



УДИРДАГЧ

Ч.Баттогтох

АУ-ны доктор, дэд профессор
АШУҮИС-ийн Биоанагаахын
хүрээлэнгийн захирал, Бичил амь
судлал, Халдварын сэргийлэлт
хяналтын тэнхмийн эрхлэгч

СУДАЛГААНЫ БАГИЙН ГИШҮҮД:

П.Нямдаваа, Академич, АШУ-ны доктор,
профессор, ЭМЯ, вирус нян судлалын
мэргэжлийн салбар зөвлөлийн ерөнхий
мэргэжилтэн, ШУА-ийн гишүүн
Н.Хүрэлбаатар, АУ-ны доктор, профессор,
АШУҮИС-ийн захирал

Б.Сэвжидмаа, АУ-ны доктор, ХБНГУ-ын Мартин-
Лютер их сургууль, Хүний Геномын Институтийн
багш, судлаач

Э.Оюунсүрэн, АУ-ны доктор, дэд профессор, ЭМЯ
Л.Баттөр, АУ-ны доктор, дэд профессор,
клиникийн профессор

Н.Цогбадрах, АУ-ны доктор, ЗӨСҮТ-ийн захирал

Б.Ичинхорлоо, АУ-ны доктор, 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, Чанарын хяналт, шинжилгээ

хариуцсан эрдэм шинжилгээний ажилтан
Б.Өнөрсайхан, ЗӨСҮТ-ийн вирус судлалын
лаборатори

Х.Тунгалаг, ЗӨСҮТ-ийн вирус судлалын
лаборатори

Б.Нацагдорж, ЗӨСҮТ-ийн вирус судлалын
лаборатори

Б.Отгонжаргал, АШУҮИС-ийн БАС Бичил
амь судлал, халдварын сэргийлэлт хяналтын
тэнхмийн багш

М.Баттөр, АШУҮИС-ийн БАС Бичил амь судлал,
халдварын сэргийлэлт хяналтын тэнхмийн багш

А.Оюунбаатар, АШУҮИС-ийн БАС Бичил амь
судлал, халдварын сэргийлэлт хяналтын тэнхмийн
багш Д.Золзаяа, АШУҮИС-ийн БАС Бичил амь

судлал,
халдварын сэргийлэлт хяналтын тэнхмийн багш Г.

Ануужин, АШУҮИС-ийн БАС Бичил амь судлал,
халдварын сэргийлэлт хяналтын тэнхмийн багш

Б.Очбадрах, АШУҮИС-ийн БАС Молекул биологи,
удамзүйн тэнхмийн багш Э.Мөнхтуяа, АШУҮИС-ийн

БАС Бичил амь судлал, халдварын сэргийлэлт
хяналтын тэнхмийн докторант

Э.Гэрэлмаа- АШУҮИС-ийн БАС Бичил амь судлал,
халдварын сэргийлэлт хяналтын тэнхмийн багш

МОНГОЛ УЛСАД SARS-COV-2 ГОЛОМТОЛСОН ХАЛДВАРЫН ГЕНОМЫН СУДАЛГАА

ҮНДЭСЛЭЛ

Хятад улсын Хубэй мужийн Ухань хотод

2019 оны 12 сарын 12-нд анхны тохиолдол бүртгэгдэж түүнээс хойш дэлхий дахинд

цар тахал болон тархсан короновируст өвчний (КОВИД-19) батлагдсан тохиолдол ДЭМБ-д 2021 оны 10 сарын 22-ний байдлаар 242 сая тохиолдол бүртгэгдсэнээс 4.93 нь нас барсан байна. Монгол улсад шинэ короновируст халдварын анхны зөөвөрлөгдсөн тохиолдол 2020 оны 03 сарын 10-нд, дотоодын халдварын анхны тохиолдол 2020 оны 11 сарын 11-д бүртгэгдсэн бөгөөд 2021 оны сарын 22-ний өдрийн байдлаар батлагдсан тохиолдлын тоо 346450 хүрч, нас баралтын тоо 1553 хүрээд байна. SARS-CoV-2-ийн бүтэн геномын дарааллыг анх тогтоосноос хойш дэлхийн улс орнууд түүний геномын тархварзүйн судалгааг эрчимтэй хийж байгаа бөгөөд GISAID флатформд түүнийг 8 (GR, GH, G, GV, S, O, L, V), Nextstrain флатформд 12 (19A, 19B, 20A, 20B, 20C, 20D, 20E (EU1), 20F, 20G, 20H (501Y.V2), 20I (501Y.V1), 20J (501Y.V3)) удмын хэв шинжүүдэд хуваасан байгаа бөгөөд эдгээр нь нуклеотидийн мутаци эсвэл амин хүчлийн мутациараа хоорондоо ялгаатай байна. Дэлхийн улс орнуудад халдварын батлагдсан тохиолдлын тоо үеийн дунджаас 4 дахин их хэмжээтэй гарсан тохиолдолд вирусийн мутаци бүхий шинэ хувилбар тархалт байх магадлалтай гэж үздэг. Хэдийгээр SARS-CoV-2 нь тогтмол хувьсаж шинэ хувилбаруудыг үүсгэж байгаа боловч 2020 оны 11 сард Их Британид анх бүртгэгдсэн 20I/501Y.V1 буюу B.1.1.7-Англи хувилбар, 2020 оны 12 сард Өмнөд Африкт бүртгэгдсэн 20H/501Y.V2 буюу B.1.351 хувилбар, Бразил хувилбар гэж нэрлэгдсэн P.1 хувилбар, 2020 оны 10 сард Энэтхэгт бүртгэгдсэн B.1.617 буюу дельта хувилбарууд нь илүү анхаарал татаж байна. Манай орны хувьд бодит хугацааны урвуу транскрипцийн-ПГУ (бх-УТ-ПГУ) шинжилгээгээр SARS-CoV-2-ийн 2-4 генийг тодорхойлон короновируст халдварыг

баталгаажуулж байгаа боловч вирусийн анхаарал татсан, шинэ хувилбаруудыг хараахан илрүүлээгүй байгаа нь бидний судалгааны үндэслэл болж байна.

ЗОРИЛГО

- Монгол улсад голомтлон тархаж буй SARS-CoV-2-ийн удмын хэв шинж ба тархварзүйн байдлыг тогтоох
- Монгол улсад голомтлон тархаж буй SARS CoV-2-ийн омгийн S генийн мутаци бүхий хэв шинжийг БХ-ПГУ-ын аргаар илрүүлж, халдварлах чадамж өндөртэй, вакцинд үр дүн бага болох нь олон улсад бүртгэгдсэн омгийн тархалт байгаа эсэхийг тогтоох

ЗОРИЛТ

1. Монгол улсад голомтлон тархаж буй SARS-CoV-2-ийн омогт өвөрмөц мутацийг илрүүлж вирусийн зарим шинэ хувилбарын тархалтын байдлыг тогтоох
2. Монгол улсад голомтлон тархаж буй SARS-CoV-2-ийн бүтэн геномын дарааллыг тогтоож орчилд буй вирусийн хэв шинжийг тодорхойлох
3. SARS-CoV-2-ийн хувилбар, удмын хэв шинжээр нь халдварын тархвар зүй болон эмнэлзүйн онцлогийг тогтоох

АРГА ЗҮЙ

Монгол улсад тархаж буй SARS-CoV-2-ийн дотоодын халдварын батлагдсан тохиолдлуудыг хамруулна.

ДЭМБ-ын “SARS-CoV-2-ийн хувилбаруудыг тандах түр удирдамж”-д заасан аргачлалын дагуу түүврийн хэмжээг тодорхойлж энгийн санамсаргүй түүвэрлэлтийн аргаар түүвэрлэсэн.

SARS-CoV-2-ийн S (Spike) уургийн E484K, N501Y, HV69/70 делеци, L452R, W152C, K417T, K417N, P681R мутацийг эмнэлзүй болон тандалтын зорилгоор коронавирусийг илрүүлэх бодит хугацааны ПГУ-ын шинжилгээг хийж буй молекул биологийн

лабораториудад хадгалагдаж буй батлагдсан тохиолдлуудын (-20°C)-(70°C) хэмд хадгалагдаж буй вирус зөөвөрлөх орчин дахь хамар-залгиурын сорьцноос STARMag 96 ProPrep C (Seegene Inc, Korea), Allplex SARS-CoV-2 Variant- I ба Variant- II Assay, Novaplex SARS-CoV-2 Variant- IV Assay (Seegene Inc, Korea) оношлуурын цомог хэрэглэн SEEPREP 32 нуклейн хүчил ялгах автомат систем (Seegene Inc, Korea), CFX

96 Real-time PCR Detection System (Bio-Rad, USA) тоног төхөөрөмжүүд ашиглан

АШУҮИС-ийн Эмнэлзүйн молекул оношлогооны төв, ХӨСҮТ, НЭМҮТ, ЗӨСҮТ, Интермед эмнэлгийн молекул биологийн лабораториудыг түшиглэн хийлээ.

Судалгааны үр дүнгээр өвөрмөц мутаци илэрсэн эерэг тохиолдолд SARS-CoV-2-ийн S генийн нуклейн хүчлийн дараалал тогтоох шинжилгээг АШУҮИС, ЗӨСҮТ-ийн молекул биологийн лабораторийн түшиглэн Сангер секвенсийн аргаар тодорхойллоо. (Хүснэгт 1.)

Тооцоолсон түүврийн хэмжээ Хүснэгт 1.

ХУГАЦАА	ТҮҮВРИЙН ТОО
2020-11	129
2020-12	129
2021-01	129
2021-02	115
2021-03	567
2021-04	508
2021-05	508
2021-06	643
2021-07	514
2021-08	512
2021-09	516
Түүвэрлэсэн тоо	4270
алдаа 20%	854
Түүврийн нийт тоо	5124

ҮР ДҮН

2021 оны 9 сарын 25-ны байдлаар судалгаанд 2020 оны 11 сараас 2021 оны 8 сард батлагдсан коронавирусийн халдварын тохиолдлуудаас санамсаргүйгээр түүвэрлэсэн 2580 сорьцыг хамруулсан.

Бүх сорьцод (Variant-I), 879 сорьцод (Variant-II), 281 сорьцод (Variant-IV) оношлуураар мутаци илрүүлэх шинжилгээ хийж дүгнэлт өглөө. Судалгаанд хамруулсан сорьцын тоог хүснэгт 2-т харууллаа.

Судалгаанд хамрагдсан сорьцын байдал, сараар

Хүснэгт 2.

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	
Шинжилсэн сорьцын тоо (%)	29 (1.1)	51 (2.1)	96 (3.7)	213 (8.3)	290 (11.2)	161 (6.2)	145 (5.6)	780 (30.2)	246 (9.5)	569 (22.1)	2580

Судалгаанд хамруулсан нийт сорьцны 39.4% (1016)-д дээрх мутаци илрээгүй бол бусад тохиолдолд мутацийн дан болон хавсарсан хэлбэр бүртгэгдсэн. 2020 оны 11-12 сарын шинжлэгдэхүүнд E484K, N501Y, HV69/70 делеци мутаци илрээгүй. 2021 оны 1-ээс 8 сарын сорьцны 4.2%, 4.7%, 1.0%, 5.0%, 29.7%, 53.1%, 44.7%, 56.1%-д тус бүр N501Y, HV69/70 делеци хавсран илэрч альфа хувилбар байсныг илэрхийлж байгаа бол 2021 оны 7 сарын сорьцны 39.4%, 8 сарын сорьцны 37.1%-д L452R мутаци илэрсэн тохиолдлыг (Variant-IV) оношлуурын цомгоор шинжилж үзэхэд 65.1% (183)-д P681R илэрсэн нь дельта хувилбар, 1.8% (5)-д P681R, K417N мутациуд хавсран илэрсэн нь дельта нэмэлт (Delta plus) хувилбар болохыг баталсан. Харин 33.1% (93)-д P681R илрээгүй нь дельта бус өөр хувилбар байлаа. Харин нийт шинжлэгдэхүүний 13.1% (338)-д E484K, N501Y, HV69/70 делеци мутациуд тодорхой хувилбарыг таамаглах боломжгүйгээр дангаараа болон хавсарч илэрлээ. Үр дүнгийн дэлгэрэнгүйг Хүснэгт 3-т харууллаа.

SARS-CoV-2-ийн S уургийн мутаци илэрсэн байдал, сараар

Хүснэгт 3.

Үзүүлэлт	2020 он		2021 он								
	11 сар	12 сар	1 сар	2 сар	3 сар	4 сар	5 сар	6 сар	7 сар	8 сар	
Мутаци	тоо	28	51	90	190	261	151	59	164	4	18
илрээгүй	%	96.6	100.0	93.8	89.2	90.0	93.8	40.7	21.0	1.6	3.2
N501Y+HV69/70 del (UK variant/Alfa)	тоо			4	10	3	8	43	414	110	319
	%			4.2	4.7	1.0	5.0	29.7	53.1	44.7	56.1
L452R (India/Delta)	тоо									97	183
	%									39.4	37.1
L452R+K417N +P981R (Delta plus)	тоо										5
	%										0.9
Бусад мутаци (дан, хавсарсан)	тоо	1	0	2	13	26	2	43	202	35	16
	%	3.4	0.0	2.1	6.1	9.0	1.2	29.7	25.9	14.2	2.8

Судалгааны эхний үр дүнгээр өвөрмөц анхаарал татсан мутаци болох альфа болон дельта хувилбарын 14 омгийг хамруулан SARS-CoV-2-ийн S генийн нуклейн хүчлийн дарааллыг тогтоох шинжилгээ хийхэд бидний илрүүлсэн мутацийн төрлүүд 100% батлагдлаа.

ДҮГНЭЛТ:

Манай орны хувьд 2020 оны 1 сараас SARS-CoV-2-ийн альфа-хувилбар эргэлтэнд орж эхлэн 6 сард нийт орчилд буй омгийн дийлэнх буюу 60%-ийг эзэлж байна. Үүнээс хойш альфа-хувилбарын эзлэх хувь аажмаар буурч байгаа хэдий ч хүн амын дунд эргэлтэнд байсан хэвээр байна.

2021 оны 7 сарын дундаас эхлэн SARS-CoV-2-ийн дельта-хувилбарын тархалт бүртгэгдэн улмаар 2021 оны 8 сард хүн амын дунд орчилд буй вирусийн омгийн 40%-ийг, дельта-нэмэлт хувилбар дельта-хувилбарын 0.6%-ийг эзэлж байна.

Бидний судалгааны хүрээнд илрэлтийн эзлэх хувь бага SARS-CoV-2-ийн анхаарал татаж буй бусад хувилбарын нарийвчилсан судалгааны ажил үргэлжилж байна.