Монгол улсад 1997-2016 онд бүртгэгдсэн ХДХВ-1-ийн халдварын молекул эпидемиологийн онцлог

З.Сэцэн[1*], Ж.Даваалхам[3], Ч.Баттогтох[1], Х.Цүнэфуза[2], Н.Канаяама[2], М.Такано[2], К.Цучиya[2], О.Шиничи[2]

[1]АШУҮИС, Био-Анагаахын Сургууль, Бичил амь судлал, Халдварын сэргийлэлт хяналтын тэнхим
[2]Дэлхийн Эрүүл Мэнд Анагаах Ухааны Үндэсний Төвийн ДОХ-ын Эмнэлзүйн Төв
[3]Халдварт Өвчин Судлалын Үндэсний Төвийн ДОХ/БЗДХ-ын Тандалт Судалгааны Алба
[*]"Залуус, эрүүл мэнд төв" ТББ
Цахим хаяг: setsenzaya@gmail.com, Утас: 99131449

Түлхүүр үг:
ДОХ, дэд хэвшинж
Молекул эпидемиологи
Филогенетикийн мод
Гей бисекс эрэгтэйчүүд

Товч утга: Монгол улсад Хүний дархлаа хомсдолын вирус (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 B дэд хэвшинж 66.6% буюу дийлэнх хувийг эзэлж байна. CRF51_01B дэд хэвшинж 13.8%, CRF02_AG дэд хэвшинж 10.1% тодорхойлогдсон. Мөн CRF01_AE, A, C, G дэд хэвшинжүүд бүртгэгдсэн. Филогенетикийн модны зураглалд B дэд хэвшинжийн (Кластер 1) болон CRF51_01B дэд хэвшинжийн (Кластер 2) хоёр томоохон кластер тодорхойлогдлоо. Гей, бисекс эрэгтэй оролцогсдын 83% нь B дэд хэвшинжийн, 16% нь CRF51_01B дэд хэвшинжийн халдвартай байгаа нь дээрх кластерт эзлэх гей, бисекс хүмүүсийн хувь өндөр (Кластер 1-т 79.6%, Кластер 2-т 81.8%) байна. ХДХВ-1-ийн дэд хэвшинжийн тархалт бэлгийн өөр өөр чиг баримжаатай хүмүүсийн хувьд статистикийн ач холбогдол бүхий ялгаатай (X2=134.20 ба df=7; p<0.0005) байна.

Үндэслэл: Хүний дархлаа хомсдолын вирус (ХДХВ) нь *Retroviridae* овгийн *Lentiviruses* дэд овогт хамаарах, хос РНХ агуулсан вирус. Дэлхий нийтэд тархсан ХДХВ-ийн халдварын 95% орчмыг эзэлдэг[1] ХДХВ-1 вирусийн зонхилон тохиолддог М бүлгийн A, B, C, D, F, G, H, J, K, L гэх 10 дэд хэвшинж, 100 гаруй CRF буюу эрлийз дэд хэвшинж бүртгэгдээд байна[2].

Монгол улсад 2020 оны эцсийн байдлаар ХДХВ-ийн халдварын нийт 311 тохиолдол бүртгэгдсэний 99.7% нь бэлгийн замаар дамжин, 0.3% нь арьс салстын бүрэн бүтэн байдал алдагдсаны улмаас цус болон биологийн шингэнтэй хүрэлцсэнээс халдвар авсан болох нь хавьтал судлалын үр дүнд тогтоогдсон байна. Халдварлагдсан цусан бүтээгдэхүүн, эмнэлгийн багаж хэрэгслээр болон эхээс хүүхдэд халдвар дамжсан тохиолдол бүртгэгдээгүй байна. ХДХВ-ийн халдвартай 18 эхээс 27 хүүхэд төрсөн[3].

Монголд 1997-2009 онд бүртгэгдсэн ХДХВ-1-ийн дэд хэвшинжийн 78%-д ХДХВ-1-ийн B дэд хэвшинж тодорхойлогдсон бөгөөд халдвар богино хугацаанд нэг эх уурхайгаас идэвхитэй тархсан нь ялангуяа бэлгийн цөөнх эрэгтэйчүүдийн (84.8%) дунд 2000-аад оны эхэн үеэс эхэлснийг молекул цагийн дүн шинжилгээгээр тогтоосон байна[4]. Түүнээс хойш 2013 оны 1 сар хүртэлх хугацаанд оношлогдсон шинэ тохиолдлуудыг нэмж хамруулан судлахад өмнө тодорхойлогдсон кластер дотроо халдварын тархалт үргэлжилж байсан нь ажиглагджээ[5]. Ж.Даваалхам нарын[6] судалгаагаар 2005-2016 оны тохиолдлуудыг судлахад ХДХВ-1-ийн B дэд хэвшинж зонхилсон хэвээр, CRF51_01B дэд хэвшинж удаалж байв. Өмнө тодорхойлогдсон B дэд хэвшинжийн кластер томорсоор байгаа буюу кластер доторх халдварын тархалт үргэлжилж байгаа үр дүн гарсан бөгөөд шинээр CRF51_01B дэд хэвшинжийн кластер тодорхойлогдсон болохыг баримтжуулж, молекул цагийн дүн шинжилгээг хийсэн боловч дэд хэвшинжийн эзлэх хувь болон кластерын хүн амын бүлгийг хамарсан

байдлыг нарийвчлан тодорхойлоогүй байна. Иймд Монгол улсад бүртгэгдсэн ХДХВ-1-ийн молекул эпидемиологийн нарийн тодорхой нэгтгэсэн мэдээлэл байхгүй байгаа нь бидний энэхүү судалгааг хийх үндэслэл болж байна.

Зорилго: Монгол улсад 1997-2016 онд оношлогдсон ХДХВ-ийн халдварын тохиолдлуудын молекул эпидемиологийн байдлыг судлах.

Зорилт:

1. Молекул эпидемиологийн дүн шинжилгээгээр ХДХВ-1-ийн дэд хэвшинжүүдийн эзлэх хувийг тодорхойлох,
2. Дэд хэвшинжийн эзлэх хувийг 1997-2012 он болон 2013-2016 оны бүлгүүдэд харьцуулан судлах
3. Дэд хэвшинжийн тархалт бэлгийн өөр өөр чиг баримжаатай хүмүүст ялгаатай эсэхийг тодорхойлох

Арга аргачлал: Судалгааг ХӨСҮТ-ийн ДОХ/БЗДХ-ын Тандалт судалгааны алба, Япон улсын "Дэлхийн эрүүл мэнд, анагаах ухааны үндэсний төв" (ДЭМАҮҮТ)-ийн ДОХ-ын эмнэлзүйн төвийг түшиглэн явуулсан. Монгол улсад 1997-2013 онд ХДХВ-ийн халдвартай оношлогдсон 160 (1997-2012 онд оношлогдсон 95 хүн, 2013-2016 онд оношлогдсон 75 хүн) хүнийг хамруулж, молекул эпидемиологийн мэдээлэлд дүн шинжилгээ хийсэн. Гей, бисекс эрэгтэйчүүдийн дунд 2013 оноос эмчилгээ-урьдчилан сэргийлэлтийн арга хэмжээ, ХДХВ, хепатит В, С вирусийн халдварын эрт илрүүлгийн үйл ажиллагаа хэрэгжсэнтэй холбогдуулан 1997-2012 он болон 2013-2016 оны бүлгүүдийг харьцуулсан.

Мэдээллийг цуглуулсан бидний судалгааны арга аргачлал нь Эрүүл мэндийн яамны Анагаах Ухааны Ёс Зүйн Хяналтын Хороо (2013 оны №03; 2016 оны №02 тогтоол), ДЭМАУТ-ийн ДОХ-ын эмнэлзүйн төвийн Ёс зүйн хороо (зөвшөөрлийн дугаар: NC-GM-G-001426-01), АШУҮИС-ийн Судалгааны ёс зүйн хяналтын хороо (2016/3-2016-21)-ноос зөвшөөрөгдсөн болно.

Филогенетик дүн шинжилгээнд лавлагаа дарааллыг BLAST програм ашиглан[7] судалгааны дараалалтай >95% ижил төстэй бол сонгож авсан. Филогенетикийн модыг MEGA (Molecular Evolutionary Genetics Analysis) X программ[8] ашиглан Neighbor-Joining (NJ) аргачлалаар зураглав. Давтан ачаалсан утга (Bootstrap value) ≥90% салааг кластер гэж үзсэн.

Тоо мэдээлэлд статистик дүн шинжилгээг Stata 12 программ ашиглан гүйцэтгэв.

Үр дүн: Нийт 155 сорьцонд pol ген, 152 сорьцонд env генийн хэсгийн нуклеотидын дараалал, 147 сорьцонд pol болон env генийн хоёулангийх нь нуклеотидын дарааладлд харгалзах дэд хэвшинжийг тодорхойлсон. Үр дүнг Хүснэгт 1-т харуулав.

Хүснэгт 1. ХДХВ-1-ийн дэд хэвшинж тодорхойлогдсон байдал

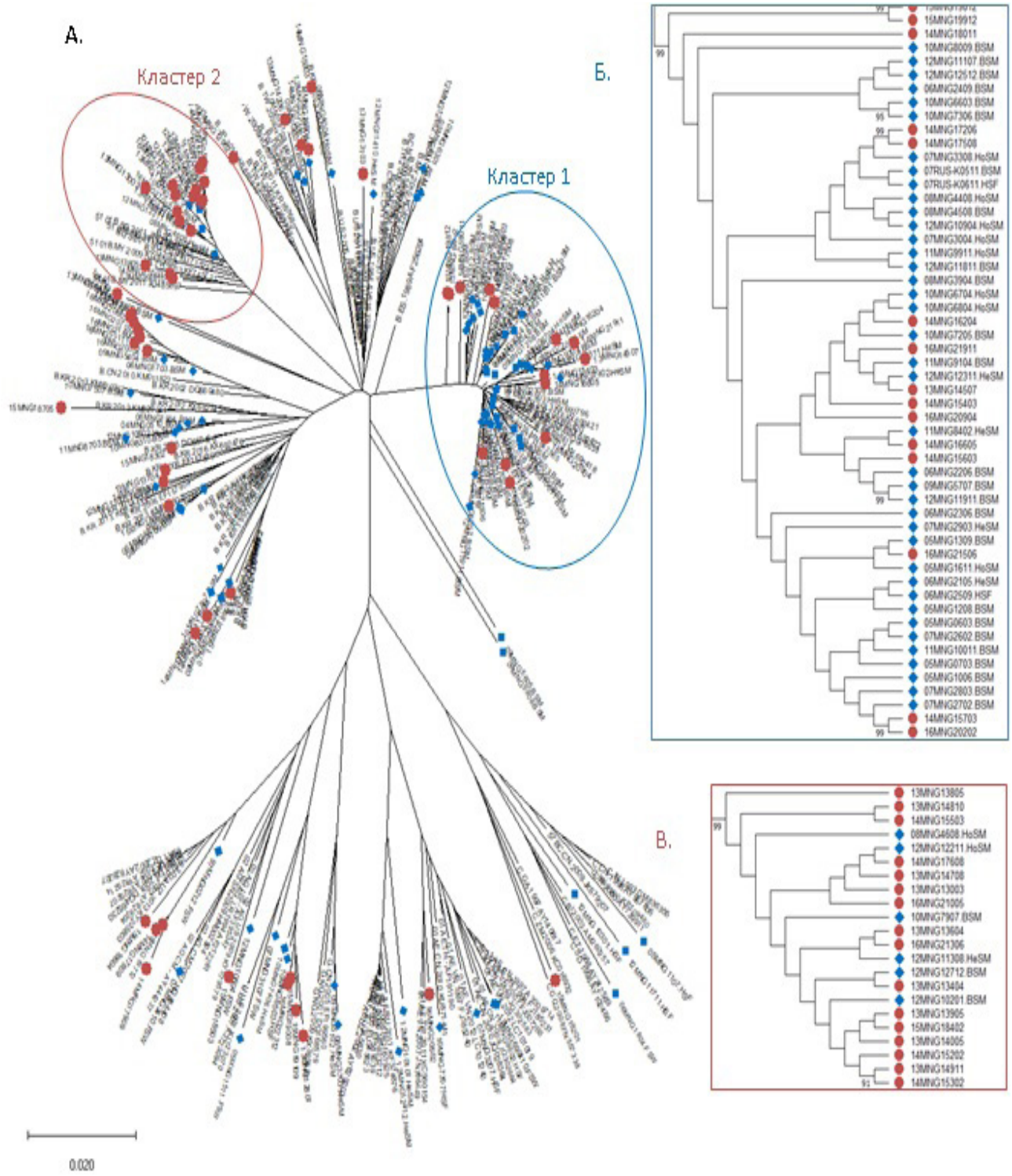
Дэд хэвшинж	*pol* n=155	*env* n=152	*pol/env* n=147
	Тоо (%)	Тоо (%)	Тоо (%)
A	2 (1.3)	2 (1.3)	2 (1.4)
B	105 (67.7)	100 (65.8)	98 (66.6)
C	5 (3.2)	5 (3.3)	4 (2.7)
G	2 (1.3)	2 (1.3)	2 (1.4)
CRF01_AE	5 (3.2)	8 (5.3)	5 (3.3)
CRF02_AG	16 (10.3)	15 (10)	15 (10.1)
CRF51_01B	20 (13)	20 (13)	20 (13.8)
B/CRF01_AE	-	-	1 (0.7)

Хоёр генийн хэсэгт харгалзах дэд хэвшинжид үндэслэн тухайн сорьцны дэд хэвшинжийг тодорхойлсон 147 оролцогсдын дунд ХДХВ-1-ийн В дэд хэвшинж зонхилж, CRF51_01B болон CRF02_AG эрлийз дэд хэвшинж удаалж байна. Түүнчлэн A, C, G дэд хэвшинж, CRF01_AE эрлийз дэд хэвшинж, мөн нэг оролцогчид B/CRF01_AE эрлийз дэд хэвшинж тодорхойлогдсон.

Филогенетикийн модыг судалгаанд оролцогсдын сорьцноос ялгасан ХДХВ-1-ийн геномын pol болон env генийн хэсэгт харгалзах нуклеотидын дараалал болон тэдгээртэй >90% ижил төстэй лавлагаа дарааллуудыг оролцуулан зураглав.

Pol генийн филогенетикийн модны зураглалыг ажиглахад В дэд хэвшинжийн томоохон кластер үүссэн нь 2013-2016 оны 15 дараалал, 1997-2012 оны 39 дарааллыг хамарсан байв (Зураг 1А ба Б). Энэ кластер нь өмнө 2011 онд мөн тодорхойлогдсон кластер болно. Түүнчлэн CRF51_01B дэд хэвшинжийн кластер үүссэн нь 2013-2016 оны 16 дараалал, 1997-2012 оны 6 дарааллыг хамарсан байв (Зураг 1А ба В). Өмнө 2011 онд тодорхойлогдсон хоёр дахь кластерт хамаарч байсан В дэд хэвшинжийн дарааллууд нэгтгэсэн модны зураглал дээр томоохон кластер үүсгээгүй боловч, шинээр оношлогдсон тохиолдлуудтай хамт жижиг кластеруудыг үүсгэсэн байна.

Кластеруудыг env генийн фологенетикийн модны зураглал дээр шалгаж, баталгаажуулсан.



Зураг 1. Судалгаанд хамрагдсан оролцогсдоос ялгасан ХДХВ-1-ийн pol генийн филогенетикийн модны зураглал

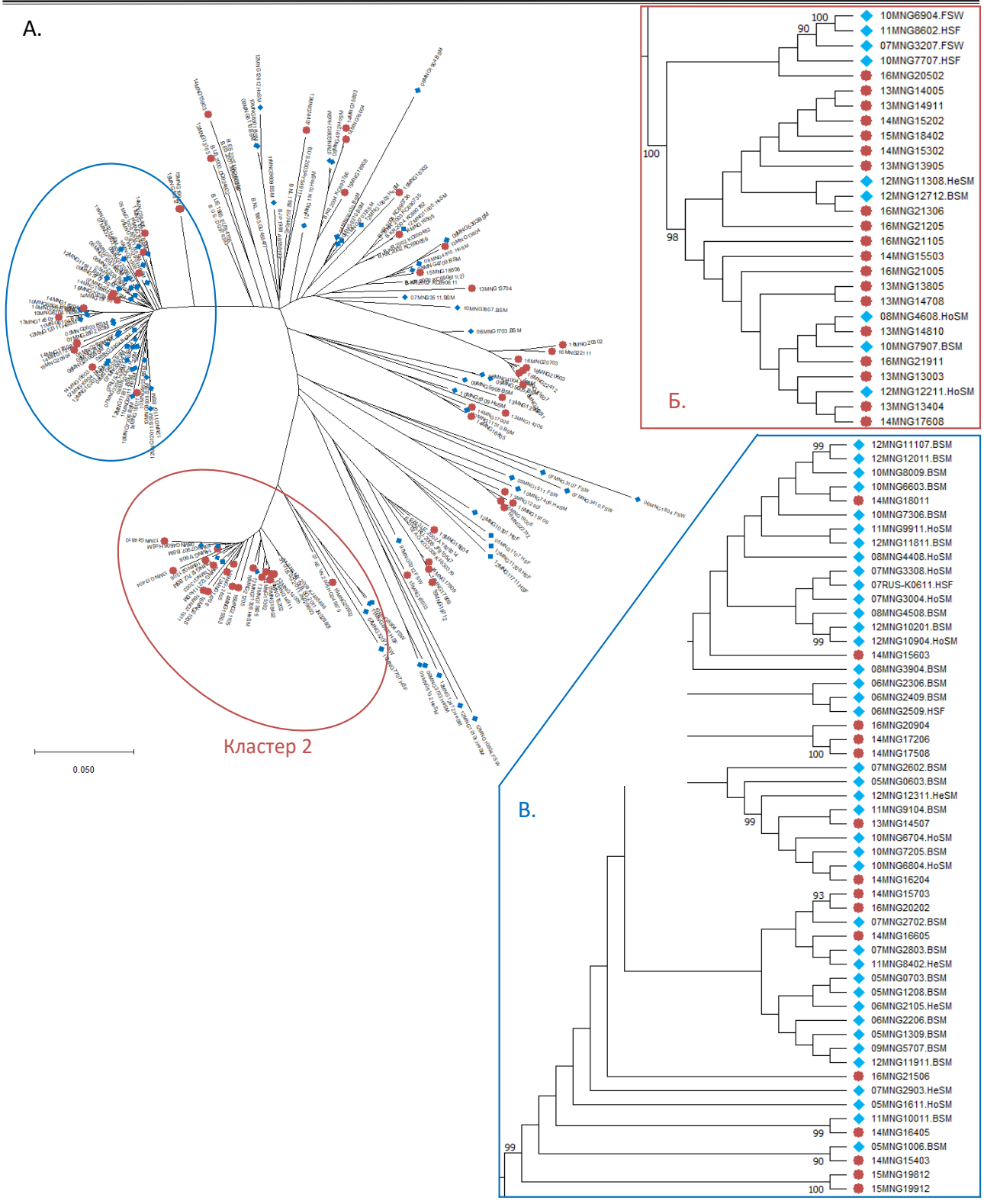
Тайлбар: (А) Neighbor-Joining аргачлалаар байгуулсан, нийт 269 нуклеотидын дараалал бүхий филогенетикийн мод. (Б) Кластер 1-ийн салаа. (В) Кластер 2-ын салаа.

◆ 1997-2012 оны дарааллууд

● 2013-2016 оны дарааллууд

99 Давтан ачаалсан утга

MEGA X програм дээр env генийн нэгтгэсэн филогенетикийн модыг зураглаж, В дэд хэвшинжийн “Кластер 1” болон CRF51_01B дэд хэвшинжийн “Кластер 2” ажиглагдах эсэхийг ажиглав (Зураг 2). Ингэхэд pol генийн нэгтгэсэн филогенетикийн модны зураглалд дүрслэгдсэн кластерууд нь env генийн филогенетикийн модны зураглал дээр мөн адил дүрслэгдэж байв. Кластер 1-т 2013-2016 оны 15 дараалал нь 1997-2012 оны 39 дарааллын хамт нэг кластер үүсгэж байв (Зураг 8А ба В). Түүнчлэн Кластер 2-т 2013-2016 оны 19 дараалал 1997-2012 оны 9 дараалалтай нэг кластер үүсгэсэн (Зураг 2А ба Б).



Зураг 2. Судалгаанд хамрагдсан оролцогсдоос ялгасан ХДХВ-1-ийн env генийн филогенетикийн модны зураглал

Тайлбар: (А) Neighbor-Joining аргачлалаар байгуулсан, нийт 176 нуклеотидын дараалал бүхий филогенетикийн модны зураглал. (Б) Кластер 2-ын салаа. (В) Кластер 1-ийн салаа.

◆ 1997-2012 оны дараалууд
● 2013-2016 оны дараалууд
99 Давтан ачаалсан утга

2013-2016 онд оношлогдсон оролцогсдын ХДХВ-1-ийн pol генийн хэсгийн дэд хэвшинжийн тархалтыг 1997-2012 онд оношлогдсон оролцогсдыхтой харьцуулахад B дэд хэвшинж 14.2%-иар бага, CRF01_AE эрлийз дэд хэвшинж 2.8%-иар бага, C болон CRF02_AG эрлийз дэд хэвшинж 6.4%-иар илүү, CRF51_01B эрлийз дэд хэвшинжийн эзлэх хувь 4 дахин их байна. Харин A, G дэд хэвшинж 2013-2016 онд оношлогдсон оролцогсдод тодорхойлогдоогүй байна (Хүснэгт 2).

Хүснэгт 2. Судалгаанд оролцогсдын сорьцноос ялгасан ХДХВ-1-ийн pol генийн дараалалд харгалзах дэд хэвшинж (1997-2012 болон 2013-2016 оны тохиолдлуудад)

Дэд хэвшинж	1997-2012 он n=91	2013-2016 он n=64	Нийт n=155
	Тоо (%)	Тоо (%)	Тоо (%)
A	2 (2.2)	-	2 (1.3)
B	67 (73.6)	38 (59.4)	105 (67.7)
C	4 (4.4)	1 (1.6)	5 (3.2)
G	2 (2.2)	-	2 (1.3)
CRF01_AE	4 (4.4)	1 (1.6)	5 (3.2)
CRF02_AG	7 (7.7)	9 (14.1)	16 (10.3)
CRF51_01B	5 (5.5)	15 (23.4)	20 (13)

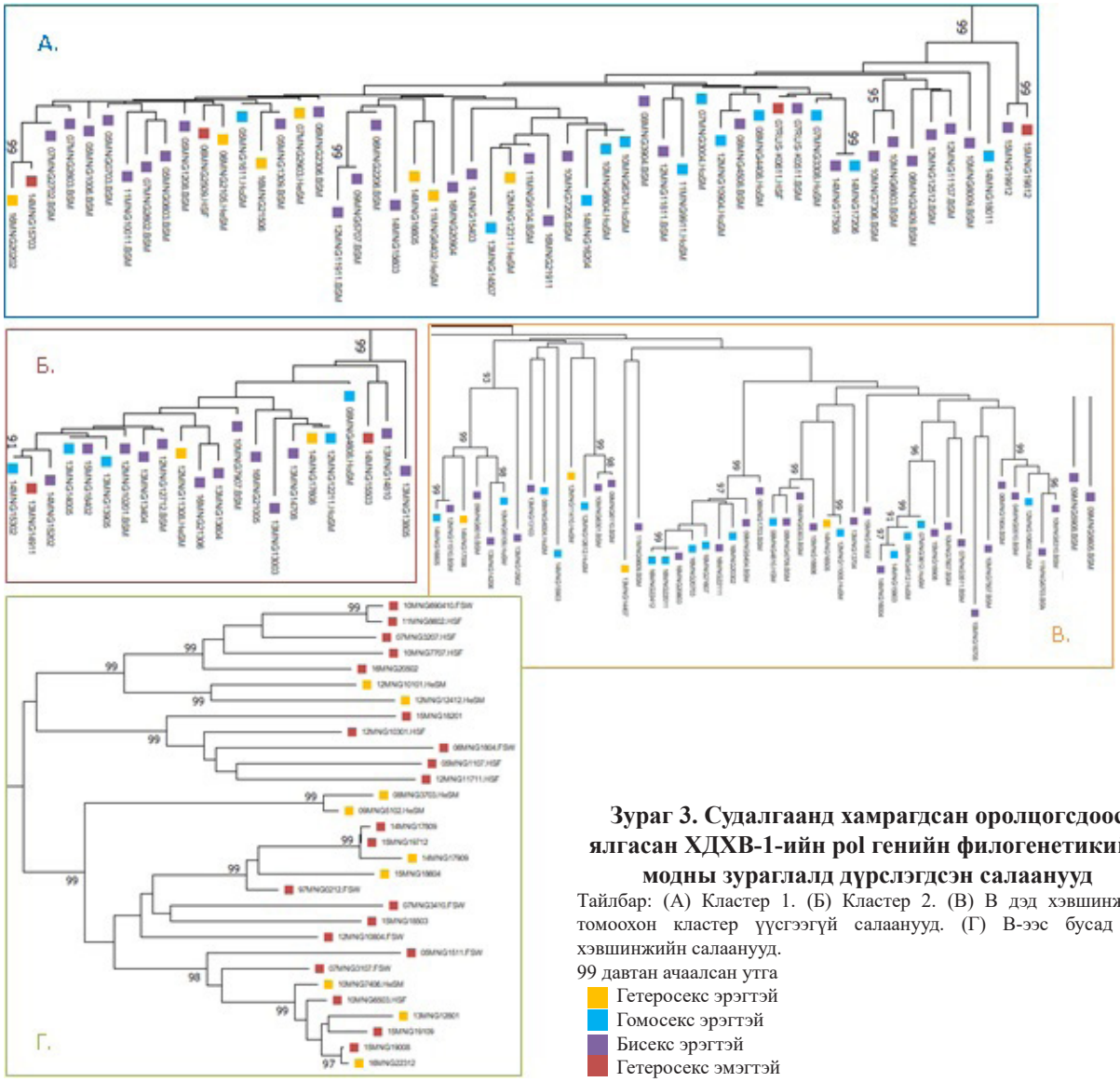
Бэлгийн чиг баримжааны хувьд pol генийн филогенетикийн модны В дэд хэвшинжийн Кластер 1-т багтаж буй дараалалын 92.6%(n=50) нь эрэгтэй оролцогсдод хамаарч байна. Тэдний 86%(n=43) нь бэлгийн цөөнх эрэгтэйчүүд, түүний дотор бисекс эрэгтэйчүүд дийлэнхийг (72.1%, n=31) эзэлж байна.

Кластер 2-т багтсан 1997-2012 оны 6 дараалал нь бүгд эрэгтэйчүүд, үүний дотор 5 бэлгийн цөөнх эрэгтэй, тэр дундаа бисекс эрэгтэй 3 байна (Зураг 3Б). Маш сонирхолтой үр дүн гарсан нь pol генийн хэсэгтээ В-ээс бусад дэд хэвшинж буюу A, C, G, CRF01_AE, CRF02_AG дэд хэвшинж тодорхойлогдсон оролцогчид бүгд гетеросекс эрэгтэй, эмэгтэй хүмүүс байна (Зураг 3Г).

Хүснэгт 3. Судалгааны эрэгтэй оролцогсдын сорьцноос ялгасан ХДХВ-1-ийн дэд хэвшинжийн байдал, бэлгийн чиг баримжаагаар

Дэд хэвшинж	Гетеросекс	Гомосекс	Бисекс	Нийт
	Тоо (%)	Тоо (%)	Тоо (%)	Тоо (%)
A	2 (100)	-	-	2 (100)
B	15 (15.3)	28 (28.6)	55 (56.1)	98 (100)
C	4 (100)	-	-	4 (100)
G	2 (100)	-	-	2 (100)
CRF01_AE	5 (100)	-	-	5 (100)
CRF02_AG	15 (100)	-	-	15 (100)
CRF51_01B	4 (20)	5 (25)	11 (55)	20 (100)
B/CRF01_AE	-	-	1 (100)	1 (100)

Эрэгтэй оролцогсдын бэлгийн чиг баримжааны байдлыг тодорхойлогдсон дэд хэвшинжээр нь хүснэгт 3-т нэгтгэн үзүүлэв. ХДХВ-1-ийн В дэд хэвшинж, CRF51_01B эрлийз дэд хэвшинж тодорхойлогдсон эрэгтэйчүүдийн талаас илүү хувь нь бисекс бэлгийн чиг баримжаатай, харин гетеросекс эрэгтэйчүүд хамгийн бага хувийг эзэлж байна.



Зураг 3. Судалгаанд хамрагдсан оролцогсдоос ялгасан ХДХВ-1-ийн pol генийн филогенетикийн модны зураглалд дүрслэгдсэн салаанууд

Тайлбар: (А) Кластер 1. (Б) Кластер 2. (В) В дэд хэвшинжийн томоохон кластер үүсгээгүй салаанууд. (Г) В-ээс бусад дэд хэвшинжийн салаанууд.

99 давтан ачаалсан утга

Гетеросекс эрэгтэй

Гомосекс эрэгтэй

Бисекс эрэгтэй

Гетеросекс эмэгтэй

ХДХВ-1-ийн дэд хэвшинж нь бэлгийн чиг баримжаанаас шалтгаалан ялгаатай байгаа эсэхийг тогтоохын тулд хи-квадратын шалгуурыг тооцоолоход бэлгийн чиг баримжаа өөр оролцогсдын дунд ХДХВ-1-ийн дэд хэвшинжийн тархалтын ялгаа статистикийн үнэн магадтай (X2=134.20 ба df=7; p<0.0005) байна. ЭБЭ нь ХДХВ-1-ийн В дэд хэвшинжийн халдвартай байх магадлал гетеросекс эрэгтэй, эмэгтэй хүмүүстэй харьцуулахад өндөр (RR=2.6, 95%; CI 1.697-3.985; p<0.0005) байна.

Хэлцэмж: Монгол улсад ХДХВ-1-ийн В дэд хэвшинжийн халдвар зонхилсон хэвээр, энэ нь ялангуяа бэлгийн цөөнх эрэгтэйчүүдэд өндөр байна. Судалгаагаар тодорхойлогдсон "Кластер 1" нь өмнө тодорхойлогдсон кластер дотор тархалт үргэлжилж буйг илтгэж байна. Гэхдээ ЭБЭ-ийн дунд нэг эх уурхайгаас халдвар богино хугацаанд эрчимтэй тархаж байгаа байдал ажиглагдсангүй.

Түүнчлэн Монгол улсад ХДХВ-1-ийн молекул эпидемиологит гарсан чухал өөрчлөлт нь CRF51_01B дэд хэвшинжийн эзлэх хувь нэмэгдэж, энэ дэд хэвшинжийн томоохон кластер тодорхойлогдсоныг онцлох нь зүйтэй. Энэхүү CRF51_01B эрлийз дэд хэвшинж нь Сингапур болон Малайзад мөн 2010 оны эхэн үеэс бүртгэгдээд байгаа юм[9,10].

CRF51_01B кластерт бисекс эрэгтэйчүүд зонхилж байгаа бөгөөд манай улсын хувьд ХДХВ-ийн халдвар бэлгийн цөөнх эрэгтэйчүүдийн дунд төвлөрсөн тархалттай байгаа[11], ХДХВ-ийн халдвартай эрэгтэйчүүдийн дунд эзлэх бисекс эрэгтэйчүүдийн хувь эрс нэмэгдсэн (1992-2012 онд оношлогдсон эрэгтэйчүүд (81%)-ийн 16%, 2013-2016 онд оношлогдсон эрэгтэйчүүд (81.6%)-ийн 42%)[12] зэрэг нь анхаарал татаж байна. Иймд ХДХВ-ийн халдварын эрсдэлт бүлгийн хүн ам болох эрчүүдтэй бэлгийн хавьталд ордог эрэгтэйчүүдээс эмэгтэйчүүд, нийт хүн амд халдвар тархахад гол үүрэг гүйцэтгэж болох гүүр хүн ам буюу бисекс эрэгтэйчүүдэд чиглэсэн олон талт урьдчилан сэргийлэх үйл ажиллагааг өргөжүүлэх нь чухал ач холбогдолтой юм.

Ретровирусийн эсрэг эмчилгээ (РВЭЭ)-ний үр дүнд ХДХВ-ийн халдвартай хүний цусанд агуулагдах вирусийн хэмжээ тодорхойлогдох боломжгүй түвшинд хүрч буурснаар бусдад халдвар дамжуулах эрсдэл 96% буурч[13], вирус тогтвортой дарангуйлагдсан бэлгийн цөөнх эрэгтэй өөрийн халдваргүй хосдоо шулуун гэдсээр хамгаалалтгүй бэлгийн хавьтлаар ХДХВ дамжуулах эрсдэл байхгүй[14] гэж үздэг. Монгол улсад Эмчилгээ-урьдчилан сэргийлэлтийн арга хэмжээг 2013 оноос ХДХВ-ийн халдвартай бэлгийн цөөнх эрэгтэйчүүд, серодискордант буюу нэг нь ХДХВ-ийн халдвартай, нөгөө нь ХДХВ-ийн халдваргүй хосуудын дунд хэрэгжүүлж, ямар нэгэн босго заалтгүйгээр РВЭЭ-нд хамруулж эхэлсэн[15]. Тоо мэдээнээс үзэхэд ХДХВ-ийн халдварын сүүл үе шатанд оношлогдсон хувь 1992-2012 оны тохиолдлуудад 15% байсан бол 2013-2016 оны тохиолдлуудад 30.8% буюу даруй 2 дахин өндөр байгаа болон ЭБЭ-ийн дундах ХДХВ-ийн шинэ халдварын түвшин 2014 онд 2.44%-иас 2016 онд 0.21% болж буурсан[16] байна. Энэ нь Монгол улсад эмчилгээ-урьдчилан сэргийлэлтийн арга хэмжээ үр дүнтэй хэрэгжиж, тархалтын эрчим саарсан байх боломжтойг илтгэж байна. Бидний судалгаагаар өмнө тодорхойлогдсон В дэд хэвшинжийн томоохон кластер доторх нэг эх уурхайгаас богино хугацаанд халдвар эрчимтэй тархаж байсан тархалтын эрчим саарсан байх боломжтой байна. Хэдийгээр бидний судалгааны зорилт биш боловч судалгааны үр дүн дээрх тоо баримттай уялдаж байгааг энд дурдах нь зүйтэй.

Цаашид гей, бисекс эрэгтэйчүүдэд ХДХВ-ийн халдвар илрүүлэх шинжилгээний хамрагдалтыг нэмэгдүүлж, халдварын эрт үед РВЭЭ-нд хамруулах, ХДХВ-ийн өртөлтийн өмнөх сэргийлэлтийг хэрэгжүүлэх нь халдвар эрсдэл багатай хүн амын бүлгүүдэд тархах эрсдлийг бууруулахад чухал ач холбогдолтой.

Дүгнэлт:

1. Монгол улсад 1997-2016 онд оношлогдсон тохиолдлуудад ХДХВ-1-ийн В дэд хэвшинж 66.6%-тай давамгайлж байна. CRF51_01B дэд хэвшинж нь Монгол улсад В дэд хэвшинжийн дараа хамгийн өргөн тархсан (13%) дэд хэвшинж байна.
2. ХДХВ-1-ийн В дэд хэвшинжийн эзлэх хувь нь 1997-2012 онтой харьцуулахад 2013-2016 онд буурсан байна. Өмнө тодорхойлогдсон В дэд хэвшинжийн кластер дотор халдварын тархалт үргэлжилсэн хэвээр, кластер томорсоор байна. CRF51_01B дэд хэвшинжийн эзлэх хувь эрс нэмэгдэж 1997-2012 оны тохиолдлуудад 5.5% байсан бол 2013-2016 оны тохиолдлуудад 23.4%-ийг эзэлж байна.
3. ХДХВ-ийн халдвартай хүмүүсийн ХДХВ-1-ийн дэд хэвшинжийн байдал нь өөр өөр бэлгийн чиг баримжаатай хүмүүсийн хувьд ялгаатай байна. CRF51_01B дэд хэвшинжийн кластерт бисекс эрэгтэйчүүд зонхилж байгаа нь цаашид кластерт гетеросекс эрэгтэй, эмэгтэй тохиолдлуудын эзлэх хувь нэмэгдэх гол хүчин зүйл болж байна.

Талархал: Энэхүү судалгааны ажлыг хийж гүйцэтгэхэд туслалцаа үзүүлсэн ХӨСҮТ-ийн ДОХ/БЗДХ-ын Тандалт судалгааны албаны ХДХВ/ДОХ-ын тасгийн эрхлэгч Б.Оюунбэлэг, их эмч П.Үнэнчимэг, Б.Солонго, болон сувилагч нартаа, Нэгдсэн Лабораторийн албаны ХДХВ/ДОХ-ын лабораторийн хамт олон, мөн ХДХВ/ДОХ-ын эмнэлзүйч эмч Р.Туул, Дэлхийн эрүүл мэнд, анагаах ухааны үндэсний төвийн ДОХ-ын эмнэлзүйн төвийн хамт олон болон Мацүяама Харүки сан нартаа гүнээ талархаж байна.

Ном зүй:

1. *HIV strains and types. Avert website www.avert.org. https://www.avert.org/professionals/hiv-science/types-strains. Accessed May 24, 2020.*
2. *HIV Circulating Recombinant Forms (CRFs). HIV Sequence Database of Los Alamos National Laboratory. https://www.hiv.lanl.gov/content/sequence/HIV/CRFs/CRFs.html. Accessed Apr 8, 2021*
3. *ХӨСҮТ-ийн ДОХ/БЗДХ-ын ТСА. ХДХВ, ДОХ-ын өнөөгийн байдал. Улаанбаатар, 2021.*
4. *Davaalkham J, Unenchimeg P, Baigalmaa C, et al. Identification*

of a current hot spot of HIV type 1 transmission in Mongolia by molecular epidemiological analysis. AIDS Res Hum Retroviruses. 2011;27(10):1073-1080. doi:10.1089/AID.2010.0196.

5. *Жагдагсүрэн Д. Монголд бүртгэгдсэн ХДХВ-1-ийн молекул эпидемиологи ба Эмчилгээ-урьдчилан сэргийлэлтийн арга хэмжээний үр дүн. Аман илтгэл. "Нийгмийн эрүүл мэндийн тулгамдсан асуудалд Анагаахын эмэгтэй эрдэмтдийн оролцоо-Бэлгийн замаар дамжих халдвараас сэргийлэх нь 2017" эрдэм шинжилгээний анхдугаар хуралдаан. Монголын эмэгтэй эрдэмтдийн холбоо 2017; Улаанбаатар.*
6. *Jagdagsuren D, Hayashida T, Takano M, et al. The second molecular epidemiological study of HIV infection in Mongolia between 2010 and 2016. PLoS One. 2017;12(12):e0189605. Published 2017 Dec 15. doi:10.1371/journal.pone.0189605.*
7. *Information, NCBI National Center for Biotechnology. Basic Local Alignment Search Tool. [Online] U.S National Library of Medicine. https://blast.ncbi.nlm.nih.gov/Blast.cgi. Accessed 29 Oct, 2020.*
8. *MEGA7: Molecular evolutionary genetics analysis version 7.0 for bigger datasets. Kumar S, Stecher G, Tamura K. 33, 2016, Mol Biol Evol, pp. 1870-1874.*
9. *Identification of new CRF51_01B in Singapore using full genome analysis of three HIV type 1 isolates. Ng OT, Eyzaguirre LM, Carr JK, Chew KK, Lin L, Chua A, et al. 28, 2012, AIDS Res Hum Retroviruses, pp. 527-530.*
10. *Cross-border sexual transmission of the newly emerging HIV-1 clade CRF51_01B . Cheong HT, Ng KT, Ong LY, Chook JB, Chan KG, Takebe Y, et al. 9, 2014, PloS One, p. e111236.*
11. *Ц.Энх-Оюун нар. ХДХВ, тэмбүүгийн халдварын тархалтын тандалт судалгааны тайлан, 2019*
12. *ХӨСУТ-ийн ДОХ/БЗДХ-ын ТСА. ХДХВ, ДОХ-ын өнөөгийн байдал. Улаанбаатар, 2017.*
13. *Cohen MS, Chen YQ, McCauley M, et al. Prevention of HIV-1 infection with early antiretroviral therapy. N Engl J Med. 2011;365(6):493-505. doi:10.1056/NEJMoa1105243.*
14. *Rodger AJ, Cambiano V, Bruun T, et al. Risk of HIV transmission through condomless sex in serodifferent gay couples with the HIV-positive partner taking suppressive antiretroviral therapy (PARTNER): final results of a multicentre, prospective, observational study. Lancet. 2019;393(10189):2428-2438. doi:10.1016/S0140-6736(19)30418-0*
15. *Zayasaikhan S, Amarsanaa S, Bayandorj O et al. Current Situation of HIV/AIDS in Mongolia. The 16th Kumamoto AIDS Seminar, 2015; Kumamoto University.*
16. *Takano, M. et al. MSM Cohort Study in Ulaanbaatar. Ulaanbaatar : Annual Meeting on Japan-Mongolia Collaborative Study, 2017.*

Molecular Epidemiologic Characteristics of HIV-1 cases diagnosed in Mongolia between 1997 and 2016

Setsen Z[1], Davaalkham J[3], Battogtokh Ch[1], Tsunefusa H[2], Kanayama N[2], Takano M[2], Tsuchiya K[2], Shinichi O[2]*

[1]Department of Microbiology, Infection Prevention and Control, School of Bio-Medicine, MNUMS
[2]AIDS Clinical Center, National Center for Global Health and Medicine
[3]AIDS/STI Surveillance and Research Department, National Center for Communicable Disease
**"Youth for Health Center" NGO*
Email: setsenzaya@gmail.com, Tel: 99131449

Abstract: Information on molecular epidemiology of Mongolian HIV cases only available for 1997-2009 and 2005-2016 timeframe. There is no specific information available for 1997-2016 on HIV-1 molecular epidemiology. 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 (X2=134.20 ба df=7; p<0.0005).

Key words: HIV, subtype, molecular epidemiology, phylogenetic tree, gay and bisexual men