

- Dương Văn Trung. Kết quả tán sỏi thận qua da đường hầm nhỏ tư thể bệnh nhân nằm nghiêng tại Bệnh viện Bưu điện, Y Học TP. Hồ Chí Minh. 2018. 22 (4), 105-9.
- Nguyễn Việt Cường, Trần Hoài Nam, Nguyễn Văn Khấn, Phạm Đức Vinh. Đánh giá kết quả phẫu thuật lấy sỏi thận qua da đường hầm nhỏ tại Bệnh viện Quân y 175, Y Học TP. Hồ Chí Minh, Phụ Bản. 2019. 23 (3), 53-9.
- Huỳnh Nguyễn Trường Vinh, Nguyễn Vĩnh Bình, Phan Đức Hữu, Cao Vĩnh Duy. Đánh giá kết quả sớm điều trị sỏi thận bằng phẫu thuật tán sỏi qua da đường hầm nhỏ tại Bệnh viện Xuyên Á 2021-2022, *Tạp chí Y Dược Học Cần Thơ*. 2022. 55, chuyên đề Hội Nghị Quốc tế, 123-30. <https://doi.org/10.58490/ctump.2022i55.390>.
- Yang L, Jad A, Wei Z, et al. Comparison of supermini PCNL (SMP) versus Miniperc for stones larger than 2 cm: a propensity score matching study. *World Journal of Urology*. 2018; 36 (6): 955-961. DOI: 10.1007/s00345-018-2197-7.
- Liu L, Zheng S, Xu Y, et al. Systematic review, and meta-analysis of percutaneous nephrolithotomy for patients in the supine versus prone position. *J Endourol*. 2010; 24: 1941–6. DOI: 10.1089/end.2010.0292.

NGHIÊN CỨU TỶ LỆ MANG GENE *CAGA* CỦA VI KHUẨN *HELICOBACTER PYLORI* VÀ MỐI LIÊN QUAN VỚI BỆNH LÝ DẠ DÀY - TÁ TRÀNG

Thái Thị Hồng Nhung^{1,2*}, Nguyễn Thái Hòa¹, Nguyễn Hồng Phong¹,
Nguyễn Thị Hải Yến¹, Nguyễn Thị Bé Hai¹,
Nguyễn Thị Mai Ngân², Hà Thị Minh Thi²

1. Trường Đại học Y Dược Cần Thơ

2. Trường Đại học Y Dược, Đại Học Huế

*Email: tthongnhung@ctump.edu.vn

Ngày nhận bài: 09/10/2023

Ngày phản biện: 15/10/2023

Ngày duyệt đăng: 06/11/2023

TÓM TẮT

Đặt vấn đề: *Helicobacter pylori* là nguyên nhân hàng đầu gây các bệnh lý dạ dày - tá tràng. Protein *CagA* được mã hóa bởi gene *cagA* là độc tố kinh điển của *H. pylori*. **Mục tiêu nghiên cứu:** (1) Xác định tỷ lệ mang gene *cagA* của *H. pylori* phân lập từ các bệnh nhân bệnh lý dạ dày - tá tràng; (2) Khảo sát mối liên quan giữa gene *cagA* và bệnh lý dạ dày - tá tràng. **Đối tượng và phương pháp nghiên cứu:** Nghiên cứu cắt ngang trên 173 bệnh nhân bệnh lý dạ dày tá tràng có nhiễm *H. pylori*. Nuôi cấy và phân lập *H. pylori* từ mẫu mô sinh thiết dạ dày. Gene *cagA* được xác định bằng phương pháp PCR. **Kết quả:** Tỷ lệ chủng *H. pylori* mang gene *cagA* (+) là 83,8%. Phân tích hồi quy đa biến sau khi hiệu chỉnh theo tuổi và giới cho thấy nhiễm chủng *H. pylori* có *cagA* (+) làm tăng nguy cơ loét dạ dày - tá tràng gấp 5,49 lần (95% CI: 1,06-28,37, $p = 0,042$). **Kết luận:** Tỷ lệ chủng *H. pylori* mang gene *cagA* (+) cao. Gene *cagA* có liên quan với tăng nguy cơ loét dạ dày - tá tràng.

Từ khóa: *Helicobacter pylori*, *cagA*, bệnh lý dạ dày - tá tràng.

ABSTRACT

THE PREVALENCE OF THE *CAGA* GENE OF *HELICOBACTER PYLORI* AND ITS ASSOCIATION WITH GASTRODUODENAL DISEASES

Thai Thi Hong Nhung^{1,2*}, Nguyen Thai Hoa¹, Nguyen Hong Phong¹,
 Nguyen Thi Hai Yen¹, Nguyen Thi Be Hai¹,
 Nguyen Thi Mai Ngan²; Ha Thi Minh Thi²

1. Can Tho University of Medicine and Pharmacy

2. University of Medicine and Pharmacy, Hue University

Background: *Helicobacter pylori* is the leading cause of gastroduodenal diseases. The *CagA* protein, which is encoded by the *cagA* gene, is the well-studied toxin of *H. pylori*. **Objectives:** (1) To determine the prevalence of the *cagA* gene of *H. pylori* isolates from patients with gastroduodenal diseases, (2) to investigate the association between the *cagA* gene and gastroduodenal diseases. **Materials and methods:** The study was conducted on 173 positive – *H. pylori* patients with gastroduodenal disease. *H. pylori* strains were isolated from gastric mucosa biopsy specimens. The polymerase chain reaction technique was performed to identify the *cagA* gene. **Results:** The *cagA* gene was detected in 83.8% of *H. pylori* isolates. After adjusting for age and gender, the multivariable logistic regression analysis showed that the *H. pylori* strain carrying *cagA*-positive gene was associated with an increased risk for peptic ulcers (aOR = 5.49, 95% CI: 1.06-28.37, $p = 0.042$). **Conclusion:** The percentage of *H. pylori* strains carrying the *cagA* gene is great. The *cagA* gene was related to an increased risk for peptic ulcers.

Keywords: *Helicobacter pylori*, *cagA* gene, gastroduodenal diseases.

I. ĐẶT VẤN ĐỀ

Vi khuẩn *Helicobacter pylori* (*H. pylori*) là tác nhân chính gây viêm dạ dày mạn, loét dạ dày - tá tràng, ung thư dạ dày và u lympho MALT dạ dày [1]. Tỷ lệ nhiễm *H. pylori* tại Việt Nam khá cao, một nghiên cứu tại miền Trung năm 2019 cho thấy tỷ lệ nhiễm *H. pylori* là 55,4% [2].

Về cơ chế bệnh sinh, bệnh lý dạ dày - tá tràng do *H. pylori* được xem là có sự tác động phối hợp của yếu tố độc lực của vi khuẩn, yếu tố vật chủ và các yếu tố môi trường [3]. Khả năng gây bệnh của *H. pylori* phụ thuộc vào sự biểu hiện các yếu tố độc lực, trong số đó protein liên quan độc tố tế bào CagA, được mã hóa bởi gene *cagA*, được xem là độc tố kinh điển của *H. pylori*, đã được nhiều nghiên cứu chứng minh có liên quan đến tăng nguy cơ loét dạ dày – tá tràng và ung thư dạ dày [4], [5].

Hiện nay, tần suất cũng như mối liên quan của gene *cagA* với bệnh lý dạ dày - tá tràng chưa được khảo sát cụ thể tại Cần Thơ. Vì vậy, Nghiên cứu này được thực hiện với hai mục tiêu: 1. Xác định tỷ lệ mang gene *cagA* của *H. pylori* phân lập từ các bệnh nhân có bệnh lý dạ dày - tá tràng. 2. Khảo sát mối liên quan giữa gene *cagA* và bệnh lý dạ dày - tá tràng.

II. ĐỐI TƯỢNG VÀ PHƯƠNG PHÁP NGHIÊN CỨU

2.1. Đối tượng nghiên cứu

Bệnh nhân đến nội soi tiêu hóa trên tại Trung tâm Nội Soi - Nội soi can thiệp, Bệnh viện Trường Đại học Y - Dược Cần Thơ, kết quả nội soi có tổn thương niêm mạc dạ dày - tá tràng và được chẩn đoán nhiễm *H. pylori*.

- **Tiêu chuẩn chọn bệnh:** Bệnh nhân có nội soi tiêu hóa trên và sinh thiết mẫu mô niêm mạc dạ dày. Kết quả nội soi chẩn đoán bệnh dạ dày - tá tràng như: Viêm dạ dày, loét

dạ dày - tá tràng. Được chẩn đoán xác định nhiễm *H. pylori* bằng cả xét nghiệm nhanh urease và nuôi cấy.

- **Tiêu chuẩn loại trừ:** Dùng thuốc ức chế bơm proton trong 2 tuần, bismuth, kháng sinh trong 4 tuần trước nội soi. DNA được tách chiết không đảm bảo về số lượng và chất lượng cho xét nghiệm PCR.

2.2. Phương pháp nghiên cứu

Nghiên cứu mô tả cắt ngang từ tháng 5/2021 đến 10/2022 tại Bệnh Viện Trường Đại Học Y Dược Cần Thơ. Các bước nghiên cứu được tiến hành như sau:

- Bước 1: Chọn mẫu nghiên cứu tại Trung Tâm Nội Soi - Bệnh Viện Trường Đại Học Y Dược Cần Thơ

Mỗi bệnh nhân được nội soi dạ dày - tá tràng và lấy mẫu sinh thiết dạ dày để thực hiện xét nghiệm nhanh urease, nuôi cấy và mô bệnh học (nếu có chỉ định).

+ Xét nghiệm nhanh urease: Thực hiện tại phòng Nội Soi với kit NK Pylori Test (Nam Khoa Biotek, Việt Nam). Đọc kết quả trong vòng 60 phút.

+ Nuôi cấy phân lập *H. pylori*: Mẫu mô được bảo quản trong ống môi trường chuyên chở (Nam Khoa Biotek, Việt Nam), chuyển nuôi cấy trong vòng 4 giờ. Mẫu sinh thiết được nghiền nhuyễn rồi trải trên đĩa thạch cấy (Nam Khoa Biotek, Việt Nam). Nuôi cấy ở 37°C trong môi trường vi hiếu khí trong 3 - 10 ngày. *H. pylori* được xác định dựa vào hình thái, nhuộm Gram âm, dương tính với oxidase, catalase và urease. Các khuẩn lạc được cho vào ống chứa TE trữ ở -20°C, và chuyển đến Bộ môn Di truyền Y học, trường Đại học Y- Dược Huế để thực hiện các xét nghiệm sinh học phân tử.

+ Mô bệnh học: Bệnh nhân viêm dạ dày qua nội soi sẽ được sinh thiết thêm hai mẫu mô: một mẫu tại hang vị, một mẫu tại thân vị để làm mô bệnh học. Các thông số mô học gồm viêm mạn, viêm teo, hoặc dị sản ruột được đánh giá theo hệ thống Sydney cập nhật, loạn sản đánh giá theo phân loại của Tổ Chức Y Tế Thế Giới 2019. Nếu kết quả mô bệnh học là viêm teo, và/ hoặc dị sản ruột, và/ hoặc loạn sản thì được xếp vào nhóm tiền ung thư.

- Bước 2: Tách chiết DNA

Ly tâm ống TE chứa khuẩn lạc ở 14.000 x g trong 2 phút. Loại bỏ dịch nổi, thêm 1 ml nước cất vô trùng rồi đun sôi trong 10 phút. Sau đó, ly tâm ở 12.000 x g trong 4 phút, lấy dịch nổi và giữ ở -20°C để phân tích DNA [6].

- Bước 3: Xác định các chủng *H. pylori* có *cagA* dương tính bằng kỹ thuật PCR

+ Cặp mồi đặc hiệu gene *cagA*: *cag2-F*: GGAACCCTAGTCGGTAATG, *CAGT-R*: GCTTTAGCTTCTGAYACYGC [7].

Thành phần phản ứng gồm 12,5 µl OneTaq 2X Master Mix (New England BioLabs, UK), 10 pmol mỗi mồi, 100 ng DNA khuôn mẫu và nước cất cho đủ 25 µl.

Điều kiện luân nhiệt: Biến tính ban đầu 95°C trong 5 phút; 35 chu kỳ: biến tính 95°C trong 1 phút, gắn mồi: 52°C trong 1 phút, kéo dài mồi: 72°C trong 1 phút; kéo dài cuối cùng: 72°C trong 7 phút. Thực hiện trên máy Applied Biosystems 2720. Chứng dương và chứng âm lần lượt là DNA được tách chiết từ các chủng *H. pylori* có *cagA* dương tính và âm tính đã được xác định.

Đọc kết quả: Sản phẩm PCR thu được sẽ được kiểm tra bằng điện di trên gel agarose 1% có bổ sung RedView, hiệu điện thế 80 V trong 1 giờ, có kèm thang chuẩn 100 bp. Xem hình ảnh điện di dưới đèn cực tím. Kích thước sản phẩm là 450 - 550 bp.

- **Xử lý số liệu:** Dùng phép kiểm Chi bình phương hoặc Fisher's exact test để so sánh các tỷ lệ. Các phép kiểm có ý nghĩa khi $p < 0,05$. Thực hiện phân tích hồi quy logistic đa biến

sau khi hiệu chỉnh tuổi và giới để đánh giá mối liên quan giữa gene *cagA* và bệnh lý dạ dày - tá tràng. Phân tích thống kê bằng phần mềm R. Giá trị $p < 0,05$ được xem là có ý nghĩa thống kê.

III. KẾT QUẢ NGHIÊN CỨU

3.1. Đặc điểm chung của mẫu nghiên cứu

Bảng 1. Đặc điểm chung của bệnh nhân trong nghiên cứu

| Đặc điểm | | Số bệnh nhân (n) | Tỷ lệ (%) |
|---------------------------|------------------------|------------------|-----------|
| Giới tính | Nữ | 88 | 50,9 |
| | Nam | 85 | 49,1 |
| Nhóm tuổi | < 40 | 81 | 46,8 |
| | ≥ 40 | 92 | 53,2 |
| Bệnh lý dạ dày - tá tràng | Viêm dạ dày mạn | 38 | 22,0 |
| | Loét dạ dày - tá tràng | 42 | 24,3 |
| | Tiền ung thư dạ dày | 93 | 53,7 |
| Tổng | | 173 | 100 |

Nhận xét: Trong số các bệnh nhân thuộc nhóm nghiên cứu, nhóm ≥ 40 tuổi chiếm 53,2%; không có sự chênh lệch về giới tính. Bệnh lý chiếm tỷ lệ cao nhất là các tổn thương tiền ung thư dạ dày (viêm teo, dị sản ruột, hoặc loạn sản), kể đến là loét dạ dày - tá tràng.

3.2. Tỷ lệ mang gene *cagA* của *H. pylori* ở bệnh nhân bệnh lý dạ dày - tá tràng

- Tỷ lệ mang gene *cagA* của *H. pylori*

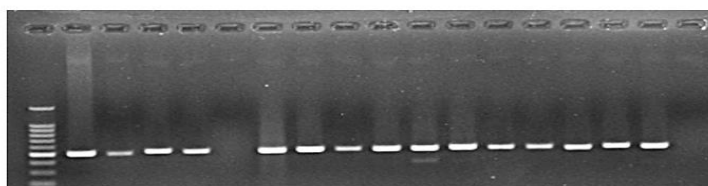
Bảng 2. Tỷ lệ mang gene *cagA* của *H. pylori*

| Gene <i>cagA</i> | Số lượng (n) | Tỷ lệ (%) |
|------------------|--------------|-----------|
| Dương tính | 145 | 83,8 |
| Âm tính | 28 | 16,2 |
| Tổng | 173 | 100 |

Nhận xét: Tỷ lệ chủng *H. pylori* mang gene *cagA* là 83,8%.

- Kết quả PCR đặc hiệu gene *cagA* của *H. pylori*

M 1 2 3 4 5 6 7 8 9 10 11 12 13 14 15 (+) (-)



Hình 1. Hình ảnh điện di sản phẩm PCR đặc hiệu gene *cagA* (M: thang chuẩn 100 bp, (+): chứng dương, (-): chứng âm, mẫu 1, 2, 3, 4, 6 - 15: *cagA* (+), mẫu 5: *cagA* (-))

3.3. Mối liên quan giữa gene *cagA* của *H. pylori* và bệnh lý dạ dày tá tràng

Bảng 3. Phân bố gene *cagA*, tuổi, giới ở các nhóm bệnh lý dạ dày tá tràng

| Yếu tố | | Bệnh lý dạ dày tá tràng, n (%) | | | p |
|------------------|------------|--------------------------------|---------------------|-----------------------|-------|
| | | VDDM (n = 38) | Loét DD-TT (n = 42) | Tiền ung thư (n = 93) | |
| Gene <i>cagA</i> | Dương tính | 27 (71,1) | 40 (95,2) | 78 (83,9) | 0,014 |
| | Âm tính | 11(28,9) | 2 (4,8) | 15 (16,1) | |

| Yếu tố | | Bệnh lý dạ dày tá tràng, n (%) | | | p |
|-----------|-----|--------------------------------|------------------------|--------------------------|-------|
| | | VDDM (n = 38) | Loét DD-TT (n = 42) | Tiền ung thư (n = 93) | |
| Giới tính | Nữ | 23 (60,5) | 13 (31,0) | 52 (55,9) | 0,011 |
| | Nam | 15 (39,5) | 29 (69,0) | 41 (44,1) | |
| Nhóm tuổi | <40 | 21 (55,3) | 10 (23,8) | 50 (53,8) | 0,003 |
| | ≥40 | 17 (44,7) | 32 (76,2) | 43 (46,2) | |

Nhận xét: Có sự khác biệt có ý nghĩa thống kê về tỷ lệ hiện diện của gene *cagA* theo nhóm bệnh lý dạ dày tá tràng với $p < 0,05$. Gene *cagA* (+) hiện diện ở nhóm loét dạ dày - tá tràng (95,2%) và tổn thương tiền ung thư (83,9%) cao hơn so với nhóm viêm dạ dày mạn (71,1%). Có sự khác biệt có ý nghĩa thống kê về sự phân bố nhóm tuổi và giới tính theo bệnh lý dạ dày - tá tràng với $p < 0,05$.

+ Bệnh nhân từ 40 tuổi trở lên có tỷ lệ cao hơn trong nhóm loét dạ dày - tá tràng (76,2%) so với nhóm viêm dạ dày mạn (44,7%).

+ Nam giới có tỷ lệ cao trong nhóm loét dạ dày - tá tràng (69%) so với nhóm viêm mạn (39,5%).

Bảng 4. Mối liên quan giữa gene *cagA* của *H. pylori* và bệnh lý dạ dày - tá tràng

| Yếu tố | | Loét dạ dày tá tràng | | Tiền ung thư dạ dày | |
|------------------|-----------------|----------------------|-------|---------------------|-------|
| | | aOR (95%CI) | p | aOR (95% CI) | p |
| Gene <i>cagA</i> | <i>cagA</i> (+) | 5,49 (1,06-28,37) | 0,042 | 2,13 (0,87 – 5,23) | 0,099 |
| | <i>cagA</i> (-) | 1 | | 1 | |
| Giới tính | Nam | 2,49 (0,91 – 6,78) | 0,075 | 1,19 (0,55 – 2,59) | 0,666 |
| | Nữ | 1 | | 1 | |
| Nhóm tuổi | ≥40 | 3 (1,08 – 8,35) | 0,036 | 1,13 (0,52 – 2,45) | 0,753 |
| | <40 | 1 | | 1 | |

Chú thích: Nhóm so sánh là nhóm viêm dạ dày mạn. aOR (adjusted Odds Ratio): tỷ suất chênh hiệu chỉnh, 95%CI (confidence interval): khoảng tin cậy 95%.

Nhận xét: Phân tích hồi quy logistic đa biến cho thấy các chủng *H. pylori* có *cagA* (+) có nguy cơ gây loét dạ dày - tá tràng gấp 5,49 lần so với các chủng *H. pylori* có *cagA* (-) ($p < 0,05$). Chưa ghi nhận mối liên quan giữa sự hiện diện gene *cagA* và nguy cơ tổn thương tiền ung thư ($p > 0,05$).

IV. BÀN LUẬN

4.1. Đặc điểm chung của mẫu nghiên cứu

Nghiên cứu của chúng tôi trên 173 bệnh nhân bệnh lý dạ dày - tá tràng ghi nhận tỷ lệ nữ/nam là 1,04/1, tuổi trung bình của nhóm mẫu nghiên cứu là $42,6 \pm 15,1$, nhóm tuổi ≥ 40 chiếm tỉ lệ 53,2%. Tuổi trung bình của bệnh nhân trong nghiên cứu của chúng tôi thấp hơn so với nghiên cứu của tác giả Nguyễn Thị Mai Ngân (2021) ghi nhận là $47,7 \pm 17,2$ [8]. Nghiên cứu của Chomvarin cũng ghi nhận tỷ lệ nữ/nam là 1,03/1, nhóm tuổi ≥ 40 cũng chiếm đa số [9]. Nhiễm *H. pylori* rất phổ biến trong dân số, nên sự phân bố không khác biệt rõ theo giới.

4.2. Tỷ lệ mang gene *cagA* của *H. pylori* nhiễm ở bệnh nhân bệnh lý dạ dày - tá tràng

Nghiên cứu của chúng tôi ghi nhận tỷ lệ chủng *H. pylori* mang gene *cagA* (+) là 83,8%. So với nghiên cứu khác ở quốc gia châu Á, kết quả nghiên cứu của chúng tôi tương tự với nghiên cứu của tác giả Tserentogtokh (2019) tại Mông Cổ (83%) [10]. Tuy nhiên, kết quả của chúng tôi thấp hơn so với nghiên cứu của tác giả Chomvarin (2008) tại Thái Lan

(98,2%) [9]. Với các nghiên cứu ở các quốc gia thuộc châu lục khác, kết quả của chúng tôi về tỷ lệ gene *cagA* (+) cao hơn so với nghiên cứu của Idowu (2019) tại Nam Phi (62%) [11]. Chúng tôi nhận thấy tỷ lệ gene *cagA* (+) trong nghiên cứu của chúng tôi khá tương đồng với các quốc gia châu Á khác đều báo cáo với tỷ lệ khá cao >80%, trong khi các nghiên cứu từ các châu lục khác phần lớn báo cáo tỷ lệ chủng *H. pylori* mang gene *cagA* (+) thấp hơn. Điều này cũng phù hợp với các đặc điểm độc lực cao của các chủng *H. pylori* châu Á đã được báo cáo trong các nghiên cứu trên thế giới.

So với một số nghiên cứu trong nước, kết quả nghiên cứu của chúng tôi tương tự tác giả Phan Trung Nam (2017) ghi nhận là 84% [7], Nguyễn Thị Mai Ngân (2021) ghi nhận là 80% [8]. Tuy nhiên, kết quả nghiên cứu của chúng tôi cao hơn so với nghiên cứu của tác giả Hà Thị Minh Thi ghi nhận tỷ lệ này là 71,4% [2]. Kết quả nghiên cứu của chúng tôi thấp hơn so với nghiên cứu của tác giả Phạm Hồng Khánh (2021) ghi nhận tỷ lệ gene *cagA* là 98,6% [12]. Sự khác biệt về tỷ lệ mang gene *cagA* của các chủng *H. pylori* giữa các vùng trong nước cho thấy sự đa dạng di truyền của vi khuẩn *H. pylori*.

4.3. Mối liên quan giữa gene *cagA* của *H. pylori* và bệnh lý dạ dày tá tràng

Nghiên cứu của chúng tôi ghi nhận có sự khác biệt có ý nghĩa thống kê về tỷ lệ *H. pylori* có mang gene *cagA* ở bệnh nhân loét dạ dày - tá tràng (95,2%) và ở bệnh nhân viêm dạ dày mạn (71,1%). Phân tích hồi quy logistic đa biến cho thấy các chủng *H. pylori* có *cagA* dương tính có liên quan có ý nghĩa thống kê với tăng nguy cơ loét dạ dày - tá tràng.

Kết quả nghiên cứu của chúng tôi tương đồng với một số nghiên cứu trên thế giới. Sahara (2012) nghiên cứu tổng hợp kết quả từ một số quốc gia Đông Nam Á ghi nhận gene *cagA* liên quan với tăng nguy cơ loét dạ dày - tá tràng gấp 2,83 lần (95%CI: 1,50-5,34, p = 0,001) [5]. Tuy nhiên, kết quả một số nghiên cứu thực hiện tại các nước châu Á như nghiên cứu của Chomvarin (2008) tại Thái Lan không ghi nhận mối liên quan giữa gene *cagA* (+) và loét dạ dày - tá tràng [9].

Kết quả nghiên cứu của chúng tôi về mối liên quan giữa gene *cagA* và loét dạ dày - tá tràng khác so với kết quả của tác giả Nguyễn Thị Mai Ngân (2021) không ghi nhận mối liên quan giữa gene *cagA* (+) và loét dạ dày - tá tràng như [8]. Chúng tôi cho rằng sự khác biệt là do nhóm so sánh viêm dạ dày mạn trong nghiên cứu của chúng tôi là nhóm viêm dạ dày mạn không teo, không dị sản ruột hoặc loạn sản, còn nhóm so sánh của tác giả Nguyễn Thị Mai Ngân là nhóm viêm dạ dày được chẩn đoán qua nội soi.

Kết quả nghiên cứu của chúng tôi không ghi nhận mối liên quan giữa gene *cagA* và tổn thương tiền ung thư dạ dày như viêm teo, dị sản ruột, loạn sản. Các tổn thương này được báo cáo có liên quan đến tăng nguy cơ tiến triển ung thư dạ dày do nhiễm *H. pylori* [13]. Kết quả của chúng tôi khá tương đồng với kết quả của Trần Việt Hùng (2021) cũng không ghi nhận mối liên quan của gene *cagA* (+) và viêm dạ dày mạn teo [4]. Bên cạnh đó, nghiên cứu của Farzi (2018) tại Iran không ghi nhận mối liên quan giữa gene *cagA* và nguy cơ dị sản ruột [14].

Nhìn chung, mối liên quan giữa gene *cagA* và các bệnh lý dạ dày - tá tràng đã được nhiều nghiên cứu chứng minh, tuy nhiên kết quả vẫn còn chưa thống nhất. Vì vậy, kết quả nghiên cứu của chúng tôi bước đầu có thể đóng góp vào sự hiểu biết về gene này của các chủng *H. pylori* tại Việt Nam trong mối liên quan với bệnh lý dạ dày - tá tràng.

V. KẾT LUẬN

Qua nghiên cứu gene *cagA* trên các chủng *Helicobacter pylori* phân lập từ 173 bệnh nhân bệnh lý dạ dày - tá tràng, chúng tôi ghi nhận tỷ lệ các chủng *H. pylori* mang gene *cagA*

cao (83,8%). Các chủng *H. pylori* có mang gene *cagA* liên quan với tăng nguy cơ loét dạ dày - tá tràng.

LỜI CẢM ƠN

Tác giả Thái Thị Hồng Nhung được tài trợ bởi Chương trình học bổng đào tạo thạc sĩ, tiến sĩ trong nước của Quỹ Đổi mới sáng tạo Vingroup (VINIF), mã số VINIF.2022.TS090.

TÀI LIỆU THAM KHẢO

1. S. Ansari and Y. Yamaoka. Helicobacter pylori Infection, Its Laboratory Diagnosis, and Antimicrobial Resistance: a Perspective of Clinical Relevance. *Clin. Microbiol. Rev.* 2022, 35 (3), doi: 10.1128/cmr.00258-21.
 2. T. M. T. Ha, T. N. U. Le, V. N. Nguyen, and V. H. Tran. Association of TP53 gene codon 72 polymorphism with Helicobacter pylori-positive non-cardia gastric cancer in Vietnam. *J. Infect. Dev. Ctries.* 2019, 13 (11), pp. 984–991, doi: 10.3855/jidc.11488.
 3. C.-Y. Kao, B.-S. Sheu, and J.-J. Wu. Helicobacter pylori infection: An overview of bacterial virulence factors and pathogenesis. *Biomed. J.* 2016, 39 (1), pp. 14–23, doi: 10.1016/j.bj.2015.06.002.
 4. Trần Việt Hùng. Nghiên cứu sự hiện diện các gen *cagA*, *vacA*, *iceA* của Helicobacter pylori ở bệnh nhân ung thư dạ dày và viêm dạ dày mạn. *Luận án Tiến Sĩ Y Học, Học Viện Quân Y.* 2021, 66-68.
 5. S. Sahara *et al.*. Role of Helicobacter pylori *cagA* EPIYA motif and *vacA* genotypes for the development of gastrointestinal diseases in Southeast Asian countries: a meta-analysis. *BMC Infect. Dis.* 2012, 12 (1), p. 223, doi: 10.1186/1471-2334-12-223.
 6. R. M. Peek *et al.* Detection of Helicobacter pylori gene expression in human gastric mucosa. *J. Clin. Microbiol.* 1995, 33 (1), pp. 28–32, doi: 10.1128/jcm.33.1.28-32.1995.
 7. T. N. Phan *et al.* Genotyping of Helicobacter pylori shows high diversity of strains circulating in central Vietnam. *Infect. Genet. Evol.* 2017, 52, pp. 19–25, doi: 10.1016/j.meegid.2017.04.014.
 8. Nguyễn Thị Mai Ngân. Nghiên cứu kiểu gene *cagA*, *vacA* và *iceA* của Helicobacter pylori ở bệnh nhân bệnh lý dạ dày - tá tràng tại Bệnh Viện Trường Đại Học Y Dược Huế. *Luận văn Thạc sĩ Y học, Trường Đại học Y Dược Huế.* 2021. 38-45.
 9. C. Chomvarin *et al.* Prevalence of Helicobacter pylori *vacA*, *cagA*, *cagE*, *iceA* and *babA2* genotypes in Thai dyspeptic patients. *Int. J. Infect. Dis.* 2008, 12 (1), pp. 30–36, doi: 10.1016/j.ijid.2007.03.012.
 10. T. Tserentogtokh *et al.* Western-Type Helicobacter pylori CagA are the Most Frequent Type in Mongolian Patients. *Cancers (Basel).* 2019, 11 (5), p. 725, doi: 10.3390/cancers11050725.
 11. A. Idowu *et al.* Detection of Helicobacter pylori and its virulence genes (*cagA*, *dupA*, and *vacA*) among patients with gastroduodenal diseases in Chris Hani Baragwanath Academic Hospital, South Africa. *BMC Gastroenterol.* 2019, 19 (1), p. 73, doi: 10.1186/s12876-019-0986-0.
 12. Phạm Hồng Khánh, Trần Thị Huyền Trang, Nguyễn Quang Duật. Tần suất và các yếu tố độc lực của Helicobacter pylori ở bệnh nhân viêm dạ dày mạn. *Tạp chí Y Học Việt Nam.* 2021, 505. 65-68.
 13. P. Correa and J. Houghton. Carcinogenesis of Helicobacter pylori. *Gastroenterology.* 2007, 133 (2), 659–72, doi: 10.1053/j.gastro.2007.06.026.
 14. N. Farzi, A. Yadegar, H. A. Aghdaei, Y. Yamaoka, and M. R. Zali. Genetic diversity and functional analysis of *oipA* gene in association with other virulence factors among Helicobacter pylori isolates from Iranian patients with different gastric diseases. *Infect. Genet. Evol.* 2018, 60, 26–34, doi: 10.1016/j.meegid.2018.02.017.
-