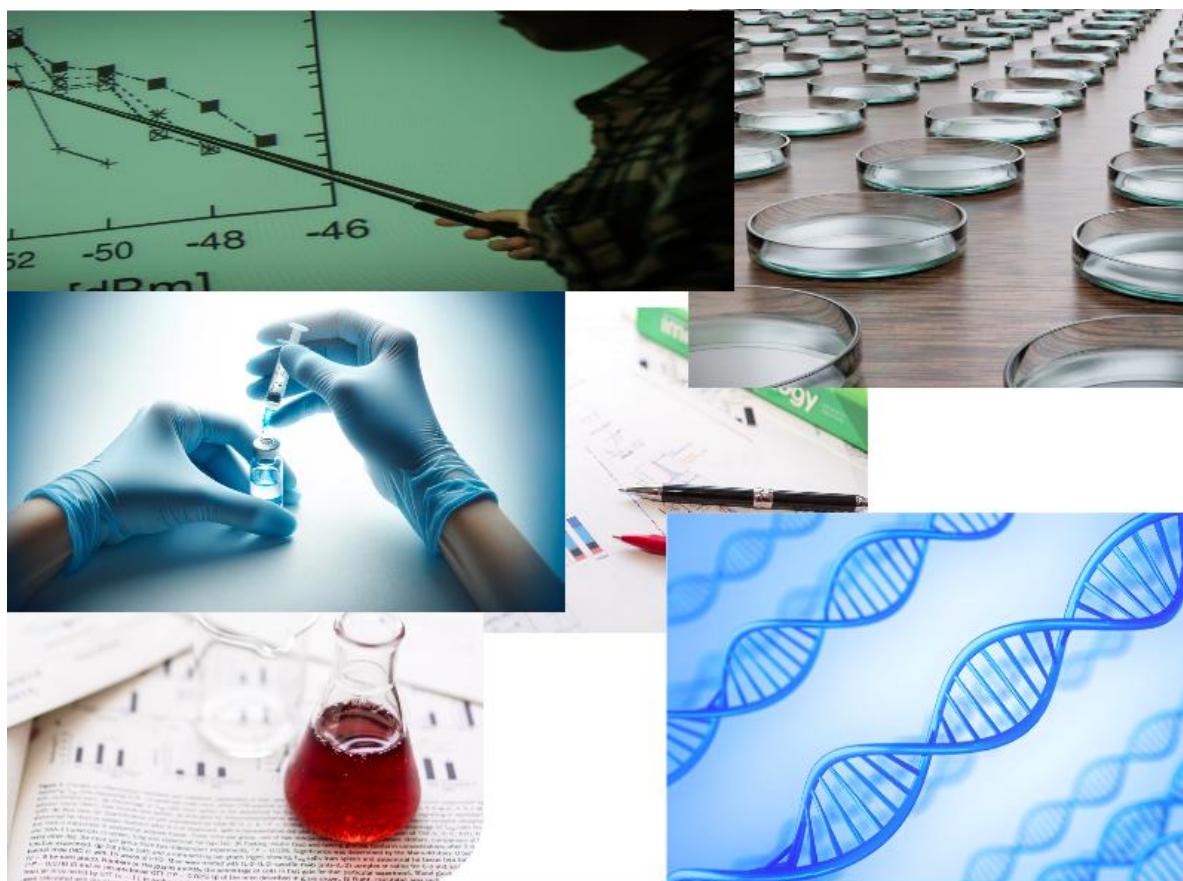




# SEEKING WAYS to ERADICATE TUBERCULOSIS and GLANDERS INTERNATIONAL CONFERENCE

Organized by The SATREPS Project for Control of tuberculosis and  
glanders of JICA



Ulaanbaatar, 30 April 2024

# SEEKING WAYS TO ERADICATE TUBERCULOSIS AND GLANDERS INTERNATIONAL CONFERENCE

**Date:** February 21, 2024

**Time:** 1:00 PM to 17:15PM

**Location:** “B” hall, 1<sup>st</sup> floor, Ministry of Health (MOH), Mongolia

**Online meeting ID:** 824 6080 6651 **Passcode:** 881188

**Online link:** <https://us02web.zoom.us/j/82460806651?pwd=T2xJK3lWbzhQd20vOFJrQ0ZxbFZpZz09>

**Organizer:** The SATREPS Project for Control of tuberculosis and glanders, JICA, JAPAN  
The National Center for Communicable Diseases (NCCD), MOH, MONGOLIA  
The Institute of Veterinary Medicine (IVM), MULS, MONGOLIA

Time	Presentation Title	Affiliation and name of presenter
13:00-13:10	Welcome speech	D. BAYARBOLD, Director of the SATREPS project, MOH, Mongolia
<b>SECTION I</b> <b>Moderators:</b> <b>Takashi KIMURA</b> , Chief Advisor (CA) of the SATREPS Project, Professor, Laboratory of Comparative Pathology, Faculty of Veterinary Medicine, Hokkaido University <b>Badgar BATTSETSEG</b> , Professor, DVM, Manager of SATREPS project, Director of Institute of Veterinary Medicine, MULS, Mongolia		
13:10-13:25	The MinION sequencing technologies for <i>M. tuberculosis</i> and its advantages	<b>Takaki Akiko</b> , MD. PhD, JICA expert, Division Head of the Department of Mycobacterium Reference and Research, Research Institute of Tuberculosis, Japan Anti-Tuberculosis Association
13:25 -13:40	NGS results of isolated strains <i>M. tuberculosis</i> complex in Mongolia	<b>T. Oyuntuya</b> , MD, McS, Medicine, Head of NTRL, NCCD, Mongolia
13:40-13:55	Results of isolation and identification of the <i>Mycobacterium</i> -like isolates from biological specimens of the cattle in Mongolia	<b>G. Ulziisaikhan</b> , DVM, McS, Associate researcher of Institute of Veterinary Medicine, MULS, Mongolia
13:55-14:10	The results of Risk assessment of <i>M. bovis</i> in Mongolia	<b>D. Naranzul</b> , MD, PhD, Associate professor, Epidemiologist of TBRSD of NCCD, Mongolia
14:10-14:25	Coffee Break	
<b>SECTION II</b> <b>Moderators:</b> <b>Satoshi MITARAI</b> ; Co-PI of the SATREPS Project, Professor, Head of the Department of Mycobacterium Reference and Research, Research Institute of Tuberculosis, Japan Anti-Tuberculosis Association <b>Ochirbat BATBAYAR</b> , MD. MPH, Vice director of NCCD, Mongolia		
14:25-14:40	The results of Risk assessment of <i>B. mallei</i> in Mongolia	<b>D. Altmaa</b> , Epidemiologist of Zoonotic disease department, NCCD, Mongolia
14:40-14:55	Preliminary result of the bovine tuberculosis surveillance of the Ulaanbaatar capital by the skin test and IGRA assay	<b>N. Enkhtsetseg</b> , Biotechnologist, McS, Associate researcher of Institute of Veterinary Medicine, MULS, Mongolia
14:55-15:10	A novel dry loop-mediated isothermal amplification (LAMP) method for detection of <i>Burkholderia mallei</i> and <i>B. pseudomallei</i>	<b>Takashi KIMURA</b> , JICA Expert, Project CA and Professor, Laboratory of Comparative Pathology, Faculty of Veterinary Medicine, Hokkaido University



Time	Presentation Title	Affiliation and name of presenter
15:10-15:25	Results of isolation and identification of the <i>B. mallei</i> circulating in the Mongolian horses	<b>O. Khurtsbaatar</b> , DVM, McS, Associate researcher of Institute of Veterinary Medicine, MULS, Mongolia
<b>SECTION III</b> <b>Moderators:</b> <b>Jantsansengee BAIGALMAA</b> , MD, MPH, Acting General director of National Centre for Communicable Diseases, MOH, Mongolia <b>Vanaabaatar BATBAATAR</b> , DVM, PhD, Co-PI of Mongolian side of the SATREPS project (Veterinary side), Laboratory chief of the Laboratory of Infectious Disease and Immunology, Institute of Veterinary Medicine, MULS, Mongolia		
15:25-15:40	The study results on the determination of new anti-tuberculosis drugs using the conventional method of MGIT DST in Mongolia	<b>E. Baasansuren</b> , MD, McS, Laboratory doctor of NTRL, NCCD
15:40-15:55	Comparative study of performance on QIArearch QuantiFERON-TB and ELISA-based QFT test for diagnosis of tuberculosis infection in Mongolia	<b>N. Erdenegerel</b> , MD, McS, Laboratory doctor of NTRL, NCCD
<b>15:55-16:10</b>	<b>Coffee Break</b>	
16:10-16:25	A LAMP pilot study involving isolated strains of the Mycobacterium tuberculosis complex, including <i>Mycobacterium bovis</i>	<b>N. Tserennadmid</b> , Laboratory doctor of NTRL, NCCD
16:25-16:40	Seroepidemiological situation of the equine glanders in Mongolia	<b>B. Enkhtuul</b> , DVM, McS, Associate researcher of Institute of Veterinary Medicine, MULS, Mongolia
16:40-16:55	Case report of <i>B. mallei</i> infection in humans and aspects in the medical field	<b>B. Davaakhuu</b> , MD, Clinic of Infectious diseases, NCCD
<b>16:55-17:15</b>	<b>Conclusion &amp; closing</b> <b>Takashi KIMURA</b> , JICA Expert, CA of the SATREPS and Professor, Laboratory of Comparative Pathology, Faculty of Veterinary Medicine, Hokkaido University	

## Өмнөх үг

Нэг эрүүл мэнд үзэл баримтлалын зорилго нь хүн амын эрүүл мэндийг хамгаалах, хүнсний аюулгүй байдлыг хангах, биологийн аюулгүй байдлыг хангах явдал байдаг. Бидний хэрэгжүүлж буй "Сүрьеэ болон ям өвчний хяналт" САТРЕПС төсөл нь сүрьеэ, ям өвчнийг нэг эрүүл мэнд үзэл баримтлалд тулгуурлан, шинжлэх ухааны үндэслэлтэй хянах тогтолцоог Монгол улсад бүрдүүлэх зорилготой юм.

ДЭМБ, ДАЭМБ, НҮБ-ын Хүнс хөдөө аж ахуйн байгууллага, Сүрьеэ уушгины өвчинтэй тэмцэх холбооноос хамтран гаргасан "Зоонозын сүрьеэгийн замын зураглал (Road map) буюу Зоонозын сүрьеэтэй тэмцэх төлөвлөгөөнд заагдсан тэргүүлэх 10 чиглэлийн дотор "Шинжлэх ухааны суурь нотолгоог сайжруулах үндсэн сэдвийн хүрээнд хүн амьтны өвчлөлттэй холбоотой үнэн зөв мэдээллийг илүү дэлгэрэнгүй цуглуулах, системтэйгээр тандалт судалгаа хийх, өгөгдөл мэдээлэлд дүн шинжилгээ хийх, тайлагнах, улмаар үхрийн сүрьеэгийн тандалт, хяналтыг сайжруулах талаар тусгасан. Мөн хүний зоонозын сүрьеэг илрүүлэх оношилгооны оновчтой хэрэгсэл ашиглах, өргөжүүлэх талаар дурдсан нь манай төслийн хүрэх үр дүн болох "Халдварт зооноз өвчнийг оношлох шинэ технологид суурилсан хуурай ЛАМП (dry LAMP), иммунохроматографийн тест (ICT) зэрэг шинжилгээний түргэвчилсэн оношлуурыг зохион бүтээж *Mycobacterium bovis* ба *Burkholderia mallei*-ийн халдварыг илрүүлэх, хэрэглээнд нэвтрүүлэх замаар Монгол Улсад одоогийн хэрэглэгдэж байгаа сүрьеэ, ям өвчнийг оношлох аргыг шинэчлэх" зорилттой бүрэн нийцэж байна.

- Адууны ям, үхрийн сүрьеэ зэрэг зоонозын халдварын эрсдэлийн үнэлгээ хийж, бодит нөхцөл байдлыг тодорхойлох, адууны ям, үхрийн сүрьеэ зэрэг зооноз өвчний тархалт, халдварлалтын бодит нөхцөл байдлыг ийлдэс судлал, молекул биологийн аргаар тогтоохоор судлаачдын хийж байгаа олон судалгааны ажлын нотолгоонд суурилсан үр дүнг энэ удаагийн эрдэм шинжилгээний олон улсын хуралд эмхэтгээд байна.

- Япон улсын профессор, эмч, мэргэжилтнүүд хамтын ажиллагааг өргөжүүлэн Монгол судлаачидтай судалгааг хамтран гүйцэтгэж, судалгааны үр дүнг олон улсад түгээхэд анхаарал хандуулан ажиллана гэдэгт итгэж байна.

Нэг эрүүл мэнд (One health) үзэл баримтлалд тулгуурласан зооноз халдварт өвчнийг хянах платформыг Монгол Улсад бий болгоход энэхүү төслийн хүрээнд хийгдэж буй судалгаа, үнэлгээний үр дүнгүүд суурь судалгаа болно. Эцэст нь хэлэхэд зоонозын хоёр өвчнийг цаашид улам гүнзгийрүүлэн судлах, судалгаа, үнэлгээний үр дүнгээ олон нийтэд түгээн дэлгэрүүлэх ажилд нь амжилт хүсье

Д.Баярболд

Төслийн захирал, Монгол Улсын Эрүүл мэндийн яамны Нийтийн эрүүл мэндийн газрын дарга

## A preface

The goal of the One Health concept is to protect the health of people, ensure food and biological safety, and recognize our shared environment. The project called **Control System for Tuberculosis and Glanders** has been implemented to create a control system that is scientific and evidence-based by underpinnings of the One Health concept in Mongolia.

The steps towards formally conceptualizing The Zoonotic Tuberculosis Road Map are initiated by WHO, Food, and Agriculture of the United Nations, and the Association for the Control of Tuberculosis and Lung Disease, with ten priorities proposed to foster scientific evidence for human and animal diseases in terms of systematic surveillance, data collection, analysis, and reporting. They are further, strengthening surveillance for Bovine tuberculosis. In addition, diagnostics for zoonotic tuberculosis are enforced to expand within the priorities. Therefore, the project's aim to introduce the daily use of accelerated and innovative diagnostic tests such as dry LAMP and Immunochromatography tests that are designed to detect infections of *Mycobacterium bovis* and *Burkholderia mallei* is well aligned with the focus on zoonotic diseases strategic plan.

This conference proceedings compiled the research including the risk of zoonotic infections, such as equine glanders and bovine tuberculosis, and the important usage of serology and molecular biology to determine infection and emphasized the importance of evidence-based research.

Moreover, it is expected that international cooperation between Japanese and Mongolian researchers will deepen aiming to disseminate the research results globally.

The research and evaluation will be used as a baseline study to create the Zoonotic disease control system in Mongolia underpinned by the One Health concept. Finally, best wishes for the success of further research for the particular two zoonotic diseases and in the dissemination of the findings to the public.

D. Bayarbold

Project Director, Head of the Public Health Department, Ministry of Health,  
Mongolia



## THE MINION SEQUENCING TECHNOLOGIES FOR *M. TUBERCULOSIS* AND ITS ADVANTAGES

Akiko Takaki<sup>1</sup>, Kinuyo Chikamatsu<sup>1</sup>, Yuriko Igarashi<sup>1</sup>, Akio Aono<sup>1</sup>, Koji Natsume<sup>1</sup>, Kensuke Wada<sup>1</sup>, Yoshiko Shimomura<sup>1</sup>, Makiko Hosoya<sup>1</sup>, Miori Nagai<sup>1</sup>, Kazue Mizuno<sup>2</sup>, Masao Okumura<sup>2</sup>, Takashi Yoshiyama<sup>2</sup>, Yoshiro Murase<sup>1</sup>, Satoshi Mitarai<sup>1,3</sup>

<sup>1</sup>Research Institute of Tuberculosis (RIT), Japan Anti-Tuberculosis Association (JATA), Japan

<sup>2</sup>Fukujuji Hospital, Japan Anti-Tuberculosis Association (JATA), Tokyo, Japan

<sup>3</sup>Graduate School of Biomedical Science, Nagasaki University, Japan

Email: [takaki@jata.or.jp](mailto:takaki@jata.or.jp)

### Abstract:

**Background:** Next-generation sequencing (NGS) technology has advanced significantly over recent years, and with the advent of the MinION (Oxford Nanopore Technologies, UK) sequencer, a pocket-sized portable NGS device, whole genome sequencing (WGS) can now be performed without the expensive device. However, 'nanopores', the molecules for sequencing, tend to show different behavior depending on the target species, and mycobacterial sequencing requires careful consideration for DNA extraction and library preparation. Nanopore sequencing, like other NGS platforms, can be used for various applications not only WGS. Deeplex Myc-TB (Deeplex, Genoscreen, France), a targeted NGS (tNGS), is a rapid method for predicting resistances of 15 drugs in *Mycobacterium tuberculosis* (MTB), and if it can apply to the MinION, the turn-around time for drug susceptibility prediction will become several days, not months.

**Methods:** To determine the appropriate conditions for Nanopore sequencing analysis of MTB, several DNA extractions (e.g. bead disruption conditions and use of commercial extraction kits) and library preparation methods were tested. In addition, tNGS was performed using Deeplex amplicon directly from the sputum



specimens of TB patients using MinION and compared with the results of drug susceptibility prediction by Illumina-based analysis.

**Results:** Nanopore sequencing analysis required higher molecular weight DNA compared to Illumina. We have established a bead disruption method for more efficient DNA extraction. Several simple DNA extraction kits were tested, but we found the classical method was the most efficient. Deeplex library prepared with Nanopore kit was also examined and was able to predict MTB drug resistances in a day, with almost the same accuracy as Illumina-based one.

**Conclusion:** Nanopore technology is easy to implement and is a powerful tool for rapid tNGS analysis as well as WGS. It can also be applied to methylation analysis and genome enrichment and is expected to be used effectively in mycobacterial research.

**Keywords:** *Mycobacterium tuberculosis*, Drug-Resistant tuberculosis, Long-read sequencing, targeted NGS

## **CAPSULE CURRICULUM VITAE**

**NAME:** OYUNTUYA TUMENBAYAR

**Tel:** (+976) 88111198

**E-mail:** [toyuntuya@gmail.com](mailto:toyuntuya@gmail.com)

### **CURRENT EMPLOYMENT**

Head of National Reference TB Laboratory,  
NCCD, Mongolia

### **PROFESSIONAL EXPERIENCE**

- ✓ From 2007 to 2015, Doctor of the National TB Reference Laboratory, NCCD
- ✓ Since 2015 up today, Head of the National TB Reference Laboratory, NCCD

### **QUALIFICATION DEGREE**

- ✓ In 2016, Master of Medical Science, Health Science University of Mongolia
- ✓ In Sep 2016, Subspecialty of Clinical microbiology-Bacteriology, Mongolian National University of Medicine

### **INTERESTED RESEARCH ARE:**

- ✓ Training course on 2015 Dr. Lee Jong-Wook Fellowship Program (TB specialist), KIT, Korea
- ✓ Tuberculosis Training course on Scientific Manuscript Writing 2013, RITM
- ✓ Training Centre Manila, Philippines International Tuberculosis, International Union against Tuberculosis and Lung Disease, Hanoi, Vietnam (Aug.2010-Sept.2010)

## NEXT-GENERATION SEQUENCING RESULTS OF *MYCOBACTERIUM TUBERCULOSIS* ISOLATES IN MONGOLIA

Oyuntuya Tumenbayar<sup>1,3</sup>, Akiko Takaki<sup>4</sup>, Tsetsegtuya Borolzoi<sup>1,3</sup>, Baasansuren Erkhembayar<sup>1</sup>, Naranzul Dambaa<sup>1</sup>, Bayarbold Dangaa<sup>2</sup>, Bilegtsaikhan Tsolmon<sup>3</sup>, Sarantuya Jav<sup>3</sup>, Buyankhishig Burneebaatar<sup>1</sup>, Satoshi Mitarai<sup>4</sup>

<sup>1</sup>National Center for Communicable Diseases, Mongolia

<sup>2</sup>Ministry of Health, Mongolia

<sup>3</sup>Mongolian National University of Medical Science

<sup>4</sup>Research Institute of Tuberculosis, Japan Anti-Tuberculosis Association, Japan

Email: [toyuntuya@gmail.com](mailto:toyuntuya@gmail.com), [tsets888@yahoo.com](mailto:tsets888@yahoo.com)

**Background.** The reported global number of people newly diagnosed with TB was 7.5 million and an estimated 410 000 people (95% CI: 370 000– 450 000) developed multidrug-resistant or rifampicin-resistant TB (MDR/RR-TB) in 2022. Mongolia is in the thirty high-burden countries for drug-resistant (DR) TB and TB incidence. In 2022, approximately more than 2,000 TB new cases were reported in Mongolia, of which 158 cases were RR/MDR TB. In general, *Mycobacterium* spp. acquire drug-resistant phenotypes following mutation on certain genes. The genome size of *M. tuberculosis* is 4.4 Mbp with a low mutation rate and no evidence of horizontal gene transfer. Since the full-genome sequence of *M. tuberculosis* H<sub>37</sub>Rv was completed and published in 1998, whole-genome sequencing (WGS) has been widely used in research, clinical, and routine surveillance work, including predicting drug resistance, investigating transmission chains, identifying mixed infection, and revealing evolutionary laws of *M. tuberculosis* (MTB). WGS of MTB is an attractive method for the confirmation of genetically identical strains and accurate detection of clinically relevant mutations for AMR predictions. Using the WHO-recommended diagnostic method for detecting MTB, including *M. tuberculosis* var. *bovis* (*M. bovis*), the clinical specimens were cultured in a solid medium containing glycerol and pyruvate since

July 2022. From July 2022 to the end of 2023, the ongoing analysis involves culturing MTBC in a solid medium by inoculating 3,984 clinical samples, utilizing a medium containing pyruvate routinely. Initially, this resulted in the detection of MTBC in 511 samples, equating to a detection rate of 12.8%, and until now no detected *M. bovis* by identification of Genotype MTBC kit. Therefore, the NTRL and RIT have been conducting molecular analysis of MTB isolates collected from routine laboratory services to examine TB transmission and analyze DR-TB using WGS.

**Methods:** The MTB isolates were confirmed as pure culture, and the genome DNA was extracted using the chloroform/phenol/isopropanol-beads beating method. The DNA library was prepared using Nextera XT DNA library preparation kit (Illumina), and subjected to NextSeq sequencer (Illumina). The AMR target list has been improved to detect more reliable genetic alterations for the *ahpC*, *embA*, *embB*, *embC*, *embR*, *ethA*, *ethR*, *gidB*, *gyrA*, *gyrB*, *inhA*, *kasA*, *katG*, *pncA*, *rpoB*, *rpoC*, *rpsA*, *rpsL*, *rrs* genes from TB profiler.

**Results:** We analyzed a total of 373 MTB isolates 264 (70.8%) from Urban and 109 (29.2%) from rural. The urban TB cases found in the study were 36 in the eastern region, 48 in the central region, 11 in the highland region, and 14 in the western region. The isolates were mainly composed of lineage 2 (289, 77.5%), especially East-Asian Beijing, 75 (20.1%) of lineage 4 (Euro-American LAM and others) and 7 (1.9%) of lineage 2 and lineage 4 and 1 (0.3%) of La1.2.BCG. The analysis indicated 44.5% (166, 95% Confidence Interval (CI) 39.5–49.6) were resistant among the isolated TB strains: 4.6% (95% CI 2.9–7.2) of the TB strains were identified as pre-XDRTB, 18.8% (95% CI 15.1–23.0) of the TB strains demonstrated MDRTB, 0.5% (95% CI 0.1–1.9) of the TB strains were resistant to rifampicin, 15% (95% CI 11.7–19.0) of the TB strains were resistant to an isoniazid and 5.6% (95% CI 3.7–8.4) of the TB strains were resistant to other drugs. Among the 143 strains resistant to isoniazid, the following mutations were detected: 92 strains had mutations in codon C-15T of the *fabG1* gene, 2 strains had mutations in codon c.-154G>A of *inhA* gene, 47 strains had *katG* mutations, 43 had the p.Ser315Thr substitution and with four having the other *katG* mutations. Two strains had c.-48G>A, c.-74G>A mutation of the *ahpC* gene. For the *rpoB* gene,

which confers resistance to rifampicin, 65 (73%) strains exhibited the S450L mutation and twenty-four strains (27%) had other mutations. Notably, there were no mutations or resistance identified in the recent use of novel anti-tuberculosis treatment drugs, such as bedaquiline (Rv0678), linezolid (*rrl* and *rpIC*), and clofazimine (Rv0678).

**Conclusion:** The Beijing genotype (Lineage 2) is widely distributed in all regions of Mongolia. The BCG group of strains belonging to La1.2 was detected 1 (0.3%). The Beijing genotype was not only prevalent in patients with drug-resistant tuberculosis (multi-, poly-, and mono-drug resistant tuberculosis). Also, Pre-XDR-TB strains were significantly more likely to be present in lineage 2 ( $P < 0.0001$ ). There were no mutations or resistance identified in the recent use of novel anti-tuberculosis treatment drugs.

**Keywords:** *M. tuberculosis*, *M. tuberculosis* var. *bovis*, NGS, MTB lineage, Drug resistance TB, Mutation

## МОНГОЛ ОРОНД ЯЛГАСАН СҮРЬЕЭГИЙН ОМГИЙН ДАРАА ҮЕИЙН ГЕНОМЫН ДАРААЛЛЫН ҮР ДҮН

Т. Оюунтуяа<sup>1,3</sup>, А. Такаки<sup>4</sup>, Б. Цэцэгтуяа<sup>1,3</sup> Э. Баасансүрэн<sup>1</sup>, Д. Наранзул<sup>1</sup>,  
Д. Баярболд<sup>2</sup>,  
Ц. Билэгтсайхан<sup>3</sup>, Ж. Сарантуяа<sup>3</sup>, Б. Буянхишиг<sup>1</sup>, С. Митарай<sup>4</sup>

<sup>1</sup>Халдварт Өвчин Судлалын Үндэсний Төв

<sup>2</sup>Эрүүл мэндийн яам

<sup>3</sup>Анагаахын шинжлэх ухааны үндэсний их сургууль

<sup>4</sup> Японы Сүрьеэ Судлалын Төв

E-mail: [toyuntuya@gmail.com](mailto:toyuntuya@gmail.com)

**Үндэслэл:** Дэлхий даяар 2022 онд шинээр сүрьеэтэй гэж оношлогдсон хүний тоо 7.5 сая байгаа бөгөөд 410 000 хүн (95% CI: 370 000– 450 000) олон эмд тэсвэртэй буюу рифампицинд тэсвэртэй (ОЭТС) сүрьеэгээр өвчилсөн гэж тооцоолжээ. Монгол улс эмд тэсвэртэй (ЭТС) сүрьеэ, сүрьеэгийн өвчлөл өндөртэй гучин оронд багтдаг бөгөөд 2022 онд 2000 гаруй сүрьеэгийн шинэ тохиолдол бүртгэгдсэнээс 158 тохиолдол нь ОЭТС байсан. Ерөнхийдөө *Mycobacterium spp.* тодорхой гений мутацийн улмаас эмд тэсвэртэй фенотипийг бий болгодог. 1998 онд *M. tuberculosis* H37Rv-ийн бүрэн геномын дараалал боловсруулагдаж, хэвлэгдсэнээс хойш дараа үеийн геномын бүрэн дараалал (Next generation sequence)-ын технологид гарсан ахиц дэвшлүүд сүрьеэгийн нянгийн удам зүйн бүтцийг тодорхойлоход улмаар эмд мэдрэг болон тэсвэртэй сүрьеэгийн оношилгоо, эмчилгээ болон тархвар зүйн холбоосыг судлах, оношилгооны шинжилгээний мэдрэг чанарыг нэмэгдүүлэхэд ашиглагдаж эхэлж байна. Сүрьеэгийн микобактерийн WGS нь генетикийн хувьд ижил омгуудыг баталгаажуулах, эмд тэсвэржилтийн таамаглалд эмнэлзүйн хамааралтай мутациудыг үнэн зөв илрүүлэх арга юм. ДЭМБ-аас санал болгож буй сүрьеэгийн микобактерийг илрүүлэх оношилгооны аргыг ашиглан *M. tuberculosis var. bovis* (*M. bovis*)-ыг илрүүлэх



зорилгоор эмнэлзүйн сорьцыг 2022 оны 7-р сараас эхлэн глицерин, пируват агуулсан хатуу орчинд өсгөвөрлөсөн. 2022 оны 7-р сараас 2023 оны эцэс хүртэл 3,984 эмнэлзүйн сорьцыг пируват агуулсан хатуу тэжээлт орчинд тарьж өсгөвөрлөхөд 511 сорьцод сүрьеэгийн микобактери илэрч, эерэг илрүүлэлтийн хувь 12.8% байгаа бөгөөд өнөөг хүртэл Genotype MTBC цомгоор ялган дүйхэд *M. bovis* илрээгүй байна. Иймд Японы сүрьеэгийн эрдэм шинжилгээний хүрээлэн болон ХӨСҮТ нь хамтран сүрьеэгийн нянгийн омогт геномын бүрэн дараалал тогтоох шинжилгээ хийж, манай улсад тархсан сүрьеэгийн нянгийн хэв шинжийг бүрэн тодорхойлж, бүс нутаг, тархварзүйн харилцан хамаарал, эмд тэсвэржилтийн байдлыг тогтоохыг зорилоо.

**Материал арга зүй:** Сүрьеэгийн омгийн цэвэр өсгөвөр болох нь батлагдсан омгуудад геномын ДНХ-ийг хлороформ/фенол/изопропанол-бөмбөл технологийг ашиглан гаргаж авсан. DNA library-ийг Nextera XT DNA library preparation оношлуур ашиглан бэлтгэж, NextSeq секвенсерт (Illumina) уншуулсан. TB profiler программыг ашиглан ЭТС-ийн *ahpC*, *embA*, *embB*, *embC*, *embR*, *ethA*, *ethR*, *gidB*, *gyrA*, *gyrB*, *inhA*, *kasA*, *katG*, *pncA*, *rpoB*, *rpoC*, *rpsA*, *rpsL*-ийн илүү найдвартай генетикийн өөрчлөлтийг илрүүлсэн.

**Үр дүн:** Бид 264 (70.8%) хотоос, 109 (29.2%) хөдөө орон нутгаас илэрсэн нийт 373 сүрьеэгийн ялгасан омогт дүн шинжилгээ хийсэн. Судалгаагаар хөдөө орон нутгаас илэрсэн тохиолдлыг ангилбал зүүн бүсэд 36, төвийн бүсэд 48, өндөрлөг бүсэд 11, баруун бүсэд 14 байна. Сүрьеэгийн омгийн 77.5% (289) нь хэв шинж 2 буюу Бээжин хэв шинж, 20.1% (75) нь хэв шинж 4 буюу Евро-Америк хэв шинж, 7 (1,9%) нь 2 болон 4 хэв шинж илэрсэн бол La1.2.BCG-ийн 1 (0.3%) илэрсэн. Шинжилгээгээр ялгасан сүрьеэгийн омгийн 44.5% (166, 95% Итгэлийн интервал (CI) 39.5–49.6) нь эмд тэсвэртэй байсан: сүрьеэгийн омгийн 4.6% (95% CI 2.9–7.2) нь МОЭТС-ийн урьдал, 18.8% нь (95% CI 15.1–23.0) нь ОЭТС, 0.5% (95% CI 0.1–1.9) нь рифампицинд тэсвэртэй, 15% (95% CI 11.7–19.0) нь изониазидад тэсвэртэй, 5.6% (95% CI 3.7–8.4) нь бусад эмд тэсвэртэй байсан. Изониазидийн тэсвэржилтийг нөхцөлдүүлсэн *ahpC*, *fabG1*, *inhA*, *katG*, *mshA* ДНХ-ийн дараалал ба түүний промотерууд: Изониазидад тэсвэртэй 143 омог илэрсэн.

Рифампицины тэсвэржилтийг нөхцөлдүүлсэн *proB* гений мутацийн хувьд 65 (73%) омог S450L мутацитай, хорин дөрвөн омог (27%) нь өөр мутацитай байжээ. Сүүлийн жилүүдэд сүрьеэгийн эмчилгээнд шинээр хэрэглэж буй эмүүд болох бедаквилины Rv0678, линезолидын *rrl* болон *rplC*, клофазамины Rv0678 эмд тэсвэржилтийн гений мутацийг тодорхойлоход мутаци буюу тэсвэржилт илрээгүй байна.

**Дүгнэлт:** Бээжингийн генотип (Удам 2) Монгол орны бүх бүс нутагт өргөн тархсан. BCG бүлгийн La1.2-д хамаарах 1 (0.3%) омог илэрсэн байна. Бээжингийн хэв шинж нь эмд тэсвэртэй сүрьеэтэй (МОЭТС урьдал, олон, бусад, нэг эмд тэсвэртэй сүрьеэ) омгуудад илрэх магадлал өндөр байсан ( $P < 0.0001$ ). Сүүлийн жилүүдэд сүрьеэгийн эмчилгээнд шинээр хэрэглэж буй эмүүдэд мутаци буюу тэсвэржилт илрээгүй байна.

**Түлхүүр үг:** дараа үеийн геномын дараалал, *Mycobacterium tuberculosis-bovis*, эмд тэсвэртэй сүрьеэ, мутаци

## **CAPSULE CURRICULUM VITAE**

**NAME:** ULZIISAIKHAN GOMBOSUREN

**CURRENT AFFILIATION AND APPOINTMENT:**

Institute of Veterinary Medicine

**DEGREE:**

- ✓ In 2010-2013, Master, School of Veterinary Medicine and Biotechnology, Mongolian State University of Agriculture
- ✓ In 2003-2008, Bachelor, School of Veterinary Medicine and Biotechnology, Mongolian State University of Agriculture



**EMPLOYMENT :**

FROM 2008 TO the present time

EMPLOYER: Laboratory of Infectious Diseases and Immunology, Institute of Veterinary Medicine,

POSITION HELD: Research Associate

**INTERESTED RESEARCH ARE**

Investigating the mechanisms of transmission, pathogenesis, and host immune responses to infectious agents in animals. This could include studying emerging infectious diseases, zoonotic diseases, antimicrobial resistance, and novel approaches to disease control and prevention.

## **RESULTS OF ISOLATION AND IDENTIFICATION OF THE *MYCOBACTERIUM-LIKE* ISOLATES FROM BIOLOGICAL SPECIMENS OF THE CATTLE IN MONGOLIA**

Gombosuren ULZIISAIKHAN<sup>1</sup>, Tserendorj BATBOLD<sup>1</sup>,  
Nyamdorj ENKHTSETSEG<sup>1</sup>, Bayarsaikhan NAMUUNDARI<sup>1</sup>,  
Ganbaatar DASHTSOO<sup>1</sup>, Takashi KIMURA<sup>3</sup>,  
Chie NAKAJIMA<sup>2</sup>, Yasuhiko SUZUKI<sup>2</sup> and Vanaabaatar BATBAATAR<sup>1</sup>

<sup>1</sup> Laboratory of Infection Disease and Immunology, Institute of Veterinary  
Medicine, Mongolian University of Life Science, Mongolia

<sup>2</sup> International Institute for Zoonosis Control, Hokkaido University, Japan

<sup>3</sup> Laboratory of Comparative Pathology Department of Clinical Sciences of  
Faculty of Veterinary Medicine, Hokkaido University, Japan

Email: [vanaabaatar.b@gmail.com](mailto:vanaabaatar.b@gmail.com)

Bovine tuberculosis is a chronic bacterial disease of animals caused by members of the *Mycobacterium tuberculosis* complex, primarily *M. bovis*. It is a major zoonotic disease, and cattle are the main source of infection for humans. It also affects other domesticated animals such as sheep, goats, equines, pigs, dogs, and cats, and wildlife species such as wild boars, deer, and antelopes. Between 2021 and 2023, we collected 281 lung samples from cattle, sheep, and goats at slaughterhouses in Ulaanbaatar City, and 144 samples of milk from dairy farm cows located in Ulaanbaatar City, Selenge, and Tuv provinces. A total of 281 lung samples were processed and then cultured in Lowenstein media, incubating at 37°C for up to 8-10 weeks. *Mycobacterium-like* colony growth was observed in the samples labeled as “Y1.” Additionally, 144 milk samples were processed and cultured in Lowenstein media, incubating at 37°C for 4-10 weeks, and *Mycobacterium-like* colony growth was observed in 12 samples. In a bacteriological test, 13 *Mycobacterium-like* colonies were cultured. Genomic DNA was isolated from these 13 cultures, and a Polymerase Chain Reaction (PCR) was

conducted using three specific primers (KY18F, KY75, KY172) designed for *Mycobacterium tuberculosis*. Results revealed that 1 out of the 13 cultures tested positive, while the remaining 12 cultures were negative. The DNA samples from the 13 bacterial cultures, obtained from bacteriological and molecular biology examinations, were sent to Hokkaido University's International Institute for Zoonosis Control in Japan for DNA sequencing. The results indicated that the DNA of 2 cultures closely resembled that of *Mycobacterium hiberniae*, while 8 cultures were likely identified as *Mycobacterium* species. However, the remaining 4 cultures did not belong to the *Mycobacterium* species.

**Keywords:** *Mycobacterium tuberculosis*, *M. bovis*, *Mycobacterium hiberniae*, Lowenstein media

**МОНГОЛ УЛСЫН ҮХРИЙН БИОЛОГИЙН СОРЬЦНООС  
МИКОБАКТЕРИ ТӨРЛИЙН БАКТЕРИЙГ ИЛРҮҮЛЖ  
ТОДОРХОЙЛСОН ҮР ДҮН**

Гомбосүрэнгийн ӨЛЗИЙСАЙХАН<sup>1</sup>, Chie NAKAJIMA<sup>2</sup>, Уэрэндоржийн  
БАТБОЛД<sup>1</sup>, Нямдоржийн ЭНХЦЭЦЭГ<sup>1</sup>, Баярсайханы НАМУУНДАРЬ<sup>1</sup>,  
Ганбаатарын ДАШЦОО<sup>1</sup>, Takashi KIMURA<sup>3</sup>,  
Chie NAKAJIMA<sup>2</sup>, Yasuhiko SUZUKI<sup>2</sup>, Ванаабаатарын БАТБААТАР<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Хөдөө аж ахуйн их сургууль, Мал эмнэлгийн хүрээлэн,  
Халдварт өвчин дархлаа судлалын лаборатори

<sup>2</sup>Япон Улсын Хоккайдо их сургууль, Олон улсын зооноз судлалын хүрээлэн

<sup>3</sup>Япон Улсын Хоккайдо Их Сургууль, Мал эмнэлгийн сургууль,  
Эмгэг судлалын лаборатори

Email: [vanaabaatar.b@gmail.com](mailto:vanaabaatar.b@gmail.com)

Үхрийн сүрьеэ нь сүрьеэгийн микобактерийн иж бүрдэл, гол төлөв *M.bovis*-оор үүсгэгддэг архаг халдварт халдварт өвчин юм. Энэ нь зооноз өвчин бөгөөд үхэр, хүний халдварын гол эх үүсвэр болдог. Мөн хонь, ямаа, адуу, гахай, нохой, муур гэрийн тэжээвэр амьтад гахай, буга, гөрөөс зэрэг зэрлэг амьтдад өвчилдөг. 2021-2023 онд Улаанбаатар хотын мал нядалгааны газруудаас 281 үхэр, хонь, ямааны уушгины сорьц, Улаанбаатар хот, Сэлэнгэ, Төв аймгийн саалийн фермийн 144 үнээний сүүний сорьц цуглуулсан. Нийт 281 уушгины сорьцыг хүчил, шүлтийн аргаар боловсруулж, Ловенштейн (Lowenstein media)-ий хатуу тэжээлт орчинд суулгалт хийн 37°C-т 8-10 долоо хоног хүртэл өсгөвөрлөсөн. “Y1” дугаартай сорьцонд микобактери төст колони өсгөвөрлөгдсөн. Түүнчлэн 144 сүүний сорьцыг мөн адил хүчил, шүлтийн аргаар боловсруулж Ловенштейн (Lowenstein media)-ий хатуу тэжээлт орчинд суулгалт хийн 37°C-т 4-10 долоо хоног өсгөвөрлөхөд 12 дээжинд *микобактери* төст колоний ургалт ажиглагдсан. Бактериологийн шинжилгээнд микобактеритэй төстэй нийт 13 колони өсгөвөрлөгдсөн. Эдгээр



13 өсгөвөрөөс геномын ДНХ-г ялгаж, сүрьеэгийн микобактерийн иж бүрдэл (*M.tuberculosis* complex)-д зориулагдсан тусгай праймерууд (KY18F, KY75, KY172)-ыг ашиглан Полимеразын гинжин урвал (ПГУ) гүйцэтгэсэн. Үр дүнгээс харахад 13 өсгөврийн 1 нь эерэг, үлдсэн 12 өсгөвөр нь сөрөг байсан. Бактериологи, молекул биологийн шинжилгээгээр гарган авсан 13 нянгийн өсгөвөрөөс ДНХ-ийн дээжийг ДНХ-ийн дараалал тогтоолгохоор Япон дахь Хоккайдо Их Сургуулийн Олон Улсын Зоонозын Хяналтын Хүрээлэн рүү явуулсан. Үр дүнгээс харахад 2 өсгөврийн ДНХ нь *Mycobacter hiberniae*-тай маш их төстэй байсан бол 8 өсгөвөр нь микобактерийн төрлийн нян байж болох магадлалтай байна. Харин үлдсэн 4 өсгөвөр микобактерийн төрөлд хамрагдахгүй байна.

**Түлхүүр үг:** *Mycobacterium tuberculosis*, *M.Bovis*, *Mycobacterium hiberniae*, Lowenstein media

## CAPSULE CURRICULUM VITAE

**NAME:** DAMBAA NARANZUL

**CURRENT AFFILIATION AND APPOINTMENT:**

**E-mail:** [ndambaa2020@gmail.com](mailto:ndambaa2020@gmail.com)



**DEGREE**

- ✓ Medical Doctor, Bachelor's Degree,  
Mongolian National Medical University, 1997.
- ✓ PhD, Mongolian Health Sciences University, 2013.  
Associate Professor, Mongolian Health Sciences University, 2023.

**EMPLOYMENT:**

FROM:1999    TO: until now

EMPLOYER: TB Surveillance and Research Department, National Center for  
Communicable Diseases, Mongolia

POSITION HELD: Epidemiologist

**INTERESTED RESEARCH ARE:**

Public health and infectious diseases of humans and animals

## THE RESULTS OF THE RISK ASSESSMENT OF *M. BOVIS* IN MONGOLIA

D. Naranzul<sup>1</sup>, D. Gantsetseg<sup>1</sup>, B. Ochirdar<sup>1</sup>, S. Undarya<sup>1</sup>, E. Uyanga<sup>1</sup>, P. Nasanjargal<sup>1</sup>, S. Tserendalai<sup>1</sup>, V. Batbaatar<sup>2</sup>, B. Buyankhishig<sup>1</sup>, O. Batbayar<sup>1</sup>, D. Bayarbold<sup>3</sup>

<sup>1</sup>National Center for Communicable Diseases, MOH, Mongolia

<sup>2</sup>Institute of Veterinary Medicine MULS, Mongolia

<sup>3</sup>Ministry of Health, Mongolia

E-mail: [ndambaa2020@gmail.com](mailto:ndambaa2020@gmail.com)

**Background:** In the 21st-century sustainable development program of Mongolia, the goal was "to develop and implement a program aimed at combating glanders, brucellosis, tuberculosis, and other infectious diseases, making the livestock healthy, and eliminating the foci of the disease in order to export meat products to foreign markets. About 30 percent of households in Mongolia live and work inseparably with animal husbandry, and most of the herders have a nomadic or semi-nomadic lifestyle. The control of zoonotic diseases is one of the pressing problems of the society due to the fact that Mongolians' livelihoods and lives are inextricably linked with animals. Due to the high incidence of human tuberculosis in Mongolia, at the same time, there is a lack of epidemiological data on animal tuberculosis, and the role of *M. bovis* (bovine tuberculosis) in the epidemiological chain of human tuberculosis is unknown, so we are faced with the need to study the characteristics of the causative agent of animal tuberculosis and determine the risk of infection. This evaluation was conducted in order to assess the risk of transmission of *M. bovis*, the causative agent of bovine tuberculosis, to the population of Mongolia and develop recommendations for further measures.

**Materials and methods: In the framework of Objective 1:** A total of 26 legal acts and documents in force in Mongolia were analyzed. If we consider it by the type of legal act, the resolution of the Great Khural of the State-10, the resolution of the Government-6, the order of the Deputy Prime Minister of Mongolia-1, the

order of the head of the General Department of Veterinary Medicine-4, the resolution of the National Council of Standardization-3, Order of the Minister of Food, Agriculture and Light Industry-2.

These legal acts were taken from the "Integrated Legal Information System" (<https://legalinfo.mn/>).

**In the framework of Objective 3:** In order to assess the risk of *M. bovis* transmission of tuberculosis to the population at risk, a questionnaire was collected from 238 herdsman in 9 provinces and 5 districts of Ulaanbaatar.

**Result:** In our country, the legal framework for the registration, information, surveillance, diagnosis, treatment, prevention, public health measures, and other issues of infectious diseases of animals, including bovine tuberculosis (*Mycobacterium Bovis*), has been sufficiently formed.

In the evaluated legal acts (except Order No. 28 of the Deputy Prime Minister of Mongolia of 2023 "On Revision of Regulations"), when a suspected or confirmed case of any infectious disease that harms the health of the population (such as bovine tuberculosis) is registered, who and what in time, there are no clear provisions on how to report and how to implement response measures.

64.3% of the herders who participated in the survey are from rural areas and 35.7% are from Ulaanbaatar district. The herd of cattle, the main subject of our study, is relatively small and accounts for 12.6% of the total number of animals. In all herding households, the type of settlement and pasture is dominant, and the type of livestock irrigation wells accounts for half of them. The origin of livestock is Mongolian, and cattle breeders do not buy or sell cattle from other provinces or soum. Semi-processed products are consumption less and mainly cattle's testicles. Herders' knowledge about bovine tuberculosis is insufficient, most of them do not know about the clinical symptoms. Herdsman's cows do not show symptoms such as unexplained emaciation, cough, or runny nose, and do not go to the hospital if they do. Veterinarians do not always recommend TB testing because of the low coverage of the overall herd. Dead animal carcasses are often thrown away, which may pose an infection risk.

**Conclusion:** In our country, the legal environment for registration, information, surveillance, diagnosis, treatment, prevention, public health measures, and other

issues of infectious diseases of animals, including bovine tuberculosis (*Mycobacterium Bovis*), has been sufficiently formed. However, there is a lack of information transfer and collaboration between veterinary hospitals and health facilities. Herders' knowledge about bovine tuberculosis is insufficient.

**Further issues to be considered:** An accelerated risk assessment for Objective 2 should be completed.

**Keywords:** *Mycobacterium Bovis*, risk assessment, legal acts

## ***M. BOVIS*-ЫН ХАЛДВАРЫН ЭРСДЭЛИЙН ҮНЭЛГЭЭНИЙ ДҮН**

Д. Наранзул<sup>1</sup>, Д. Ганцэцэг<sup>1</sup>, Б. Очирдарь<sup>1</sup>, С. Ундаръяа<sup>1</sup>, Э. Уянга<sup>1</sup>, П.  
Насанжаргал<sup>1</sup>, С. Цэрэндалай<sup>1</sup>, В. Батбаатар<sup>2</sup>, Б. Буянхишиг<sup>1</sup>,  
О. Батбаяр<sup>1</sup>, Д. Баярболд<sup>3</sup>

<sup>1</sup>Халдварт өвчин судлалын үндэсний төв, ЭМЯ, Монгол Улс

<sup>2</sup> Мал эмнэлгийн хүрээлэн, ХААИС, Монгол Улс

<sup>3</sup>Эрүүл мэндийн яамь Монгол Улс

E-mail: [ndambaa2020@gmail.com](mailto:ndambaa2020@gmail.com)

**Үндэслэл:** Монгол Улсын 21-р зууны тогтвортой хөгжлийн хөтөлбөрт “Гадаад зах зээлд мах махан бүтээгдэхүүн экспортлохын тулд ям, бруцеллёз, сүрьеэ болон бусад халдварт өвчинтэй тэмцэх, мал сүргийг эрүүлжүүлэх, өвчний голомтыг устгахад чиглэсэн хөтөлбөр боловсруулж хэрэгжүүлэх” зорилтыг дэвшүүлсэн юм. Монгол Улсын өрх айлын 30 орчим хувийнх нь ахуй, амьдрал мал аж ахуйтай салшгүй холбоотой, малчдын ихэнх нь нүүдлийн болон хагас нүүдлийн хэв маягтай. Монголчуудын ахуй, амьдрал малтай салшгүй холбоотой нөхцөл байдлаас улбаалан зооноз өвчнийг хянах асуудал нийгмийн тулгамдсан асуудлын нэг юм.

Монгол Улсад хүний сүрьеэгийн өвчлөл өндөр, үүний зэрэгцээ малын сүрьеэ өвчний тархварзүйн мэдээлэл дутмаг, хүний сүрьеэгийн тархварзүйн гинжин хэлхээнд *M.bovis* (үхрийн сүрьеэ) ямар үүрэгтэй нь тодорхойгүй байгаа тул малын сүрьеэгийн үүсгэгчийн шинж чанарыг судлах, халдварын эрсдэлийг тодорхойлох шаардлага бидний өмнө тулгарч байна. Монгол Улсын хүн амд *M.bovis* буюу үхрийн сүрьеэ үүсгэгч дамжин тархах эрсдэлийг үнэлж, цаашид авч хэрэгжүүлэх арга хэмжээний зөвлөмж боловсруулах зорилгоор энэхүү үнэлгээг хийсэн.

**Материал арга зүй: Зорилт 1-ийн хүрээнд:** Монгол Улсад хүчин төгөлдөр хэрэгжиж буй нийт 26 эрхзүйн акт, баримт бичигт дүн шинжилгээ хийв. Үүнийг эрхзүйн актын төрлөөр нь авч үзвэл Улсын Их Хурлын тогтоол-10, Засгийн



газрын тогтоол-6, Монгол Улсын Шадар сайдын тушаал-1, Мал эмнэлгийн ерөнхий газрын даргын тушаал-4, Стандартчиллын үндэсний зөвлөлийн тогтоол-3, Хүнс, хөдөө аж ахуй, хөнгөн үйлдвэрийн сайдын тушаал-2 байна. Эдгээр эрхзүйн актыг “Эрхзүйн мэдээллийн нэгдсэн систем” (<https://legalinfo.mn/>) -ээс авсан.

**Зорилт 3-ын хүрээнд:** Эрсдэлт бүлгийн хүн амд сүрьеэгийн *M.bovis* зүйл дамжин тархах эрсдэлийг үнэлэх зорилгоор 9 аймаг, Улаанбаатар хотын 5 дүүргийн нийт 238 малчин иргэнээс асуумж судалгаа авсан байна.

**Үр дүн:** Манай улсад мал амьтны халдварт өвчин, түүний дотор үхрийн сүрьеэ (*Mycobacterium Bovis*)-ийн халдварын бүртгэл, мэдээлэл, тандалт, оношилгоо, эмчилгээ, урьдчилан сэргийлэлт, нийгмийн эрүүл мэндийн ноцтой байдлын үеийн арга хэмжээ болон бусад асуудлын зохицуулалт хийх эрхзүйн орчин хангалттай бүрэлдсэн байна.

Үнэлгээнд хамрагдсан эрхзүйн актуудад (Монгол Улсын Шадар сайдын 2023 оны “Журам шинэчлэн батлах тухай” 28 дугаар тушаалаас бусад) хүн амын эрүүл мэндэд хохирол учруулдаг аливаа халдварт өвчин (тухайлбал үхрийн сүрьеэ)-ний сэжигтэй, батлагдсан тохиолдол бүртгэгдсэн үед Эрүүл мэндийн байгууллагад хэн, ямар цаг хугацаанд, хэрхэн мэдээлэх, хариу арга хэмжээг хэрхэн хэрэгжүүлэх талаар тодорхой заалт байхгүй байна.

Нийт асуумж судалгаанд хамрагдсан малчин иргэдийн 64.3% нь хөдөө аймгаас, 35.7% нь Улаанбаатар хотын дүүргээс байна. Бидний судалгааны гол судлагдахуун үхэр сүрэг харьцангуй цөөн тоотой ба нийт малын 12.6%-ыг эзэлж байна. Нийт малчин өрхүүдэд суурин, бэлчээрийн хэлбэр зонхилж, мал усалгааны худгийн хэлбэр тал хувийг эзэлж байна.

Малын гарал үүсэл монгол тэргүүлж байгаа бөгөөд малчид өөр аймаг, сумдаас үхэр худалдан авдаггүй мөн худалддаггүй байна. Хагас боловсруулсан бүтээгдэхүүнийг цөөнх хувь ашигладаг ба голцуу үхрийн засааг хэргэлдэг. Малчдын сүрьеэгийн талаарх ойлголт мэдлэг хангалтгүй, эмнэлзүйн шинж тэмдгийн талаар дийлэнх нь мэддэггүй ба шинжилгээнд хамрагддаггүй байна. Малчдын үхэрт шалтгаангүй турж эцэх, ханиалгах, нус гоожих зэрэг шинж тэмдгүүд илрээгүй ба илэрсэн тохиолдолд эмнэлэгт ханддаггүй. Нийт мал сүргийн сүрьеэгийн шинжилгээнд хамрагдалт бага учир

нь малын эмч тэр бүр зөвлөдөггүй. Үхсэн мал амьтны хүүр, сэг зэмийг ихэнх нь хаядаг нь халдварын эрсдэлийг үүсгэж байна. Харин халдваргүйтгэл дийлэнх хувь хийлгэдэг нь сайн үзүүлэлт болж байна.

**Дүгнэлт:** Манай улсад мал амьтны халдварт өвчин, түүний дотор үхрийн сүрьеэ (*Mycobacterium Bovis*)-ийн халдварын бүртгэл, мэдээлэл, тандалт, оношилгоо, эмчилгээ, урьдчилан сэргийлэлт, нийгмийн эрүүл мэндийн ноцтой байдлын үеийн арга хэмжээ болон бусад асуудлын зохицуулалт хийх эрхзүйн орчин хангалттай бүрэлдсэн хэдий ч мал, хүн эмнэлгийн хооронд мэдээлэл дамжуулах, хамтран ажиллах талаар сул байна. Малчдын үхрийн сүрьеэгийн талаарх мэдлэг хангалтгүй байна.

**Цаашид анхаарах асуудал:** Зорилт 2 -ийн эрсдэлийн түргэвчилсэн үнэлгээг хийж дуусгах шаардлагатай байна.

**Түлхүүр үгс:** Үхрийн сүрьеэ, эрсдэлийн үнэлгээ, эрхзүй актууд

## CAPSULE CURRICULUM VITAE

**NAME:** ALTMAA DURVUD

**CURRENT AFFILIATION AND APPOINTMENT:**

National Center for Communicable Diseases

**E-mail:** [Altmaanccd@gmail.com](mailto:Altmaanccd@gmail.com)

**DEGREE:** Medical doctor, Master student

**EMPLOYMENT:**

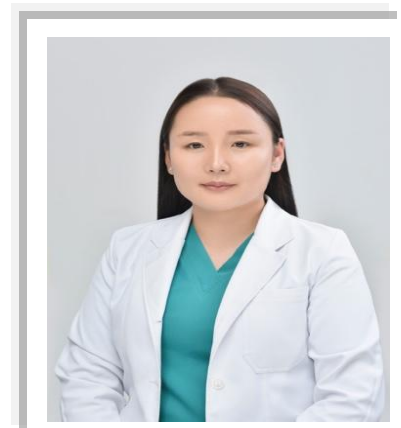
FROM: 2017 TO: Current

EMPLOYER: National Center for Communicable Diseases

POSITION HELD: Epidemiologist of Zoonosis and Brucellosis section of SDCDs

**INTERESTED RESEARCH ARE:**

Zoonotic diseases, including tick-borne encephalitis, tick-borne rickettsioses, tick-borne borreliosis, human brucellosis, human anthrax, human plague, rabies, malaria and echinococcosis



## RESULTS OF THE STUDY ON SERO-PREVALENCE OF EQUINE GLANDERS AMONG HORSES AND TRANSMISSION RISKS AMONG HERDERS

D. Altmaa<sup>2\*</sup>, B. Enkhtuul<sup>1\*</sup>, O. Khurtsbaatar<sup>1</sup>, B. Lkham<sup>1</sup>,  
G. Unenbat<sup>1</sup>, T. Agiimaa<sup>1</sup>, B. Buyanbadrakh<sup>1</sup>, V. Batbaatar<sup>1</sup> and Ts. Selenge<sup>2</sup>

<sup>1</sup>Institute of Veterinary Medicine, MULS, Mongolia

<sup>2</sup>National Center for Communicable Disease, MOH, Mongolia

E-mail: [altmaanccd@gmail.com](mailto:altmaanccd@gmail.com)

\*Authors equally contributed to this study

**Background:** Equine glanders is a zoonotic disease caused by *Burkholderia mallei*, primarily affecting solipeds such as horses, mules, and donkeys, as well as other predators, including cats, and humans through contact with infected animals. Herders, horse caretakers, and equine butchers have a risk of being affected by equine glanders. Human glanders cases are rarely reported and extremely rarely transmitted from human to human. Between 1966 and 1976, three cases of equine glanders were unofficially reported in our country. During the "Mongolian Herder" nationwide program in 2011, the seroprevalence of equine glanders was 0.19% in seven provinces. According to research by IVM, in 2019, 1.3% of randomly selected 868 horses from 14 slums in six provinces tested positive, and in 2020, 5.6% of 901 horses tested positive. Furthermore, there is a need to study the transmission risks of equine glanders among herders.

**Goal:** The aim of the study was to assess the transmission risks of equine glanders among herders

**Material and Methods:** A cross-sectional design was implemented among herders, where herder families included in the study were selected through simple randomization. The selected herders were interviewed face-to-face using a questionnaire containing 25 open and closed questions, focusing on the transmission risks of equine glanders to humans. Blood samples were collected from 15-18 horses in each selected herder family and were tested using the complement fixation test to detect antibodies against *Burkholderia mallei* in the

Laboratory of Infectious Diseases and Immunology of the IVM. The study data were entered into Microsoft Excel 2010, and the analysis was conducted using STATA 12.1.

**Result:** From 2021 till 2022, 98 herders families and 1700 head horses of 34 soums from 9 provinces including Tuv, Khentii, Dornod, Sukhbaatar, Dundgovi, Uvurkhangai, Selenge, Khovd, and Umnugovi were included in the study. Between 4.1% and 22.4% of all interviewed herders reported that their horses exhibited suspected clinical signs of equine glanders, including cough, pus-forming lesions, skin nodules, yellow-green nasal discharge, bloody nose, and enlarged submandibular lymph nodes. However, 28.5% of these herders did not report these signs to the local veterinarian. Of all the herders interviewed for the study, only 2.0% of the herder families that included their horses in the skin allergy test for equine glanders received negative results. Among the herders included in the study, the predominant risk factors for transmitting equine glanders were identified. Specifically, 36.7% [95% CI 27.0-46.0] had purchased horses from other soums and aimags, and 25.5% [95% CI 17.0-34.0] had sold horses to other soums and aimags without any equine glanders testing. Herders purchase and sell horses for breeding, racing, and use as a food source. Of all the herders included in the study, 4.1% were exposed to a risk factor for equine glanders by consuming raw equine testicles, and 7.1% of them had consumed fresh mare's milk. Additionally, 1.1% of the total 1700 horses detected an antibody against *Burkholderia mallei*.

**Conclusion:** Among the herders included in the study, there were risk factors for equine glanders, and antibodies against *Burkholderia mallei* were detected among the horses included in the study. Furthermore, there is a need for a more detailed study on the risk factors for equine glanders among herders and risk individuals.

**Keywords:** Equine glanders, herders, risk factors

## **АДУУНЫ ЯМ ӨВЧНИЙ ХАЛДВАРЛАЛТ, МАЛЧДЫН ДУНДАХ ХАЛДВАР ДАМЖИХ ЭРСДЭЛИЙГ СУДАЛСАН ДҮН**

Д. Алтмаа<sup>2\*</sup>, Б. Энхтуул<sup>1\*</sup>, О. Хурцбаатар<sup>1</sup>, Б. Лхам<sup>1</sup>,  
Ж. Үнэнбат<sup>1</sup>, Т. Агиймаа<sup>1</sup>, Б. Буянбадрах<sup>1</sup>, В. Батбаатар<sup>1</sup>, Ц. Сэлэнгэ<sup>2</sup>

<sup>1</sup>Мал эмнэлгийн хүрээлэн

<sup>2</sup>Халдварт Өвчин Судлалын Үндэсний Төв

*Цахим хаяг: [altmaanccd@gmail.com](mailto:altmaanccd@gmail.com)*

\*Зохиогчид нь судалгаанд тэгш хувь нэмэр оруулсан

**Үндэслэл:** Адууны ям өвчин нь *Burkholderia mallei* нянгаар үүсгэгддэг, адуу, илжиг, луус зэрэг битүү туурайтан амьтад болон муурын төрлийн амьтан бусад махчин амьтад болон хүнд халдварладаг зоонозын халдварт өвчин юм. Адууны ям өвчнөөр мал эмнэлэгт ажиллагсад, малчид, адуутай харьцаж ажилладаг иргэд, нядалгааны газарт ажиллагсад өвчлөх эрсдэлтэй. Ям өвчний хүний тохиолдол ховор бүртгэгддэг. Хүнээс хүнд халдвар дамжих эрсдэл маш ховор. Манай улсад 1966-1976 онд адууны ям өвчний хүний өвчлөлийн 3 тохиолдол бүртгэгдсэн гэсэн албан бус мэдээлэл байдаг. 2011 онд Монгол мал үндэсний хөтөлбөрийн хүрээнд улсын хэмжээнд хийгдсэн адууны ям өвчнийг тандах шинжилгээгээр 7 аймагт халдварлалт 0.19% байв. МЭХ-ийн судалгаагаар 2019 онд 6 аймгийн 14 сумын 868 толгой адууг түүвэрлэн шинжлэхэд 1.3%, 2020 онд 901 толгой адууг шинжлэхэд 5.6% толгой адуу эерэг урвалтай байсан. Иймд малчдын дунд адууны ям өвчний халдвар дамжих эрсдэлүүдийг судлах шаардлагатай байна.

**Зорилго:** Малчин өрхийн түвшинд адууны ям өвчний халдвар дамжих эрсдэлүүдийг судлах

**Судалгааны материал, арга зүй:** Агшингийн судалгааны загвараар судалгааг хийн, судалгаанд хамруулах малчин өрхийг энгийн санамсаргүй аргаар сонгож, тусгайлан боловсруулсан 25 асуулт бүхий асуумжийн дагуу малчинтай нүүр тулан ярилцах байдлаар судалгаа авч, адууны ям өвчинд

малчин өртөж болох зарим эрсдэлийг судаллаа. Сонгогдсон өрх тус бүрээс 15-18 толгой адуунаас цусны сорьц цуглуулж, МЭХ-ийн Халдварт өвчин, дархлаа судлалын лабораторид ийлдсэнд адууны ям өвчин үүсгэгчийн эсрэг үүссэн эсрэгбие илрүүлэх хавсрага холбох урвалаар шинжилсэн. Судалгааны мэдээллийг Микрософт Эксел 2010 программд оруулж, STATA 12.1 программд дүн шинжилгээ хийсэн.

**Судалгааны үр дүн:** 2021-2022 онд Төв, Хэнтий, Дорнод, Сүхбаатар, Дундговь, Өвөрхангай, Сэлэнгэ, Ховд, Өмнөговь зэрэг 9 аймгийн 34 сумын 98 малчин өрхөөс асуумж авч, нийт 1700 толгой адууг адууны ям өвчний эсрэгбие илрүүлэх шинжилгээнд хамруулсан. Ханиалгах, арьсан дээр яр эсвэл товруу гарах, хамраас нус, идээ, цус гоожих, эрүүний доорхи булчирхай хавдах зэрэг адууны ям өвчний сэжигтэй шинж тэмдгүүд нийт өрхийн адууны 4.1-22.4%-д илэрч байсан гэж хариулсан боловч зөвхөн 28.5% нь малын эмчид мэдээлсэн байна. Судалгаанд хамрагдсан малчин өрхийн зөвхөн 2.0% нь адуугаа ям өвчний арьсны харшил сорилын шинжилгээнд хамруулахад сөрөг үр дүнтэй гарсан гэжээ. Судалгаанд хамруулсан малчин өрхийн 36.7% [95%-ийн ИИ 27.0-46.0] адууг ям өвчний шинжилгээнд хамруулахгүйгээр өөр аймаг, сумаас худалдан авсан, 25.5% [95%-ийн ИИ 17.0-34.0]–д адуу худалдсан зэрэг эрсдэлт хүчин зүйлс давамгайлан тохиолдож байна. Адуутай болох, үржүүлэх, уралдуулах, идшинд хэрэглэх зорилгоор адууг худалдан авч, худалдаж байна. Мөн судалгаанд хамрагдсан малчдын 4.1% нь адууны засаа идэх, 7.1% нь саам уух зэргээр уг өвчний эрсдэлт хүчин зүйлст өртөж байна. Судалгаанд хамруулсан 1700 толгой адууг ХХУ-аар шинжлэхэд ям өвчний эсрэгбие илэрч, халдварлалт 1.1% байна.

**Дүгнэлт:** Судалгаанд хамруулсан малчдын дунд адууны ям өвчний халдварт өртөх эрсдэлүүд тохиолдож, уг өвчний эсрэгбие адуунд илэрч байна. Иймд адууны ям өвчний эрсдэлт хүчин зүйлсийг илүү нарийвчлан судлах шаардлагатай байна.

**Түлхүүр үг:** Адууны ям, малчин, эрсдэлт хүчин зүйлс

## **CAPSULE CURRICULUM VITAE**

**NAME:** ENKHTSETSEG NYAMDORJ

### **CURRENT AFFILIATION AND APPOINTMENT:**

**E-mail:** Enkhtsetseg.en@gmail.com

**DEGREE:** Master (MSc) In 2018 Master of Biotechnology, School of School of Animal Science & Biotechnology, Mongolian State University of Agriculture, Ulaanbaatar, Mongolia.



### **EMPLOYMENT:**

FROM: 2011 TO: Present time

EMPLOYER: Research of Laboratory of Infectious Disease and Immunology, Institute of Veterinary Medicine, Mongolian State University of Life Science, Ulaanbaatar, Mongolia.

POSITION HELD: Research Assistant

### **INTERESTED RESEARCH ARE:**

My interest and expertise in the research area is on Bacterial Zoonotic Diseases such as *leptospirosis*, *listeriosis*, and some Food-borne bacterial infections.

Currently working in the bovine tuberculosis team as part of the SATREPS project focused on the "Control of tuberculosis and glanders"



## **PRELIMINARY RESULTS OF THE BOVINE TUBERCULOSIS SURVEILLANCE OF THE ULAANBAATAR CAPITAL BY THE SKIN TEST AND IGRA ASSAY**

Nyamdorj ENKHTSETSEG<sup>1</sup>, Bayarsaikhan NAMUUNDARI<sup>1</sup>, Gombosuren  
ULZIISAIKHAN<sup>1</sup>, Tserendorj BATBOLD<sup>1</sup>, Ganbaatar DASHTSOO<sup>1</sup>, LIUSHIQI  
Borjigin<sup>2</sup>, Takashi KIMURA<sup>3</sup>,  
Chie NAKAJIMA<sup>4</sup>, Yasuhiko SUZUKI<sup>4</sup> and Vanaabaatar BATBAATAR<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Laboratory of Infectious Diseases and Immunology, Institute of Veterinary  
Medicine, Mongolian University of Life Science, Mongolia.

<sup>2</sup>Faculty of Veterinary Medicine, Okayama University of Science, Japan

<sup>3</sup>Laboratory of Comparative Pathology, Department of Clinical Sciences, Faculty of  
Veterinary Medicine, Hokkaido University, Japan

<sup>4</sup>International Institute for Zoonosis Control and Faculty of Veterinary Medicine,  
Hokkaido University, Japan

E-mail: [vanaabaatar.b@gmail.com](mailto:vanaabaatar.b@gmail.com)

Bovine tuberculosis (bTB) is a chronic, zoonotic disease caused by *Mycobacterium bovis*, primarily affecting various organs, including the lungs, lymph nodes, liver, spleen, chest pleura, and intestines. In this surveillance study conducted by us, a tuberculin skin test (TST) was performed to detect bovine tuberculosis in selected cattle from the farms with more than 50 cattle in Songinokhairkhan and Khan-Uul districts near Ulaanbaatar city were selected, and 388 cattle. Blood samples were collected from the cattle, and purified proteins (PPD-B and PPD-A) prepared from *Mycobacterium bovis* and *Mycobacterium avium* were induced.

The isolated plasma was used for analysis. Both induced and normal plasma were analyzed by sELISA to detection for gamma interferon (IFN- $\gamma$ ). In the study, a total of 388 cattle were tested for two types of tuberculin tests. Among them, 66 cattle tested positive for PPD-B+, 29 cattle tested positive for PPD-A+, and 20 cattle tested positive for both types of tuberculin tests (PPD-B+ and PPD-A+).

Furthermore, all 388 cattle were analyzed by sELISA for IFN- $\gamma$  detection, with 45 cattle (PPD-B+, PPD-A+) showing positive results. Notably, 1 cattle exhibited positive results in both skin tests and ELISA. Cattle testing positive in both skin tests and laboratory tests are not necessarily considered infected with bovine tuberculosis or *M. bovis* infection. It is noteworthy that the purified proteins used to induce gamma interferon in the blood have been observed to induce vomiting, even in infections with pathogenic mycobacteria (*Mycobacterium spp*) other than *M. bovis*. Therefore, comprehensive screening for infectious diseases, including Paratuberculosis, is recommended for accurate conclusions. In the future, in addition to the tuberculin skin test, it is necessary to perform the IFN- $\gamma$  detection test (with high specificity) stimulated by antigens prepared from *M. bovis*, such as BOVIGAM<sup>TM</sup> PC-EC Stimulating Antigen and BOVIGAM<sup>TM</sup> PC-HP Stimulating Antigen, in the screening for bovine tuberculosis.

**Keywords:** Bovine tuberculosis, gamma interferon (IFN- $\gamma$ ), PPD-B, PPD-A, ELISA, plasma

**АРЬСНЫ СОРИЛ БОЛОН ИГРА ШИНЖИЛГЭЭ АШИГЛАН  
УЛААНБААТАР ХОТЫН ҮХРИЙН СҮРЬЕЭГ ТАНДСАН СУДАЛГААНЫ  
УРЬДЧИЛСАН ДҮНГЭЭС**

Нямдоржийн ЭНХЦЭЦЭГ<sup>1</sup>, Баярсайханы НАМУУНДАРЬ<sup>1</sup>, Гомбосүрэнгийн  
ӨЛЗИЙСАЙХАН<sup>1</sup>, Цэрэндоржийн БАТБОЛД<sup>1</sup>, Ганбаатарын ДАШЦОО<sup>1</sup>,  
LIUSHIQI Borjigin<sup>2</sup>, Takashi KIMURA<sup>3</sup>,  
Chie NAKAJIMA<sup>4</sup>, Yasuhiko SUZUKI<sup>4</sup>, Ванаабаатарын БАТБААТАР<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Хөдөө аж ахуйн их сургуулийн харьяа Мал эмнэлгийн хүрээлэнгийн  
Халдварт өвчин, дархлаа судлалын лаборатори

<sup>2</sup>Faculty of Veterinary medicine, Okayama University of Science, Japan

<sup>3</sup>Laboratory of Comparative Pathology, Department of Clinical Sciences, Faculty of  
Veterinary Medicine, Hokkaido University, Japan

<sup>4</sup>International Institute for Zoonosis Control and Faculty of Veterinary Medicine,  
Hokkaido University, Japan

E-mail: [vanaabaatar.b@gmail.com](mailto:vanaabaatar.b@gmail.com)

Үхрийн сүрьеэ өвчин /bTB/ нь *Mycobacterium bovis*-р үүсгэгддэг, хүнд халдварладаг зооноз өвчин. Энэхүү судалгаанд Улаанбаатар хотын Сонгинохайрхан, Хан-Уул дүүргийн 50-аас дээш үхэртэй фермийг сонгон нийт 388 үхэрт үхрийн сүрьеэ өвчнийг илрүүлэх арьсны сорил (TST)-ыг үхрийн болон шувууны сүрьеэлүүрээр хийж мөн тухайн үхрээс цусны сорьц цуглуулж, *Mycobacterium bovis* болон *Mycobacterium avium*-аас бэлтгэсэж цэвэршүүлсэн уураг (PPD-B болон PPD-A)-аар тус тус сэдээлт хийж, сэдээлт хийсэн болон хэвийн плазмыг гамма интерферон (IFN-γ) илрүүлэх ФХЭБУ-аар шинжлэв.

Судалгаанд хамрагдсан нийт 388 үхрийг 2 төрлийн сүрьеэлүүрээр арьсны сорил хийхэд 66 үхэр PPD-B+ эерэг, 29 үхэр, PPD-A+ эерэг, 20 үхэр 2 төрлийн сүрьеэлүүр (PPD-B+, PPD-A+)-ээр тус тус эерэг байв. Нийт 388 үхрийг IFN-γ илрүүлэх ФХЭБУ-аар шинжлэхэд 45 үхэр (PPD-B+, PPD-A+) аль

нэгэнд эерэг дүн үзүүлж, үүнээс 1 үхэр арьсны сорил, ФХЭБУ-аар бүгд эерэг дүн үзүүлж байна. Гэсэн хэдий ч арьсны сорил болон ФХЭБУ-аар эерэг хариутай үхрийг *M. bovis*-ийн халдвартай гэж үзэх үндэслэл болохгүй. Учир нь гамма интерферон-ийг сэдээхэд ашигласан цэвэршүүлсэн уурагууд нь *M. bovis*-оос бусад зүйлийн эмгэг төрүүлэгч микобактериум (*Mycobacterium spp*)-ын халдварын үед ч сөөлжих урвал өгдөг нь батлагдсан тул бусад өвчнөөс ялгаварлан оношлож (Paratuberculosis гэх мэт) байж эцэслэн дүгнэх зүйтэй гэж үзэв. Цаашид үхрийн сүрьеэ өвчнийг тандах шинжилгээнд арьсны сорилоос гадна нь *M. bovis*-с бэлтгэсэн эсрэгтөрөгч (тухайлбал BOVIGAMTM PC-EC Stimulating Antigen, BOVIGAMTM PC-HP Stimulating Antigen)-үүдээр өдөөсөн IFN-γ илрүүлэх шинжилгээ (өвөрмөц чанар өндөртэй ба сөөлжих урвалгүй нь батлагдсан)-г хийж байх шаардлагатай байна.

**Түлхүүр үг :** Үхрийн сүрьеэ, гамма интерферон (IFN-γ), PPD-B, PPD-A, ФХЭБУ, плазм

## CAPSULE CURRICULUM VITAE

**NAME:** TAKASHI KIMURA

**CURRENT AFFILIATION AND APPOINTMENT:**

Professor

Laboratory of Comparative Pathology

Department of Clinical Sciences

Faculty of Veterinary Medicine

Hokkaido University

Kita 18, Nishi 9, Kita-ku, Sapporo 060-0818, Japan



**E-mail:** tkimura@vetmed.hokudai.ac.jp

**DEGREE**

- ✓ DVM, PhD, Diplomate JCVF

**EMPLOYMENT:**

1994 -1995      Assistant Professor, School of Veterinary Medicine,  
Hokkaido University

1995 -2005      Assistant Professor, Graduate School of Veterinary  
Medicine, Hokkaido University

1998-2000 Visiting Scholar in the Johns Hopkins University Bloomberg  
School of Public Health)

2005 -2013      Associate Professor, Hokkaido University Research  
Center for Zoonosis Control

2014 –2017      Professor, Graduate School of Veterinary Medicine,  
Hokkaido University

2017- present      Professor, Faculty of Veterinary Medicine, Hokkaido  
University

**INTERESTED RESEARCH ARE:**

- ✓ Pathogenesis of equine herpesvirus-1 infection
- ✓ Host cell factors involved in the development of viral encephalitis
- ✓ Pathological analysis of naturally occurring diseases in animal

**A NOVEL DRY LOOP-MEDIATED ISOTHERMAL AMPLIFICATION (LAMP)  
METHOD FOR DETECTION OF *BURKHOLDERIA MALLEI* AND  
*B. PSEUDOMALLEI***

Mitsuru Nakase<sup>1</sup>, Jeewan Thapa<sup>2</sup>, Vanaabaatar Batbaatar<sup>3</sup>, Ochirbat  
Khurtsbaatar<sup>3</sup>, Batchuluun Enkhtuul<sup>3</sup>, Jugderkhorloo Unenbat<sup>3</sup>, Baasansuren  
Lkham<sup>3</sup>, Apichai Tuyanyok<sup>4</sup>, Vannarat Saechan<sup>5</sup>, Hideaki Higashi<sup>6</sup>, Kyoko  
Hayashida<sup>7</sup>, Yasuhiko Suzuki<sup>2</sup>, Chie Nakajima<sup>2</sup>, Takashi Kimura<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Laboratory of Comparative Pathology, Faculty of Veterinary Medicine, Hokkaido  
University, Japan,

<sup>2</sup>Division of Bioresources, Hokkaido University International Institute for Zoonosis  
Control, Japan,

<sup>3</sup>Laboratory of Infectious Disease and Immunology, IVM, Mongolian University of  
Life Science, Mongolia,

<sup>4</sup>Department of Infectious Diseases and Immunology, College of Veterinary  
Medicine, University of Florida, USA

<sup>5</sup>Faculty of Veterinary Science, Prince of Songkla University, Thailand

<sup>6</sup>Division of Infection and Immunity, International Institute for Zoonosis Control,  
Hokkaido University, Japan,

<sup>7</sup>Division of Collaborations and Education, International Institute for Zoonosis  
Control, Japan

E-mail: [tkimura@vetmed.hokudai.ac.jp](mailto:tkimura@vetmed.hokudai.ac.jp)

Glanders and melioidosis are contagious zoonotic diseases caused by *Burkholderia mallei* and *B. pseudomallei*, respectively. Bacterial isolation and PCR have been used to detect these bacteria in animals suspected of infection; however, both methods require skilled experimental techniques and expensive equipment. These obstacles make it difficult to diagnose *B. mallei* and *B. pseudomallei* infections in areas where reagents and equipment are difficult to procure. To solve this problem, we developed an easy and ready-to-use dried-

format diagnostic tool based on the loop-mediated isothermal amplification (LAMP) method.

The primer set targeting the internal transcribed spacer (ITS) region detected 10 genomic copies of *B. mallei* DNA and *B. pseudomallei* DNA using the conventional LAMP method. This primer set did not detect any other *Burkholderia* species. Using this novel primer set, a dried-format in-house LAMP method with high sensitivity and specificity was developed. This method was used to test for the presence of *B. mallei* DNA in swabs collected from the nasal cavity and ulcerated skin of 19 *B. mallei*-infected horses and five uninfected horses and was compared with the real-time PCR method. These two tests showed 87.5% agreement for the positive samples and 100% agreement for the negative samples. This method also detected 20 *B. pseudomallei* clinical isolates.

In conclusion, we established the first dry LAMP method for the detection of *B. mallei* and *B. pseudomallei*. This study provided a simple, rapid, cost-effective, and sensitive diagnostic tool for glanders and melioidosis.

***BURKHOLDERIA MALLEI* БОЛОН *B. PSEUDOMALLEI* ИЛРҮҮЛЭХ  
DRY LOOP-MEDIATED ISOTHERMAL AMPLIFICATION (LAMP) АРГА**

Mitsuru Nakase<sup>1</sup>, Jeewan Thapa<sup>2</sup>, Ванаабаатарын БАТББАТАР<sup>3</sup>, Очирбатын ХУРЦБААТАР<sup>3</sup>, Батчулууны ЭНХТУУЛ<sup>3</sup>, Жүгдэрхорлоогийн ҮНЭНБАТ<sup>3</sup>, Баасансүрэнгийн ЛХАМ<sup>3</sup>, Apichai Tuyanyok<sup>4</sup>, Vannarat Saechan<sup>5</sup>, Hideaki Higashi<sup>6</sup>, Kyoko Hayashida<sup>7</sup>, Yasuhiko Suzuki<sup>2</sup>, Chie Nakajima<sup>2</sup>, Takashi Kimura<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Laboratory of Comparative Pathology, Faculty of Veterinary Medicine, Hokkaido University, Japan,

<sup>2</sup>Division of Bioresources, Hokkaido University International Institute for Zoonosis Control, Japan,

<sup>3</sup>Laboratory of Infectious Disease and Immunology, IVM, Mongolian University of Life Science, Mongolia,

<sup>4</sup>Department of Infectious Diseases and Immunology, College of Veterinary Medicine, University of Florida, USA

<sup>5</sup>Faculty of Veterinary Science, Prince of Songkla University, Thailand

<sup>6</sup>Division of Infection and Immunity, International Institute for Zoonosis Control, Hokkaido University, Japan,

<sup>7</sup>Division of Collaborations and Education, International Institute for Zoonosis Control, Japan

E-mail: [tkimura@vetmed.hokudai.ac.jp](mailto:tkimura@vetmed.hokudai.ac.jp)

Ям, хуурамч ям нь *Burkholderia mallei*, *B. pseudomallei*-ээр үүсгэгддэг халдварт, зоонозын өвчин юм. Өвчний оношийг баталгаажуулахад үүсгэгч гарган авах болон ПГУ-ын аргуудыг ашигладаг хэдий ч эдгээр арга нь үнэтэй, тусгай багаж төхөөрөмжөөс гадна шинжлэгчээс ур, чадвартай байхыг шаарддаг зэрэг дутагдалтай. Эдгээр хүндрэлийг шийдвэрлэхээр *B. mallei*, *B. pseudomallei*-г ялган танихад ашиглах, хэрэглэхэд энгийн, хуурайшуулсан оношлуурыг LOOP-MEDIATED ISOTHERMAL AMPLIFICATION (LAMP) аргад суурилан боловсруулав.



Internal transcribed spacer (ITS) праймеруудад суурилсан энэхүү dry LAMP-ын арга нь *B. mallei*-ийн болон *B. pseudomallei*-ийн ДНХ-ийн 10 геномын хуулбарыг ч илрүүлэх боломжтой бөгөөд *Burkholderia* төрлийн бусад зүйлүүдтэй сөөлжих урвалд ордоггүй нь ба өндөр мэдрэг, өвөрмөц чанартай байв.

Шинээр боловсруулсан энэхүү аргаар *B. mallei*-аар өвчилсөн нь батлагдсан 19 адуу болон эрүүл 5 адууны хамрын хөндийн арчдас, өвчтэй адууны шархалсан арьснаас авсан арчидас зэрэгт *B. mallei*-ийн геномийн ДНХ-г агуулагдаж байгаа эсэхийг шалгаж, үр дүнг бодит цаг хугацааны (real-time) ПГУ-ын аргатай харьцуулсан. Шинжилгээний үр дүнд энэхүү хоёр шинжилгээний аргуулын таарц эерэг сорьцонд 87.5%-тай байсан бол сөрөг сорьцинд 100% тохирч байна. Мөн шинээр гараган авсан оношлуураар *B. pseudomallei*-ийн 20 өсгөвөрт шинжилгээг хийж шалгасан болно.

Дүгнэж үзэхэд, *B. mallei* болон *B. pseudomallei* илрүүлэх, хуурайшуулсан LAMP аргыг анх удаа бий болгосон ба энэхүү судалгаагаар адууны ям болон хуурамч ям өвчнийг оношлоход энгийн, хурдан, өртөг хямд, өндөр мэдрэг болох нь харагдаж байна.

**Түлхүүр үгс:** *Burkholderia mallei*, *Burkholderia pseudomallei*, геном илрүүлэх, dry LAMP

## **CAPSULE CURRICULUM VITAE**

**NAME:** OCHIRBAT KHURTSBAATAR

**CURRENT AFFILIATION AND APPOINTMENT:**

- ✓ Institute of Veterinary Medicine

**DEGREE:**

- ✓ Diploma in Veterinary Medicine (2013-2016), (Master's degree diploma), (School of Veterinary Medicine and Biotechnology, Mongolian State University of Agriculture)
- ✓ Diploma in Veterinary Medicine (1996-2002), (bachelor degree diploma), (School of Veterinary Medicine and Biotechnology, Mongolian State University of Agriculture)



**EMPLOYMENT RECORD:**

FROM: 2010 TO: Present time

EMPLOYER: Laboratory of Infectious Diseases and Immunology, Institute of Veterinary Medicine

POSITION HELD: Research associate

**INTERESTED RESEARCH ARE**

Equine Glanders and bacterial-borne diseases

## **RESULTS OF ISOLATION AND IDENTIFICATION OF THE *B. MALLEI* CIRCULATING IN THE MONGOLIAN HORSES**

Ochirbat KHURTSBAATAR<sup>1</sup>, Batchuluun EHKTUUL<sup>1</sup>, Baasansuren LKHAM<sup>1</sup>,  
Tumurtogdikh AGIIMAA<sup>1</sup>, Burenbaatar BUYANBADRAKH<sup>1</sup>, LIUSHIQI Borjigin<sup>2</sup>,  
Yasuhiko SUZUKI<sup>3</sup>, Takashi KIMURA<sup>4</sup> and Vanaabaatar BATBAATAR<sup>1</sup>.

<sup>1</sup>Infectious Diseases and Immunology, Institute of Veterinary Medicine,  
Mongolian University of Life Science, Mongolia

<sup>2</sup>Faculty of Veterinary Medicine, Okayama University of Science, Japan

<sup>3</sup>International Institute for Zoonosis Control and Faculty of Veterinary Medicine,  
Hokkaido University, Japan

<sup>4</sup>Laboratory of Comparative Pathology, Department of Clinical Sciences,  
Faculty of Veterinary Medicine, Hokkaido University, Japan

E-mail: [vanaabaatar.b@gmail.com](mailto:vanaabaatar.b@gmail.com)

Glanders is an infectious and frequently fatal disease that impacts domestic ungulates like horses, donkeys, and mules, along with certain wild animals. Additionally, it is a zoonotic illness capable of infecting individuals who have close contact with diseased animals. Glanders is characterized by symptoms such as shortness of breath, nasal discharge, and the development of nodules and lesions in the respiratory tract and skin. The causative agent of the disease, *Burkholderia mallei* (*B. mallei*), is a Gram-negative, non-motile, non-capsulated, non-spore-forming. *B. mallei* is well-adapted to intracellular survival and evasion of the host immune response, posing challenges for treatment. *B. mallei* has been weaponized for biological warfare and bioterrorism. Comprehensive differential diagnosis and effective treatment methods for sick horses are not yet fully developed or are exceedingly challenging. It is recommended to isolate and euthanize infected horses to prevent further spread within the herd. Glanders are more prevalent in regions spanning Asia, the Middle East, and South America. Its profound impact on horses and its zoonotic nature pose a significant threat to

public health. The characterization of *Burkholderia mallei* is crucial for disease surveillance, prevention, and the development of effective strategies. This study was undertaken from 2020 to 2023, involving the examination of 32 horses exhibiting clinical signs of glanders. The diagnosis was established through serological tests, including the Complement fixation test, Rose Bengal Test (RBT), and skin allergy tests for glanders. The horses were subsequently euthanized, and pathological samples were obtained from various organs, including the lungs, kidneys, liver, spleen, heart, and testicles. The isolated 8 cultures were subjected to a comprehensive analysis to confirm the *Burkholderia mallei*. This study investigated the morphological and biochemical characteristics of *B. mallei*. Glanders disease was diagnosed using bacteriological methods and confirmed through molecular biology techniques.

**Keywords:** Glanders, *Burkholderia mallei*

**МОНГОЛ АДУУНААС ИЛРҮҮЛСЭН *B. MALLEI*-Н ТӨСТ ӨСГӨВРИЙГ  
ЯЛГАН ДҮЙЖ, ТОДОРХОЙЛСОН СУДАЛГААНЫ ҮР ДҮН**

Очирбатын ХУРЦБААТАР<sup>1</sup>, Батчулууны ЭНХТУУЛ<sup>1</sup>, Баасансүрэнгийн ЛХАМ<sup>1</sup>,  
Төмөртогтохын АГИЙМАА<sup>1</sup>, Бүрэнбаатарын БУЯНБАДРАХ<sup>1</sup>,  
LIUSHIQI Borjigin<sup>2</sup>, Yasuhiko SUZUKI<sup>3</sup>,  
Takashi KIMURA<sup>4</sup>, Ванаабаатарын БАТБААТАР<sup>1</sup>

<sup>1</sup> Хөдөө аж ахуйн их сургууль, Мал эмнэлгийн хүрээлэн,

<sup>2</sup> Faculty of Veterinary Medicine, Okayama University of Science, Japan

<sup>3</sup> International Institute for Zoonosis Control and Faculty of Veterinary Medicine,  
Hokkaido University, Japan

<sup>4</sup> Laboratory of Comparative Pathology, Department of Clinical Sciences,  
Faculty of Veterinary Medicine, Hokkaido University, Japan

E-mail: [vanaabaatar.b@gmail.com](mailto:vanaabaatar.b@gmail.com)

Ям өвчин нь адуу, илжиг, луус зэрэг битүү туурайтан амьтад болон зарим зэрлэг амьтад өвчилдөг халдварт өвчин бөгөөд ихэвчлэн үхэлд хүргэдэг. Мөн өвчтэй амьтадтай ойр ажилладаг хүмүүст халдварладаг зооноз өвчин. Ям өвчин нь халуурах, амьсгал давчдах, хамраас гоожих, амьсгалын зам, арьсанд зангилаа, шарх үүсэх зэрэг шинж тэмдгүүдээр илэрдэг. Өвчний үүсгэгч *Burholderia mallei* (*B. mallei*) нь грам сөрөг, хөдөлгөөнгүй, үрэнцэр, бүрээс үүсгэдэггүй, мөхлөг бүхий савханцар. *B. mallei* нь эзэн эсийн дотор амьдрах, дархлааны системээс зайлсхийхэд маш сайн дасан зохицдог тул эмчлэхэд хэцүү байдаг байна. *B. mallei*-г биологийн зэвсэг, биотерроризмын зорилгоор ашиглаж байсан түүхтэй. Ямаар өвчилсөн адууг бүрэн ялгаварлан оношлох, ялангуяа эмчлэх арга одоогоор бүрэн боловсрогдоогүй эсвэл ихээхэн түвэгтэй байгаа ба халдвартай адууг сүргээс тусгаарлан устгах заалттай. Ази, Ойрхи Дорнод, Өмнөд Америкийг хамарсан бүс нутгуудад ям өвчин илүү тархсан байдаг байна. Ям өвчин нь адуунд үзүүлэх хор нөлөө асар их бөгөөд зоонозын шинж чанар нийтийн эрүүл мэндэд аюул учруулж

болзошгүйг харуулж байна. *Burkholderia mallei*-ийн шинж чанарыг судлах нь өвчний тандалт, урьдчилан сэргийлэх, үр дүнтэй стратеги боловсруулахад маш чухал юм. Энэхүү судалгааг 2020-2023 онд хийсэн бөгөөд ям өвчний эмнэлзүйн шинж тэмдэг илэрсэн адуунуудад үзлэг хийсэн. Оношийг ийлдэс судлалын шинжилгээнүүд болох Хавсарга холбох урвал /ХХУ/, Хавтгай шилний наалдуулах урвал буюу Розбенгалын урвал (РБУ), арьсны харшлын сорил /ямлуурдах/ зэргээр тогтоов. Эерэг урвалтай гарсан адууг устгаж, уушиг, бөөр, элэг, дэлүү, зүрх, төмсөг зэрэг янз бүрийн эрхтнүүдээс эмгэгт сорьц авсан. Нийт *Burkholderia mallei*-н 8 өсгөвөрийг нян судлалын аргаар гаргана авсан. Энэхүү судалгаагаар *B. mallei*-н морфологи, биохимийн шинж чанаруудын судалсан. Энэхүү судалгаагаар ям өвчнийг нян судлалын аргаар оношлож молекул биологийн аргаар баталгаажуулсан болно.

**Түлхүүр үг:** *Burkholderia mallei*, Адууны ям өвчин,

## CAPSULE CURRICULUM VITAE

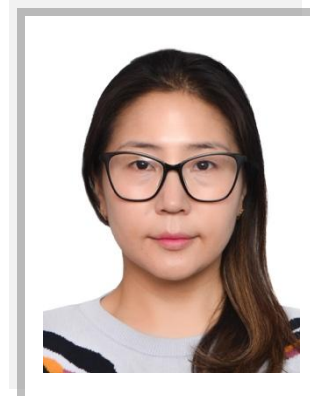
**NAME:** BAASANSUREN ERKHEMBAYAR

**CURRENT AFFILIATION AND APPOINTMENT:**

**E-mail:** [baasansuren0624@gmail.com](mailto:baasansuren0624@gmail.com)

### DEGREE

- ✓ Biomedical engineer Bachelor's Degree, Mongolian National Medical University
- ✓ Medical microbiology, Mongolian National University of Medical Sciences
- ✓ Master of Science in Medicine, Mongolian National University of Medical Sciences



### EMPLOYMENT:

**FROM:** 2012 **TO:** until now

**EMPLOYER:** TB Surveillance and Research Department, National Center for Communicable Diseases

**POSITION HELD:** Doctor of National Reference TB Laboratory

### INTERESTED RESEARCH ARE:

## DETERMINATION OF NOVEL ANTI-TUBERCULOSIS DRUGS RESISTANCES USING MGIT TB EXIST

Baasansuren. E<sup>1</sup>, Oyunchimeg. G<sup>1</sup>, Bayasgalan. B<sup>1</sup>, Oyuntuya. T<sup>1</sup>, Tsetsegtuya. B<sup>1</sup>, Buyankhishig. B<sup>1</sup>, Baigalmaa. J<sup>1</sup>, Bayarbold. D<sup>2</sup>, Mitarai. S<sup>2</sup>

<sup>1</sup> National Center for Communicable Disease

<sup>2</sup> Ministry of Health

<sup>3</sup> Research Institute of Tuberculosis, Japan Anti-Tuberculosis Association

E-mail: [baasansuren0624@gmail.com](mailto:baasansuren0624@gmail.com)

The spread of drug-resistant tuberculosis (DR-TB) is a global concern. New anti-tuberculosis drugs have recently been approved for the treatment of multidrug-resistant tuberculosis TB (MDR-TB). Bedaquiline (BDQ) and delamanid (DLM) have recently been approved by the regulatory authorities for the treatment of MDR-TB. The new anti-TB drugs which are recommended for the treatment of DR-TB, were introduced in Mongolia in 2017. We aimed to evaluate the resistances of BDQ, DLM, linezolid (LZD), and Moxifloxacin (MFX), with which the multi-drug-resistant *Mycobacterium tuberculosis* is defined, in Mongolia *M. tuberculosis* isolates by using MGIT 960/TB eXiST system.

**Method:** *M. tuberculosis* isolates were originally detected in 2023 from 90 different tuberculosis patients in the NCCD, Mongolia. The drug susceptibility testing was performed using MGIT 960/TB eXiST (BD, Franklin Lakes, NJ, USA). The critical concentrations of BDQ, DLM, LZD, and MFX were 1.0, 0.06, 1.0, and 0.25 µg/mL, respectively (according to WHO standard 2018). The drug-containing medium was prepared *in-house* in the NCCD TB laboratory. *M. tuberculosis* H37Rv was used as internal quality control.

**Results:** Of all cases, 60% (54/90) were collected from new cases, 16.7% (15/90) were previously treated TB cases, and 23.3% (21/90) were follow-up cases of DR treatment. Out of the total 90 isolate cultures, 98.9% (89/90) were RR/MDR. Based on the definitions, 51 (56.7%) were RR and 38 (42.2%) were MDR.



According to the results of resistance to the new drugs, 86.6% (78/90) were susceptible to all 4 drugs and 13.3% (12/90) were resistant. Of the resistant cases, 8.9% (8/12) were resistant to MFX and 4.4% (4/12) were resistant to MFX and DLM.

Of the 12 MFX-resistant isolate cultures, 100% were found to be resistant to the Fluoroquinolones by Genotype MTBDRs/ assay. Of these MFX and DLM-resistant cases, 7 (58.3%) were identified in samples of diagnosis and 5 (41.7%) were follow-up samples.

**Conclusion:** The introduction of novel drugs into treatment must be accompanied by continuous phenotypic susceptibility testing including minimum inhibitory concentration. The analysis of genetic determinants of resistance may show limitations in new drugs.

**Keywords:** Mycobacterium tuberculosis, drug-resistant, novel anti-tuberculosis drugs

## **MGIT 960/ TB eXiST АШИГЛАН СҮРЬЕЭГИЙН ЭСРЭГ ШИНЭ ЭМЭНД ТЭСВЭРЖИЛТ ТОДОРХОЙЛСОН ҮР ДҮН**

Э.Баасансүрэн<sup>1</sup>, Г.Оюунчимэг<sup>1</sup>, Б.Баясгалан<sup>1</sup>, Т.Оюунтуяа<sup>1</sup>, Б.Цэцэгтуяа<sup>1</sup>,  
Б.Буянхишиг<sup>1</sup>, Ж.Байгалмаа<sup>1</sup>, Д.Баярболд<sup>2</sup>, С.Митарай<sup>3</sup>

<sup>1</sup> Халдварт Өвчин Судлалын Үндэсний Төв

<sup>2</sup> Эрүүл Мэндийн Яам

<sup>3</sup> Япон улсын сүрьеэгийн эрдэм шинжилгээний хүрээлэн

E-mail: [baasansuren0624@gmail.com](mailto:baasansuren0624@gmail.com)

Эмэнд тэсвэртэй сүрьеэгийн тархалт дэлхий нийтийн анхаарлын төвд байсаар байна. Сүүлийн жилүүдэд олон эмэнд тэсвэртэй сүрьеэ (ОЭТС)-ийн эмчилгээнд бедакулин (BDQ), деламамид (DLM) зэрэг шинэ эмүүдийг хэрэглэхийг зөвлөмж болгосон. Эдгээр эмүүдийг Монгол улс 2017 оноос ОЭТС-ийн эмчилгээний горимд хэрэглэж эхэлсэн. Бид ОЭТС-ийн ялгасан өсгөвөрт BDQ, DLM, линезолид (LZD), моксифлоксацин (MFX)-ы тэсвэржилтийг MGIT 960/ TB eXiST программыг ашиглан тодорхойлохыг зорилоо.

**Арга, аргачлал:** Эргэмж судалгааны загвараар 2023 онд Халдварт Өвчин Судлалын Үндэсний Төв (ХӨСҮТ)-ийн Сүрьеэгийн лавлах лаборатори (СЛЛ)-д ялгасан 90 өсгөвөрт шинэ эмэнд тэсвэржилт тодорхойлсон. Эдгээр ялгасан өсгөвөр дундаас шинэ эмэнд тэсвэржилт илэрсэн тохиолдлыг хамгийн багадаа хоёр удаа шинжилгээг давтаж баталгаажуулсан. Эмэнд мэдрэг чанар тодорхойлох шинжилгээг MGIT 960/TB eXiST (BD, Franklin Lakes, NJ, USA) ашиглан хийсэн. BDQ, DLM, LZD болон MFX-ийн концентраци нь 1.0, 0.06, 1.0 ба 0.25 мкг/мл (ДЭМБ-ын 2018 оны стандартын дагуу) байв. Дээрх стандартад үндэслэн СЛЛ-д ажлын уусмалыг бэлтгэсэн. *M.tuberculosis*-ын H37Rv стандарт омгийг дотоод чанарын хяналт болгон ашигласан.

**Үр дүн:** Нийт тохиолдлын 60% (54/90) нь оношилгооны шинэ тохиолдол, 16.7% (15/90) нь урьд сүрьеэгийн эмчилгээ хийлгэж байсан тохиолдол, 23.3% (21/90) нь ЭТС-ийн эмчилгээний хяналтын тохиолдол байсан. Нийт ялгасан

өсгөврийн 98.9% (89/90) нь Риф/ОЭТС байсан. Эмэнд тэсвэржилтээр авч үзвэл РТС 56.7% (51/90), ОЭТС 42.2% (38/90) байна. Шинэ эмэнд тэсвэржилтийн үр дүнгээр 86.7% (78/90) нь бүх эмүүдэд мэдрэг, 13.3% (12/90) нь эмэнд тэсвэртэй үр дүн гарсан. Эмэнд тэсвэртэй тохиолдлын 8.9% (8/12) MFX дангаараа тэсвэртэй бол 4.4% (4/12) нь MFX болон DLM тэсвэртэй үр дүн гарсан. Эдгээр MFX тэсвэртэй 12 тохиолдлын тухайн сорьцонд MTBDRs/ шинжилгээ хийгдсэн ба 100% фторхинолины бүлэгт тэсвэртэй дүгнэгдсэн. Тэсвэртэй 12 тохиолдлын 7 (58.3%) нь оношилгооны сорьцонд тодорхойлогдсон байна. Харин 5 (41.7%) тохиолдолд эмчилгээ хяналтын сорьцонд тэсвэржилт тодорхойлогдсон.

**Дүгнэлт:** ЭТС-ийн эмчилгээнд хэрэглэж буй шинэ эмүүдийн тэсвэржилтийг фенотипын аргаар тэр дундаа хамгийн бага дарангуйлах концентраци аргаар тодорхойлох тасралтгүй хэрэгцээ байна. Бидний хувьд эдгээр шинэ эмүүдийн тэсвэржилтийг нэмэлтээр генотипын шинжилгээнд хамруулаагүй нь хязгаарлагдмал тал байлаа.

**Түлхүүр үгс:** Сүрьеэгийн микобактер, эмэнд тэсвэртэй сүрьеэ, сүрьеэгийн эсрэг шинэ эм

## **CAPSULE CURRICULUM VITAE**

**NAME:** ERDENEGEREL NARMANDAKH

**CURRENT AFFILIATION AND APPOINTMENT:**

- ✓ National Tuberculosis Reference Laboratory,
- ✓ National Center for Communicable Diseases,  
Mongolia
- ✓ Laboratory doctor

**E-mail:** [eejiinar@gmail.com](mailto:eejiinar@gmail.com)



**DEGREE:** Master of Science in Medical Science

**EMPLOYMENT:**

FROM:2009 TO: until now

EMPLOYER: National Center for Communicable Diseases

POSITION HELD: Laboratory doctor

**INTERESTED RESEARCH ARE:**

Tuberculosis, mycobacteriology, molecular biology

## **PRELIMINARY RESULTS OF A COMPARATIVE STUDY OF PERFORMANCE ON QIAREACH QUANTIFERON-TB AND QUANTIFERON-TB GOLD PLUS TEST FOR DIAGNOSIS OF TUBERCULOSIS INFECTION IN MONGOLIA**

Erdenegerel Narmandakh<sup>1</sup>, Enkhtsetseg Tumor<sup>1</sup>, Oyuntuya Tumenbayar<sup>1</sup>, Gundsuren Sharkhuu<sup>1</sup>, Baasansuren Erkhembayar<sup>1</sup>, Solongo Bat<sup>2</sup>, Adiya Damdindorj<sup>3</sup>, Naranzul Dambaa<sup>1</sup>, Bilegtsaikhan Tsolmon<sup>4</sup>, Sarantuya Jav<sup>4</sup>, Buyankhishig Burneebaatar<sup>1</sup>, Satoshi Mitarai<sup>5</sup>

<sup>1</sup>National Center for Communicable Diseases, Mongolia

<sup>2</sup>National Center for Transfusion Medicine of Mongolia

<sup>3</sup>Bayanzurkh District Health Center, Mongolia

<sup>4</sup>Mongolian National University of Medical Science

<sup>5</sup>Research Institute of Tuberculosis, Japan Anti-Tuberculosis Association, Japan

E-mail: [eejiinar@gmail.com](mailto:eejiinar@gmail.com)

**Background.** About a quarter of the global population is estimated to have been infected with tuberculosis (TB) bacteria. There is a 5–10% lifetime risk of developing tuberculosis in those who are infected with TB bacteria. Therefore, controlling tuberculosis infection is essential to the global End TB Strategy. Currently, the two test families used to diagnose tuberculosis infection are interferon- $\gamma$  release assays (IGRA) and tuberculin skin tests (TST). IGRA tests have advantages over TST, but ELISA based QuantiFERON-TB Gold Plus assay (QFT-Plus) requires highly qualified laboratory personnel and sophisticated laboratories to run ELISA. One of the new IGRA tests, QIAreach QuantiFERON-TB assay (QIAreach), requires only one ml of blood from the patient and is portable and simple to use. Our study aimed to evaluate the diagnostic performance and accuracy of the novel QIAreach assay to the ELISA-based conventional QFT-Plus assay.

**Methods.** In a cross-sectional study, whole blood samples were collected from three groups: bacteriologically confirmed active TB patients, TB contacts, and healthy volunteers (blood donors) at the TB clinic of the National Center for Communicable Diseases, 6 TB dispensaries at the District Health Center of Ulaanbaatar city and National Center for Transfusion Medicine using a lithium heparin tube. Blood samples were transported to the National Tuberculosis Reference Laboratory of NCCD for QIArearch and QFT-Plus processing, testing, and interpretation in accordance with the manufacturer's instructions. The sensitivity, specificity, and agreement of the QIArearch assay were determined using QFT-Plus as the reference standard.

**Results.** We recruited 416 participants which are 196 healthy volunteers, 162 TB contacts, and 58 pulmonary TB patients. Of these, 54.5% (227/416) were females with a median age of 28 years (interquartile range: 21, 49). Of this, 154 participants had paired results, of whom 86 donors, 50 TB contacts, and 18 TB patients. In the remaining 262 cases, QIArearch or ELISA-based QFT was performed alone. Among participants with paired results, 57.8% (89/154) were positive and 26.0% (40/154) negative on both assays, while 16.2% (25/154) had discordant results. Sensitivity of QIArearch was 97.6% (95% CI: 87.4%–99.9%), 100% (95% CI: 89.4%–100%) and 100% (95% CI: 78.2%–100%) and specificity was 65.6% (95% CI: 52.3%–77.3%), 81.3% (95% CI: 54.4%–96.0%) and 100% (95% CI: 29.2%–100%) in the healthy volunteers, TB contacts and pulmonary TB patients, respectively. Also, the Kappa coefficient was 0.49, 0.86, and 1.0, respectively.

**Conclusion.** The sensitivity of the QIArearch was 100% in TB patients but the specificity was 65.6% in the healthy group. In addition, QIArearch revealed excellent agreement in both TB contacts and TB patients, but modest agreement in the healthy group. The results could have been impacted by the comparison analysis's limited sample size and the lack of a gold standard for tuberculosis infection. As well as more evidence for this novel IGRA assay for TB infection remains needed in low-resource, TB high-burden settings.

**Keywords:** QIArearch QuantiFERON-TB, QuantiFERON-TB Gold Plus, tuberculosis infection



**СҮРЬЕЭГИЙН ХАЛДВАРЫГ ОНОШЛОХ QIAREACH QUANTIFERON-TB  
БОЛОН QUANTIFERON-TB GOLD PLUS ШИНЖИЛГЭЭНИЙ ГҮЙЦЭТГЭЛИЙГ  
ХАРЬЦУУЛСАН УРЬДЧИЛСАН ҮНЭЛГЭЭНИЙ ДҮН, МОНГОЛ УЛС**

Н.Эрдэнэгэрэл<sup>1</sup>, Т.Энхцэцэг<sup>1</sup>, Т.Оюунтуяа<sup>1</sup>, Ш.Гүндсүрэн<sup>1</sup>, Э.Баасансүрэн<sup>1</sup>,  
Б.Солонго<sup>2</sup>, Д.Адъяа<sup>3</sup>, Д.Наранзул<sup>1</sup>, Ц.Билэгтсайхан<sup>4</sup>, Ж.Сарантуяа<sup>4</sup>,  
Б.Буянхишиг<sup>1</sup>, С.Митарай<sup>5</sup>

<sup>1</sup>Халдварт Өвчин Судлалын Үндэсний төв

<sup>2</sup>Цус Сэлбэлт Судлалын Үндэсний Төв

<sup>3</sup>Баянзүрх дүүргийн Эрүүл Мэндийн Төв

<sup>4</sup>Анагаахын Шинжлэх Ухааны Үндэсний Их Сургууль

<sup>5</sup>Япон улсын Сүрьеэтэй Тэмцэх Нийгэмлэг, Сүрьеэгийн Эрдэм Шинжилгээний  
Хүрээлэн

E-mail: [eegiinar@gmail.com](mailto:eegiinar@gmail.com)

**Үндэслэл:** Дэлхийн хүн амын дөрөвний нэг орчим нь сүрьеэгийн нянгаар халдварласан гэсэн тооцоо байна. Тэдний 5-15% нь амьдралынхаа аль нэг үе шатанд идэвхтэй хэлбэрийн сүрьеэд шилждэг байна. Иймээс сүрьеэгийн халдварыг хянах нь дэлхийн Сүрьеэтэй Тэмцэх Стратегийн асуудалд чухал ач холбогдолтой юм. Одоогийн байдлаар сүрьеэгийн халдварыг оношлоход туберкулины арьсны сорил (TST), интерферон-γ ялгаруулах шинжилгээ (IGRA)-г өргөн ашиглаж байна. IGRA шинжилгээ нь TST-ээс давуу талтай боловч ELISA-д суурилсан QuantiFERON-TB Gold Plus шинжилгээ (QFT-Plus)-г гүйцэтгэхийн тулд мэргэшсэн лабораторийн мэргэжилтэн, өндөр түвшний лабораторийн нөхцөл шаарддаг. IGRA-ийн шинэ шинжилгээний аргын нэг болох QIArearch QuantiFERON-TB нь өвчтөнөөс ердөө нэг мл цус шаарддаг бөгөөд зөөврийн, хэрэглэхэд хялбар арга юм. Бидний судалгаа нь шинээр нэвтэрч буй QIArearch шинжилгээг ELISA-д суурилсан уламжлалт QFT-Plus шинжилгээтэй харьцуулан оношилгооны гүйцэтгэл, тохироог үнэлэх зорилготой юм.



**Арга аргачлал:** Энэхүү судалгааг агшингийн загвараар хийж гүйцэтгэсэн. Уг судалгаанд нян судлалаар батлагдсан сүрьеэтэй өвчтөн, сүрьеэгийн хавьтал болон эрүүл бүлгийн сайн дурын ажилтан (цусны донор) гэсэн 3 бүлэг оролцогчдыг Халдварт Өвчин Судлалын Үндэсний Төвийн сүрьеэгийн клиник, 6 Дүүргийн Эрүүл Мэндийн Төвийн сүрьеэгийн диспансер, Цус Сэлбэлт Судлалын Үндэсний Төвийг түшиглэн хамруулсан. Судалгаанд оролцогчдоос бүхэл цусыг лити- гепаринтай хуруу шил ашиглан цуглуулж, цусны сорьцыг ХӨСҮТ-ийн Сүрьеэгийн Үндэсний Лавлах Лабораторид тээвэрлэн, үйлдвэрлэгчийн зааврын дагуу QIAreacH болон QFT-Plus-ийн шинжилгээг гүйцэтгэсэн. QIAreacH шинжилгээний мэдрэг, өвөрмөц чанар, нарийвчлалын тохироог QFT-Plus аргыг жишиг стандарт болгон тодорхойлсон.

**Үр дүн:** Бид 196 эрүүл сайн дурын ажилтан, 162 сүрьеэгийн хавьтал, 58 уушгины сүрьеэтэй өвчтөн гэсэн 416 оролцогч хамруулсан. Тэдний 54.5% (227/416) нь эмэгтэйчүүд, дундаж нас 28 (квартал хоорондын хүрээ:21, 49) байв. Үүнээс 154 оролцогч шинжилгээний аргыг харьцуулах боломжтой байсан ба 86 донор, 50 сүрьеэгийн хавьтал, 18 сүрьеэтэй өвчтөн байна. Үлдсэн 262 тохиолдолд QIAreacH эсвэл ELISA-д суурилсан QFT-г дангаар нь хийсэн. Хосолсон үр дүнтэй оролцогчдын 57.8% (89/154) нь эерэг, 26.0% (40/154) сөрөг үр дүнтэй байсан бол 16.2% (25/154) нь зөрүүтэй үр дүнтэй байсан. QIAreacH-ийн мэдрэг чанар 97.6% (95% CI: 87.4%–99.9%), 100% (95% CI: 89.4%–100%) ба 100% (95% CI: 78.2%–100%), өвөрмөц чанар 65.6% (95% CI: 52.3%–77.3%), 81.3% (95% CI: 54.4%–96.0%), 100% (95% CI: 29.2%–100%), эрүүл сайн дурынхан, сүрьеэтэй хавьтал, уушгины сүрьеэтэй өвчтөнд тус тус үзүүлэлтэй байлаа. Мөн Каппа коэффициент 0.49, 0.86 ба 1.0 тус тус байв.  $P < 0.001$  статистик ач холбогдол бүхий үр дүн гарсан.

**Дүгнэлт:** QIAreacH аргын мэдрэг чанар нь сүрьеэтэй өвчтөний бүлэгт 100% байсан боловч эрүүл бүлэгт өвөрмөц чанар нь 65.6% байв. Мөн QIAreacH нь сүрьеэгийн болон сүрьеэтэй өвчтөний бүлэгт шинжилгээний тохирооны түвшин өндөр байсан боловч эрүүл бүлэгт дунд тохироотой байна. Харьцуулах шинжилгээний түүврийн хэмжээ хязгаарлагдмал, сүрьеэгийн халдварын алтан стандарт байхгүй зэрэг нь үр дүнд нөлөөлсөн байж болох юм. Сүрьеэгийн тархалт, өвчлөл ихтэй, хөгжиж байгаа оронд сүрьеэгийн

халдварын талаарх энэхүү шинэ IGRA шинжилгээний нэмэлт нотолгоо шаардлагатай хэвээр байна.

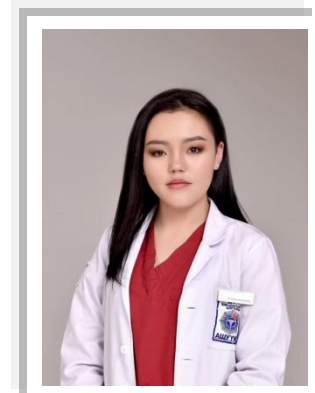
**Түлхүүр үг:** QIAreach QuantiFERON-TB, QuantiFERON-TB Gold Plus, сүрьеэгийн халдвар

## **CAPSULE CURRICULUM VITAE**

**NAME:** TSERENNADMID NYAMSAIKHAN

**CURRENT AFFILIATION AND APPOINTMENT:**

**E-mail:** tsekunyam@gmail.com



**DEGREE**

- ✓ Biomedical engineer Bachelor's Degree,  
Mongolian National Medical University
- ✓ Medical cytologist,  
Mongolian National University of Medical Sciences

**EMPLOYMENT:**

**FROM:** 2020 **TO:** until now

**EMPLOYER:** TB Surveillance and Research Department, National Center for Communicable Diseases

**POSITION HELD:** Biomedical Researcher in the Tuberculosis Reference Laboratory

**INTERESTED RESEARCH ARE:**

**A LAMP PILOT STUDY INVOLVING ISOLATED STRAINS OF THE  
*MYCOBACTERIUM TUBERCULOSIS*  
COMPLEX, INCLUDING *MYCOBACTERIUM BOVIS***

Tserennadmid Nyamsaikhan<sup>1</sup>, Ochirdari Battsengel<sup>1</sup>, Enkhbolor Davaakhuu<sup>1</sup>,  
Tsetsegtuya Borolzoi<sup>1</sup>, Oyunchimeg Erdene<sup>1</sup>, Baigalmaa Jantsansengee<sup>1</sup>,  
Buyankhishig Burneebaatar<sup>1</sup>, Bayarbold Dangaa<sup>2</sup>,  
Mitsuru Nakase<sup>3</sup> and Takashi Kimura<sup>3</sup>

<sup>1</sup>National center for communicable diseases

<sup>2</sup>Health Department, Ministry of Health

<sup>3</sup>Laboratory of Comparative Pathology, Faculty of Veterinary Medicine, Hokkaido  
University

E-mail: [tsekunyam@gmail.com](mailto:tsekunyam@gmail.com)

**Background:** *Mycobacterium tuberculosis* is the primary cause of human tuberculosis (TB) although there is evidence that humans may underestimate the burden of tuberculosis caused by *M. bovis*, and it is estimated that about one-third of all TB cases are caused by *M. bovis*. In low-income and high prevalence of TB countries *M. bovis* surveillance systems and laboratory methods are commonly used to diagnose human TB. They cannot differentiate *M. bovis*, and it has been hypothesized that all cases are attributed to *M. tuberculosis*. The purpose of the study is to use Loop-mediated isothermal amplification (LAMP) to isolate *M. bovis* and *M. tuberculosis* from clinical samples of TB patients and determine which strains are the cause of human tuberculosis.

**Material and method:** The LAMP test was performed in 49 specimens from new diagnostic cases including 16 in clinical samples and 33 isolations in solid LJ culture with pyruvate in NTRL, NCCD In this study, we used the LAMP test kits for *M. tuberculosis* and for *M. bovis*, which were made at Hokkaido University International Institute for Zoonosis Control, for the analysis of clinical samples. LAMP assay used by the Genoese kit (Hain Lifescience, Nehren, Germany) for

DNA extraction and Genotype MTBC by standard method for identification of *M. tuberculosis* and *M. bovis* of the *Mycobacterium tuberculosis* complex.

**Result:** This study covered cases which are 34.6% (n=17) females and 65.4% (n=32) men. The average age was 41.8 ( $\pm 15.2$ ). Type of samples: 89.8% (n=44) Pulmonary, 10.2% (n=5) non-pulmonary. Geographic location is 59.2% (n=29) in urban and 40.8% (n=20) in rural. All strains were *M. tuberculosis*. Among 49 clinical samples, 33 were successfully cultured on solid media (20 LJ with glycerol and MGIT but 13 LJ with pyruvate), and they were all positive for *M. tuberculosis* by *M. tuberculosis* kit of LAMP. The remaining 16 cases were investigated without culturing on a solid medium. Six of the 16 were positive and 10 were negative for Xpert MTB/RIF. Among 6 Xpert MTB/RIF-positive samples, 2 samples were positive for *M. tuberculosis* LAMP. All 49 cases were negative for *M. bovis* LAMP.

**Conclusion:** In this study, *M. bovis* was undetected. However, this study suggests that *M. tuberculosis* was dominated in isolated strains in Mongolia.

In the future, it is necessary to expand the number of samples to be included in the LAMP analysis to study its sensitivity and specificity.

**Keywords:** *M. tuberculosis*, *M. bovis*, LAMP

## ЯЛГАСАН ОМОГТ LAMP АРГААР ХИЙСЭН ТУРШИЛТЫН

### СУДАЛГААНЫ ҮР ДҮН

Н. Цэрэннадмид<sup>1</sup>, Б. Очирдарь<sup>1</sup>, Б. Цэцэгтуяа<sup>1</sup>, Д. Энхболор<sup>1</sup>, Э. Оюунчимэг<sup>1</sup>,  
Ж. Байгалмаа<sup>1</sup>, Б. Буянхишиг<sup>1</sup>, Д. Баярболд<sup>2</sup>, Mitsuru Nakase<sup>3</sup>, Takashi Kimura<sup>3</sup>

<sup>1</sup>Халдварт Өвчин Судлалын Үндэсний Төв

<sup>2</sup>Эрүүл Мэндийн Яамны Нийтийн эрүүл мэндийн газар

<sup>3</sup> Хоккайдогийн их сургуулийн мал эмнэлгийн факультет

E-mail: [Tsekunyam@gmail.com](mailto:Tsekunyam@gmail.com)

**Үндэслэл:** Хүний сүрьеэгийн үндсэн шалтгаан нь *M. tuberculosis* болж байгаа хэдий ч *M. bovis*-оор үүсгэгдсэн сүрьеэгийн дарамтыг хүн төрөлхтөн дутуу үнэлж байж болох нотолгоо байгаа ба сүрьеэгийн тохиолдлыг гурав хуваасны нэг орчим хувь нь *M. bovis*-оор үүсгэгдсэн гэх тооцоолол байдаг. Сүрьеэгийн тархалт өндөртэй, бага орлоготой улс орнуудад *M. bovis*-ийн тандалтын тогтолцоогүй, хүний сүрьеэг оношлоход түгээмэл хэрэглэгддэг лабораторийн аргууд нь *M. bovis*-ийг ялгах чадваргүйгээс бүх тохиолдлыг *M. tuberculosis*-ээр үүсгэгдсэн гэж үздэг гэсэн таамаглалууд байна. Loop-mediated isothermal amplification (LAMP) шинжилгээний арга ашиглан сүрьеэтэй өвчтөний эмнэлзүйн сорьцоос ялган *Mycobacterium bovis* ба *Mycobacterium tuberculosis*-ыг ялган дүйж, хүний сүрьеэ ямар зүйлээр үүсгэгдэж байгааг тодорхойлохыг зорьсон.

**Материал арга зүй:** ХӨСҮТ-ийн Сүрьеэгийн лавлах лаборатортийг түшиглэн 2023 оны оноошилгооны шинэ тохиолдлын 49 сорьцонд (эмнэлзүйн 16 сорьц, глицерол болон пируват агуулсан Левенштэйн-Иенсэний хатуу тэжээл орчин, шингэн тэжээлт орчинд ургасан 33 омогт) LAMP шинжилгээгээ хийсэн. Ялган дүйлт хийхдээ genolyse цомог ашиглан ДНХ ялгаж, стандар арга болох Genotype MTBC (Hain Lifescience, Nehren, Germany) оношлуураар ялган дүйлт хийсэн. Мөн эмнэлзүйн сорьцонд LAMP шинжилгээний *M. tuberculosis*

болон *M. bovis* илрүүлэх цомог (Хоккайдогийн их сургуулийн мал эмнэлгийн факультетийн лабораторт үйлдвэрлэсэн)-ийг судалгаанд ашигласан.

**Үр дүн:** Судалгаанд хамрагдсан тохиолдлын хүн амзүйн үзүүлэлтийг эргэн судлахад 34.6% (17) нь эмэгтэй, 65.4% (32) өвчтөний дундаж нас 41.8 ( $\pm 15.3$ ) байна. Эмнэлзүйн сорьцын төрөл: 89.8% (n=44) уушгины, 10.2% (n=5) уушгины бус эрхтэний байна. Газарзүйн байршлын хувьд 59.2% (n=29) нь УБ хотын, 40.8% (n=20) нь аймаг орон нутгийн хүн ам байсан. LAMP-ын аргаар MTB болон *M. bovis* цомог ашиглан шинжилсэн оношилогооны 49 тохиолдлын 33 нь ялгасан омог, 16 нь эмнэлзүйн сорьц байсан. Хатуу, шингэн тэжээлт орчинд ургасан 33 өсгөвөрт 100% *M. tuberculosis* илэрч, эдгээрийн 13 нь зөвхөн пируват агуулсан тэжээлт орчинд ургасан өсгөвөр байв. Харин Xpert MTB/RIF шинжилгээ эерэг илэрсэн 33.3% (2/6)-д, Xpert MTB/RIF шинжилгээр илрээгүй 0% (0/10)-тай *M. tuberculosis* илэрсэн байна.

**Дүгнэлт:** Бидний судалгаагаар Монголд ялгасан омгийн дотор *M. bovis* илрээгүй ба *M. tuberculosis* давамгайлж байна. Цаашид LAMP шинжилгээнд хамруулах сорьцын тоог өргөжүүлэн мэдрэг өвөрмөц чанарыг судлах хэрэгтэй байна.

**Түлхүүр үг:** *M. tuberculosis*, *M. bovis*, LAMP, Genotype MTBC

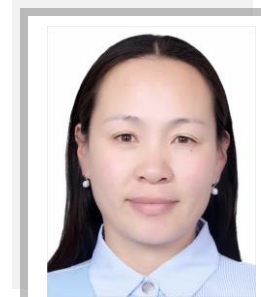
## CAPSULE CURRICULUM VITAE

**NAME:** Enkhtuul Batchuluun

**CURRENT AFFILIATION AND APPOINTMENT:**

Institute of Veterinary Medicine

**E-mail:** aguallena@gmail.com



**DEGREE**

✓ Master

**EMPLOYMENT:**

FROM: 2009 TO: 2024

EMPLOYER: Researcher

POSITION HELD: Laboratory of Infectious disease and immunology

**INTERESTED RESEARCH ARE:**

Equine Glanders and bacterial-borne diseases



## **SERO-EPI-MEDIOLOGICAL SITUATION OF THE EQUINE GLANDERS IN MONGOLIA**

Batchuluun EHKTUUL<sup>1</sup>, Ochirbat KHURTSBAATAR<sup>1</sup>, Baasansuren LKHAM<sup>1</sup>,  
Tumurtogdikh AGIIMAA<sup>1</sup>, Burenbaatar BUYANBADRAKH<sup>1</sup>,  
Jugderkhorloo UNENBAT<sup>1</sup>, Amgalan-Enkh BINDERYA<sup>1</sup>,  
LIUSHIQI Borjigin<sup>2</sup>, Yasuhiko SUZUKI<sup>3</sup>, Takashi KIMURA<sup>4</sup> and Vanaabaatar  
BATBAATAR<sup>1</sup>.

<sup>1</sup>Infectious Diseases and Immunology, Institute of Veterinary Medicine,  
Mongolian University of Life Science, Mongolia

<sup>2</sup>Faculty of Veterinary Medicine, Okayama University of Science, Japan

<sup>3</sup>International Institute for Zoonosis Control and Faculty of Veterinary Medicine,  
Hokkaido University, Japan

<sup>4</sup>Laboratory of Comparative Pathology, Department of Clinical Sciences,  
Faculty of Veterinary Medicine, Hokkaido University, Japan

E-mail to [vanaabaatar.b@gmail.com](mailto:vanaabaatar.b@gmail.com)

Glanders is a zoonotic disease caused by the gram-negative bacterium *Burkholderia mallei*, which mainly affects horses and solid-hoofed but also affects some carnivores, and is transmitted from infected animals to humans. The disease was eradicated in the developed countries of Western Europe in the 20th century, but it has recently resurged. In Mongolia, the first surveillance conducted in 1943 and 1944 showed an infection rate of 32-36.5 percent, which then decreased to 0.05 percent in 1985 due to measures taken to control the disease. In 2011, it increased to 0.19 percent, and by 2015, it had reached 0.98 percent. From 2021 to 2023, using Random multi-stage cluster sampling (WHO 2015), we collected 2,220 blood serum samples from 256 herders in 43 sums of 12 provinces representing western, central, and eastern regions of Mongolia, and 600 samples from 47 herders in Khan-Uul, Baganuur, and Nalaikh districts of the capital, totally 2,820 horses.

The collected sera were reacted with the CFT Antigen of diagnosis for GLANDERS (Biocombinat, Ulaanbaatar, Mongolia) according to the manufacturer's instructions. The CFT of serum samples taken from 2,820 horses revealed an infection rate of 1.1% across the 12 provinces and 3 districts mentioned above. It attracts attention that 3/4 of the provinces, 2/3 of the Soums, and 8.2% of the herders have been diagnosed with equine glanders, indicating a re-emerging disease in Mongolia.

**Keywords:** *B. mallei*, CFT, Sero- surveillance

## **МОНГОЛ УЛС ДАХ АДУУНЫ ЯМ ӨВЧНИЙ ХАЛДВАРЛАЛТЫН ТҮВШИНГ ИЙЛДЭС СУДЛАЛЫН АРГААР ТАНДСАН НЬ**

Батчулууны ЭНХТУУЛ<sup>1</sup>, Очирбатын ХУРЦБААТАР<sup>1</sup>, Баасансүрэнгийн ЛХАМ<sup>1</sup>,  
Төмөртогтохын АГИЙМАА, Бүрэнбаатарын БУЯНБАДРАХ<sup>1</sup>,  
Жүгдэрхолоогийн ҮНЭНБАТ<sup>1</sup>, Амгалан-Энхийн БИНДЭРЬЯА,  
LIUSHIQI Borjigin<sup>2</sup>, Yasuhiko SUZUKI<sup>3</sup>, Takashi KIMURA<sup>4</sup>,  
Ванаабаатарын БАТБААТАР<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Infectious Diseases and Immunology, Institute of Veterinary Medicine,  
Mongolian University of Life Science, Mongolia

<sup>2</sup>Faculty of Veterinary Medicine, Okayama University of Science, Japan

<sup>3</sup>International Institute for Zoonosis Control and Faculty of Veterinary Medicine,  
Hokkaido University, Japan

<sup>4</sup>Laboratory of Comparative Pathology, Department of Clinical Sciences,  
Faculty of Veterinary Medicine, Hokkaido University, Japan

E-mail: [vanaabaatar.b@gmail.com](mailto:vanaabaatar.b@gmail.com)

Ям нь грам сөрөг *Burkholderia mallei* нянгаар үүсгэгддэг ихэвчлэн адуу болон битүү туурайтан амьтад өвчлөхөөс гадна зарим махчин амьтад өвчилдөг, өвчтэй мал амьтнаас хүнд халдварладаг зооноз өвчин юм. Уг өвчнийг 20-р зуунд баруун европын өндөр хөгжилтэй оронуудад устгасан боловч сүүлийн үед дахин сэргэж байгаа өвчний тоонд орж байгаа юм. Монгол оронд анх 1943, 1944 онуудад хийсэн тандалтаар 32-36.5 хувийн халдварлалттай байсан бөгөөд улмаар өвчинтэй тэмцэх арга хэмжээ авснаар 1985 онд 0.05 хувь хүртэл буурсан. 2011 онд хийсэн тандах шинжилгээгээр 0.19 хувь болж өссөн ба 2015 онд хийсэн тандалтаар 0.98 хувийн халдварлалттай байв. Бид 2021- 2023 онуудад зорилтот санамсаргүй түүврийн арга ашиглан Монгол орны баруун, төв, зүүн бүсийг төлөөлсөн нийт 12 аймгийн 43 сумын 256 малчин өрхийн 2220, нийслэлийн Хан- Уул, Багануур, Налайх дүүргийн 47 өрхийн 600, нийт 2820 адууны адуунаас цусны ийлдсийн сорьц цуглуулсан.

Цуглуулсан ийлдсэнд Биокомбинат ТӨХХК-д үйлдвэрлэсэн Ямыг оношлох ХХУ-ын эсрэгтөрөгч ашиглан үйлдвэрлэгчийн зааврын дагуу урвал тавьж шинжилгээг гүйцэтгэв. Шинжилгээнд хамрагдсан нийт 2820 адууны 31 нь эерэг гарч 1.1%-ийн халдварлалттай байв. Энэхүү тандалтад хамрагдсан аймгуудын  $\frac{3}{4}$ -д, сумдын  $\frac{2}{3}$ , өрхийн 8%-д тус тус адууны ям оношлогдож байгаа нь анхаарал татаж, өвчин дахин сэргэж байгааг баталж байна.

**Түлхүүр үг:** *B. mallei*, ХХУ, ийлдэс судлалын тандалт

## **CAPSULE CURRICULUM VITAE**

**NAME:** B.Davaakhuu

**CURRENT AFFILIATION AND APPOINTMENT:**

Head of Airborne Infections Department, NCCD

**E-mail:** Ddavaa9970@gmail.com

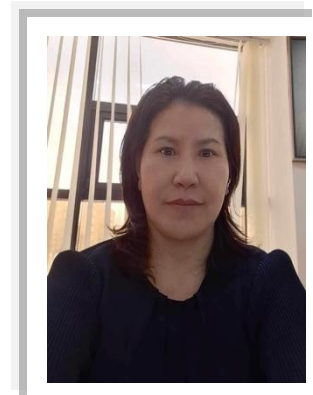
**DEGREE:** MD, Clinical professor

**EMPLOYMENT:**

FROM: 2005 TO: Until now

EMPLOYER: NCCD

POSITION HELD: Head of Airborne Infections Department



**INTERESTED RESEARCH ARE:**

Chickenpox, Glander

## CLINICAL CASE OF GLANDER DISEASE IN MONGOLIA

B. Davaakhuu<sup>1</sup>, L. Orlomjav<sup>2</sup>, L. Purevsod<sup>1</sup>, B. Batsukh<sup>1</sup>, U. Unursaikhan<sup>2</sup>, Ts. Chinbayar<sup>1</sup>, B. Buyankhishig<sup>1</sup>, Ts. Bilegtsaikhan<sup>1</sup>, D. Bayarbold<sup>3</sup>

<sup>1</sup>National Center for Communicable Diseases,

<sup>2</sup>National Center for Zoonotic Disease

**Introduction:** Human Glanders are rare in the world, and one of the cases of human Glanders was diagnosed and treated in Mongolia in 2022. Delayed diagnosis and treatment of this disease have a high mortality rate (90-95 percent), and it is important to carefully study each clinical case and develop treatment and control guidelines.

**A clinical case:** The patient is 45 years old, male. Fever (39.7 degrees), severe headache, cough, runny nose, pain in the right leg. First, on 3.6.2022, he had a very severe headache and a lot of liquid nasal discharge, and at that time, he was called 103 and was injected with diclo-denc. As a result, he was shown to the Medical Center, Gyals Center, UHTE, and Military Central Hospital, and the diagnosis was not clear. In addition to the symptoms mentioned above when lying down, there was a 4x3 mass in the right leg's tibia section, heat to the touch in the front of the left thigh, without redness, and infiltration was palpable. In terms of epidemiology History, from 10.01.2020 to 01.20.2022, he worked at the National Institute of Veterinary Medicine in the laboratory on the study of samples of horse Glanders.

**Diagnosis:** Leukocytosis in CBC, ALT, and AST enzymes is 2–2.5 times higher in Biochemical tests. A chest X-ray revealed a homogenous infiltrative shadow in the lower area of the left lung with a poorly defined edge. A CT scan revealed a large mass and other small infiltrates in the right gluteal muscle and the left femur. An agglutination test revealed the pathogen in the blood. The specific gene of the causative agent of glanders was identified by PCR analysis in sputum. In the treatment, corticosteroids, liver protection, cardiovascular support, detoxification, rehydration, wound cleaning, and other anti-symptomatic treatments were used.

Cephalosporin group 3 antibiotics against the pathogen were combined with doxycycline and quinolones group drugs, but the fever continued and the infiltrates increased. , When cephalosporin group 4 antibiotics were treated together with quinolone group drugs, the temperature decreased from March 17-18, and the infiltration of the right leg decreased. As a result, the patient's condition improved during the treatment. On March 31, the right leg swelling was absorbed, and the left leg became painless, and other symptoms disappeared. On April 4, the patient's condition improved and he was discharged from the hospital.

**Conclusion:** This case of Glanders presented as a mixture of clinical skin and pulmonary manifestations. In addition, respiratory, cardiovascular, and liver complications occurred. However, due to the non-specificity of the symptoms, it is important to study more about this disease in order to prevent the death of gas without delaying the appropriate treatment.

## МОНГОЛД ТОХИОЛДСОН ЯМ ӨВЧНИЙ ЭМНЭЛЗҮЙН ТОХИОЛДЛЫН ТУХАЙ

Б. Даваахүү<sup>1</sup>, Л. Орломжав<sup>2</sup>, Л. Пүрэвсод<sup>1</sup>, Б. Батсүх<sup>1</sup>, У. Өнөрсайхан<sup>2</sup>, Ц.  
Чинбаяр<sup>1</sup>, Б. Буянхишиг<sup>1</sup>, Ц. Билэгтсайхан<sup>1</sup>, Д. Баярболд<sup>3</sup>

<sup>1</sup>Халдварт Өвчин Судлалын Үндэсний Төв,

<sup>2</sup>Зоонозын Өвчин Судлалын Үндэсний Төв

<sup>3</sup>Эрүүл Мэндийн Яамны Нийтийн Эрүүл Мэндийн Газар

**Үндэслэл:** Дэлхий дахинд хүний ям өвчин нь ховор тохиолддог бөгөөд 2022 онд Монгол улсад хүний ям өвчний тохиолдол оношлогдож эмчлэгдсэн. Ям өвчний үед оношлогоо, эмчилгээ хоцорч нас барах явдал (90-95 хувь) өндөр байдаг бөгөөд эмнэлзүйн тохиолдол бүрийг нарийн судлаж эмчилгээний болон хяналтын удирдамж боловсруулах нь чухал байна.

**Эмнэлзүйн тохиолдол:** Өвчтөн 45 настай, эрэгтэй. Халуурна (39.7 хэм) толгой хүчтэй өвдөнө, ханиана, хамраас шингэн нус гарна, баруун хөл өвдөнө.

Анх 2022.3.6-нд толгой маш хүчтэй өвдөж, шингэн нус их гарч эхэлсэн бөгөөд тухайн үед 103 дуудан дикло-денк тариулсан. Улмаар цаашид МЯСЭ, Гялс төв, УХТЭ, Цэргийн төв эмнэлэг зэрэгт үзүүлэн онош тодрохгүй явсаар 2022.03.15-ны өдрөөс ХӨСҮТ-д хэвтэн эмчлүүлж эхэлсэн. Хэвтэх үед дээр дурьдсан шинжүүдээс гадна баруун хөлний шилбэ хэсэгт 4\*3 хэмжээтэй, зүүн гуяны урд хэсэгт хүрэхэд халуун, улаалтгүй, нэвчдэс тэмтрэгдсэн. Эпид анамнезийн хувьд 2022.01.10-01.20 хүртэл Мал эмнэлгийн хүрээлэнгийн лабораторид Адууны ям өвчний дээж судалгаан дээр ажилласан.

**Оношилгоонд:** ЦЕШ-нд Лейкоцитоз, Биохимид АЛАТ, АСАТ фермент 2–2.5 дахин их. Цээжний рентген зурагт зүүн уушгины доод талбайд тодрол багатай зах ирмэг нь тод бус нэгэн төрлийн нэвчдэс сүүдэр илэрсэн. КТ шинжилгээнд баруун өгзөгний булчингийн харалдаа болон зүүн талын гуяны өмнөд хэсэгт томоохон хэмжээний мөн бусад жижиг хэмжээний нэвчдэс илэрсэн. Наалдуулах урвалын шинжилгээгээр цусанд ямын үүсгэгч эсрэг үүссэн



эсрэгбем илэрсэн. Цэрэнд PCR шинжилгээгээр ямын өвчин үүсгэгчийн өвөрмөц ген тодорхойлогдсон. Эмчилгээнд кортикостеройд, элэг хамгаалах, зүрх судас дэмжих, хордлого тайлах, шингэн сэлбэх, шархыг цэвэрлэх болон бусад шинж тэмдгийн эсрэг эмчилгээнүүдийг хэрэглэж эхэлсэн бөгөөд үүсгэгчийн эсрэг Цефалосфорины 3-р бүлгийн антибиотикийг доксицилин болон фоторхинолний бүлгийн эмтэй хавсран эмчилсэн боловч халууралт үргэлжлэж нэвчдэст голомтууд нэмэгдсэн тул Цефалосфорины 4-р бүлгийн антибиотикийг фоторхинолний бүлгийн эмтэй хавсарсан эмчлэхэд 3 сарын 17-18-наас эхлэн халуун буурч баруун хөлний нэвчдэс багассан. Улмаар эмчилгээнд өвчтөний биеийн байдал сайжирч, 3 сарын 31 нд баруун хөлний нэвчдэс шимэгдэж, зүүн хөлний нэвчдэс эмзэглэлгүй болж бусад шинж тэмдгүүд арилсан бөгөөд 4 сарын 4-ний өдөр өвчтөний биеийн байдал сайжирч, эдгэрч эмнэлгээс гарсан.

**Дүгнэлт:** Ям өвчний тус тохиолдол нь эмнэлзүйн арьсны болон уушгины холимог хэлбэрээр илэрсэн. Түүнчлэн амьсгал, зүрх судас, элэгний талаас хүндрэлүүд гарсан. Гэхдээ шинж тэмгүүдийн өвөрмөц бус байгаа байдлаас шалтгаалан энэ өвчний талаар илүү судлах нь зохих эмчилгээг цаг алдалгүй хийн нас баралтаас сэргийлэх чухал ач холбогдолтой байна.

