemiology of Mongolian HIV cases only available for 1997-2009 and 2005-2016 timeframe and there is no integrated analysis available. Thus, we investigated subtype distribution and population group involvement and did phylogenetic tree analysis on the information of 160 HIV-1 cases diagnosed between 1997-2016 in Mongolia. Subtype B was dominant with 66.6%. CRF51_01B was 13.8% and CRF02_AG was 10.1%. CRF01_AE, A, C and G subtypes also present in Mongolia. On phylogenetic tree, two main clusters determined, one for subtype B – Cluster 1, another one for subtype CRF51_01B – Cluster 2. Among gay and bisexual male participants, 83% had subtype B

infection and 16% had subtype CRF51_01B infection. This related higher percentage of this population group in the clusters (79.6% in Cluster 1 and 81.8% in Cluster 2). HIV-1 subtype distribution differs by sexual orientation groups and the difference is statistically significant ($\chi^2= 134.20$ 6a df=7; $p<0.0005$). Results of the molecular epidemiologic studies of HIV cases that are identified in Mongolia serve as strategic information to inform revision of national guidelines and planning and implementation of prevention programs across the country. For instance, based on the results, Mongolia lead the region by adopting treatment as prevention strategy in 2013; and Pre-Exposure Prophylaxis among high risk population in 2021. Continuation of the molecular epidemiologic research should benefit further planning and evaluation of effective interventions.

3.11. SURVEILLANCE STUDY OF VIRUSES CIRCULATING 2010-2020 IN MONGOLIA CAUSING RESPIRATORY INFECTION

*Ts.Naranzul¹, N.Bayasgalan¹, S.Ankhubayar¹,
Ch.Khishigmunkh¹, Kh.Batchimeg¹,
B.Tserendulam¹, B.Gantsooj¹, B.Darmaa¹, J.Sarantuya²,
P.Nymadawaa³, ¹NCCD, ²MNUMS, ³MAMS*

The most common disease in the world is acute respiratory infections (ARIs). Pneumonia and bronchitis caused by respiratory infections account for 5.7% of deaths and are the third leading cause of death. Worldwide, averages of 3-5 million people are infected with influenza each year, and approximately 290,000 to 650,000 people die from the disease. The study purpose was to determine the prevalence of respiratory viruses, antigenic and genetic characterization of influenza viruses isolated in Mongolia, 2010-2020.

Materials and methods: Totally, 34896 respiratory specimens were collected from patient who visited to influenza sentinel surveillance unites. The specimens were tested for influenza by rtRT-PCR, for other respiratory pathogens detection were performed using multiplex trRT-PCR and HA, NA, M2 genes sequences for influenza viruses were performed using CDC primers, analyzed by ABI 3130xl genetic analyzer. The antiviral susceptibility testing was performed by chemiluminescence and fluorescence-based NAI assay and by sequencing for M2 gene. The antigenic characterization testing for influenza viruses were tested HI test.

Results: The average of influenza virus detection rate was 4633(13.3%), among them were detected 25.3% A(H1N1)pdm09, 52.2% A(H3N2) and 22.5% influenza

B subtypes respectively. Phylogenetic analyze showed A(H1N1)pdm09 viruses related to clades 7, 6c, 6b, 6b.1A and 6b.1A/183P-5, A(H3N2) viruses related to clades 1, 3c, 3c.3A, A3, A2, A1b/137F, A1b/135K, A1b/197R and influenza B viruses divided to B/Victoria 1A, V1A.3 and B/Yamagata 3 lineage. The antigenic analyze showed generally of influenza viruses matched to vaccine strains that recommended via WHO, but strains A(H3N2) in 2012-2013 and 2014-2015 mismatched to the vaccine strains. Drug susceptibility tests revealed all of influenza type A viruses detected resistant to amantadine with S31N mutation, even all strains were sensitive to neuraminidase inhibitor drugs. We found mutation G104R of amino acid in NA gene of influenza B virus that highly reduced susceptibility to multi NAI's. Other respiratory pathogens have been detected 3024(47.2%). Among them were rhinovirus 24.7%, RSV 14%, bocavirus 7.5%, adenovirus 7.2%, para-influenzavirus-III 6.9%, metapneumovirus 6.4%, enterovirus 6.1%, respectively. Coronavirus types 43, 63, 229, and HKU were identified in 10.9%.

Conclusions: In 2010-2020, the average of influenza virus detection rate in the population of our country was 13.3% and was lowest (8.7%) among children aged 0-11 and was highest (18.9%) among 5-14 years. During this period, A(H3N2) subtype predominated and antigens mismatched to those of the annual vaccine strains, some season. Types A and B of the influenza virus found in Mongolia are susceptible to NAI's, and all strains of type A are resistant to M2 protein inhibitors. Because rhinoviruses, RSVs, bocaviruses, metapneumoviruses, and para-influenzavirus-III viruses cause seasonal outbreaks (epidemy), a seasonal immunization plan should be developed based on these characteristics. The mean incidence of ILI was 47.2% and was highest in children aged 0-4 years.

3.12. THE RESULT OF SURVEILLANCE FOR SARS-COV-2 NUCLEIC ACIDS, ANTI-INFECTION IMMUNE SYSTEM AND CLINICAL PROCESS AMONG PATIENTS WITH COVID-19

S.Ankhubayar¹, Ts.Naranzul¹, G.Tsogzolmaa¹, N.Bayasgalan¹, G.Sarangua¹, Ch.Khishigmunkh¹, M.Uganchimeg¹, B.Gantsooj¹, Ch.Khurelbaatar¹, B.Darmaa¹, L.Battur¹, S.Ariuntugs², L.Enkhsaikhan³, P.Nymadawa⁴, ¹NCCD, ²NCPH, ³MNUMS, ⁴MAMS

Estimating the extent of the COVID-19 pandemic and the severity of acute respiratory syndrome caused by SARS-CoV-2, accumulation of current data is insufficient. In this study, we observed viral load in the

upper respiratory tract, the generation of specific anti-SARS-CoV-2 immunoglobulin (IgG and IgM) in the blood, and changes in the lungs in 32 patients reported at the time of the first outbreak in Mongolia. The results showed that the viral load in the upper respiratory tract was appeared for four weeks after SARS-CoV-2 infection, while the IgG level increased in the second week. But IgM was developed in the 2nd to 3rd week and decreased further. In comparison of two groups, IgG production was increased sharply from day 10 after the infection in patients with severe disease symptoms, while IgM levels were detected lower in the patients with mild disease symptoms. The CT (computed tomography) image showed that the patients with severe disease have severe pulmonary infiltration and decreased ventilation of the lobes compared with mild patients. Our study provides important information for the diagnosis of COVID-19 infection, evaluation of stage of the disease, and the criteria for evaluating cure of the disease.

3.13. RESULTS OF ACTIVE SURVEILLANCE FOR DELTA VARIANT OF SARS-COV-2 IN MONGOLIA

D.Oyungerel, A.Burmaa, B.Darmaa, B.Enkhtuya, S.Ankhubayar, Ch.Tuvshintur, M.Tsogt, J.Nyamsuren NCCD

The study's aim is to define epidemiological features of 268 local cases with Delta variants.

We selected the first 268 cases with the Delta variant which reported the National Surveillance System of NCCD from June 22 to August 22, 2021. For the purpose of national Delta variant surveillance, district and provincial Virology laboratories sent 10-20% of the specimens that confirmed SARS-CoV-2 by RT-PCR with Ct value under 20 to the National Reference Laboratory. National Reference laboratory performed Novaplex™ SARS-CoV-2/P681R Assay on those specimens for detecting Delta Variant. Epidemiologists of NCCD were collected data retrospectively as active surveillance from Delta variant positive cases using an investigation form. The questionnaire has 85 questions that consist of 11 sections.

We estimated cases with Delta variant using Delta variant positive rate and R0 which was determined in the study of Ying Liu et.al. As a result, cases with Delta variant started to increase from 6 August and reached the peak on 20 August 2021, around 4,094 people infected Delta variant. The average age was 36.3, more than half of the cases were women. The average incubation

period was 5 days and the generation time was 2.4 days. Totally, 248 (92.5%) cases had symptoms. Leading symptoms were stuffy nose (65.3%), headache (59.3%), fatigue (58.2%), dry cough (57.8%), sore throat (51.1%). 8 (3.6%) cases were vaccinated by one dose of COVID-19 vaccine while 213 (96.4%) cases were fully vaccinated. 42.5% of the vaccinated cases hospitalized and it was low compared with cases had not vaccinated by 2.2%. We observed young children, adults who have not been vaccinated and people with chronic diseases might be at risk to infect Delta variant and hospitalize.

3.14. EPIDEMIOLOGICAL CHARACTERISTICS OF INFECTION IN COVID-19 CLOSE CONTACTS IN ULAABAATAR CITY, MONGOLIA

Ch.Tuvshintor, D.Badral, T.Uuganjargal, J.Nyamsure, J.Soyolmaa, D.Oyungerel, NCCD

The coronavirus disease (COVID-19) pandemic is the greatest public health threat that the world has seen in the last 100 years. As individuals who were in close contact with a confirmed case are at increased risk of being infected, contact tracing and quarantine are primary actions at reducing the number of secondary cases and controlling the outbreak. The aim of this study was to analyze close contacts of confirmed cases registered in Ulaanbaatar to identify populations and conditions at high risk of infection.

We conducted a retrospective study on all COVID-19 confirmed cases notified from the public health laboratories between November 11, 2020, and March 31, 2021. The epidemiologist of NCCD collected data with the support of officers of the General Police Department and the General Intelligence Agency according to a questionnaire approved by the Ministry of Health. Contact tracing was defined as the systematic identification, through a detailed interview with the patient with COVID-19 or their caregiver, of all household, family, work/school, and social contacts who have had contact with a confirmed case, from 2 days before symptom onset of the case and up to 14 days afterward. Data on demographic characteristics, including sex, age at the notification, and type of dwelling (social or not), were collected. Epidemiological parameters, namely notification date, specimen collection date, the number and type of close contacts, the number of total household members, and the number of household members were also collected.

Between November 11, 2020, and April 1, 2021, we

traced 22,094 close contacts from 7,266 PCR confirmed index cases. From total contacts, 49.2% were family contacts, 24.4% were contacted at work and 9% were at the medical centers. The attack rate was 23.9% for family members, 22% for singing together at karaoke, 16.7% for working at confirmed cases home, 13.7% for the neighborhood, 12.5% for visited confirmed cases' homes, 10% for friends, and 9.3% for recreating spring sanatorium. The Secondary attack rate was high (91.7%) among contacts who singing together with confirmed cases.

Young children and people older than 65 years old, family members, friends, and relatives were at high risk of infection.

3.15. EVALUATION OF RAPID ANTIGEN TESTS TO DETECT SARS-COV-2 IN MONGOLIA

G.Tsogzolmaa¹, S.Ankhubayar¹, Ts.Naranzul¹, B.Purevbat¹, Ch.Khishigmunkh¹, N.Bayasgalan¹, B.Gantsooj¹, B.Bumdelger¹, Kh.Batchimeg¹, A.Bayarzaya², B.Darmaa¹, ¹NCCD, ²WHO

There is limited information on the performance of rapid antigen detection tests, which are used in Mongolia, to identify COVID-19. In this study, we evaluated the 22 SARS-CoV-2 antigen detection rapid tests in the COVID-19 detection field and in the laboratory using sample dilution method. By the result, the sensitivity of the kits was $\geq 90\%$ in 9 kits, $\geq 80\%$ in 11 kits and $\leq 70\%$ in 9 kits according to rapid antigen test detection limit (Ct value ≤ 25), while the sensitivity was $\geq 80\%$ in 7 kits and $\leq 79\%$ in the others based on the total number of tests. Our research work became the basis of recommendation for selecting rapid antigen detection tests of COVID-19 in our country.

3.16. THE CASE FATALITY RATE OF TUBERCULOSIS/COVID-19 CO-INFECTION

L.Chinzorig, B.Tsolmon, B.Nyamdulam, N.Tserennadmid, E.Oyunchimeg, NCCD

In November 2020, the first domestic case of COVID-19 was registered in Mongolia, as of July 2021, the prevalence of the infection among the population was 4.8% and the case fatality rate was 0.5%. The study was conducted to determine the case fatality rate and prevalence of tuberculosis (TB)/COVID-19 co-infection.

Materials and methods: In this descriptive study, data from the integrated system for registration of COVID-19 (www.tandalt.gerege.mn) and case based

electronically TB registration system (tubis.mn) were collected and analyzed using SPSS.

Results: Data on 5786 TB patients registered in Mongolia between January 1, 2020 and July 30, 2021, an analysis of patient data from COVID-19 reported between March 8, 2020 and July 23, 2021 revealed 308 cases of TB/COVID-19 co-infection and the prevalence 5.3%. The case fatality rate among TB patients was CFR=0.05, and among TB/COVID-19 patients was CFR=0.9.

Conclusion: There is little difference in the prevalence of TB/COVID-19 co-infection patients compared to the general population. The case fatality rate in cases of TB/COVID-19 co-infection is higher than TB patients.

3.17. COVID-19 OUTBREAK AT THE TUBERCULOSIS CLINIC, NCCD

B.Nyamdulam, D.Garavnyam, Ts.Batzaya, G.Oyunchimeg, E.Oyunchimeg, NCCD

On March 25, 2021, 1 patient and 1 caregiver admitted to the NCCD TB clinic, and had loss of taste and smell, they were diagnosed with COVID-19 when a sample was taken for PCR. A study was conducted to determine the source of the outbreak.

Methods: This study was conducted by desk review. The following documents were used: "Patient history" of patients diagnosed with COVID-19 in 4 wards of TB clinics (3 clusters) working in isolation, with TB diagnosis, inpatient caregivers, isolated doctors and staff, and outpatient nurses, "PCR test results", and "COVID-19 confirmed case questionnaire".

Results: During the period from March 25 to April 15, 2021, 56 (AR = 40.3%) cases of COVID-19 was confirmed by PCR. When calculating the secondary attack rate for each exposure cluster, cluster 1 is AR = 76.9%, cluster 2 is AR = 59.5%, and cluster 3 is AR = 7.1%. The average age of patients was 40.1, 50% were female, 50% were male, and 76.7% (43) had symptoms such as dry cough, fever, sore throat, and headache.

Conclusions: Outbreaks of COVID-19 in isolated TB clinic began at 1 source in cluster 3 (non-isolated nurses) and were transmitted to isolation physicians, nurses, and patients.

3.18. STUDY ON THE RATE OF ENTEROVIRUS INFECTION AMONG CHILDREN OF AGE BETWEEN 0 TO 5 FOR THE LAST DECADE

B.Tuguldur, B.Ankhmaa, S.Ariuntugs, T.Khaliunaa, D.Sugarjav, B.Ichinkhorloo, NCPH

Mongolia has been conducting laboratory-based surveillance study on non-polio enterovirus infection among relatively healthy children of age between 0 to 5 for the last 21 years in order to monitor the rate of polio and non-polio enterovirus infection since it has acquired the certificate for the polio-free region in 2000. To study the non-polio enterovirus rate among children of age 0 to 5. Virology test results of 2056 stool samples collected from relatively healthy children of age between 0 to 5 during 2011-2020 in the Poliomyelitis laboratory of the National Center for Public Health have been analyzed retrospectively. Samples were collected from 21 provinces and 9 districts of Ulaanbaatar city and were tested by WHO approved protocol using RD-A and L20B cell cultures. From a total of 2056 samples, 17.9% (370) were positive for non-polio enteroviruses. Among positive samples, 74.8%(277) were collected from rural areas and 24.2% (93) from Ulaanbaatar city. Among 1420 samples from rural areas, 19.5% were positive whereas 14.6% of the 636 samples from Ulaanbaatar city were positive for non-polio enterovirus infection. Season-based analysis showed the rate of non-polio enterovirus infection was relatively higher in autumn (112) and winter (104) than in spring (79) and summer (75). Lastly, the year-based analysis showed that the highest rate was observed in 2013 (37.6%) and 2015 (25.4%), and the lowest rate was observed in 2020 (10.7%).

B Nonpolio enterovirus revealing percentage among children 0-5 year old was at the level of WHO revealing level (10 per cent). The highest rates were observed in autumn and winter time.

3.19. LABORATORY TEST RESULTS FOR SARS-COV-2

B.Nomin-Erdene, B.Tuguldur, B.Ankhmaa, S.Ariuntugs, T.Khaliunaa, Ts.Sainbayar, D.Sugarjav, O.Budkhand, D.Nandintsetseg, B.Nomin, M.Gansmaa, B.Khorolgarav, B.Oyunsuvd, B.Ichinkhorloo, NCPH

Under the purpose of making research again on the laboratory test result of infective cases of COVID-19, we have analyzed on the sample information, already tested within last 9 months. During the period, 243,362 samples have been tested in the Molecule Biological

Laboratory of NCPH and in 5,974 cases or 2,45% of it, SARS-CoV-2 has been revealed. Looking at positive cases in per month, Jan, 2021-1% (n=47); Feb, 2021-1% (n=55); Mar, 2021 2% (n=122); Apr, 2021-25% (n=1534); May, 2021-6% (n=383); Jun, 2021-33% (n=1974); Jul, 2021-11% (n=634); Aug, 2021-7% (n=417) and Sep, 2021-14% (n=816). Average life expectancy of customers with SARS-CoV-2 virus is 35,6. Classifying by their age group: 0-10 years old children-7% (n=425); 11-20 years old people-9% (n=545); 21-30 years old people-23% (n=1369); 31-40 years old people-26% (n=1558); 41-50 years old people-17% (n=989); 51-60 years old people-10% (n=620); 61-70 years old people-5% (n=290); Older than 70 years old people-3% (n=178). 46% (n=2726) of total positive case is male and 54% (n=3248) is female.

Conclusion: By the result of test in MBL of NCPH, SARS-CoV-2 positive case rate was the highest in April-June, 2021 and its rate was decreasing in Jul-Aug, 2021. Also, it seems that positive case rate intends to increase in Sep, 2021. 26% of people with corona virus is in labor-force age or 31-40 years old. Comparing it to other age groups, its rate in total positive case is the highest.

3.20. DETECTION OF POLIO AND NON-POLIO ENTEROVIRUSES IN WASTEWATER

T.Khaliunaa, B.Ankhmaa, B.Tuguldur, D.Sugarjav, S.Ariuntugs, B.Ichinkhorloo, NCPH

Enteroviruses can survive in the environment for a relatively long time and can be transmitted through contaminated water, soil, dirty hands, and food. In order to detect polio and non-polio enteroviruses (NPEV) in wastewater, a total of 39 samples were collected from Wastewater Treatment Plants of Ulaanbaatar city (n=27), Darkhan-Uul (n=8) and Selenge provinces (n=4) in 2019-2021. Samples were treated and concentrated according to the WHO-recommended method "Concentration of sewage specimens using the two-phase separation method" and isolated on RD-A and L20B cell cultures.

As a result, no polioviruses were detected and NPEV were detected in 33,3% (n=13) of the total wastewater samples. By year of sampling, rate of NPEV in the samples collected in 2019 is 75% (n=4), in 2020-53,8% (n=7), in 2021-10% (n=2). By location, NPEV were detected in 29.6% (n=8) of the samples collected from Ulaanbaatar and in 62.5% (n=5) of the samples collected from Darkhan-Uul aimag.

Conclusions: The absence of polioviruses in wastewater indicates that wild and vaccine-derived polioviruses are not circulating in the environment

and among the population. The incidence of non-polio enteroviruses is declining from 75% in 2019, 53.8% in 2020 and 10% in 2021.

3.21. DETECTION OF SARS-COV-2 SPECIFIC MUTATIONS BY REAL TIME RT-PCR

E.Munkhtuya¹, B.Otgonjargal², E.Bolormaa¹, B.Ichinkhorloo³, N.Tsogbadrakh⁴, L.Battur⁵, N.Khurelbaatar², Ch.Battogtokh²
¹IH, ²MNUMS, ³NCPH, ⁴NCZD, ⁵NCCD

This retrospective observational, cross-sectional study aimed at screening SARS-CoV-2 mutations and variants by real-time RT-PCR, determined the variant distribution and the specific strains of the SARS-CoV-2 in Mongolia. The molecular biology tests were performed in the laboratories of the MNUMS, NCCD, NCPH, NCZD and Intermed hospital between June-September 2021. We selected samples randomly from the confirmed case nasopharyngeal swabs, which were kept in deep freezers. RNA extracted by StarMag 96 ProPrep C kit by SEEPREP 32 (Seegene Inc, Korea) and real time RT-PCR was done by the using Allplex SARS-CoV-2 Variants I, II, IV Assay to determine S gene mutations (E484K, N501Y, HV69/70 deletion, L452R, W152C, K417T, K417N, P681R). Totally, 2580 positive samples were tested on the variants, which were confirmed COVID-19 from November 2020 to August 2021. Variants I assay performed in all samples, Variants II assay in 879 samples and Variants IV assay in 281 samples. By our study, 39.4% (1016) of all samples had no specific mutations, Alfa variant detected in 35.3% (911/2580) of the samples, Delta and Delta plus variants detected in 8.6% (222) and other mutations were detected in 16.7% (431/2530) by single and combined version.

There was no specific mutation detected from the samples, which were collected from November-December 2020. The detection of the mutation starts from January 2021. In conclusion, the Alfa variant of SARS-CoV-2 started to spread in January 2021 in our country and still circulates among the population now. The delta variant of SARS-CoV-2 started to spread from June of 2021, 5 cases of the delta plus variant were detected in August of 2021.

СУДАЛГАА, ШИНЖИЛГЭЭ

SARS-COV-2 ВИРҮСИЙН ДЕЛЬТА ХУВИЛБАРААР МОНГОЛД
ХАЛДВАРЛАСАН ТОХИОЛДЛЫН ТАРХВАР СУДАЛГАА

Д.Оюунгэрэл, А.Бурмаа, Б.Дармаа, Б.Энхтуяа, С.Анхбаяр, М.Цогт, Ж.Нямсүрэн
Халдварт Өвчин Судлалын Үндэсний Төв

Түлхүүр үг: SARS-CoV-2 вирүсийн Дельта хувилбар, B.1.617.2, тархварзүй

Key words: Delta variant, B.1.617.2, epidemiology

Амьсгалын замын цочмог халдварт өвчин нь 200 гаруй нэр төрлийн вирүсээр үүсгэгддэг ба эмнэлзүйн хөнгөн хэлбэрээс, хүндэрч эмнэлэгт хэвтэн эмчлүүлэх, цаашлаад нас барах хүртэл эрсдэлийг дагуулж байдаг. Вирүс нь хувьсан өөрчлөгдөх шинж чанар өндөртэй бөгөөд үүнээс хамаарч тухайн вирүсийн амьтнаас хүнд халдварлах, хүнээс хүнд халдварлах чадвар сайжирч эсвэл буурах, эмнэлзүйн шинж тэмдэг өөрчлөгдөж байх ба үүнээс хамаарч оношилгоо, эмчилгээний зарчим, цаашилбал нийгмийн эрүүл мэндийн хариу арга хэмжээ ялгаатай болж байдаг [1].

БНХАУ-ын Хуйбэй мужийн Ухань хотод 2019 оны 12 дугаар сард уг вирүсийн хүний өвчлөлийн анхны тохиолдол бүртгэгдэж, ДЭМБ-аас 2020 оны 3 дугаар сард өвчнийг КОВИД-19 гэж нэрлэсэн ба КОВИД-19-ийн халдвар 3 сарын хугацаанд дэлхийн 150 гаруй улс орнуудад өргөжин тархаж цартахлын түвшинд хүрсэн. SARS-CoV-2 вирүс нь анхны шинж чанараа өөрчлөн, одоогоор вирүсийн хэд хэдэн хувилбар бүртгэгдээд байна. ДЭМБ-аас хүнээс хүнд дамжин тархах чадвар нэмэгдэх, КОВИД-19-ийн тархвар зүй, эмнэлзүйн шинж төрх өөрчлөгдөх, вирүсийн хоруу чанар нэмэгдэх, НЭМ-ийн хариу арга хэмжээг сулруулах, оношилгоо, эмчилгээ, дархлаажуулалтын стратегид өөрчлөлт оруулах байдлыг харгалзан үзэж өндөр эрсдэлтэй хувилбар (VOC), сонирхон судлагдаж буй хувилбар (VOI) гэсэн 2 бүлэгт ангилан судалж байна [2]. Дараах хүснэгтээр 2021 оны 10 дугаар сарын 5-ны байдлаар бүртгэгдээд байгаа SARS-CoV-2 вирүсийн хувилбаруудыг ДЭМБ-ын ангиллаар харууллаа [3] (Хүснэгт 1).

SARS-CoV-2 вирүсийн Дельта хувилбар (B.1.617.2) 2020 оны 12 дугаар сард анх Энэтхэг улсад илэрч, 2021 оны 5 сарын 11-ний өдөр ДЭМБ хүн амд аюул учруулах өндөр эрсдэлтэй бүлэгт бүртгэсэн [4].

Учир нь Дельта хувилбар нь Ухань хотод бүртгэгдсэн анхны хэвшинж ($R_0 = 2.4-2.6$) болон Альфа хувилбар ($R_0=4-5$)-тай харьцуулахад тархалтын түвшин 2 дахин их, R утга нь дунджаар 5-9 [4, 5] байна. Дельта хувилбар нь маш богино хугацаанд дэлхийн улс орнуудад тархаж, түүний шалтгаант нас баралтын тоо 2021 оны 3 дугаар сарын байдлаар 300,000-аас давж [6] 7 дугаар сарын байдлаар Их Британи, Португал, Орос, Мексик, Австрали, Индонез, Өмнөд Африк, Герман, Люксембург, АНУ, Нидерланд, Дани, Франц зэрэг улс орнуудад давамгайлж эхэлсэн [7]. Их Британи улсад Дельта хувилбарын анхны тохиолдол 2021 оны 2 дугаар сарын 22-ны өдөр бүртгэгдэж, 11 хоногийн дотор өвчлөлийн тоо 2 дахин нэмэгдэн, 2021 оны 9 дүгээр сарын 3-ны байдлаар 335 мянга орчим хүн уг хувилбараар өвчилж, сорьцонд эерэг гарах хувь 99.1% болсон байна [2, 8]. АНУ-д 2021 оны 2 дугаар сарын 23-нд халдварын эхний тохиолдол бүртгэгдэж, 4 дүгээр сарын сүүл хүртэл Альфа хувилбарын тархалт хүн амын дунд 70% байсан бол 6 дугаар сарын дунд үед 42% болж буурч Дельта хувилбарын тархалт давамгайлж эхэлсэн байна [9]. Их Британи судлаач Кэтрин Твохиг Дельта хувилбараар өвчилсөн хүмүүс Альфа хувилбартай харьцуулахад хүндрэх, эмнэлэгт хэвтэн эмчлүүлэх эрсдэл 2 дахин их байна хэмээн судалгаандаа дурдсан байна [10].

Дэлхий дахинд КОВИД-19-ийн эсрэг вакцинжуулалтыг 2020 оны 12 дугаар сараас эхэлж одоогоор 13 төрлийн вакцинаар [11] дэлхий хүн амын 45.8% [12]-ийг вакцинжуулаад байна. Монгол улсад КОВИД-19-ийн эсрэг вакцинаар 2021 оны 2 дугаар сарын 23-наас эхэлж дараах 4 төрлийн вакцинаар вакцинжуулж одоогоор нийт хүн амын 69 орчим хувийг хамруулаад байна. Үүнд:

1. “Комирнэти”-АНУ-ны Пфайзер, Герман улсын БиоНТек компани хамтран хөгжүүлсэн ба рибонуклейн хүчлийн (mRNA) шинэ технологид суурилсан, 16-аас дээш насны хүмүүст зориулагдсан;

Table 1.
Хүснэгт 1.

SARS-CoV-2 вирусийн хувилбаруудын нэршил, S уурагт гарсан гол мутациуд
Currently designated Variants of Concern and Variants of Interest with key mutations of spike

ДЭМБ-ын нэршил WHO label	Pango ангиллын нэршил Pango lineage	Эрсдэлийн зэрэг Category	Тархаж эхэлсэн хугацаа Date to spread	S уураг дахь гол мутациуд Mutation of S protein
Alpha	B.1.1.7, Q.1-Q.8	Өндөр эрсдэлтэй хувилбар(VOC)	2020 оны 9 дүгээр сар	H69del V70del Y144del N501Y A570D D614G P681H
Beta	B.1.351, B.1.351.2, B.1.351.3	Өндөр эрсдэлтэй хувилбар(VOC)	2020 оны 5 дугаар сар	D80A D215G K417N E484K N501Y D614G
Gamma	P.1, P.1.1, P.1.2	Өндөр эрсдэлтэй хувилбар(VOC)	2021 оны 1 дүгээр сар	D138Y R190 K417T E484K N501Y D614G
Delta	B.1.617.2 B.1.427 B.1.429	Өндөр эрсдэлтэй хувилбар(VOC)	2020 оны 10 дугаар сар	E156G F157 R158 L452R T478K
Eta	B.1.525	Сонирхон судлагдаж буй хувилбар(VOI)	2021 оны 2 дугаар сар	A67V H69 V70 Y144 E484K
Lota	B.1.526	Сонирхон судлагдаж буй хувилбар(VOI)	2021 оны 2 дугаар сар	T95I D253G S477N E484K
Kappa	B.1.617.1	Сонирхон судлагдаж буй хувилбар(VOI)	2021 оны 5 дугаар сар	E154K L452R E484Q
Zeta	P.2	Сонирхон судлагдаж буй хувилбар(VOI)	2021 оны 2 дугаар сар	E484K, D614G V1176F
Lambda	C37	Сонирхон судлагдаж буй хувилбар(VOI)	2020 оны 8 дугаар сар	G75V L452Q F490S D614G
Mu	B.1.621, B.1.621.1	Сонирхон судлагдаж буй хувилбар(VOI)	2021 оны 1 дүгээр сар	T95I, Y144S, Y145N, R346K, E484K N501Y, D614G, P681H, D950N

2. “AZD1222/Covishield” (АстраЗенека-Ковишилд) - Их Британи улсын Оксфордын их сургууль, Астразенека компани аденовирүсийн векторын технологид суурилан гарган авсан ба, 18-аас дээш насны хүмүүст зориулагдсан;
3. Спутник В буюу Гам-КОВИД-Вак - ОХУ-ын Н.Ф. Гамалеи нэрэмжит үндэсний халдвар судлал микро-биологийн эрдэм шинжилгээний төвд үйлдвэрлэсэн нь 2 төрлийн аденовирүсийн векторт суурилан бүтээсэн, 18-аас дээш насны хүн амд зориулагдсан;
4. Вероцелл - БНХАУ-ын Синофарм группийн эмийн компаниас гаргасан SARS-CoV-2 коронавирүсийн бүлгийн Веро эсийг өсгөвөрлөж гарган авсан, 18-аас дээш насны хүн амд зориулсан байна [13].

Манай улсад Дельта хувилбарын анхны тохиолдол 2021 оны 4 дүгээр сард бүртгэгдсэн ба Энэтхэг улсаас Монгол улсад ажиллахаар ирсэн Энэтхэг улсын иргэд байсан. Халдварт өвчин судлалын үндэсний төв (ХӨСҮТ)-ийн Вирүс судлалын лаборатори (ВСЛ) нь 2021 оны 4-6 дугаар саруудад SARS-CoV-2 вирүс эерэг 300 орчим сорьцыг Япон улсын Үндэсний халдварт өвчний хүрээлэнд илгээж Дельта хувилбарыг баталгаажуулж эхэлсэн ба 2021 оны 7 дугаар сараас Дельта хувилбарыг илрүүлэх шинжилгээг бие даан хийж эхэлсэн.

Зорилго: Бид энэхүү судалгаагаар Дельта хувилбар эерэг тодорхойлогдсон дотоодын 268 тохиолдлын тархвар зүйн онцлогийг тодорхойлж, бусад улс оронд хийгдсэн судалгаатай харьцуулан судлахыг зорилоо.

Материал, арга зүй:

Судалгааны зохион байгуулалт, арга зүй: Судалгаанд 2021 оны 6 дугаар сарын 22-ноос 8 дугаар сарын 22-ны хооронд SARS-CoV-2 вирүсийн Дельта хувилбар батлагдсан 268 хүнийг хамруулж, эргэмж байдлаар судалгааны мэдээг цуглууллаа. Мэдээллийг ХӨСҮТ-ийн халдвар судлагч их эмчээр ахлуулсан мэргэжилтэн нар ЭМС-ын 2021 оны 7 дугаар сарын 8-ны өдрийн “Түр журам батлах тухай” А/456 тоот тушаалын 9 дүгээр хавсралтаар батлагдсан “Коронавирүст халдвар (КОВИД-19)-ын батлагдсан тохиолдлын тархвар судалгааны хуудас”-ын дагуу цуглуулсан. Судалгааны асуумж хуудас нь ерөнхий мэдээлэл, хүн ам зүйн мэдээлэл, илэрсэн эмнэлзүйн шинж тэмдэг, архаг өвчин, халдварт өртөх эрсдэл, эрүүл мэндийн байгууллагад хандсан байдал, вирүс судлалын шинжилгээний дүн, тавилан, хавьтал судлал, онош гэсэн 11 хэсэг, 85

асуултаас бүрдэнэ.

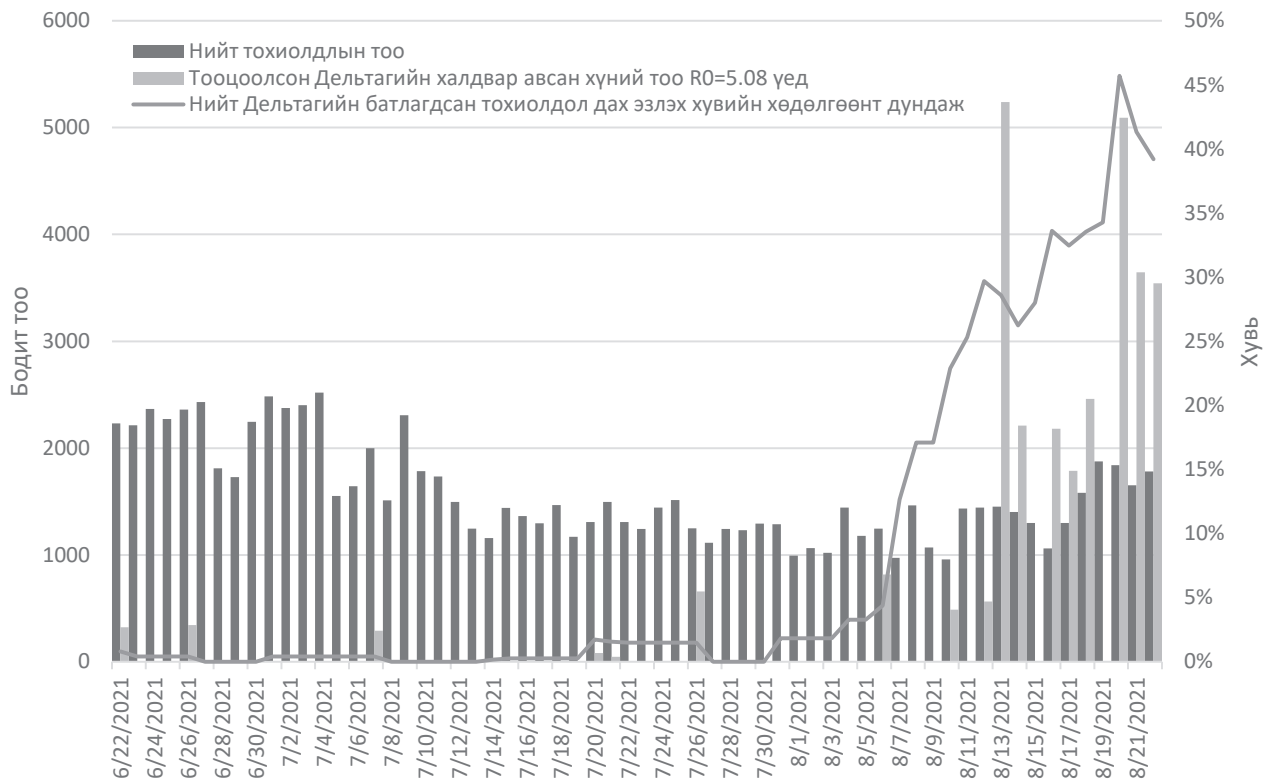
Дельта хувилбарын тандалтын зорилгоор 21 аймаг, Улаанбаатар хотын 9 дүүргийн лабораториос ХӨСҮТ-ийн Ерөнхий захирлын 2021 оны 8 дугаар сарын 11-ний өдрийн “SARS-CoV-2 вирүсийн Дельта хувилбарын тандалтыг сайжруулах тухай” А/172 болон 2021 оны 8 сарын 18-ны 10/2687 албан тоотын дагуу бодит хугацааны полимеразын гинжин урвал (бх-ПГУ) шинжилгээгээр SARS-CoV-2 вирүсийн халдвартай болох нь батлагдсан, Ct утга нь 20-оос доош сорьцын 10-20%-ийг долоо хоногт нэг удаа баталсан хуваарийн дагуу ХӨСҮТ-ийн ВСЛ-д хүлээн авч Дельта хувилбар илрүүлэх шинжилгээг хийн, эерэг тогтоогдсон хүмүүст тархварзүйн тандалт судалгааг хийсэн.

Вирүс судлалын шинжилгээ: Судалгаанд SARS-CoV-2 вирүс илрүүлэх бх-ПГУ шинжилгээгээр (Cycle-threshold value-Ct) $Ct \leq 20$ байгаа хамар залгиурын арчдас сорьцуудыг сонгож рибонүклэйнхүчил (PHX) ялгахдаа ExiPrep™96 Viral DNA/RNA цомог, EP96L-BXD035 бүрэн автомат PHX/ДНХ ялгагч машин ашиглан ХБНГУ-ын Берлин хотын судалгааны хүрээлэнд загварчилж, Roche компанид үйлдвэрлэсэн SARS-CoV-2 вирүсийн E ген, дотоод хяналтын EAV (LightMix® SarbecoV E-gene plus EAV) мультиплекс праймер/проб ашиглан Thermo Fisher Scientific компаний (Applied Biosystems AgPath-ID™ One-Step RT-PCR) оношлуурыг үйлдвэрлэгчийн зааврын дагуу бх-ПГУ-ын шинжилгээг хийв. Солонгос улсын Seegene’s компанид үйлдвэрлэсэн Novaplex™ SARS-CoV-2 Variants IV (Type K) үйлдвэрлэгчийн зааврын дагуу SARS-CoV-2 вирүсийн S уургийн K417N, L452R, P681R мутацыг илрүүлэх цомгийг Bio-Rad компанийн CFX96™ Real-time System машинаар уншуулав. Судалгааны дүн шинжилгээг Microsoft Excel 2016 программыг ашиглан боловсруулалт хийсэн.

Үр дүн: Бид судалгаандаа 2021 оны 6 дугаар сарын 22-ноос 8 дугаар сарын 22-ны өдрийг хүртэлх хугацаанд Дельта хувилбар эерэг тодорхойлогдсон нийт 268 тохиолдлыг хамруулсан. КОВИД-19-ийн өвчлөлийн байдал 7 дугаар сарын 4 хүртэл өдөрт дунджаар 2,265 тохиолдол бүртгэгдэж, сорьцонд эерэг гарах хувь 21.5% байсан бол 7 дугаар сарын 5-наас 8 дугаар сарын 5-ны өдөр хүртэл өдөрт дунджаар 1,393 тохиолдол бүртгэгдэж, сорьцонд эерэг гарах хувь 18.5% болж буурсан байна. 8 дугаар сарын 6-наас эхлэн өвчлөлийн тоо аажмаар нэмэгдэж өдөрт дунджаар 1,400 орчим тохиолдол бүртгэгдэж, сорьцонд эерэг гарах хувь 20% байв.

Дельта хувилбар манай улсад 2021 оны 4 дүгээр сард Энэтхэг улсаас ирсэн 5 иргэнд анх илэрсэн. Япон улсын Халдварт Өвчний Үндэсний Хүрээлэнгийн Вирус судлалын лабораторид ХӨСҮТ-ийн ВСЛ 2021 оны 4-6 дугаар сард SARS-CoV-2 вирус эерэг тодорхойлогдсон, Ct утга 20-оос доош нийт 300 орчим сорьцыг хүргүүлж хувилбар тодорхойлох шинжилгээ хийлгэснээс нийт 10 сорьцонд Дельта хувилбар эерэг тодорхойлогдсон байна. 2021 оны

8 дугаар сараас ХӨСҮТ-ийн ВСЛ нь БНСУ-ын Seegene компанид үйлдвэрлэсэн гадаргуугийн S уургийн P681R мутацит өөрчлөлт илрүүлэх Novaplex™ SARS-CoV-2/P681R Assay (RUO) цомог ашиглан Дельта хувилбар илрүүлэх шинжилгээг хийж эхэлсэн. Шинжилгээгээр 7 дугаар сарын 26-наас эхлэн Дельта хувилбарын сорьцонд эерэг гарах хувь аажмаар нэмэгдэж, 8 дугаар сарын 20-ны өдөр хамгийн их буюу 46% болж өссөн байна (Зураг 1).



Зураг 1. Дельта хувилбар эерэг тохиолдлын хувь, нийт КОВИД-19-ийн тохиолдолтой харьцуулсан байдал
Figure 1. Estimated cases with Delta variant compared with COVID-19 cases by day

Дельта хувилбар сорьцонд эерэг гарах хувиас бид өдөрт хэдэн хун уг хувилбараар өвчилсөн байгааг тооцож үзлээ. Тооцооллыг хийхдээ Яан Лиу нарын (Хятад болон Их Британи улсад хийгдсэн судалгааг хамруулсан) тойм судалгаагаар тогтоосон R утгыг үндэслэл болгосон [14]. Бид R утга нь хамгийн багадаа 3.2, дунджаар 5.08, хамгийн ихдээ 8 байх үед өдөрт хэдэн хүн халдвар авсан байх боломжтойг тооцож үзсэн. Дундаж утгаар тооцож үзэхэд халдвар авсан хүний тоо 8 дугаар сарын 7-ны өдрөөс огцом нэмэгдэж 8 дугаар сарын 20-ны байдлаар 4,094 хүн халдвар авсан байх магадлалтай байна (Зураг 2: Сэтгүүлийн өвөр хавтасны ар талд үзнэ үү).

Дельта хувилбар эерэг тодорхойлогдсон нийт тохиолдлын 138 (51.5%) нь эмэгтэй, 130 (48.5%) эрэгтэй, дундаж нас 36.3 (хамгийн өндөр нас 89, хамгийн бага нас 0.6 сар) байна. 25-34 насны хүмүүсийн дунд өвчлөл хамгийн өндөр буюу 25%, 0-4 насны хүүхэд хамгийн бага буюу 3.4% байна. Ажил эрхэлдэг хүмүүсийн дунд өвчлөлийн түвшин хамгийн өндөр (36.6%) байв. Нийт тохиолдлуудын 137 (51.1%) нь Улаанбаатар хотод, 128 (47.8%) нь хөдөө орон нутагт амьдардаг ба Багануур дүүрэг, Өвөрхангай аймгаас бусад бүх дүүрэг, аймагт уг хувилбар бүртгэгдсэн байна. Тохиолдлын 3 (1.1%) нь ӨАБНУ, Их Британи, БНХАУ-аас тус тус ирсэн иргэд байв (Хүснэгт 2).

Дельта хувилбар эерэг тодорхойлогдсон тохиолдлуудын хүн амзүйн үзүүлэлтүүд
Characteristics of cases with Delta variant

	Үзүүлэлт Descriptor	Б.тоо Number of cases	Хувь (n=268) Percentage
Хүйс			
	Эм	138	51.5%
	Эр	130	48.5%
Нас			
	0-4 нас	9	3.4%
	5-14 нас	28	10.4%
	15-24 нас	24	9.0%
	25-34 нас	67	25.0%
	35-44 нас	52	19.4%
	45-54 нас	49	18.3%
	55-64 нас	27	10.1%
	65+ нас	12	4.5%
Нийгмийн байдал			
	Ажилчин	98	36.6%
	Ажилгүй	73	27.2%
	Тэтгэвэрт	24	9.0%
	Албан хаагч	20	7.5%
	Сурагч	19	7.1%
	Хувиараа	14	5.2%
	Оюутан	10	3.7%
	Малчин	5	1.9%
	Цэцэрлэгт	4	1.5%
	Бусад	1	0.4%
Газар зүйн байршлаар			
	Хөдөө	128	47.8%
	УБ	137	51.1%
	Зөөвөрлөгдсөн	3	1.1%

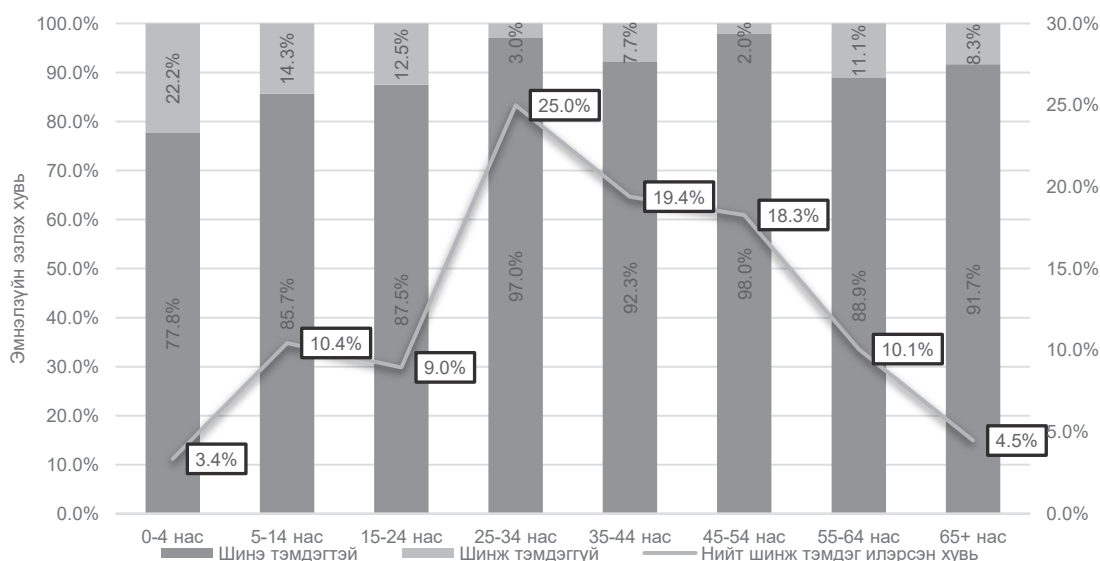
Нийт тохиолдлын 248 (92.5%) эмнэлзүйн шинж тэмдэг илэрсэн ба үүний 213 (86.2%) тохиолдолд эмнэлзүйн шинж тэмдэг вирус судлалын шинжилгээгээр халдвар батлагдахаас өмнө дунджаар 6.5 хоног (хамгийн бага 0, хамгийн их 13 хоног), 37 (13.8%-д батлагдсанаас хойш дунджаар 6.9 хоногийн дараа илэрсэн байна. Халдвартай үе дунджаар (generation time) 2.4 хоног байгаа бол нууц үеийн дундаж хугацаа 5 хоног байна.

Нийт 20 гаруй шинж тэмдэг бүртгэгдсэнээс хамар битүүрэх 175 (65.3%), толгой өвдөх 159 (59.3%), ядрах, сульдах 156 (58.2%), хуурай ханиалгах 155 (57.8%), хоолой өвдөх 137 (51.1%) шинж хамгийн өндөр хувьтай байна. КОВИД-19-ийн онцлог шинж тэмдгийн нэг болох үнэрлэх, амтлах мэдрэхүй алдагдах байдал 133 (49.6%-д илэрсэн байна (Зураг 3).



Зураг 3. Дельта хувилбар эерэг тохиолдлуудад илэрсэн эмнэлзүйн шинж тэмдэг
 Figure 3. Clinical symptoms of cases with Delta variant

Бүх насны бүлэгт 70-аас дээш хувьд эмнэлзүйн шинж тэмдэг илэрсэн ба 25-34 насанд хамгийн өндөр буюу 25%-тай байна (Зураг 4).



Зураг 4. Дельта хувилбар эерэг тохиолдлуудын эмнэлзүйн байдал насны бүлгээр
 Figure 3. Clinical symptoms of cases with Delta variant by age groups

Нийт тохиолдлын 115 (42.9%) нь эмнэлэгт хэвтэн эмчлүүлсэн ба нас барсан хүн байхгүй, бүгд эмчлэгдэж эмнэлгээс гарсан. Дельта хувилбар илэрсэн хүмүүсийн 73 (27.2%) нь таргалалттай, 54 (20.1%) нь бөөрний архаг өвчтэй, 36 (13.4%) нь зүрх

судасны, 31 (11.6%) нь элэгний архаг өвчтэй байна. Мэдрэлийн архаг өвчтэй, таргалалт, хорт хавдар, чихрийн шижин, цусны архаг өвчтэй хүмүүс болон жирэмсэн эмэгтэйчүүдийн 50-аас дээш хувь нь эмнэлэгт хэвтэн эмчлүүлсэн байна (Хүснэгт 3).

*Дельта хувилбар эерэг тохиолдлуудын эмнэлэгт хэвтсэн байдал, архаг хууч өвчнөөр
Hospital admission of cases with Delta variants by risk factors*

№	Архан суурь өвчтэй Name of chronic diseases	Нийт тохиолдлын тоо Total cases	Эмнэлэгт хэвтсэн Hospitalized	ДТ% AR%
1	Цусны архаг өвчтэй	3	2	66.7%
2	Хорг хавдартай	3	2	66.7%
3	Чихрийн шижинтэй	9	6	66.7%
4	Жирэмсэн	9	6	66.7%
5	Таргалалттай	73	37	50.7%
6	Бөөрний архаг өвчтэй	54	27	50.0%
7	Мэдрэлийн архаг өвчтэй	10	5	50.0%
8	Элэгний архаг өвчтэй	31	15	48.4%
9	Зүрхний өвчтэй	36	17	47.2%
10	Багтраанаас бусад уушгины архаг өвчтэй	18	8	44.4%
11	Багтраа	10	4	40.0%
12	Бусад хавсарсан өвчтэй	25	9	36.0%
13	Нийт	281	138	49.1%

Тайлбар: * нэг хүн хамгийн багадаа 1, хамгийн ихдээ 6 архаг хууч өвчтэй байна.

Нийт тохиолдлын 8 (3.6%) нь КОВИД-19-ийн эсрэг вакцины 1-р тунд, 213 (96.4%) нь 2-р тунд хамрагдсан бол вакцины эсрэг заалттайн улмаас дархлаажуулалтанд хамрагдаагүй 47 (17.5%) хүн байна. Вакцинд хамрагдсан хүмүүсийн 190 (86%) нь Вероцелл, 16 (7.2%) нь Астразенека-Ковишэлд, 12 (5.4%) нь Комирнэти, 3 (1.4%) нь Гам-КОВИД-Вак вакцин хийлгэсэн байна. КОВИД-19-ийн вакцинд

хамрагдсан хүн амын дунд өвчлөлийн түвшинг вакцин тус бүрээр харьцуулан үзвэл Астразенека-Ковишэлд вакцинд хамрагдсан хүмүүсийн 0.620%, Вероцелл вакцинд хамрагдсан хүмүүсийн 0.314%, Гам-КОВИД-Вак вакцинд хамрагдсан хүмүүсийн 0.007%, Комирнэти вакцинд хамрагдсан хүмүүсийн 0.003% нь Дельта хувилбарын халдвар авсан байна (Хүснэгт 4).

*Дельта хувилбар эерэг тохиолдлуудын вакцинд хамрагдсан байдал вакцин тус бүрээр
Vaccination status of cases with Delta variant by vaccine name*

Вакцины нэр Name of vaccine	1-р тун			2-р тун		
	Дельта эерэг Delta positive cases	Вакцин хийлгэсэн Vaccinated people	Эзлэх хувь Percentage	Дельта эерэг Delta positive cases	Вакцин хийлгэсэн Vaccinated people	Эзлэх хувь Percentage
Вероцелл	4	6,955	0.058%	186	59,199	0.314%
Астразенека-Ковишэлд	0	1,091	0.000%	16	2,582	0.620%
Комирнэти	4	284,308	0.001%	8	244,643	0.003%
Гам-КОВИД-Вак	0	10,397	0.000%	3	40,289	0.007%

Тохиолдлын 214 (96.8%) нь вакцин хийлгэснээс хойш 28 болон түүнээс дээш хоног (дунджаар 73 хоног), 4 (1.8%) нь 15-28 хоногийн дотор, 3 (1.4%) нь 14 хоногийн дотор Дельта хувилбарын халдвар авсан байна.

Вакцин хийлгэсэн хүмүүсийн 94 (42.5%)

нь эмнэлэгт хэвтэн эмчлүүлсэн бол хийлгээгүй хүмүүсийн 21 (44.7%) нь эмнэлэгт хэвтэн эмчлүүлсэн байна. Вакцин тус бүрээр харьцуулан үзвэл Комирнэти вакцин хийлгэсэн хүмүүсийн 7 (58.3%), Астразенека-Ковишэлд хийлгэсэн хүмүүсийн 8 (50%), Вероцелл хийлгэсэн хүмүүсийн 79 (41.6%) нь эмнэлэгт хэвтэн эмчлүүлсэн бол Гам-КОВИД-

Вак вакцины хувьд эмнэлэгт хэвтэн эмчлүүлсэн хүн байхгүй байна.

Хэлцэмж: Бид судалгаандаа 2021 оны 6 дугаар сарын 22-ноос 8 дугаар сарын 22-ны хугацаанд бүртгэгдсэн Дельта хувилбарын халдвартай 268 хүний мэдээллийг идэвхтэй тандалтаар цуглуулан, дүн шинжилгээ хийсэн. Шотланд улсад Дельта хувилбараар өвчилсөн хүмүүсийн дийлэнх хувь нь 5 хүртэлх насны хүүхдүүд байсан [15] бол манай улсын хувьд 0-4 хүртэлх насны хүүхдүүдийн дунд хамгийн бага, халдварын 50% орчим нь 15-44 насны хүмүүсийн дунд бүртгэгдэж, дундаж нас 36.3 байв. Их Британи улсад Дельта хувилбараар өвчилсөн хүмүүс харьцангуй залуу, дундаж нас 29 [10] байсан ба 50-аас доош насны хүмүүс, хүүхэд залуучууд халдварт өртөх эрсдэл 2.5 дахин их байжээ [16]. Үүнээс харахад өндөр настай, эрсдэлт бүлгийн хүн амын ихэнх нь дархлаажуулалтанд хамрагдсан ба бага насны, дархлаажуулалтанд хамрагдаагүй залуу хүмүүс халдварт өртөх эрсдэл өндөртэй байна.

БНХАУ-д 2021 оны 5 дугаар сард Гаундун мужийн Гуанжоу хотод Дельта хувилбарын анхны тохиолдол бүртгэгдэж, тус тохиолдол нь 21 хоногийн дотор 167 хүнд халдварыг тараасан байна. Судалгаагаар Дельта хувилбарын ачаалал ($St=24.00$) Ухань хотод бүртгэгдсэн вирус ($St=34.31$)-тэй харьцуулахад 1,260 дахин их байсан [17] нь хүнээс хүнд халдварлах чадвар бусад хувилбартай харьцуулахад хэд дахин өндөртэй хэмээн дүгнэсэн байна. Манай улсад Дельта хувилбарын сорьцонд эерэг гарах хувь 8 дугаар сарын 7-ны өдрөөс огцом нэмэгдэж, R утгыг дунджаар 5.08 гэж үзвэл хоногт дунджаар 2,338 хүн халдвар авсан байх магадлалтай байна. Манай улсын лабораторийн ачаалал болон Дельта хувилбар илрүүлэх шинжилгээний чадавх зэрэгтэй холбоотой нийт шинжилсэн сорьцонд SARS-CoV-2 вирус эерэг гарах хувь харьцангуй тогтвортой, илрүүлсэн тохиолдлын тоо бага байгаа зэргээс хамаарч халдварын энэхүү бодит өсөлтийг харах боломжийг хязгаарлаж байна.

Гаундун мужийн тохиолдлуудад хийсэн Менг нарын судалгаагаар Дельта хувилбарын нууц үеийн хугацаа дунджаар 4.4, халдвартай үе дунджаар 2.9 хоног хоног байв [18]. Манай судалгаагаар Дельта хувилбар илэрсэн хүнээс тархвар судлалын судалгаагаар халдвар авсан байж болзошгүй 39 хүний мэдээлэлд дүн шинжилгээ хийхэд нууц үеийн хугацаа дунджаар 5 хоног, халдвартай үеийн хугацаа 2.4 хоног байсан нь дээрх судалгааны дүнтэй ойролцоо байна.

Бидний болон бусад улс орнуудад хийсэн судалгаагаар Дельта хувилбарын нууц үеийн болон халдвартай үеийн хугацаа SARS-CoV-2 вирусийнхтэй (ДЭМБ-ийн судалгаагаар нууц үеийн хугацаа 5-6 хоног [19], Роберт нарын мета-анализ судалгаагаар нууц үеийн дундаж хугацаа 5.5 хоног, халдвартай үе 4.8 хоног [20], Шишион нарын Хятад улсын Хуанан мужид хийсэн судалгаагаар нууц үеийн хугацаа дунджаар 6.4 хоног, халдвартай үе 5.7 хоног [21]) харьцуулахад бага байна.

Зүрх, бөөр, уушгины архаг өвчин, даралт ихсэх, дархлаа дарангуйлагдах эмгэг, таргалалттай хүмүүс Дельта хувилбараар хурдан хүндрэх, эмнэлэгт хэвтэн эмчлүүлэх, амьсгалын аппаратанд орох, нас барах өндөр эрсдэлтэй байгааг Жерими нарын судлаачид судлан [22] харуулсан бол АНУ-д хийсэн судалгаагаар хорт хавдар, цус багадалттай хүмүүс, жирэмсэн эмэгтэйчүүд өндөр эрсдэлтэй байжээ [23]. Бидний судалгаагаар мэдрэл, бөөр, цусны архаг өвчтэй, таргалалт, хорт хавдар, чихрийн шижинтэй хүмүүс, жирэмсэн эмэгтэйчүүдийн 50-аас дээш хувь нь эмнэлэгт хэвтэн эмчлүүлсэн байгаа нь дээрх улс орнуудад хийсэн судалгааны дүнтэй дүйж байна.

Дельта хувилбараар өвчилсөн хүмүүсийн дунд Астразенека-Ковишэлд болон Комирнэти вакцины үр ашгийг харьцуулан судалсан олон судалгаанууд хийгдсэн байна. Сингапур улсад хийгдсэн судалгаагаар аль ч вакцины хувьд вакцины 2 тунд бүрэн хамрагдсан иргэдэд Дельта хувилбараар хүндрэх, нас барах эрсдэл бага байсан байна [24, 25]. Их Британий судлаач Жэйми нарын судалгаагаар Комирнэти болон Астразенека-Ковишэлд вакцины 1 тунд хамрагдсан иргэдийн 51.1% нь Альфа, 33.5% нь Дельта хувилбарын халдвар авахаас хамгаалагдаж байсан бол Комирнэти вакцины 2 тунд хамрагдсан иргэдийн Альфа хувилбараар өвчлөх эрсдэл 93.5%, Дельта хувилбараар өвчлөх эрсдэл 87.9%-иар буурсан, Астразенека-Ковишэлд вакцины хувьд Альфа хувилбараар өвчлөх эрсдэлийг 66.1%, Дельта хувилбараар өвчлөх эрсдэлийг 59.8%-иар бууруулж байжээ [26, 27]. АНУ-ийн судлаачид 2021 оны 6 дугаар сарын 29-нөөс 7 дугаар сарын 31 хүртэлх хугацаанд Дельта хувилбарын халдвар авсан 699 иргэний шинжилгээнд дүн шинжилгээ хийхэд КОВИД-19-ийн эсрэг вакцинд хамрагдаагүй хүмүүсийн 63%-д, вакцины бүрэн тунд хамрагдсан иргэдийн 68%-д St утга 25-аас доош байсныг үндэслэн вакцины бүрэн тунд хамрагдсан иргэд Дельта хувилбарыг тараах өндөр эрсдэлтэй хэмээн дүгнэсэн байна [28].

Бидний судалгаагаар вакцинд хамрагдсан

хүмүүсийн эмнэлэгт хэвтэн эмчлүүлэх байдал вакцинд хамрагдаагүй хүмүүстэй харьцуулахад 2%-иар бага байв. Гиймээс цаашид иргэдийг КОВИД-19-ийн дархлаажуулалтанд бүрэн хамруулах нь Дельта вариантаар хүндрэх, нас барах эрсдэлийг бууруулах, урьдчилан сэргийлэх өндөр ач холбогдолтой байж болох юм [29, 30].

Дүгнэлт: Бидний судалгаагаар Дельта хувилбараар бага насны хүүхэд, залуучууд, архаг хууч өвчтэй хүмүүс халдварт өртөх, хүндрэх, эмнэлэгт хэвтэн эмчлүүлэх эрсдэл өндөртэй байна. Цаашид иргэд КОВИД-19-өөс сэргийлэх дархлаажуулалтанд бүрэн хамрагдсанаар Дельта хувилбараар хүндрэх, нас барах эрсдэлийг бууруулах өндөр ач холбогдолтойг энэ судалгааны үр дүн харууллаа.

Талархал: Судалгааны мэдээ, материал цуглуулахад гүн туслалцаа үзүүлсэн ХӨСҮТ-ийн ХӨТСА-ны халдвар судлагч их эмч, ЦЕГ, ТЕГ-ын алба хаагч нарт талархаж байгаагаа илэрхийлье.

Ном зүй:

1. П.Нямдаваа., (2006): Томуу 2006.
2. WHO, “Tracking SARS-CoV-2 variants.” Sep. 06, 2021. [Online]. Available: <https://www.who.int/en/activities/tracking-SARS-CoV-2-variants/>
3. G. La Rosa et al., (2021): “Key SARS-CoV-2 Mutations of Alpha, Gamma, and Eta Variants Detected in Urban Wastewaters in Italy by Long-Read Amplicon Sequencing Based on Nanopore Technology,” Water, vol. 13, no. 18, p. 2503, 2021.
4. Wikipedia, “SARS-CoV-2 Delta variant.” Sep. 06, 2021. [Online]. Available: https://en.wikipedia.org/wiki/SARS-CoV-2_Delta_variant
5. CDC USA, “Delta Variant.” Sep. 06, 2021. [Online]. Available: <https://www.cdc.gov/coronavirus/2019-ncov/variants/delta-variant.html>
6. P. Mlcochova et al., (2021): “SARS-CoV-2 B. 1.617. 2 Delta variant emergence and vaccine breakthrough,” 2021.
7. WHO, “COVID-19 Weekly Epidemiological Update.” Sep. 06, 2021.
8. “Latest updates on SARS-CoV-2 variants detected in UK.” [Online]. Available: <https://www.gov.uk/government/news/confirmed-cases-of-covid-19-variants-identified-in-uk>
9. “Delta coronavirus variant: scientists brace for impact.” Sep. 06, 2021. [Online]. Available: <https://www.nature.com/articles/d41586-021-01696-3>

10. K. A. Twohig et al., (2021): “Hospital admission and emergency care attendance risk for SARS-CoV-2 delta (B. 1.617. 2) compared with alpha (B. 1.1. 7) variants of concern: a cohort study,” Lancet Infect. Dis., 2021.
11. WHO, “Coronavirus disease (COVID-19): Vaccines.” 2021
12. Our World in Data, “Coronavirus (COVID-19) Vaccinations.” [Online]. Available: <https://ourworldindata.org/covid-vaccinations>
13. ХӨСҮТ, “Коронавируст халдварын эсрэг вакцины дархлаажуулалтын үйл ажиллагааны гарын авлага.” 2021.
14. Y. Liu and J. Rocklöv., (2021): “The reproductive number of the Delta variant of SARS-CoV-2 is far higher compared to the ancestral SARS-CoV-2 virus,” J. Travel Med., 2021.
15. A. Sheikh, J. McMenamin, B. Taylor, et al., (2021): “SARS-CoV-2 Delta VOC in Scotland: demographics, risk of hospital admission, and vaccine effectiveness,” The Lancet, 2021.
16. Kathy katella., (2021): “5 Things To Know About the Delta Variant,” Sep. 08, 2021. [Online]. Available: <https://www.yalemedicine.org/news/5-things-to-know-delta-variant-covid>
17. B. Li et al., (2021): “Viral infection and transmission in a large well-traced outbreak caused by the Delta SARS-CoV-2 variant,” MedRxiv, 2021.
18. M. Zhang et al., (2021): “Transmission Dynamics of an Outbreak of the COVID-19 Delta Variant B. 1.617. 2—Guangdong Province, China, May–June 2021,” China CDC Wkly., vol. 3, no. 27, pp. 584–586, 2021.
19. WHO, “Transmission of SARS-CoV-2: implications for infection prevention precautions.” 2021
20. R. Challen, E. Brooks-Pollock, K. Tsaneva-Atanasova, et all., (2020): “Meta-analysis of the SARS-CoV-2 serial interval and the impact of parameter uncertainty on the COVID-19 reproduction number,” medRxiv, 2020.
21. S. Hu et al., (2021): “Infectivity, susceptibility, and risk factors associated with SARS-CoV-2 transmission under intensive contact tracing in Hunan, China,” Nat. Commun., vol. 12, no. 1, pp. 1–11, 2021.
22. J. R. Lechien and S. Saussez., (2021): “Importance of epidemiological factors in the evaluation of transmissibility and clinical severity of SARS-

- CoV-2 variants,” *Lancet Infect. Dis.*, 2021.
23. Centers for Disease Control and Prevention, “COVID-19: people with certain medical conditions.” May 13, 2021.
 24. P. Y. Chia et al., (2021): “Virological and serological kinetics of SARS-CoV-2 Delta variant vaccine-breakthrough infections: a multi-center cohort study,” *MedRxiv*, 2021.
 25. P. H. England., (2021): “SARS-CoV-2 variants of concern and variants under investigation in England,” *Tech. Brief.* 12, 2021.
 26. J. Lopez Bernal et al., (2021): “Effectiveness of Covid-19 vaccines against the B. 1.617. 2 (Delta) variant,” *N. Engl. J. Med.*, vol. 385, no. 7, pp. 585–594, 2021.
 27. Julia Stowe, Nick Andrews, and Charlotte Gower, (2021): “Effectiveness of COVID-19 vaccines against hospital admission with the Delta (B.1.617.2) variant,” *Press*.
 28. K. K. Riemersma et al., (2021): “Shedding of Infectious SARS-CoV-2 Despite Vaccination when the Delta Variant is Prevalent-Wisconsin, July 2021,” *MedRxiv*, 2021.
 29. C. Del Rio, P. N. Malani, and S. B. Omer., (2021): “Confronting the Delta Variant of SARS-CoV-2, Summer 2021,” *JAMA*, 2021.
 30. T. K. Burki., (2021): “Lifting of COVID-19 restrictions in the UK and the Delta variant,” *Lancet Respir. Med.*, vol. 9, no. 8, p. e85, 2021.

*Уншиж танилцан нийтлэхийг зөвшөөрсөн,
сэтгүүлийн редакцийн зөвлөлийн гишүүн,
Анагаах ухааны доктор Д.Анхлан*

КОВИД-19 ХАЛДВАРЫН ЭСРЭГ ДАРХЛААЖУУЛАЛТЫН ДАРААХ УРВАЛЫГ ТАНДАН СУДАЛСАН ДҮН

*Д.Оюунгэрэл, Ч.Уртнасан, С.Алтанчимэг, Б.Ганцоож, О.Дашиагма, М.Цогт, А.Бурмаа
Халдварт Өвчин Судлалын Үндэсний Төв*

Түлхүүр үг: Дархлаажуулалтын дараах урвал хүндрэл, КОВИД-19-ийн эсрэг вакцин

Keywords: Adverse event following immunization, COVID-19 vaccine

КОВИД-19 өвчний үүсгэгч SARS-CoV-2 вирус нь 2019 оны 12 дугаар сард БНХАУ-ын Хуабэй мужийн Ухань хотод анх бүртгэгдэж, гурван сарын хугацаанд дэлхийн 150 гаруй улсад тархаж, цартахлын түвшинд хүрсэн билээ [1]. Дэлхийн эрүүл мэндийн байгууллага (ДЭМБ)-аас 2020 оны 3 дугаар сарын 11-ний өдөр шинэ коронавируст халдварын цартахалыг албан ёсоор зарласнаар 1918 оноос хойш хүн төрөлхтөнд учраад байгаа 5 дах цартахал болсон юм [2]. 2021 оны 8 дугаар сарын 30-ны байдлаар дэлхийн 200 гаруй улс оронд 216 сая хүн өвчилж, 5 сая хүн нас бараад байна [4].

Халдварт өвчнөөс хүн амыг хамгаалах, тархалтыг зогсоох, хүндрэл, нас баралтыг бууруулах хамгийн энгийн, найдвартай арга бол түүний эсрэг вакцинаар ард иргэд, ялангуяа эрсдэлт бүлгийн хүн амыг дархлаажуулах явдал юм [5]. Тухайн өвчний эсрэг вакцин гарган авахад дунджаар 10-15 жил зарцуулдаг хэдий ч томуу, КОВИД-19 гэх мэт дэлхий нийтийг хамарсан цартахлын үед маш богино хугацаанд улс орны нийгэм эдийн засаг,

эрүүл мэндийн салбар дарамтанд орж, хүний эрүүл мэнд хохирч байдаг учраас олон жилийн судалгаа шинжилгээ хийлгүйгээр, богино хугацаанд вакциныг гарган авч хүн амыг дархлаажуулж хамгаалах нь чухал байдаг [6].

КОВИД-19-ийн эсрэг вакцины судалгааг эхлүүлэхээр ДЭМБ-аас 2020 оны 3 дугаар сарын 6-ны өдөр “Дэлхийн судалгааны тэргүүлэх чиглэл”-д оруулж [7], 2020 оны 12 дугаар сард ДЭМБ анхны вакциныг бүртгэн авсан. ДЭМБ-аас 2021 оны 2 дугаар сард КОВИД-19-ийн эсрэг 251 вакцин хөгжүүлэлтийн шатанд, үүнээс 181 нь эмнэлзүйн өмнөх туршилтанд, 70 вакцин нь эмнэлзүйн туршилтанд байгаа талаар мэдээлсэн байна [8]. 2021 оны 8 дугаар сарын 30-ны байдлаар дэлхийн хүн амын 39.7% нь КОВИД-19 өвчний эсрэг вакцинаар вакцинжуулагдаж, вакцины эхний тунд хамрагдаад байна [9] [10].

Хамгийн сайн боловсруулж, гарган авсан вакцин ч хүний биеийн дархлааны хариу урвалыг сэдээж, хэсэг газрын урвал, цаашилбал бие эрхтэн тогтолцоонд эргэшгүй өөрчлөлт, амь насанд халтай хүндрэл үүсгэж байдаг учраас түүнийг тандан судлах нь маш чухал юм. Ялангуяа КОВИД-19-ийн вакцин шиг шинэ, богино хугацаанд гарган

авсан вакцинаар хүн амыг дархлаажуулсны дараа судалгаа, шинжилгээгээр илрүүлээгүй, ховор, маш ховор урвал, хүндрэлийг илрүүлж хянах нь цаашдын дархлаажуулалтын аюулгүй байдалд өндөр ач холбогдолтой байдаг [11, 12].

КОВИД-19-ийн вакцинаар нэн тэргүүнд эрсдэлт бүлгийн хүн амыг вакцинжуулах, нийгмийн ялгаатай бүлгүүдэд эрх тэгш, хүртээмжтэй байдлаар түгээх, вакцины аюулгүй байдлыг хангах, вакцинжуулалтын үйл ажиллагааг богино хугацаанд зохион байгуулах, дархлаажуулалтын дараах урвал, хүндрэл (ДДУХ)-ийг идэвхтэй тандахыг ДЭМБ-аас гишүүн улс орнууддаа зөвлөсөн байна [13].

Улсын Онцгой Комиссын даргын 2021 оны 1 дүгээр сарын 11-ны 05 тоот тушаалаар батлагдсан “Коронавируст халдвар (КОВИД-19)-ын эсрэг вакциныг түгээх, дархлаажуулах үйл ажиллагааны үндэсний төлөвлөгөө”-ний дагуу Монгол улс 2021 оны 2 сарын 23-ны өдрөөс эхлэн коронавируст халдвар (КОВИД-19)-ын эсрэг вакцинаар хүн амаа дархлаажуулж эхэлсэн юм. 2021 оны 8 дугаар сарын 30-ны байдлаар 4 төрлийн вакцинаар зорилтот бүлгийн хүн амын 94.8%-ийг эхний тунгаар, 88.3%-ийг хоёр дахь тунгаар дархлаажуулаад байна [14]. Дархлаажуулалтыг зохион байгуулж байгаа олон улс оронд ДДУХ-ийг тандах судалгаа эхэлсэн, хийгдэж байгаа ч бага болон дунд орлоготой улс орнуудад тус судалгаа харьцангуй бага хийгдэж байна.

Зорилго: Монгол улсын хүн амын дунд коронавируст халдвар (КОВИД-19)-ын эсрэг дархлаажуулалтын дараа илэрсэн урвал хүндрэлийг вакцин тус бүрээр тандан судалж, бусад улс орнуудтай харьцуулан судлах.

Материал, арга зүй: Судалгааг аналитик судалгааны агшингийн загвараар гүйцэтгэсэн ба ДЭМБ-ын “Онцгой анхаарал татсан урвал, хүндрэлийг судлах аргачлал”, “Дархлаажуулалтын аюулгүй байдал, тандалтын тогтолцоо”-ны гарын авлагыг суурь болгон ашиглалаа [15, 16]. Дархлаажуулалтын дараах урвал, хүндрэл (ДДУХ) гэдэг нь вакцин хийлгэсний дараа хүний эрүүл мэндэд учирсан тогтвортой эсвэл ноцтой хямралыг хэлнэ [17]. ДДУХ үүсэх шалтгааныг дархлаажуулалтын үйл ажиллагааны алдаа, вакцины өөрийн үйлдвэрлэлийн онцлогтой холбоотой эсвэл хувь хүний эрүүл мэндийн эмгэг байдал нь вакцин тарьсан цаг хугацаатай давхцаж илэрсэн, шалтгаан тодорхойгүй гэж ангилан үздэг [18, 19]. Монгол улс ДДУХ-ийг анх 1929 онд буюу цагаан цэцэг өвчний эсрэг вакциныг нэвтрүүлэх үеэс тодорхой түвшинд

тандаж эхэлсэн ба улмаар хөтөлбөр болон өргөжиж, Дархлаажуулалтын тухай хууль батлагдсанаар өргөжиж эхэлсэн.

2012 оноос эхлэн Эрүүл мэндийн сайдын “Дархлаажуулалтын тухай” А/217, 2016 оны “Журамд өөрчлөлт оруулах тухай” А/278 тоот тушаалаар ДДУХ-ийг бүртгэх, мэдээлэх, тандах журмыг баталж өмчийн бүх хэлбэрийн эмнэлэг энэхүү журмыг баримтлан албан ёсоор тандан бүртгэдэг тогтолцоо бий болсон [20]. Бид энэхүү судалгааг ДДУХ-ын тандалтын тогтолцоог түшиглэн эргэмж байдлаар болон идэвхтэй тандалт хэлбэрээр, АНУ-ын Өвчний сэргийлэлтийн төв, Даян дэлхийн эрүүл мэндийн төлөө ашгийн бус байгууллагын санхүүжилтээр хийж гүйцэтгэсэн.

Коронавируст халдвар (КОВИД-19)-ын эсрэг вакцин: Манай улс хүн амыг коронавируст халдвар (КОВИД-19)-ын эсрэг 4 төрлийн вакцинаар вакцинжуулсан. Вакцин тус бүр өөр өөр улс оронд, өөр технологиор үйлдвэрлэгдсэн [21].

1. “Комирнэти” вакциныг АНУ-ны Пфайзер, Герман улсын БиоНТек компани хамтран хөгжүүлсэн ба рибонуклейн хүчлийн (mRNA) шинэ технологид суурилсан, 16-аас дээш насны хүмүүст зориулагдсан;
2. “AZD1222/Covishield” (АстраЗенека-Ковишилд) вакциныг Их Британи улсын Оксфордын их сургууль, Астразенека компани аденовирүсийн векторын технологид суурилан гарган авсан ба, 18-аас дээш насны хүмүүст зориулагдсан;
3. Спутник В буюу Гам-КОВИД-Вак вакциныг ОХУ-ын Н.Ф. Гамалеи нэрэмжит үндэсний халдвар судлал микро-биологийн эрдэм шинжилгээний төвд үйлдвэрлэсэн нь 2 төрлийн аденовирүсийн векторт суурилан бүтээсэн, 18-аас дээш насны хүн амд зориулагдсан;
4. Вероцелл вакцин нь БНХАУ-ын Синофарм группийн эмийн компаниас гаргасан SARS-CoV-2 коронавирүсийн бүлгийн Веро эсийг өсгөвөрлөж гарган авсан, 18-аас дээш насны хүн амд зориулсан байна [8].

Судалгааны зохион байгуулалт, арга зүй: Судалгааны хүн амыг вакцин тариулсан иргэдээс санамсаргүй байдлаар түүвэрлэн авсан. Вакцинд хамрагдсан хүмүүсийн холбогдох мэдээллийг урьдчилан “Дархлаажуулалтын цахим сан”-гаас авч бэлтгэсэн ба бэлтгэгдсэн судлаач нар утсаар вакцинжуулалтын дараа илэрсэн түгээмэл илрэх хөнгөн урвалыг тусгай боловсруулсан асуумжийн дагуу асууж мэдээллийг цуглуулсан.

Дархлаажуулалтын цахим сан нь хүн амын нэгдсэн бүртгэлд суурилсан вакцинд хамрагдсан иргэдийн бүртгэл, мэдээллийн цахим сан юм.

Судалгааны түүврийн хэмжээ: КОВИД-19 өвчний эсрэг 4 төрлийн вакцинаар хүн амыг вакцинжуулаад байгаа ба вакцин болон вакцинжуулалтанд хамрагдсан хүн амын насны онцлогийг төлөөлж чадахуйц байдлыг харгалзан үзэж 2021 оны 2 дугаар сарын 23-наас 6 дугаар сарын 1-нийг хүртэлх хугацаанд вакцинжуулалтанд хамрагдсан хүмүүсээс буцаалтгүй, энгийн санамсаргүй түүврийн аргаар, итгэх интервалыг 95%, алдааны хязгаарыг +/-5 хувиас хэтрэхгүй байхаар тооцож, дараах томъёог ашиглан тооцсон.

$$n = \frac{t^2 \cdot w \cdot (1-w) \cdot N}{N \cdot \Delta_p^2 + t^2 \cdot w \cdot (1-w)}$$

t - Баталгааны коэффициент буюу Стьюдентийн

тархалтын критик утга юм. Итгэх магадлал нь 95 хувь байхад t=1.96, 95.4 хувь байхад t=2, 99.7 хувь байхад t=3 байдаг.

w- Түүвэрт хамрагдсан өрхүүдээс тухайн тодорхой шинжийг агуулсан буюу тухайн хариултыг сонгосон өрхийн эзлэх хувийн жин. Анх судалгаа хийж байгаа үед үүнийг мэдэх боломжгүй байдаг тул өмнө хийгдсэн ижил төрлийн судалгаануудаас эсвэл ойролцоолсон тоог орлуулж тавьж болдог.

w*(1-w) - харьцангуй хэмжигдэхүүний дунджаасаа хазайх хазайлтын квадрат буюу дисперсийг оролдог тоо юм. Энэхүү хазайлт нь онолын хувьд хамгийн ихдээ 0.25-тай тэнцүү байдаг.

N- Эх олонлогийн хэмжээ буюу бидний жишээгээр Улаанбаатар хотын нийт 192669 өрх

Делта - Алдааны хязгаар. Бидний авч үзэж байгаагаар энэ нь 5 хувь буюу 0.05 болно

n- Түүврийн хэмжээ

*Хүснэгт 1.
Table 1.*

Түүврийн хэмжээ
Sample size

Вакцины нэр Vaccine name	Түүврийн тоо Sample size
Вероцелл	1,000
АстраЗенека-Ковишилд	1,000
Комирнэти	1,000
Гам-КОВИД-Вак	1,000

Судалгааны баг, хэрэглэгдэхүүн: Судалгааг бэлтгэгдсэн судлаачид гүйцэтгэсэн. Нийтдээ 40 судлаач (резидент эмч, ХӨСҮТ-ийн ХӨТСА-ны халдвар судлагч эмч нар)-ийг сургаж, мэдээллийг 7 хоногийн дотор утсаар цуглуулсан. Судлаач оролцогчруу залгасан даруй тухайн хүнд таниулсан зөвшөөрлийн хуудсыг танилцуулж, зөвшөөрлийг авсны үндсэн дээр судалгаанд оролцуулсан. Асуумж нь хүн ам зүйн мэдээлэл (11 асуулт), вакцинжуулалтанд хамрагдсан байдал (7 асуулт), илэрсэн ДДУХ (48 асуулт), урвал илэрсэн үед авч хэрэгжүүлсэн хариу арга хэмжээ (9 асуулт), өмнө нь илэрч байсан вакцинжуулалттай холбоотой урвалын талаарх мэдээлэл (6 асуулт), КОВИД-19 өвчнөөр өвчилсөн эсэх (4 асуулт) гэсэн 6 хэсэгтэй ба нийт 85 асуулттай. Асуумжийг авах явцдаа судлаачид мэдээллийг “Microsoft Access” программд шууд шивж оруулсан.

Оролцогчийг судалгаанд хамруулах шалгуур:

- Монгол улсын иргэн байх;
- Судалгаанд хамрагдахыг зөвшөөрсөн байх;
- КОВИД-19 халдварын эсрэг вакцины нэг эсвэл хоёр тунд заавал хамрагдсан байх;
- Утсаар ярих боломжтой, хэл яриа, сэтгэхүйн бүрэн хөгжилтэй байх.

Оролцогчийг судалгаанаас хасах шалгуур:

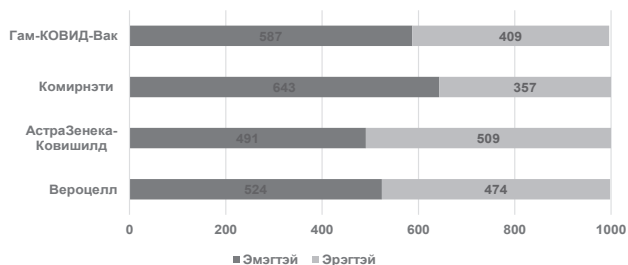
- КОВИД-19 халдварын эсрэг вакцинд хамрагдаагүй байх
- Судалгаанд оролцохоос татгалзах
- Утсаар ярих боломжгүй, хэл яриа, сэтгэхүйн хувьд бэрхшээлтэй байх.

Судалгааны үр дүн боловсруулах

Тоон мэдээллийг дундаж, давтамж, голч, квартилаар чанарын мэдээллийг хувиар илэрхийлж, үр дүнг MS excel 2019, STATA MP 14 дээр боловсруулсан.

Үр дүн: Манай улсад КОВИД-19-ийн

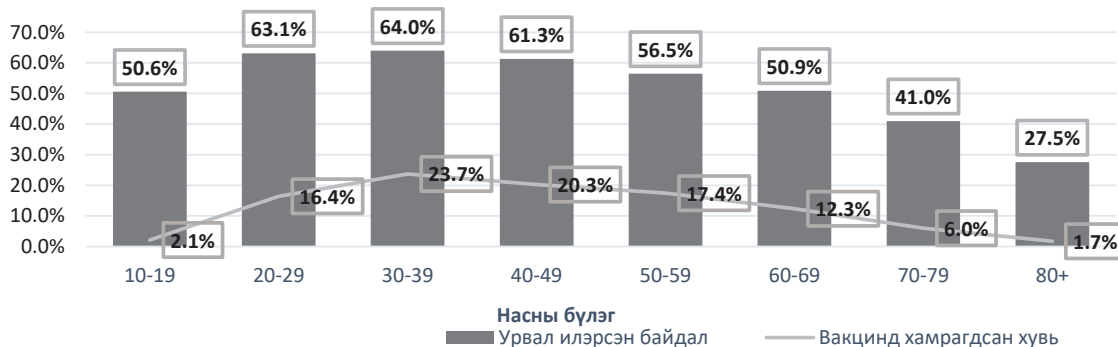
дархлаажуулалт 2021 оны 2 дугаар сарын 23-ны өдөр эхэлсэн. 2021 оны 6 дугаар сарын 1-ний байдлаар 1-р тунд 1,859,509, 2-р тунд 1,306,462 хүн хамрагдсан байна. Бид судалгаандаа дөрвөн вакцин тус бүрээр 1,000 хүнийг санамсаргүй түүвэрлэлтийн аргаар сонгон авч хамруулсан ба Вероцелл вакцин хийлгэсэн 2 хүн, Гам-КОВИД-Вак вакцин хийлгэсэн 4 хүний мэдээлэл дутуу байсан учраас судалгааны хүн амаас хасаж тооцооллыг хийсэн. Вакцинд хамрагдсан хүмүүсийн 2,245 (56.2%) нь эмэгтэй, 1,749 (43.8%) нь эрэгтэй байна. Вероцелл (n=524, 52.5%), Комирнэти (n=643, 64.3%), Гам-КОВИД-Вак (n=587, 58.9%) вакцинд хамрагдагсдын 52.5-64.3%-ийг эмэгтэйчүүд эзэлж байгаа бол АстраЗенека-Ковишилд вакцинд эрэгтэйчүүд 50.9% (n=509) байна (Зураг 1).



Зураг 1. Судалгааны хүн амын вакцинд хамрагдсан байдал хүйсээр

Figure 1. Study participants by vaccine enrollment and age group

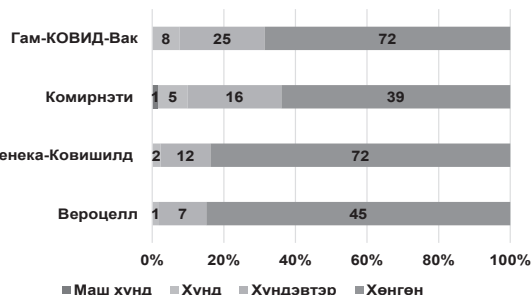
Вакцинжуулалтад хамрагдсан хүн амыг насны бүлгээр харьцуулан үзвэл 30-39 насны хүмүүс хамгийн өндөр буюу 947 (23.7%), 80 болон түүнээс дээш насны хүмүүс хамгийн бага буюу 69 (1.7%) байна. 20-39 насанд эрэгтэйчүүд, бусад насны бүлэгт эмэгтэйчүүд 50-аас дээш хувийг эзэлж байна (Зураг 2). Энэ нь вакцины өөрийн онцлог шинж чанараас нь хамаарч нийгмийн ялгаатай бүлгүүдийг дархлаажуулсантай холбоотой байж



Зураг 3. Вакцинжуулалтын дараа КОВИД-19-ийн халдвар авсан хүмүүсийн эмнэлзүйн байдал вакцин тус бүрээр

Figure 3. Self-reported clinical severity of COVID-19 patients

болох юм. Жишээлбэл АстраЗенека-Ковишилд вакцинаар эрүүл мэндийн байгууллагын ажилчдыг түлхүү вакцинжуулсан бол Вероцелл вакцинаар ард иргэдийг, Комирнэти, Гам-КОВИД-Вак вакцинаар архаг хууч өвчтэй хүмүүсийг түлхүү дархлаажуулсан.



Зураг 2. Судалгааны хүн ам насны бүлэг, хүйсээр
Figure 2. Study participants by age group and gender

Вакцинд хамрагдсан хүмүүсийн 338 (8.5%) нь КОВИД-19 өвчнөөр өвдсөн ба үүнээс вакцины 2 тун аваад 14-өөс дээш хоногийн дараа өвдсөн 305 (7.7%) хүн байна. Вакцины төрлөөр харьцуулан үзвэл Вероцелл хийлгэсэн хүмүүсийн 53 (5.3%), Комирнэти 61 (7.8%), АстраЗенека-Ковишилд 86 (9.5%), Гам-КОВИД-Вак 105 (10.5%) хүн өвдсөн байна. Судалгаанд оролцогчид КОВИД-19-өөр өвчилсөн үеийн эмнэлзүйн байдлаа өөрөө үнэлж, хариулсан ба 228 (74.8%) нь хөнгөн, 60 (19.7%) нь хүндэвтэр, 16 (5.2%) нь хүнд, 1 (0.3%) нь маш хүнд өвдсөн гэж хариулсан байна. Вероцеллийн 2 тун хийлгэсэн хүмүүсийн дунд хөнгөн хэлбэрээр өвчилсөн хүний эзлэх хувь бусад вакцинтай харьцуулахад хамгийн өндөр (84.9%) байгаа бол Комирнэти хийлгэсэн хүмүүсийн дунд хүндэвтэр (26.2%), хүнд (8.2%), маш хүнд (1.6%) хэлбэрээр өвдсөн хүний эзлэх хувь бусад вакцинтай харьцуулахад 0.6-8.2%-иар өндөр байна (Зураг 3).

Вакцинжуулалтын дараа түгээмэл илрэх хөнгөн урвал 1-р тунгийн дараа 2,253 (56.4%) хүнд, 2-р тунгийн дараа 345 (8.6%) хүнд илэрсэн байна. 1-р тунгийн дараа АстраЗенека-Ковишилд вакцинд хамрагдсан хүмүүсийн 79%-д нь түгээмэл илрэх хөнгөн урвал илэрсэн нь бусад 3 вакцинтай харьцуулахад хамгийн өндөр байсан бол Вероцелл

вакцинд хамрагдсан хүмүүст хамгийн бага (33.3%) хувьтай илэрсэн байна. 2-р тунгийн дараа Вероцелл вакцин хийлгэсэн хүмүүсийн дунд (17.2%) түгээмэл илрэх хөнгөн урвал бусад вакцинтай харьцуулахад харьцангуй өндөр байсан бол Гам-КОВИД-Вак вакцин хийлгэсэн хүмүүст урвал илрээгүй байна (Хүснэгт 2).

Хүснэгт 2.

Table 2.

Дархлаажуулалтын дараа илэрсэн урвалын тоо вакцин тус бүрээр

Adverse Events Following Immunization by vaccine

ДЦУХ AEFI	Вероцелл Vero cell	АстраЗенека-Ковишилд AstraZeneca-Covishield	Комирнэти Comirnaty	Гам-КОВИД-Вак Gam-COVID-Vac	Нийт Total
1-р тун	332 (33.3%)	790 (79.0%)	636 (63.6%)	495 (49.7%)	2,253 (56.4%)
2-р тун	165 (17.2%)	47 (4.8%)	133 (13.6%)	0 (0.0%)	345 (8.6%)

Вакцинжуулалтын дараа илэрсэн урвалын улмаас 1-р тунгийн дараа 72 (7.6%), 2-р тунгийн дараа 506 (16.6%) хүн эрүүл мэндийн байгууллагад хандсан байна. Вакцин тус бүрд 2-р тунгийн дараа эмнэлгийн тусламж үйлчилгээ авсан хүний тоо нэмэгдсэн ба АстраЗенека-Ковишилд вакцин хийлгэсэн хүмүүс хамгийн өндөр буюу 29.8% нь, Гам-КОВИД-Вак вакцин хийлгэсэн хүмүүс хамгийн

бага буюу 6.9% нь эрүүл мэндийн тусламж үйлчилгээ авахаар эмнэлэгт хандсан байна (Хүснэгт 3).

Дархлаажуулалтын дараа илэрсэн урвалыг насны бүлгээр харьцуулан үзвэл 30-39 насны хүн амын дунд хамгийн өндөр буюу 64%-д нь илэрсэн бол 80 болон түүнээс насны хүнд урвал хамгийн бага (27.5%) илэрсэн байна (Зураг 4).

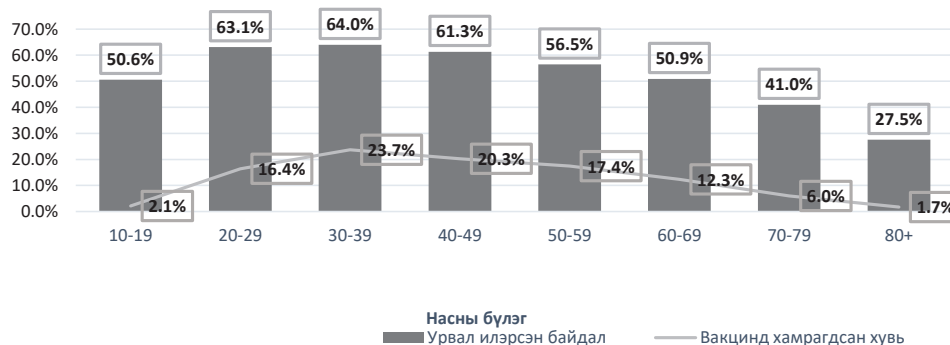
Хүснэгт 3.

Table 3.

Дархлаажуулалтын дараа илэрсэн урвал, хүндрэлийн улмаас эмнэлгийн тусламж үйлчилгээ авсан хүмүүсийн тоо, вакцины тун, төрөл тус бүрээр

Hospitalization required Adverse Events Following Immunization

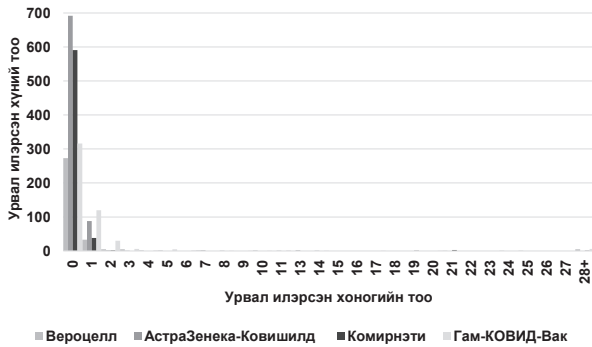
№	Вакцины нэр Vaccine name	1-р тун 1st dose		2-р тун	
		Б.тоо Number	Хувь Percentage	2nd dose	Хувь Percentage
1	Вероцелл	9	0.9%	94	9.8%
2	АстраЗенека-Ковишилд	8	0.8%	293	29.8%
3	Комирнэти	2	0.2%	110	11.2%
4	Гам-КОВИД-Вак	53	5.3%	9	6.9%
5	Нийт	72	7.60%	506	16.6%



Зураг 4. Дархлаажуулалтын дараах урвал насны бүлгээр

Figure 4. Percentage of Adverse Events Following Immunization by age group and vaccine enrollment

Вакцины 1-р тунгийн дараах урвал вакцин тариулснаас хойш дунджаар 1.5 хоног (хамгийн бага 24 цагийн дотор, хамгийн их 28 хоног)-ийн дараа илэрсэн байна. Нийт урвалын 1,872 (83.1%) нь вакцин тариулснаас хойш 24 цагийн дотор илэрсэн бол 279 (12.4%)-д нь 1 хоног, 39 (1.7%)-д нь 2 хоногийн дараа илэрсэн байна (Зураг 5).



Зураг 5. 1-р тунгийн дараа илэрсэн урвалын хугацаа вакцин тус бүрээр

Figure 5. Adverse Events Following Immunization presented time after 1st dose by vaccine

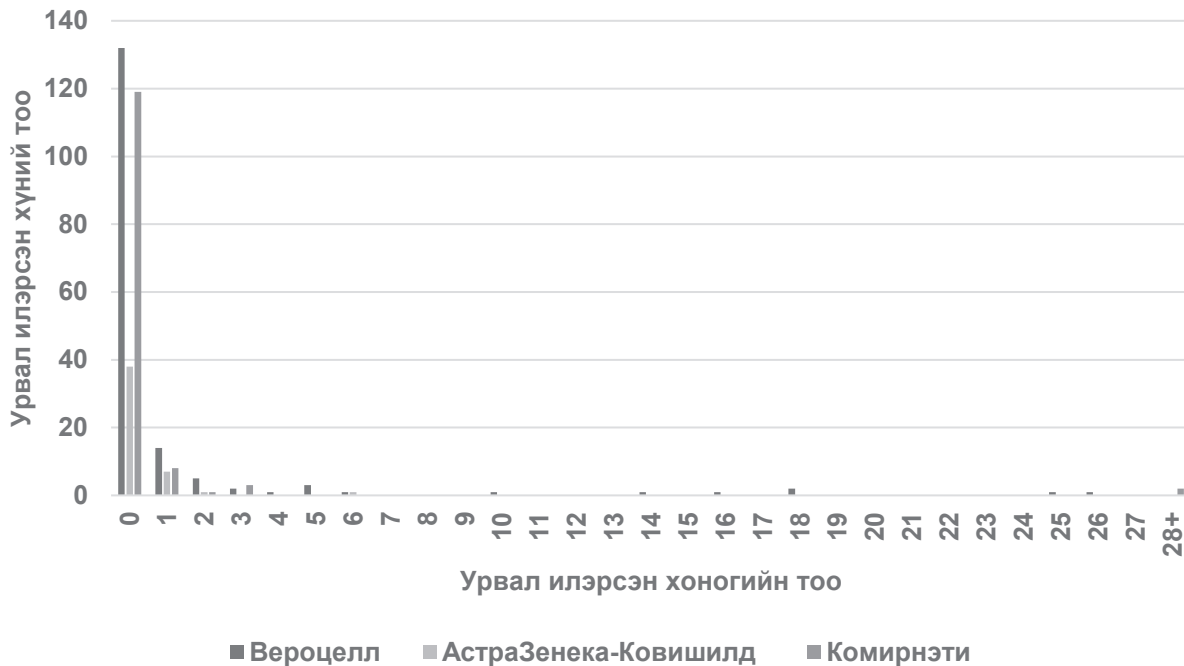
2-р тунгийн дараа урвал 289 (83.3%) хүнд 24 цагийн дотор, 31 (8.9%)-д нь 1 хоногийн дараа илэрсэн байна (Зураг 6).

Вакцины 1-р тунгийн дараа нийт 37 түгээмэл илрэх хөнгөн болон хүнд урвалын шинж тэмдэг илэрснээс тариулсан газар хөндүүрлэх (26.9%),

толгой өвдөх (19.9%), 390С-ээс доош халуурах (14.9%), бие зарайх (12.5%), үе мөчөөр өвдөх (10.4%), ядрах (10.0%), нойр ихээр хүрэх (6.2%), булчин өвдөх (26.9%), дотор муухайрах (3.6%), даралт ихсэх (3.6%) шинж тэмдэг нийтлэг илэрсэн байна.

Вакцин тус бүрээр харьцуулан үзвэл Вероцелл хийлгэсэн хүмүүст толгой өвдөх (12.9%), нойр ихээр хүрэх (7.8%), тариулсан газар хөндүүрлэх (6.9%) байдал давамгайл илэрсэн бол АстраЗенека-Ковишилд вакцин хийлгэсэн хүнд 390С-ээс доош халуурах (41.0%), тариулсан газар хөндүүрлэх (33.8%), толгой өвдөх (32.8%), Комирнэтихийлгэсэн хүнд тариулсан газар хөндүүрлэх (48.9%), толгой өвдөх (17.1%), бие зарайх (9.6%), ядрах (9.2%), Гам-КОВИД-Вак вакцин хийлгэсэн хүнд тариулсан газар хөндүүрлэх (18.6%), толгой өвдөх (16.9%), 390С-ээс доош халуурах (10.8%), бие зарайх (10.7%) шинж тэмдэг давамгайл илэрсэн байна.

Хүнд урвалаас 390С-ээс дээш халуурах (0.9%), лимфаденит (0.3%), амьсгал бачуурах (0.2%), арьсны харшлын урвал (0.1%), нүүрний болон бүх биеийн хаван (0.1%) гэсэн урвалууд илэрсэн байна. Вероцелл болон АстраЗенека-Ковишилд вакцин хийлгэсэн хүмүүсийн дунд 390С-ээс дээш халуурах (3.1%), Комирнэти хийлгэсэн хүмүүсийн дунд лимфаденит (0.4%), Гам-КОВИД-Вак хийлгэсэн хүмүүсийн дунд арьсны харшлын урвал (0.3%) хамгийн өндөр хувьтай байна (Хүснэгт 4).



Зураг 6. 2-р тунгийн дараа илэрсэн урвалын хугацаа вакцин тус бүрээр

Figure 5. Adverse Events Following Immunization presented time after 2nd dose by vaccine

Хүснэгт 4.

Table 4.

КОВИД-19 вакцины 1-р тунгийн дараа илэрсэн урвал вакцин тус бүрээр
Adverse Events Following Immunization after 1st dose of COVID-19 vaccine

№	Урвал Adverse event after immunization	Нэгдүгээр тун 1st dose				
		Нийт Total (n=3,994)	Вероцелл Vero cell (n=998)	АстраЗенека- Коминивид AstraZeneca- Covishield (n=1,000)	Коминивити Cominarty (n=1,000)	Гам-КОВИД- Вак Гам- COVID-Вак (n=996)
1	Тархулсан газарт хөндүүрлэх	26.9%	6.9%	33.3%	48.9%	18.6%
2	Толгой өвдөх	19.9%	12.9%	32.8%	17.1%	16.9%
3	Халуурах 39 доош	14.9%	2.6%	41.0%	5.1%	10.8%
4	Бие зарайх	12.5%	4.6%	25.2%	9.6%	10.7%
5	Үе мөч өвдөх	10.4%	4.5%	23.7%	5.5%	7.7%
6	Ядрах	10.0%	4.6%	18.0%	9.2%	8.3%
7	Нойр ихээр хүрэх	6.2%	7.8%	7.0%	4.3%	5.7%
8	Булчлан өвдөх	5.9%	1.9%	15.2%	2.4%	3.9%
9	Бусад	5.2%	4.5%	7.6%	6.1%	2.6%
10	Дотор муухайрах	3.6%	2.5%	7.1%	2.6%	2.0%
11	Даралт ихсэх	3.6%	4.3%	3.3%	3.4%	3.2%
12	Халрах	3.3%	2.1%	0.0%	0.0%	2.3%
13	Толгой эргэх	2.6%	2.7%	4.1%	1.8%	1.8%
14	Гар хөл бабайрах	2.0%	2.0%	3.5%	1.1%	1.2%
15	Тархулсан газарт хавдх	1.6%	0.3%	2.1%	1.8%	2.3%
16	Тархулсан газарт улайх	1.0%	0.4%	1.9%	0.6%	1.2%
17	Хоолой хөндүүрлэх	1.0%	0.9%	0.9%	1.0%	1.3%
18	Тайван бус болох	1.0%	0.0%	2.1%	1.0%	0.7%
19	Хоолойд дургүй болох	0.9%	0.0%	2.0%	0.8%	0.5%
20	Нус гоожих	0.9%	0.5%	1.1%	0.9%	0.9%
21	Чырэх	0.8%	0.5%	1.9%	0.2%	0.4%
22	Нойргүйдэх	0.7%	0.5%	1.7%	0.3%	0.4%
23	Хамар битүүрэх	0.6%	0.5%	0.6%	0.2%	0.9%
24	Суулгах	0.4%	0.6%	0.6%	0.1%	0.3%
25	Туурах	0.4%	0.3%	0.3%	0.3%	0.6%
26	Тарьсан газар загатнах	0.4%	0.1%	0.2%	0.4%	0.4%
27	Бөөлжих	0.3%	0.0%	0.8%	0.2%	0.0%
28	Хансах	0.3%	0.2%	0.3%	0.3%	0.3%
29	Гэдэс өвдөх	0.3%	0.2%	0.5%	0.2%	0.1%
30	Амьсах мэдрэхүй алдагдах	0.1%	0.0%	0.3%	0.0%	0.1%
31	Тарьсан газар хөхрөх	0.1%	0.1%	6.8%	1.9%	0.3%
32	Үнэрлэх мэдрэхүй алдагдах	0.1%	0.3%	0.2%	0.0%	0.1%
33	Лимфаденит (1.5см бага)	0.3%	0.0%	0.5%	0.4%	0.0%
34	Халуурах 39 дээш	0.9%	0.2%	3.1%	0.1%	0.3%
35	Амьсгал бачуурах	0.2%	0.0%	0.0%	0.3%	0.1%
36	Арьсны харшлын урвал	0.1%	0.0%	0.1%	0.0%	0.2%
37	Нүүрний болон бүх биеийн хаван	0.1%	0.0%	0.0%	0.0%	0.0%
38	Ухаан балартаж унах	0.0%	0.0%	0.0%	0.0%	0.0%

*КОВИД-19 вакцины 2-р тунгийн дараа илэрсэн урвал вакцин тус бүрээр
Adverse Events Following Immunization after 2nd dose of COVID-19 vaccine*

№	Урвал Adverse event after immunization	Хоёрдугаар тун /2nd dose/				
		Нийт Total (n=3,005)	Вероцелл Vero cell (n=998)	АстраЗенека- Ковашилд AstraZeneca- Covishield (n=1,000)	Коминэти Comirnaty (n=1,000)	Гам-КОВИД- Вак Гам- COVID-Vac (n=996)
1	Тармулсан газарт хөндүүрлэх	18.4%	7.0%	10.9%	37.2%	18.3%
2	Толгой өвдөх	11.5%	10.7%	9.5%	14.4%	10.7%
3	Халуурах 39 доош	5.1%	1.5%	5.6%	8.5%	3.8%
4	Жижүүдэс хүрэх	5.0%	2.3%	4.4%	8.1%	6.1%
5	Үе мөч өвдөх	4.7%	3.9%	4.1%	6.2%	4.6%
6	Ядрах	5.9%	4.0%	3.8%	9.9%	5.3%
7	Нойр ихсээр хүрэх	3.7%	6.4%	1.9%	3.3%	1.5%
8	Булчин өвдөх	2.1%	1.8%	2.0%	2.4%	3.8%
9	Бусад	4.7%	4.8%	3.2%	6.7%	0.8%
10	Дотор муухайрах	1.7%	1.6%	1.3%	2.4%	0.8%
11	Даралт ихсэх	2.9%	3.1%	2.2%	3.6%	0.0%
12	Хөврөх	1.3%	1.7%	0.4%	0.0%	2.3%
13	Толгой эргэх	1.5%	2.0%	1.2%	1.6%	0.0%
14	Гар хөл бабайрах	1.6%	2.5%	1.6%	1.0%	0.0%
15	Тармулсан газарт хавдах	0.9%	0.3%	0.4%	1.7%	2.3%
16	Тармулсан газарт улайх	0.3%	0.2%	0.4%	0.3%	0.0%
17	Хоолой хөндүүрлэх	0.8%	0.9%	0.5%	0.8%	1.5%
18	Тайван бус болох	0.4%	0.1%	0.0%	1.0%	0.0%
19	Хоолонд дургүй болох	0.4%	0.2%	0.1%	1.0%	0.0%
20	Нус гоожих	0.4%	0.3%	0.5%	0.3%	0.0%
21	Чигрэх	0.5%	0.0%	0.3%	1.1%	0.8%
22	Нойргүйдэх	0.3%	0.2%	0.5%	0.4%	0.0%
23	Хамар битүүрэх	0.4%	0.5%	0.2%	0.3%	0.0%
24	Суулгах	0.2%	0.5%	0.1%	0.0%	0.0%
25	Туурах	0.5%	0.5%	0.2%	0.8%	0.0%
26	Тарьсан газар загалнах	0.3%	0.2%	0.6%	0.4%	0.8%
27	Бөөгжлөх	0.1%	0.0%	0.2%	0.2%	0.0%
28	Хангах	0.4%	1.0%	0.1%	0.2%	0.0%
29	Гэдэс өвдөх	0.2%	0.2%	0.1%	0.4%	0.0%
30	Амлах мэдрэхүй алдагдах	0.1%	0.3%	0.1%	0.0%	0.0%
31	Тарьсан газар хөврөх	0.1%	0.1%	0.1%	1.6%	0.8%
32	Үнэрлэх мэдрэхүй алдагдах	0.2%	0.0%	0.1%	0.1%	0.0%
33	Лимфаденит (1.5см бага)	0.2%	0.1%	0.0%	0.4%	0.0%
34	Халуурах 39 дээш	0.4%	0.3%	0.1%	0.9%	0.0%
35	Амьсгал бачуурах	0.2%	0.4%	0.1%	0.1%	0.0%
36	Арьсны харшлын урвал	0.1%	0.1%	0.0%	0.0%	0.0%
37	Нүүрний болон бүх биеийн хаван	0.0%	0.1%	0.0%	0.0%	0.0%
38	Ухаан балартаж унах	0.1%	0.2%	0.1%	0.0%	0.0%

Вакцины 2-р тунгийн дараа илэрсэн түгээмэл илрэх хөнгөн урвалын тоо эхний тунтай харьцуулахад 47.8%-иар буурсан байна. Тариулсан газар хөндүүрлэх (18.4%), толгой өвдөх (11.5%), 390С-ээс доош халуурах (5.1%), бие зарайх (5.0%), үе мөчөөр өвдөх (4.7%), ядрах (5.9%), нойр ихээр хүрэх (3.7%), булчин өвдөх (2.1%), дотор муухайрах (1.7%), даралт ихсэх (2.9%) шинж тэмдэг нийтлэг илэрсэн байна.

Вакцин тус бүрээр харьцуулан үзвэл Вероцелл хийлгэсэн хүмүүст толгой өвдөх (10.7%), тариулсан газар хөндүүрлэх (7.0%), нойр ихээр хүрэх (6.4%), шинж тэмдэг давамгайлал илэрсэн бол АстраЗенека-Ковишилд вакцин хийлгэсэн хүнд тариулсан газар хөндүүрлэх (10.9%), толгой өвдөх (10.7%), нойр ихээр хүрэх (6.4%), Комирнэти хийлгэсэн хүнд тариулсан газар хөндүүрлэх (37.2%), толгой өвдөх (14.4%), ядрах (9.9%), Гам-КОВИД-Вак вакцин хийлгэсэн хүнд тариулсан газар хөндүүрлэх (18.3%), толгой өвдөх (10.7%), бие зарайх (6.1%), ядрах (5.3%), шинж тэмдэг давамгайлал илэрсэн байна.

Хүнд урвалаас 390С-ээс дээш халуурах (0.4%),

лимфаденит (0.2%), амьсгал бачуурах (0.2%), арьсны харшлын урвал (0.1%), ухаан балартаж унах (0.1%) гэсэн урвалууд илэрсэн байна. Вероцелл хийлгэсэн хүмүүст амьсгал бачуурах (0.4%), АстраЗенека-Ковишилд вакцин хийлгэсэн хүмүүсийн дунд 390С-ээс дээш халуурах (0.1%), ухаан балартаж унах (0.1%), Комирнэти хийлгэсэн хүмүүсийн дунд 390С-ээс дээш халуурах (0.9%) хамгийн өндөр хувьтай байна (Хүснэгт 5).

Бусад урвал 274 (6.9%) хүнд илэрсэн ба үүнээс Вероцелл хийлгэсэн 64 (6.4%), АстраЗенека-Ковишилд хийлгэсэн 95 (9.5%), Комирнэти хийлгэсэн 83 (8.3%), Гам-КОВИД-Вак хийлгэсэн 32 (3.2%) хүнд тус тус илэрсэн байна. Зүрх дэлсэх (1.1%), нуруу өвдөх (0.4%), толгой манарах (0.3%), бөөр өвдөх (0.3%) шинж давамгайлал илэрсэн байна. Вакцинжуулалтанд хамрагдсан эмэгтэйчүүдийн дунд сарын тэмдгийн мөчлөг өөрчлөгдсөн гэж 32 (1.4%) эмэгтэй хариулсан ба АстраЗенека-Ковишилд вакцин хийлгэсэн эмэгтэйчүүдийн дунд хамгийн өндөр (2.9%), Гам-КОВИД-Вак хийлгэсэн эмэгтэйчүүдэд хамгийн бага (0.5%) илэрсэн байна. (Хүснэгт 6).

Хүснэгт 6.

Table 6.

Илэрсэн бусад урвал вакцин тус бүрээр

Other Adverse Events Following Immunization after 2 doses of COVID-19 vaccine

№	Урвал Adverse event after immunization	Вероцелл Vero cell (n=998)	АстраЗенека- Ковишилд AstraZeneca- Covidshield (n=1,000)	Комирнэти Community (n=1,000)	Гам-КОВИД- Вак Gam-COVID- Vac (n=996)	Нийт Total
1	Гар, хөл нилэнхүүдээ хөхрөх	0.1%	0.0%	0.0%	0.0%	0.0%
2	АД багасгах	0.2%	0.4%	0.0%	0.2%	0.2%
3	АД ихсэх	0.1%	0.1%	0.1%	0.2%	0.1%
4	Ам цангах	0.2%	0.5%	0.1%	0.0%	0.2%
5	Архаг хууч өвчин садрэх	0.1%	0.0%	0.0%	0.0%	0.0%
6	Астма садрсэн	0.0%	0.1%	0.0%	0.1%	0.1%
7	Баруун талын хөл бадайрах	0.0%	0.1%	0.1%	0.1%	0.1%
8	Бие халуу орлох	0.0%	0.1%	0.1%	0.0%	0.1%
9	Биеийн нэг тал мэдээгүй болсон	0.0%	0.0%	0.3%	0.0%	0.1%
10	Бөөр өвдөх	0.3%	0.3%	0.6%	0.0%	0.3%
11	Булчин сулрах	0.1%	0.2%	0.0%	0.0%	0.1%
12	Гарын алга халуу орлох	0.0%	0.0%	0.1%	0.0%	0.0%
13	Гарын хөдөлгөөн хязгаарлагдах	0.1%	0.2%	0.9%	0.0%	0.3%
14	Гэдэс цанхайсан	0.1%	0.0%	0.3%	0.0%	0.1%
15	Даарах	0.0%	0.1%	0.0%	0.0%	0.0%
16	Далан доогуур халгах	0.0%	0.0%	0.2%	0.0%	0.1%
17	Зүрх дэлсэх	1.1%	1.2%	1.5%	0.5%	1.1%
18	Зүүн дал орчим хөндүүрлэсэн	0.0%	0.1%	0.0%	0.0%	0.0%

19	Зүүн хөл мэдээгүй болох	0.1%	0.1%	0.0%	0.0%	0.1%
20	Мөрний үеэр өвдөх	0.0%	0.0%	0.0%	0.1%	0.0%
21	Найгаах	0.0%	0.1%	0.0%	0.0%	0.0%
22	Нуруу өвдөх	0.5%	0.5%	0.2%	0.3%	0.4%
23	Нүд улайх	0.0%	0.2%	0.2%	0.1%	0.1%
24	Нүүр халуу орлох	0.0%	0.2%	0.2%	0.1%	0.1%
25	Өвөрмөц амт мэдрэгдэх	0.0%	0.1%	0.2%	0.0%	0.1%
26	Сарын тэмдгийн мөчлөг алдагдах	2.1%	2.9%	0.6%	0.5%	1.4%
27	Сутаны булчирхай цочих	0.1%	0.1%	0.3%	0.0%	0.1%
28	Сэтгэл санаа тогтворгүй болох	0.0%	0.0%	0.1%	0.0%	0.0%
29	Тарьсан газар цэврүү үүсэх	0.0%	0.0%	0.1%	0.0%	0.0%
30	Толгой манарах	0.2%	0.7%	0.1%	0.2%	0.3%
31	Уруул хавдах	0.0%	0.1%	0.0%	0.0%	0.0%
32	Үс унах	0.1%	0.0%	0.0%	0.0%	0.0%
33	Хамраас цур гарах	0.2%	0.2%	0.0%	0.0%	0.1%
34	Харшил сэдэрэх	0.0%	0.1%	0.0%	0.1%	0.1%
35	ходоод өвдөх	0.0%	0.2%	0.2%	0.0%	0.1%
36	Хоолой сэрээгэнэх	0.0%	0.0%	0.5%	0.0%	0.1%
37	Хөл гарын ул халуун орлох	0.0%	0.1%	0.0%	0.0%	0.0%
38	Толгой эргэх	0.2%	0.2%	0.0%	0.0%	0.1%
39	Хөл хавагнах	0.2%	0.0%	0.1%	0.0%	0.1%
40	Хөлрөх	0.0%	0.1%	0.1%	0.1%	0.1%
41	Хүзүү хошиг	0.1%	0.2%	0.4%	0.0%	0.2%
42	Хэл ээдрэх	0.0%	0.3%	0.0%	0.0%	0.1%
43	Цавьны булчирхай цочих	0.0%	0.1%	0.0%	0.0%	0.0%
44	Цөс, нойр булчирхай өвдөх	0.1%	0.2%	0.1%	0.0%	0.1%
45	Цус өтгөрөх	0.0%	0.0%	0.1%	0.0%	0.0%
46	Цээжээр өвдөх	0.1%	0.1%	0.0%	0.2%	0.1%
47	Чих шуулгах	0.2%	0.1%	0.0%	0.1%	0.1%
48	Чонон хөрвөс гарсан	0.0%	0.0%	0.1%	0.0%	0.0%
49	Шөрмөс татах	0.0%	0.0%	0.1%	0.1%	0.1%
50	Нийт	6.4%	9.5%	8.3%	3.2%	6.9%

Хэлцэмж: Дэлхий дахинд 2021 оны 9 дүгээр сарын 5-ны байдлаар хүн амын 40.5% нь КОВИД-19-ийн эсрэг вакцинд хамрагдаад байгаа [22] ба дархлаажуулалтын дараа илэрч байгаа ихэнх урвал хөнгөн, харин дунд, хүнд урвал ховор тохиолдож байгааг зарим судалгаанд харуулсан байна [23]. Манай улс АстраЗенека-Ковишилд, Вероцелл, Комирнэти, Гам-КОВИД-Вак гэсэн 4 төрлийн вакцинаар нийт хүн амын 68.9%-ийг 1-р тунд, 64.7%-ийг 2-р тунгаар вакцинжуулаад байна [24].

Бидний судалгаагаар ДДУХ 1-р тунгийн дараа судалгааны хүн амын 56.4%-д, 2-р тунгийн дараа 8.6%-д илэрч, давтамж буурсан байна. АНУ-д хийсэн судалгаагаар урвалын 79.6% нь эхний тунгийн дараа илэрсэн бол 2 дах тунгийн дараа урвалын давтамж

буурсан байна [25]. Хятад, АНУ, Их Британи, Герман, Бельги, Австрали улсын судалгаануудад мета-анализ хийхэд идэвхгүйжүүлсэн вакцин хийлгэсэн хүмүүсийн 23%, РНХ агуулсан вакцин хийлгэсэн хүмүүсийн 48%, вирусийн вектор агуулсан вакцин хийлгэсэн хүмүүсийн 76%-д ДДУХ илэрсэн байгаа нь бидний судалгааны дүнтэй ойролцоо байна [23]. Манай судалгаагаар дархлаажуулалтын дараа тарьсан газар хөндүүлэх шинж АстраЗенека-Ковишилд, Комирнэти, Гам-КОВИД-Вак хамгийн өндөр хувьтай илэрсэн нь Каур нарын системт тойм судалгааны дүнтэй дүйж байна [26]. Харин Вероцелл вакцин хийлгэсэн хүмүүст толгой өвдөх шинж бусад вакцинтай харьцуулахад өндөр давтамжтай илэрсэн нь Каур [26] болон Дорифте [27] нарын судалгаанаас

ялгаатай байна.

Системийн хариу урвалаас толгой өвдөх, бие зарайх, 39-өөс доош хэм халуурах, ядарч сульдах, нойр ихээр хүрэх зэрэг шинж манай судалгааны хүн амд нийтлэг илэрсэн нь Канад улсын Онторио муж [28] болон Чен нарын хийсэн мета-анализ судалгааны дүнтэй нийцэж байна [23].

Манай судалгаанд Комирнэти вакцинд хамрагдсан хүмүүсийн дунд илэрсэн ДДУХ-ийн дийлэнх хувь нь 1-3 хоногийн дотор илэрсэн байсан нь Европын улс орнууд [29], Солонгос [30], АНУ [31], БНХАУ [25]-д хийгдсэн судалгааны дүнтэй дүйж байна. Үйлдвэрлэгч байгууллагаас вакциныг дагалдан ирдэг зааварт Комирнэти вакцины туршилт судалгааны явцад хүнд урвал болох анафилактикийн шок илрээгүй боловч дараах хөнгөн урвалууд нийтлэг илэрсэн байна. Үүнд тарьсан газар хөндүүрлэх (84.1%), ядарч сульдах (62.9%), толгой өвдөх (55.1%), булчин өвдөх (38.3%), жихүүдэс хүрэх (31.9%), үе мөч өвдөх (23.6%), халуурах (14.2%), тарьсан газар хавдах (10.5%), тарьсан газар улайх (9.5%), дотор муухайрах (1.1%) тохиолдол нийтлэг, цөөн тохиолдолд бие тавгүйрхэх (0.5%), лимфаденит (0.3%) илэрсэн [25, 30, 31] байна. Манай судалгаагаар тарсан газар хөндүүрлэх (37.2%), толгой өвдөх (14.4%), ядрах сульдах (9.9%), 39 хэмээс доош халуурах (8.5%), жихүүдэс хүрэх (8.1%), үе мөч өвдөх (6.2%), даралт ихсэх (3.6%), нойр ихээр хүрэх (3.3%), дотор муухайрах (2.4%), булчин өвдөх (2.4%) шинж нийтлэг, 390С хэмээс дээш халуурах (0.9%), лимфаденит (0.4%), амьсгал бачуурах шинж (0.1%) [32] цөөн тохиолдолд илэрсэн нь дээрх урвалуудтай харьцуулахад давтамжийн хувьд бага илэрсэн байна. Нийтлэг шинжүүдээс манай судалгаанд даралт ихсэх, нойр ихээр хүрэх шинж эхний 10 урвалд байгаа нь бусад судалгаануудаас ялгаатай байна. Бидний судалгаагаар Комирнэти хийлгэсэн хүмүүсийн 0.2% нь эхний тунгийн дараа, 11.2% нь 2 дах тунгийн дараа илэрсэн урвалын улмаас эмнэлгийн тусламж авсан бол АНУ-д энэ вакцин хийлгэсэн хүмүүсийн 2.3% нь эмнэлэгт хандаж тусламж үйлчилгээ авсан байна [25].

Манай судалгаагаар АстраЗенека-Ковишилд вакцины 1-р тунгийн дараа ДДУХ 79%-д нь илэрч байсан бол 2-р тунгийн дараа илрэх хувь багассан, тариулсан газар хөндүүрлэх (10.9%), толгой өвдөх (10.7%), нойр ихээр хүрэх (6.4%) шинж давамгайл илэрсэн байна. Их Британи, Бразил, Өмнөд Африк улсын 18-аас дээш насны 24,244 хүнийг хамарсан судалгаагаар тарьсан газар хөндүүрлэх (63.8%), толгой өвдөх (52.7%), ядрах сульдах (53%), халуурах

(380С хэмээс доош 33.5%, 380С хэмээс дээш 7.6%), жихүүдэс хүрэх (32.2%), үе мөчөөр өвдөх (26.6%), дотор муухайрах (22.2%) шинж нийтлэг илэрсэн байна [33]. Солонгос улсад хийсэн судалгаагаар мөн тариулсан газар хөндүүрлэх шинж судалгааны хүн амын 94.5%-д, ядрах сульдах шинж 83.8%-д илэрсэн байгаа нь манай судалгааны хүн амтай харьцуулахад өндөр байна. Эдгээр шинж тэмдгүүд нь вакцин тарьсны дараа 3 хоногт илэрч, богино хугацаанд хэвийн байдалд орсон байна [30]. Изида нарын тойм судалгаагаар тарьсан газар хөндүүрлэх, улайх, толгой өвдөх, дотор муухайрах, халуурах, булчингаар өвдөх зэрэг шинж аденовирүсийн вектор агуулсан вакцины дараа түгээмэл илэрч [34] байсан бол Федро нарын туршилт судалгаагаар хүмүүсийн 70%-д ядарч сульдах, 67%-д тариулсан газар хөндүүрлэх, 46%-д толгой өвдөх шинж тэмдэг илэрчээ [35]. Дээрх судалгааны дүнтэй харьцуулахад манай судалгааны хүн амд илэрсэн урвал ижил байгаа хэдий ч илэрсэн давтамжийн хувьд бага, нойр ихээр хүрэх шинж нийтлэг илэрсэн байна.

Бидний судалгаанд Гам-КОВИД-вак вакцин хийлгэсэн хүмүүсийн 49.7%-д нь түгээмэл илрэх хөнгөн урвал илэрсэн бол Москва хотод 2020 оны 9-11 дүгээр сард хийсэн туршилт судалгаагаар судалгааны хүн амын 94%-д нь хөнгөн урвал илэрсэн байна [36]. Тариулсан газар хөндүүрлэх, толгой өвдөх, бие зарайх, ядрах, нойр ихээр хүрэх шинж манай судалгааны хүн амд давамгайл илэрсэн бол Каур нарын системт тойм судалгаагаар 39 хэмээс доош халуурах, толгой өвдөх, ядарч сульдах, булчин, үе мөчөөр өвдөх шинж түлхүү илэрч манай судалгааны дүнгээс давтамжийн хувьд 15-40%-иар их байна [26].

БНХАУ-д хийсэн судалгаагаар идэвхгүйжүүлсэн вакцин хийлгэсэн хүмүүст ихэвчлэн хөнгөн урвал илэрсэн ба хүнд урвал харьцангуй бага байжээ [27, 37]. Вероцелл вакцины хувьд манай судалгааны хүн амд 1-р тунгийн дараа 33.3%-д, 2-р тунгийн дараа 17.2%-д ДДУХ илэрч, толгой өвдөх (1-р тунгийн дараа 12.9%, 2-р тунгийн дараа 10.7%) шинж хамгийн өндөр, тариулсан газар хөндүүрлэх, нойр ихээр хүрэх, ядрах, үе мөчөөр өвдөх, жихүүдэс хүрэх, даралт ихсэх, толгой эргэх, гар хөл бадайрах шинжүүд нийтлэг илэрсэн байна. Жан Ю нарын туршилт судалгаагаар хэсэг газрын урвалаас тарьсан газар хөндүүрлэх (10-26%) шинж хамгийн өндөр илэрсэн бол хүнд урвал илрээгүй байна [26]. 18 болон түүнээс дээш насны 14,572 хүнийг хамруулсан судалгаагаар хэсэг газрын урвалаас тариулсан газар хөндүүрлэх урвал нийтлэг, хэсэг газар хавдах, хатуурах, арьс хуурайших, загатнах

тууралт гарах нь урвал дунд, тарьсан газар улайх шинж ховор илэрсэн бол системийн урвалаас толгой өвдөх, ядрах сульдах шинж нийтлэг илэрсэн байгаа нь бидний судалгааны дүнтэй нийцэж байна [38]. Вразил улсад хийсэн туршилт судалгаагаар системийн урвалаас нийт хүн амын 41.3%-д толгой өвдөх шинж хамгийн өндөр, хэсэг газрын урвалаас тариулсан газар хөндүүрлэх шинж 60.8%-д илэрч бусад урвалтай харьцуулахад хамгийн өндөр байв. Түрк улсын судалгаагаар ядрах сульдах (9.6%), толгой өвдөх (6.7%) өндөр байсан бол Индонез улсын судалгаагаар хэсэг газар хөндүүрлэх, ядрах сульдах шинж өндөр илэрчээ [39].

Вакцины дараа илэрсэн хүнд урвалын хувьд манай судалгааны хүн амд 390С-ээс дээш халуурах, лимфаденит, амьсгал бачуурах, арьсны харшлын урвал, нүүрний болон бүх биеийн хаван илэрсэн ба Солонгос улсад хийсэн судалгаагаар анафилаксийн шок өндөр хувьтай илэрсэн байна [30]. Харин Непал улсад арьсны харшлын урвал ихсэх хандлагатай байжээ [40].

Сарын тэмдгийн мөчлөг алдагдах байдал бидний судалгаагаар вакцин тариулсан эмэгтэйчүүдийн 1.4%-д илэрсэн байна. Бусад улс орнуудад энэ талаар судалсан судалгаа одоогоор байхгүй [41, 42] байгаа ч олон нийтийн сүлжээгээр нэлээдгүй мэдээлэгдээд байна [43]. Жишээлбэл Иллинойс Их сургуулийн Антропологийн тэнхимийн хүний нөхөн үржихүйн экологич Кейт Клэнси болон Сент-Луис дахь Вашингтоны их сургуулийн Анагаах ухааны сургуулийн биологич, антропологич Катерин Ли нар цахим судалгаа явуулж, одоогийн байдлаар 140,000 эмэгтэй КОВИД-19-ийн эсрэг вакцины дараа сарын тэмдгийн мөчлөг өөрчлөгдсөн гэж хариулсан байна [41]. Их Британи улсын Эм, эмнэлгийн хэрэгслийн агентлагт одоогийн байдлаар вакцинд хамрагдсан 13,000 эмэгтэй сарын тэмдгийн өөрчлөлтийн талаар мэдээлсэн байна [43].

Дүгнэлт: Манай судалгаанд АстраЗенека-Ковишилд, Вероцелл, Комирнэти, Гам-КОВИД-Вак вакцинаар вакцинжуулагдсан иргэдийн дунд илрэх ДДУХ вакциныг ханган нийлүүлж буй үйлдвэрлэгч байгууллагаас вакцинтай хамт дагалдан ирдэг зааварт тусгасан ДДУХ-тэй харьцуулахад давтамжийн хувь бага байна. Нойр ихээр хүрэх, даралт ихсэх, толгой эргэх, гар хөл бадайрах шинж манай судалгааны хүн амд нийтлэг илэрсэн байгаа нь бусад улсын судалгаануудтай харьцуулахад онцлог байв.

Талархал: Судалгааны мэдээ, материал цуглуулахад гүн туслалцаа үзүүлсэн ХӨСҮТ-ийн

ХӨТСА, ДА-ны халдвар судлагч их эмч, резидент эмч нарт талархаж байгаагаа илэрхийлье.

Ном зүй:

1. C. L. Atzrodt et al., (2020): “A Guide to COVID-19: a global pandemic caused by the novel coronavirus SARS-CoV-2,” FEBS J., vol. 287, no. 17, pp. 3633–3650, 2020.
2. Y.-C. Liu, R.-L. Kuo, and S.-R. Shih., (2020): “COVID-19: The first documented coronavirus pandemic in history,” Biomed. J., vol. 43, no. 4, pp. 328–333, 2020.
3. S. Baloch, M. A. Baloch, T. Zheng, et al., (2020): “The coronavirus disease 2019 (COVID-19) pandemic,” Tohoku J. Exp. Med., vol. 250, no. 4, pp. 271–278, 2020.
4. “Coronavirus.” [Online]. Available: https://www.worldometers.info/coronavirus/?__cf_chl_captcha_tk__=ee5cfa9642c3c2a572c050e08bbb65f889cd0f4a-1625736931
5. D.-G. Ahn et al., (2020): “Current status of epidemiology, diagnosis, therapeutics, and vaccines for novel coronavirus disease 2019 (COVID-19),” 2020.
6. Will Brothers., (2020) “A Timeline of COVID-19 Vaccine Development,” Dec. 03, 2020.
7. WHO, “Listings of WHO’s response to COVID-19,” Jan. 2021.
8. ХӨСҮТ, “Коронавирүст халдварын эсрэг вакцины дархлаажуулалтын үйл ажиллагааны гарын авлага.” 2021.
9. WHO, “Coronavirus disease (COVID-19): Vaccines,” Fact sheet, Oct. 2020.
10. Our World in Data, “Coronavirus (COVID-19) Vaccinations.” 2021
11. S. Kochhar and D. A. Salmon., (2020): “Planning for COVID-19 vaccines safety surveillance,” Vaccine, vol. 38, no. 40, pp. 6194–6198, 2020.
12. S. Kochhar and D. A. Salmon., (2020): “Planning for COVID-19 vaccines safety surveillance,” Vaccine, vol. 38, no. 40, pp. 6194–6198, 2020.
13. World Health Organization, “WHO SAGE roadmap for prioritizing uses of COVID-19 vaccines in the context of limited supply: an approach to inform planning and subsequent recommendations based on epidemiological setting and vaccine supply scenarios, first issued 20 October 2020, latest update 16 July 2021,” World Health Organization, 2021.
14. ХӨСҮТ, “Монгол улс дахь коронавирүст халдвар (КОВИД-19)-ын нөхцөл байдлын мэдээ.” 34 2021.
15. World Health Organization, “Protocol template to be

- used as template for observational study protocols: sentinel surveillance of adverse events of special interest (AESIs) after vaccination with COVID-19 vaccines,” **2021**.
16. World Health Organization, “Immunization safety surveillance: guidelines for immunization programme managers on surveillance of adverse events following immunization,” **2016**.
 17. “Дархлаажуулалтын тухай хууль.” **20 2000**.
 18. ЭМЯ, “ЭМС-ын ‘Журамд өөрчлөлт оруулах тухай’ А/278 тоот тушаал.” **8 2016**.
 19. World Health Organization, “COVID-19 vaccines: safety surveillance manual,” **2020**.
 20. Эрүүл мэндийн яам, “‘Журамд өөрчлөлт оруулах тухай’ ЭМС-ын А/278 тоот тушаал.” **8 2021**.
 21. Y.-D. Li, W.-Y. Chi, J.-H. Su, et al., (**2021**): “Coronavirus vaccine development: from SARS and MERS to COVID-19,” J. Biomed. Sci., vol. 27, no. 1, pp. 1–23, 2020.
 22. “Coronavirus (COVID-19) Vaccinations.” [Online]. Available: <https://ourworldindata.org/covid-vaccinations>
 23. M. Chen et al., (**2021**): “Safety of SARS-CoV-2 vaccines: a systematic review and meta-analysis of randomized controlled trials,” Infect. Dis. Poverty, vol. 10, no. 1, pp. 1–12, 2021.
 24. Х. ДА, “КОВИД-19-ын эсрэг вакцинжуулалтын явцын мэдээ.” Sep. 05, **2021**.
 25. G. Chen et al., (**2021**): “COVID-19 mRNA Vaccines Are Generally Safe in the Short Term: A Vaccine Vigilance Real-World Study Says,” Front. Immunol., vol. 12, p. 1843, 2021.
 26. R. J. Kaur et al., (**2021**): “Adverse Events Reported From COVID-19 Vaccine Trials: A Systematic Review,” Indian J. Clin. Biochem., pp. 1–13, 2021.
 27. B. Doroftei, A. Ciobica, O.-D. Ilie, et al., (**2021**): “Mini-review discussing the reliability and efficiency of COVID-19 vaccines,” Diagnostics, vol. 11, no. 4, p. 579, 2021.
 28. Public health Ontario, “Adverse Events Following Immunization (AEFIs) for COVID-19 in Ontario: December 13, 2020 to June 26, **2021**.”
 29. A. F. Hernández, D. Calina, K. Poulas, et al., (**2021**): “Safety of COVID-19 vaccines administered in the EU: Should we be concerned?,” Toxicol. Rep., vol. 8, pp. 871–879, 2021.
 30. M. Jeon, J. Kim, C. E. Oh, et al., (**2021**): “Adverse events following immunization associated with coronavirus disease 2019 vaccination reported in the mobile vaccine adverse events reporting system,” J. Korean Med. Sci., vol. 36, no. 17, 2021.
 31. T. T. Shimabukuro et al., (**2021**): “Preliminary findings of mRNA Covid-19 vaccine safety in pregnant persons,” N. Engl. J. Med., vol. 384, no. 24, pp. 2273–2282, 2021.
 32. ЭМЯ, “ЭМС-ын ‘Коронавируст халдвар (КОВИД-19)-ын эсрэг вакцинаар дархлаажуулах үйл ажиллагааг зохион байгуулах тухай’ А/159 тоот тушаал.” **26 2021**.
 33. GOV.UK, “Reg 174 information for uk healthcare professionals.” Sep. 09, **2021**.
 34. V. Izda, M. A. Jeffries, and A. H. Sawalha, (**2020**): “COVID-19: A review of therapeutic strategies and vaccine candidates,” Clin. Immunol., p. 108634, 2020.
 35. P. M. Folegatti et al., (**2020**): “Safety and immunogenicity of the ChAdOx1 nCoV-19 vaccine against SARS-CoV-2: a preliminary report of a phase 1/2, single-blind, randomised controlled trial,” The Lancet, vol. 396, no. 10249, pp. 467–478, 2020.
 36. C. Baraniuk., (**2021**): “Covid-19: What do we know about Sputnik V and other Russian vaccines?” bmj, vol. 372, 2021.
 37. B. Kantarcioglu et al., (**2021**): “An Update on the Pathogenesis of COVID-19 and the Reportedly Rare Thrombotic Events Following Vaccination,” Clin. Appl. Thromb., vol. 27, p. 10760296211021498, 2021.
 38. Sinoval Life Sciences Co.,Ltd, “COVID-19 Vaccine (Vero Cell), Inactivated (Brief Edition).” Jul. 07, **2021**.
 39. Sinovalc Biotech LTD, “COVID-19 Vaccine (Vero cell), Inactivated.” Mar. **2021**.
 40. R. Sah et al., (**2021**): “AZD1222 (Covishield) vaccination for COVID-19: Experiences, challenges and solutions in Nepal,” Travel Med. Infect. Dis., 2021.
 41. Npr, “Why Reports Of Menstrual Changes After COVID Vaccine Are Tough To Study.” [Online]. Available: <https://www.npr.org/sections/healthshots/2021/08/09/1024190379/covid-vaccine-period-menstrual-cycle-research>
 42. Health Essentials, “Will a COVID-19 Vaccine Throw Your Period Off?” [Online]. Available: <https://health.clevelandclinic.org/will-a-covid-19-vaccine-throw-your-period-off/>
 43. BBC news, “Covid vaccine: Period changes could be a short-term side effect.” [Online]. Available: <https://www.bbc.com/news/health-56901353>

*Уншиж танилцан нийтлэхийг зөвшөөрсөн,
сэтгүүлийн редакцийн зөвлөлийн гишүүн,
Анагаах ухааны доктор, профессор С.Цогтсайхан*

УЛААНБААТАР ХОТОД БҮРТГЭГДСЭН КОВИД-19 ХАЛДВАРЫН БАТЛАГДСАН ТОХИОЛДЛЫН ОЙРЫН ХАВЬТЛЫН ХАЛДВАРТ ӨРТСӨН БАЙДАЛ

*Ч.Түвшинтөр, Д.Оюунгэрэл, Д.Бадрал, Т.Ууганжаргал, Ж.Нямсүрэн
Халдварт Өвчин Судлалын Үндэсний Төв*

Түлхүүр үг: КОВИД-19, шинэ коронавирүст халдвар, ойрын хавьтал

Key words: COVID-19, close contacts, new coronavirus diseases

Коронавирүс нь РНХ агуулсан вирүс бөгөөд хүний коронавирүс, тахианы халдварт бронхитын вирүс, гахайн энцефаломиелиитийн вирүс, тугалын суулгын вирүс гэсэн 4 төрөл буюу омогт хуваагддаг[1]. Хүн амын дунд улирлын шинж чанартай, амьсгалын замын халдварт өвчний дэгдэлт үүсгэдэг 4 хэвшинжийн коронавирүс байдаг ба ихэнхдээ хөнгөн хэлбэрийн өвчлөл үүсгэдэг [2]. Сүүлийн 20 жилийн хугацаанд байгалийн үндсэн байгаль дээр орших эх уурхай болох зэрлэг амьтнаас хүнд халдварласан, коронавирүсийн SARS-CoV (2002) болон MERS-CoV (2012) гэсэн амьсгалын замын цочмог хүнд халдвар үүсгэгч 2 шинэ вирүс бүртгэгдэж [3] SARS-CoV вирүсээр дэлхийн 26 улсад 8,422 хүн өвчилж, 916 нас барсан бол MERS-CoV вирүсээр дэлхийн 27 улсад 2,494 хүн өвчилж, 858 хүн нас барсан байна [4, 5].

2019 оны 12 дугаар сарын сүүлээр БНХАУ-ын Хуабэй мужийн Ухань хотод SARS-CoV-2 гэх коронавирүсийн зэрлэг амьтнаас хүнд халдварласан гурав дах шинэ хэвшинж бүртгэгдэж, 2020 оны 3 дугаар сард Дэлхийн эрүүл мэндийн байгууллагаас уг вирүсээр үүсгэгдсэн өвчнийг КОВИД-19 гэж нэрлэн, 3 дугаар сарын 11-нд цар тахал боллоо хэмээн зарласан [6]. 2020 оны 11 дүгээр сарын 11-ний байдлаар дэлхий дахинд 73.9 хүн уг халдвараар өвчилж, 1.1 сая хүн нас барсан [7] бол манай улсын хувьд дотоодын анхны тохиолдол тус өдөр бүртгэгдсэн. Анхны тохиолдол бүртгэгдсэнээс хойш өвчлөл хүн амын дунд кластерлан тархаж, 2021 оны 3 дугаар сарын сүүлээр хүн амын дунд өргөн тархаж, 10 дугаар сарын 05-ны байдлаар улсын хэмжээнд 412,954 тохиолдол, 1,289 нас баралт бүртгэгдсэн.

SARS-CoV-2 вирүс нь агаар дусал болон ахуйн замаар хүнээс хүнд дамжин халдварлах ба SARS-CoV, MERS-CoV-тэй харьцуулахад халдварлалтын зэрэг өндөртэй, нэг халдвартай хүн дунджаар 2.5 хүнд халдварыг тараах чадвартай. Нууц үеийн хугацаа дунджаар 2-3 хоног бөгөөд тухай хугацаанд гадаад орчинд вирүсийг идэвхтэй ялгаруулж байдаг байна [8, 9]. Халдварт өвчний дэгдэлтийн үед

халдварын тархалтыг бууруулах, хянахад халдварын гинжин хэлхээг таслан зогсоох, түүнд чиглэсэн арга хэмжээнүүдийг авч хэрэгжүүлэх нь нийгмийн эрүүл мэндийн өндөр ач холбогдолтой байдаг. Эдгээр арга хэмжээнүүдийн нэг нь батлагдсан тохиолдлын ойрын хавьтлыг шуурхай тандан тогтоох, тусгаарлах, эрүүл мэндийн ажиглалтанд авах юм [10-13]. Олон улс орнууд халдварын тархалтыг бууруулахын тулд ойрын хавьтлыг цаг алдалгүй илрүүлэх, тусгаарлах, олон нийтийг хамарсан хөл хорио тогтоох, маск зүүх, гар угаах, зай барих зэрэг арга хэмжээг авч хэрэгжүүлэн, халдварын тархалтыг тодорхой хэмжээгээр бууруулж, удаашруулж чадсан байна [14-16]. Жишээлбэл БНХАУ-д хийгдсэн хавьтлын судалгаагаар өндөр настай, халдвартай бүсээр зорчиж байгаад ирсэн хүмүүс халдварт өртөх эрсдэл өндөр байгааг харуулсан бол Тайланд улсад хийгдсэн судалгаагаар нэг гэрт амьдардаг хүмүүс халдварт өртөх эрсдэл хамгийн өндөр байгааг харуулжээ [17]. ойрын хавьтлыг шуурхай тогтоох, батлагдсан тохиолдол, тэдгээрийн ойрын хавьтлыг тусгаарлах зэрэг арга хэмжээг оновчтой, үр дүнтэй хэрэгжүүлж чадвал 3 сарын хугацаанд халдварыг бүрэн хяналтад авах, тархалтыг хязгаарлах боломжтой болохыг Их Британий судлаачид судлан тогтоосон байна [18].

Зорилго: Бид энэхүү судалгаагаар 2020 оны 11 дүгээр сарын 11-нээс 4 дүгээр сарын 1 хүртэлх хугацаанд Улаанбаатар хотод бүртгэгдсэн КОВИД-19 өвчний батлагдсан тохиолдлын ойрын хавьтлын мэдээлэлд дүн шинжилгээ хийн халдварт өртөх өндөр эрсдэл бүхий хүн ам, халдвар тархах эрсдэл бүхий нөхцөлийг судлан тогтооход тус судалгааны зорилго оршино.

Материал, арга зүй: Судалгааг аналитик судалгааны агшингийн судалгааны загвараар гүйцэтгэлээ. ХӨСҮТ-ийн Вирүс судлалын лаборатори, Нян судлалын лаборатори, БЗДХ-ын лаборатори, Хепатитын лабораторид КОВИД-19 өвчний сэжигтэй тохиолдолд SARS-CoV-2 вирүс илрүүлэх бодит хугацааны полимеразын гинжин урвал (бх-ПГУ) шинжилгээгээр Коронавирүст халдвар (КОВИД-19)-ыг баталгаажуулан, батлагдсан тохиолдлыг 2 цагийн дотор ХӨСҮТ-ийн Халдварт өвчин тандалт судалгааны албанд мэдээлж, мэдээллийн дагуу халдвар судлагч их эмч, Тагнуулын ерөнхий газар болон Цагдаагийн

ерөнхий газрын алба хаагч нарын тусламжтайгаар ойрын хавьтлыг шуурхай судлан тогтоож, эрүүл мэндийн хяналтанд авч, хяналтын шинжилгээнд хамруулсан. Ойрын хавьтлыг илрүүлэх асуумж нь хүн ам зүйн мэдээлэл, хавьтал болсон хамаарал, газар, хугацаа, вирүс судлалын шинжилгээний дүн зэрэг нийт 16 асуулт (нээлттэй асуулт 7, хаалттай асуулт 9)-аас бүрдэнэ.

Хавьтлыг судлан тогтоох, тусгаарлах, хяналтын шинжилгээнд хамруулах үйл ажиллагааг ЭМС-ын 2020 оны 4 дүгээр сарын 29-ний өдөр баталсан “Түр заавар шинэчлэн батлах тухай” А/296, 2021 оны 1 сарын 27-ны өдөр баталсан “Түр заавар шинэчлэн батлах тухай” А29 тоот тушаалын [19] дагуу тус тус гүйцэтгэсэн. Тушаалын дагуу ойрын хавьтал бүрийг урьдчилан бэлтгэсэн тусгаарлах байранд 14-21 хоногийн хугацаанд тусгаарлаж, хяналтын шинжилгээг тусгаарлалтын эхний өдөр, 6 дах хоног, 13 дах хоногт авч, вирүс судлалын шинжилгээгээр батлагдсан тохиолдлыг эмнэлэгт шилжүүлэх, батлагдаагүй тохиолдлыг гэрийн хяналтанд шилжүүлэх арга хэмжээг ХӨСҮТ, Дүүргийн эрүүл мэндийн төвийн мэргэжилтнүүдээс бүрдсэн Шуурхай хариу арга хэмжээний баг зохион байгуулсан. Мөн тусгаарлалтын хугацаанд эрүүл мэндийн үзлэгийг тусгаарлах байрны эмч өдөр бүр хийж, эмнэлзүйн шинж тэмдэг илэрсэн сэжигтэй тохиолдлыг хяналтын шинжилгээний хугацааг харгалзахгүйгээр вирүс судлалын шинжилгээнд шууд хамруулж, халдвар авсан эсэхийг баталгаажуулж ажилласан [20].

Ойрын хавьтлын тодорхойлолт: Магадлалтай болон батлагдсан тохиолдолтой эмнэлзүйн шинж тэмдэг илрэхээс 2 хоногийн өмнө болон шинж тэмдэг илэрснээс нь хойш 14 хоногийн хугацаанд дараах байдлаар хавьтал болсон хүнийг ойрын хавьтал гэнэ. Үүнд:

- Нэг метрээс догогш зайд 15 минутаас доошгүй хугацаанд хамт байсан, хамгаалах хувцас хэрэгсэлгүйгээр эмнэлгийн тусламж үзүүлсэн, өвчтөнг асарсан
- Хамт байсан гэр бүлийн гишүүд, нэг өрөөнд хамт ажиллагсад болон суралцагсад
- Нийтийн тээврийн хэрэгсэл, галт тэрэгний нэг тасалгаа, нийтийн галт тэрэг, автобус, суудлын авто машинд суусан бүх зорчигч, нисэх онгоцны урд, хойд, хажуугийн 3 эгнээнд суусан зорчигч, үйлчилгээ үзүүлсэн ажилтан
- Эмнэлзүйн шинж тэмдэг илрээгүй боловч батлагдсан тохиолдлын ойрын хавьталд оруулах

хугацааг тооцохдоо оношийг баталсан сорьц авсан өдрөөс 2 хоногийн өмнө болон хойш 14 хоногийн хугацаанд дээрх байдлаар хавьталд орсон хүмүүсийг оруулна.

Тусгаарлан ажиглах байр: Ойрын хавьтлыг тусгаарлан ажиглах байрыг Монгол улсын шадар сайдын “Түр журам батлах тухай” 2020 оны 155 дугаар тушаал, Улсын онцгой комиссын даргын “Түр журам, заавар батлах тухай” 2021 оны 20 дугаар тушаалын дагуу бэлтгэн, нийт 18 тусгаарлан ажиглах байранд 14-21 хоногийн хугацаатай тусгаарлаж, эмчийн хяналтад авч ажилласан.

Судалгааны үр дүнгийн боловсруулалт: Судалгааны үр дүнг Microsoft Excel 2016 программыг ашиглан боловсруулсан. Үр дүнд эзлэх хувь, халдварын дайралтын түвшин, хоёрдогч дайралтын түвшин, халдварлалтын зэрэг тус бүрийг хавьтлын хамаарал, голомтолсон байдлаар гарган дүн шинжилгээ хийсэн. Тойм статистикийн хувьд хувьсагчийн тархалт, тархалтын 95 хувийн итгэх интервалыг тооцсон ба хэрэв р утга 0.05-аас бага байх тохиолдолд ялгааг статистик үнэн магадлалтай гэж үзсэн.

Үр дүн: Энэхүү судалгаанд Улаанбаатар хотод бүртгэгдсэн КОВИД-19 өвчний 7,266 батлагдсан тохиолдлын 22,094 ойрын хавьтлын мэдээллийг ашиглан шинжилгээ хийхэд 10,067 (46%) нь эмэгтэй, 12,027 (54%) нь эрэгтэй байв. Нийт хавьтлын 85% нь 15 болон түүнээс дээш насны хүн эзэлж байгаа ба дундаж нас 32.3 (хамгийн бага нас 0.3 сартай нярай, хамгийн өндөр нас 102) байна. 215 (1%) хавьтлыг эмнэлэгт, 7,170 (32.5%)-ыг тусгаарлан ажиглах байранд, 14,709 (66.6%)-ийг гэрт нь тусгаарлан, эрүүл мэндийн ажиглалтад авсан ба Баянзүрх, Сонгинохайрхан, Баянгол дүүрэгт хавьтлын 65% нь оршин суудаг бол хөдөө орон нутагт харьяалалтай ойрын хавьтал 0.4% байв. Нэг батлагдсан тохиолдолд оногдох дундаж хавьтлын тоо 3.1, хавьтал болсноос хойш тусгаарлагдах хүртэлх дундаж хоног 2 байв.

Гэр бүлийн хавьтал бусад бүлгийн хавьтлуудтай харьцуулахад хамгийн их буюу 10,867 (49.2%), хамт ажилладаг хүмүүс 5,395 (24.4%), батлагдсан тохиолдолд эмнэлгийн тусламж үзүүлж байхдаа хавьтал болсон эрүүл мэндийн байгууллагын ажилтан 1,987 (9%) ажиллахыг байна. Хавьтлуудыг кластер өвчлөлийн байдлаар нь харгалзуулан үзвэл 3,890 (17.6%) нь эмнэлэг, сувиллын орчинд байхдаа халдвар авсан хүмүүсийн хавьтал, 5,000 (22.6%) нь албан байгууллага дээр, 1,151 (5.2%) нь нэг байшин хороолол, хотхоноос халдвар авсан хүмүүсийн хавьтал байна (Хүснэгт 1).

Ойрын хавьтлын ерөнхий үзүүлэлт
Characteristics of close contacts

Үзүүлэлт /Indicators	n=22,094	%
Хүйс		
Эр	12027	54.4%
Эм	10067	45.6%
Насны бүлэг		
0-4 нас	1087	4.9%
5-14 нас	2287	10.4%
15-24 нас	2533	11.5%
25-34 нас	4538	20.5%
35-44 нас	7699	34.8%
45-54 нас	2282	10.3%
55-64 нас	1124	5.1%
65+ нас	544	2.5%
Байршил		
БЗД	6572	29.7%
СХД	4037	18.3%
БГД	3634	16.4%
ХУД	3303	14.9%
ЧД	2248	10.2%
СБД	1898	8.6%
НД	273	1.2%
Аймаг	98	0.4%
БХД	18	0.1%
БНД	13	0.1%
Тусгаарлалт		
Гэрт	14709	66.6%
Тусаарлан ажиглах байр	7170	32.5%
Эмнэлэг	215	1.0%
Батлагдсан тохиолдолтой ямар хамааралтай		
Гэр бүл	10867	49.2%
Хамт ажилладаг хүн	5395	24.4%
Эмнэлгийн тусламж үзүүлсэн	1987	9.0%
Найз нөхөд	1403	6.4%
Хамаатан садан	1028	4.7%
Хөрш	402	1.8%
Өвчтөн	242	1.1%
Хичээлд хамт суусан	225	1.0%
Сувилалд цуг амарсан	108	0.5%
Нэг цаг хугацаанд нэг хоолны газар хоол идсэн	76	0.3%
Олон нийтийг хамарсан үйл ажиллагаанд оролцсон	65	0.3%
Үйлчилгээний байгууллагын ажилтан	56	0.3%
Нэг танхимд тоглолт үзсэн	53	0.2%
Караокегаар үйлчлүүлсэн	50	0.2%
Төрийн бус байгууллага	33	0.1%
Гэрээр явж ажил хийсэн	30	0.1%
Бусад	24	0.1%
Үйлчлүүлэгч	23	0.1%
Сахиур	21	0.1%
Лам	3	0.0%
Банканд хамт гүйлгээ хийсэн	2	0.0%

Голомтоор		
Голомт тодорхойгүй	8398	38.0%
Эмнэлэг, сувилал	3890	17.6%
Албан байгууллага, олон нийт	2702	12.2%
Албан байгууллага, үйлдвэр	1524	6.9%
Байшин хороолол, хотхон	1151	5.2%
Албан байгууллага, оффис	774	3.5%
Нэг хаалга, нэг шинжилгээ	708	3.2%
Бусад	666	3.0%
Дотоодын анхны тохиолдол	664	3.0%
Худалдааны төв	373	1.7%
Буяны ажил	344	1.6%
Хууль хүчний байгууллага	299	1.4%
Гэр хороолол, гудамж	240	1.1%
Тусгаарлах байр	136	0.6%
Хүүхдийн байгууллага	97	0.4%
Түр саатуулах байр	52	0.2%
Нийтийн байр	47	0.2%
Олон нийтийн арга хэмжээ	29	0.1%

Дотоодын анхны тохиолдол бүртгэгдсэнээс хойш 2021 оны 4 дүгээр сарын 1 хүртэлх хугацаанд КОВИД-19-ийн 7,266 тохиолдол бүртгэгдсэнээс 3,336 (45.9%) нь ойрын хавьтлын дундаас батлагдаж, 2021 оны 3 дугаар сарын 16-ныг хүртэл голomtлон бүртгэгдсэн байна. Судалгааны хугацаанд УОК-оос халдварын тархалттай холбоотой нийт 3 удаагийн хатуу хөл хориог тогтоосон байна. Эхний хөл хорио тогтоох явцад халдварын тохиолдлыг кластерын түвшинд барьж чадсан үр дүнтэй байсан хэдий ч 2 дах хол хорионы үед Баянзүрх Мед эмнэлэг дээр томоохон дэгдэлт гарч дотоодын халдварын тохиолдлын тоо нэмэгдсэн зураглал ажиглагдаж байна (Зураг 1: Сэтгүүлийн өвөр хавтасны ар талд үзнэ үү).

Ойрын хавьтлаас батлагдсан тохиолдлыг нас, хүйс, оршин суугаа газар нутаг, тусгаарлагдсан байдал, хавьтлын хамаарал, голомтын хүрээнд халдварын дайралтын түвшинг тооцож харьцуулан үзлээ. Хүйсийн хувьд эмэгтэй хүмүүс (13.9%, ИИ=12.3-15.7, $p=0.001$) халдварт өртсөн байдал 2.6%-иар их байсан бол насны хувьд 65 болон түүнээс дээш насны ойрын хавьтлын дунд халдварт өртөх байдал хамгийн өндөр буюу 25.9% (ИИ=19.4-33.7, $p=0.001$), 25-34 насны хүн амын дунд хамгийн бага буюу 11.3% (ИИ=8.8-14.3, $p=0.001$) байна. Бага насны хүүхдүүд (0-4 нас ДТ=19.4% (ИИ=14.6-25.3, $p=0.001$), 5-14 нас ДТ=23.5%, (ИИ=20.1-27.2, $p=0.001$))-ийн хувьд дайралтын түвшин 65 хүртэлх насны хүмүүстэй харьцуулахад бага зэрэг өндөр байна. Гэрээр тусгаарлагдаж байсан ойрын хавьтлын 54.4% (ИИ=45.4-63.2, $p=0.001$), эмнэлэгт тусгаарлагдаж байсан хавьтлын 15.9% (ИИ=14.5-17.5, $p=0.001$),

тусгаарлан ажиглах байранд тусгаарлагдаж байсан ойрын хавьтлын 12.3% (ИИ=10.3-14.6, $p=0.001$) нь КОВИД-19-ийн халдварт өртсөн байна.

Батлагдсан тохиолдлын гэр бүлийн гишүүдийн дунд дайралтын түвшин хамгийн өндөр буюу 23.9% (ИИ=22.3-25.5, $p=0.001$) байсан бол нэг каракед батлагдсан тохиолдолтой хамт үйлчлүүлсэн хүмүүсийн дунд 22% (ИИ=7.0-51.5, $p=0.001$), батлагдсан тохиолдлын гэрт очиж тавилга угсрах, хаалга засах, бариа хийх зэрэг үйлчилгээ үзүүлсэн хүмүүсийн 16.7% (ИИ=2.6-59.7, $p=0.001$), батлагдсан тохиолдолтой нэг байр, хашаанд амьдардаг хүмүүсийн 13.7% (ИИ=7.0-25.1, $p=0.001$), тухайн батлагдсан тохиолдлын гэрээр зочилсон, гэрт нь хоносон, буяны ажилд оролцсон хамаатан садангийн 12.5% (ИИ=7.8-19.3, $p=0.001$) байна. Хамт заал авсан, хоолонд орсон, нэг ширээнд сууж тоглосон найз нөхдийн 10% (ИИ=6.0-16.1, $p=0.001$) нь, нэг сувилал, амралтанд хамт амарсан, сувилуулж байх явцдаа ойрын хавьтал болсон хүмүүсийн 9.3% (ИИ=1.6-39.6, $p=0.001$) нь халдвар авсан байна.

Голомтлон тархсан байдлаас нь харвал тусгаарлан ажиглах байранд байсан ойрын хавьтлын дундах дайралтын түвшин хамгийн өндөр буюу 31.6% (ИИ=19.7-46.5, $p=0.001$) байгаа бол, буяны ажилд оролцсон, худалдааны төвөөр үйлчлүүлсэн болон тэнд ажилладаг хүмүүс, хүүхдийн байгууллагын багш, ажилчдын дунд дайралтын түвшин 20.1-26.8% байна. Гэр хороолол, гудамжинд хавьтал болсон хүмүүсийн дунд халдвар авсан хүмүүс хамгийн бага буюу дайралтын түвшин 5% (ИИ=0.6-31.2, $p=0.001$) байна (Хүснэгт 2).

Ойрын хавьтлын дундах халдварын дайралтын түвшин
Attack rate by demographic characteristics of close contacts

Үзүүлэлт	КОВИД-өөр өвдсөн	n=22,094	ДТ (ИИ)	Р утга
Хүйс				<0.001
Эм	1663	10067	16.5% (14.8 - 18.4)	
Эр	1673	12027	13.9% (12.3 - 15.7)	
Насны бүлэг				<0.001
65+ нас	141	544	25.9% (19.4 - 33.7)	
5-14 нас	537	2287	23.5% (20.1 - 27.2)	
0-4 нас	211	1087	19.4% (14.6 - 25.3)	
55-64 нас	208	1124	18.5% (13.8 - 24.3)	
15-24 нас	389	2533	15.4% (12.1 - 19.3)	
45-54 нас	330	2282	14.5% (11.1 - 18.7)	
35-44 нас	1007	7699	13.1% (11.1 - 15.3)	
25-34 нас	513	4538	11.3% (8.8 - 14.3)	
Тусгаарлалт				<0.001
Гэрт	117	215	54.4% (45.4 - 63.2)	
Эмнэлэг	2343	14709	15.9% (14.5 - 17.5)	
Тусаарлан ажиглах байр	883	7170	12.3% (10.3 - 14.6)	
Батлагдсан тохиолдолтой ямар хамааралтай				<0.001
Гэр бүл	2592	10867	23.9% (22.3 - 25.5)	
Караокегаар үйлчлүүлсэн	11	50	22.0% (7.0 - 51.5)	
Гэрээр явж ажил хийсэн	5	30	16.7% (2.6 - 59.7)	
Хөрш	55	402	13.7% (7.0 - 25.1)	
Хамаатан садан	128	1028	12.5% (7.8 - 19.3)	
Найз нөхөд	140	1403	10.0% (6.0 - 16.1)	
Сувилалд цуг амарсан	10	108	9.3% (1.6 - 39.6)	
Төрийн бус байгууллага	3	33	9.1% (0.6 - 63.6)	
Олон нийтийг хамарсан үйл ажиллагаанд оролцсон	4	65	6.2% (0.4 - 54.9)	
Хамт ажилладаг хүн	315	5395	5.8% (3.7 - 9.0)	
Өвчтөн	11	242	4.5% (0.5 - 32.1)	
Эмнэлгийн тусламж үзүүлсэн	59	1987	3.0% (0.8 - 10.9)	
Үйлчилгээний байгууллагын ажилтан	1	56	1.8% (0.0 - 80.1)	
Хичээлд хамт суусан	1	225	0.4% (0.0 - 79.5)	
Голомт				<0.001
Тусгаарлах байр	43	136	31.6% (19.7 - 46.5)	
Хүүхдийн байгууллага	26	97	26.8% (13.6 - 46.0)	
Идэвхтэй тандалт	158	708	22.3% (16.5 - 29.4)	
Худалдааны төв	78	373	20.9% (13.4 - 31.2)	
Буяны ажил	69	344	20.1% (12.3 - 31.0)	
Байшин хороолол, хотхон	229	1151	19.9% (15.2 - 25.5)	
Бусад	123	666	18.5% (12.6 - 26.2)	
Олон нийтийн арга хэмжээ	5	29	17.2% (2.8 - 60.2)	
Голомт тодорхойгүй	1343	8398	16.0% (14.1 - 18.0)	
Албан байгууллага, олон нийт	411	2702	15.2% (12.1 - 19.0)	
Албан байгууллага, оффис	115	774	14.9% (9.5 - 22.5)	
Хууль хүчний байгууллага	42	299	14.0% (6.6 - 27.6)	
Албан байгууллага, үйлдвэр	209	1524	13.7% (9.7 - 19.0)	
Түр саатуулах байр	6	52	11.5% (1.6 - 51.5)	
Эмнэлэг, сувилал	426	3890	11.0% (8.3 - 14.3)	
Дотоодын анхны тохиолдол	41	664	6.2% (1.9 - 17.9)	
Гэр хороолол, гудамж	12	240	5.0% (0.6 - 31.2)	

Хоёрдогч дайралтын түвшин караокегаар үйлчлүүлсэн хүмүүсийн дунд хамгийн өндөр буюу 91.7%, төрийн бус байгууллагаар үйлчлүүлсэн

хүмүүсийн дунд хамгийн бага буюу 9.1% байгаа нь статистикийн хувьд ялгаатай байна (Хүснэгт 3).

Хүснэгт 3.

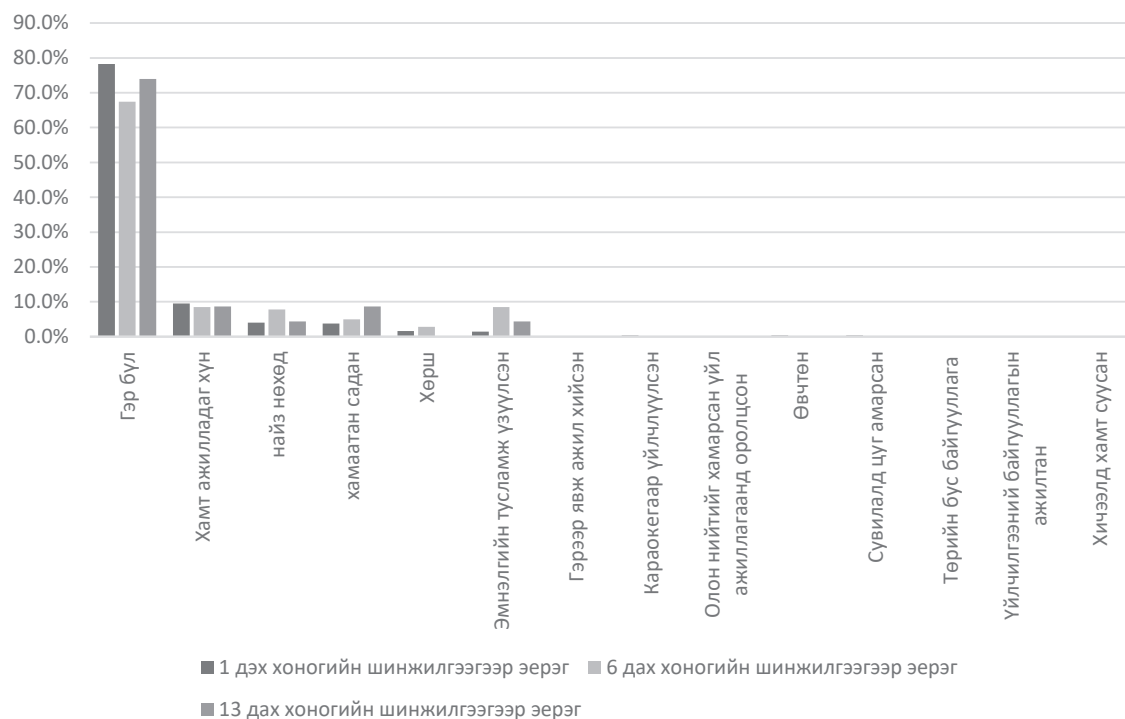
Table 3.

*Халдварын хоёрдогч дайралтын түвшин
Secondary attack rates by type of close contacts*

№	Хамаарал	Анхны тохиолдол	2 дох тохиолдол	Нийт хавьтал	ХДТ	Р утга
1	Гэрээр явж ажил хийсэн	2	5	6	83.3%	<0.001
2	Хамаатан садан	70	107	197	54.3%	
3	Хөрш	27	55	111	49.5%	
4	Найз нөхөд	96	140	285	49.1%	
5	Гэр бүл	1235	2592	5371	48.3%	
6	Үйлчилгээний байгууллагын ажилтан	1	1	3	33.3%	
7	Караокегаар үйлчлүүлсэн	5	11	50	22.0%	
8	Хамт ажилладаг хүн	177	302	1471	20.5%	
9	Олон нийтийг хамарсан үйл ажиллагаанд оролцсон	3	4	23	17.4%	
10	Эмнэлгийн тусламж үзүүлсэн	28	59	445	13.3%	
11	Сувилалд цуг амарсан	3	10	78	12.8%	
12	Өвчтөн	9	11	114	9.6%	
13	Төрийн бус байгууллага	2	3	33	9.1%	

Ойрын хавьтлууд тусгаарлагдах явцдаа эхний өдөр, тусгаарлалтын 6 болон 13 дах хоногт хяналтын шинжилгээнд 3 удаа хамрагдсан ба 3 удаагийн

шинжилгээнд эерэг гарсан хавьтлуудын 67.4-78.2% нь гэр бүлийн хавьтлууд байна (Зураг 3).



Зураг 3. Хяналтын шинжилгээгээр эерэг гарсан хавьтлууд хамаарлаар
Figure 3. Confirmed cases from close contacts by types

Батлагдсан тохиолдолтой хамгийн сүүлд хавьтал болсон өдрөөс батлагдах хүртэлх хугацаа хамгийн багадаа 0 хоног, хамгийн ихдээ 14 хоног байв. Ойрын хавьтлуудын 90.6% нь хавьтал болсноос хойш эхний 4 хоногт халдвар авсан болох нь вирус судлалын шинжилгээгээр батлагдсан байна. Гэр бүлийн

гишүүд, хамт ажилладаг хүмүүс, хамт хоол идсэн, заал авсан найз нөхөд, батлагдсан тохиолдлын гэрт зочилсон, хоносон, олон нийтийг хамарсан үйл ажиллагаанд хамт оролцсон хамаатан садан нь эхний 4 хоногт эерэг гарсан тохиолдлуудын 95%-ийг эзэлж байна (Хүснэгт 4).

Хүснэгт 4.

Table 4.

Батлагдсан тохиолдолтой хавьтал болсноос хойш SARS-CoV-2 –ийн халдвар баталгаажсан хугацаа
The duration from the contact with the confirmed case to the confirmation SARS-CoV-2 of the close contact

№	Ойрын хавьтлын хамаарал Types of close contacts	Батлагдсан тохиолдолтой хавьтал болсон сүүлийн өдрөөс батлагдах хүртэлх хугацаа The period from the last day of contact with the confirmed case until confirms SARS-CoV-2 by RT-PCR														Нийт
		0	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	
1	Гэр бүл	1,024	967	229	156	60	47	42	20	19	6	11	5	3	3	2,592
2	Гэрээр явж ажил хийсэн			3					1			1				5
3	Караокегаар үйлчлүүлсэн	1		2	5			3								11
4	Найз нөхөд	36	45	23	19	4	4	4	1	2		1		1	140	
5	Олон нийтийг хамарсан үйл ажиллагаанд оролцсон		1		1					1			1		4	
6	Өвчтөн	3	2	1				2	2		1				11	
7	Сувилалд цуг амарсан	3		7											10	
8	Төрийн бус байгууллага	2				1									3	
9	Үйлчилгээний байгууллагын ажилтан		1												1	
10	Хамаатан садан	41	44	14	22	4	1	1			1				128	
11	Хамт ажилладаг хүн	79	92	50	49	6	6	7	9	3	6	6		1	1	316
12	Хичээлд хамт суусан	1														1
13	Хөрш	22	14	8	6			2	1			1	1		55	
14	Эмнэлгийн тусламж үзүүлсэн	25	17	8	5	3		1							59	
16	Нийт	1,237	1,183	345	263	78	58	62	34	25	14	20	7	5	4	3,336
17	Эзлэх хувь	37.1%	35.5%	10.3%	7.9%	2.3%	1.7%	1.9%	1.0%	0.7%	0.4%	0.6%	0.2%	0.1%	0.1%	100.0%

Хэлцэмж: Манай улсад дотоодын коронавируст халдвар (КОВИД-19)-ын анхны тохиолдол 2020 оны 11 дүгээр сарын 10-ны өдөр бүртгэгдэж, 2021 оны 3 дугаар сарын 31-ний байдлаар нийт 16 аймагт 951, Улаанбаатар хотод 7,266 тохиолдол бүртгэгдсэн байна. Бид Улаанбаатар хотод бүртгэгдсэн дотоодын халдварын 22,094 ойрын хавьтлыг судлан тогтоож, халдварт өртөх өндөр эрсдэл бүхий хүн ам, орчин

нөхцөлийг тогтоохыг зорьсон. Бидний судалгааны дүнгээр ойрын хавьтал болсон эмэгтэйчүүд эрэгтэйчүүдтэй харьцуулахад 2.6%-иар их байгаа нь статистикийн хувьд үнэн магадлалтай байв. Эмэгтэйчүүд гэр бүлийн батлагдсан тохиолдлыг асрах, сувилах зэрэг гол үүргийг гүйцэтгэж удаан хугацаанд хамт байдагтай холбоотой байж болох юм [21]. Гэр бүлийн

гишүүдийн дунд дайралтын түвшин хамгийн өндөр буюу 23.9% байсан нь Хятад, Тайланд (AR=25%), Солонгос зэрэг улсуудад хийсэн судалгааны дүнтэй дүйж байна [17]. Энэ нь батлагдсан тохиолдол гэр бүлийн гишүүдтэй ажлын газрын хамт ажиллагсад, найз нөхөд, хамаатан садан зэрэг хүмүүстэй харьцуулахад илүү урт хугацаанд хамт байдагтай холбоотой байж болох юм [13, 22, 23]. Мөн зай барих, маск зүүх гэх мэт халдвар хамгааллын стандарт арга хэмжээг гэрийн гадаа орчинд, олон нийтийн газар илүү хэрэгжүүлж, гэртээ байх хугацаандаа бага хэрэгжүүлдэггүйтэй холбоотой байж болох юм [24]. Судалгааны дүнгээр эмнэлгийн тусламж үйлчилгээ үзүүлж байх явцдаа халдвар авсан хүмүүсийн дундах дайралтын түвшин бусад бүлгүүдтэй харьцуулахад бага буюу 3% ($p=0.001$) байгаа нь Лей Луо нарын Хятад улсад 391 батлагдсан тохиолдлын 3,410 хавьгалд хийсэн судалгааны дүнтэй нийцэж байна. Эмнэлгийн орчинд халдвар хамгааллын дэглэмийг чандлан баримтлах, хамгаалалтын зэрэг өндөрэй маск зүүх, гараа тогтмол угаах, халдваргүйжүүлэх зэрэг стандарт арга хэмжээг тогтмол хэрэгжүүлдэгтэй холбоотой халдвар авах эрсдэл бага байх магадлалтай [25].

SARS-CoV-2 вирус нь эмнэлзүйн шинж тэмдэг эхэлсэн өдрөөс эхлэн амьсгалын дээд замд ялангуяа залгиурт их хэмжээгээр үржиж 7 хоногийн турш гадаад орчинд идэвхтэй ялгарч, халдвар агаар дуслын замаар дамжин тархдаг. Мөн вирус нь дотоод орчны агаарын чанар, эд зүйлсийн гадаргуу зэргээс хамаарч 60 минутаас 7 өдөр хүртэлх хугацаанд идэвхтэй байх боломжтой ба үүгээр дамжин бохир гар, ахуйн замаар халдвар тархаж байдаг [26-28]. Бидний судалгаанд хоёрдогч дайралтын түвшин гэрээр явж ажил хийсэн хүмүүсийн дунд өндөр (83.3%, $p=0.001$) байсан бол Ли В болон Лей Луо нарын Хятад улсын хүн амын дунд хийсэн судалгаагаар гэр бүлийн гишүүдийн дунд хамгийн өндөр хувьтай байсан [25, 29]. SARS-CoV-2 вирус нь хүний шүлсний дусалтай хамт ярих, ханиах, найтаах дуулах үед гадаад орчинд цацагдаж, 1м-ээс дотогш зайнд байгаа эрүүл хүнд агаар дуслын замаар халдварлах ба дотоод орчны, агааржуулалт муутай өрөөний агаарт 1.1-1.2 цаг байх чадвартай байна [30]. Караокегаар үйлчлүүлсэн хүмүүсийн дунд хоёрдогч халдварын түвшин 22.0% ($p=0.001$) байгаа нь дуулах явцад шүлсний дусал гадаад орчинд их цацагддаг, битүү, агааржуулалт муутай орчинд удаан хугацаанд хамт байдаг зэрэгтэй холбоотой байх магадлалтай [31, 32].

Судалгаагаар дайралтын түвшин 65 болон түүнээс дээш насны хүмүүс (ДТ=25.9%, $p=0.001$),

0-14 насны хүүхдүүд (ДТ=22.2% $p=0.001$)-ийн дунд бусад насны бүлэгтэй харьцуулахад өндөр байгаа нь БНХАУ-ын Шэнжан болон Гуандун мужид хийсэн судалгааны дүнтэй нийцэж байна. Гуандун мужид 20-29 насны залуучуудтай харьцуулахад бага насны хүүхэд КОВИД-19 өвчинд өртөх эрсдэл $RR=2.59$ (95%CI: 1.79–3.76), 65 болон түүнээс дээш насны хүн амд $RR=5.29$, (95%CI=3.76–7.46) байсан бол Шэнжан мужид 10 хүртэлх насны хүүхдүүдийн дунд хоёрдогч дайралтын түвшин 7.1% байж, бусад насны бүлэгтэй харьцуулахад 0.8%-иар их байжээ [21, 33]. Өндөр настай хүмүүс, бага насны хүүхдүүдийн хувьд дархлаа сул [27], ихэнх өндөр настай хүмүүс архаг суурь өвчинтэй байдаг зэрэгтэй холбоотой энэ бүлгийн хүн ам халдварт амархан өртдөг байх магадлалтай. Бага насны хүүхдүүдийн хувьд аав, ээж болон гэр бүлийн бусад гишүүдээс халдвар авч байна [34]. Тиймээс халдвараас урьдчилан сэргийлэх энгийн арга хэмжээг олон нийтийн газраас гадна гэрийн орчинд мөн авч хэрэгжүүлэх хэрэгтэй юм [35].

Батлагдсан тохиолдолтой хамт нэг ширээнд сууж хоол идсэн, заал авсан, нэг машинаар хамт удаан хугацаанд явсан найз нөхдийн дунд хоёрдогч дайралтын түвшин 49.1% байсан бол Ян Лиу нарын судлаачдын (судалгааны хүн ам нь нэг ширээнд сууж хооллосон ойрын хавьтлууд) судалгаагаар 35% байжээ [36]. Энэ нь халдвар авсан хүн өвчний шинж тэмдэг эхлэхээс өмнө вирусийг гадаад орчинд идэвхтэй ялгаруулдаг, эмнэлзүйн шинж тэмдэггүй хэлбэрээр өвчилдөгтэй холбоотой байх магадлалтай [37]. Тайвань улсад хийсэн судалгаагаар халуурах, амьсгалахад бэрхшээлтэй болох зэрэг уушгины хатгалгааны шинж тэмдэг эхний хөнгөн шинж тэмдэг илэрснээс хойш 5-7 хоногийн дараа илэрч байгаа нь тухайн батлагдсан тохиолдол нь халдвар авснаа мэдэхгүйгээр бусадтай уулзаж халдварыг тараасан байх магадлалтай хэмээн үзсэн [38]. БНХАУ, АНУ, Итали, Солонгос улсад хийгдсэн 390 судалгааг хамруулсан системт тойм судалгаагаар нийт халдвар авсан хүмүүсийн 36.9% нь эмнэлзүйн ямар нэг шинж тэмдэггүйгээр өвчилсөн, халдвар авсанаа мэдээгүй байна [39]. Үүнээс харахад батлагдсан тохиолдолтой ойрын хавьтал болсон халдвар авсан байж болзошгүй бүх ойрын хавьтлуудыг тусгаарлах нь хамгийн оновчтой арга хэмжээ байж болох юм [17] [40].

Хавьтлыг илрүүлж, тусгаарлах хүртэлх хугацаа 2 хоног байгаа нь БНХАУ-ын Гуанжоу мужид (4 хоног) болон Шэнжан мужид (3.2 хоног) хийсэн судалгааны дүнтэй ойролцоо байна [25, 33]. Хавьтлыг илрүүлэх,

тусгаарлах үйл ажиллагаа нь тухайн шуурхай хариу арга хэмжээний багийн ажлын ачаалалтай шууд холбоотой [33] байх магадлалтай.

КОВИД-19 өвчний нэг онцлог нь халдварын нууц үеийн хугацаа дунджаар 6.4 (хамгийн бага 2.1 өдөр, хамгийн их 11.1 өдөр) бөгөөд эмнэлзүйн шинж тэмдэг эхлэхээс өмнөх 2-3 хоногт халдвартай хүн нь вирусийг гадаад орчинд идэвхтэй ялгаруулж байдаг явдал юм [41]. Бидний судалгаагаар ойрын хавьтлын 90.6% нь батлагдсан тохиолдолтой хавьтал болсноос хойш 4 хоногт халдвар авсан болох нь вирус судлалын шинжилгээгээр батлагдаж байгаа нь тухайн батлагдсан тохиолдолтой нууц үеийн хугацаанд нь уулзаж халдвар авсан байх магадлалтайг харуулж байна. Их-Британи болон АНУ-ын судлаачдын тооцооллоор хэрэв шинж тэмдэг илэрсэн тохиолдлыг шинж тэмдэг илэрснээс хойш нэг хоногийн хугацаанд тусгаарлаж чадвал тухайн хүнээс халдвар авах хүмүүсийн 23%-ийг хамгаалж чадна, батлагдсан тохиолдлыг шинж тэмдэг илрэхээс өмнөх 2 хоногт шинжилгээ хийж үзвэл нийт тохиолдлын 69%-ийг шинж тэмдэггүй байхад нь илрүүлэх боломжтой хэмээн үзсэн байна [42]. Тиймээс хавьтлын судалгааг аль болох эрт эхлүүлэх, халдвар авсан байж болзошгүй ойрын хавьтлыг тусгаарлан, ажиглалтад авах нь халдварын гинжин хэлхээг таслахад маш чухал юм [12, 43, 44].

КОВИД-19 өвчин нь одоогийн байдлаар дэлхий нийтэд шинэ халдвар хэвээр байгаа тул халдварын тархалт нь тухайн улс орны хэрэгжүүлж буй нийгмийн эрүүл мэндийн арга хэмжээ, нийгэм эдийн засгийн байдал, хүн амын хөдөлгөөн, бусад халдварт өвчний байдлаас хамаарч өөрчлөгдөх боломжтой тул өөрийн улс оронд тохирсон хариу арга хэмжээг төлөвлөн хэрэгжүүлэх нь чухал юм [45]. Бидний судалгаа нь батлагдсан тохиолдлын ойрын хавьтлын бүртгэл мэдээлэл дээр суурилсан тул хавьтлуудын эмнэлзүйн шинж тэмдэг, шинж тэмдэг эхэлсэн хугацаа зэрэг нарийн мэдээлэл байхгүй учраас нарийвчилсан дүн шинжилгээ хийх боломжгүй байлаа.

Дүгнэлт: Батлагдсан тохиолдолтой хавьтал болсон 14 хүртэлх насны хүүхэд, 65 болон түүнээс дээш насны хүн, эмэгтэйчүүд, батлагдсан тохиолдлын гэр бүлийн гишүүд, найз нөхөд, хамаатан садан, гэрээр явж ажил хийдэг зэрэг батлагдсан тохиолдолтой ойр, удаан хугацаанд хамт байдаг хүмүүс КОВИД-19-ийн халдварт өртөх эрсдэл бусад бүлгүүдтэй харьцуулахад өндөр байна.

Талархал: Ойрын хавьтлыг судлан тогтоох,

идэвхтэй тандалтыг хийхэд оролцсон ХӨСҮТ-ийн халдвар судлагч, лабораторийн бүх эмч, мэргэжилтнүүд, ЦЕГ, ТЕГ-ийн алба хаагчид, аймгийн ЭМГ, дүүргийн ЭМТ-өөс дайчлагдан ажилласан бүх эмч, мэргэжилтнүүдэд энэхүү эрдмийн бүтээлээрээ талархаж байгаагаа илэрхийлж байна.

Ном зүй:

1. П.Нямдаваа., (2007): Бүтээлийн товчоон (Шилмэл бүтээлийн арваннэгэн боть эмхтгэл), vol. Вирус судлалын удиртгал, Хоёрдугаар боть vols. Улаанбаатар хот, 2007.
2. N. N. Chathappady House, S. Palissery, and H. Sebastian., (2021): "Corona Viruses: A Review on SARS, MERS and COVID-19," Microbiol. Insights, vol. 14, p. 11786361211002480, 2021.
3. C. Bulut and Y. Kato., (2020): "Epidemiology of COVID-19," Turk. J. Med. Sci., vol. 50, no. SI-1, pp. 563–570, 2020.
4. "COVID-19, MERS & SARS." National Institute of Allergy and Infectious Diseases. [Online]. Available: <https://www.niaid.nih.gov/diseases-conditions/covid-19>
5. T. Singhal., (2020): "A review of coronavirus disease-2019 (COVID-19)," Indian J. Pediatr., vol. 87, no. 4, pp. 281–286, 2020.
6. WHO, "Coronavirus disease (COVID-19) pandemic." [Online]. Available: <https://www.who.int/emergencies/diseases/novel-coronavirus-2019>
7. "Explore the global data on confirmed COVID-19 cases." [Online]. Available: <https://ourworldindata.org/covid-cases>
8. E. Petersen et al., (2020): "Comparing SARS-CoV-2 with SARS-CoV and influenza pandemics," Lancet Infect. Dis., 2020.
9. S. P. Adhikari et al., (2020): "Epidemiology, causes, clinical manifestation and diagnosis, prevention and control of coronavirus disease (COVID-19) during the early outbreak period: a scoping review," Infect. Dis. Poverty, vol. 9, no. 1, pp. 1–12, 2020.
10. WHO, "Contact tracing in the context of COVID-19." Feb. 01, 2021. [Online]. Available: https://scholar.google.com/scholar?hl=en&as_sdt=0%2C5&q=Contact+tracing+in+the+context+of+COVID-19&btnG=
11. CDC USA, "Contact tracing." [Online]. Available: <https://www.cdc.gov/coronavirus/2019-ncov/php/contact-tracing/contact-tracing-plan/contact-tracing>

- tracing.html
12. R. Malheiro et al., (2020): “Effectiveness of contact tracing and quarantine on reducing COVID-19 transmission: a retrospective cohort study,” *Public Health*, vol. 189, pp. 54–59, 2020.
 13. O. T. Ng et al., (2021): “SARS-CoV-2 seroprevalence and transmission risk factors among high-risk close contacts: a retrospective cohort study,” *Lancet Infect. Dis.*, vol. 21, no. 3, pp. 333–343, 2021.
 14. R. Tirupathi, K. Bharathidasan, V. Palabindala, et al., (2020): “Comprehensive review of mask utility and challenges during the COVID-19 pandemic,” *Infez Med*, vol. 28, no. suppl 1, pp. 57–63, 2020.
 15. J. Abeler, M. Вдcker, U. Buermeyer, and H. Zillessen., (2020): “COVID-19 contact tracing and data protection can go together,” *JMIR MHealth UHealth*, vol. 8, no. 4, p. e19359, 2020.
 16. D. K. Chu et al., (2020): “Physical distancing, face masks, and eye protection to prevent person-to-person transmission of SARS-CoV-2 and COVID-19: a systematic review and meta-analysis,” *The lancet*, vol. 395, no. 10242, pp. 1973–1987, 2020.
 17. C. Phucharoen, N. Sangkaew, and K. Stosic., (2020): “The characteristics of COVID-19 transmission from case to high-risk contact, a statistical analysis from contact tracing data,” *EClinicalMedicine*, vol. 27, p. 100543, 2020.
 18. J. Hellewell et al., (2020): “Feasibility of controlling COVID-19 outbreaks by isolation of cases and contacts,” *Lancet Glob. Health*, vol. 8, no. 4, pp. e488–e496, 2020.
 19. ЭМЯ, “ЭМС-ын ‘Түр заавар шинэчлэн батлах тухай’ А/29 тоот тушаал.” 2021.
 20. ЭМЯ, “Түр заавар шинэчлэн батлах тухай, Эрүүл мэндийн сайдын А/269 тоот тушаал.” 29 2020.
 21. T. Liu et al., (2020): “Risk factors associated with COVID-19 infection: a retrospective cohort study based on contacts tracing,” *Emerg. Microbes Infect.*, vol. 9, no. 1, pp. 1546–1553, 2020.
 22. W. Li et al., (2020): “Characteristics of household transmission of COVID-19,” *Clin. Infect. Dis.*, vol. 71, no. 8, pp. 1943–1946, 2020.
 23. S. E. F. Yong et al., (2020): “Connecting clusters of COVID-19: an epidemiological and serological investigation,” *Lancet Infect. Dis.*, vol. 20, no. 7, pp. 809–815, 2020.
 24. H. Yu et al., (2020): “Household infection: The predominant risk factor for close contacts of patients with COVID-19,” *Travel Med. Infect. Dis.*, vol. 36, p. 101809, 2020.
 25. L. Luo et al., (2020): “Contact settings and risk for transmission in 3410 close contacts of patients with COVID-19 in Guangzhou, China: a prospective cohort study,” *Ann. Intern. Med.*, vol. 173, no. 11, pp. 879–887, 2020.
 26. B. Hu, H. Guo, P. Zhou, and Z.-L. Shi., (2020): “Characteristics of SARS-CoV-2 and COVID-19,” *Nat. Rev. Microbiol.*, vol. 19, no. 3, pp. 141–154, 2021.
 27. J. She, L. Liu, and W. Liu., (2020): “COVID-19 epidemic: disease characteristics in children,” *J. Med. Virol.*, vol. 92, no. 7, pp. 747–754, 2020.
 28. K. Azuma, U. Yanagi, N. Kagi, et al., (2020): “Environmental factors involved in SARS-CoV-2 transmission: effect and role of indoor environmental quality in the strategy for COVID-19 infection control,” *Environ. Health Prev. Med.*, vol. 25, no. 1, pp. 1–16, 2020.
 29. W. Li et al., (2020): “Characteristics of household transmission of COVID-19,” *Clin. Infect. Dis.*, vol. 71, no. 8, pp. 1943–1946, 2020.
 30. N. Van Doremalen et al., (2020): “Aerosol and surface stability of SARS-CoV-2 as compared with SARS-CoV-1,” *N. Engl. J. Med.*, vol. 382, no. 16, pp. 1564–1567, 2020.
 31. S. E. F. Yong et al., (2020): “Connecting clusters of COVID-19: an epidemiological and serological investigation,” *Lancet Infect. Dis.*, vol. 20, no. 7, pp. 809–815, 2020.
 32. L. Hamner., (2020): “High SARS-CoV-2 attack rate following exposure at a choir practice—Skagit County, Washington, March 2020,” *MMWR Morb. Mortal. Wkly. Rep.*, vol. 69, 2020.
 33. Q. Bi et al., (2020): “Epidemiology and transmission of COVID-19 in 391 cases and 1286 of their close contacts in Shenzhen, China: a retrospective cohort study,” *Lancet Infect. Dis.*, vol. 20, no. 8, pp. 911–919, 2020.
 34. J. Kim et al., (2021): “Role of children in household transmission of COVID-19,” *Arch. Dis. Child.*, vol. 106, no. 7, pp. 709–711, 2021.
 35. N. S. Mehta et al., (2020): “SARS-CoV-2 (COVID-19): what do we know about children? A systematic review,” *Clin. Infect. Dis.*, vol. 71, no. 9, pp. 2469–2479, 2020.
 36. Y. Liu, R. M. Eggo, and A. J. Kucharski., (2020):

- “Secondary attack rate and superspreading events for SARS-CoV-2,” *The Lancet*, vol. 395, no. 10227, p. e47, 2020.
37. C. Bulut and Y. Kato, (2020): “Epidemiology of COVID-19,” *Turk. J. Med. Sci.*, vol. 50, no. SI-1, pp. 563–570, 2020.
38. H.-Y. Cheng, S.-W. Jian, D.-P. Liu, et al., (2020): “Contact tracing assessment of COVID-19 transmission dynamics in Taiwan and risk at different exposure periods before and after symptom onset,” *JAMA Intern. Med.*, vol. 180, no. 9, pp. 1156–1163, 2020.
39. P. Sah et al., (2021): “Asymptomatic SARS-CoV-2 infection: A systematic review and meta-analysis,” *Proc. Natl. Acad. Sci.*, vol. 118, no. 34, 2021.
40. A. J. Kucharski et al., (2020): “Effectiveness of isolation, testing, contact tracing, and physical distancing on reducing transmission of SARS-CoV-2 in different settings: a mathematical modelling study,” *Lancet Infect. Dis.*, vol. 20, no. 10, pp. 1151–1160, 2020.
41. W. J. Wiersinga, A. Rhodes, A. C. Cheng, et al., (2020): “Pathophysiology, transmission, diagnosis, and treatment of coronavirus disease 2019 (COVID-19): a review,” *Jama*, vol. 324, no. 8, pp. 782–793, 2020.
42. W. S. Hart, P. K. Maini, and R. N. Thompson., (2021): “High infectiousness immediately before COVID-19 symptom onset highlights the importance of continued contact tracing,” *Elife*, vol. 10, p. e65534, 2021.
43. R. Pung et al., (2020): “Investigation of three clusters of COVID-19 in Singapore: implications for surveillance and response measures,” *The Lancet*, vol. 395, no. 10229, pp. 1039–1046, 2020.
44. L. Phillips et al., (2021): “Lessons from Contact Tracing in Mid-Missouri,” *Mo. Med.*, vol. 118, no. 1, p. 81, 2021.
45. Y. Liu et al., (2020): “What are the underlying transmission patterns of COVID-19 outbreak? An age-specific social contact characterization,” *EClinicalMedicine*, vol. 22, p. 100354, 2020.

*Уншиж танилцан нийтлэхийг зөвшөөрсөн,
сэтгүүлийн редакцийн зөвлөлийн гишүүн,
Анагаах ухааны доктор, дэд профессор
Р.Оюунгэрэл*

МОНГОЛ УЛСАД КОВИД-19 ЦАРТАХЛЫН ЭХНИЙ ДАВАЛГАА ҮҮСГЭСЭН SARS-COV-2 ВИРҮСИЙН ГЕНОМЫН ШИНЖИЙГ СУДАЛСАН ДҮН

Ц.Наранзул¹, Ф.Сей-Ичиро², Г.Цогзолмаа¹, Н.Баясгалан¹, Ч.Хишигмөнх¹, Н.Мина², В.Шинжи², С.Анхбаяр¹,
Б.Цэрэндулам¹, Б.Дармаа¹, Л.Баттөр¹, П.Нямдаваа³

¹Халдварт Өвчин Судлалын Үндэсний Төв,

²Япон Улсын Халдварт Өвчний Үндэсний Хүрээлэн,

³Монголын Анагаах Ухааны Академи

Түлхүүр үгс: КОВИД-19, SARS-CoV-2, геном

Key words: COVID-19, SARS-CoV-2, genome

Коронавирус нь байгаль дээр олон төрлийн хөхтөн амьтан, шувуудад тархсан байдаг бөгөөд 1930 онд анх тахианаас [1], 1940 онд хулганаас илэрсэн байна [2]. Хүний популяцид улирлын чанартай ханиад үүсгэдэг коронавирүсийн HCoV-229E, HCoV-OC43 хувилбаруудыг 1960-аад онд [3], HCoV-NL63, HCoV-NKUI хувилбаруудыг 2004, 2005 онуудад тодорхойлсон [4] ба эдгээр нь амьсгалын замд шинж тэмдэггүй, хөнгөн хэлбэрээс хүнд явцтай хатгалгаа үүсгэдэг байна.

Өнгөрсөн хорин жилд сарьсан багваахай, нэг бөхт тэмээнээс гаралтай коронавирүсээр үүсгэгдсэн

[5,6], Хүнд Хэлбэрийн Амьсгалын Замын Хам Шинж (SARS) болон Ойрхи Дорнодын Амьсгалын Замын Хам Шинж (MERS) гэж нэрлэгдсэн хоёр том цартахал тохиож [7,8] олон мянган хүний амь эрсдсэн.

2019 оны 12 сард анх БНХАУ-ын Ухань хотод сарьсан багваахайнаас гаралтай шинэ коронавирүс (SARS-CoV-2)-т халдвар (COVID-19)-аар хүн өвчилж, халдвар хүнээс хүнд дамжин дэлхий дахинд тархсан нөхцөл байдлыг 2020 оны 03 сарын 11-нд ДЭМБ-аас Коронавирүсийн цар тахал гэж зарласан. 2021 оны 5 сарын 26-ны өдрийн байдлаар дэлхийн 220 оронд COVID-19 халдварын 167,492,769 тохиолдол бүртгэгдсэний 3,482,907(2.07%) хүн

эндсэн [9] бол Манай улсад 2021 оны 05 сарын 26-ны өдрийн байдлаар уг халдвартай 54,414 тохиолдол батлагдсанаас 257(0.47%) хүн нас бараад байна [10]. Сүүлийн үед SARS-CoV-2 байнга хувьсаж, асар хурдтай халдварлан тархах чадвартайгаас гадна вакцины хамгаалах нөлөөнөөс дайжих хандлагатай шинэ вариантууд (тухайлбал Англи B.1.1.7 линияйжийн 20I/501Y.V1 хувилбар ба Бразил B.1.351 линияйжийн 20H/501Y.V2 хувилбар) [11-14], мөн түүнчилэн бусад хувилбарууд үүссээр байгаа нь дэлхийн улс орнуудад нийгмийн эрүүл мэндийн ноцтой асуудал учруулаад байна. Монгол улсад уг вирусийн бүрэн геномын дарааллыг судалснаар вирусийн хувьсал, халдварын тархалт ба эмнэлзүйн онцлог, вакцины хамгаалах чадварыг үнэлэхээс гадна ирээдүйн чиг хандлагыг тодорхойлох чухал ач холбогдолтой юм.

Монгол улсад илэрсэн SARS-CoV-2 вирусийн геномын онцлог, молекул эпидемиологийн төрхийг тодорхойлох зорилгоор уг судалгааг хийв.

Материл, арга зүй: Судалгаанд 2020 оны 03 сарын 09-нөөс 2021 оны 03 сарын 09 хүртэл Халдварт Өвчин Судлалын Үндэсний Төв (ХӨСҮТ)-д цуглуулсан SARS-CoV-2 вирус эерэг 20 сорьноос рибонүклэйнухчил (PHX) ялгаж Япон улсын Токио хотын Халдварт Өвчний Үндэсний Хүрээлэн (NIID)-д шинжлэн судлав.

Эмнэлзүйн сорьцноос PHX ялгахдаа QIAGEN-QIAamp®96 Virus QIAcube®HT(5) цомог, QIAcube HT бүрэн автомат PHX/ДНХ ялгагч машин ашиглав. PHX-ийг сДНХ-д хөрвүүлэхдээ Invitrogen-SuperScript IV, Biolab-LunaScript RT цомог, PCR бүтээгдэхүүний цэвэрлэгээнд Beckman Coulter-AMPure XP цомог, Library бэлтгэхэд Qiagen-QIAseq FX DNA Library цомог урвалжууд болон ThermoFisher Scientific-ийн сиквэнсийн праймерүүд, Illumina iSeq™ 100 Sequencing System машин ашиглан SARS-CoV-2 вирусийн бүрэн геномын нуклеотидын дараалал тогтоосон. Нуклеотидын дараалал тогтоох (Next-generation sequencing NGS) шинжилгээний үр дүнг боловсруулж анализ хийхэд CLC Workbench, Tablet-1.21.02.08, вирусийн удмын холбоог тодорхойлоход MEGA-X програмуудыг ашиглав.

Үр дүн: Монгол улсад 2020 оны 3 сарын 18-ны өдрөөс 2021 оны 3 сарын 9 хүртэлх хугацаанд илэрсэн SARS-CoV-2 вирусийн 20 омгийн геномын бүрэн дараалал (GISAID ген банкны бүртгэлийн дугаар: EPI_ISL_1805651, EPI_ISL_1805697, EPI_ISL_1805716, EPI_ISL_1805717, EPI_ISL_1805718,

EPI_ISL_1805740, EPI_ISL_1805741, EPI_ISL_1805744, EPI_ISL_1805745, EPI_ISL_1805787, EPI_ISL_1805789, EPI_ISL_1805790, EPI_ISL_1805932, EPI_ISL_1805933, EPI_ISL_1805957, EPI_ISL_1805958, EPI_ISL_1805959, EPI_ISL_1805960, EPI_ISL_1805961, EPI_ISL_1805962)-ыг тогтоож БНХАУ-д анх илэрсэн hCoV-19/Wuhan/Hu-1/2019 омогтой харьцуулан судлахад вирүсийн N, ORF1a, ORF1b, ORF3a, ORF7a, ORF7b, ORF8, S уургийн мужуудад, 6-15 аминхүчлийн өөрчлөлт илэрсэн.

Судалгаанд 2020 оны 03 сарын 18-наас 2021 оны 11 сарын 24 хүртэлх хугацаанд илэрсэн SARS-CoV-2 вирусийн гадаргуугийн гол эсрэгтөрөгч болох S уурагт аминхүчлийн A845S, R273S, D614G, D138Y, M153T, D839Y өөрчлөлтүүд илэрсэн бол 2020 оны 12 сарын 09-нөөс V143F, D614G, P681H өөрчлөлтүүд, 12 сарын 26-наас V143F, D614G, S640F, P681H өөрчлөлтүүд бүхий вирусийн омгууд өвчлөл үүсгэн тархсан байна (Хүснэгт 1).

Монголд илэрсэн SARS-CoV-2 вирусийн удмын холбоог зурагласан дүн:

Монголд илэрсэн SARS-CoV-2 вирусийн 20 омгийн геномын нуклеотидын бүрэн дараалалд удамзүйн анализ хийхэд hCoV-Mongolia/3631/2020 омог GISAID/Next Clade ангиллаар V/19A клэйдэд хамаарч байсан бол бусад нь GR/20B клэйдэд хамаарч байлаа. Эдгээр GR/20B клэйдэд хамаарсан омгууд нь B.1.1.372, B.1.1, B.1.1.349, B.1.1.46 гэсэн 4 төрлийн PANGO линияйжид хуваагдаж байв. Эдгээр омгуудын 14(70%) нь B.1.1.46 линияйжид хамаарч байсан бөгөөд 2020 оны 12 сарын 09-нөөс хойш хугацаанд илэрч өвчлөлийн шалтгаан болсон байна (Зураг 1).

Хэлцэмж: Цартахлын SARS-CoV-2 вирус нь байнгын хувьсалд орсноор хүнээс хүнд дамжин халдварлах чадвар нь улам нэмэгдэж, халдварын болон вакцины дараахи дархлаанаас дайжих хандлагатай шинэ хувилбарууд үүсэн тархаж байгаа нь дэлхий нийтийг цочирдуулж байна. 2020 оны эцэс 2021 оны эхэн үеэр дэлхийн олон улс оронд SARS-CoV-2 вирусийн шинэ хувилбарууд илэрч сонирхол татахуйц хувилбар(CTX) болон анхаарал татахуйц хувилбар(ATX)-ууд гэж ангилан тандан судалж эхэлсэн.

Сүүлийн үед PANGO линияйжийн ангиллаар SARS-CoV-2 вирус нь B.1.1.7-Альфа, B.1.351-Бета, B.1.1.28.1 буюу P.1-Гамма, B.1.617.2-Дельта гэсэн үндсэн хувилбаруудад хамаарч байна. Тархвар

судлалын хувьд UK хувилбар хэмээн нэрлэгдсэн B.1.1.7-Альфа хувилбар нь хүний эпители эсэд маш хурдан үрждэг, эмнэлэгт хэвтэх, нас барах эрсдлийг нэмэгдүүлдэг [15-17] бөгөөд хуучин хувилбаруудаас 43-82% илүү халдварлах эрсдэлтэйг судлаачид тогтоожээ[18]. Өмнөд Африкт анх тодорхойлогдсон B.1.351-Бета хувилбар нь дархлаанаас дайжих хандлагатай, халдварлах чадвар нь урьд өмнө тархаж байсан хувилбаруудаас 1.5 дахин илүү байжээ[19]. Бразилын B.1.1.28.1 буюу P.1-Гамма хувилбарын вирус нь анх тархсан хувилбараас 2.5 дахин тархах чадвартай байсан[20] ба дахин халдварлах магадлал 6.4% байв[21]. 2020 оны сүүл үед Энэтхэгээс B.1.617.2-Дельта хувилбар анх илэрсэн ба улмаар Номхон далайн баруун бүсийн улс орнууд(НДББУО)-д илэрсэн байна[22].

Мөн түүнчилэн A.23.1, B.1.1.28(P3)-Тета болон B.1.1.46 гэх мэт СТХ-ууд (НДББУО)-д илэрсэн [23] бол B.1.429/B.1.427-Эпсилон, B.1.525-Ита хувилбарууд мөн бүс нутагт бүртгэгдээд байгаа [24-25] ч эдгээр хувилбаруудын судалгаа эхлэх шатандаа байгаа юм. Бид судалгаандаа 2020 оны 03 сарын 18-наас 2021 оны 03 сарын 09 хүртэлх хугацаанд цуглуулсан SARS-CoV-2 вирус илэрсэн эмнэлзүйн 20 ширхэг сорьцыг сонгож судалсан. Сонгосон бүх сорьцонд SARS-CoV-2 вирусийн бүрэн геномын нуклеотидын дараалал тогтоож N, ORF1a, ORF1b, ORF3a, ORF7a, ORF7b, ORF8, S уургийн байрлалууд дээр аминхүчлийн өвөрмөц өөрчлөлтүүдийг тодорхойлсон хэдий ч вирусийн гадаргуугийн үндсэн эсрэгтөрөгч болох S уургаас бусад уургийн онцлогтой холбоотой үр дүнгийн хэлцэмж хийсэнгүй. Тухайлбал SARS-CoV-2 вирусийн хоруу чанарыг нөхцөлдүүлэгч генийн болон түүнтэй холбоотой эмнэлзүйг судалсан олон улсын судалгааны дүн олдсонгүй.

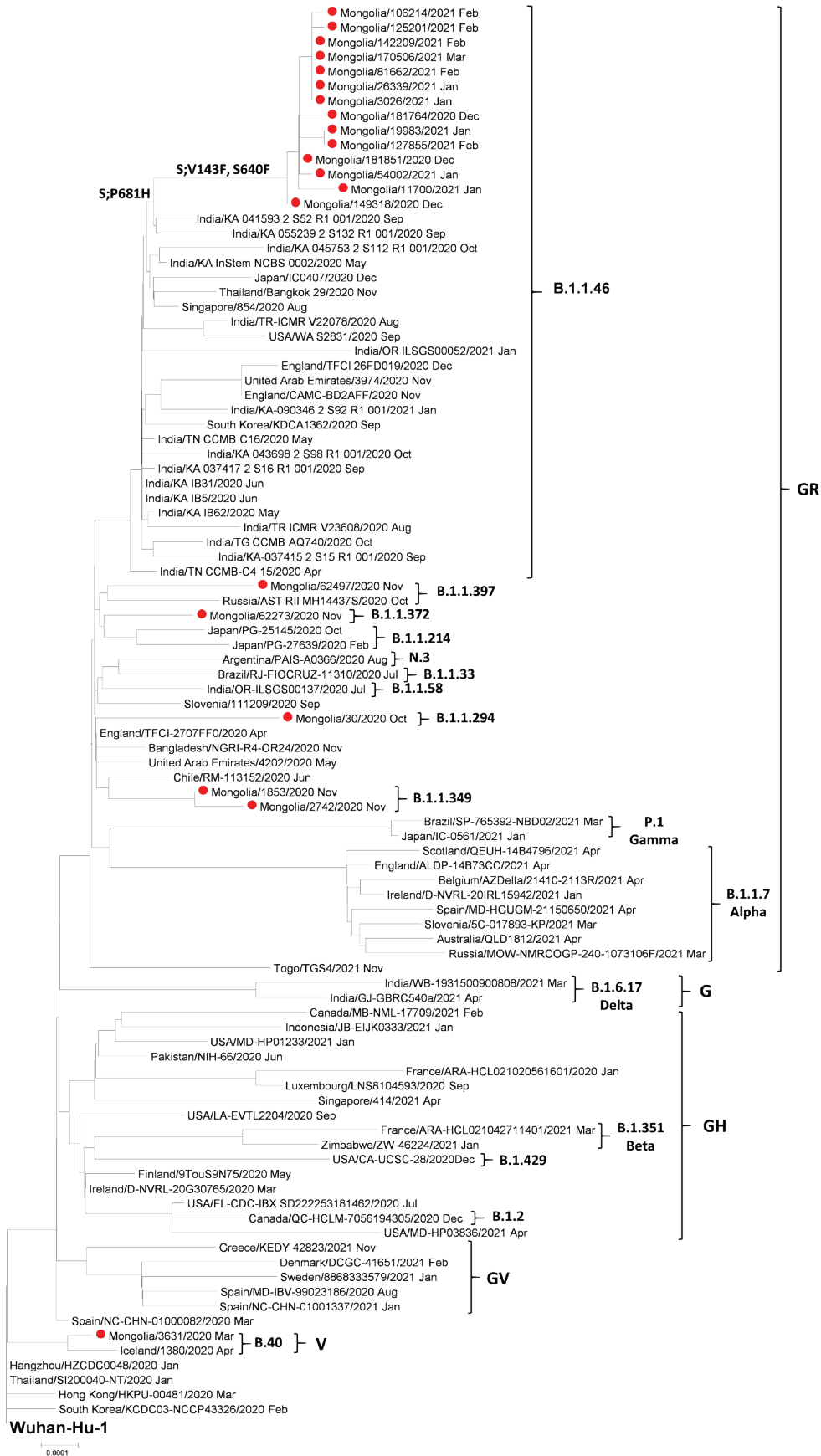
Монгол улсад 2020 оны 11 сарын 11-ний өдөр COVID-19 халдварын анхны дотоодын тохиолдол бүртгэгдэж халдвар цааш дамжин тархсан. Судалгааны түүврийн хувьд 2020 оны 03 сарын 18-наас 11 сарын 24 хүртэлх хугацаанд сонгогдсон эхний 6 сорьцыг гадаадын улс орноос импортлогдсон, хөл хорионд тусгаарлагдан эмчлүүлэгчдээс цуглуулсан бол бусад 14 сорьцыг 2020 оны 11 сарын 09-нөөс 2021 оны 03 сарын 09 хүртэлх хугацаанд дотоодын халдварын тохиолдлоос түүвэрлэн судалсан. Импортлогдсон тохиолдлуудын сорьцонд вирусийн

гадаргуугийн S уургийн аминхүчлийн өөрчлөлтийг судлахад hCoV-Mongolia/3631/2020 омгоос бусдад нь Англи, Америк, Бразилаас гаралтай D614G маркер илрэх СТХ-т хамаарч байв. Харин дотоодын халдвар үүсгэсэн вирусийн омгуудад S уургийн аминхүчлийн D614G-гээс гадна V143F, S640F, P681H өөрчлөлтүүд илэрсэн. Энэ үр дүнгээс үзэхэд манайд дотоодын халдвар үүсгэсэн омгууд B.1.1.7 PANGO линияйжид хамаардаг UK хувилбарын өвөрмөц аминхүчлийн P681H өөрчлөлт агуулж байгаагаас гадна аминхүчлийн V143F, S640F гэсэн өвөрмөц өөрчлөлт агуулж, удмын хувьд B.1.1.46 линияйжид хамаарч байна. Бидэнд S уургийн аминхүчлийн V143F, S640F маркер илрүүлсэн судалгаа болон уг өөрчлөлтийг нөхцөлдүүлсэн адил генийн дараалал олон улсын GISAID мэдээллийн сангаас олдсонгүй. Иймд SARS-CoV-2 вирусийн S уургийн V143F, S640F өөрчлөлтүүд манай дотоодод үүсч тархсан байх боломжтой бөгөөд манай улсад КОВИД-19 цартахлын эхний давалгаа шинэ вариантаар үүсгэгдсэн гэж болохоор байна. Манайд дотоодын халдвар үүсгэсэн омгууд 2020 оны эцэст Энэтхэг улсад илэрсэн омгуудтай адил B.1.1.46 линияйжид багтаж байна. Гэвч сүүлийн үед Энэтхэгт хурдацтай тархаад багаа хувилбарын E484Q ба L452R аминхүчлийн өөрчлөлт манай омгуудаас илэрсэнгүй. Дэлхийн улс орнуудад SARS-CoV-2 вирусийн шинэ хувилбарууд хурдацтай нэмэгдэж байгаа бөгөөд одоогоор 4000 гаруй хувилбар бүртгэгдээд байна[26]. Монгол улсад шинэ төрлийн вирусийн хувилбар нь өвчлөл эндэгдлийн шалтгаан болж байгаа төдийгүй S уургийн аминхүчлийн V143F, S640F өөрчлөлтөөс шалтгаалж вакцины нөлөөнөөс дайжиж болзошгүй юм. Иймд уг вирусийн эсрэгтөрөгчийн шинжийг тодорхойлох эсийн өсгөвөрт бичил саармагжуулах урвалын стандарт шинжилгээний аргыг лабораторит нэвтрүүлэх, улмаар вакцины тохироо үр дүнг үнэлэх, вирусийн хувилбаруудын эмнэлзүй, тархвар судлалын онцлогийг тодорхойлох шаардлагатай байна.

Дүгнэлт: Монгол улсад SARS-CoV-2 вирусийн гадаргуугийн S уургийн аминхүчлийн V143F, S640F өөрчлөлттэй шинэ хувилбар өвчлөл үүсгэсэн байна. Уг хувилбар нь UK хувилбарт өвөрмөц аминхүчлийн АТХ(P681H), СТХ(D614G) маркер агуулж байгаа хэдий ч удмын хувьд B.1.1.46 линияйжид хамаарч байна.

**Монголд илэрсэн SARS-CoV-2 вирусийн геномыг hCoV-19/Wuhan/Hu-1/2019 омогтой харьцуулсан дүн
Comparison of the SARS-CoV-2 genome detected in Mongolia with the hCoV-19/Wuhan/Hu-1/2019 strain**

Сорьц	Цуглуулсан огноо	Аминхүчлийн өөрчлөлт	Тоо
hCoV-Mongolia/3631/2020	18-Mar-20	ORF1a:I739V,ORF1a:P765S,ORF1a:S1361F,ORF1a:L3606F,ORF3a:G251V,S:A845S	6
hCoV-Mongolia/30/2020	9-Oct-20	N:R203K,N:G204R,ORF1a:D1036E,ORF1a:K1202N,ORF1a:C2210F,ORF1b:D275Y,ORF1b:P314L,ORF1b:E1728D,ORF1b:G2151S,S:R273S,S:D614G	11
hCoV-Mongolia/62273/2020	2-Nov-20	N:R203K,N:G204R,N:M234I,ORF1a:A364S,ORF1a:T1840I,ORF1a:G3278S,ORF1b:P314L,ORF1b:M1499I,ORF3a:D173E,ORF3a:V255F,S:D614G	11
hCoV-Mongolia/62497/2020	4-Nov-20	N:R203K,N:G204R,N:M234I,ORF1a:A516V,ORF1a:T708I,ORF1a:P943S,ORF1a:I1892L,ORF1b:P314L,ORF1b:T2453I,ORF3a:A110S,ORF7b:T40I,ORF8:V62L,S:D138Y,S:M153T,S:D614G	15
hCoV-Mongolia/1853/2020	17-Nov-20	N:R203K,N:G204R,ORF1a:S443F,ORF1a:S944L,ORF1a:A3143V,ORF1a:A3497V,ORF1a:T4164A,ORF1b:P314L,ORF7a:G70C,S:D614G,S:D839Y	11
hCoV-Mongolia/2742/2020	24-Nov-20	N:R203K,N:G204R,ORF1a:S443F,ORF1a:S944L,ORF1a:D1089G,ORF1a:P1803S,ORF1a:V2604A,ORF1a:A3143V,ORF1a:A3497V,ORF1a:T4164A,ORF1b:P314L,ORF7a:G70C,S:D614G,S:D839Y	14
hCoV-Mongolia/149318/2020	9-Dec-20	N:R203K,N:G204R,ORF1a:S318L,ORF1a:A1283V,ORF1a:H1500R,ORF1a:L3606F,ORF1b:P314L,ORF3a:V55F,ORF3a:A110S,S:V143F,S:D614G,S:P681H	12
hCoV-Mongolia/181764/2020	26-Dec-20	N:R203K,N:G204R,ORF1a:S318L,ORF1a:A1283V,ORF1a:H1500R,ORF1a:E1526G,ORF1a:L3606F,ORF1b:P314L,ORF3a:V55F,ORF3a:A110S,S:V143F,S:D614G,S:S640F,S:P681H	14
hCoV-Mongolia/181851/2020	26-Dec-20	N:R203K,N:G204R,ORF1a:S318L,ORF1a:A1283V,ORF1a:H1500R,ORF1a:L3606F,ORF1b:P314L,ORF3a:V55F,ORF3a:A110S,S:V143F,S:D614G,S:S640F,S:P681H	13
hCoV-Mongolia/13026/2021	4-Jan-21	N:R203K,N:G204R,ORF1a:S318L,ORF1a:A1283V,ORF1a:H1500R,ORF1a:L3606F,ORF1b:P314L,ORF1b:T1774I,ORF3a:V55F,ORF3a:A110S,S:V143F,S:D614G,S:S640F,S:P681H	14
hCoV-Mongolia/11700/2021	7-Jan-21	N:R203K,N:G204R,ORF1a:S318L,ORF1a:A1283V,ORF1a:H1500R,ORF1a:L3606F,ORF1b:P314L,ORF3a:V55F,ORF3a:A110S,S:V143F,S:D614G,S:S640F,S:P681H	13
hCoV-Mongolia/26339/2021	11-Jan-21	N:R203K,N:G204R,ORF1a:S318L,ORF1a:A1283V,ORF1a:H1500R,ORF1a:L3606F,ORF1b:P314L,ORF1b:T1774I,ORF3a:V55F,ORF3a:A110S,S:V143F,S:D614G,S:S640F,S:P681H	14
hCoV-Mongolia/54002/2021	22-Jan-21	N:R203K,N:G204R,ORF1a:S318L,ORF1a:A1283V,ORF1a:H1500R,ORF1a:V3017I,ORF1a:L3606F,ORF1b:P314L,ORF3a:V55F,ORF3a:A110S,S:V143F,S:D614G,S:S640F,S:P681H	14
hCoV-Mongolia/19983/2021	31-Jan-21	N:R203K,N:G204R,ORF1a:S318L,ORF1a:A1283V,ORF1a:H1500R,ORF1a:S3158N,ORF1a:L3606F,ORF1b:P314L,ORF1b:D1389Y,ORF3a:V55F,ORF3a:A110S,S:V143F,S:D614G,S:S640F,S:P681H	15
hCoV-Mongolia/81662/2021	10-Feb-21	N:R203K,N:G204R,ORF1a:S318L,ORF1a:A1283V,ORF1a:H1500R,ORF1a:L3606F,ORF1b:P314L,ORF1b:T1774I,ORF3a:V55F,ORF3a:A110S,S:V143F,S:D614G,S:S640F,S:P681H	14
hCoV-Mongolia/106214/2021	16-Feb-21	N:R203K,N:G204R,ORF1a:S318L,ORF1a:A1283V,ORF1a:H1500R,ORF1a:L3606F,ORF1b:P314L,ORF1b:T1774I,ORF3a:V55F,ORF3a:A110S,S:V143F,S:D614G,S:S640F,S:P681H	14
hCoV-Mongolia/125201/2021	20-Feb-21	N:R203K,N:G204R,ORF1a:S318L,ORF1a:A1283V,ORF1a:H1500R,ORF1a:L3606F,ORF1b:P314L,ORF1b:T1774I,ORF3a:V55F,ORF3a:A110S,S:V143F,S:D614G,S:S640F,S:P681H	14
hCoV-Mongolia/127855/2021	22-Feb-21	N:R203K,N:G204R,ORF1a:S318L,ORF1a:A1283V,ORF1a:H1500R,ORF1a:S3158N,ORF1a:L3606F,ORF1b:P314L,ORF1b:D1389Y,ORF3a:V55F,ORF3a:A110S,S:V143F,S:D614G,S:S640F,S:P681H	15
hCoV-Mongolia/142209/2021	26-Feb-21	N:R203K,N:G204R,ORF1a:S318L,ORF1a:A1283V,ORF1a:H1500R,ORF1a:L3606F,ORF1b:P314L,ORF1b:T1774I,ORF3a:V55F,ORF3a:A110S,S:V143F,S:D614G,S:S640F,S:P681H	14
hCoV-Mongolia/170506/2021	9-Mar-21	N:R203K,N:G204R,ORF1a:S318L,ORF1a:A1283V,ORF1a:H1500R,ORF1a:L3606F,ORF1b:P314L,ORF1b:T1774I,ORF3a:V55F,ORF3a:A110S,S:V143F,S:D614G,S:S640F,S:P681H	14



Ном зүй:

1. Estola T., (1970): Coronaviruses, a New Group of Animal RNA Viruses. Avian Diseases. 14(2):330-336. doi:10.2307/1588476. ISSN 0005-2086.
2. McIntosh K, Arber W, Haas R, et al., (1974): Coronaviruses: A Comparative Review. Current Topics in Microbiology and Immunology. Current Topics in Microbiology and Immunology. Berlin, Heidelberg: Springer: 87. doi:10.1007/978-3-642-65775-7_3. ISBN 978-3-642-65775-7.
3. Abdul-Rasool S, Fielding BC., (2010): Understanding Human Coronavirus HCoV- NL63. The Open Virology Journal. 4: 76–84. doi:10.2174/1874357901004010076. PMC 2918871. PMID 20700397
4. Lau S. K. P, Woo P. C. Y, Yip C. C. Y, et al., (2006): Coronavirus HKU1 and Other Coronavirus Infections in Hong Kong. Journal of Clinical Microbiology. 44 (6): 2063–71. doi:10.1128/JCM.02614-05. PMC 1489438. PMID 16757599
5. Drosten, C. et al., (2003): Identification of a novel coronavirus in patients with severe acute respiratory syndrome. N. Engl. J. Med. 348, 1967–1976 (2003).
6. Zaki, A. M, van Boheemen. S, Bestebroer, et al., (2012): Isolation of a novel coronavirus from a man with pneumonia in Saudi Arabia. N. Engl. J. Med. 367, 1814–1820 (2012).
7. "How SARS terrified the world in 2003, infecting more than 8,000 people and killing 774" Business Insider. 20 February 2020.
8. Groot RJ, Baker SC, Baric RS, et al., (2013): Middle East respiratory syndrome coronavirus (MERS-CoV): announcement of the Coronavirus Study Group. Journal of Virology. 87 (14): 7790–2. doi:10.1128/JVI.01244-13. PMC 3700179. PMID 23678167
9. WHO Coronavirus (COVID-19) Dashboard. <https://covid19.who.int>. 19 May 2021
10. ЭМЯ. Монгол улс дахь коронавируст халдварын нөхцөл байдлын мэдээ. <https://covid19.mohs.mn/p/cat/post/57/?page=12>. 2021.05.19.
11. <https://www.ecdc.europa.eu/en/publications-data/threat-assessment-brief-rapid-increase-sars-cov-2-variant-united-kingdom>
12. Firestone MJ., (2021): First identified cases of SARS-CoV-2 variant B. 1.1. 7 in Minnesota—December 2020–January 2021. MMWR Morbidity and Mortality Weekly Report. 2021;70.
13. ECDC. Rapid Increase of a SARS-CoV-2 Variant with Multiple Spike Protein Mutations Observed in the United Kingdom. Threat Assessment Brief. 2020:1-13.
14. Bian L, Gao F, Zhang J., (2021) et al. Effects of SARS-CoV-2 variants on vaccine efficacy and response strategies. Expert review of vaccines. 2021:1-9.
15. Davies, Nicholas G, et al., (2020): “Estimated Transmissibility and Severity of Novel SARS-CoV-2 Variant of Concern B.1.1.7 in England.” MedRxiv, 2020. doi:10.1101/2020.12.24.20248822.
16. Grint D, Wing K, Williamson E, et al., (2021): Case fatality risk of the SARS-CoV-2 variant of concern B.1.1.7 in England, 16 November to 5 February. Euro Surveillance. <https://doi.org/10.2807/1560-7917.ES.2021.26.11.2100256>
17. Faria NR, Claro IM, Candido D, et al., (2021): Genomic characterisation of an emergent SARS-CoV-2 lineage in Manaus: preliminary findings Virological.org 13 January 2021.
18. Public Health England. Investigation of novel SARS-COV-2 Variant of Concern B.1.1.7 Technical briefing 2. December 2020.
19. Pearson C.A.B., Russell TW, Davies N, et al. (2021) Estimates of severity and transmissibility of novel South Africa SARS-CoV-2 variant B.1.351. Preprint at CMMID.
20. Coutinho R, Marquitti F, Ferreira L, et al., (2021): Model-based evaluation of transmissibility and reinfection for the P.1 variant of the SARS-COV-2/ MedRxiv. <https://doi.org/101101/2021.03.02.2125706>
21. Pearson C.A.B, Russell TW, Davies N, et al., (2021): Estimates of severity and transmissibility of novel South Africa SARS-CoV-2 variant B.1.351. Preprint at CMMID.
22. “Republic of Korea Reports First Case of Indian COVID-19 Variant. 19 April 2021. Article.
23. Bugembe, Daniel Lule, et al., (2021): “A SARS-CoV-2 Lineage A Variant (A.23.1) with Altered Spike Has Emerged and Is Dominating the Current Uganda Epidemic.” MedRxiv, 2021. <https://doi.org/10.1101/2021.02.08.21251393>
24. Tablizo F, Kim K, Lapid C, et al., (2021): Genome sequencing and analysis of an emergent SARS-CoV- 2 variant characterized by multiple spike 2 protein mutations detected from the Central Visayas Region of the Philippines. MedRxiv. DOI: <https://doi.org/10.1101/2021.03.03.21252812>

25. Tablizo F, Kim K, Lapid C, et al., (2021). Genome sequencing and analysis of an emergent SARS-CoV-2 variant characterized by multiple spike 2 protein mutations detected from the Central Visayas Region of the Philippines. MedRxiv. DOI: <https://doi.org/10.1101/2021.03.03.21252812>
26. Bian L, Gao F, Zhang J, et al., (2021): Effects of SARS-CoV-2 variants on vaccine efficacy and

response strategies. Expert review of vaccines. 2021:1-9.

*Унишж танилцан нийтлэхийг зөвшөөрсөн,
сэтгүүлийн редакцийн зөвлөлийн гишүүн,
Академич, Биологийн шинжлэх ухааны доктор,
дэд профессор Ж.Оюунбилээ*

МОНГОЛ УЛСАД 2010-2020 ОНД ВИРҮСИЙН ШАЛТГААНТ АМЬСГАЛЫН ЗАМЫН ХАЛДВАР ҮҮСГЭГЧДИЙН ТАНДАЛТ СУДАЛГАА

Ц.Наранзул¹, Н.Баясгалан¹, С.Анхбаяр¹, Ч.Хишигмөнх¹, Х.Батчимэг¹, Б.Цэрэндулам¹, Б.Ганцоож¹, Г.Нямаа¹,
Б.Дармаа¹, Ж.Сарантуяа², П.Нямдаваа³

¹Халдварт Өвчин Судлалын Үндэсний Төв,

²Анагаахын Шинжлэх Ухааны Үндэсний Их Сургууль,

³Монголын Анагаах Ухааны Академи

Түлхүүр үгс: Тандалт, амьсгалын, вирус, эсрэгтөрөгч, генийн

Key words: Surveillance, respiratory, virus, antigenic, genetic

Дэлхий нийтэд хамгийн элбэг тохиолдож байгаа өвчин бол амьсгалын замын цочмог халдварт өвчин (АЗЦХӨ) юм. Хүн амын нас баралтын шалтгааны 5.7%-ийг амьсгалын замын халдвараас үүдэлтэй уушги, гуурсан хоолойн үрэвсэл эзэлж нас баралтын гуравдугаар байрт ордог [1]. Зүрх судас, тархинд цус харвалт, чихрийн шижин зэрэг өвчнүүд дэлхийн хүн амын эндэгдлийн тэргүүлэх шалтгаан болдог хэдий ч томуу, томуу төст өвчин (ТТӨ) нь дээрх өвчнийг хүндрүүлж, нас барах эрсдлийг улам нэмэгдүүлдэг болохыг судлаачид тогтоожээ[2-5]. Зарим судлаачдынхаар хүн томуу, ТТӨ-өөр жилд дунджаар 6 удаа өвчилдөг байна [6]. АЗЦХӨ нь тархалтын хурд ихтэй бөгөөд улс орны үйлдвэржих, хотжих явц эрчимжиж, хүн амын бөөгнөрөл ихсэх тусам халдварлалтын хүрээ улам нэмэгддэг байна. Дэлхий дахинд жилд дунджаар 3-5 сая хүн томуугийн халдвараар авч, ойролцоогоор 290,000-аас 650,000 хүн уг өвчний улмаас нас бардаг байна [7]. Томуу, ТТӨ бүх насныханд тохиолдох боловч хүндрэх эрсдэл, нас баралт нь 65-аас дээш, 2-оос доош насныханд илүү, архаг хууч өвчтэй хүмүүсийн томуу хүндэрч эмнэлэгт хэвтэн эмчлүүлэх нь их байдаг [8-11].

Хөгжиж буй орнууд дахь бага насны хүүхдийн эндэгдлийн шалтгааны 30 гаруй хувийг амьсгалын замын цочмог халдвар эзэлж байна[12]. Монгол улсад

сүүлийн жилүүдэд дунджаар ТТӨ-ий амбулаторын үзлэгт эзлэх хувь дунджаар 4.9%, 100,000 хүн амд 131,106 тохиолдол байсан ба АЗЦХХ нийт эмнэлэгт хэвтэгсдийн 10.1%-ийг эзэлж, 100,000 хүн амд 1,990 тохиолдол бүртгэгдсэн байна. Сүүлийн жилүүдэд шувууны гаралтай өндөр хоруу чанартай томуугийн вирусийн хувилбарууд хүний биед дасан зохицож, хүнээс хүнд дамжин халдварлах эрсдэл үүсээд байна [13,14]. 2003 оны 3 дугаар сараас 2017 оны 3 дугаар сар хүртэлх хугацаанд дэлхийн 16 оронд шувууны томуугийн А(Н5N1) вирусийн халдвараар хүн өвчилсөн 860 тохиолдлын 454 (53%) нь нас барсан байна [15]. ДЭМБ-ын мэдээлснээр дэлхий дахинд А(Н7N9) вирусийн халдвараар хүн өвчилсөн нь лабораториор баталгаажсан тохиолдлын тоо 2018 оны 4 дүгээр сарын 5-ны өдрийн байдлаар нийтдээ 1625 хүрч үүнээс 622 (38,3%) нас барсан байна [16].

АЗЦХ-тай холбоотой нийгмийн эрүүл мэндийн олон асуудлыг шийдвэрлэхэд вирус судлалын нарийн шинжилгээ судалгааны үр дүнд суурилсан бодит мэдээлэл чухал ач холбогдолтой юм.

Монгол орны хүн амын дунд 2010-2020 онд вирусийн шалтгаант амьсгалын замын зарим үүсгэгчдийн шинж төрх, хувьсал, хөдлөлзүйг нарийвчлан судлах зорилгоор уг судалгааг хийв.

Зорилт:

1. Монгол улсын хүн амд 2010-2020 онд өвчлөл үүсгэсэн томуугийн вирусийн хэвшинж, орчлын хөдлөлзүй, эсрэгтөрөгчийн шинж, удмын холбоо, эмэнд тэсвэржилтийг тодорхойлох

2. Монгол улсад 2011-2020 онд орчилд байсан ТТӨ үүсгэгчдийн бүрэлдэхүүн, тэдгээрийн орчлын хөдлөлзүйн онцлогийг судлах

Материал, арга зүй: Судалгааны загвар: Хүн амын дундах томуу, томуу төст өвчний тархалтыг судлахдаа хүн амд суурилсан аналитик судалгааны агшингийн загвараар хийж гүйцэтгэсэн.

Судалгааны хүрээ, хэрэглэгдэхүүн: Судалгаанд 2010.10.1-2020.03.1-н хүртэлх хугацаанд Монгол улсын газарзүйн 5 бүсийн 21 аймаг болон Улаанбаатар хотын томуугийн харуудан тандалтын эмнэлгүүдээр томуу, томуу төст өвчний (ТТӨ) улмаас үйлчлүүлэгсдийн сорьцыг судалгаанд ашиглав. Судалгааг ХӨСҮТ-ийн Вирус судлалын лаборатори, АШУҮИС-ийн Био-Анагаахын Сургуулийн Молекул биологи-Удамзүйн тэнхимийг түшиглэн хийж гүйцэтгэв. Эрүүл мэндийн сайдын 2014 оны 10 дугаар сарын 27-ны өдрийн 358 тоот тушаалын дөрөвдүгээр хавсралтанд заасны дагуу томуугийн харуудан тандалтын эмнэлгүүдэд авсан сорьцуудыг ХӨСҮТ-ийн вирус судлалын лабораторит цуглуулсан.

Томуугийн вирус ялган дүйсэн арга: AgPhad-IDTM One-Step RT-PCR Kit (Ambion) цомог, ДЭМБ-ын Томуугийн лавлагаа төвүүдээс хангасан томуугийн A(H1N1)pdm09, A(H3N2) дэд хэвшинж болон B хэвшинжийн вирусийн PHX илрүүлэх праймер ба TaqMan пробуудыг ашиглан бх-УТ-ПГУ-ын шинжилгээний стандарт аргачлалын дагуу ABI 7500 Real time PCR System машин дээр хийж гүйцэтгэв.

Томуугийн вирусийн эмэнд тэсвэржилтийг тодорхойлсон арга: Томуугийн вирусийн эсрэг M2 уургийн саатуулуур (амантадин, ремантадин), нейраминидазын саатуулуур (НАС) (оселтамивир, занамивир, перамивир, ланинамивир) гэсэн 2 төрлийн эмэнд тэсвэржилтийг судлав. Вирусийн амантадинд тэсвэржилтийг M2 генийн нуклеотидын дараалал тогтоох шинжилгээгээний аргаар тодорхойлов. НАС-т тэсвэржилтийг тодорхойлохдоо NA-Star цомог бүхий химолюминисценцэд суурилсан аргыг ашиглав. Оселтамивир, занамивир, ланинамивирын цэвэр субстант, эмэнд тэсвэртэй болон мэдрэг стандарт омгуудыг хяналт болгон ашиглаж, урвалын дүнг Veritas люминометрт уншуулж гарсан үр дүнг EXCEL Robosage програм ашиглан боловсруулав.

Томуугийн вирусийн эсрэгтөрөгчийн шинжийг тодорхойлсон арга: ДЭМБ-ын томуугийн лавлагаа төвийн стандарт эсрэгтөрөгч ба эсрэгтөрөгч өвөрмөц эсрэг ийлдэс, усан гахайн улаан эс болон

бусад урвалж бодис, цус наалдахыг саатуулах урвал (ЦНСУ)-ын шинжилгээний стандарт аргыг ашиглан томуугийн вирусийн эсрэгтөрөгчийн шинжийг тодорхойллоо.

Томуугийн вирусийн HA, NA, M2 генийн нуклеотидын дарааллыг тодорхойлсон арга: Томуугийн вирусийн генийн нуклеотидийн дараалал тогтоох шинжилгээг АНУ-ын Өвчний Хяналт Сэргийлэлтийн Төв (CDC)-ийн аргачлал, өвөрмөц праймер ашиглан хийв. Вирусийн нуклейн хүчлийг QIAGEN® Viral RNA Mini Kit цомгоор ялгаж QIAGEN компаний OneStep RT-PCR Kit УТ-ПГУ-ын цомог, ДЭМБ-ын томуугийн лавлагаа төвийн праймерууд ашиглан стандарт зааврын дагуу томуугийн вирусийн HA, NA, M2 генийн нуклейн хүчлийг олшруулав. Bioneer компаний AccuPrep® PCR Purification Kit цомгоор бүтээгдэхүүнийг цэвэршүүлэв. Applied Biosystems компаний BigDye® Terminator v3.1 Cycle Sequencing Kit цомог, зохих праймерууд ашиглан үйлдвэрлэгчийн зааврын дагуу секвенсийн ПГУ-ын шинжилгээ гүйцэтгэв. QIAGEN® компаний DyeEx® Spin Kit цомог ашиглан секвенсийн ПГУ-ын бүтээгдэхүүнийг цэвэршүүлж HITACHI-Applied Biosystems 3130xl генетик анализатороор нуклеотидийн дарааллыг тогтоох шинжилгээ хийв. Шинжилгээний үр дүнг GeneStudio.exe програм ашиглан боловсруулав. Томуугийн вирусийн 1400 нуклеотидын урттай HA генийн дарааллаар MEGA 7, Figtree програмуудыг ашиглан удмын холбоог зураглав. Томуугийн A(H1N1)pdm09, A(H3N2), B вирусийн HA1, M2, NA генийн нуклеотидийн дарааллыг тогтоох шинжилгээнд өвөрмөц дараалал бүхий праймеруудыг ашигласан.

ТТӨ үүсгэгчдийг ялган дүйсэн арга: 18 төрлийн үүсгэгч (риновирүс, амьсгалын замын синциталь вирүс (АЗСВ), иж томуугийн вирүс 1-4 дүгээр хэвшинж, улирлын коронавирүсийн (63, 43, HKU, 229) хэвшинжүүд, томуугийн А, В, A(H1N1)pdm09 хэвшинж, аденовирүс, метапневмовирүс, бокавирүс, энтеровирүс, парэховирүс) илрүүлэхдээ FTD respiratory 21 (Fast-track Diagnostics, ref. FTD2-96/12) цомог, ABI 7500 Real time PCR System машин ашиглан мультиплекс Бх-УТ-ПГУ-ын шинжилгээний аргаар гүйцэтгэв.

Үр дүнгийн статистик боловсруулалт: Судалгааны үр дүнгийн статистик боловсруулалтыг STATA-SE/14.2 програм ашиглан хийв. Бүлэг хоорондын категор үзүүлэлтүүдийн ялгаатай байдлыг Хи квадрат тестээр тодорхойлсон. Вирусийн

тархалтыг вирус илрэлтийн хувиар илэрхийлж, 95%-ийн итгэх интервалтай тооцсон. $p < 0.05$ тохиолдолд статистикийн үнэн магадлалтай ялгаа гэж үзлээ.

Үр дүн:

Судалгаанд оролцогчдын ерөний мэдээлэл: Судалгааны хугацаанд нийт 34,896 хүний эмнэлзүйн

сорьцыг шинжлэн судлав. Судалгаанд хамрагдсан хүмүүсийг насны бүлгээр авч үзвэл 1-4 настай хүүхдүүд хамгийн их буюу нийт оролцогчдын 48.9% эзэлж байна. Нийт тохиолдлын 73.6% нь нийслэл Улаанбаатар хотод байлаа (Хүснэгт 1).

Хүснэгт 1.
Table 1.

Судалгаанд оролцогчдын насны бүлэг
Age groups of participants at study

Үзүүлэлт	Тоо	Хувь	p утга
Насны бүлэг	0-11с	4,991	14.3%
	1-4	17,073	48.9%
	5-14	5,060	14.5%
	15-34	3,833	11.0%
	35-64	3,343	9.6%
	65+	596	1.7%
Хүйс	Эр	16,664	47.8%
	Эм	18,232	52.2%
Нийт	34,896	100.0%	

Томуугийн вирусийн тархалт

Судалгаанд хамруулсан 34,896 хүний сорьцноос 4633 (13.3%)–д нь томуугийн вирус илэрсэн байна. Томуугийн вирус илэрсэн хувь 2014-2015 оны томуугийн улиралд хамгийн бага (7.5%) байсан бол 2019-2020 оны улиралд хамгийн өндөр (27.1%) байв ($p < 0.05$) (Зураг 1). 2019-2020 онд вирус илрэлтийн хувь өндөр байсан нь томуугийн дэгдэлтийн оргил үед сорьцонд вирус илрэлтийн хувь өндөр байснаас хамаарч байна.



Зураг 1. Томуугийн вирус илрэлтийн түвшин (2010-2020 он)

Figure 1. The positivity rate of influenza viruses (2010-2020)

Сүүлийн 10 жил нийт сорьцын 4,633 (13.3%)–т нь томуугийн вирус илэрснээс 52.2% нь А(Н3N2) дэд хэвшинж, 25.3% нь А(Н1N1)pdm09 дэд хэвшинж, 22.5% нь В хэвшинж байлаа (Зураг 2: Сэтгүүлийн

ар хавтасны өвөр талд үзнэ үү). Вирус илрэлтийн хөдлөлзүйг он дарааллаар авч үзэхэд томуугийн А(Н3N2) дэд хэвшинжийн вирус жил бүр орчилд идэвхитэйбайжвирусилрэлтийнхувь2010/11,2012/13, 2014/15, 2016/17, 2019/20 онуудад өндөр байжээ. А(Н3N2) дэд хэвшинжийн вирус давамгайлсан дээрх хугацаанд В хэвшинжийн вирусийн идэвхжил бага байсан зүй тогтол ажиглагдав.

Судалгааны хугацаанд нийт тохиолдлын 13.3% [95% ИИ=12.9-13.6]–д нь томуугийн вирус илэрсэн (Хүснэгт 2). Вирусийн тархалт 0-11 сартай хүүхдүүдэд хамгийн бага (8.7%), 5-14 насныханд хамгийн өндөр (18.9%) байв ($p < 0.001$).

Томуугийн вирусийн эсрэгтөрөгчийн шинж

2010-2020 онд ялгасан омгууд эсрэгтөрөгчийн шинжээрээ вакцины омогтой ерөнхийдөө ойролцоо байв. Эсрэгтөрөгчийн шинжээрээ тухайн жилийн вакцины омгоос ялгаатай тохиолдолцөөн байна. Үүнд 2012-2013 онд Монголд ялгасан А(Н3N2) вирусийн омгуудын 33.3% нь эсрэг төрөгчийн шинжээрээ вакцины А/Victoria/361/2011 омгоос ялгаатай, харин лавлагаа А/Yamaguchi/77/2011 омогтой ойролцоо байв (Хүснэгт 3). Мөн 2014-2015 оны томуугийн улиралд А(Н3N2) дэд хэвшинжийн омгууд вакцины А/Texas/50/2012 омгтой харьцуулахад 16 дахин бага таньцтай ялган дүйгдсэн нь эсрэгтөрөгчийн шинжээр эрс ялгаатай байсныг харуулж байна (Хүснэгт 4).

Хүснэгт 2.

Table 2.

*Томуугийн вирусийн тархалт насны бүлгээр
Prevalence of the influenza viruses by age group*

Үзүүлэлт	Бүгд	Вирус илэрсэн			р утга
		N	%	95% ИИ	
Насны бүлэг	0-11с	4,991	433	8.7	<0.001
	1-4	17,073	2,126	12.5	
	5-14	5,060	957	18.9	
	15-34	3,833	561	14.6	
	35-64	3,343	470	14.1	
	65<	596	86	14.4	
Хүйс	Эр	16,664	2,171	13.0	0.191
	Эм	18,232	2,462	13.5	
Харьяа	УБ	25,673	3,162	12.3	<0.001
	Аймаг	9,223	1,471	15.9	
Нийт	34,896	4,633	13.3	12.9-13.6	

Хүснэгт 3.

Table 3.

*2012-2013 онд ялгасан A(H3N2) вирусийн эсрэгтөрөгчийн шинж
Antigenic characterizations of A(H3N2) viruses isolated between 2012-2013*

№	Омгийн нэр	Сорьц авсан огноо (оо/сс/өө)	Лавлагаа ийлдсүүд					
			A/Nii/403 Cell	A/Mie/31 Cell	A/Vic/361 Cell	A/Sap/125 Cell	A/ Yam/77 Cell	A/ Shi/736 Cell
Лавлагаа эсрэгтөрөгчид								
1	A/Niigata/403/2009	2009/03/12	640	640	320	320	640	320
2	A/Mie/31/2011	2011/12/05	160	320	160	160	320	80
3	A/Victoria/361/2011	-	320	640	320	320	640	320
4	A/Sapporo/125/2012	2012/11/01	80	160	160	160	160	80
5	A/Yamaguchi/77/2011	2011/12/09	160	160	160	160	320	80
6	A/Shizuoka/736/2009	2009/05/23	640	640	320	320	640	640
Монгол омгууд								
1	A/Sainshand/731/2013	2013/02/06	80	160	160	160	160	40
2	A/Khovd/634/2013	2013/02/04	40	80	80	80	160	40
3	A/Ulaanbaatar/702/2013	2013/02/05	<10	<10	160	160	160	40

2014-2015 онд ялгасан A(H3N2) вирусийн эсрэгтөрөгчийн шинж
Antigenic characterizations of A(H3N2) viruses isolated from 2014 to 2015

№	Омгийн нэр	Сорьц авсан огноо (оо/сс/өө)	Лавлагаа ийлдсүүд					
			A/ Tex/50	A/ NY/39	A/ Sw/9715293	A/ Sak/72	A/ Gif/46	A/ Hyo/304
Лавлагаа эсрэгтөрөгчид								
1	A/Texas/50/2012	2014/07/18	2560	2560	640	640	320	640
2	A/New York/39/2012	2014/07/29	1280	2560	1280	320	320	320
3	A/Switzerland/9715293/2013	2014/09/24	80	320	1280	320	80	320
4	A/Sakai/72/2014	2013/12/06	40	40	40	160	80	80
5	A/Gifu/46/2014	2016/11/26	160	160	80	640	640	640
6	A/Hyogo/3054/2014	2014/11/14	320	320	320	640	640	1280
Монгол омгууд								
1	A/Khovd/411/2015	2015/01/13	160	160	640	320	640	320
2	A/Khovd/422/2015	2015/01/14	160	640	640	320	320	320
3	A/Arvaikheer/321/2015	2015/01/14	160	80	320	160	160	80
4	A/Ulaanbaatar/538/2015	2015/01/22	160	160	320	320	160	160
5	A/Ulaanbaatar/545/2015	2017/01/25	160	320	160	160	160	160
6	A/Ulaanbaatar/803/2015	2015/02/05	160	160	320	320	320	160

Томуугийн A(H1N1)pdm09 вирусийн HA генийн удмын холбоо

Монгол улсад 2010-2020 онд ялгасан томуугийн A(H1N1)pdm09 вирусийн 40 омгийн HA генийн удмын шинжийг тодорхойллоо. A(H1N1) pdm09 вирусийн омгууд удмын хувьд 7, 6с, 6b, 6b.1A, 6b.1A/183P-5 гэсэн 6-н бүлэгт хамаарч байна. Сүүлийн жилүүдэд манайд ялгасан A(H1N1)pdm09 омгууд 6b.1A/183P-5 бүлэгт хамаарч Европ, Америк тивд ялгасан омгуудтай ойролцоо байна (Зураг 3). Бид өөрийн орны лабораторид A(H1N1)pdm09 вирусийн 6 омгийн HA генийн нуклеотидын дарааллыг тогтоож GISAID ген банканд байршуулав (Бүртгэлийн дугаар: EPI533541, EPI498509, EPI498509, EPI533541, EPI579923, EPI1190130).

Томуугийн A(H3N2) вирусийн HA генийн удмын холбоо

2010-2020 онд ялгасан A(H3N2) вирусийн 41 омгийн HA генийн удмын шинжийг тодорхойлсон дүнгээр манайд ялгасан омгууд 1, 3с, 3с.3A, A3, A2, A1b/137F, A1b/135K, A1b/197R гэсэн 8-н бүлэгт хамаарч байлаа. 2018-2019 оны Монгол омгууд 3с.3A, A1b/197R бүлэгт хамаарч Америк, Австрали омгуудтай ойролцоо, 2019-2020 оны омгууд A1b/135K, A1b/137F бүлэгт хамаарч Ази омгуудтай

ойролцоо байв (Зураг 4).

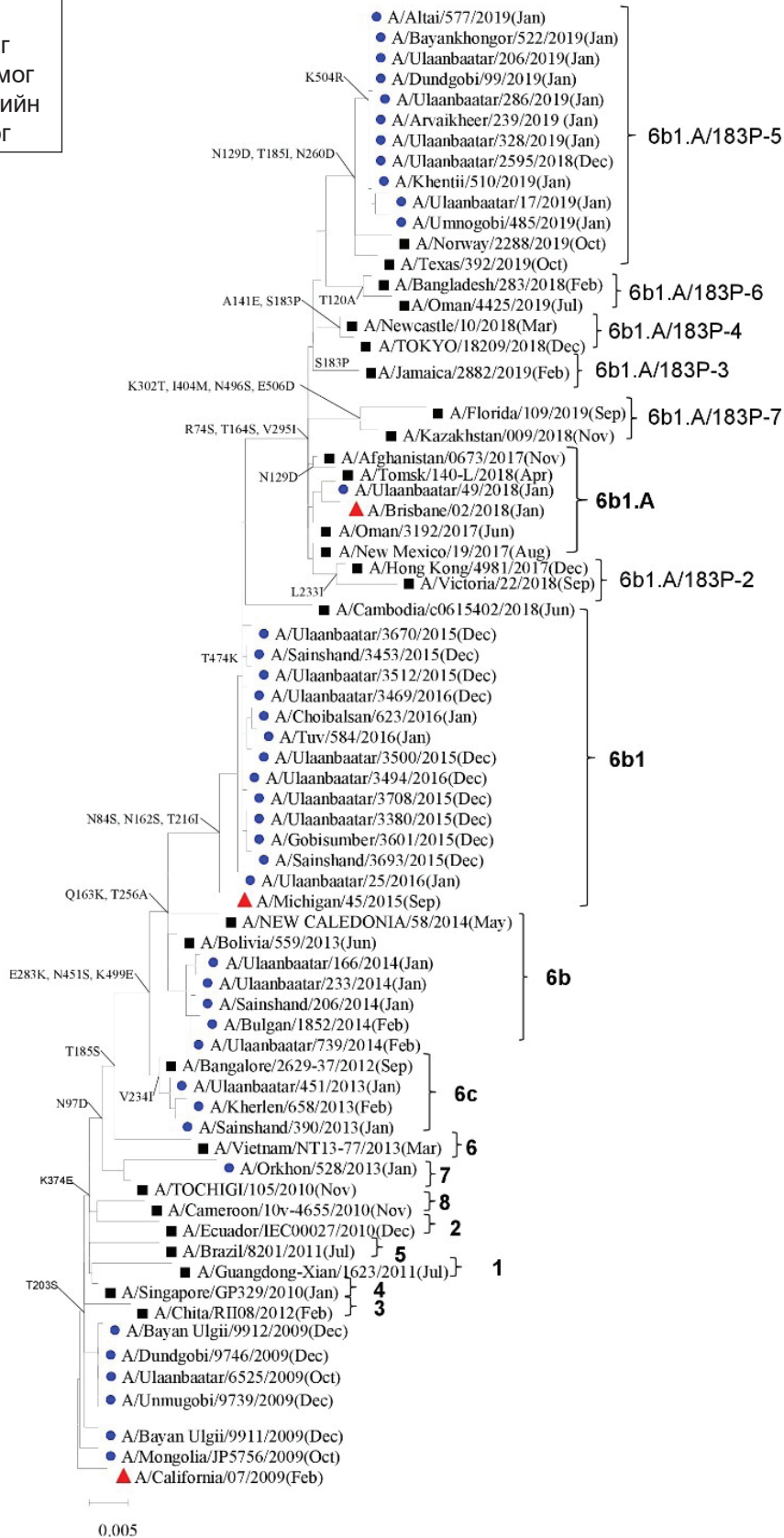
Бид өөрийн лабораторид A(H3N2) вирусийн 27 омгийн HA генийн нуклеотидын дарааллыг тогтоож ген банканд байршуулав (Бүртгэлийн дугаар: EPI930845, EPI930840, EPI925798, EPI917335, EPI903982, EPI903981, EPI903979, EPI903978, EPI903976, EPI874765, EPI874763, EPI874760, EPI873643, EPI873642, EPI646574, EPI646573, EPI646572, EPI646571, EPI646570, EPI1129952, EPI903980, EPI553348, EPI498508, EPI461848, EPI461845, EPI461838, EPI443680).

Томуугийн B вирусийн HA генийн удмын холбоо

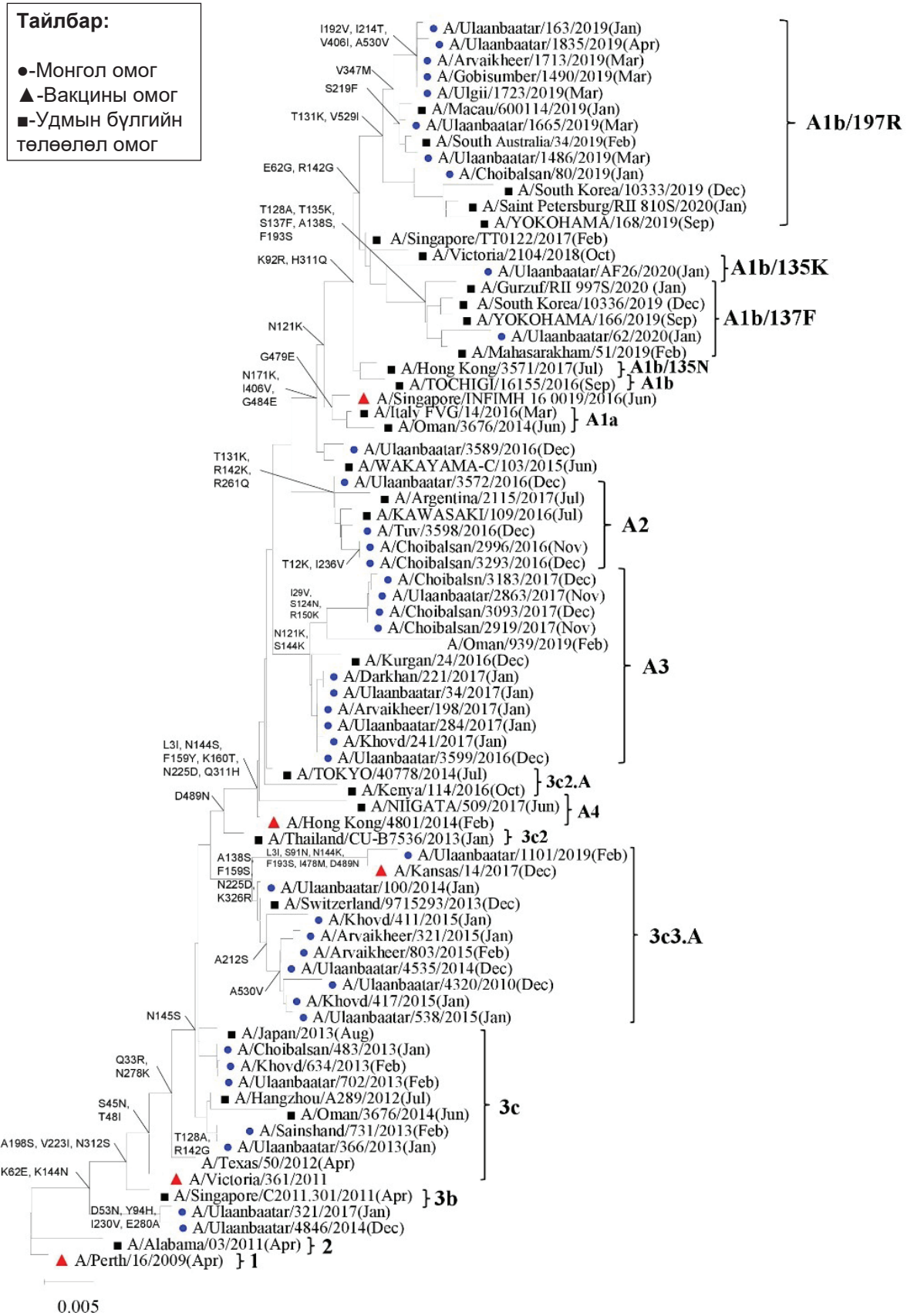
2010-2020 онд ялгасан томуугийн B хэвшинжийн 57 омгийн HA генийн удмын шинжийг тодорхойлоход 25 нь Victoria хувилбарын 1A бүлэгт хамаарч байсан (Зураг 5) бол 32 нь Yamagata хувилбарын 3-р бүлэгт хамаарч байв. Сүүлийн жилд ялгасан Victoria хувилбарын омгууд V1A.3 гэсэн дэд бүлэгт хамаарч, Америк омогтой удмын хувьд ойролцоо байсан. Томуугийн B вирусийн 8 омгийн HA генийн нуклеотидын дарааллыг бид тогтоож ген банканд байршуулав.

Тайлбар:

- Монгол омог
- ▲-Вакцины омог
- Удмын бүлгийн төлөөлөл омог



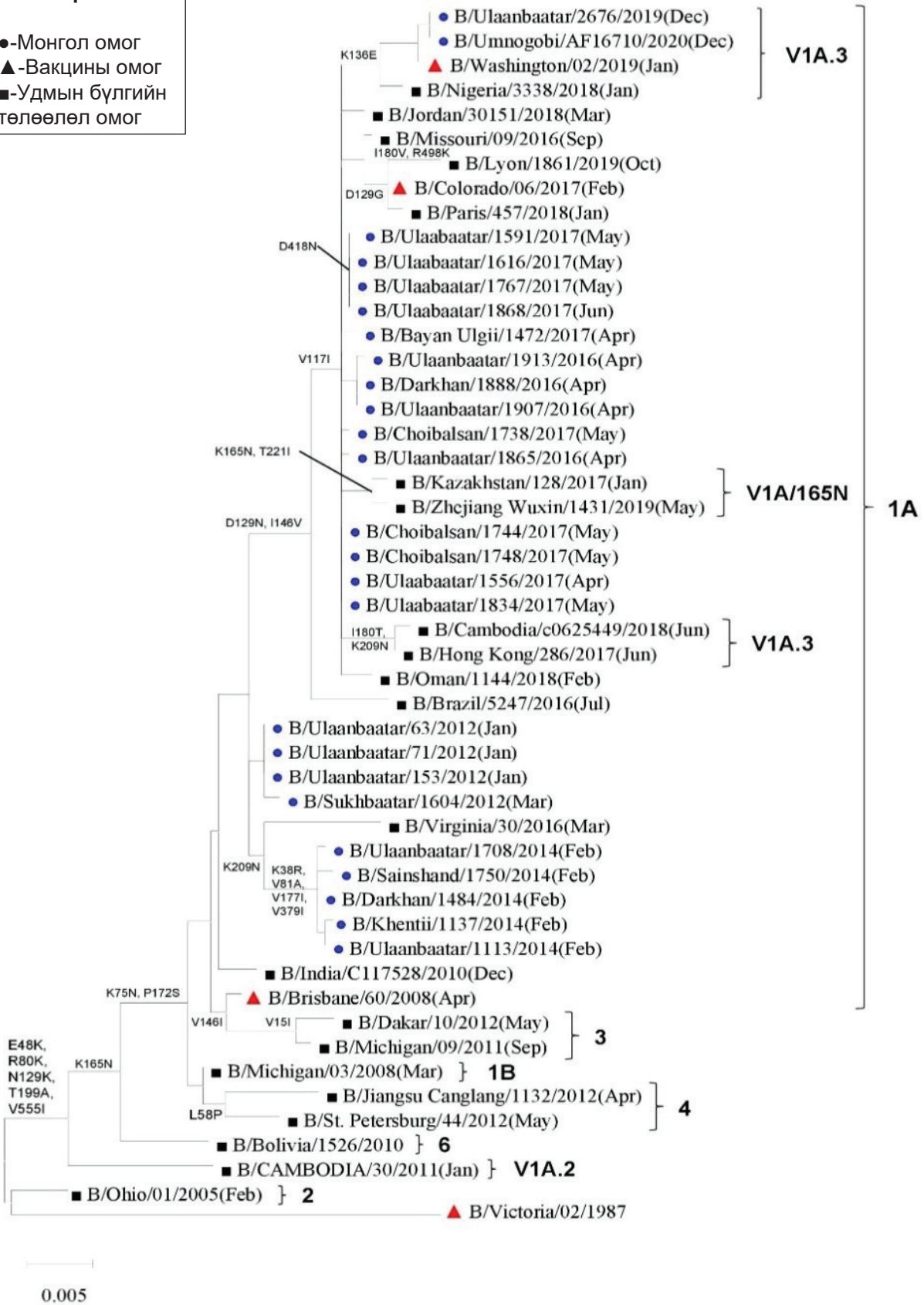
Зураг 3. 2010-2020 онд Монгол улсад ялгасан томуугийн A(H1N1)pdm09 вирусийн HA генийн удмын холбоо
 Figure 3. The Phylogenetic tree of HA gene of influenza A(H1N1)pdm09 viruses isolated from 2010 to 2020



Зураг 4. 2010-2020 онд Монгол улсад ялгасан томуугийн A(H3N2) вирүсийн HA генийн удмын холбоо
 Figure 4. The Phylogenetic tree of HA gene of influenza A(H3N2) viruses isolated from 2010 to 2020

Тайлбар:

- Монгол омог
- ▲-Вакцины омог
- Удмын бүлгийн төлөөлөл омог



Зураг 5. 2010-2020 онд Монгол улсад ялгасан томуугийн Victoria хувилбарын B вирусийн HA генийн удмын холбоо
 Figure 5. The Phylogenetic tree of HA gene of influenza B viruses isolated from 2010 to 2020

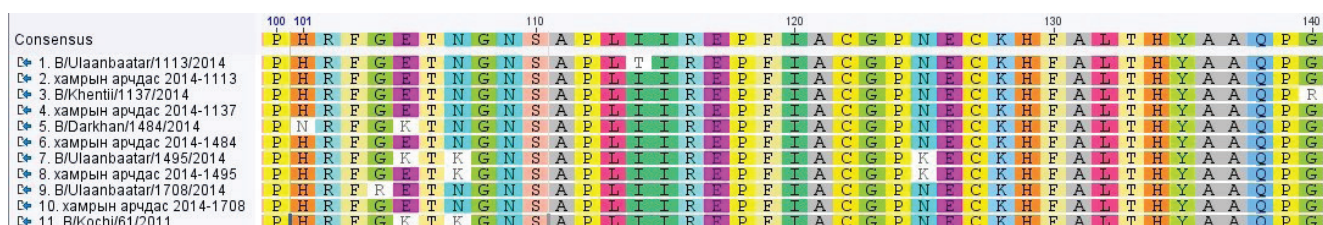
Хүснэгт 5.

Table 5.

Флуоресценцэд суурилсан НСУ-ын шинжилгээний дүн
Fluorescence based NAI test result

	Оселтамивир		Занамивир		Перамивир	
	IC50(nM)	Өсөлт	IC50(nM)	Өсөлт	IC50(nM)	Өсөлт
B/Ulaanbaatar/1113/2014	9.2	-	0.9	-	11.8	10
B/Khentii/1137/2014	13.3	-	0.9	-	7.2	10
B/Darkhan/1495/2014	117.9	15	21	10	1525.5	2500
B/Ulaanbaatar/1495/2014	58.3		7.9	10	3274.9	5000
B/Ulaanbaatar/1708/2014	3914.6	1000	1451	1000	287561	>100000

Тайлбар: (IC50) – Томуугийн вирусийн NA-ын идэвхийг 50% саатуулах эмийн төвирүүлэг. (Өсөлт) –Тухайн омгийн IC50-ийг эмэнд мэдрэг омгуудын медиан дундаж IC50 утгад харьцуулсан дүн. Энэ үзүүлэлт 10-100 дахин өсвөл эмэнд мэдрэг чанар буурсан, >100 дахин өсвөл эмэнд мэдрэг чанар хүчтэй буурсан гэж үзнэ (ДЭМБ).



Зураг 6. Эмэнд тэсвэржсэн омгуудын NA уургийн амин хүчлийн өөрчлөлт

Figure 6. Amino acid changes in NA protein of the drug resistant strains

ТТӨ үүсгэгчдийг судалсан дүн

Нийт 6,401 тохиолдлын 3,024 (47.2%)-т нь ТТӨ үүсгэгч илэрснээс 38.7% нь нэг төрлийн вирусийн халдвар, 8.6% нь хам халдвар байв. Үүсгэгчдийн тархалт 0-11 сартай хүүхдүүдэд хамгийн өндөр байсан бол нас ахих тусам буурч байна (p<0.001). Хам халдвар илэрсэн байдал нь мөн 0-11 сартайд

хамгийн өндөр (11.0%) байна (Хүснэгт 6). Үүсгэгчдээс риновирус 24.7%, АЗСВ 14.0%, иж томуугийн вирус 11.9%, коронавирус 10.9% давамгайлж байлаа. Иж томуугийн вирус-III хэвшинж 6.9%, коронавирус-43 хэвшинж 4.1% байж бусад хэвшинжүүдээс давамгайлж байна (Зураг 7).

Хүснэгт 6.

Table 6

ТТӨ үүсгэгчдийн тархалт насны бүлгээр

Prevalence of the respiratory pathogens by age groups

Үзүүлэлт		Нэг төрлийн вирусийн халдвар		Хам халдвар		Нийт	
		N	%	N	%	N	%
Насны бүлэг	0-11с	427	44.6	105	11.0	532	55.6
	1-4	1,478	41.0	369	10.2	1847	51.2
	5-14	291	34.3	42	4.9	333	39.2
	15-34	153	30.0	18	3.5	171	33.5
	35-64	106	26.8	11	2.8	117	29.6
	65<	21	26.3	3	3.8	24	30.1
Нийт	2,476	38.7	548	8.6	3,024	47.2	

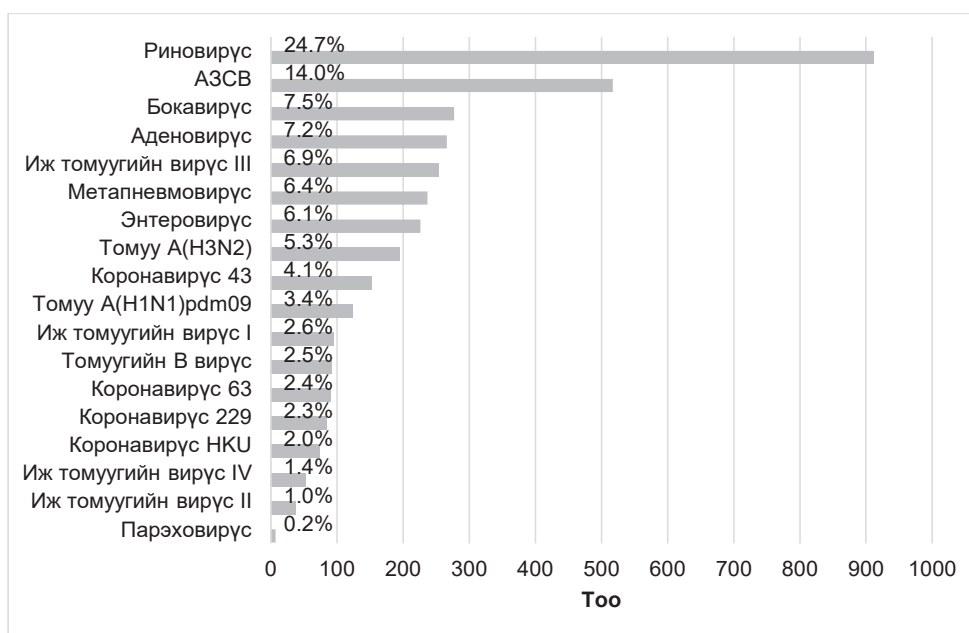
ТТӨ үүсгэгчдийн хөдлөлзүйг судалсан дүн

Бид 2011 оны 10 сараас 2020 оны 2 дугаар сар

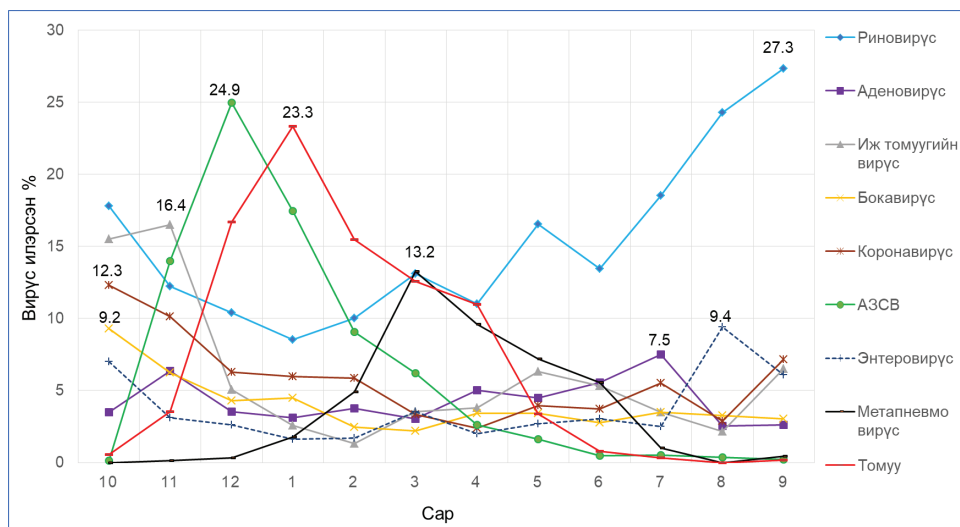
хүртэлх хугацаанд манай оронд орчилд байсан ТТӨ үүсгэгчдийн идэвхжилийг сорьсонд вирус

илрэлтийн хувиар тооцож, томуугийн вирүсийн хөдлөлзүйтэй харьцуулан судаллаа. Судалгааны дүнгээс үзэхэд Риновирус сар бүр идэвхитэй байсан ба оргил үе нь 9 дүгээр сард (27.3% [95% ИИ=24.3-31.4%]) тохиодог байна. Харин томуугийн улирал эхлэхэд буурах бөгөөд 1 дүгээр сард хамгийн бага илэрдэг байна. Аденовирус сар бүр идэвхитэй байж 7 сард (7.5% [95%ИИ=3.8-11.2%]) оргилдоо хүрсэн байна. Иж томуугийн вирус сар бүр илэрсэн ба 9 сараас идэвхжиж, 11 сард оргилдоо хүрч (16.4% [95%ИИ=13.9-19.1%]), томуугийн улирал эхлэхэд огцом буурах бөгөөд 2 сард хамгийн бага илэрсэн байна. Бокавирус сар бүр идэвхтэй байж, 10 сард хамгийн их (9.3% [95%ИИ=7.1-11.4%]) илэрсэн ба

томуугийн улирал эхлэхэд буурч 2-3 сард хамгийн бага илэрчээ. Коронавирус сар бүр тасралтгүй илэрч, 9-11 сард (12.3% [95%ИИ=9.8-14.8%]) оргилдоо хүрээд томуугийн улирал эхлэхэд буурсан байна. АЗСВ нь 7-10 сард маш бага эсвэл зарим жилд огт илрээгүй бөгөөд 11 сараас эрчимтэй идэвхжиж, 12 сард оргилдоо (25.0% [95%ИИ=21.6-28.3%]) хүрсэн байна. Метапневмовирус гол төлөв 1-2 сард идэвхжиж, 3 сард оргилдоо (13.3% [95%ИИ=10.5-16.0%]) хүрсэн байна. Өөрөөр хэлбэл, томуугийн идэвхжил буурч эхлэх үед идэвхжиж байна. Энтеровирус сар бүр илэрч, оргил үе нь (9.4% [95%ИИ=6.0-12.9%]) 8 сард тохиосон байна (Зураг 8).



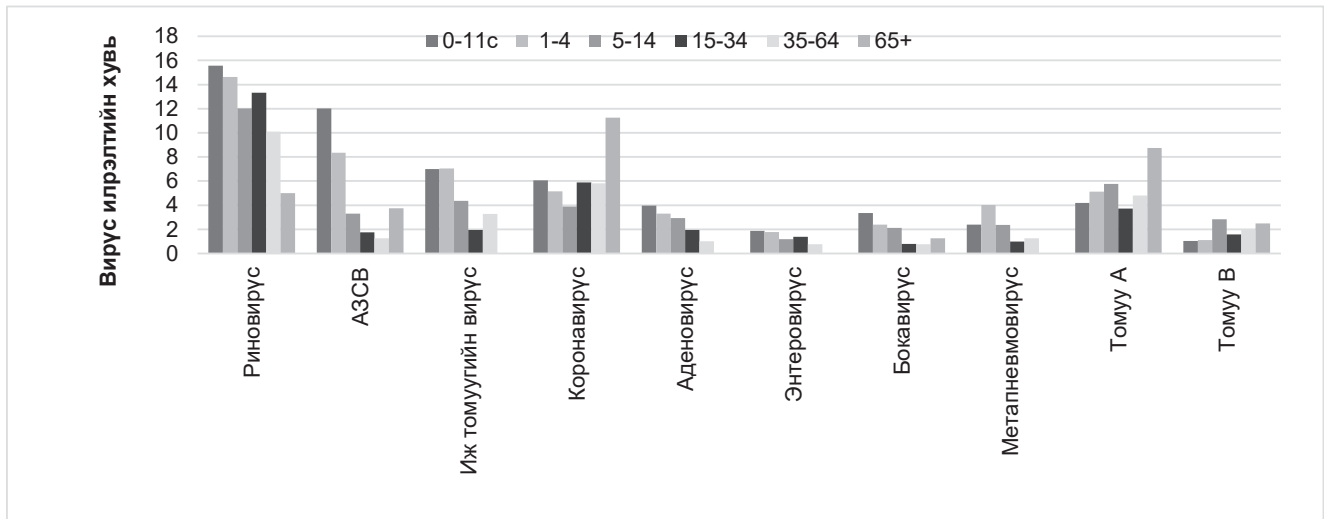
Зураг 7. ТТӨ үүсгэгчдийн бүрэлдэхүүн
Figure 7. The percentage of the respiratory pathogens



Зураг 8. Томуу ба ТТӨ үүсгэгчдийн идэвхжлийн динамик
Figure 8. Dynamics of Influenza and other respiratory pathogens

ТТӨ үүсгэгчдийн илрэлтийн түвшинг насны онцлогоос хамааруулж судлахад аденовирус, коронавирус, энтеровирус, бокавирус, метапневмовирус, иж томуугийн вирус, АЗСВ нь

0-11 сартай хүүхдүүдэд хамгийн өндөр илэрч байхад ($p < 0.05$) короварус нь 65-аас дээш насанд хамгийн өндөр илэрсэн байна (Зураг 9).



Зураг 9. ТТӨ үүсгэгчийн тархалт насны бүлгүүдэд
 Figure 9. The prevalence of the respiratory pathogens by age groups

Хэлцэмж: Монгол улсад 1974 оноос Эрүүл Ахуй, Халдвар, Нян Судлалын Улсын Институтэд Вирус судлалын лабораторийн суурь тавигдаж, ТТӨ-ий эмнэлзүйн болон эпидемиологийн ажиглалт судалгаа эхэлсэн [6]. Улмаар 1980-1988 онд Монгол улсын 18 аймаг, УБ хотын 6 эмнэлгийг оролцуулан лабораторит суурилсан тандалт өргөжсөн байна[17,18].

П.Нямдаваа нар 1980-1986, 1996-1998 онд Монголын Эрүүл Ахуй, Халдвар, Нян Судлалын Улсын Институтэд хийгдсэн судалгаагаар амьсгалын замын цомог халдвараар 15 хүртэл насны хүүхдийн өвчлөл зонхилж, 5 хүртэлх насны хүүхдүүд илүү өвчилсөн байна. Дээрх судалгаанд вирус ялгах шинжилгээг тахианы 9-11 хоногтой үр хөврөлд, өвчтөний хамар залгиурын арчдаснаас бэлтгэсэн наалдцанд вирусийн эсрэгтөрөгч илрүүлэх шинжилгээг ЗХУ-д бэлтгэсэн коньюгат ашиглан дархан туяаралт бичил харуурын шууд аргаар (ДТБХА), өвчтний цусны ийлдсэнд томуугийн вирусийн эсрэгбие илрүүлэх шинжилгээг цус наалдахыг саатуулах урвалын (ЦНСУ) шинжилгээний аргаа тодорхойлж байжээ. Шилжилтийн үед улс орны эдийн засгийн чадамж муудснаас 1998-2002 онд томуугийн вирусийн тандалт зогсонги байдалд орсон боловч, 2003 оноос эхлэн АНУ-ын Өвчний Хяналт, Сэргийлэлтийн Төв (ӨХСТ), АНУ-ын Хүний үйлчилгээний яамны санхүүжилтээр “Монгол оронд томуугийн

лабораторит суурилсан тандалтын сүлжээ байгуулах нь” гэрээт ажил хэрэгжиж, томуугийн вирусийн лабораторийн тандалтыг ДЭМБ-ын тандалтын стандартын дагуу, орчин үеийн лабораторид явуулах боломжтой болсон. Б.Дармаа нар 2003-2007 оны хүйтний улиралд MDCK эсийн өсгөвөр ашиглан томуугийн вирусийн 650 омгийг ялгаж, уламжлалт ПГУ-аар вирусийн хэвшинж болон дэд хэвшинжийг, ЦНСУ-аар вирусийн эсрэгтөрөгчийн шинжийг, M2 генийн нуклеотидын дараалал тогтоох хэсэгчилсэн аргаар (pyosequencing) А хэвшинжийн вирусийн адамантанд тэсвэржилтийг, нейраминидаз саатуулах урвал (НСУ)-аар вирусийн нейраминидазын саатуулуур эмэнд (оселтамивир, занамивир) тэсвэржилтийг тодорхойлж, нуклеотидын дараалал тогтоох Сангерын аргаар вирусийн NA, HA генийн бүрэн дарааллыг тогтоож, гадаад омгуудтай харьцуулсан удмын холбоо зураглажээ [19]. Дээрх судалгаануудаас үзэхэд томуугийн вирусийн тандалтыг зөвхөн томуугийн улиралд хамааруулан, өмнөх оны 10 дугаар сараас дараах оны 6 дугаар сар хүртэлх хугацаанд судалсан бол бид жил бүр, 12 сарын турш тасралтгүй судалснаараа ялгаатай юм. Мөн дээрх судалгаануудад хамарзалгиурын арчдасын наалдац бэлтгэн ДТБХА-аар шинжлэх, MDCK эсийн өсгөвөрт ялгасан вирусийн омгийг уламжлалт ПГУ-аар шинжлэх зэрэг уламжлалт шинжилгээний аргуудыг ашиглан томуугийн вирусийн хэвшинжийг ялган дүйсэн бол бид

судалгаандаа орчин үеийн, мэдрэг ба өвөрмөц чанар сайтай бодит хугацааны полимеразын гинжин урвалын (бхПГУ) шинжилгээний аргыг ашиглаж эмнэлзүйн нийт сорьцыг шинжлэн судалснаараа онцлог юм. Бид энэ судалгаагаар Монгол орны хүн амын дунд өвчлөл үүсгэн идэвхитэй орчилд байсан, томуу болон зарим ТТӨ үүсгэгчдийн бүрэлдэхүүн, тэдгээрийн динамикийн онцлогийг нилээд урт хугацааны турш нарийвчлан судалсан нь цаашдын судалгааны ажлын бааз болж, томуу, ТТӨ-тэй холбоотой нийгмийн эрүүл мэндийн асуудлыг шийдвэрлэх арга замыг улам сайжруулахад хувь нэмэр болох юм. Бид судалгаандаа Улаанбаатар хот болон Монгол улсын 21 аймгийн хүн амыг хамруулсан нь халдварт өвчин түүний дотор амьсгалын замын халдвар үүсгэгчийн тандалтанд хүн ам, бүс нутгийн хувьд тохиромжтой төлөөл болсон гэж үзэж байна. Судалгааны хугацаанд 34,896 хүнээс хамарзалгиурын арчдас сорьц цуглуулж томуугийн вирүсийг бхПГУ-ын шинжилгээгээр ялган дүйхэд вирүс илрэлтийн дундаж нь 13.3% [95% ИИ 12.9-13.6] байсан ба үүнээс 52.2% нь А(Н3N2), 25.3% нь А(Н1N1)pdm09, 22.5% В хэвшинж байв. Вирүс илрэлтийн хөдлөлзүйг он дарааллаар авч үзэхэд томуугийн А(Н3N2) дэд хэвшинжийн вирүс жил бүр идэвхжсэн ба вирүс илрэлтийн хувь өндөр (52.2%) байсан нь вирүсийн эсрэгтөрөгчийн өөрчлөлт В болон А(Н1N1)pdm09 вирүстэй харьцуулахад илүү байсантай холбоотой. Монголд илэрсэн томуугийн вирүсийн омгууд эсрэгтөрөгчийн шинжээрээ вакцины омогтой ерөнхийдөө ойролцоо байсан ч зарим жилүүдэд (2012-2013, 2014-2015) А(Н3N2) дэд хэвшинжүүд вакцины омгоос эрс ялгаатай байсан нь ЦНСУ-ын шинжилгээний дүнгээр батлагдсан. А(Н3N2) дэд хэвшинж болон В хэвшинжийн вирүсийн идэвхжилт ээлжлэх хандлагатай мэт ажиглагдсан ч сүүлийн 2 жил зөвхөн А(Н3N2) дэд хэвшинж давамгайлсан идэвхжсэн дүнгээс үзэхэд ирэх жилүүдийн томуугийн улиралд аль хэвшинж нь хэрхэн идэвхжиж өвчлөл үүсгэхийг таамаглахын аргагүй байна. Ерөнхийдөөдэлхий дахинд томуугийн А(Н3N2) дэд хэвшинжийн вирүсийн тархалт өндөр байна. Тухайлбал дэлхийн бөмбөрцгийн хойт хагасын улс орнуудад хийсэн судалгаагаар А(Н3N2) дэд хэвшинжийн вирүс дийлэнх (51.2%) хувийг эзэлж байв [20]. Египтэд 2012-2015 онд хийсэн судалгаагаар сорьцонд томуугийн вирүсийн илрэлт дунджаар 13% байсан ба 15 хүртэлх насныханд вирүс илрэлтийн хувь хамгийн өндөр, 15-аас дээш насныханд буурах хандлагатай байсан [21] нь манай судалгааны дүнтэй ерөнхийдөө дүйж байна. 2008-2010 онд Африкийн бүс нутгийн Танзани улсад хийгдсэн тандалт

судалгааны дүнгээр нийт сорьцын 8%-д томуугийн вирүс илэрснээс 6.5% нь А(Н3N2) дэд хэвшинж давамгайлсан А хэвшинж, 1.1% нь В хэвшинж байсан [22]. нь бидний судалгааны дүнгээс доогуур байна. Цаг уурын халуун дулаан уур амьсгалтай газар оронд томуугийн вирүсийн идэвхжилт харьцангуй бага байж болох юм. Манай улсад, дулаан улиралд томуугийн вирүсийн идэвхжил мөн бага байдаг.

Судалгаанд хамрагдагсдаас 1-4 насныхан дийлэнх (48.9%) хувийг эзэлж байгаа нь энэ насныхан томуу, ТТӨ-ний шалтгаанаар эмнэлгт хандах нь их байдгийг харуулж байна. Харин насанд хүрэгчид тухайн өвчний шалтгаанаар эмнэлгт хандах нь харьцангуй ховор байдгаас шалтгаалж сорьцын тоо цөөн байхад нөлөөлсөн байж болох юм.

Бидний судалгаагаар томуугийн вирүсийн тархалт 0-11 сартай хүүхдүүдэд хамгийн бага (8.7%), 5-14 насныханд хамгийн өндөр (18.9%) ($p < 0.001$) байлаа. Харин ТТӨ үүсгэгчдийн тархалт 0-11 сартай хүүхдүүдэд (15.0%), 1-4 насныханд хамгийн өндөр (56.4%) ($p < 0.001$) байв. Бельги улсад 2017 онд 6 сартайгаас 10 настай 6266 хүүхдийг хамруулсан судалгаагаар 5-аас дээш насныханд томуугийн вирүсийн тархалт хамгийн өндөр (21.3%) байсан ба хүүхдийн нас ахих тусам тархалт буурч 3-5 насныханд томуугийн вирүс илрэлтийн хувь 15.6% байжээ [23]. Харин ТТӨ үүсгэгч вирүсийн илрэлтийн хувь 5-аас доош насныханд өндөр тодорхойлогдсон байна [23,24]. Бидний судалгааны дүн дээрх судалгаатай тохирч байна. Үүнээс үзэхэд томуугийн вирүсийн тархалт 5-аас доош насны хүүхдүүдэд бага, хүүхдийн нас ахих тусам нэмэгдэж байсан бол томуу төст вирүсийн тархалт эсрэг шинж чанартай байна. Үүнийг шалтгааныг ТТӨ үүсгэгч бусад вирүсийн онцлог болон хүүхдийн дархлаа судлалын нарийн судалгаагаар тайлбарлах шаардлагатай юм.

Томуугийн вирүс илрэлтийн хувь 5-14 насны хүүхдүүдийн дунд өндөр байгаа нь гадны улс орнуудад хийгдсэн олон судалгааны үр дүнтэй тохирч байна [9, 10]. Бернхард болон Маркус нарын судалгаанд 0-15 насны хүүхдүүдийн дунд томуугийн вирүс илрэх хувь 15-аас дээш насныхантай харьцуулахад харьцангуй өндөр байгааг харуулж байна. Энэ нь томуугийн вирүсийн дамжин тархах шинж чанартай холбоотой байж болох юм. Испасито нарын судалгаагаар томуугийн А(Н1N1)pdm09 вирүсийн халдвартай 15 хүртэлх насны хүүхдүүдийн 47% нь эмнэлзүйн шинж тэмдэг эхэлснээс хойш 9 хоног, 19% нь 13 хүртэлх хоногийн хугацаанд гадаад орчинд вирүсийг ялгаруулсаар байжээ [25].

Улаанбаатар хотод 1980-1986 онд бүртгэгдсэн амьсгалын замын цочмог халдвар үүсгэгчийн бүрэлдэхүүнийг судлах зорилгоор, ДТБХ-ын аргаар 2422 ширхэг хамар залгиурын арчдас шинжлэн судлахад томуугийн А хэвшинжийн вирус 343 (14,2%), томуугийн В хэвшинжийн вирус 147 (6,1%), иж томуугийн вирус 284 (11,7%), аденовирус, АЗСВ 62 (2,5%) илэрч, томуугийн А хэвшинж болон иж томуугийн вирус давамгайлсан байна[17,18].

С.Цацрал нар 2007-2008 онд ХӨСҮТ-ийн вирус судлалын лабораторит томуугийн улиралд цуглуулсан 1088 хамар залгиурын арчдас сорьцыг холимог эсийн өсгөвөрт халдааж томуу, ТТӨ үүсгэгч 4 төрлийн 7 хэвшинжийн вирусийг өсгөвөрлөн моноклонал эсрэгбие ашигласан ДТБХ-ын аргаар шинжилжээ. Судалгаагаар нийт 125 (11,5%) сорьцонд нь ТТӨ үүсгэгч вирус илэрснээс 48 (38,4%) нь томуугийн вирус, 35 (28%) нь иж томуугийн вирус, 22 (17,6%) нь аденовирус, 20(16%) нь амьсгалын замын синцитиаль вирус тодорхологджээ [26]. Мөн 2008-2009 онд цуглуулсан 341 хамар, залгиурын арчдас сорьцонд 18 төрлийн амьсгалын замын өвчин үүсгэгчдийг илрүүлэх судалгаа хийхэд 71 (70.3%)-д нь 10 төрлийн вирус илэрснээс 30 (29.7%) нь хүний метапневмовирус, 13 (12.9%) нь риновирус, 11 (10.9%) нь иж томуугийн вирус тус тус эзэлж байв [27].

Ч.Майцэцэг нар 2010-2011 онд цуглуулсан 247 сорьцонд мультиплекс бх-ПГУ-ын шинжилгээний аргууд ашиглан ТТӨ үүсгэгчдийг илрүүлсэн дүнгээр амьсгалын замын синцитиаль вирус 59(8.9%), Риновирус 45(6.8%), Иж томуугийн вирус 39 (5.9%) байж бусад үүсгэгчдээс давамгайлж байв. Эдгээрээс гадна хам халдварын тохиолдол 46 (7%) байсны дунд АЗСВ 28.3%, томуугийн А хэвшинжийн вирус, риновирус, аденовирус тус бүр 17.4%-ийг эзэлж байв [28]. Мөн 2008 оны 11 дүгээр сараас 2011 оны 10 дугаар сарыг дуустал хугацаанд цугларсан 1339 сорьцонд Люксембургийн Fast Track Diagnostics пүүсийн оношлуур ашиглан мультиплекс бх-ПГУ-аар томуу, ТТӨ-ий 18 төрлийн үүсгэгчийг шинжлэн судалжээ. Судалгааны дүнгээр манай оронд томуугийн бус амьсгалын замын вирусүүдээс риновирус 115 (18.6%), иж томуугийн вирус 75 (12.1%), АЗСВ 73 (11.8%) байсан нь бусад үүсгэгчдээс давамгайлж байв [29]. Дээрх судалгаануудын дүнгээс үзэхэд риновирус, АЗСВ-ийн тархалт өндөр байсан нь бидний судалгааны дүнтэй ерөнхийдөө дүйж байна.

ОХУ-д 2012-2017 онд хийсэн томуугийн вирус, иж томуугийн вирусийн 1-4 хэвшинж, АЗСВ, метапневмовирус, коронавирүс, риновирүс, аденовирүс, бокавирүс илрүүлэх судалгаагаар АЗСВ

22.1%, риновирүс 15.1% хамгийн элбэг тохиолдож байсан ба эерэг сорьцын 14.5% –ийг хам халдвар эзэлж байжээ [30,31].

БНХАУ-д 2009-2013 онд хийсэн судалгаагаар нийт сорьцын 36.6%-д үүсгэгч илэрснээс АЗСВ (9.9%), томуугийн вирус (6.6%), иж томуугийн вирус (4.8%), аденовирус (3.4%), бокавирүс (1.9%), метапневмовирус (1.5%), коронавирүс (1.4%) байв. Харин хам халдварын тохиолдол 7.2% байсан ба 2-оос бага насныханд АЗСВ-илрэлт их (17%) байжээ [32]. Австрали улсын Мурдокийн Хүүхдийн Судалгааны Хүрээлэнд нэг жилийн хугацаанд, 0-10 хүртэлх насны 3717 хүүхдийг хамруулсан судалгаагаар нийт сорьцын 2958(79.6%)-д амьсгалын замын вирус илэрсэн.

Дээрх судалгаануудаас үзэхэд ТТӨ үүсгэгч бусад вирусийн тархалт ехөнхийдөө ойролцоо байна. Бидний судалгаагаар риновирүсийн тархалт бусад вирүстэй харьцуулахад хамгийн өндөр байсан ба нийт вирүсийн бүрэлдэхүүний 24.7%-ийг эзэлж байсан бол зарим судалгаагаар АЗСВ давамгайлан илэрсэн дүнтэй байгаа нь уг судалгааг зөвхөн хүйтний улирлыг хамруулан хийсэн эсвэл тухайн жилийн вирүсийн идэвхжилтийн онцлогоос хамааралтай байж болох юм.

Дэлхий дахинд томуугийн вирус хурдтай хувьсан өөрчлөгдөж удмын хувьд олон бүлэгт хуваагдаж байна. Хемаглютинин генийн удмын холбоог тодорхойлбол А(H1N1)pdm09 дэд хэвшинжийн вирус нийт 17 бүлэгт, А(H3N2) дэд хэвшинжийн омгууд 21 бүлэгт, В хэвшинжийн Victoria хувилбарын омгууд 7 бүлэгт, Yamagata хувилбарын омгууд 3 бүлэгт хуваагдсан байна. Монгол улсад 2010-2020 онд ялгасан томуугийн А(H1N1)pdm09 дэд хэвшинжийн омгууд удмын хувьд 7, 6с, 6b, 6b.1A, 6b.1A/183P-5 гэсэн 6-н бүлэгт хамаарч байна. Сүүлийн жилүүдэд манайд ялгасан А(H1N1)pdm09 дэд хэвшинжийн омгууд N129D, T185I, N260D, K504R гэсэн аминхүчлийн маркер бүхий 6b.1A/183P-5 бүлэгт хамаарч А/Norway/2288/2019(H1N1)pdm09, А/Texas/392/2019(H1N1)pdm09 зэрэг Европ, Америктивд ялгасан омгуудтай ойролцоо байв. Удмын холбооноос үзэхэд манай омгуудтай адил цаг үед ялгасан А/Oman/4425/2019(H1N1)pdm09 омог 6b1.A/183P-6 бүлэгт, А/Jamaica/2882/2019(H1N1)pdm09 омог 6b1.A/183P-3 бүлэгт, А/Florida/109/2019(H1N1)pdm09 омог 6b1.A/183P-7 бүлэгт хамаарч байсан нь тухайн цаг үед өвчлөл үүсгэж байсан омгууд удмын хувьд ялгаатай байсныг илтгэж байна.

Томуугийн А(H3N2) дэд хэвшинжийн омгуудын НА генийн удмын шинжийг тодорхойлсон дүнгээр манайд ялгасан омгууд 1, 3с, 3с.3А, А3, А2, А1b/137F,

A1b/135K, A1b/197R гэсэн 8-н бүлэгт хамаарч байв. Монголд 2018-2019 онд ялгасан омгууд T131K, V529I аминхүчлийн маркер бүхий 3с.3А, A1b/197R бүлэгт хамаарч Австрали, Европ, Ази тивийн орнуудад ялгасан A/South Australia/34/2019(H3N2), A/Saint Petersburg/RII810S/2020 (H3N2), A/South Korea/10333/2019 (H3N2), A/Macau/600114/2019 (H3N2) омгуудтай ойролцоо байсан. Харин 2019-2020 онд ялгасан омгууд аминхүчлийн T128A, T135K, S137F, A138S,F193S маркертай A1b/135K, A1b/137F бүлгүүдэд хамаарч Азийн A/South Korea/10336/2019(H3N2), A/YOKONAMA/166/2019(H3N2), A/Mahasarkham/51/2019(H3N2) омгуудтай ойролцоо байв. Энэ үед аминхүчлийн N121K, S144K маркер бүхий A3 бүлэгт хамаарах A/Oman/939/2019(H3N2) гэх мэт омгууд орчилд байсан байна. Үүнээс үзэхэд амьсгалын замын вирусийн халдвар нь тив дэлхийн улс орнуудыг дамжин маш хялбархан тархдаг глобал шинж чанартай нь тодорхой байна. Томуугийн A(H3N2) вирусийн тархалт өндөр бөгөөд удмын хувьд олон бүлэгт хуваагдаж байгаа нь уг хэвшинж байгаль дээр илүү хувьсамхай шинж чанартай байгааг мөн нотолж байна.

2010-2020 онд ялгасан томуугийн В хэвшинжийн омгуудын НАгенийн удмын шинжийг тодорхойлоход тэдгээрээс 25 нь Victoria хувилбарын 1А бүлэгт хамаарч байсан бол 32 нь Yamagata хувилбарын 3-р бүлэгт хамаарч байв. Бид урвалж оношлуурын нөөц боломжоос шалтгаалан судалгааны нийт хугацаанд томуугийн В хэвшинжийн вирусийн хувилбаруудыг ПГУ-аар ялган дүйсэнгүй. Нуклейн хүчлийн дараалал тогтоох шинжилгээний дүнгээр манай улсад томуугийн В хэвшинжийн Victoria ба Yamagata хувилбарын вирусийн омгууд 2013-2014, 2015-2016 онуудад холимог бусад онуудад дан байдлаар идэвхжиж, өвчлөл үүсгэжээ. Бидний 2013-2017 онд хийсэн томуугийн В хэвшинжийн вирусийн судалгааны дүнгээр Victoria/Yamagata хувилбарын эзлэх хувь 2013-2014 онд 147(45.9%)/173(54.1%), 2014-2015 онд 0(0%)/22(100%), 2015-2016 онд 127(69%)/57(31%), 2016-2017 онд 18(100%)/0(0%) тус тус тодорхойлогдсон байдаг [33]. Үүнээс үзэхэд В хэвшинжийн вирусийн Victoria болон Yamagata хувилбарууд харилцан адилгүй идэвхжиж өвчлөлийн шалтгаан болсон байна.

Судалгааны хугацаанд, манай оронд томуугийн вирусийн илрэлт дундажаар өмнөх оны 9 сараас эхэлж дараах оны 7 сар хүртэл үргэлжилсэн байна. Томуугийн вирус ид хүйтний улиралд идэвхжиж, 1 сард оргилдоо хүрсэн ба вирус илрэлтийн хувь

хамгийн өндөр (23.3%) байсан.

ТТӨ үүсгэгч бусад вирусийн хувьд ихэнхдээ томуугийн вирусийн дэгдэлт эхлэхээс өмнө, эсвэл дэгдэлийн хожим үед идэвхжсэн байна. Тэдгээрээс зарим нь томуугийн вирусийн адил улираллаг шинж чанартай эпидем үүсгэсэн байна. Тухайлбал АЗСВ 7-10 дугаар сард маш бага илрэлттэй байснаа 11 дүгээр сараас идэвхжил эрчимтэй нэмэгдэж, 12 дугаар сард оргил (25.0% [95% ИИ=21.6-28.3%]) үедээ хүрдэг байна. Өөрөөр хэлбэл, томуугийн идэвхжил эхлэхээс 1 сарын өмнө идэвхжиж, томуугийн оргил үед буурч эхэлдэг байна. Метапневмовирус гол төлөв 1-2 дугаар сард идэвхжиж, 3 дугаар сард оргил (13.3% [95% ИИ=10.5-16.0%]) үедээ хүрдэг. Үүнээс үзэхэд томуугийн вирусийн идэвхжил буурч эхлэхэд метапневмовирус идэвхжиж эхэлж байгаа зүй тогтол ажиглагдаж байна. Риновирус нь тархалтын хувьд хамгийн өндөр (27.3% [95% ИИ=24.3-31.4%]) хувийг эзэлж байсан. Энэ вирус сар бүр, тасралтгүй орчилд байсан ба оргил үе нь 9 дүгээр сард тохиолдож байгаа нь намар сургууль, цэцэрлэгт хийчээлийн шинэ жил эхлэх үед хүн амын бөөгнөрлөөс шалтгаалан тархалт нь улам нэмэгдэж байгааг харуулж байна. Эдгээр вирусийн улираллаг шинж чанарт тулгуурлан цаашид хүн амыг тухайн вирусийн эсрэг, улирал угтсан дархлаажуулах төлөвлөгөө боловсруулах боломжтой юм. Томуугийн вирусийн халдвараас сэргийлэх хамгийн найдвартай арга нь томуугийн эсрэг вакцин боловч вакцины олдоц, хүрэлцээ ховор байдаг. Мөн хөгжиж буй орнуудад хүүхэд болон жирэмсэн эмэгтэйчүүдэд зориулсан үндэсний хэмжээний томуугийн эсрэг вакцинжуулалтын хөтөлбөр байдаггүй. Сүүлийн жилүүдэд дэлхий дахинд АЗСВ-ийн тандалт, молекул генетикийн судалгаа эрчимтэй хийгдэж байгаа бөгөөд эрдэмтэд ойрын 3 жилийн хугацаанд уг вирусийн эсрэг вакцин бүтээх төлөвлөгөөтэй байгаа юм.

Улс орон бүр вирусийн эсрэг хэрэглэх эмэнд тэсвэржилтийн байдлыг судлах шаардлагатай. Үүгээр вирус хэрхэн хувьсаж байгаа болон түүний эсрэг эмчилгээг зөв оновчтой хийхэд чухал ач холбогдолтой байдаг. Монгол улсад 2005 оноос өмнө томуугийн вирусийн эмэнд тэсвэржилтийн байдал судлагдаагүй байсан. Харин 2005-2007 онд хийсэн судалгаагаар 2005 оны 12 сард Монголд ялгасан томуугийн A(H3N2), A(H1N1)pdm09 вирусийн 12 омгийг шинжилж үзэхэд A(H3N2) омгуудын тал хувь нь адаманд тэсвэржсэн, A(H1N1)pdm09 омгууд адаманд мэдрэг хэвээр байжээ [19]. Харин 2006-2007 онд ялгасан A(H3N2) ба A(H1N1)pdm09 омгуудын аль ч дэд хэвшинжид

адамтанд тэсвэржилтийн хувь өсч (90.9-100%), улмаар 2008-2009 он гэхэд А хэвшинжийн бүх омгуудад М2 уургийн S31N мутациар нөхцөлдсөн адамтанд тэсвэржсэн ген удамшиж уг эмийн хэрэглээ үр дүнгүй болсныг илтгэсэн. Томуугийн А хэвшинжийн вирүсийн адамтанд тэсвэржих явц дэлхий дахинд, асар богино хугацаанд, бараг нэгэн зэрэг явагдсан тухай гадаадын олон судлаачдын судалгааны дүн харуулсан байдаг. Үүнээс үзэхэд томуугийн вирүсийн генд нэгэнт үүссэн мутаци байгалийн шалгарлаар дэмжигдвэл асар хурдтай, өргөн цар хүрээнд тархаж чаддаг болох нь тодорхой байна. Бидний судалгааны дүнгээр 2010-2020 он хүртэл Монголд ялгасан томуугийн А хэвшинжийн омгуудын М2 уургийн молекулд адамтанд (М2 уургийн хориг) тэсвэржилтийг нөхцөлдүүлэгч аминхүчлийн S31N өөрчлөлт удамшсан хэвээр байгаа юм. Манай улсад 2007, 2010 онд нейраминидазын саатуулуурт (оселтамивирт) тэсвэржсэн томуугийн А(H1N1) вирүсийн тохиолдол маш бага (0.6%) хувиар илэрснээс хойш одоог хүртэл дахин илэрсэнгүй. Энэ нь манай орны хүн ам томуугийн эсрэг хими заслын хэрэглээ төдийлөн байдаггүйгээс гадна дэлхий дахинд нейраминидазын саатуулуурт тэсвэртэй томуугийн вирүсийн тархалт хязгаарлагдмал байгаагаар холбоотой юм. Одоогоор НАС-т тэсвэртэй вирүсийн тархалт хязгаарлагдмал байгаа хэдий ч Япон, АНУ зэрэг хөгжилтэй орнууд болон Европын олон орон нейраминидазын саатуулуур хэрэглээгээр дэлхийд тэргүүлдэг ба эмийн хэрэглээнээс үүдэлтэй эмэнд тэсвэржсэн томуугийн вирүс ялгарч тархах тохиолдол өндөр байдаг байна. Томуугийн вирүсийн НАС-тэсвэржилтийг нөхцөлдүүлдэг хамгийн түгээмэл тархсан мутаци бол нейраминидазын уургийн 274 дүгээр байрлалд үүссэн H274Y мутаци юм. Европын олон оронд өвчлөл үүсгэж байсан H275Y мутацитай улирлын А(H1N1) вирүсийн тархалтыг хэвийн (<1%) тархалттай харьцуулахад >20% хүрч, Францад 47% (231/496), Норвегит 68% (184/272), дунджаар >40% тодорхойлогдсон байна. Ялангуяа эм хэрэглэж байгаагүй хүмүүсээс эмэнд тэсвэржсэн вирүсүүд илэрч байсан нь адамтанд тэсвэржсэн вирүс хэрхэн хөгжиж тархсантай адил дүр зургийг санагдуулж байв. Гэсэн хэдий ч 2010-2010 онд Монголд тархсан томуугийн вирүсийн А, В хэвшинжийн омгууд НАС-т мэдрэг хэвээр байгаагаас үзэхэд эмэнд тэсвэржсэн генийн удамших, тархах магадлал нь харьцангуй бага байгаа бололтой. Томуугийн вирүсийн эмэнд тэсвэртэй мутациуд нь эмийн хэрэглээтэй холбоотойгоор хүний биед үүсэх эсвэл эсийн өсгөврийн орчинд вирүсийг эмээр нөлөөлүүлэхэд үүсэх боломжтой байдгийг ч баталсан

байна. Япон улсад хийгдсэн судалгаагаар томуугийн омгийг MDCK эсийн өсгөвөрт ялгах явцад НА-ын молекулд E105K мутаци үүсч оселтамивир, занамивир, перамивир, ланинамивир зэрэг эмүүдэд тэсвэржсэн нь бидний судалгааны дүнтэй тохирч байна. Бидний судалгаагаар нейраминидаз уургийн E105K мутацитай В/Ulaanbaatar/1495/2014 ба В/Darkhan/1848/2014 омгуудын НАС-т хариулах шинж чанар ойролцоо байсан бол G104R мутацитай В/Ulaanbaatar/1708/2014 омог НАС-ын төрлийн бүх эмүүдэд хүчтэй тэсвэржсэн байв. Япон улсад 2009 онд ялгасан, НАС-ын олон төрлийн эмэнд тэсвэртэй, G104R мутацитай В/Japan/901/2009 омог болон зөвхөн перамивирт тэсвэржсэн G140R мутаци агуулсан В/Japan/699/2009 омгийн NA генийн нуклеотидын бүрэн дарааллыг GISAIID ген банкд EPI421007, EPI420990 акцешн дугаартай байршуулжээ. Харин эдгээр омгуудыг NA саатуулах урвалаар шинжлэн судалсан тухай мэдээлэл олдсонгүй. Бидний судалгаа нейраминидазын молекулын 104 дүгээр байрлалд үүссэн мутаци 105 дугаар байрлалд үүссэн мутациас илүү хүчтэй эмэнд тэсвэртэй чанарыг нөхцөлдүүлж байгааг баталсан.

Дүгнэлт:

1. 2010-2020 онд манай улсын хүн амын дунд томуугийн вирүс илрэлтийн дундаж түвшин 13.3% байсан бөгөөд 0-11 насны хүүхдүүдэд хамгийн бага (8.7%), 5-14 насныханд хамгийн өндөр (18.9%) байжээ. Энэ хугацаанд томуугийн А(H3N2) дэд хэвшинж давамгайлсан ба зарим жилүүдэд А(H3N2) омгууд эсрэгтөрөгчийн шинжээрээ вакцины омгоос ялгаатай байв. Монголд ялгасан томуугийн вирүсийн А, В хэвшинжүүд НАС-т мэдрэг байсан бол А хэвшинжүүд нь М2 уургийн саатуулуурт тэсвэртэй байв.
2. Риновирүс, АЗСВ, бокавирүс, метапневмовирүс, иж-томуугийн вирүс-III нь улираллаг чанартай дэгдэлт үүсгэдэг тул энэ шинж чанарт үндэслэн улирлын чанартай дархлаажуулалтын төлөвлөгөө боловсруулах боломжтой. ТТӨ-үүсгэгчдийн илрэлтийн түвшин дундажаар 47.2% байсан бөгөөд 0-4 насны хүүхдүүдэд хамгийн өндөр байв.

Ном зүй:

1. Pietrangelo A, Holland K., (2018): The Top 10 Deadliest Diseases. Retrieved: September 5th, 2018. 2017.
2. Madjid M, Aboshady I, Awan I, et al., (2004):

- Influenza and cardiovascular disease: is there a causal relationship? *Texas Heart Institute Journal*. 2004;31(1):4.
3. Warren-Gash C, Blackburn R, Whitaker H, et al., (2018): Laboratory-confirmed respiratory infections as triggers for acute myocardial infarction and stroke: a self-controlled case series analysis of national linked datasets from Scotland. *European Respiratory Journal*. 2018;51(3):1701794.
 4. Allard R, Leclerc P, Tremblay C, et al., (2010): Diabetes and the severity of pandemic influenza A (H1N1) infection. *Diabetes care*. 2010;33(7):1491-1493.
 5. Aburawi E, Liuba P, Pesonen E, et al., (2004): Acute respiratory viral infections aggravate arterial endothelial dysfunction in children with type 1 diabetes. *Diabetes care*. 2004;27(11):2733-2735.
 6. П.Нямдаваа., (2007): Бүтээлийн товчоон. Хоёрдугаар боть. Улаанбаатар 2007.
 7. Sullivan S., (2018): Challenges in reducing influenza-associated mortality. *The Lancet*. 2018;391(10127):1242-1244.
 8. П.Нямдаваа., (2006): Томуу 2006. Улаанбаатар 2006.
 9. Chadha MS, Hirve S, Dawood FS, et al., (2013): Burden of seasonal and pandemic influenza-associated hospitalization during and after 2009 A (H1N1) pdm09 pandemic in a rural community in India. *PloS one*. 2013;8(5):e55918.
 10. Guo R-n, Zheng H-z, Huang L-q, et al., (2012): Epidemiologic and economic burden of influenza in the outpatient setting: a prospective study in a subtropical area of China. *PloS one*. 2012;7(7):e41403.
 11. Fraaij PL, Heikkinen T. Seasonal influenza (2011): the burden of disease in children. *Vaccine*. 2011;29(43):7524-7528.
 12. Thomazelli LM, Vieira S, Leal AL, et al., (2007): Surveillance of eight respiratory viruses in clinical samples of pediatric patients in southeast Brazil. *Jornal de pediatria*. 2007;83(5):422-428.
 13. Xiong X, Martin SR, Haire LF, et al., (2013): Receptor binding by an H7N9 influenza virus from humans. *Nature*. 2013;499(7459):496.
 14. Komadina N, Sullivan S, Kedzierska K, et al., (2019): Prior exposure to immunogenic peptides found in human influenza A viruses may influence the age distribution of cases with avian influenza H5N1 and H7N9 virus infections. *Epidemiology & Infection*. 2019;147.
 15. WHO. Cumulative number of confirmed human cases of avian influenza A(H5N1) reported to WHO. 2018. Accessed 20 May, 2018.
 16. Nation FaAOotU. H7N9 situation update. 2018. Accessed May, 2018.
 17. С Д. Изолирование А вирусов гриппа в Монголий. *Эпид. Микробиолог. Инфекц. Бол.* 1976;13(3):95-199.
 18. Дорж С, Хишигдорж А, . Некоторые особенности вспышки гриппа Улан-Баторе в 1974. *Вопросы вирусологии*. 1977;22(3):291-294.
 19. Б. Дармаа., (2008): Монгол улсад 2003-2007 онд ялгасан хүний томуугийн вирүсийн зарим шинж төрх. Улаанбаатар: Бичил амь-Дархлаа судлалын тэнхим, Эрүүл Мэндийн Шинжлэх Ухааны Их Сургууль; 2008.
 20. Barr IG, Russell C, Besselaar TG, et al., (2014): WHO recommendations for the viruses used in the 2013–2014 Northern Hemisphere influenza vaccine: Epidemiology, antigenic and genetic characteristics of influenza A (H1N1) pdm09, A (H3N2) and B influenza viruses collected from October 2012 to January 2013. *Vaccine*. 2014;32(37):4713-4725.
 21. Refaey S, Amin M, Labib M, et al., (2016): Influenza virus positivity and circulating subtypes among cases of influenza-like illness and severe acute respiratory infection, Egypt, 2012-2015. *EMHJ-Eastern Mediterranean Health Journal*. 2016;22(7):523-532.
 22. Mmbaga V, Mwasekaga M, Mmbuji P, et al., (2012): Results from the first 30 months of national sentinel surveillance for influenza in Tanzania, 2008–2010. *The Journal of infectious diseases*. 2012;206(suppl_1):S80-S86.
 23. Taylor S, Lopez P, Weckx L, et al., (2017): Respiratory viruses and influenza-like illness: epidemiology and outcomes in children aged 6 months to 10 years in a multi-country population sample. *Journal of Infection*. 2017;74(1):29-41.
 24. Nolan T, Borja-Tabora C, Lopez P, et al., (2015): Prevalence and incidence of respiratory syncytial virus and other respiratory viral infections in children aged 6 months to 10 years with influenza-like illness enrolled in a randomized trial. *Clinical Infectious Diseases*. 2015;60(11):e80-e89.
 25. Wang D, Zhang T, Wu J, et al., (2013): Socio-economic burden of influenza among children younger than 5 years in the outpatient setting in Suzhou, China. *PLoS One*. 2013;8(8):e69035.
 26. С.Цацрал, Ц.Наранзул, Н.Наранболд ба бусад.,

- (2008): Томуу, томуу төст өвчин үүсгэгч зарим вирусийг R-Mix хибрид эсийн өсгөөрт өсгөөрлөн, моноклон эсрэгбие ашигласан иммуофлюоресцент микроскопын аргаар илрүүлсэн дүн. Лабораторийн оношлогооны өнөөгийн дэвшил. 2008; 11-12.
27. С.Цацрал, Ч.Майцэцэг, Б.Дармаа ба бусад., (2010): Монгол улсад 2008-2009 онд орчилд байсан амьсгалын замын өвчин үүсгэгч вирусүүдийн хөдлөлзүйг судалсан дүн. Халдварт өвчин судлалын Монголын сэтгүүл. 2011;1(38):8-11.
28. Ч.Майцэцэг, Н.Баясгалан, С.Цацрал ба бусад., (2011): Мультиплекс бх-ПГУ болон R-Mix хибрид эсийн өсгөөрийн аргаар амьсгалын замын вирусүүдийг илрүүлсэн дүн. Халдварт Өвчин Судлалын Монголын Сэтгүүл 2011;4(41):50-55.
29. Ч.Майцэцэг., (2011): Амьсгалын замын цочмог халдварын үүсгэгчийг мультиплекс бх-ПГУ-ын аргаар судласан дүн. Улаанбаатар: Молекул биологийн тэнхим, МУИС; 2011.
30. Kurskaya O, Ryabichenko T, Leonova N, et al., (2018): Viral etiology of acute respiratory infections in hospitalized children in Novosibirsk City, Russia (2013–2017). PloS one. 2018;13(9).
31. Pisareva M, Eder V, Buzitskaya ZV, et al., (2018): Etiological structure of influenza and other ARVI in St. Petersburg during epidemic seasons 2012-2016. Voprosy Virusologii. 2018;63(5):233-239.
32. Feng L, Li Z, Zhao S, et al., (2014): Viral etiologies of hospitalized acute lower respiratory infection patients in China, 2009-2013. PloS one. 2014;9(6).
33. Naranzul Ts, Altansukh Ts, Darmaa B, et al., (2018): Influenza B viruses circulated during last 5 years in Mongolia. PloS one. 2018;13(11).

*Уншиж танилцан нийтлэхийг зөвшөөрсөн,
сэтгүүлийн редакцийн зөвлөлийн гишүүн,
Анагаах ухааны доктор, дэд профессор
М.Алтанхүү*

МОНГОЛ УЛСАД ХЭРЭГЛЭЖ БУЙ SARS-COV-2 ВИРУСИЙН АНТИГЕН ИЛРҮҮЛЭХ ТҮРГЭВЧИЛСЭН ОНОШЛУУРЫН МЭДРЭГ ЧАНАРЫГ СУДАЛСАН ДҮН

*Г.Цогзолмаа¹, С.Анхбаяр¹, Ц.Наранзул¹, Б.Пүрэвбат¹, Ч.Хишигмөнх¹, Н.Баясгалан¹,
Б.Ганцоож¹, Б.Бумдэлгэр¹, Х.Батчимэг¹, А.Баярзаяа², Б.Дармаа¹*
¹Халдварт Өвчин Судлалын Үндэсний Төв, ²Дэлхийн Эрүүл Мэндийн Байгууллага

Түлхүүр үгс: КОВИД-19, антиген, түргэвчилсэн оношлуур,

Key words: COVID-19, antigen, rapid test

КОВИД-19 халдварыг цаг алдалгүй илрүүлэх нь халдварын тандалт хийх, хавьтлыг илрүүлэх, урьдчилан сэргийлэх, эмчилгээ эрт эхлэж хүндрэлээс сэргийлэхэд чухал ач холбогдолтой юм. Халдварыг илрүүлэхэд вирусийн нуклейн хүчлийг илрүүлэхэд суурилсан бодит хугацааны-полимеразын гинжин урвал (бх-ПГУ) шинжилгээний аргыг “Алтан стандарт” болгон оношлогоо хийж байна[1, 2]. Гэсэн хэдий ч бх-ПГУ нь цаг хугацаа, тусгай тоног төхөөрөмж, бэлтгэгдсэн мэргэжилтэн шаардсан өртөг өндөртэй шинжилгээний арга юм[3]. SARS-CoV-2 вирусийн антиген илрүүлэх түргэвчилсэн шинжилгээ нь халдварыг шуурхай илрүүлэх боломжыг олгодог лабораторийн орчин нөхцөл шаардлагагүй, мэргэжлийн ур чадвар шаардахгүй гүйцэтгэдэг, хурдан хугацаанд буюу 30 минутын дотор хариу гардаг[4]. Гэхдээ SARS-CoV-2 вирусийн

антиген илрүүлэх түргэвчилсэн оношлуурын мэдрэг чанар бх-ПГУ шинжилгээний аргатай харьцуулахад харьцангуй сул байгаа нь халдвартай тэмцэх ажилд эрсдэл үүсгэх магадлалтай[5]. Манай улсад Ковид-19 халдварыг илрүүлэх SARS-CoV-2 вирусийн антиген илрүүлэхэд суурилсан түргэвчилсэн оношлуурыг хот хоорондын орох гарах цэг, хөдөө орон нутаг, өрхийн эмнэлэг, эмийн сан зэрэг олон газар өргөн хэрэглэж байна. Иймд манай улсад КОВИД-19 халдварын илрүүлэгт хэрэглэж буй түргэвчилсэн оношлууруудын мэдрэг, өвөрмөц чанарт үнэлгээ хийж, шийдвэр гаргагчдыг мэдээллээр хангах нь тулгамдсан асуудлын нэг болоод байна.

Материал, арга зүй:

Оношлогооны талбар дээрх түргэвчилсэн оношлуурын үнэлгээ: Манай улсад хэрэглэж буй 22 төрлийн SARS-CoV-2 вирусийн антиген илрүүлэх түргэвчилсэн оношлуурыг Улаанбаатар хотын дараах 3 дүүргийн 5 шинжилгээний цэг дээр хийв. Үүнд: Баянзүрх дүүргийн 26 дугаар хорооны өрхийн

эмнэлгийн цэг; Баянзүрх дүүргийн 147 дугаар цэцэрлэг; Сүхбаатар дүүргийн 143 дугаар цэцэрлэг; Сонгинохайрхан дүүргийн Номин Плаза цэг; Халдварт өвчин судлалын үндэсний төв (ХӨСҮТ)-ийн шинжилгээний цэг.

Оношлуур тус бүрээр 31-54 хүний сорьцонд шинжилгээ хийж, сорьцуудыг ХӨСҮТ-ийн Вирус судлалын лабораторид бх-ПГУ аргаар шинжилж, харьцуулан судалсан. Ингэхдээ үйлчлүүлэгчдээс сорьц авахдаа шинжилгээний үнэн бодит байдлыг хангахын тулд нэг хамраас 2 давтан сорьц авч, эхний сорьцыг түргэвчилсэн оношлуурын шинжилгээнд, 2 дахь сорьцыг бх-ПГУ шинжилгээнд ашиглав. Бх-ПГУ шинжилгээний сорьцыг вирус тээвэрлэх тусгай зориулалтын UTM (Universal Transport Medium)-д цуглуулав. SARS-CoV-2 вирусийн антиген илрүүлэх түргэвчилсэн оношлуур тус бүрийг үйлдвэрлэгчийн зааврын дагуу хэрэглэсэн болно.

Бх-ПГУ-ын шинжилгээ хийсэн аргачлал: Хамар залгиурын арчдасаас вирусийн рибонуклейн хүчил (PHX) ялгахдаа ExiPrepTM96 Viral DNA/RNA цомог, EP96L-BXD035 бүрэн автомат PHX/ДНХ ялгагч машин ашиглав. Бх-ПГУ-ын шинжилгээг ХБНГУ-ын Берлин хотын судалгааны хүрээлэнд загварчилж, Roche компанид үйлдвэрлэсэн SARS-CoV-2 вирусийн E ген, дотоод хяналтын EAV (LightMix® SarbecoV E-gene plus EAV) мультиплекс праймер/проб ашиглан Thermo Fisher Scientific компаний (Applied Biosystems AgPath-ID™ One-Step RT-PCR) цомог оношлуурыг аргачлалын дагуу хийв.

Шингэрүүлэлтийн аргад суурилсан Ct утгаас хамааралтай илрүүлэлтийн хязгаар тогтоосон аргачлал: ХӨСҮТ-д КОВИД-19 халдвар батлагдаад 1-2 хонож буй 20 хүнээс хамар залгиурын арчдас цуглуулан 4 mL UTM-д SARS-CoV-2 вирусийн концентраци өндөртэй дээж (stock solution) бэлтгэж, тухайн дээжээ дараалан шингэрүүлгийн аргаар шингэрүүлэв. Шингэрүүлэлт тус бүрийг бх-ПГУ аргаар шинжилж Ct утгыг тогтоон, Ct утга 15-35 хооронд буй 28 дээжийг SD BioSensor “STANDART Q covid-19 Ag” түргэвчилсэн оношлуураар шинжилж, түргэвчилсэн оношлуурын Ct утгаас хамааралтай илрүүлгийн дээд хязгаарыг тогтоов. Мөн түргэвчилсэн оношлуурын илрүүлэх хязгаар ДЭМБ-ын 2020 оны 9 сарын 11-ний SARS-CoV-2 вирусийг илрүүлэх антигенд суурилсан түргэвчилсэн оношлуурын зөвлөмжид антигенд суурилсан түргэвчилсэн оношлуурын илрүүлэх боломжит хязгаар буюу Ct утга ≤ 25 эсвэл > 106 геномын вирусийн хуулбар/мл (genomic virus copies/mL) гэж дурьдсаныг харгалзан тооцов[6].

ПГУ-ын Ct утга 15-27 байгаа 15 дээжийг сонгон авч оношлуур тус бүрийн тусгай зориулалтын задлах буффер уусмал (lysis buffer)-д шингэрүүлж шинжилсэн..

Түргэвчилсэн оношлуурын өвөрмөц, мэдрэг чанар, эерэг ба сөрөг гарах магадлал (positive predictive value, PPV; negative predictive value, NPV) ыг тооцсон аргачлал: Түргэвчилсэн оношлуурын мэдрэг, өвөрмөц чанар болон эерэг сөрөг гарах магадлалтай хэмжээг 2×2 хүснэгт ашиглан дараах томъёололоор тооцоолол хийв.

Үүнд: Мэдрэг чанар = $A/(A+C) \times 100$; Өвөрмөц чанар = $D/(D+B) \times 100$; Сөрөг гарах магадлал = $D/(D+C) \times 100$; Эерэг гарах магадлал = $A/(A+B) \times 100$. А–Эерэг; В–Хуурамч эерэг; С–Хуурамч сөрөг; D – Сөрөг.

Үр дүн: Судалгаанд SARS-CoV-2 илрүүлэх 22 төрлийн түргэвчилсэн оношлуурын 21 нь хамар залгиурын арчдаст, 1 нь шүлсэнд антиген илрүүлэх оношлуур байв.

Нийт 22 төрлийн SARS-CoV-2 вирусийн антиген илрүүлэхэд суурилсан түргэвчилсэн оношлуурыг 810 сорьцод шинжилж шинжилгээг 2-3 хүн өөр хоорондоо хамааралгүйгээр давтан хийж үр дүнг уншихад “эерэг”, “сөрөг” үнэлгээнд ялгаа гараагүй. Нийт 810 хүний сорьцыг бх-ПГУ аргаар SARS-CoV-2 вирусийн нуклейн хүчлийг илрүүлэхэд 216(26.7%) нь эерэг, 594(73.3%) нь сөрөг байсан бол түргэвчилсэн оношлуураар 135(16.7%) нь эерэг, 662(81.7%) нь сөрөг, хуурамч эерэг 10(1.2%) байсан бөгөөд түргэвчилсэн оношлуураар чанарын шаардлага хангаагүй илрүүлэг 3(0.4%) байв. Оношлуурын хариуг бх-ПГУ аргатай харьцуулахад илрүүлгийн хувь 7 оношлуурт $\geq 80\%$, 15 оношлуурт $\leq 80\%$ байв (Хүснэгт 1).

Түргэвчилсэн оношлуурийн Ct утгаас хамааралтай илрүүлгийн хязгаарын тогтоохын тулд вирусийн концентраци өндөртэй уусмал бэлтгэж, дэс дараалан шингэрүүлгийн аргаар шингэрүүлэн, бх-ПГУ аргаар SARS-CoV-2 вирусийн нуклейн хүчлийг илрүүлэн Ct утгыг шингэрүүлэлт бүр дээр тогтоосны дараа түргэвчилсэн оношлуураар шинжлэв.

Ct утга 15-27 хоорондох 15 сорьцонд сорьцыг түргэвчилсэн оношлууруудаар шинжлэхэд Ct утгын хязгаар ≤ 25 доош илрүүлж буй 1 оношлуур, ≤ 24 доош илрүүлж буй 11 оношлуур, ≤ 23 доош илрүүлж буй 6 оношлуур, ≤ 22 доош илрүүлж буй 1 оношлуур, ≤ 21 доош илрүүлж буй 1 оношлуур, ≤ 20 доош илрүүлж буй 1 оношлуур ≤ 18.5 доош илрүүлж буй 1 оношлуур тус тус байв.

Хүснэгт 1.
Table 1.

Түргэвчилсэн оношлуураар “талбар” дээр SARS-CoV-2 вирус илрүүлсэн үр дүн.
Performance of SARS-CoV-2 antigen detection kits in the field evaluation.

№	Түргэвчилсэн оношлуурын нэр	Эерэг	Хуурамч эерэг	Түргэвчилсэн оношлуур: тоо(хувь)	Сөрөг	Амжилтгүй	Эерэг	Сөрөг	Нийт	Илрүүлгийн хувь
1	SD BioSensor “STANDARD Q covid-19 Ag”	11(20.4)	0	43(79.6)	0	0	16(29.6)	38(70.4)	54	68.70%
2	Coretests “Covid-19 Ag test”	7(22)	3(9.4)	21(65.6)	1(3)	0	10(31.2)	22(68.8)	32	70.00%
3	JD Biotech “Sars-Cov-2 (Covid-19) antigen Rapid test”	8(18.2)	0	36(81.8)	0	0	11(25)	33(75)	44	72.70%
4	CTK Biotech “Onsite Covid-19 Ag Rapid Test”	6(14.3)	1(2.4)	34(80.9)	1(2.4)	0	7(16.7)	35(83.3)	42	85.70%
5	GCMS “Genedia W Covid-19 Ag”	2(5.7)	0	33(84.3)	0	0	7(20)	28(80)	35	28.60%
6	Safecare BIO-TECH “One step rapid test”	8(25.8)	1(3.2)	22(71)	0	0	10(32.3)	21(67.7)	31	80.00%
7	Genbody “COVID-19Ag Detection of SARS-Cov-2 antigen”	7(21.9)	2(6.3)	23(71.8)	0	0	10(31.2)	22(68.8)	32	70.00%
8	Sansure Biotech “Sars-Cov-2 rapid antigen test”	4(9.5)	0	38(80.5)	0	0	8(19.5)	34(80.5)	42	50.00%
9	Genesis “Kailibi Covid-19 Antigen”	9(29)	0	22(71)	0	0	11(35.5)	20(64.5)	31	81.80%
10	Wantai “SARS-Cov-2 Ag rapid test (Colloidal Gold)”	4(8.7)	0	42(92.3)	0	0	10(21.7)	36(78.3)	46	40.00%
11	PCL “PCL Covid-19 Ag Gold”	5(14.3)	0	30(85.7)	0	0	9(25.7)	26(74.3)	35	55.60%
12	Watmind “SARS-Cov-2 Diagnostic test kit”	6(14)	0	37(86)	0	0	8(18.6)	35(81.4)	43	75.00%
13	Won-med “Won-Med Covid-19 Ag test”	6(20)	0	24(80)	0	0	10(30)	20(70)	30	60.00%
14	Healgen “Coronavirus Ag rapid test”	9(25.7)	0	26(74.3)	0	0	11(31.4)	24(68.6)	35	81.80%
15	Lifotronic “Sars-Cov-2 Antigen”	8(24.2)	1(3)	24(72.8)	0	0	9(27.3)	24(72.7)	33	88.90%
16	Sugentech “SGTI-Flex Covid-19 Ag”	8(23.5)	2(6.3)	24(70.2)	0	0	9(26.5)	25(73.5)	34	88.90%
17	Lepu medical “Sars-Cov-2 Antigenrapid test (Colloidal immunochromatography)”	2(5.9)	0	32(24.1)	0	0	11(32.4)	23(67.6)	34	18.20%
18	Coretests “COVID-19 Saliva Ag test”	0(0.0)	0	33(100)	0	0	8(24.2)	25(75.8)	33	0.00%
19	Anylab “Covid-19 Ag Test Kit”	5(11.4)	0	39(88.6)	0	0	9(20.5)	35(79.5)	44	55.60%
20	Abbot “Panbio Covid-19 Ag Rapid test device”	5(14.3)	0	30(85.7)	0	0	9(25.7)	26(74.3)	35	55.60%
21	GP-Getein biotech”One step Test for Sars-Cov-2 Antigen”	11(34.4)	0	21(64.6)	0	0	13(40.6)	19(59.4)	32	84.60%
22	Rapigen “Biocredit Covid-19 Ag One step rapid test”	4(12.1)	0	28(84.9)	1(3)	0	10(30.3)	23(69.7)	33	40.00%
Нийт		135(16.7)	10(1.3)	662(81.7)	3(0.3)	0	216(26.7)	594(73.3)	810	62.50%

Лабораторийн нөхцөлд шингэрүүлгийн аргаар 22 оношлуурыг харьцуулан Ct утгаас хамааралтай SARS-CoV-2 вирусийн антиген илрүүлэх хязгаар хамгийн бага буюу Ct утга ≤ 18.5 хязгаарт илрүүлэх боломжтой оношлуур GCMS «Genedia W Covid-19 Ag» байсан бол харьцангуй өндөр илрүүлгийн хязгаар (Ct утга ≤ 25) бүхий оношлуур SD BioSensor «STANDART Q covid-19 Ag» байв. (Зураг 1: Сэтгүүлийн ар хавтасны өвөр талд үзнэ үү)

Түргэвчилсэн оношлуурын мэдрэг, өвөрмөц чанар болон “эерэг”, “сөрөг” гарах магадтай хувийг талбар дээрх шинжилгээний үр дүнг үндэслэн тооцоолов. Түргэвчилсэн оношлуурын илрүүлгийн хязгаарыг Ct утга ≤ 25 -аар хязгаарлан тооцоолоход $\geq 90\%$ мэдрэг чанар бүхий 2 оношлуур, $\geq 80\%$ мэдрэг чанар бүхий 11 оношлуур, $\leq 70\%$ мэдрэг чанар бүхий 9 оношлуур байв. Өвөрмөц чанар, эерэг ба сөрөг гарах магадтай хэмжээ нь харьцангуй өндөр хувьтай байсан нь судалгаанд хамрагдсан түүврийн тоо цөөн байсантай холбоотой байх боломжтой юм. Цэг дээрх нийт шинжилгээний тоогоор мэдрэг чанарыг үнэлэхэд $\geq 80\%$ мэдрэг чанар бүхий 7 оношлуур, бусад нь $\leq 79\%$ байв (Хүснэгт 2, Хавсралт 1).

Хэлцэмж: Уг судалгаанд амьсгалын дээд зам дахь SARS-CoV-2 вирусийг илрүүлэх түргэвчилсэн оношлуурын гүйцэтгэлийг бх-ПГУ шинжилгээний үр дүнтэй харьцуулан судаллаа. Бидний судалгааны үр дүнд SARS-CoV-2 вирусийн антигенд суурилсан оношлуур нь вирусийн ачааллаас хамааран бх-

ПГУ шинжилгээний үр дүнтэй харьцуулахад мэдрэг чанар сул байна. Иймээс түргэвчилсэн оношлуураар SARS-CoV-2 илрэхгүй байх нь уг вирусийн халдвар аваагүйг баталж чадахгүй бөгөөд бх-ПГУ шинжилгээгээр баталгаажуулах шинжилгээ хийх шаардлага байна. Мөн вирусийн ачаалал багатай сорьцын тоо их байх тусам түргэвчилсэн оношлуурын хэрэглээ хязгаарлагдмал байх талтай байна. Бидний судалгаа хийсэн 2021 оны 7 сарын 21-ээс 8 сарын 9 хүртлэх хугацаанд нийт эерэг сорьцонд түргэвчилсэн оношлуурын илрүүлэх хязгаарт буюу вирусийн ачаалал Ct утга ≤ 25 бүхий сорьц нийт эерэг сорьцны 50% -ийг эзэлж байсан.

КОВИД-19 халдварын тархалт нэмэгдэх хэрээр түргэвчилсэн оношлуурын илрүүлэлтэнд хуурамч эерэг болон сөрөг гарах магадлал нэмэгдэж байгааг судалгаагаар тогтоосон байна[7]. Вирусийн ачаалал халдварын турш өөрчлөгдөж байдаг[8].

Уг судалгааны хязгаарлагдмал байдал нь түргэвчилсэн оношлуур тус бүрт хийсэн шинжилгээний тоо харьцангуй цөөн, оношлуур тус бүрт илрүүлсэн эерэг болон сөрөг сорьцны тоо харилцан адилгүй байв. Түргэвчилсэн оношлуураар оношлогоо хийж байгаа талбар дээрх шинжилгээнд зарим техник ажилбараас хамаарал бүхий алдаа гарч болох ч лабораторийн нөхцөлд шингэрүүлэлтийн аргаар хийсэн үр дүн нь вирусийн ачааллаас хамааралтай мэдрэг чанарыг үнэн зөв тодорхойлсон гэж үзэх боломжтой.

Хүснэгт 2.

Table 2.

Түргэвчилсэн оношлуураар “талбар”-т SARS-CoV-2 илрүүлгийн мэдрэг, өвөрмөц чанар ба эерэг, сөрөг гарах магадлалтай хувь.

Sensitivity, specificity, PPV and NPV of the rapid antigen detection kits.

№	Түргэвчилсэн оношлуурын нэр	≤ 25				Нийт			
		Мэдрэг чанар	Өвөрмөц чанар	PPV	NPV	Мэдрэг чанар	Өвөрмөц чанар	PPV	NPV
1	SD BioSensor “STANDART Q covid-19 Ag”	91.7	100.0	100.0	97.7	68.8	100.0	100.0	88.4
2	Coretests “Covid-19 Ag test”	71.4	87.5	62.5	91.3	70.0	86.4	70.0	86.4
3	JD Biotech “Sars-Cov-2 (Covid-19) antigen Rapid test”	75.0	100.0	100.0	94.7	72.7	100.0	100.0	91.7
4	CTK Biotech “Onsite Covid-19 Ag Rapid Test”	83.3	97.1	83.3	97.1	85.7	97.1	85.7	97.1
5	GCMS “Genedia W Covid-19 Ag”	50.0	100.0	100.0	93.9	28.6	100.0	100.0	84.8
6	Safecare BIO-TECH “One step rapid test”	83.3	96.0	83.3	96.0	80.0	95.2	88.9	90.9
7	Genbody “COVID-19Ag Detection of SARS-Cov-2 antigen”	75.0	91.7	75.0	91.7	70.0	90.9	77.8	87.0
8	Sansure Biotech “Sars-Cov-2 rapid antigen test”	60.0	100.0	100.0	94.9	50.0	100.0	100.0	89.5
9	Genesis “Kailibi Covid-19 Antigen”	83.3	100.0	100.0	96.2	81.8	100.0	100.0	90.9

10	Wantai “SARS-Cov-2 Ag rapid test (Colloidal Gold)”	80.0	100.0	100.0	97.6	44.4	100.0	100.0	88.1
11	PCL “PCL Covid-19 Ag Gold”	80.0	100.0	100.0	96.8	55.6	100.0	100.0	86.7
12	Watmind “SARS-Cov-2 Diagnostic test kit”	83.3	100.0	100.0	97.4	75.0	100.0	100.0	94.6
13	Won-med “Won-Med Covid-19 Ag test”	85.7	100.0	100.0	95.8	60.0	100.0	100.0	83.3
14	Healgen “Coronavirus Ag rapid test”	87.5	100.0	100.0	96.4	81.8	100.0	100.0	92.3
15	Lifotronic “Sars-Cov-2 Antigen”	83.3	96.3	83.3	96.3	88.9	95.8	88.9	95.8
16	Sugentech “SGTi-Flex Covid-19 Ag”	83.3	92.9	71.4	96.3	88.9	92.0	80.0	95.8
17	Lepu medical “Sars-Cov-2 Antigenrapid test (Colloidal immunochromatography)”	33.3	100.0	100.0	87.5	18.2	100.0	100.0	71.9
18	Coretests “COVID-19 Saliva Ag test”	0.0	100.0	0.0	78.8	0.0	100.0	0.0	75.8
19	Anylab “Covid-19 Ag Test Kit”	66.7	100.0	100.0	95.0	55.6	100.0	100.0	89.7
20	Abbot “Panbio Covid-19 Ag Rapid test device”	83.3	100.0	100.0	96.7	55.6	100.0	100.0	86.7
21	GP-Getein biotech”One step Test for Sars-Cov-2 Antigen”	90.0	100.0	100.0	95.7	84.6	100.0	100.0	90.5
22	Rapigen “Biocredit Covod-19 Ag One step rapid test”	66.7	100.0	100.0	92.9	40.0	100.0	100.0	78.6

Манай улсад хэрэглэгдэж буй SARS-CoV-2 вирусийн антиген илрүүлэх оношлуурууд дотор мэдрэг чанар маш сул ($ct \leq 23$) оношлуур байгаа нь цаашид энэ төрлийн үнэлгээг хийж байх нь халдвартай тэмцэх ажилд дэмжлэг болох юм. Судалгаанд хамрагдсан шүлсэнд SARS-CoV-2 вирусийн антиген илрүүлэх нэг оношлуур нь талбар дээрх вирусийн халдвар илрүүлэх хувь (0%), харин лабораторийн нөхцөлд энэ оношлуурын илрүүлэг ct утга ≤ 23 байв. Энэ нь хамар залгиурын арчдастай харьцуулахад шүлсэн дэх SARS-CoV-2 вирусийн ачаалал нь харьцангуй тогтворгүй, сорьц цуглуулах техник ажилбараас хамааралтайг судалсан үр дүнтэй ойролцоо байна[9]. Зарим судалгаанд шүлсэнд SARS-CoV-2 вирусийн амьдрах чадвар сул байдгийг илрүүлсэн байна[10, 11]. Бид шүлсэнд SARS-

CoV-2 вирусийн антиген илрүүлэх оношлуурийг “талбар” дээр ихэнх тохиолдолд бага насны хүүхдэд хэрэглэсэн. Судалгаагаар бага насны хүүхдийн шүлсэнд SARS-CoV-2 вирусийг илрүүлэхэд мэдрэг чанар бага буюу 53-73% байсан байна[12, 13].

Судалгааг товч дүгнэхэд, SARS-CoV-2 вирусийн антиген илрүүлэхэд суурилсан түргэвчилсэн оношлуур нь халдварыг хуурамч эерэг эсвэл сөрөг гэж буруу оношлох магадлалтай байна. Зарим судалгаанд SARS-CoV-2 вирусийн антиген илрүүлэх суурилсан түргэвчилсэн оношлуурын гүйцэтгэл болон мэдрэг чанар янз бүр байгааг онцолсон ч халдварын дэгдэлтээс хамааруулж зөв тактикаар хэрэглэхийг зөвлөсөн байна[3, 14].

Хасвсралт 1. Оношлууруудын мэдрэг чанарын 95% IC болон P утга.

№	Түргэвчилсэн оношлуурын нэр	Ct утга ≤ 25			Нийт		
		Мэдрэг чанар	95% CI	P утга	Мэдрэг чанар	95% CI	P утга
1	SD BioSensor “STANDART Q covid-19 Ag”	91.67%	75-100%	0.000001	68.75%	45-92%	0.00004
2	Coretests “Covid-19 Ag test”	71.43%	35-100%	0.0082	70.00%	40-99%	0.0013
3	JD Biotech “Sars-Cov-2 (Covid-19) antigen Rapid test”	75.00%	43-100%	0.0025	72.73%	45-100%	0.00042
4	CTK Biotech “Onsite Covid-19 Ag Rapid Test”	83.33%	51-100%	0.0041	85.71%	58-100%	0.00096
5	GCMS “Genedia W Covid-19 Ag”	50.00%	7-100%	0.18	28.57%	7-65%	0.17
6	Safecare BIO-TECH “One step rapid test”	83.33%	51-100%	0.0041	80.00%	54-100%	0.0002
7	Genbody “COVID-19Ag Detection of SARS-Cov-2 antigen”	75.00%	43-100%	0.0025	70.00%	40-99%	0.0013
8	Sansure Biotech “Sars-Cov-2 rapid antigen test”	60.00%	12-100%	0.07	50.00%	13-87%	0.033

9	Genesis “Kailibi Covid-19 Antigen”	83.33%	51-100%	0.0041	81.82%	58-100%	0.00005
10	Wantai “SARS-Cov-2 Ag rapid test (Colloidal Gold)”	66.67%	25-100%	0.025	40.00%	8-72%	0.00004
11	PCL “PCL Covid-19 Ag Gold”	80.00%	41-100%	0.016	55.56%	21-90%	0.00004
12	Watmind “SARS-Cov-2 Diagnostic test kit”	83.33%	51-100%	0.0041	75.00%	43-100%	0.0025
13	Won-med “Won-Med Covid-19 Ag test”	85.71%	58-100%	0.00096	60.00%	28-92%	0.0051
14	Healgen “Coronavirus Ag rapid test”	87.50%	63-100%	0.00021	81.82%	58-100%	0.00005
15	Lifotronic “Sars-Cov-2 Antigen”	83.33%	51-100%	0.0041	88.89%	67-100%	0.00004
16	Sugentech “SGTi-Flex Covid-19 Ag”	83.33%	51-100%	0.0041	88.89%	67-100%	0.00004
17	Lepu medical “Sars-Cov-2 Antigenrapid test (Colloidal immunochromatography)”	33.33%	4-75%	0.17	18.18%	6-42%	0.16
18	Coretests “COVID-19 Saliva Ag test”	0.00	0		0.00	0	
19	Anylab “Covid-19 Ag Test Kit”	66.67%	25-100%	0.025	55.56%	21-90%	0.013
20	Abbot “Panbio Covid-19 Ag Rapid test device”	83.33%	51-100%	0.0041	55.56%	21-90%	0.013
21	GP-Getein biotech”One step Test for Sars-Cov-2 Antigen”	90.00%	70-100%	0.00001	84.62%	64-100%	0.000001
22	Rapigen “Biocredit Covod-19 Ag One step rapid test”	66.67%	25-100%	0.025	40.00%	8-72%	0.036

Ном зүй:

1. WHO. Antigen-detection in the diagnosis of SARS-CoV-2 infection using rapid immunoassays. Interim guidance. 2020.
2. Broberg E, Ciancio B, Кидмун С, et al.,(2020): Options for the use of rapid antigen tests for COVID-19 in the EU/EEA and the UK. 2020.
3. Mak GC, Cheng PK, Lau SS, et al., (2020): Evaluation of rapid antigen test for detection of SARS-CoV-2 virus. J Clin Virol. 2020;129: 104500.
4. Torres I, Poujois S, Albert E, et al., (2021): Evaluation of a rapid antigen test (Panbio COVID-19 Ag rapid test device) for SARS-CoV-2 detection in asymptomatic close contacts of COVID-19 patients. Clin Microbiol Infect. 2021;27: 636 e631-636 e634.
5. Schuit E, Veldhuijzen IK, Venekamp RP, et al., (2021): Diagnostic accuracy of rapid antigen tests in asymptomatic and presymptomatic close contacts of individuals with confirmed SARS-CoV-2 infection: cross sectional study. BMJ. 2021;374: n1676.
6. WHO. Antigen-detection in the diagnosis of SARS-CoV-2 infection using rapid immunoassays 11 September 2020.
7. Control ECfDPa. Options for the use of rapid antigen tests for COVID-19 in the EU/EEA and the UK19 November 2020.
8. Mercer TR, Salit M., (2021): Testing at scale during

- the COVID-19 pandemic. Nature Reviews Genetics. 2021;22: 415-426.
9. Control ECfDPa. Considerations for the use of saliva as sample material for COVID-19 testing3 May 2021.
 10. To KK, Tsang OT, Yip CC, et al., (2020): Consistent Detection of 2019 Novel Coronavirus in Saliva. Clin Infect Dis. 2020;71: 841-843.
 11. Wulfel R, Corman VM, Guggemos W, et al., (2020): Virological assessment of hospitalized patients with COVID-2019. Nature. 2020;581: 465-469.
 12. Chong CY, Kam KQ, Li J, et al., (2020): Saliva is not a useful diagnostic specimen in children with Coronavirus Disease 2019. Clin Infect Dis. 2020.
 13. Han MS, Seong MW, Kim N, et al., (2020): Viral RNA Load in Mildly Symptomatic and Asymptomatic Children with COVID-19, Seoul, South Korea. Emerg Infect Dis. 2020;26: 2497-2499.
 14. Scohy A, Anantharajah A, Bodřus M, et al., (2020): Low performance of rapid antigen detection test as frontline testing for COVID-19 diagnosis. Journal of Clinical Virology. 2020;129: 104455.

*Уншиж танилцан нийтлэхийг зөвшөөрсөн,
сэтгүүлийн редакцийн зөвлөлийн гишүүн,
Академич, биологийн шинжлэх ухааны доктор,
дэд профессор Ж.Оюунбилэг*



АЛБАНЫ БИЧИГ БАРИМТ



МОНГОЛ УЛСЫН
ЭРҮҮЛ МЭНДИЙН САЙДЫН
АЛБАН ДААЛГАВАР

2021 оны 08 сарын 20 өдөр

Дугаар 05

Улаанбаатар хот

ГКоронавируст халдвар (КОВИД-19)-ын үед авч
хэрэгжүүлэх арга хэмжээг эрчимжүүлэх тухай

Монгол Улсад коронавируст халдвар (КОВИД-19)-ыг үүсгэгч SARS-CoV-2 вирусийн мутацлагдсан Дельта хувилбар хүн амын дунд тархан, улмаар уг корона вирусээр үүсгэгдсэн халдварын тохиолдол нэмэгдэх хандлагатай байна.

Түүнчлэн сургуулийн өмнөх болон ерөнхий боловсролын байгууллагын үйл ажиллагаа эхлэхтэй холбогдуулан хүн амын хөдөлгөөн, бөөгнөрөл нэмэгдэх мөн улирлын томуу, томуу төст өвчний дэгдэлт гарах эрсдэлт нөхцөл байдлыг харгалзан гамшгаас хамгаалах төлөвлөгөө, штабын үйл ажиллагааг идэвхжүүлэх, хариу арга хэмжээний бэлэн байдлыг хангах чиглэлээр дараах арга хэмжээг хэрэгжүүлж ажиллахыг аймаг, нийслэлийн эрүүл мэндийн газар, өмчийн хэлбэр харгалзахгүй бүх шатны эрүүл мэндийн байгууллагын дарга, захирал нарт ДААЛГАСУГАЙ.

1. Халдварын болон үндсэн тусламж, үйлчилгээг тасалдуулахгүй байх зорилгоор яаралтай тусламж, сэхээн амьдруулах, эрчимт эмчилгээний болон бусад тасаг, нэгжийн ор, хүний нөөц, багаж тоног төхөөрөмж, зайлшгүй шаардлагатай эм, эмнэлгийн хэрэгсэл, оношлуур, цус, цусан бүтээгдэхүүн, хүчилтөрөгчийн нөөц, хувийн хамгаалах хэрэгсэл, халдваргүйжүүлэлтийн бодисын нөөц, цахилгааны эх үүсвэр, автомашин, шатахууны бэлэн байдлыг хангах, төлөвлөлтийг гарган хэрэгжилтэд хяналт тавих, нөхөн хангалтыг шуурхай зохион байгуулах;
2. Коронавирусийн дельта хувилбар нь халдварлах эрсдэл өндөртэй, өвчний хүндрэл, нас баралтыг 2 дахин нэмэгдүүлж буй судалгааны үр дүн байгаа тул халдвартай иргэнд тусламж, үйлчилгээ үзүүлэх, хариу арга хэмжээ авах төлөвлөлтийг орон нутгийн онцлог, чадамж, өмнөх давалгааны үед авч хэрэгжүүлсэн арга хэмжээ, туршлага, сургамжинд үндэслэн боловсруулах;
3. Коронавируст халдвар (КОВИД-19)-тай иргэнд тусламж, үйлчилгээ үзүүлэх түр ор дэлгэх төлөвлөлтийг үе шаттайгаар гарган хавсралтад заасны дагуу ирүүлэх;
4. Коронавируст халдвар (КОВИД-19)-ын эсрэг вакцинжуулалтад хамрагдаагүй жирэмсэн эмэгтэйг халдвараас сэргийлэх, олон хүн цугларсан газраас зайлсхийх талаар зөвлөгөө өгөх, жирэмсний товлотл үзлэгийг холбогдох журмын дагуу цахимаар хийх, амаржих дөхсөн жирэмсэн эмэгтэйчүүдийг төрөхийн өмнөх эхийн амрах байранд халдвар хамгааллын дэглэм баримтлан байрлуулах;
5. Коронавируст халдвар (КОВИД-19)-тай жирэмсэн эмэгтэй бүрийг онцгойлон анхаарч, эмнэлэгт хэвтүүлэн эмчилгээг цаг алдалгүй эхлүүлэх;

143210018

6. Жирэмсний хяналтын эмч нар коронавируст халдвар (КОВИД19)-ын эсрэг вакцинжуулалтын ач холбогдлын талаарх зөвлөгөөг жирэмсэн эмэгтэй болон тэдний гэр бүлд өгч, вакцинжуулалтад хамрагдах хувийг нэмэгдүүлэх;

7. Харьяа нутаг дэвсгэрийн эрүүл мэндийн байгууллагад коронавируст халдвар (КОВИД-19)-аар өвдсөн хүүхдийн эмчилгээний талаар зөвлөгөө өгөх лавлах утас ажиллуулах, цахимаар мэдээлэл өгөх үйл ажиллагааг зохион байгуулж, мэргэжил, арга зүйгээр ханган хяналт тавьж ажиллах;

8. Бага насны хүүхэдтэй эцэг эхчүүд болон цэцэрлэг, сургуулийн захиргаанд хүүхдийн эрүүл мэндийг хянах (халуун хэмжих, эмнэлзүйн шинж тэмдэгийг цаг алдалгүй илрүүлэх гэх мэт) талаар мэргэжил арга зүйн зөвлөгөө өгөх;

9. Алсын болон ойрын түргэн тусламжийн дуудлагад явах автомашиныг хүчилтөрөгчтэй тээвэрлэлт хийх нөхцөл боломжоор ханган тоноглох;

10. Эрүүл мэндийн байгууллагын үйл ажиллагаанд эрсдэлийн үнэлгээ хийх, холбоо, зарлан мэдээлэх тогтолцооны бэлэн байдлыг шалгах, гамшгаас хамгаалах төлөвлөгөөнд салбар дундын болон салбар хоорондын оролцоог хангасан тодотгол хийх;

11. Эрүүл мэндийн ажилтанд коронавируст халдвар (КОВИД-19)-ын сэргийлэлт, хяналт, хариу арга хэмжээ, оношилгоо эмчилгээ, эрэмбэлэн ангилалт, сэтгэл зүйн чиглэлээр ажлын байрны сургалтыг тасралтгүй зохион байгуулж, үр дүнг тооцох;

12. Товлолт болон тархвар судлалын заалтаар хийгдэх дархлаажуулалтын тасралтгүй байдлыг хангах, ялангуяа улирал угтуулан хийх томуугийн дархлаажуулалтын бэлтгэл ажлыг хангах;

13. Коронавируст халдвар (КОВИД-19)-ын эсрэг вакцинжуулалтанд хамрагдах иргэний вакцинжуулалтын өмнөх эрүүл мэндийн үзлэгийг чанартай хийх;

14. Харьяа нутаг дэвсгэрийн хэмжээнд коронавируст халдвар (КОВИД-19)-ын эсрэг вакцинжуулалтын 2 дах тунгийн хамралтын судалгааг нарийвчлан гаргах, вакцинжуулалтанд хамрагдаагүй иргэдийг хамруулах ажлыг зохион байгуулах;

15. Вакцинжуулалтын дараах урвал, хүндрэлийн үеийн тусламж, үйлчилгээний бэлэн байдлыг хангах;

16. Коронавируст халдвар (КОВИД-19)-ын эсрэг АстраЗенека үйлдвэрийн "AZD1222" вакцины нэмэлт нэг тунгаар зорилтот бүлгийг вакцинжуулах ажлыг эрчимтэй зохион байгуулах;

17. Коронавируст халдвар (КОВИД-19)-ын үед гэрийн тэжээвэр амьтдад гарах эрсдэлээс сэргийлэх, мал эмнэлгийн байгууллагатай мэдээлэл солилцох, хамтарсан тандалт судалгаа хийх;

18. Коронавируст халдвар (КОВИД-19), томуу, томуу тест өвчин зэрэг зонхилон тохиолдох халдварт өвчнөөс сэргийлэх мэдээлэл сурталчилгааг эрчимжүүлэх;

19. Албан даалгаврын явцын тайланг 2021 оны 08 дугаар сарын 25, үр дүнгийн тайланг 2021 оны 11 дүгээр сарын 25-ны дотор Эрүүл мэндийн яамны Хяналт-шинжилгээ, үнэлгээний газарт ирүүлэх;

САЙД



С.ЭНХБОЛД

Эрүүл мэндийн сайдын 2021 оны
08 сарын 20 өдрийн 05 Албан
даалгаврын хавсралт

Аймаг, дүүргийн нэр:

Коронавируст халдвар (КОВИД-19)-тай иргэнд тусламж, үйлчилгээ зохицуулах төлөвлөлт

Халдвар алаг цоог тохиолдол бүртгэгдсэн		Халдвар голомтлон тархсан		Халдвар хүн амын дунд өргөн тархсан	
Өдөрт илрэх тохиолдлын тоо	Хяналтад байгаа тохиолдлын тоо (Гэрийн хяналт + эмнэлэгт хэвтэн эмчлүүлж байгаа хүний тоо)	Өдөрт илрэх тохиолдлын тоо	Хяналтад байгаа тохиолдлын тоо (Гэрийн хяналт + эмнэлэгт хэвтэн эмчлүүлж байгаа хүний тоо)	Өдөрт илрэх тохиолдлын тоо	Хяналтад байгаа тохиолдлын тоо (Гэрийн хяналт + эмнэлэгт хэвтэн эмчлүүлж байгаа хүний тоо)
0-40	450 хүртэл	40-100	450-1500	100 дээш	1500 дээш

Тусламж, үйлчилгээний зохицуулалт

Гэрээр хянах		Эмнэлэгт хянах		Гэрээр хянах		Эмнэлэгт хянах	
40 хувь		60 хувь		50 хувь		50 хувь	
Хөнгөн	Маш хүнд /5%/	Хөнгөн	Маш хүнд /5%/	Хөнгөн	Маш хүнд /5%/	Хөнгөн	Маш хүнд /5%/
	Хүнд /8%/		Хүнд /8%/		Хүнд /8%/		Хүнд /8%/
Хүндэвтэр /16%/		Хүндэвтэр /16%/		Хүндэвтэр /16%/		Хүндэвтэр /16%/	
эрсдэлтэй хөнгөн /35%/		эрсдэлтэй хөнгөн /35%/		эрсдэлтэй хөнгөн /35%/		эрсдэлтэй хөнгөн /35%/	

Ор дэлгэх зохицуулалт

Анхан шатны эрүүл мэндийн байгууллагад хянах	Анхан шатны эрүүл мэндийн байгууллагад хянах	Анхан шатны эрүүл мэндийн байгууллагад хянах
Эмнэлгийн халдвартын тасаг, бусад тасаг нэгжүүдэд шаардлагатай тохиолдолд ор дэлгэх, буулгах	Эмнэлгийн халдвартын тасаг, бусад тасаг нэгжүүдэд шаардлагатай тохиолдолд түр ор дэлгэх, буулгах.	Эмнэлгийн халдвартын тасаг, бусад тасаг нэгжүүдэд шаардлагатай тохиолдолд түр ор дэлгэх, буулгах.
	Хувийн хэвшлийн эрүүл мэндийн байгууллага / эмнэлэг, сувилал/ тусгаарлан эмчлэх байранд шаардлагатай тохиолдолд түр ор дэлгэх, буулгах.	Хувийн хэвшлийн эрүүл мэндийн байгууллага / эмнэлэг, сувилал/-д шаардлагатай тохиолдолд түр ор дэлгэх, буулгах.
		Тусгаарлан эмчлэх байр (Эмнэлгийн бус нөхцөл, хээрийн эмнэлэг)-д шаардлагатай тохиолдолд түр ор дэлгэх, буулгах.

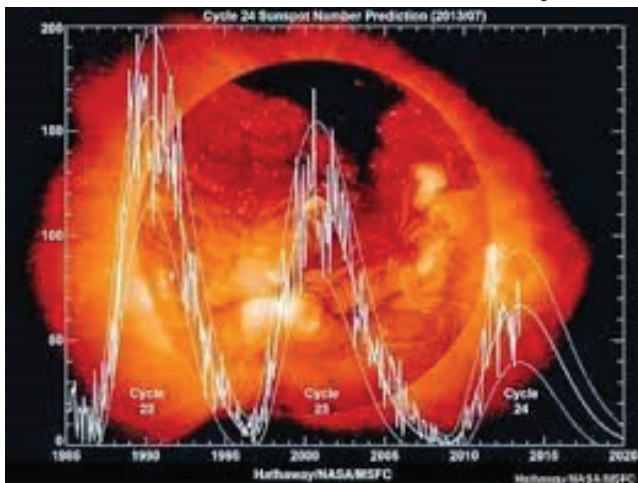
БОДРОЛ, БЯСАЛГАЛ

Газар зүйн ухааны доктор Пунцагноровын Цолмонгийн 70 насны ойд зориулав

ЭРДМИЙН ИХ ДАЛАЙД УРУУ ТАТСАН ХОЁР АХ МИНЬ БУЮУ МОНГОЛД ХЕЛИОБИОЛОГИЙН ШИНЖЛЭХ УХААН ҮҮССЭН НЬ

Саяхандаа 1986-1987 онд би одоогийн Зоонозын халдварт өвчин судлалын үндэсний төв, тэр үеийн Гоц аюулт халдварт өвчинтэй тэмцэх газарт ажиллаж байхдаа мэргэжлийн буюу тарваган тахлын нян судлаачын 6 сарын күрс хийж дараа нь төгсөхийн үед күрсийн ажил хийх боллоо. Тэр үед манай төвийн даргаар манай тарваган тахлын анхны эрдэмтэн Д.Батсүх гуай ажиллаж байлаа. Д.Батсүх гуай их ухаантай эрдэм шинжилгээний ажлыг их дэмждэг буриад хүн байв.

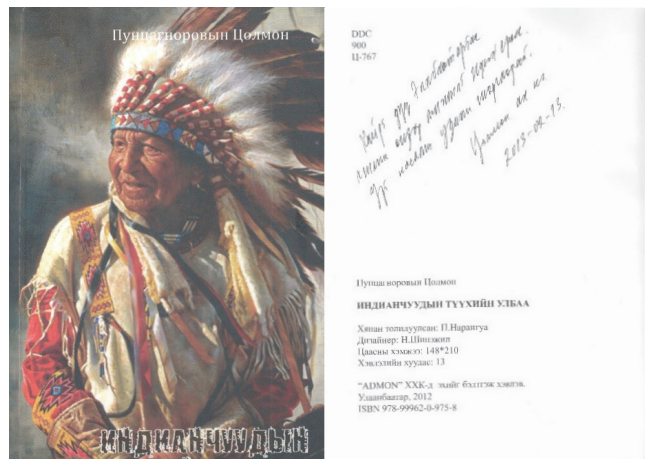
Надад “Тарваган тахлын байгалийн голомтонд байгаль цаг уурын хүчин зүйлийн нөлөө” гэсэн ийм чигтэй күрсийн ажил оногдсон билээ. Тэр үед миний ээж Шинжлэх ухааны академийн газар зүйн хүрээлэнд ажиллаж байсан юм. Академийнхан “Газрын мухрын газар зүйн хүрээлэн” гэж тоглодог. Одоогийн 11 хороололд АНУ-ын элчингийн тэр хавьд байсан, ШУА-ын нэгдсэн байрнаас хол болохлээр тэгж дамшигладаг байж. Би газар зүйн хүрээлэнгээс газрын зураг олох санаатай очиж, тэнд анх эрдэм шинжилгээний ажилтан П.Цолмон, Б.Авирмэд ах



хоёртой танилцсан билээ. Би Хан-Тайшир, Хасагт Хайрханы тарваган тахлын байгалын голомтын өсгөвөрийн хөдлөл зүйн зураглал (график) тэр хоёрт үзүүлсэн юм. Тэгсэн энд хэмнэл байна, үүнийг нарны идэвхжилтэй холбовол хамаарал гарч магадгүй сонирхолтой судалгаа болох юм гэж хэлж би анх тэр нарны идэвхжил гэдэг наран дээр толбо

гардаг тэр нь 11,2 жил тутамд ихсэж, багасаж байдаг. Энэ нарны дүрсхийлт, наран дээрхи орон нутгийн чанартай физик өөрчлөлт манай дэлхийн шим мандал буюу амь ахуйд (биосфер) нөлөөлдөг тухай ойлголттой болж билээ. Тэгээд энэ хелиобиологийн шинжлэх ухаанлуу шунан дурлаж өөрийн орны бүх л халдварт өвчиний графикийг миллиметровкийн цаасан дээр зурж ойлгохыг хичээж байлаа.

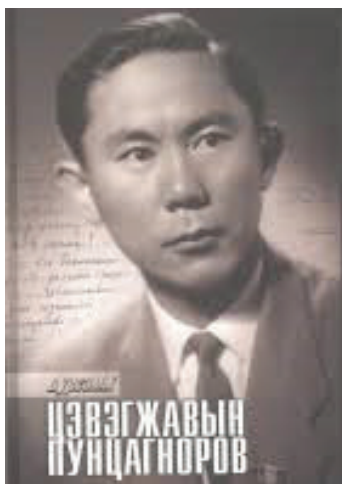
Хамгийн их тодорхой гарсан график нь хүний хамуугийн өвчлөл, дэгдэлтүүд байлаа. Цолмон, Авирмэд ах нар энэ бол тодорхой хэмнэлтэй юм байна гээд графикийг шууд хараад хэлж билээ. Ингээд хаанаас ч билээ жаахан санхүүжилт олж тэр өвчнүүдийн хамгийн гол нь хамуугийн дэгдэлт одоо явагдаж байгаа тухай, дараа нь ойрын хугацаанд менингитийн дэгдэлт болох гэж байгааг анхааруулсан жижиг товхимол 1990 озы эхээр Х.Даваажав эмчийн хамт гаргасан билээ. Х.Даваажав эмч тэр үед Арьсны төвийн захирал байсан.



Цолмон, Авираа ах хоёр маань хүний арга эвийг олохдоо их сайн. Тэр үед газар зүйн хүрээлэнгээс агуй судлах ёстой байжилдээ. Мань хоёр, манай Батсүх даргыг агуйд сарьсан багваахай байдаг талаар ухуулж, Батсүх дарга ч сарьсин багваахай галзуугийн вирүсийг тээгч гэдгийг сайн мэддэг байсан тул тэр тал дээр бас юм гарч магадгүй гэж үзээд Гоцоос 66 машин, бензин тосыг нь гаргасан билээ.

Мөн намайг их онхолдуулдаг байсан. Үүнд нь агуйн тогтмол усанд шинжлэх ухаанд нээгдээгүй загас байдаг. Мөн алмасын тухай ярьж алмасын шарил, үлдэгдэл олдож болох талтай гэж хорхой хүрэгдэг байлаа. Мөн ДСНК (Дом советский наук культур), одоогийн РЦНК (Российский центр наук культур) дээр алмас судлаач Равжир гуайтай уулзалт болоход Цолмон, Авираа ах, хүү бид хэд очиж лекцэнд суу байлаа. Би сүүлд 2015 байхаа “Монголын Алмас судлаачдын нийгэмлэг” байгуулсан бөгөөд алмасын тухай ном бичих төлөвлөгөөтэй, материалаа ерөнхийдөө цуглуулсан.

Цолмон ах маань маш сониуч юмыг жижиг гэлтгүй сонирхон судалдаг, анчин буюу анд дуртай, загасчин, орчуулагч намуухан дуутай их сайхан хүн, гурав дахь үеийн газар зүйч эрдэмтэн байлаа.



Түүний өвөө Ц э р э н д о р ж и й н Цэвэгжав манай улсын дээд мэргэжилтэй анхны газар зүйч, аав Ц.Пунцагноров нь нэртэй түүхч, улс төр нийгмийн зүтгэлтэн байв. Ар Монголд Манжийн дарлалыг түлхэн унагааж, Автономит Монгол улс байгуулагдсаны дараа Богд хаант Монгол улсын Засгийн газраас Нийслэл хүрээнд анхны сургуулийг байгуулж, Хаант Оросоос мэргэжилтэн багш нарыг урьж багшлуулсны дотор Ц.Цэвэгжав багтсан байна. Анхны энэ дунд сургуульд Ц.Цэвэгжав дэлхийн байдал, хими, физикийн хичээл

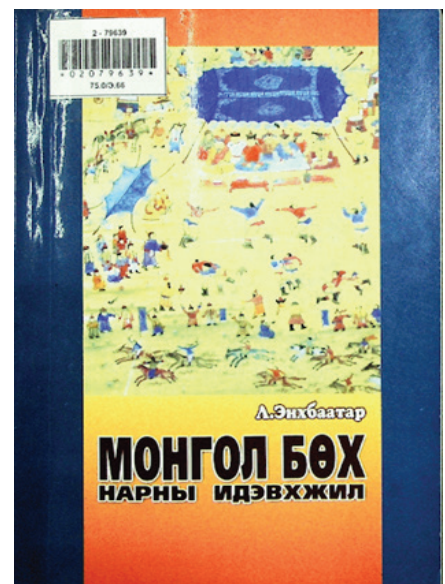
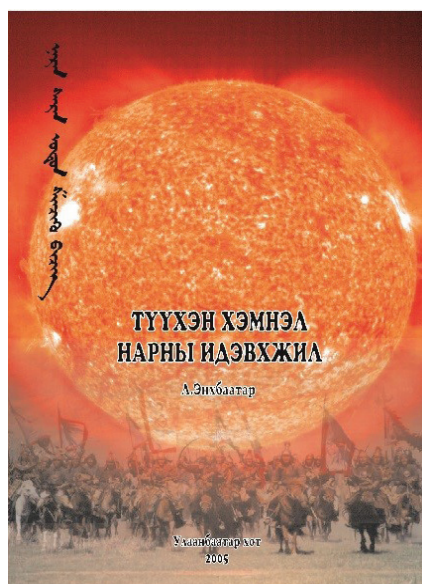
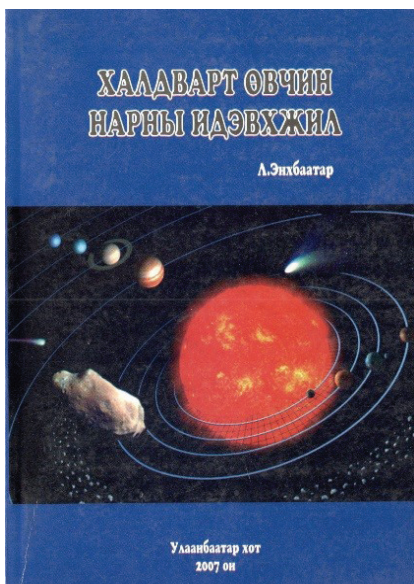
зааж, улмаар уг сургуулийн захирлын албыг хаших болжээ. Тухайн үед боловсон хүчин дутмаг байсан

болохоор Анхны дунд сургуулиас гадна тэрээр Гадаад хэргийн яамны Орчуулагчийн сургууль, Оюутны сургууль, Цэргийн ерөнхий сургууль, Бага даргын сургууль зэрэгт мөн багшилж байжээ. “Түүхч, академич Ц.Пунцагноровын судалгааны гол чиглэл нь 1911 оны үндэсний хувьсгалын түүхийг судлан боловсруулах явдал байсан бөгөөд уг сэдвээр 1951 онд ЗХУ-ын Москва хотын Ломоносовын нэрэмжит улсын их сургуульд дэд эрдэмтний зэрэг хамгаалж, гадаад оронд түүхийн мэргэжлээр суралцаж төгссөн, түүхийн салбараас төрөн гарсан анхны эрдэмтэн болжээ. Тэрбээр эрдэм шинжилгээний хэд хэдэн ном гаргасны дотроос “Монголын автономитийн үеийн түүх (1911-1919) “бүтээл нь гол байр эзэлдэг.

Цолмон ах Москвагийн Улсын Их Сургуульд суралцаж физик газарзүйч - геоморфологичийн мэргэжил эзэмшсэн. Дараа нь Шинжлэх Ухааны Академийн Газарзүй, Цэвдэг Судлалын Хүрээлэнд (1976-1995) эрдэм шинжилгээний ажил эрхэлж байв. Туркменистан улсын ШУА-ийн Цөл Судлалын Хүрээлэнд “Монгол орны гандуу нутгийн цөлжилтийн үйл явц” сэдвээр газарзүйн ухааны дэд докторын зэрэг хамгаалсан. Нийт 140 орчим бүтээлтэй. Үүний дотор дангаараа болон бусадтай хамтран 15 ном, товхимол бичиж, 5 ном орос хэлнээс хөрвүүлж, 2 ном хянан толилуулсан байдаг. Цолмон ах маань надад өөрийн орчуулсан “Анчин” мөн нэг Далайн дээрэмчний тухай орчуулсан ном, өөрийн бичсэн “Индианчуудын түүхийн улбаа” номоо бэлгэлж байлаа. Бид 2 заримдаа сайхан хөөрөлдөж “Зуу” татнаа. “Индианчуудын түүхийн улбаа” номон дээрээ Хайрт дүү Энхбаатартаа ажлын өндөр амжилт хүсэн ерөөе, Урт наслаж удаан жаргаарай Цолмон ах нь 2013.02.13 гэж бичсэн байдаг. Энэ хоёр хүний уруу татан оруулсан хелиобиолги буюу нарны идэвхжилтэй холбоотой шинжлэх ухаанаар би нэг ёсондоо өвчилж (хобби байсан юм) энэ тэндхийн эрдэм шинжилгээний хурал, товхимолд илтгэл, товчлол өгч явсаар 1999 онд сансарын нисгэгчдийн эмч, хожимийн төрийн соёрхолт, шинжлэх ухааны доктор, профессор Лувсанямын Лхагва багшийн удирдлагаар “Зарим халдварт өвчний дэгдэлтэнд нарны идэвхжил нөлөөлөх нь” сэдвээр монголын шинжлэх ухаанд хамгийн анх хелиобиологийн чиглэлээр хамгаасан билээ.



Газар зүйн доктор П.Цолмон, эмч Л.Энхбаатар Газар зүйн доктор П.Цолмон, Б.Авирмэд эмч Л.Энхбаатар



Энэ нь Цолмон, Авираа ах хоёрын минь ач буян билээ. Үүний дараа Хөдөө аж ахуйн их сургуулийн профессор Р.Индра багш бид хоёр Г.Ганбат багшийг удирдан ган, зуд нарны идэвхжилтэй холбоотой болохыг нотолж эрдмийн зэрэг хамгаалуулсан болно. Би 2005 онд “Монголын космобиологчдийн нийгэмлэгийг” байгуулсан бөгөөд сүүлд бүр тодорхой болгохын тулд 2015 онд “Монголын хелиобиологчдын холбоо”-г байгуулан “Монголын түүхэн дэх хөгжлийн хэмнэл ба нарны идэвхжил” 1997 он, “Түүхэн хэмнэл ба нарны идэвхжил” 2005 он хянасан Лодонгийн Түдэв “Халдварт өвчин

нарны идэвхжил”, “Монгол бөх нарны идэвхжил” 2007 он хянасан Лувсаннямийн Лхагва зэрэг ном гаргасан билээ. Ингээд эгэлгүй даруухан эрдэмтэн Пунцагноровын Цолмон ахынхаа 70 насны ой энэ жил тохиож байгаатай холбогдуулан гэргий Цэрэнбадам эгч болон үр хүүхдүүд, ач гучид нь эрүүл энх сайн сайхан бүхнийг хүсье.

*“Монголын хелиобиологичдын нийгэмлэг”-ийн тэргүүн, анагаах ухааны доктор Л.Энхбаатар
2021 оны 9 дүгээр сарын 26*



ENGLISH ABSTRACTS OF THE ORIGINAL RESEARCHER ARTICLES

RESULTS OF ACTIVE SURVEILLANCE FOR DELTA VARIANT OF SARS-COV-2 IN MONGOLIA

D.Oyungerel, A.Burmaa, B.Darmaa, B.Enkhtuya, S.Ankhubayar, Ch.Tuvshintur, M.Tsogt, J.Nyamsuren, NCCD

The study's aim is to define epidemiological features of 268 local cases with Delta variants. We selected the first 268 cases with the Delta variant which reported the National Surveillance System of NCCD from June 22 to August 22, 2021. For the purpose of national Delta variant surveillance, district and provincial Virology laboratories sent 10-20% of the specimens that confirmed SARS-CoV-2 by RT-PCR with Ct value under 20 to the National Reference Laboratory. National Reference laboratory performed Novaplex™ SARS-CoV-2/P681R Assay on those specimens for detecting Delta Variant. Epidemiologists of NCCD were collected data retrospectively as active surveillance from Delta variant positive cases using an investigation form. The questionnaire has 85 questions that consist of 11 sections.

We estimated cases with Delta variant using Delta variant positive rate and R0 which was determined in

the study of Ying Liu et.al. As a result, cases with Delta variant started to increase from 6 August and reached the peak on 20 August 2021, around 4,094 people infected Delta variant. The average age was 36.3, more than half of the cases were women. The average incubation period was 5 days and the generation time was 2.4 days. Totally, 248 (92.5%) cases had symptoms. Leading symptoms were stuffy nose (65.3%), headache (59.3%), fatigue (58.2%), dry cough (57.8%), sore throat (51.1%). 8 (3.6%) cases were vaccinated by one dose of COVID-19 vaccine while 213 (96.4%) cases were fully vaccinated. 42.5% of the vaccinated cases hospitalized and it was low compared with cases had not vaccinated by 2.2%. We observed young children, adults who have not been vaccinated and people with chronic diseases might be at risk to infect Delta variant and hospitalize.

* * *

ADVERSE EVENTS FOLLOWING IMMUNIZATION FOR COVID-19 IN MONGOLIA

D.Oyungerel, Ch.Urtnasan, S.Altanchimeg, B.Gantsooj, A.Burmaa, O.Dashpagma, M.Tsogt, NCCD

We aimed to evaluate the adverse events following the COVID-19 vaccines in Mongolia and will contribute to the recommendations on the safety of the COVID-19 vaccine and its prevention.

The study protocol was developed using WHO guidance related to vaccine safety surveillance and was conducted using the active safety surveillance system of Mongolia by active surveillance. 4,000 participants who vaccinated by Vero cell (n=1,000), AstraZeneca-Covishield (n=1,000), Gam-COVID-Vac (n=1,000), Comirnaty (n=1,000) were randomly selected from Mongolian National Immunization program database from 23 February to June 1, 2021. The study was funded by the CDC of the USA and the Task Force for Global Health within the framework cooperation with NIC,

NCCD Mongolia. Totally 40 surveyors collected data from participants in a week by cell phone according to the developed questionnaire with 85 questions.

A total of 3,994 participants' data were analyzed, of which 2,253 (56.4%) participants reported they have AEs after the first dose of the COVID-19 vaccine. After the second dose, the rate of presented AEs was reduced and only 345 (8.6%) participants had AEs. The average time of presenting AEs was 1.5 days which was the same as 2 doses. AstraZeneca-Covishield vaccine 79.0% of the recipients reported they had an adverse event following immunization which was the highest among the other 3 vaccines. The most frequently reported adverse reactions were mild and moderate such as injection site pain (after 1st dose 26.9%, 2nd dose 18.4%), systemic reactions

such as headache after (1st dose 19.9%, 2nd dose 11.5%), fever below 39 degrees (1st dose 14.9%, 2nd dose 5.1%), chills (1st dose 12.5%, 2nd dose 5%), joint pain (1st dose 10.4%, 2nd dose 4.7%), tiredness (1st dose 10%, 2nd dose 5.9%), sleepiness (1st dose 6.2%, 2nd dose 3.7%), muscle pain (1st dose 5.9%, 2nd dose 2.1%) and nausea (1st dose 3.6%, 2nd dose 1.7%). Severe adverse events were rare and reported lymphadenitis (1st dose 0.3%, 2nd dose 0.2%), fever above 39 degrees (1st dose 0.9%, 2nd dose 0.4%), shortness of breath (1st dose 0.2%, 2nd dose 0.2%), skin allergic reaction (1st dose 0.1%, 2nd

dose 0.1%), swelling of the face and whole body (1st dose 0.1%).

The overall frequency of adverse events was low among Mongolian people vaccinated by Vero cell, AstraZeneca-Covishield, Gam-COVID-Vac, Comirnaty vaccine compared with AEs which in vaccine manufacturer description. As well, sleepiness, hypertension, dizziness was the special AEs compared with other countries.

* * *

EPIDEMIOLOGICAL CHARACTERISTICS OF INFECTION IN COVID-19 CLOSE CONTACTS IN ULAABAATAR CITY, MONGOLIA

Ch.Tuvshintor, D.Badral, T.Uuganjargal, J.Nyamsure, J.Soyolmaa, D.Oyungerel, NCCD

The coronavirus disease (COVID-19) pandemic is the greatest public health threat that the world has seen in the last 100 years. As individuals who were in close contact with a confirmed case are at increased risk of being infected, contact tracing and quarantine are primary actions at reducing the number of secondary cases and controlling the outbreak. The aim of this study was to analyze close contacts of confirmed cases registered in Ulaanbaatar to identify populations and conditions at high risk of infection.

We conducted a retrospective study on all COVID-19 confirmed cases notified from the public health laboratories between November 11, 2020, and March 31, 2021. The epidemiologist of NCCD collected data with the support of officers of the General Police Department and the General Intelligence Agency according to a questionnaire approved by the Ministry of Health. Contact tracing was defined as the systematic identification, through a detailed interview with the patient with COVID-19 or their caregiver, of all household, family, work/school, and social contacts who have had contact with a confirmed case, from 2 days before symptom onset of the case and up to 14 days afterward.

Data on demographic characteristics, including sex, age at the notification, and type of dwelling (social or not), were collected. Epidemiological parameters, namely notification date, specimen collection date, the number and type of close contacts, the number of total household members, and the number of household members were also collected.

Between November 11, 2020, and April 1, 2021, we traced 22,094 close contacts from 7,266 PCR confirmed index cases. From total contacts, 49.2% were family contacts, 24.4% were contacted at work and 9% were at the medical centers. The attack rate was 23.9% for family members, 22% for singing together at karaoke, 16.7% for working at confirmed cases home, 13.7% for the neighborhood, 12.5% for visited confirmed cases' homes, 10% for friends, and 9.3% for recreating spring sanatorium. The Secondary attack rate was high (91.7%) among contacts who singing together with confirmed cases.

Young children and people older than 65 years old, family members, friends, and relatives were at high risk of infection.

* * *

GENOMICS STUDY OF THE SARS-COV-2 THAT CAUSED THE FIRST WAVE OF THE COVID-19 PANDEMIC IN MONGOLIA

Ts.Naranzul¹, F.Seiichiro², G.Tsogzolmaa¹, N.Bayasgalan¹, Ch.Khishigmunkh¹, N.Mina², W.Shinji², S.Ankhubayar¹, B.Tserendulam¹, B.Darmaa¹, L.Battur¹, P.Nymadawa³
¹NCCD, ²NIID-JP, ³MAMS

The first confirmed case of COVID-19 infection in Mongolia was reported in March 2020 as an imported case, while the clusters of the local transmission have been identified in November 2020. In our study, we analyzed the genomic changes of the SARS-CoV-2 virus that had been distributed for one year since it was first registered in Mongolia. Whole genome sequence was used to detect genomic variability of the virus in 20 samples. Before of domestic outbreak and until Nov 2020, changes in the amino acid A845S, R273S, D614G, D138Y, M153T, and D839Y in the S protein that the main

surface antigen of the SARS-CoV-2 virus was detected in 6 samples, which was reported as the imported cases. Viral strains with additional V143F, D614G, P681H changes from 09 Dec 2020 and V143F, D614G, P681H, S640F changes from 26 Dec 2021 in the S protein was detected in 14 samples of the local outbreak. Prior to the outbreak of COVID-19 in Mongolia, the original Wuhan strain-like SARS-CoV-2 virus was the causative agent of the infection, but after the local outbreak “new variant” that have the surface amino acid changes with V143F and S640F was prevalent in the domestic infection.

* * *

SURVEILLANCE STUDY OF VIRUSES CIRCULATING 2010-2020 IN MONGOLIA CAUSING RESPIRATORY INFECTION

Ts.Naranzul¹, N.Bayasgalan¹, S.Ankhubayar¹, Ch.Khishigmunkh¹, Kh.Batchimeg¹, B.Tserendulam¹, B.Gantsooj¹, B.Darmaa¹, J.Sarantuya², P.Nymadawaa³
¹NCCD, ²MNUMS, ³MAMS

The most common disease in the world is acute respiratory infections (ARIs). Pneumonia and bronchitis caused by respiratory infections account for 5.7% of deaths and are the third leading cause of death. Worldwide, averages of 3-5 million people are infected with influenza each year, and approximately 290,000 to 650,000 people die from the disease. The study purpose was to determine the prevalence of respiratory viruses, antigenic and genetic characterization of influenza viruses isolated in Mongolia, 2010-2020.

Material and methods: Totally, 34896 respiratory specimens were collected from patient who visited to influenza sentinel surveillance unites. The specimens were tested for influenza by rtRT-PCR, for other respiratory pathogens detection were performed using multiplex trRT-PCR and HA, NA, M2 genes sequences for influenza viruses were performed using CDC primers, analyzed by ABI 3130xl genetic analyzer. The antiviral susceptibility testing was performed by chemiluminescence and fluorescence-based NAI assay and by sequencing for M2 gene. The antigenic characterization testing for influenza viruses were tested

HI test.

Results: The average of influenza virus detection rate was 4633(13.3%), among them were detected 25.3% A(H1N1)pdm09, 52.2% A(H3N2) and 22.5% influenza B subtypes respectively. Phylogenetic analyze showed A(H1N1)pdm09 viruses related to clades 7, 6c, 6b, 6b.1A and 6b.1A/183P-5, A(H3N2) viruses related to clades 1, 3c, 3c.3A, A3, A2, A1b/137F, A1b/135K, A1b/197R and influenza B viruses divided to B/Victoria 1A, V1A.3 and B/Yamagata 3 lineage. The antigenic analyze showed generally of influenza viruses matched to vaccine strains that recommended via WHO, but strains A(H3N2) in 2012-2013 and 2014-2015 mismatched to the vaccine strains. Drug susceptibility tests revealed all of influenza type A viruses detected resistant to amantadine with S31N mutation, even all strains were sensitive to neuraminidase inhibitor drugs. We found mutation G104R of amino acid in NA gene of influenza B virus that highly reduced susceptibility to multi NAI's. Other respiratory pathogens have been detected 3024(47.2%). Among them were rhinovirus 24.7%, RSV 14%, bocavirus 7.5%, adenovirus 7.2%, para-influenzavirus-

III 6.9%, metapneumovirus 6.4%, enterovirus 6.1%, respectively. Coronavirus types 43, 63, 229, and HKU were identified in 10.9%.

Conclusions: In 2010-2020, the average of influenza virus detection rate in the population of our country was 13.3% and was lowest (8.7%) among children aged 0-11 and was highest (18.9%) among 5-14 years. During this period, A(H3N2) subtype predominated and antigens mismatched to those of the annual vaccine strains, some

season. Types A and B of the influenza virus found in Mongolia are susceptible to NAI's, and all strains of type A are resistant to M2 protein inhibitors. Because rhinoviruses, RSVs, bocaviruses, metapneumoviruses, and para-influenzavirus-III viruses cause seasonal outbreaks (epidemy), a seasonal immunization plan should be developed based on these characteristics. The mean incidence of ILI was 47.2% and was highest in children aged 0-4 years.

* * *

EVALUATION OF RAPID ANTIGEN TESTS TO DETECT COVID-19 IN MONGOLIA

G.Tsogzolmaa¹, S.Ankhbayar¹, Ts.Naranzul¹, B.Purevbat¹, Ch.Khishigmunkh¹, N.Bayasgalan¹, B.Gantsooj¹, B.Bumdelger¹, Kh.Batchimeg¹, A.Bayarzaya², B.Darmaa¹, ¹NCCD, ²WHO

There is limited information on the performance of rapid antigen detection tests, which are used in Mongolia, to identify COVID-19. In this study, we evaluated the 22 SARS-CoV-2 antigen detection rapid tests in the COVID-19 detection field and in the laboratory using sample dilution method. By the result, the sensitivity of the kits was $\geq 90\%$ in 9 kits, $\geq 80\%$ in 11 kits and $\leq 70\%$ in

9 kits according to rapid antigen test detection limit (Ct value ≤ 25), while the sensitivity was $\geq 80\%$ in 7 kits and $\leq 79\%$ in the others based on the total number of tests. Our research work became the basis of recommendation for selecting rapid antigen detection tests of COVID-19 in our country.

* * *

РЕДАКЦИЙН ЗӨВЛӨЛ

“ХАЛДВАРТ ӨВЧИН СУДЛАЛЫН МОНГОЛЫН СЭТГҮҮЛ”-ИЙН РЕДАКЦИЙН ЗӨВЛӨЛ

Ерөнхий эрхлэгч:

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

Дэд эрхлэгчид:

1. Г.Батбаатар, Монголын дархлаа, нян судлалын нийгэмлэгийн тэргүүн, анагаах ухааны доктор, профессор, гавъяат багш, 99102212, godi_bat@yahoo.com
2. Б.Дармаа, Монголын вирус судлалын нийгэмлэгийн тэргүүн, ХӨСҮТ-ийн Вирус судлалын лабораторийн эрхлэгч, ЭМЯ-ны Био-аюулгүй ажиллагаа, лабораторийн онош зүйн ерөнхий мэргэжилтэн, анагаах ухааны доктор, дэд профессор, Хүний гавъяат эмч, 99754824, darmaanicsmn@gmail.com
3. Ч.Мөнхцэцэг, ХӨТМҮХ-ны гүйцэтгэх захирал, Монголын Тархвар Судлаачдын нийгэмлэгийн тэргүүн, анагаах ухааны доктор, 88135317, munkhuu828@yahoo.com
4. Д.Нямхүү, анагаах ухааны доктор, профессор, 99113030, dnyamkhuu@nccd.gov.mn
5. Р.Оюунгэрэл, Монголын халдвартын эмч нарын нийгэмлэгийн тэргүүн, АШУҮИС-ийн АУС-ийн Халдварт өвчин судлалын тэнхимийн эрхлэгч, анагаах ухааны доктор, дэд профессор, 88003876, oyungerel.r@mnums.edu.mn; ravjiroyun@yahoo.com
6. Н.Цогбадрах, ЗӨСҮТ-ийн захирал, анагаах ухааны доктор, Хүний гавъяат эмч, 99030301, tsogoo_0210@yahoo.com, tsog-badrakh@nczd.gov.mn

Эрхэлсэн нарийн бичгийн дарга:

Д.Наранзул, ХӨСҮТ-ийн Сүрьеэгийн тандалт судалгааны албаны тархвар судлаач, анагаах ухааны доктор, 99072366, ndambaa@yahoo.com

Нарийн бичгийн дарга:

1. А.Бурмаа, ХӨСҮТ-ийн Томуугийн үндэсний нэгжийн дарга, анагаах ухааны доктор, 99085415, aburma69@gmail.com

Хүндэт гишүүд:

1. Д.Дандий, Биологийн ухааны доктор, Төрийн шагналт, Шинжлэх ухааны гавъяат зүтгэлтэн, хүндэт профессор 99881009
2. Н.Дондог, “Эрүүл мэнд дархлаажуулалт” төрийн бус байгууллагын гүйцэтгэх захирал, анагаахын шинжлэх ухааны доктор, тархвар судлалын зөвлөх зэрэгт, клиникийн профессор, 99948695, ndondog@yahoo.com
3. П.Нямдаваа, Эрүүл мэндийн яамны Дархлаажуулалтын үндэсний зөвлөх хорооны дарга, анагаахын шинжлэх ухааны доктор, профессор, академич, эрүүлийг хамгаалахын гавъяат ажилтан 99112306, nyamadawa@gyals.mn
4. Г.Жамба, АШУҮИС-ийн захирлын зөвлөх, анагаах ухааны доктор, профессор, гавъяат багш, 458010

Гишүүд:

1. Д.Абмэд, биологийн ухааны доктор, 99778211, 454188, abmed99@yahoo.com
2. З.Адъяасүрэн, анагаах ухааны доктор, зөвлөх зэрэгт, клиникийн профессор, 99166676, adiyas_z@yahoo.com
3. М.Алтанхүү, Монголын вирус судлалын нийгэмлэгийн тэргүүлэгч гишүүн, анагаах ухааны доктор, дэд профессор, 99092337, altankhuumordorj@gmail.com
4. Д.Алтанцэцэг, ХӨСҮТ-ийн Лабораторийн удирдлага техник хангамжийн менежер, анагаах ухааны доктор, дэд профессор, зөвлөх зэргийн эмч, 99182982, daltaa06@yahoo.com altaad06@gmail.com
5. 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
6. О.Баатархүү, Монголын Элэгний Эмгэг Судлалын Холбооны Тэргүүн, ЭМЯ-ны Халдварт өвчин, тархвар судлалын ерөнхий мэргэжилтэн бөгөөд Мэргэжлийн салбар зөвлөлийн дарга, АШУҮИС-ийн халдварт өвчин судлалын тэнхимийн багш, анагаах ухааны доктор, профессор, 99094624, baatarkhuu65@yahoo.com
 7. Ж.Батаа, “Ач” анагаах ухааны их сургуулийн ахлах багш, анагаах ухааны доктор, 94072117, 99271452, bataajan@yahoo.com
 8. Ц.Базаррагчаа, ХӨСҮТ, Монголын сүрьеэтэй тэмцэх холбооны ОЭТС-ийн эмчилгээний хугацааг богиносгох STREAM эмнэлзүйн судалгааны удирдагч, Анагаах ухааны доктор, 86094999, bazra4@yahoo.com
 9. Б.Болдбаатар, Монголын вирус судлалын нийгэмлэгийн дэд тэргүүн, ХААИС, Мал эмнэлгийн хүрээлэнгийн Вирус судлалын лабораторийн эрхлэгч, мал эмнэлгийн ухааны доктор, 95963305, boldoomglvet@yahoo.com
 10. Д.Гантулга, “Илтгэлт” эмнэлгийн гүйцэтгэх захирал, анагаах ухааны доктор, 99904889, dr_gantulgad@yahoo.com
 11. Д.Даваалхам, АШУҮИС-ийн НЭМС-ийн захирал, анагаах ухааны доктор, профессор, 99090141, davaalkham@mnums.edu.mn
 12. Ж.Даваалхам, ХӨСҮТ-ийн ДОХ/БЗДХ-ын Тандалт судалгааны албаны дарга, анагаах ухааны доктор, 99113918, jdavaalkham@gmail.com
 13. Я.Дагвадорж, АШУҮИС-ийн Халдвартын тэнхимийн багш, анагаах ухааны доктор, профессор, 91180537, dahgwah@yahoo.com
 14. Т.Дэлгэр, ХӨСҮТ-ийн зөвлөх эмч, клиникийн профессор, хүний гавьяат эмч, 99170153
 15. Б.Ичинхорлоо, НЭМҮТ-ийн Биотехнологи, инновацын албаны дарга, анагаах ухааны доктор, 99275595, ibonduush@yahoo.com
 16. Ж.Мягмар, Анагаах ухааны доктор, 99822987, janchivmyagmar@yahoo.com
 17. Ж.Оюунбилэг, МВСН-ийн дэд тэргүүн, биологийн шинжлэх ухааны доктор, профессор, 99762000, jobileg@gmail.com
 18. М.Оюунгэрэл, Анагаах ухааны доктор, 99094047, oyungerel@nccd.gov.mn
 19. Т.Хосбаяр, АШУҮИС-ийн Молекул биологи-Удамзүйн тэнхимийн багш, анагаах ухааны доктор, 99254526, khosbayart@gmail.com
 20. Ж.Хулан, МУИС-ийн Шинжлэх ухааны сургуулийн багш, биологийн ухааны доктор, 99197205
 21. Б.Саруул, ХӨСҮТ-ийн Амбулаторын тасгийн эрхлэгч, анагаах ухааны доктор, 99008084, sаруул.batulzii@yahoo.com
 22. С.Цогтсайхан, АШУҮИС-ийн Дархлаа, нян судлалын тэнхимийн эрхлэгч, анагаах ухааны доктор, профессор, 91918246, tsogt_san@yahoo.com
 23. Н.Цэнд, анагаах ухааны доктор, Эрүүлийг хамгаалахын гавьяат ажилтан, 88858929, tsend@yahoo.com
 24. Д.Цэрэнноров, ЗӨСҮТ-ийн Эрдэмтэн нарийн бичгийн дарга, гадаад харилцааны асуудал хариуцсан мэргэжилтэн, Биологийн ухааны доктор, 88115664, dnorov_99@yahoo.com, dnorov09@gmail.com, tserennorov_d@nczd.gov.mn
 25. Б.Цогтбаатар, НҮБ-ын хүн амын сангийн ажилтан, анагаах ухааны доктор, 95114967, tbyambaa@yahoo.com
 26. Д.Энхсайхан, МУИС-ийн Эрдэм шинжилгээний хэлтсийн мэргэжилтэн, Биологийн ухааны доктор, 99181558, enkhsaikhandashdondog@yahoo.com
 27. Л.Энхбаатар, “Монголын анагаах ухааны түүх судлаачдын нийгэмлэг”-ийн тэргүүн, анагаах ухааны доктор, 99780134, cmb1691@yahoo.com
 28. Ч.Эрдэнэчимэг, Анагаах ухааны доктор, клиникийн профессор, 99263767, ch_erdenechmg@yahoo.com