Монгол улсын зарим аймгийн нохойн популяци дахь бэтэг өвчний тархалт

Д.Тэмүүлэн[1], Б.Чинчулуун[2], И.Айнагуль[3], Б.Уртнасан[4], Д.Алтанчимэг[5], Ш.Оюунтуяа[5], Д.Адъяасүрэн[5], Н.Батсанаа[6], У.Өнөрсайхан[7], Д.Ганболд[7], А.Гүрбадам[1], С.Ганзориг[8]

[1]АШУҮИС
[2]МЭХ
[3]Баян-Өлгий аймгийн ЭМГ
[4]Хөвсгөл аймгийн ЗӨСТ
[5]Өмнөговь аймгийн ЗӨСТ
[6]Сүхбаатар аймгийн ЭМГ
[7]ЗӨСҮТ
[8]МУИС
Цахим хаяг: temuulen@mnums.edu.mn, Утас: 99170981

Түлхүүр үг:

Бэтэг өвчний тархалт
Нохойн популяци
Зооноз
Гельминтофаун

Товч утга:

Үндэслэл: Д.Тэмүүлэн (2020) нар уйланхайт бэтэг нь Монгол улсын хүн амын дунд газар зүйн бүсээс хамааран 2.0-13.1% тархсан бөгөөд хүүхэд, өндөр настан зэрэг бага боловсролтой хүмүүс халдварт өртөх эрсдэл их байна хэмээн тэмдэглэсэн[1] нь тэднийг халдварлуулах эх уурхай болох нохдын дундах бэтэг өвчний тархалтыг судлах шалтгаан боллоо. **Зорилго, зорилт:** Монгол улсын нохойн популяцийн гельминтофауныг судлан, зоонозын үүсгэгчдийг илрүүлэн, бэтэг өвчний тархалтыг судлах. **Материал арга зүй:** Монгол улсын газар зүйн 4 бүсийн төлөөлөл болох Баян-Өлгий, Сүхбаатар, Хөвсгөл, Өмнөговь аймгийн харьяат иргэдийн гэрийн тэжээвэр нохдын гельминтофауныг микроскопын шинжилгээгээр илрүүлж, зүйлийн бүрдлийг тодорхойлон, Taeniidae халдвар илэрсэн тохиолдолд молекул биологийн шинжилгээ хийж, зүйлийн бүрдлийг хэв шинжийг ялган дүйж, нохдын дундах бэтэг өвчний тархалтыг тогтоов. **Үр дүн:** Судалгаанд хамрагдсан аймаг, сумдын иргэдийн тэжээж буй 557 нохойн 10.9% *Taenia hydatigena*, 3.4% *Echinococcus granulosus (E.granulosus)*, 4.1% *Echinococcus canadensis (E.canadensis)*, 3.4% *Toxocara canis*, 2.7% *Strongyloides canis*, 3.2% Ascaris төрөл, 2.3% *Trichurus vulpis*, 2.0% *Alaria canis*, 1.4% *Oncicola canis*, 2.7%-д *Macracanthorhynchus catulinus*-ийн халдвар илрэв. Монгол улсын нохойн популяцид *E.granulosus* зүйлийн G1 хэв шинж, *E.canadensis* зүйлийн G6/7 хэв шинж тархсан байна. **Дүгнэлт:** Нохойн популяцийн гельминтофауныг 1 төрөл, 9 зүйлийн гельминт бүрдүүлж байна. Эдгээрээс 5 зүйл нь зоонозын өвчин үүсгэгчид юм. Нохдын дундах бэтэг өвчний тархалт Баян-Өлгий аймагт 5.3%, Хөвсгөл аймагт 5.0%, Өмнөговь аймагт 9.6%, Сүхбаатар аймагт 8.1% байна. Нохдын дундах бэтгийн халдвар нь *E.canadensis* зүйлийн G6/G7, *E.granulosus* зүйлийн G1 хэв шинжээр үүсгэгдэж байна.

Үндэслэл: Нохой (*Canis lupus familiaris*) нь хүний үнэнч нөхөр, хүнд хамгийн ойр байдаг гэрийн тэжээмэл амьтан юм. Хүмүүс нохойг ан агнах, харуул манаа хийлгэх, гэмт хэрэг илрүүлэх үед ашиглахаас гадна лаборатори (туршилт)-ийн амьтан болгодог[2]. Нохойноос хүнд халдварладаг 60 гаруй зоонозын өвчин байдаг бөгөөд эдгээр өвчнүүд нь хөгжиж буй орнуудын нийгмийн эрүүл мэнд, нийгэм-эдийн засгийн нөхцөлийг хүндрүүлдэг[3]. Монгол улс 2017 оны жилийн эцсийн байдлаар 169.74 мянган малчин өрхтэй[4] бөгөөд малчин өрх тутам 1-3 нохой тэжээдэг байна[5]. Д.Тэмүүлэн (2020) нар уйланхайт бэтэг нь Монгол

улсын хүн амын дунд газар зүйн бүсээс хамааран 2.0-13.1% тархсан бөгөөд хүүхэд, өндөр настан зэрэг бага боловсролтой хүмүүс халдварт өртөх эрсдэл их байна хэмээн тэмдэглэсэн[1] нь тэднийг халдварлуулах эх уурхай болох нохдын дундах бэтэг өвчин үүсгэгчдийн тархалтыг судлах шалтгаан боллоо.

Зорилго: Бэтэг өвчин үүсгэгчийн байгаль дахь гинжин хэлхээг сааруулах.

Зорилт:

1. Монгол улсын баруун, зүүн, хангай болон төвийн бүсийг төлөөлүүлэн Баян-Өлгий, Сүхбаатар, Хөвсгөл, Өмнөговь аймгийн харьяат иргэдийн гэрийн тэжээвэр нохдын гельминтофауныг судлан зоонозын үүсгэгчдийг илрүүлэх
2. Taeniidae–ийн өндөг илэрсэн дээжид молекул биологийн шинжилгээ хийж, зүйлийн бүрдэл, хэв шинжийг ялган дүйж, нохдын дундах бэтэг өвчний тархалтыг судлах

Судалгааны ажлын арга зүй: Энэхүү судалгааны ажил нь 2016-2018 онд БШУЯ-наас захиалсан SSA-002/2016 гэрээт “Бэтэг өвчний байгаль дахь гинжин хэлхээг сааруулах нь” төслийн хүрээнд хийгдсэн ажлуудын нэг дэд сэдэв болно.

Монгол улсын газар зүйн 4 бүсээс төлөөлөл болгон Баян-Өлгий, Хөвсгөл, Өмнөговь, Сүхбаатар аймгуудыг санамсаргүй түүврээр, тухайн аймгуудын БНХАУ болон ОХУ-тай хиллэдэг 28 сумыг зорилтот түүврийн аргаар сонгон, судалгааны ажлыг хийж гүйцэтгэв.

Тус төслийн хүрээнд бэтэг өвчнөөс урьдчилан сэргийлэх хэвлийн хөндийн хэт авиан шинжилгээнд хамрагдсан 1230 иргэдийн гэрийн нохойг нь туулгах зөвшөөрөл авч guadreks эм (1 таблетикд 250 мг Praziquantel агуулагддаг)-ийг 979 нохдод биеийн жинд нь тохируулан үйлдвэрлэгчийн зааврын дагуу өгөв.

Туулгалтын дараах 557 нохойн баасыг цуглуулан авч, Мал эмнэлгийн хүрээлэнгийн гельминт судлалын лабораторид тээвэрлэн ирж, халдвар хамгааллын дэглэмийн дагуу -80 хэмийн гүн хөлдөөгчид 30 хоног хадгалан, судалгаанд ашиглав. Мал Амьтны ДЭМБ-аас зөвлөмж болгосон арга зүйн[6] дагуу гельминтийн өндөг хөвүүлэн, микроскопын бэлдмэл бэлтгэн, “Өндөг тодорхойлох түлхүүр бичиг”[7] ашиглан, гельминтофауныг судлав.

Taeniidae өндөг илэрсэн дээж тус бүрийн 1 грамм тутамд агуулагдах өндөгний дундаж тоог McMaster аргаар тооцоолов[8].

Taeniidae-ийн өндөгтэй бааснаас ДНХ ялгахдаа QIAGEN компанийн QIAamp Fast DNA Stool Mini Kit -(GERMANY), cox I генийн олшруулалт хийхдээ F/COI, R/COI праймер (TAKARA) -ийг ашиглав. ПГУ-ын бүтээгдэхүүнийг 1.5% агароз гель дээр 100mA гүйдлийн хүчээр гүйлгэж, этидиум бромидын 10%-ийн уусмалаар тодруулан, 2000 хос суурь алхамтай жишиг ДНХ-тэй харьцуулан Taeniidae-ийн cox I генийн зурвас илрүүлэв. ПГУ-ын бүтээгдэхүүнийг цэвэрлэхдээ “QIAquick PCR purification kit” (QIAGEN, Germany)-ийг үйлдвэрлэгчийн зааврын дагуу ашиглав. ПГУ-ын бүтээгдэхүүний нуклеотидын дараалыг Big Dye Terminator Cycle v.3.1sequencing Ready Reaction kit (Amerssham Biosciences Piscataway, NJ, USA) ашиглан, ABI 310 Genetic Analyzer программаар автомат төхөөрөмжид “Sanger”-ийн аргаар тодорхойлов. cox I генийн нуклеотидын дараалыг AlignPlus® (4.1) программаар боловсруулж, NCBI Blast онлайн программаар хайлт хийж, илэрцүүдээс газарзүйн байршлаас хамааруулан тус бүр 4 харьцуулах дараалал сонгон, “Genetyx version 6.0” програм ашиглан, нуклеотидуудын ялгаатай байрлалыг тодорхойлов.

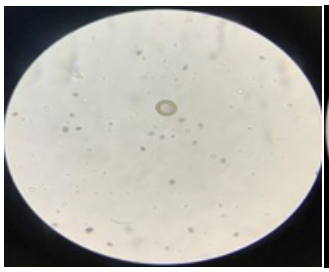
Үр дүн:

Гэрийн нохдын гельминтофауныг судалсан дүн: Судалгаанд хамрагдсан аймаг, сумдын иргэдийн тэжээж буй 557 нохдын 22.6% Taeniidae овгийн, 3.4% *Toxocara canis*, 2.7% *Strongyloides canis*, 3.2% Ascaris төрөл, 2.3% *Trichurus vulpis*, 2.0% *Alaria canis*, 1.4% *Oncicola canis*, 2.7%-д *Macracanthorhynchus catulinus*-ийн халдвар илрэв (Хүснэгт 1).

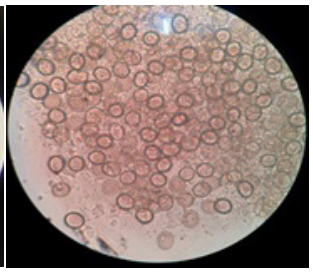
Хүснэгт 1. Нохдын дундах гельминтофаун, гельминтүүдийн халдварлалт

№	Аймаг	Шинжилсэн баасны тоо	Гельминтийн өндөг (%)								Нийт (%)
			Taeniidae-ийн овог	Toxocara canis	Strongyloides canis	Ascaris	Trichuris vulpis	Alaria canis	Oncicola canis	M.catulinus	
1	Баян-Өлгий	95	10 (10.5)	4 (4.2)	3 (3.2)	2 (2.1)	2 (2.1)	2 (2.1)	3 (3.2)	5 (5.3)	31 (32.6)
2	Хөвсгөл	119	17 (14.3)	4 (3.4)	4 (3.4)	5 (4.2)	1 (0.8)	3 (2.5)	3 (2.5)	4 (3.4)	41 (34.5)
3	Өмнөговь	208	64 (30.8)	6 (2.9)	5 (2.4)	5 (2.4)	6 (2.9)	3 (1.4)	2 (1.0)	4 (1.9)	97 (46.6)
4	Сүхбаатар	135	35 (25.9)	5 (3.7)	3 (2.2)	4 (3.0)	4 (3.0)	3 (2.2)	0 (0.0)	2 (1.5)	56 (41.5)
	Нийт	557	126 (22.6)	19 (3.4)	15 (2.7)	18 (3.2)	13 (2.3)	11 (2.0)	8 (1.4)	15 (2.7)	228 (40.9)

Нийт нохдын 4.8%-д хавсарсан халдвар илрэв. Гельминтээр халдварласан нохдын 1 грамм баас тутамд агуулагдах өндөгний тоо дундаж харилцан адилгүй байлаа (Зураг 1-2).



Зураг 1. Нэг харах талбайд тоологдох нэг ширхэг Taeniidae-ийн өндөг (х 400)



Зураг 2. Нэг харах талбайд тоологдох 200 орчим Taeniidae-ийн өндөг (х 400)

Taeniidae–ийн өндгөнд молекул биологийн шинжилгээ хийж, Echinococcus-ийн зүйлийн бүрдлийг тодорхойлсон дүн: Микроскопын шинжилгээгээр Taeniidae-ийн овгийн гельминтийн халдвартай болох нь тогтоогдсон 126 дээжид молекул биологийн шинжилгээ хийж зүйлийн бүрдлийг эцэслэн тогтоов. 126 дээжээс ДНХ ялган, сох I генийг ПГУ-аар олшруулахад 103 дээжид 880 хос суурь бүхий зурвас илэрч Taeniidae–ийн халдвартай болох нь батлагдав (Хүснэгт 2). Taeniidae үүсгэгчийн зүйлийг бүрдлийг молекул биологийн шинжилгээгээр тодорхойлоход 42/557 (7.5%) дээж *Echinococcus*, 61/557 (10.9%) дээж *Taenia hydatigena* -ийн халдвартай болох нь тогтоогдов.

Хүснэгт 2. Нохдын дундах Taeniidae/Echinococcus –ийн тархалт

№	Аймаг	Шинжилсэн баасны тоо	Хийгдсэн шинжилгээ		
			Микроскопын шинжилгээгээр Taeniidae халдвар илэрсэн дээж	*ПГУ-аар* Taeniidae халдвартай болох нь батлагдсан дээж	Нуклеотидын дэс дараалаар *Echinococcus* аар халдварласан болох нь батлагдсан дээж
1	Баян-Өлгий	95	10 (10.5)	9 (9.5)	5 (5.3)
2	Хөвсгөл	119	17 (14.2)	12 (10.1)	6 (5.0)
3	Өмнөговь	208	64 (30.7)	52 (25.0)	20 (9.6)
4	Сүхбаатар	135	35 (25.9)	30 (22.2)	11 (8.1)
	Нийт	557	126 (22.6)	103 (18.5)	42 (7.5)

Echinococcus-ийн халдвартай болох нь тогтоогдсон дээжний 19/557 (3.4%) *E.granulosus* зүйлийн G1, 23/557 (4.1%) *E.canadensis* зүйлийн G6/7 хэв шинжийн үүсгэгчид агуулж байгаа болох нь NCBI Blast онлайн програмаар тогтоогдов. Ийнхүү Taeniidae-ийн овгийн өндөг нь молекул биологийн шинжилгээгээр 3 өөр зүйл болох нь тодорхойлогдов. Үүнээс үзвэл судалгаанд хамрагдсан аймаг, сумдын нохойн гельминтофауныг 1 төрөл, 9 зүйлийн гельминт бүрдүүлж байна. Эдгээрээс *Echinococcus granulosus*, *Echinococcus canadensis*, *Toxacara canis, Trichiurus vulpis, Alaria canis* нь нохойноос хүнд халдварладаг зооноз өвчин үүсгэгчид юм.

Echinococcus-ийн зүйлийн бүрдэл, хэв шинжийг ялган дүйсэн үр дүн: Echinococcus-ын халдвартай болох нь тогтоогдсон 42 дээжний нуклеотидын дараалыг DDBJ/EMBL/GenBank-д бүртгэгдсэн *E.canadensis* G6/G7, *E.granulosus* G1-ийн митохондрийн *cytochrome c oxidase subunit* I (сох I) генийн дэс дараалалтай ижилсэг чанарыг харьцуулан судлахад 33 дээж нь өөр хоорондоо болон GenBank-д бүртгэгдсэн дараалалтай 98-100% ижилсэг чанартай байв. Үлдсэн 9 дээжний ижилсэг чанарын ялгаатай байдлыг NCBI Blast онлайн програмаар хайлт хийж, илэрцүүдээс газарзүйн байршлаас хамааруулан тус бүр 4 харьцуулах дараалал сонгон, "Genetyx version 6.0" програм ашиглан, нуклеотидуудын ялгаатай байрлалыг тодорхойлон, Монгол нохойноос ялгасан *Echinococcus* зүйл, хэв шинжийн нуклеотидын дэс дараалал хэмээн нэрлэн Gen bank-д дараах дугаараар бүртгүүлэв (Хүснэгт 3)

Хүснэгт 3. Gen bank-д шинээр бүртгүүлсэн генийн дараалал

дд	Ген банкны линк, бүртгэлийн дугаар	Харьяалал	Бэтэг үүсгэгчийн нэр, хэв шинж
1.	https://www.ncbi.nlm.nih.gov/nuccore/MK370102	Өмнөговь	*E.canadensis G6/G7*
2.	https://www.ncbi.nlm.nih.gov/nuccore/MK370104	Өмнөговь	*E.canadensis G6/G7*
3.	https://www.ncbi.nlm.nih.gov/nuccore/MK370105	Баян-Өлгий	*E.canadensis G6/G7*
4.	https://www.ncbi.nlm.nih.gov/nuccore/MK370107	Баян-Өлгий	*E.canadensis G6/G7*
5.	https://www.ncbi.nlm.nih.gov/nuccore/MK370108	Өмнөговь	*E. granulosus (G1)*
6.	https://www.ncbi.nlm.nih.gov/nuccore/MK370109	Өмнөговь	*E. granulosus (G1)*
7.	https://www.ncbi.nlm.nih.gov/nuccore/MK370110	Өмнөговь	*E. granulosus (G1)*
8.	https://www.ncbi.nlm.nih.gov/nuccore/MK370111	Баян-Өлгий	*E. granulosus (G1)*
9.	https://www.ncbi.nlm.nih.gov/nuccore/MK370113	Баян-Өлгий	*E. granulosus (G1)*

Хэлцэмж: П.Золжаргал (2001) нар Говь-Алтай аймгийн 27 гэрийн тэжээвэр нохой, 40 золбин нохой болон 2 үнэгний баасанд бэтэг өвчин үүсгэгчийн копро антиген илрүүлэх шинжилгээг ФХЭБУ-аар хийхэд гэрийн нохойн 25.9% (7/27), золбин нохойн 25% (10/40), 2 үнэгний 1-д эерэг дүн үзүүлсэн байна[9].

М.Наранхажид (2007) нарын судалгаагаар Улаанбаатар хотын гэр хорооллын 514 нохойны 11.5% нь бэтгийн халдвартай байжээ[10].

Д.Галбадрах нар 1972 онд нохойн бэтэг өвчний тархалтыг судлах зорилгоор 9 аймаг болон Нийслэлийн 113 нохойд *Echinococcus*-ийн бие гүйцсэн хорхой илрүүлэх задлан шинжилгээ хийхэд 16.9%-д нь халдварлалт илэрчээ[11].

Y.Wang (2005) нар газар зүйн байршлаараа хиллэж буй Хятад улсын Xinyang аймгийн Hobukesar, Ховд аймгийн Булган сумын нохдын дунд бэтгийн халдвар илрүүлэх судалгаа явуулсан байна. Тус судалгааг гельминтологийн бүрэн задаргааны аргаар явуулахад Hobukesar сумын нохдын 35.0%, Булган сумын нохдын 37.5% бэтгийн халдвартай байжээ[12].

Б.Чинчулуун (2017) нар Ховд аймгийн 11 сумын 239 нохойн баасны дээжинд Taeniidae халдвар илрүүлэх микроскопын шинжилгээ хийж, эерэг гарсан дээжүүд дэх үүсгэгчийн зүйлийн бүрдэл, хэв шинжийг ялган дүйхэд ноход *Echinococcus canadenisis G6/G7, Taenia hydatigena* зүйлээр халдварласан болохыг тодорхойлсон байна[13].

Бидний судалгаагаар Taeniidae-ийн халдварлалт илэрсэн 103 дээжний 19 нь *Echinococcus granulosus* G1, 23 нь *Echinococcus canadensis* G6/G7, 61 нь *Taenia hydatigena* зүйлээр халдварласан болох нь тогтоогдсон тул дээрх судлаачдын судалгааны үр дүнтэй тохирч байна.

Нохойноос илэрсэн *E.canadensis* G6/G7, E. granulosus G1нь хүн[14-16] болон малд[17] тохиолдож байгаа *Echinococcus*-ийн үүсгэгчидтэй ижил байгаа тул бэтэг өвчин үүсгэгчдийн дээрх хэв шинжүүдийн амьдралын мөчлөг Монгол улсын нутаг дэвсгэрт нохой-хүн, нохой-мал-нохой гэсэн гинжин хэлхээгээр идэвхтэй эргэлдэж байгааг илтгэж байна. Иймд ард иргэд өөрсдийгөө хамгаалах тодорхой мэдлэгтэй болж, эрүүл ахуй зөв дадал хэвшүүлэх шаардлагатай гэдэг нь харагдаж байна.

Дүгнэлт:

1. Нохойн популяцийн гельминтофауныг 1 төрөл, 9 зүйлийн гельминт бүрдүүлж байна. Эдгээрээс 5 зүйл нь зоонозын өвчин үүсгэгчид юм.
2. Нохдын дундах бэтэг өвчний тархалт Баян-Өлгий аймагт 5.3%, Хөвсгөл аймагт 5.0%, Өмнөговь аймагт 9.6%, Сүхбаатар аймагт 8.1% байна.
   Нохдын дундах бэтгийн халдвар нь *E.canadensis* зүйлийн G6/G7 хэв шинж, *E.granulosus* зүйлийн G1 хэв шинжээр үүсгэгдэж байна.

Ном зүй:

1. *Temuulen at all" Prevalence and risk factors associated with human cystic echinococcosis in rural areas, Mongolia" PLoS ONE 15(7): e0235399. https://doi. org/10.1371/journal.pone.0235399*
2. *Wang C, Qiu J, Zhao JP, Xu L, Yu W, Zhu X. Prevalence of helminthes in adult dogs in Heilongjiang Province, the People's Republic of China. Parasitology Research. 2006;99(5):627-630.*
3. *Traub RJ, Robertson ID, Irwin P, Mencke N, Thompson RA. The role of dogs in transmission of gastrointestinal parasites in a remote tea-growing community in northeastern India. The American journal of tropical medicine and hygiene. 2002;67(5):539-545.*
4. *2016 оны хүн амын тоо. 2017; www1212.mn.*
5. *Б.Чинчулуун. Мал, амьтны эхинококкын тархалт, халдварлалт, удам зүйн судалгааны дүн, ХААИС; 2018.*
6. *WHO/OIE Manual on Echinococcosis in Humans and Animals: a Public Health Problem of Global Concern 2002; https://apps.who.int/iris/handle/.*
7. *PL Chiodini, AH Moody and DW Manser. Atlas of Medical Helminthology and Protozoology*
8. *Mcmaster egg. https://www.rvc.ac.uk/review/parasitology/eggcount/Calculation.htm.*
9. *Zoljargal P, Ganzorig S, Nonaka N, Oku Y, Kamiya M. A survey of canine echinococcosis in Gobi Altai Province of Mongolia by coproantigen detection. Japanese Journal of Veterinary Research. 2001;49(2):125-129.*
10. *М.Наранхажид. Тениа, эхинококкын зарим зүйлийн митохондрийн сох I cytb генийн судалгаа Эрүүл Мэндийн Шинжлэх Ухааны Их сургууль; 2007. Х.12-14.*
11. *Д.Галбадрах. БНМАУ дахь бэтэгрэх өвчний эпидемиологи, урьдчилан сэргийлэлт. Улаанбаатар хот, АУДС; 1972. Хуудас.65-67.*
12. *Wang Y, He T, Wen X, et al. Human cystic echinococcosis in two Mongolian communities in Hobukesar (China) and Bulgan (Mongolia). Transactions of the Royal Society of Tropical Medicine and Hygiene. 2005;99(9):692-698.*
13. *Б.Чинчулуун ДМ, Д.Тэмүүлэн. Prevalence of Echinococcosis among human and domestic dogs in Khovd province, Mongolia, 2016. Mongolian Journal of Veternary Medicine. 2017;03 (03), 2017:41.*
14. *Jabbar A, Narankhajid M, Nolan MJ, Jex AR, Campbell BE, Gasser RB. A first insight into the genotypes of Echinococcus granulosus from humans in Mongolia. Molecular and cellular probes. 2011;25(1):49-54.*
15. *Ito A, Dorjsuren T, Davaasuren A, et al. Cystic echinococcoses in Mongolia: molecular identification, serology and risk factors. PLoS neglected tropical diseases. 2014;8(6):e2937.*
16. *Shirmen O, Batchuluun B, Lkhamjav A, et al. Cerebral cystic echinococcosis in Mongolian children caused by Echinococcus canadensis. Parasitology international. 2018;67(5):584-586.*
17. *Bolor Bold at al "Evidence for camels (Camelus bactrianus) as the main intermediate host of Echinococcus granulosus sensu lato G6/G7 in Mongolia" Parasitology Research (2019) 118:2583–2590 https://doi.org/10.1007/s00436-019-06391-x*

Prevalence of echinococcosis in dog populations in some provinces of Mongolia

Temuulen D[1], Chinchuluun B[2], Ainaguli I[3], Urtnasan B[4], Altanchimeg D[5], Oyuntuya Sh[5], Adyasuren D[5], Batsanaa N[6], Unursaikhan U[7], Gandold D[7], Gurbadam A[1], Ganzorig S[8]

[1]MNUMS,
[2]IVM,
[3]The Department of Health, Bayan-Ulgii province,
[4]Center for Zoonotic Diseases, Khuvsgul province,
[5]Center for Zoonotic Diseases, Unmugovi Province,
[6]Department of Health, Sukhbaatar Province,
[7]NCZD,
[8]NMU
Email: temuulen@mnums.edu.mn, Tel: 99170981

Introduction: According to D.Temuulen (2020), human cystic Echinococcosis prevalence is 2.0-13.1% of the rural areas of Mongolia, depending on the geographical region. Patients with lower education, such as children and the elderly, have been reported to be at higher risk of contracting the disease, and this fact has led us to do a study of the prevalence of Echinococcosis dogs, a source of infection.
Purpose: To study the helminth fauna of the Mongolian dog population, to identify zoonotic helminths, and to study the prevalence of echinococcosis.
Materials and methods: The helminth fauna of domestic dogs originated from Bayan-Ulgii, Sukhbaatar, Khuvsgul and Umnugovi province, representing four geographical regions of Mongolia, was detected by microscopic analysis, and the species composition was determined. In the case of Taeniidae infection, the molecular biological analysis was performed to differentiate the species and genotypes composition and pattern of the disease in dogs.
Results: There were 557 dogs overall that we surveyed and we detected Taenia hydatigena 10.9%, Echinococcus granulosus (E.granulosus) 3.4%, Echinococcus sanadensis (E.sanadensis) 4.1%, Toxocara sanis 3.4%, Strongyloides canis 2.7%, Ascaris 3.2%, Trichurus vulpis 2.3%, Alaria sanis 2.0%, Oncicola canis 1.4%, and Macracanthorhynchus catulinus 2.7% in them. E.granulosus G1 and E.sanadensis G6/7 genotype are prevalent in the Mongolian dog population.
Conclusion: The helminth fauna of the dog population consists of 1 genus and 9 species of helminths. Five of these species are zoonotic pathogens. The prevalence of echinococcosis among dogs is 5.3% in Bayan-Ulgii province, 5.0% in Khuvsgul province, 9.6% in Umnugovi province, and 8.1% in Sukhbaatar province. Infections in dogs are caused by G6 / G7 of E. sanadensis and G1 of E. granulosus.

Keywords: Prevalence of Echinococcosis, zoonotic helminths, dog populations