



**УДИРДАГЧ**  
**Ч.БАТТОГТОХ**  
АУ-ны доктор, дэд профессор

**СУДАЛГААНЫ БАГИЙН ГИШҮҮД:**

Э.Оюунсүрэн АУ-ы доктор, дэд профессор, ЭМЯ  
Ц.Эрдэмбилэг АУ-ы доктор, дэд профессор, ЭМЯ  
Б.Сэвжидмаа, АУ-ы доктор, Хүний их эмч, генетикч  
Ц.Билэгтсайхан, АУ-ы доктор, дэд профессор,  
ХӨСҮТ-ийн ерөнхий захирал  
Л.Баттөр, АУ-ы доктор, ХӨСҮТ-ийн ерөнхий  
захирал асан  
Ж.Байгальмаа, АУ-ы доктор, ХӨСҮТ-ийн дэд  
захирал  
Ц.Наранзул, АУ-ы доктор, ХӨСҮТ-ийн Вирус  
судлалын лабораторийн эрхлэгч  
Ж.Нямсүрэн, ХӨСҮТ-ийн Тандалт судалгааны  
албаны дарга  
Н.Цогбадрах АУ-ны доктор, дэд профессор,  
ЗӨСҮТ-ийн захирал  
Б.Нацагдорж, ЗӨСҮТ-ийн вирус судлалын  
лаборатори  
Х.Тунгалаг, ЗӨСҮТ-ийн вирус судлалын  
лаборатори  
Б.Ичинхорлоо, АУ-ы доктор, дэд профессор,  
НЭМҮТ-ийн Биотехнологи, инновацийн албаны  
дарга  
Б.Төгөлдөр, НЭМҮТ-ийн Полимиелитын эрдэм  
шинжилгээний ажилтан  
Т.Халиунаа, НЭМҮТ-ийн Молекул биологи, хүн  
амзүйн генетикийн асуудал хариуцсан эрдэм  
шинжилгээний ажилтан  
Б.Номин-Эрдэнэ, НЭМҮТ-ийн Чанарын хяналт,  
шинжилгээ хариуцсан эрдэм шинжилгээний  
ажилтан

**СУДАЛГААНЫ БАГИЙН ҮНДСЭН ГҮҮЦЭТГЭГЧ:**

АУ-ны магистр Э.Мөнхтуяа, АШУҮИС-ийн  
Биоанагаахын сургуулийн Бичил амь судлал,  
халдварын сэргийлэлт хяналтын тэнхимийн  
докторант, Интермед эмнэлгийн бактериологийн  
эмч  
Б.Отгонжаргал, АУ-ы доктор, АШУҮИС-ийн  
Биоанагаахын сургуулийн Бичил амь судлал,  
халдварын сэргийлэлт хяналтын тэнхимийн багш  
Г.Ануужин, АШУҮИС-ийн Биоанагаахын  
сургуулийн Бичил амь судлал, халдварын  
сэргийлэлт хяналтын тэнхимийн багш  
Б.Очбадрах, АУ-ы магистр, АШУҮИС-ийн  
Биоанагаахын сургуулийн Молекул биологи,  
удамзүйн тэнхимийн багш  
М.Баттөр, АУ-ы магистр, АШУҮИС-ийн  
Биоанагаахын сургуулийн Бичил амь судлал  
халдварын сэргийлэлт хяналтын тэнхимийн багш

**Вирусийн геномын судалгаа**

**МОНГОЛ УЛСАД  
ГОЛОМТЛОН ТАРХАЖ  
БУЙ SARS-COV-2  
ОМОГТ БХ-ПГУ АРГААР  
ӨВӨРМӨЦ МУТАЦИ  
ИЛРҮҮЛЭХ, ГЕНОМЫН  
СУДАЛГАА БОЛОН  
НУКЛЕЙН ХҮЧЛИЙН  
ДАРААЛАЛ ТОГТООХ  
ШИНЖИЛГЭЭНИЙ  
ШИНЭ ТЕХНОЛОГИ  
НЭВТРҮҮЛЭХ  
СУДАЛГААНЫ ДҮН**

А.Оюунбаатар, АУ-ы магистр, АШУҮИС-ийн  
Биоанагаахын сургуулийн Бичил амь судлал  
халдварын сэргийлэлт хяналтын тэнхимийн багш  
Д.Золзаяа, АУ-ы магистр, АШУҮИС-ийн  
Биоанагаахын сургуулийн Бичил амь судлал  
халдварын сэргийлэлт хяналтын тэнхимийн багш  
Т.Сувд, АШУҮИС-ийн Биоанагаахын хүрээлэнгийн  
молекул биологийн лабораторийн эрдэм  
шинжилгээний ажилтан

## УДИРТГАЛ:

Хятад улсын Хубэй мужийн Ухань хотод 2019 оны 12 сарын 12-нд анхны тохиолдол бүртгэгдэн улмаар цар тахал болон тархаж буй коновирусийн халдварын анхны зөөвөрлөгдсөн тохиолдол Монгол улсад 2020 оны 03 сарын 10-нд, дотоодын халдварын анхны тохиолдол 2020 оны 11 сарын 11-д бүртгэгдсэн. Геномын бүтэц нь SARS-CoV (Severe Acute Respiratory Syndrome Coronavirus)-тэй 79.6% ижилхэн вирусээрүүсгэгдэж буй шинэ халдвар болох нь тогтоогдож үүсгэх өвчнийг нь COVID-19 (Coronavirus disease 19) гэж нэрлэсэн SARS-CoV-2 нь удмын хувьд Coronaviridae бүлэг, Betacoronavirus-ийн төрөлд хамаарах 30, 000 орчим нуклеотид бүхий эерэг, дан утаслаг PHX (рибонуклейн хүчил) агуулсан вирус бөгөөд эмнэлзүйн шинж тэмдэггүй хэлбэрээс, амьсгалын цочмог халтай хам шинж, амьсгалын дутагдал, олон эрхтэний дутагдал улмаар нас баралтанд хүргэдэг хүнд хэлбэрийн халдвар үүсгэдэг. SARS-CoV-2-ийн геномын бүрэн дарааллыг анх тогтоосноос хойш дэлхийн улс орнууд түүний геномын тархварзүйн судалгааг маш их хийж байгаа бөгөөд 2022 оны 9 сарын байдлаар GISAID флатформд түүнийг 11, Nextstrain флатформд 26 удмын хэв шинжийг тодорхойлсон бөгөөд эдгээр нь нуклеотидийн мутаци эсвэл амин хүчлийн мутациараа хоорондоо ялгаатай байна. Хэдийгээр SARS-CoV-2 нь тасралтгүй хувьсаж, шинэ хувилбарууд бий болж байгаа боловч 2020 оны 11 сард Их Британид анх бүртгэгдсэн геномын бусад хэсэг дэх мутациас гадна S буюу спайк (spike) уургийн хэд хэдэн мутацийг (N501Y, 69/70 делеци, P681H) зэрэг агуулсан вирусийн хувилбар (20I/Alpha, V1 буюу B.1.1.7-Англи хувилбар), 2020 оны 12 сард Өмнөд Африкт бүртгэгдсэн Spike уургийн K417N, E484K, N501Y мутациудыг агуулсан 20H/Beta, V2 буюу B.1.351 хувилбар, Бразил хувилбар гэж нэрлэгдсэн Spike уургийн K417T, E484K, N501Y мутаци агуулсан P.1

хувилбар, 21A, 21I, 21J Delta (B.1.617.2 and AY дэд хувилбарууд), Omicron (B.1.1.529, BA.1, BA.1.1, BA.2, BA.3, BA.4, BA.5 дэд хувилбар) хувилбарууд нь илүү анхаарал татаж байна. Вирусийн мутацийг тодорхойлж шинэ хувилбарыг илрүүлэх, удмын хэв шинжийг тодорхойлох нь халдварын тархалтын байдлыг үнэлэх, халдварын эмнэлзүйн явц, эмчилгээний үр нөлөөг таамаглах, оношлогооны аргууд, оношлуурыг сонгох, үнэлэх, вакцины үр нөлөөг үнэлэх зэрэг олон талын ач холбогдолтой бөгөөд манай орны хувьд бодит хугацааны урвуу транскрипцийн полимеразийн гинжин урвал (бх-УТ-ПГУ) шинжилгээгээр халдварыг баталгаажуулж байгаа боловч 2021 оны 6 сар хүртэл вирусийн шинэ хувилбаруудыг илрүүлэх судалгаа өөрийн орны нөхцөлд хараахан хийгдээгүй, мөн геномын бүрэн дарааллыг тогтоон удмын хувьд ямар хэв шинжийн вирус дотоодод зонхилон тархаж байгааг тогтоогоогүй байгаа нь бидний судалгааны үндэслэл болсон.

## ЗОРИЛГО:

Монгол улсад тархаж буй SARS-CoV-2-ийн удмын хэв шинж ба тархварзүйн байдлыг тогтоох

## ЗОРИЛТ:

1. Монгол улсад тархаж буй SARS-CoV-2 – ийн омогт өвөрмөц мутацийг илрүүлж вирусийн зарим шинэ хувилбарыг таамаглан тархалтын байдлыг тогтоох
2. SARS-CoV-2-ийн геномын бүрэн дарааллыг тогтоож орчилд буй вирусийн хэв шинжийг тодорхойлох
3. Халдварт өвчин үүсгэгч бичил биетний геномын шинжилгээнд нанопор системд тулгуурласан шинэ технологи нэвтрүүлэх

Материал, арга зүй:

Энэхүү ретроспектив судалгааг ажиглалтын судалгааны арга, агшингийн

болон бичиглэлийн судалгааны загвараар 2021 оны 6 сараас 2022 оны 8 сард АШУҮИС-ийн Эмнэлзүйн молекул оношлогооны төв, Бианагаахын хүрээлэнгийн Молекул биологийн лаборатори, ХӨСҮТ, НЭМҮТ, ЗӨСҮТ, Интермед эмнэлгийн молекул биологийн лабораториудад хийж гүйцэтгэсэн. SARS-CoV-2 илрүүлэх бодит хугацааны урвуу траскрипцийн полимеразийн гинжин урвал (бх-УТ-ПГУ)-ын шинжилгээ хийж буй молекул биологийн лабораториудад хадгалагдаж буй дотоодын халдварын батлагдсан тохиолдлуудын шүлсний болон хамар-залгиурын арчдасны эерэг шинжлэгдэхүүнээс системчилсэн түүвэрлэлтийн аргаар түүвэрлэн авч мутаци илрүүлэх шинжилгээг хийсэн. COVID-19 батлагдсан тохиолдлуудын эерэг шинжлэгдэхүүнээс SARS-CoV-2-ийн рибонуклейн хүчил (PHX)-ийг StarMag 96 ProPrep C (Seegene Inc, Korea) оношлуурын 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 Assay, Novaplex SARS-CoV-2 Variants IV Assay оношлуурын цомгууд (Seegene Inc, Korea) хэрэглэн илрүүлэх бх-УТ-ПГУ-ын шинжилгээг CFX 96 Real-time PCR Detection System (Bio-Rad, USA) тоног төхөөрөмжөөр хийлээ.

S генийн өөрмөц мутаци илрүүлэх шинжилгээний хариу болон халдвар батлагдсан цаг хугацааны байдалд үндэслэн геномын дараалал тогтоох шинжилгээний сорьцыг сонгосон бөгөөд SARS-CoV-2 -ийн геномын бүрэн дараалал тогтоох шинжилгээг АШУҮИС-ийн Бионагаахын хүрээлэнгийн Молекул биологийн лабораторид MinION Mk1C (Oxford Nanopore technologies) нуклейн хүчлийн дараалал тогтоох шинжилгээний аппарат хэрэглэн "PCR tiling of SARS-CoV-2 virus-rapid barcoding and Midnight RT PCR

Expansion" протоколын дагуу хийж үр дүнд EPI2ME Agent программаар анализ хийлээ.

## ҮР ДҮН:

Бид судалгаандаа 2020 оны 11 сараас 2021 оны 10 сар хүртэл хугацаан дахь дотоодын халдварын батлагдсан тохиолдлуудын эерэг шинжлэгдэхүүнийг хамруулсан. SARS-CoV-2 илрүүлэх бх-УТ-ПГУ-ын шинжилгээ хийж буй АШУҮИС-ийн эмнэлзүйн молекул оношлогооны төв, ХӨСҮТ, НЭМҮТ, ЗӨСҮТ, Интермед эмнэлэг, Орхон аймаг, Хөвсгөл аймгийн Нэгдсэн эмнэлгийн молекул биологийн лабораториудад хадгалагдаж буй батлагдсан тохиолдлуудын шүлс болон хамар залгиурын 4,879 шинэлэгдэхүүнд S генийн E484K, N501Y, HV69/70 делецийн мутациудыг илрүүлэх шинжилгээг SARS-CoV-2 Variants I оношлуураар, 2 532 сорьцонд S генийн L452R, W152C, K417T, K417N мутациудыг илрүүлэх шинжилгээг Allplex SARS-CoV-2 Variants II оношлуураар, 686 сорьцонд L452R, P681R, K417N мутациудыг илрүүлэх шинжилгээг Novaplex SARS-CoV-2 Variants IV оношлуураар хийлээ. Шинжилгээнд хамрагдсан шинжлэгдэхүүний мэдээллийг хүснэгт 1- д үзүүллээ.

Хүснэгт 1. Судалгаанд хамруулсан шинжлэгдэхүүний мэдээлэл, сараар

Хугацаа	Тухайн сард эерэг байсан тоо ба хамруулсан шинжлэгдэхүүний тоо(%)
2020 он	
11 сар	156 (3.2)
12 сар	76 (1.56)
2021 он	
1 сар	156 (3.2)
2 сар	142 (2.91)
3 сар	481 (9.86)
4 сар	645 (13.22)

5 сар	599 (12.28)
6 сар	765 (15.68)
7 сар	622 (12.75)
8 сар	609 (12.48)
9 сар	628 (12.87)
Нийт	4879

SARS-CoV-2-ийн S уургийн мутаци илэрсэн байдлыг Хүснэгт 2 - т харууллаа. Хүснэгт 2- оос харахад 2020 оны 11 ба 12 сард батлагдсан тохиолдлуудын сорьцноос ялгасан SARS-CoV-2- т S-уургийн E484K, N501Y, HV69/70 делеци, L452R, W152C, K417T, K417N, P681R мутациуд илрээгүй байна. 2021 оны 1 сараас эхлэн тархаж буй SARS-CoV-2-ийн омогт S генийн мутаци илэрч эхэлсэн бөгөөд цаг хугацаа өнгөрөх тусам S генийн дээрх мутаци илрээгүй омгууд багасч 2021 оны 8-9 сард батлагдсан тохиолдлуудаас түүвэрлэсэн сорьцонд 5.1% хүрсэн байна.

2021 оны 1 сараас эхлэн S генийн N501Y болон HV69/70 делеци мутаци илэрч эхэлсэн бөгөөд энэ 2 мутаци хавсарч илэрсэн тохиолдолд Англи буюу Альфа (Alpha) хувилбар гэж үзэж байгаа юм. 2-р хүснэгтээс харахад Альфа хувилбар гэж таамаглаж буй омог 2021 оны 1 сараас тархаж эхэлсэн бөгөөд 2021 оны 8 сард хамгийн өндөр тархалттай байсан бол S уургийн HV69/70 делеци мутаци дангаараа илэрсэн омгуудын тархсан байдал нь Альфа хувилбартай мөн адил дүр зурагтай байна.

L452R мутаци илэрсэн омгийг 2020 оны 10 сард анх Энэтхэг улсад илэрсэн Дельта -Delta (B.1.617) буюу Энэтхэг хувилбар гэж тодохойлж буй бөгөөд энэхүү хувилбар манай оронд 2021 оны 07 сараас тархаж эхэлсэн болох нь хүснэгт 2- оос харагдаж байна.

SARS-CoV-2-ийн S генийн L452R, K417N, P681R мутациуд хавсран илэрсэн тохиолдолд Delta plus хувилбар гэж таамаглаж буй бөгөөд бидний хийсэн

судалгаагаар 2021 оны 8 сарын сорьцноос 2 тохиолдол илэрлээ.

Харин Эпсилон-Epsilon (California), Гамма-Gamma (Brazil), Бета-Beta (South Africa) хувилбар гэж таамаглах үр дүн гарсангүй.

Судалгаанд хамрагдсан нийт тохиолдлын 1.56% (76/4879)-д E484K, N501Y, HV69/70 del мутациуд дангаар болон хавсарсан байдлаар илэрсэн нь тодорхой хувилбарыг таамаглах боломжгүй үр дүн байсан бөгөөд ийм үр дүн 2021 оны 1 сараас хойш янз бүрээр илэрсэн.

SARS-CoV-2-ийн геномын бүрэн дарааллыг тогтоох шинжилгээг хийхдээ өмнөх ПГУ-ын шинжилгээ хийхдээ ялгаж -70°C-т хадгалсан SARS-CoV-2-ийн PHX-аас Ct утга нь <30, хангалттай хэмжээтэй байгаа PHX-ийг S генийн мутаци илэрсэн байдал болон халдвар батлагдсан цаг хугацааны байдалд үндэслэн түүвэрлэн сонгосон.

Нийт 458 шинжлэгдэхүүнд вирусийн геномын бүрэн дарааллыг тогтоох шинжилгээг нанопор технологи ашиглан хийсэн бөгөөд шинжилгээний үр дүн амжилттай үр дүн үзүүлсэн мэдээллийг Хүснэгт 3-т үзүүллээ

Вирусийн геномын бүрэн дараалал тогтоох шинжилгээний үр дүнд EPI2ME Agent программаар анализ хийж SARS-CoV-2 –ийн удмын хэв шинжийг тодорхойлсон байдлыг Хүснэгт 4- д үзүүллээ.

Геномын бүрэн дараалал тогтоох шинжилгээний үр дүнгээс харахад 2020 оны 11 сараас 2021 оны 5 сар хүртэл 20 B (B.1.1.46) дэд хэв шинжийн (Next glade (Pan-golin lineage)) SARS-CoV-2 омог манай улсад тархаж байсан бөгөөд энэ нь S генийн өвөрмөц мутаци илрүүлэх бх- УТ-ПГУ шинжилгээгээр хувилбарыг нь таамаглан тогтоох боломжгүй S генийн дээрх мутациуд илрээгүй омгууд байсан.

Хүснэгт 2. SARS-CoV-2-ийн S уургийн мутац илэрсэн байдал, сараар

Үзүүлэлт	2020 он		2021 он									НИЙТ	
	11 сар	12 сар	1 сар	2 сар	3 сар	4 сар	5 сар	6 сар	7 сар	8 сар	9 сар		
Мутац илрээгүй	тоо	156	76	128	124	450	578	289	184	46	31	35	2097
	%	100	100	82.1	87.3	93.6	89.6	48.2	24.1	7.4	5.1	5.6	43.0
N501Y+HV69//U del	тоо			25	18	16	30	50	381	219	249	57	1045
	%			16.0	12.7	3.3	4.7	8.3	49.8	35.2	40.9	9.1	21.4
L452K	тоо									38	223	446	707
	%									6.1	36.6	71.0	14.5
L452K+K41/N+P681K	тоо										2		2
	%										0.3		0.0
K41/N	тоо										2		2
	%										0.3		0.0
E484K+N501Y+HV69//U del	тоо					1	3		18		6		28
	%					0.2	0.5		2.4		1.0		0.6
E484K	тоо			1									1
	%			0.6									0.0
N501Y	тоо				4	10	5	16		3	1		39
	%				0.8	1.6	0.8	2.1		0.5	0.2		0.8
HV69//U del	тоо			2	10	24	255	160	319	93	89		952
	%			1.3	2.1	3.7	42.6	20.9	51.3	15.3	14.2		19.5
E484K+N501Y	тоо								4				4
	%								0.5				0.1
E484K+HV69//U del	тоо								2				2
	%								0.3				0.0
НИЙТ	тоо	156	76	156	142	481	645	599	765	622	609	628	4879

Хүснэгт 3. Нуклейн хүчлийн дагалдах аалал тогтоох шинжилгээнд хамрагдсан сорьцын тоо, сараар

Үзүүлэлт	2020 он		2021 он									Нийт	
	11 сар	12 сар	1 сар	2 сар	3 сар	4 сар	5 сар	6 сар	7 сар	8 сар	9 сар		
Шинжилсэн сорьц	тоо	2	4	30	44	53	27	32	29	89	58	75	443
	%	0.45	0.90	6.77	9.93	11.96	6.09	7.22	6.55	20.09	13.09	16.93	100.00

20I (Alpha, V1) (B.1.1.7) хэв шинжийн омгууд 2021 оны 5 сараас тархаж 6-7 сард эргэлдэж буй нийт омгийн дийлэх хувийг эзэлсэн байсан бөгөөд эдгээр нь өмнөх шатны шинжилгээгээр Альфа хувилбар хэмээн тодорхойлсон шинжилгээний үр дүнтэй таарч байсан.

21A (Delta) (B.1.617.2), 21J (Delta) (AY.126) хэв шинжийн вирусийн омгууд 2021 оны 7 сард

батлагдсан тохиолдлуудын сорьцноос илэрсэн бөгөөд эдгээр омгийн тархалт цаашид давамгайлах болсон. Нуклейн хүчлийн дараалал тогтоох шинжилгээний үр дүнгээр тодорхойлогдсон Дельта хувилбарын дэд хэв шинжүүд нь S генийн өвөрмөц мутац илрүүлэх бх-УТ-ПГУ шинжилгээгээр Дельта хувилбар хэмээн таамагласантай тохирсон.

Хүснэгт 4. SARS-Co-V-2-ийн геномын бүрэн дараалал тогтоох шинжилгээний үр дүн

Шинжилгээний үр дүн	2020 он		2021 он									НИЙТ	
	11 сар	12 сар	1 сар	2 сар	3 сар	4 сар	5 сар	6 сар	7 сар	8 сар	9 сар		
20B (B.1.1.46)	тоо	2	4	30	43	53	26	14	1		2	175	
	%	100	100	100	97.7	100	96.3	43.8	3.5		2.7	39.5	
19A	тоо				1							1	
	%				2.3							0.2	
20I (Alpha, V1) (B.1.1.7)	тоо						1	17	28	73	35	19	173
	%						3.7	53.1	96.5	82.0	60.3	25.3	39.0
21C (Epsilon) (B.1.429)	тоо						1						1
	%						3.10						0.2
21A (Delta) (B.1.617.2)	тоо								14	18	27	59	
	%								15.7	31.0	36.0	13.3	
21J (Delta) (AY.126)	тоо								2	5	26	33	
	%								2.30	8.7	34.7	7.6	
20A	тоо											1	1
	%											1.3	0.2
Нийт	тоо	3	5	31	44	53	27	32	29	89	58	75	443

E484K, N501Y, HV69/70 del мутациуд дангаар болон хавсарсан байдлаар илэрсэн тохиолдлуудаас түүвэрлэн нуклейн хүчлийн дараалал тогтоох шинжилгээ хийж үзэхэд ихэнх тохиолдолд 20I (Alpha, V1) (B.1.1.7) дэд хэв шинжийн вирусийн омог болох нь тогтоогдсон бөгөөд батлагдсан тохиолдлуудын шинжлэгдэхүүн удаан хугацаагаар хадгалагдсантай холбоотой вирусийн РНХ задарч, зарим ген ПГУ-ын шинжилгээгээр илрээгүй байж болох юм. Харин 19A, 21C (Epsilon) (B.1.429), 20A хэв шинжүүд бидний судалгаагаар тус бүр 1 тодорхойлогдсон.

### ДУГНЭЛТ:

1. Манай орны хувьд дотоодын халдварын батлагдсан тохиолдол бүртгэгдсэн цагаас 2021 оны 5 сар хүртэл S генийн анхаарал татахуйц хувилбаруудад өвөрмөц мутаци агуулаагүй SARS-CoV-2-ийн омог давамгайлсан тархаж байсан бөгөөд 2021 оны 5 сараас Альфа хувилбар тархаж 6-7 сард эргэлдэж буй

вирусийн омгийн дийлэнхийг эзэлж байсан бол, 2021 оны 7 сараас Дельта хувилбар тархаж цааш давамгайлсан байна. Ач холбогдол бүхий өөр хувилбарууд тархаагүй байна.

2. 2021 оны 5 сар хүртэл давамгайлсан тархаж байсан омог нь 20B (B.1.1.46) дэд хэв шинжийн SARS-CoV-2-ийн омог байсан бол 2021 оны 5 сараас тархсан омог нь 20I (Alpha, V1) (B.1.1.7) дэд хэв шинж, 2021 оны 7 сараас тархсан вирус нь 21A (Delta) (B.1.617.2), 21J (Delta) (AY.126) дэд хэв шинжийн омгууд байлаа.

Цар тахлын үүсгэгч SARS-CoV-2-ийн бүрэн геномын дарааллыг тогтоох шинжилгээг нанопор системд тулгуурласан шинэ технологийг ашиглан хийж, богино хугацаанд олон тооны омогт хувилбарын эцсийнүнэлгээгснөөрэнэхүүтехнологийг эмнэлзүйд амжилттай нэвтрүүлээ.