



## Нүүдлийн усны шувуудын томуугийн вирусын тандалт ба молекул эпидемиологийн судалгаа

Б.Балжидмаа, Ц.Эрдэнэ-Очир, О.Жүгжинноров, Л.Гармаа, Ч.Тунгалаг, Т.Уянгаа\*

Мал эмнэлгийн сургууль, ХААИС, Улаанбаатар, Монгол Улс

\*Холбоо барих хаяг: [uyangat@gmail.com](mailto:uyangat@gmail.com)

### ХУРААНГУЙ

*Шувууны томуу нь инфлюенц вирусаар үүсгэгддэг, амьсгалын замын цочмог халдварт өвчин юм. Нүүдлийн усны шувуудаар дамжих томуугийн эрсдлийг судлах, вирус илрүүлэх, идентификаци хийх, вирусын мутаци үүсэх боломжийг судлах зорилгоор 2017-2018 онуудад Хэнтий аймгийн Биндэр, Дадал, Өмнөдэлгэр, Хурх тосгон, Булган аймгийн Сайхан сум орчмын нууруудаас 1519 шувууны сангасны дээж авч шинжлэв. Судалгаанд авсан сангасны дээжийг хөврөлжүүлсэн тахианы өндгөнд халдвар хийн, цус наалдуулах урвалаар вирусын таньцыг тогтоов. Бодит хугацааны ПГУ-аар томуугийн А хүрээг, буцаан хувиргах ПГУ-аар вирусын дэд хэвилийг тодорхойлов. Нуклеотидын дараалал тогтоож, вирусын удам зүйн зураглал гаргав. Судалгаагаар нүүдлийн усны шувуудад сул хоруу чанартай шувууны томуугийн НЗ хэвилийн вирус эргэлдэж байгааг тогтоов. Дээрх хугацаанд Монголд илэрсэн НЗ шувууны томуугийн вирус нь удам зүйн хувьд Азийн орнууд дахь нүүдлийн болон тэжээвэр шувуудаас илэрсэн омгуудтай төстэй боловч 2017 онд Монгол орны зүүн бүс болон 2018 онд төвийн бүсээс илэрсэн НЗ дэд хэвшил нь хоорондоо ялгаатай байгаа нь шувууны нүүдлийн замналаас хамааралтай байх боломжтой.*

**ТҮЛХҮҮР ҮГ:** Хоруу чанартай шувууны томуу (СХШТ), вирус, хэвшил

### ОРШИЛ

Томуугийн А хүрээний (Influenza A virus) вирус нь хүн, хөхтөн амьтан, бүх төрлийн тэжээвэр болон зэрлэг шувуудад амьсгалын замын халдварт өвчин үүсгэдэг. Томуугийн А вирус нь Миксовирусын овог, Ортомиксовирусын язгуурт хамаардаг бөгөөд гадаргуун хоёр уургийн эсрэгтөрөгчийн хэв шинжээр нь гемаглютинин (H)-ын 18, нейраминидаза (N)-ын 11 өөр дэд хэвшилд ангилж үздэг. Томуугийн А вирусын дэд хэвшлүүд нь удамшлын хувьд газар зүйн байршил, эзэн амьтны зүйлийн онцлог болон хоруу чанараас хамаарч хүн, амьтан болон шувууны вирус нь харилцан адилгүй боловч шувуу эдгээр бүх хэвшилд мэдрэг болохыг

мэдээлсэн байдаг [9,11,16]. Шувууны томуу өвчин (Avian influenza)-д бүх төрлийн тэжээвэр болон зэрлэг шувууд мэдрэг боловч нүүдлийн зэрлэг усны шувууд тэр дундаа нугасны овгийнхон тухайн вирусын байгалийн тээгч эзэн болдог нь өвчний тархалт, үүсгэгчийн хувьсалд голлох нөлөө үзүүлдэг байна. Түүнчлэн дэлхийн хойд өргөрөгт оршдог зэрлэг нугасны дунд хийсэн судалгаагаар СХШТ-гийн вирус дархлаа султай бага залуу шувуудад их хэмжээгээр тээгдэж, ялангуяа тэднийг өмнө зүг рүү буцахын өмнөхөн буюу намар эрт маш ихээр идэвхждэг болох нь тогтоогджээ. СХШТ-гийн вирус нь шувууны тэжээл боловсруулах

замын эд, эсэд голлон халдварлаж, ялгадсаар их хэмжээгээр гадагшилдаг [12]. Зэрлэг, гэрийн тэжээвэр шувуу, хүн өвчлүүлэгч өндөр хоруу чанартай шувууны томуугийн вирус (ӨХШТ) нь тэжээвэр шувууны аж ахуйн сул хоруу чанартай шувууны томуугийн вирус (СХШТ) ба зэрлэг шувуудын өвчин үл үүсгэгч вирусын генийн хувьсалаас үүсэлтэй байгааг тогтоожээ [1]. Иймд нүүдлийн шувуудын дундах вирусын хөдлөл зүй, удамшлийн хувьсал, өөрчлөлтийг судлах нь уг өвчин түүнээс шалтгаалсан хүн, амьтны томуугийн цар тахлаас урдчилан сэргийлэх нийгэм эдийн засгийн чухал ач холбогдолтой юм. Зэрлэг шувуудын дунд томуугийн вирусын хөдлөл зүйг судлахад

хамгийн тохиромжтой цэгүүдийн нэг нь Монгол орон юм. Тухайлбал Монгол орны нутагт одоогоор 466 зүйлийн шувуу бүртгэгдсэн ба шувуудийн нүүдлийн 4 гол замаар (Зүүн Ази-Австрали, Төв Ази-Энэтхэг, Баруун Ази-Африк, Газар дундын тэнгис-Хар тэнгис) 391 зүйлийн шувууд ирж өндөглөх, зусах болон дамжин нүүдэллэдэг байна [7]. Мөн манай орноос хойд зүг рүү нүүдэллэн үрждэг шувууд замдаа түр хугацаагаар амарч, хүч тамираа сэлбэдэг, зарим тохиолдолд төөрөн орж ирдэг. Иймээс Монгол орны нүүдлийн шувуудын дундах вирусын хөдлөл зүй, удамшлын хувьсал, өөрчлөлтийг судлах зорилгоор энэхүү судалгааг явууллаа.

## СУДАЛГААНЫ ХЭРЭГЛЭГДЭХҮҮН, АРГА ЗҮЙ

ХХААХҮЯ-ны сайдын тушаалаар батлагдсан “Шувууны томуу өвчний тандалт хийх заавар”-ын дагуу Хэнтий, Булган аймгийн нутаг дэвсгэрт орших томоохон нуурыг сонгон тандалт явуулах цэгийн координатыг тогтоож, газрын зураглал гарган, шувууны сангасны дээжинд молекул эпидемиологийн судалгааг явуулав.

### Судалгааны дээж

Хэнтий аймгийн Биндэр сумын Цагаан нуур (48°27599'N, 110°19184'E), Гурван нуур (Холбоо нуур) (48°33627'N, 110°50057'E), Манхаадай нуур (48°36850'N, 110°48164'E), Дадал сумын Гурван нуур (49°01 303'N, 111°40 151'E), Өмнөдөлгэр сумын Ширгэсэн нуур (47°47625'N, 109°42144'E), Хурх тосгоны Цагаан нуур (48°18810'N, 110°54705'E) орчмын газраас 919 ширхэг нүүдлийн усны шувуудын сангасны дээжийг 2017 оны 8 сард цуглуулав. Мөн Булган аймгийн Сайхан сумын Хунт нуур (48°46175'N, 102°57958'E)-аас 2018 оны 7 сард усны шувуудын сангасны 600 дээж цуглуулав. Судалгаанд хамрагдсан нуурын байршлыг GPS багажаар тогтоож, шувуудын тоо толгой, зүйлийн бүрдлийг ажиглах, амьд, үхсэн, өвчний шинж тэмдэг бүхий шувуудыг бүртгэв.

### Дээж хадгалалт

Усны шувуудыг үргээн нисгэж, сангасны дээжийг нойтон, шинэ байх үед нар мандаагүй үүр шөнийн заагт цуглуульж, 4°C хэмийн хөргүүрт хадгалан лабораторид хүргэв. Туршилтын хугацаанд дээжийг -70°C хэмийн хөлдөөгчинд хадгалав.

### Вирус өсгөвөрлөх

Судалгааны дээжийг тав таваар багц болгон тарьц бэлтгэн, 9-11 хоногтой хөврөлжүүлсэн өндөгний аллантойсын хөндийд 0.2 мл-ээр халдааж 37°C-д 72 цаг өсгөвөрлөв. Өндгөнд 24 цаг тутамд ажиглалт хийн, хэрэв 24 цагийн дотор өндөг үхвэл халдвар хийх үеийн алдаанаас үүдэлтэй гэж үздэг боловч өндөр хоруу чанартай шувууны томуугийн үүсгэгч хөврөлжүүлсэн өндгийг тухайн хугацаанд үхүүлдэг тул өндөгнөөс дээж авч шинжилгээг цаашид үргэлжлүүлэв. Өндгийг 72 цагийн дараа инкубатороос гарган 4°C хэмийн хөргөгчинд 4 цаг ба түүнээс дээш хугацаагаар байлган үхүүлж, аллантойсын шингэнийг хураан авлаа. Вирус илрүүлэх шинжилгээг “ДАЭМБ-ын хуурай газрын амьтны өвчний оношлогооны гарын авлага-2015-д дурьдсан Шувууны томуу (бүлэг 2.3.4), Ньюкастл өвчин (бүлэг 2.3.14)-ийг оношлох” аргачлалаар гүйцэтгэв.

## Хүснэгт 1

## Усны шувуудын цуглуулсан дээжийн мэдээлэл

Аймаг/сум	Нуурын нэр	Шувууны төрөл/зүйл	Дээжийн тоо
Хэнтий аймаг, Биндэр сум	Цагаан нуур	Гангар хун / <i>Cygnus cygnus</i> / Зэрлэг нугас / <i>Anas platyrhynchos</i> / Бор нугас / <i>Anas strepera</i> / Бор галуу / <i>Anser anser</i> /	407
Хэнтий аймаг, Биндэр сум	Гурван нуур (Холбоо нуурын 1, 3-р нуур)	Гангар хун / <i>Cygnus cygnus</i> / Зэрлэг нугас / <i>Anas platyrhynchos</i> / Бор нугас / <i>Anas strepera</i> / Бор галуу / <i>Anser anser</i> / Хондон ангир / <i>Tadorna ferruginea</i> /	220
Хэнтий аймаг, Биндэр сум	Манхаадай нуур	Бор нугас / <i>Anas strepera</i> / Зэрлэг нугас / <i>Anas platyrhynchos</i> / Гангар хун / <i>Cygnus cygnus</i> /	193
Хэнтий аймаг, Дадал сум	Гурван нуур	Гангар хун / <i>Cygnus cygnus</i> / Бор нугас / <i>Anas strepera</i> / Зэрлэг нугас / <i>Anas platyrhynchos</i> /	67
Хэнтий аймаг, Өмнөдэлгэр сум	Ширгэсэн нуур	Мөнгөлөг цахлай / <i>Larus argentatus</i> /	18
Хэнтий аймаг, Хурх тосгон	Цагаан нуур	Хээрийн галуу / <i>Anser indicus</i> / Цагаан цахлай / <i>Larus glaucoides</i> /	14
Булган аймаг, Сайхан сум	Хунт нуур	Гангар хун / <i>Cygnus cygnus</i> / Хондон ангир / <i>Tadorna ferruginea</i> / Мөнгөлөг цахлай / <i>Larus argentatus</i> /	600

**Вирус илрүүлэх**

Вирус илрүүлэх шинжилгээг цус наалдуулах урвал (ЦНУ)-аар хийж, вирусын таньцыг тогтоолоо. Урвалын хавтангийн бүх үүрэнд 25 мкл PBS буфер (рН 7.2) уусмал хийж, шинжлэх дээжийг хавтангийн 1-р эгнээний эхний үүрэнд мөн адил 25 мкл хийн олон сувагт соруураар 2-тын дэвшлээр шингэлэв. Үүний дараа шинжилж буй болон хяналтын үүрэнд 25 мкл 1%-ийн цусны улаан эсийн цийдмэг нэмж, хавтанг таглан, тасалгааны хэмд 30 мин тавьж үр дүнг уншив [3].

**Томуугийн А вирусыг ялгаварлан оношлох**

ЦНУ-аар эерэг дүнтэй дээжинд томуугийн А вирус ялгаварлан оношлох зорилгоор бодит хугацааны полимеразын гинжин урвал (БоХ-ПГУ)-ийг явууллаа. Эерэг дээжнээс (аллантойсийн шингэн) рибонуклейн хүчил (РНХ)-г цомгоор (QIAGEN QIAamp Viral RNA mini kit, Germany) ялгаж, бодит хугацааны полимеразын гинжин урвал (Real Time PCR)-аар шувууны томуугийн М генийг тодорхойлов. Урвалын мастер холимог дээр

стандарт эерэг хяналтууд болон шинжлэх дээжнээс ялгасан РНХ-г 5 мкл нэмж, 42°C-д 30 мин-аар 1, 95°C-д 2 мин-аар 1 цикл, 95°C-д 15 сек, 59°C-д 35 сек-ээр 35 цикл гэсэн горимоор явуулав [15]. Урвалын дүнг стандарт тахирмаг болон бусад дээжийн St түвшинтэй жишиж үнэлгээ хийв.

**Дэд хэвшил тодорхойлох**

НА дэд хэвшлийг тодорхойлох зорилгоор хөврөлжүүлсэн өндөгний аллантойсын шингэнээс РНХ-г (INTRON Viral DNA, RNA extraction kit, South Korea) цомгийн протоколын дагуу ялган, кДНХ болгон хувиргахдаа (QIAGEN Omniscript, reverse transcription kit, Germany) цомгийн дагуу хийлээ. Бэлтгэсэн кДНХ-г темплейт болгож, буцаан хувиргах полимеразын гинжин урвал (БХ-ПГУ)-аар H3-175f (5'-CARATTGARGTGACHAATGC-3') ба H3-896r (5'-GGTGCATCTGAYCTCATTA-3') праймер ашиглан урвалыг 95°C-д 3 мин-аар 1 цикл, 95°C-д 30 сек, 55°C-д 40 сек, 72°C-д 40 сек 30 сек-ээр 35 цикл, 72°C-д 10 мин гэсэн горимоор явуулав [13].

**Нуклеотидын дараалал тодорхойлох ба удмын модны зураглал** Томуугийн вирусын нуклеотидын дараалал тогтоох шинжилгээг НА генийн праймер ашиглан [10] термоциклд 94°C-д 3 мин-аар 1 цикл, 94°C-д 1 мин 15 сек, 55°C-д 1 мин, 72°C-д 1 мин 30 сек-ээр 35 цикл, 72°C-д 7 мин гэсэн горимоор хийв. ПГУ бүтээгдэхүүн дээжийг БНСУ-ын MacroGen

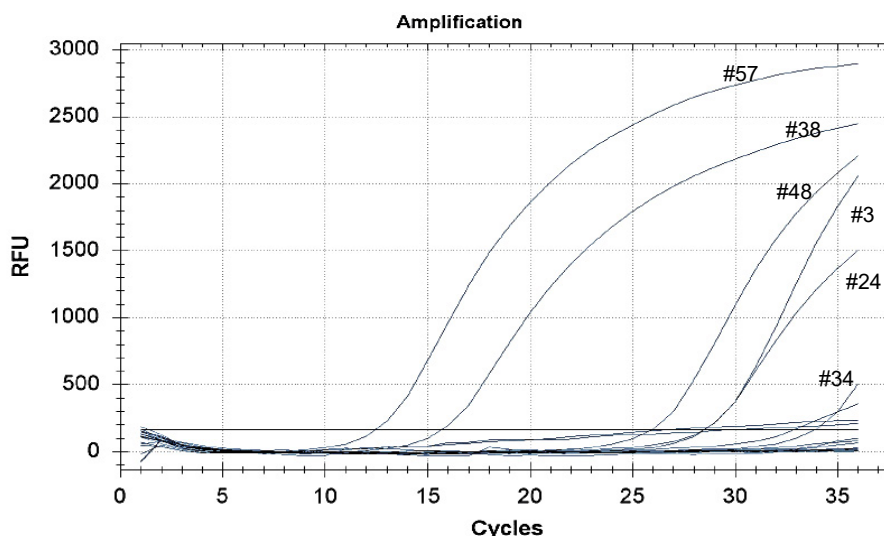
компанид илгээж нуклеотидын дараалал тогтоох шинжилгээг хийлгэн, үр дүнг BLAST ашиглан Genbank дахь мэдээлэлтэй харьцуулж дэд хэвшил тогтоох шинжилгээний үр дүнг баталгаажуулав. Удам зүйн гарал үүсэл, хувьсалыг MEGA 7 программ ашиглан тодорхойллоо.

## СУДАЛГААНЫ АЖЛЫН ҮР ДҮН

Хэнтий аймгийн 4 сум, Булган аймгийн 1 сумын нутаг дэвсгэрт харьяалагдах шувууд олноор цуглардаг, томуугийн эрсдэл бүхий 7 нуурыг хамруулан шинжилгээнд дээж цуглуулан, байршлын солбилцолыг тэмдэглэв.

### Вирус өсгөвөрлөх, таньц тогтоох ба БоХ-ПГУ-ын дүн

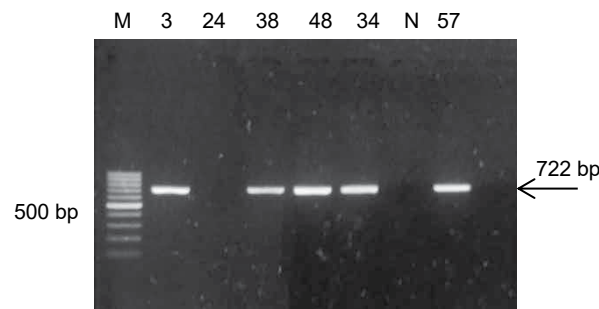
Усны шувуудын сангасны дээжнээс тарьц бэлтгэн хөврөлжүүлсэн өндгөнд халдааж, вирусын таньцыг ЦНУ-аар шалгахад 13 багц дээж (нийт дээжний 0.85%) 1:8 - 1:256 гэсэн титр үзүүлж байлаа. Эдгээр дээжнээс вирусын таньц өндөртэй 6 дээжийг сонгон бодит хугацааны ПГУ-аар шувууны томуугийн А хүрээний М (матрикс) генийг тодорхойлов (зураг 1).



1-р зураг. Бодит хугацааны ПГУ-ын дүн. Цус наалдуулах урвалаар 1:8-1:256 гэсэн таньцтай 6 дээжинд шувууны томуугийн А хүрээний матриксийн ген байгааг тодорхойлов.

**Буцаан хувиргах полимеразын гинжин урвалаар дэд хэвшил тодорхойлсон дүн** Түүнчлэн вирусын дэд хэвшил тодорхойлох судалгааг гемаглютининийн 15 хос праймер ашиглан БХ-ПГУ-аар явуулахад 3, 38, 48, 34,

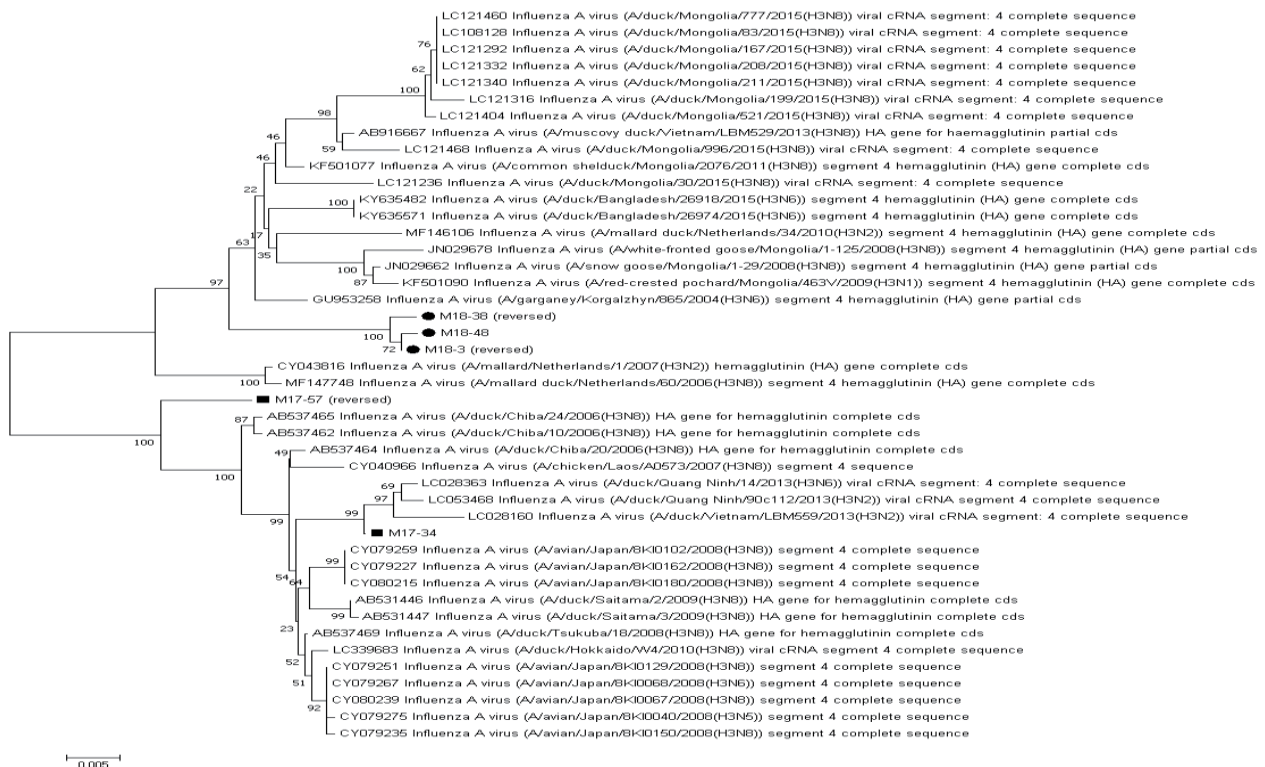
57 дугаартай дээж 722 bp бүхий ДНХ-ийн банд үзүүлж, НЗ дэд хэвшил болох нь тодорхойлогдов. Харин 24 дугаартай дээжнээс ДНХ-ийн олшролт явагдсангүй (Зураг 2).



2-р зураг. Томуугийн вирусын дэд хэвшил тодорхойлох БХ-ПГУ-ын дүн. М-маркер, 3, 38, 48, 34, 57 дугаартай дээж, N-сөрөг хяналт

Бох-ПГУ ба өндөг халдаах шинжилгээгээр эерэг дүн үзүүлсэн дээжинд шувууны томуугийн вирусын гадаргуугийн глюкопротеин болох НА ген таслагдах хэсгийн амин хүчлийн дараалал тодорхойлох судалгааг универсал праймер ашиглан тодорхойлоход НЗ дэд хэвшил илрэв. Судалгааны дүнд нүүдлийн усны шувуудад сул хоруу чанартай шувууны томуугийн НЗ дэд хэвшлийн вирус эргэлдэж байгааг тогтоолоо. **Нуклеотидийн дараалал тогтоох ба томуугийн вирусын удам зүйн зураглал** Томуугийн вирусын гадаргуугийн НА генийн нуклеотидын дараалал тогтоож, NCBI, Blast

ашиглан Genbank-ны мэдээлэлтэй харьцуулахад 98-99%-ийн идентификаци хийгдлээ. Хэнтий, Булган аймгийн нууруудад зусч буй зэрлэг усны шувуудад хийсэн томуугийн тандалтын судалгаагаар илэрсэн СХШТ-гийн вирусын хөдлөл зүй, удамшлын хувьсал, өөрчлөлтийг судлахад Бангладеш, Вьетнам, Япон орнууд дахь нүүдлийн болон тэжээвэр шувуудаас илэрсэн омгуудтай төстэй боловч 2017 онд Монгол орны зүүн бүс ба 2018 онд төвийн бүсээс илэрсэн НЗ дэд хэвшил нь хоорондоо ялгаатай байгаа нь шувууны нүүдлийн замналаас хамааралтай байх боломжтойг харуулж байна



3-р зураг. Хэнтий, Булган аймгийн томоохон нууруудын нүүдлийн усны шувуудын сангасны дээжинд хийсэн шувууны томуугийн вирусын удам зүйн зураглал

## ШҮҮН ХЭЛЭЛЦЭХҮЙ

Монгол орны Хэнтий, Булган аймгийн нутаг дэвсгэрт харьяалагдах шувууд олноор цуглардаг, эрсдэл бүхий 7 нуурыг сонгон, нүүдлийн усны шувуудын томуугийн тандалтыг явуулж, сул хоруу чанартай вирус эргэлдэж байгааг молекул эпидемиологийн судалгаагаар тогтоолоо. СХШТ-гийн вирус нь шувуудын хоол боловсруулах замын эд, эсэд халдварлаж, ялгадсанд их хэмжээгээр агуулагдаж гадагшилдаг [1,5] ба нугас, галуу, хун зэрэг галуутан бүлгийн шувууд бага хоруу чанартай шувууны томуугийн вирусыг тээдэг бөгөөд тэдгээр шувуудад тэр бүр өвчлөл илэрдэггүй байна [4]. Гэвч төвийн бүсийн хойд хэсэг, зүүн бүсэд шувууны томуугийн өндөр хоруу чанартай вирус оношлогдож байсан нь вирусын генийн солилцоо явагдах эрсдэл нь газар нутгийн байршлаас хамаарахгүй болохыг харуулж байна [5]. Цус наалдуулах урвалаар вирусын таныц өндөртэй дээжүүдэд бодит хугацааны ПГУ ба буцаан хувиргах ПГУ-аар гадаргуугийн М (матрикс) генийг тодорхойлсон нь тухайн дээжинд шувууны томуугийн А хүрээний вирус байгааг нотлох бөгөөд эдгээр урвал нь бусад урвалтай харьцуулахад илүү мэдрэг чанар өндөртэй, цаг хугацаа хэмнэлттэй байдаг [6,8,14]. Түүнчлэн вирусын дэд хэвшил тодорхойлох судалгааг гемаглютининийн 15 хос праймер

ашиглан БХ-ПГУ-аар явуулахад НЗ дэд хэвшил болох нь тодорхойлогдов. Энэ нь Lee ба бусад (2001)-ын бичсэн өгүүлэлд дурдсан үр дүнтэй ижил дүнг үзүүллээ. Бидний илрүүлсэн сул хоруу чанартай шувууны томуу (СХШТ)-ийн вирусын гарал үүслийн удам зүйн судалгааг хийхэд олон улсын ген банкинд бүртгэгдсэн 2007, 2009, 2010, 2011, 2012 онуудад Монголоос илрүүлсэн, 2006, 2008, 2010 онд Японоос илрүүлсэн НЗ, 2013, 2014 онд Бангладеш, 2014 онд Вьетнам улсад илрүүлсэн вирусын омгуудтай гарал үүслийн хувьд төсөөтэй байв [2]. Монгол орны зүүн бүсэд 2017 онд болон төвийн бүсэд 2018 онд илэрсэн НЗ дэд хэвшил нь хоорондоо удамшлын хувьд ялгаатай байгаа нь шувууны нүүдлийн замналаас хамааралтай байх боломжтой юм. Манай оронд ирж зусдаг мөн дамжин өнгөрдөг нүүдлийн шувуудад сул хоруу чанартай томуугийн вирус эргэлдэж байгаа нь вирусын хувирамтгай чанараас үүдэн мутаци үүсгэн өндөр хоруу чанартай томуугийн вирус үүсгэх эрсдэл өндөр байгааг бидний судалгааны дүн харуулж байна. Эдгээр дүгнэлтүүдийг үндэслэн шувууны томуугийн тандалт судалгааг тэжээвэр болон зэрлэг шувуудын дунд тогтмол эсвэл урьдчилан төлөвлөсөн хугацаанд хийж байх нь томуугийн вирусын хөдлөл зүйг хянахад гол үүрэгтэй гэж үзлээ.

## ДҮГНЭЛТ

1. Хэнтий аймгийн Биндэр, Дадал, Өмнөдэлгэр, Хурх тосгон, Булган аймгийн Сайхан сум орчмын нууруудад хийсэн нүүдлийн шувууны томуугийн вирусын тандан судалгаагаар томуугийн А/НЗ дэд хэвшлийн вирус илэрлээ.
2. Монголоос 2017-2018 онд илэрсэн НЗ шувууны томуугийн вирус нь удамшлын шинж чанарын хувьд Азийн орнууд дах нүүдлийн болон тэжээвэр шувуудаас илэрсэн омгуудтай төстэй байна.
3. Монгол орны зүүн бүсэд 2017 онд болон төвийн бүсэд 2018 онд илэрсэн НЗ дэд хэвшил нь хоорондоо ялгаатай байгаа нь шувууны нүүдлийн замналаас хамааралтай байх боломжтой байна.
4. Монгол орны нутаг дэвсгэрт зусах, үржих, дамжин нүүдэллэх байдлаар оршиж буй зэрлэг усны шувуудад сул хоруу чанартай томуугийн вирус эргэлдэж байгаа нь вирусын хувирамтгай чанараас үүдэн мутаци үүсгэн өндөр хоруу чанартай томуугийн вирус үүсгэх магадлалтайг тооцож, тэмцэх бэлэн байдлыг хангахад анхаарч байх нь чухал юм.

## ТАЛАРХАЛ

Энэхүү судалгааны ажлыг ХААИС-ийн судалгааны төсөл (№7/2017)-ийн санхүүжилтээр хийж гүйцэтгэв. Судалгааг хийж гүйцэтгэхэд техникийн тусламж

үзүүлсэн УМЭАЦТЛ-ийн Гоц халдварт өвчний оношлогоо, тандалтын тасгийн хамт олонд талархал илэрхийлье.

## АШИГЛАСАН ХЭВЛЭЛ

- [1] Бодьсайхан Х., Батчулуун Д., Эрдэнэ-Очир Ц., Сугар С., Цэрэндорж Ш., Содномдаржаа Р., “Монгол оронд зэрлэг болон тэжээвэр шувууны томуугийн вирусийг тандах шинжилгээний дүнгийн тойм”, Оношлох эрдэм дэвшилт арга, 38-42, 2011.
- [2] Бодьсайхан Х., Батчулуун Д., Базаррагчаа Э., Мөнхдүүрэн Ш., Сэлэнгэ Б., Батзориг Б., Сугар Ц.,
- [3] Эрдэнэ-Очир Ц., Оюунбат Б., Оюунцэцэг Ш., Kang Young Myoung., Moon Oun Kyong., Сувд-Эрдэнэ Ц., Skot Larson., Ганчимэг., “Шувууны томуугийн вирус тандах шинжилгээний тойм”, Улсын мал эмнэлэг ариун цэврийн төв лабораторийн бүтээл 27-33, 2015.
- [4] Батчулуун Д., Сугар С., Бодьсайхан Х., Эрдэнэ-Очир Ц., Цэрэндорж Ш., Гэрэлмаа Ө., Базаррагчаа Э., Дашзэвэг Б., Содномдаржаа Р., “Нэн хоруу чанартай шувууны томуугийн шинэ тохиолдол”, Улсын мал эмнэлэг ариун цэврийн төв лабораторийн бүтээл, 39-47, 2005.
- [5] 2005.
- [6] Батчулуун Д., Эрдэнэ-Очир Ц., Дашзэвэг Б., Гэрэлмаа Ө., Бэх-Очир Ж., Цэвээнмядаг Н., Болдбаатар Ш., Магнайжаргал Г., Баярхүү С., Сугар С., Болортуяа П., Цэрэндорж Ш., Содномдаржаа Р., “Монгол орны нүүдлийн шувууны томуугийн тандах судалгаа” Оношлох эрдэм-дэвшилт арга, 34-41, 2009.
- [7] Улаанхүү А. Урангоо Ц. Бодьсайхан Х. Батчулуун Д. “Шувууны томуугийн тандах шинжилгээний үр дүн”, Улсын мал эмнэлэг ариун цэврийн төв лабораторийн бүтээл, 55-58, 2016.
- [8] Эрдэнэ-Очир Ц. Батчулуун Д. Сугар С. Батсүрэн Б. Энхээ Ш. Бэх-Очир Ж. Цэрэндорж Ш. Содномдаржаа Р. “Шувууны томуугийн эпизоотологи, оношилгоо”, Оношлох эрдэм-дэвшилт арга, 48-53, 2009.
- [9] Эрдэнэ-Очир Ц. Батчулуун Д. Бодьсайхан Х. Сугар С. Цэрэндорж Ш. Содномдаржаа Р. “Монгол орны нүүдлийн шувууд дах томуугийн вирусийн тандах судалгааны тойм”, Улсын мал эмнэлэг ариун цэврийн төв лабораторийн бүтээл, 37-38, 2010.
- [10] Avian influenza 2015 Version adopted by the World Assembly of Delegates of the OIE Chapter 2.3.4
- [11] Centers for Disease Control and Prevention (CDC) <https://www.cdc.gov/flu/about/index.html>
- [12] Hoffmann E., Stech J., Guan Y., Webster G.R., Perez R.D., “Universal primer set for the full-length amplification of all influenza A virus”, Arch Virol 146: 2275-2289, 2001.
- [13] Lamb R.A., Krug R.M., “Orthomyxoviridae: The viruses and their replication. In: B.N. Fields, D.M. Knipe, P.M. Howley, R.M. Chanock, J.L. Melnick, T.P. Monath, B. Roizman (Eds), Fields Virology, 3rd ed., Lippincott-Raven, Philadelphia, PA, 1996.
- [14] Marius Gilbert, Xiangming Xiao, T. Joseph Domenech, Juan Lubroth, Vincent Martin, J and Jan Slingenbergn., “Anatidae Migration in the Western palearctic and spread of highly pathogenic avian Influenza H5N1 virus, Avian Influenza, A collection of scientific and medical articles”, 99-107, 2008.
- [15] Ming-shiuh Lee, Poa-Chun Chang, Jui-Hung Shien, Ming-Chu Cheng, Happy K. Shieh, “Identification and subtyping of avian influenza viruses by reverse

- transcription PCR”, Journal of Virological Methods 97:13-22, 2001.
- [16] Ron A.M. Fouchier, Theo M. Besterboer, Sander Herfst, Liane Van Der Kemp, Cuus F. Rimmelzwaan, and Albert D.M. Osterhaus., “Detection of Influenza A viruses from different species by PCR amplification of conserved sequences in the matrix gene”, Journal of Clinical Microbiology, 4096-4101, 2000.
- [17] Spackman E., Senne D.A., Myers T.J., Bulaga L.L., Garber L.P., Perdue M.L., Lohman K., Daum L.T., Suarez D.L., “Development of real time reverse transcriptase PCR assay for type A influenza virus and the avian H5 and H7 hemagglutinin subtypes”, J.Clin.Microbiol., 40:3256-3260, 2002.
- [18] Webster R.G., Shortridge K.F., Kawaoke Y., “Influenza: interspecies transmission and emergence of new pandemics”. FEMS Immunol. Med. Microbiol. 18:275-279, 1997.

## Surveillance and molecular epidemiology study of avian influenza for the migratory birds

**Baljidmaa B., Erdene-Ochir Ts., Jugjinnorov O., Garmaa L., Tungalag Ch., Uyangaa T.\***

School of Veterinary Medicine, Mongolian University of Life Sciences, Ulaanbaatar, Mongolia

\*Corresponding author: [uyangat@gmail.com](mailto:uyangat@gmail.com)

### ABSTRACT

*Avian influenza is an acute respiratory infectious disease caused by influenza virus. In order to study avian influenza risks through migratory water birds, virus detection, identification and possibility of viruses for the mutation, 1519 bird excrement samples were collected from the lakes of Binder, Dadal, Umnudelger, Khurkh village of Khentii aimag, and Saikhan soum of Bulgan aimag in 2017-2018. Samples taken in the study were injected into the embryo chicken eggs and viral titration checked by Hemagglutination test. Real-time PCR determined subgroup of the influenza A and the reverse transcription PCR detected subtype of avian flu. Gene sequence and phylogenetic tree were studied. The study found that H3 avian influenza virus circulating in the migratory water birds. Over the years, H3 avian influenza viruses in Mongolia are similar to genetically identifiable strains of nomadic and migratory birds in Asian countries, but H3 subspecies found from east region of Mongolia in 2017, the central region in 2018 are differs, which may be dependent on bird migration routes.*

**KEYWORDS:** Virus, low pathogenic avian influenza, subtype