

DOI: 10.58490/ctump.2025i90.3932

**ĐÁNH GIÁ MỐI LIÊN QUAN GIỮA ĐA HÌNH RS3746444
CỦA GEN MICRORNA-499 VỚI MỨC ĐỘ TỔN THƯƠNG
ĐỘNG MẠCH VÀNH Ở BỆNH NHÂN NHỒI MÁU CƠ TIM CẤP**

Võ Thị Ngọc Ánh¹, Nguyễn Thị Diễm^{1}, Trương Tú Trạch², Phạm Thị Ngọc Nga¹,
Ngô Hoàng Toàn¹, Kha Hữu Nhân¹, Võ Việt Đức³*

1. Trường Đại học Y Dược Cần Thơ

2. Bệnh viện Đa khoa tỉnh Sóc Trăng

3. Bệnh viện Đa khoa tỉnh Đồng Tháp

**Email: ntdiem@ctump.edu.vn*

Ngày nhận bài: 12/4/2025

Ngày phản biện: 17/8/2025

Ngày duyệt đăng: 25/8/2025

TÓM TẮT

Đặt vấn đề: Nhồi máu cơ tim cấp là một trong những nguyên nhân hàng đầu gây tử vong trên toàn thế giới, đặc biệt tại các quốc gia đang phát triển. Trong những năm gần đây, các yếu tố di truyền ngày càng được quan tâm trong cơ chế bệnh sinh của nhồi máu cơ tim cấp. Đa hình rs3746444 của gen microRNA-499 đã được ghi nhận có liên quan đến nguy cơ mắc bệnh tim mạch ở một số quần thể, tuy nhiên, mối liên quan giữa đa hình này với mức độ tổn thương động mạch vành ở bệnh nhân nhồi máu cơ tim cấp vẫn chưa được nghiên cứu đầy đủ tại Việt Nam. **Mục tiêu nghiên cứu:** Đánh giá mối liên quan giữa đa hình rs3746444 của gen microRNA-499 với mức độ tổn thương động mạch vành ở bệnh nhân nhồi máu cơ tim cấp. **Đối tượng và phương pháp nghiên cứu:** Đây là một nghiên cứu mô tả cắt ngang thực hiện trên 81 bệnh nhân nhồi máu cơ tim cấp tại khoa Tim mạch can thiệp, Bệnh viện Đa khoa Trung Ương Cần Thơ. **Kết quả:** Kiểu gen AA chiếm 79%, AG 21%, không xuất hiện kiểu gen GG. Kiểu gen AG liên quan có ý nghĩa với tổn thương mạch vành mức độ nặng theo thang điểm Gensini, $p = 0,035$. **Kết luận:** Đa hình rs3746444 của gen microRNA-499, đặc biệt là kiểu gen AG, có liên quan đáng kể đến mức độ nặng của tổn thương mạch vành theo thang điểm Gensini.

Từ khóa: Đa hình rs3746444, mức độ tổn thương động mạch vành, nhồi máu cơ tim cấp

ABSTRACT

**ASSOCIATION BETWEEN RS3746444 POLYMORPHISM
OF THE MICRORNA-499 GENE AND THE SEVERITY
OF CORONARY ARTERY LESIONS IN PATIENTS WITH
ACUTE MYOCARDIAL INFARCTION**

Vo Thi Ngoc Anh¹, Nguyen Thi Diem^{1}, Trương Tú Trạch², Phạm Thị Ngọc Nga¹,
Ngô Hoàng Toàn¹, Kha Hữu Nhân¹, Võ Việt Đức³*

1. Can Tho University of Medicine and Pharmacy

2. Soc Trang Provincial General Hospital

3. Dong Thap Provincial General Hospital

Background: Acute myocardial infarction (AMI) is one of the leading causes of mortality and disability worldwide, particularly in developing countries. In recent years, genetic factors have gained increasing attention in the pathogenesis of acute myocardial infarction. The rs3746444 polymorphism in the microRNA-499 gene has been reported to be associated with cardiovascular disease risk in several populations. However, its correlation with the severity of coronary artery

lesions in Vietnamese patients with acute myocardial infarction has not been thoroughly investigated. **Objective:** To evaluate the association between the rs3746444 polymorphism in the microRNA-499 gene and the severity of coronary artery lesions in patients with acute myocardial infarction. **Materials and Methods:** A cross-sectional descriptive study was conducted on 81 patients diagnosed with acute myocardial infarction at the Interventional Cardiology Department, Can Tho Central General Hospital. Genotyping of rs3746444 was performed, and coronary lesion severity was assessed via angiography. **Results:** The AA genotype was present in 79% of patients, AG in 21%, and the GG genotype was not detected. The AG genotype showed a statistically significant association with more severe coronary artery lesions $p = 0.035$. **Conclusion:** These findings suggest that the AG genotype may be a genetic factor contributing to the severity of coronary artery damage in acute myocardial infarction patients.

Keywords: rs3746444 polymorphism, coronary artery lesions, acute myocardial infarction.

I. ĐẶT VẤN ĐỀ

Nhồi máu cơ tim (NMCT) cấp là biểu hiện lâm sàng nghiêm trọng nhất của hội chứng vành cấp, đồng thời là nguyên nhân hàng đầu gây tử vong và tàn phế trên toàn cầu. Mỗi năm, có hơn 3 triệu người trên toàn thế giới phát triển NMCT cấp ST chênh lên và hơn 4 triệu trường hợp liên quan đến bệnh lý này được ghi nhận. Trong một nghiên cứu lớn với 19.781 bệnh nhân mắc bệnh mạch vành, tỉ lệ hiện mắc của MI chiếm đến 23,3%, cho thấy tầm quan trọng của việc nhận diện, phân tầng nguy cơ và kiểm soát tốt nhóm bệnh nhân này [1]. Bệnh sinh của NMCT cấp chủ yếu liên quan đến quá trình xơ vữa và huyết khối động mạch vành, trong đó yếu tố viêm và cơ chế di truyền đóng vai trò trung tâm. Mức độ tổn thương động mạch vành, được đánh giá thông qua chụp mạch vành và các thang điểm phân tầng như Gensini có ý nghĩa quyết định trong tiên lượng, chỉ định can thiệp và theo dõi lâu dài.

Trong bối cảnh đó, các nghiên cứu gần đây đã tập trung làm rõ vai trò của di truyền, đặc biệt là các đa hình đơn nucleotide trong cơ chế hình thành và tiến triển của tổn thương động mạch vành. MicroRNAs (miRNAs) là các phân tử RNA không mã hóa, có chiều dài từ 18 đến 25 nucleotide, tham gia vào quá trình điều hòa biểu hiện gen sau phiên mã. Trong số đó, miR-499 – một loại microRNA có nguồn gốc chủ yếu từ mô cơ tim – đã được chứng minh là có liên quan chặt chẽ đến sinh bệnh học của bệnh mạch vành [2].

Đa hình rs3746444 đã được ghi nhận có liên quan đến nguy cơ mắc bệnh mạch vành nhưng mối liên quan với mức độ tổn thương động mạch vành ở bệnh nhân NMCT cấp vẫn chưa rõ ràng [3]. Nên chúng tôi thực hiện nghiên cứu này nhằm đánh giá mối liên quan giữa đa hình rs3746444 của gen *microRNA-499* với mức độ tổn thương mạch vành ở bệnh nhân NMCT cấp.

II. ĐỐI TƯỢNG VÀ PHƯƠNG PHÁP NGHIÊN CỨU

2.1. Đối tượng nghiên cứu

Tất cả bệnh nhân nhồi máu cơ tim cấp được chụp động mạch vành.

- **Tiêu chuẩn chọn mẫu:** Bệnh nhân được chẩn đoán nhồi máu cơ tim cấp theo định nghĩa toàn cầu lần thứ tư của trường môn tim mạch Hoa Kỳ và liên đoàn tim mạch thế giới (2018) [4] và được chỉ định chụp động mạch vành qua da.

- **Tiêu chuẩn loại trừ:**

+ Bệnh nhân mắc bệnh lý suy tim, rối loạn nhịp trước đó.

+ Bệnh nhân mắc bệnh tự miễn như viêm khớp dạng thấp, lupus ban đỏ hệ thống trước đó.

2.2. Phương pháp nghiên cứu

- **Thiết kế nghiên cứu:** Mô tả cắt ngang.

- **Nội dung nghiên cứu:**

+ Đặc điểm dân số nghiên cứu: tuổi, tăng huyết áp, rối loạn lipid máu, tiền sử gia đình mắc bệnh tim mạch sớm, thể lâm sàng, triệu chứng đau ngực, các thông số lipid máu

+ Đặc điểm cận lâm sàng: số nhánh mạch vành tổn thương, vị trí động mạch vành tổn thương.

+ Mức độ nặng của tổn thương mạch vành theo thang điểm Gensini (>54 điểm).

+ Tỷ lệ đa hình rs3746444 của gen *microRNA-499* và mối liên quan với mức độ nặng của tổn thương mạch vành theo thang điểm Gensini

- **Cỡ mẫu:** Nghiên cứu chọn mẫu thuận tiện và ghi nhận kết quả trên tổng số 81 bệnh nhân được chẩn đoán nhồi máu cơ tim cấp có chụp động mạch vành.

$$\text{Công thức tính cỡ mẫu: } n = \frac{z_{1-\alpha/2}^2 \times p \times (1-p)}{d^2}$$

- **Phương pháp chọn mẫu:** Chọn mẫu toàn bộ: tất cả bệnh nhân thỏa tiêu chuẩn chọn mẫu trong thời gian nghiên cứu.

- **Xử lý số liệu:** Dữ liệu được thu thập bằng phiếu khảo sát và phân tích bằng phần mềm SPSS 20.0.

- **Địa điểm nghiên cứu:** khoa Tim mạch can thiệp Bệnh viện Đa khoa Trung Ương Cần Thơ.

- **Đạo đức trong nghiên cứu:** Hội đồng đạo đức trong nghiên cứu y sinh Trường Đại học Y Dược Cần Thơ đã chấp nhận nghiên cứu số 23.059.HV/PCT-HĐĐĐ.

III. KẾT QUẢ NGHIÊN CỨU

3.1. Đặc điểm dân số nghiên cứu

Bảng 1. Đặc điểm dân số nghiên cứu

Đặc điểm		Tần số (n)	Tỷ lệ (%)
Tuổi	Trung bình	64,17 ± 11 tuổi	
Thể bệnh	NMCT cấp ST chênh lên	57	70,4
	NMCT cấp ST không chênh lên	24	29,6
Tăng huyết áp	Có	67	82,7
	Không	14	17,3
Rối loạn lipid máu	Có	67	82,7
	Không	14	17,3
Tiền sử gia đình mắc bệnh tim mạch sớm	Có	15	18,5
	Không	66	81,5
Cơn đau thắt ngực	Điển hình	64	79,01
	Không điển hình	17	20,99
	Không đau thắt ngực	0	0

Nhận xét: Tuổi trung bình trong nghiên cứu là 64,17 ± 11 tuổi, chủ yếu là NMCT cấp ST chênh lên, tỷ lệ tăng huyết áp và rối loạn lipid máu đều cao.

Bảng 2. Đặc điểm các thông số lipid máu

Đặc điểm	Nồng độ trung bình	Đơn vị
Cholesterol toàn phần	4,42 ± 1,22	mmol/l
HDL-C	0,91 ± 0,26	
LDL-C	2,96 ± 1,01	
Triglycerid	1,84 ± 1,14	

Nhận xét: bệnh nhân có cholesterol toàn phần và LDL-C ở mức trung bình, HDL-C thấp và triglycerid tăng nhẹ.

3.2. Đặc điểm tổn thương mạch vành trên DSA

Bảng 3. Đặc điểm tổn thương mạch vành trên DSA

Đặc điểm	Tần số (n)	Tỉ lệ (%)
Số nhánh mạch vành tổn thương (nhánh)	1	31
	≥ 2	50
Vị trí động mạch vành (ĐMV) tổn thương	Thân chung	6
	ĐMV phải	44
	Động mạch liên thất trước	66
	Động mạch mũ	33

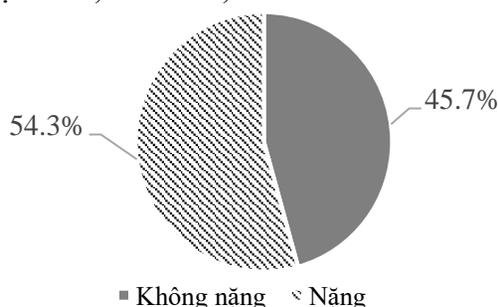
Nhận xét: Trong số 81 bệnh nhân, phần lớn 61,7% có tổn thương từ hai nhánh mạch vành trở lên. Động mạch liên thất trước là vị trí tổn thương phổ biến nhất, gặp ở 81,5% bệnh nhân, tiếp đến là động mạch vành phải 54,3% và động mạch mũ 40,7%. Tổn thương thân chung động mạch vành ít gặp hơn 7,4%.

3.3. Mối liên quan giữa đa hình rs3746444 của gen *microRNA-499* với mức độ tổn thương động mạch vành ở bệnh nhân nhồi máu cơ tim cấp

Bảng 4. Tỉ lệ đa hình rs3746444 của gen *microRNA-499* ở bệnh nhân nhồi máu cơ tim cấp

Đặc điểm	Tần số (n)	Tỉ lệ (%)
Tỉ lệ kiểu gen	AA	64
	AG	17
	GG	0
Tỉ lệ alen	A	145
	G	17

Nhận xét: Kiểu gen AA chiếm ưu thế với tỉ lệ 64% và alen A chiếm tỉ lệ cao hơn so với alen G với tỉ lệ lần lượt là 89,5% và 10,5%.



Biểu đồ 1. Mức độ tổn thương mạch vành theo Gensini

Nhận xét: Tỉ lệ bệnh nhân có tổn thương mạch vành nặng chiếm 54,3%, cao hơn nhóm không nặng 45,7%.

Bảng 5. Mối liên quan giữa đa hình rs3746444 của gen *microRNA* - 499 với mức độ tổn thương động mạch vành ở bệnh nhân nhồi máu cơ tim cấp

Sự đa hình rs3746444 của gen <i>MicroRNA</i> -499	Mức độ nặng theo Gensini				P
	Không nặng		Nặng		
	(n)	(%)	(n)	(%)	
AA	33	51,6	31	48,4	0,035
AG	4	23,5	13	76,5	

Nhận xét: Kiểu gen AG có tỉ lệ tổn thương mạch vành nặng (76,5%) cao hơn đáng kể so với kiểu gen AA (48,4%), sự khác biệt có ý nghĩa thống kê ($p = 0,035$).

Bảng 6. Hồi quy logistic đa biến khảo sát các yếu tố liên quan với tổn thương động mạch vành mức độ nặng theo Gensini

Yếu tố	OR	KTC 95%	p
Kiểu gen AG	4,576	1,037 – 20,2	0,045
Giới tính	4,376	0,932 – 20,53	0,061
Hút thuốc lá	3,011	0,703 – 12,89	0,137
Đái tháo đường	0,108	0,01 – 1,16	0,066

Nhận xét: Kiểu gen AG là yếu tố liên quan có ý nghĩa thống kê với tổn thương mạch vành mức độ nặng theo Gensini.

IV. BÀN LUẬN

4.1. Đặc điểm nhóm nghiên cứu

Trong nghiên cứu này, tỉ lệ bệnh nhân được chẩn đoán nhồi máu cơ tim cấp có ST chênh lên (STEMI) chiếm 70,4%, cao hơn nghiên cứu của Trần Công Duy 64,4% [5], tương đương nghiên cứu của Nguyễn Nhật Tài với 72,36% [6], cho thấy đây vẫn là thể lâm sàng chiếm ưu thế trong nhóm bệnh nhân nhập viện vì hội chứng vành cấp. Tuổi trung bình của bệnh nhân trong nghiên cứu là $64,17 \pm 11$ tuổi, phù hợp với độ tuổi thường gặp của bệnh mạch vành được ghi nhận trong các nghiên cứu trước đó như nghiên cứu của của Jung – Hoon Sung $60,75 \pm 11,61$ tuổi [7] và Trần Công Duy $63,9 \pm 11,7$ tuổi [5].

Về mặt yếu tố nguy cơ, tăng huyết áp và rối loạn lipid máu được ghi nhận với tỉ lệ cao (đều đạt 82,7%). Tỉ lệ này khá tương đồng với nghiên cứu của Trần Công Duy lần lượt là 81,6%; 89,5% [5]. Tiền sử gia đình mắc bệnh tim mạch chỉ được ghi nhận ở 18,5% số bệnh nhân, tỉ lệ này khá thấp. Tất cả bệnh nhân đều có đau thắt ngực, có 79,5% bệnh nhân đau ngực điển hình tỉ lệ này khá tương đồng trong nghiên cứu của Ong Văn Phát với tỉ lệ 80,5% [8].

Các chỉ số lipid máu cho thấy xu hướng bất lợi về chuyển hóa, với cholesterol toàn phần $4,42 \pm 1,22$ mmol/L và LDL-C $2,96 \pm 1,01$ mmol/L, tương đồng nghiên cứu Cunrong Chen [9], trong khi HDL-C thấp hơn ($0,91 \pm 0,26$ so với $1,2 \pm 0,4$ mmol/L). Triglycerid ở mức $1,84 \pm 1,14$ mmol/L – liên quan đề kháng insulin, hội chứng chuyển hóa và tăng nguy cơ biến cố tim mạch.

4.2. Đặc điểm tổn thương động mạch vành trên DSA

Trong nghiên cứu của chúng tôi, phần lớn bệnh nhân có biểu hiện bệnh lý động mạch vành nhiều nhánh, với tỉ lệ tổn thương từ hai nhánh trở lên chiếm 61,7%, thấp hơn so với 75,5% trong nghiên cứu của Trần Công Duy [5], cho thấy bệnh thường lan rộng và phức tạp, đòi hỏi chiến lược can thiệp toàn diện. Vị trí tổn thương thường gặp nhất là động mạch liên thất trước (LAD) với tỉ lệ lên đến 81,5%, điều này có ý nghĩa lâm sàng quan trọng do LAD là

nhánh nuôi phần lớn thất trái – vùng cơ tim chịu trách nhiệm chính trong chức năng bơm máu. Tiếp theo vị trí thường gặp là động mạch vành phải với tỉ lệ 54,3%, động mạch mũ với tỉ lệ 40,7%, thân chung chiếm tỉ lệ thấp nhất 7,4%. Trong nghiên cứu của Trần Công Duy tỉ lệ tổn thương các nhánh động mạch vành lần lượt động mạch vành trái 89,1%, động mạch vành phải 71,1%, động mạch mũ 55,6%, thấp nhất là thân chung với tỉ lệ 10% [5].

4.3. Mối liên quan giữa đa hình rs3746444 của gen *microRNA-499* với mức độ tổn thương động mạch vành ở bệnh nhân nhồi máu cơ tim cấp

Trong nghiên cứu của chúng tôi, đa hình chủ yếu ở dạng đồng hợp tử AA chiếm 79%, trong nghiên cứu Hao Qiu chiếm 76,19% [10], Jung – Hoon Sung 68,6% [7], Cunrong Chen 66,6% [9]. Tỉ lệ kiểu gen dị hợp AG chiếm 21%. Sự vắng mặt hoàn toàn của kiểu gen GG có thể phản ánh đặc điểm phân bố alen trong dân số nghiên cứu hoặc có thể do cỡ mẫu chưa đủ lớn để phát hiện cá thể mang kiểu gen này, tỉ lệ này khá tương đồng trong nghiên cứu Hao Qiu với tỉ lệ 0% [10], Jung – Hoon Sung 1,7% [7]. Điều này gợi ý khả năng alen G có tần suất thấp và có thể là dạng hiếm trong quần thể.

Thang điểm Gensini là công cụ được sử dụng phổ biến trong lâm sàng để đánh giá mức độ nặng của tổn thương mạch vành dựa trên vị trí, mức độ hẹp và số lượng nhánh mạch bị ảnh hưởng. Trong nghiên cứu này, trên một nửa số bệnh nhân (54,3%) được xếp vào nhóm tổn thương nặng, cho thấy mức độ tiến triển của bệnh lý mạch vành trong quần thể nghiên cứu tương đối cao. Tuy nhiên, trong nghiên cứu của Ong Văn Phát, 22,7% bệnh nhân thuộc nhóm tổn thương nặng [8]. Đa hình rs3746444 của gen *microRNA-499* có liên quan đến mức độ nặng của tổn thương mạch vành, đánh giá qua thang điểm Gensini. Bệnh nhân mang kiểu gen AG có nguy cơ tổn thương mạch vành nặng cao hơn đáng kể so với kiểu gen AA (76,5% so với 48,4%), với $p = 0,035$, cho thấy mối liên quan có ý nghĩa thống kê. Phân tích hồi quy logistic đơn biến cho thấy kiểu gen AG của *microRNA-499* làm tăng nguy cơ tổn thương mạch vành nặng theo thang điểm Gensini gấp khoảng 4,6 lần so với kiểu gen AA (OR = 4,576; KTC 95%: 1,037–20,2; $p = 0,045$). Trong khi đó, các yếu tố nguy cơ kinh điển như giới tính, hút thuốc lá và đái tháo đường trong phân tích đơn biến không đạt ý nghĩa thống kê ($p > 0,05$). Điều này có thể do cỡ mẫu nghiên cứu còn hạn chế, hoặc do ảnh hưởng của các yếu tố gây nhiễu chưa được loại trừ trong mô hình đơn biến. Kết quả trên cho thấy yếu tố di truyền, cụ thể là đa hình *microRNA-499* rs3746444, có thể đóng vai trò đáng kể trong cơ chế bệnh sinh và tiên lượng mức độ nặng của bệnh động mạch vành. *MicroRNA-499* được biết là có mặt trong mô cơ tim, cơ xương và não, với chức năng sinh học nổi bật là bảo vệ tế bào cơ tim khỏi quá trình chết theo chương trình. Việc giảm biểu hiện của *microRNA-499* dẫn đến tăng chết tế bào theo chương trình của tế bào cơ tim và mở rộng vùng nhồi máu cơ tim. Việc *microRNA-499* bị biến đổi bởi đa hình rs3746444 có thể làm giảm khả năng điều hòa của nó đối với các phân tử như TNF- α - một cytokine gây viêm, yếu tố trung tâm trong tiến trình xơ vữa. Như vậy, đa hình rs3746444 của *microRNA-499* không chỉ ảnh hưởng đến quá trình chết tế bào cơ tim, mà còn điều hòa các yếu tố viêm chủ chốt và con đường sinh học có liên quan mật thiết đến tổn thương động mạch vành [11].

V. KẾT LUẬN

Đa hình rs3746444 của gen *microRNA-499*, đặc biệt là kiểu gen AG, có mối liên quan có ý nghĩa thống kê với mức độ tổn thương nặng của động mạch vành qua thang điểm Gensini ở bệnh nhân nhồi máu cơ tim cấp. Kết quả này góp phần khẳng định vai trò của yếu

tổ di truyền trong cơ chế bệnh sinh của hội chứng mạch vành cấp, đồng thời gợi mở tiềm năng ứng dụng di truyền trong phân tầng nguy cơ và cá thể hóa điều trị cho bệnh nhân nhồi máu cơ tim cấp.

TÀI LIỆU THAM KHẢO

1. Nader Salari, Fatemeh Morddarvanjoghi, Amir Abdolmaleki, *et al.* The global prevalence of myocardial infarction: a systematic review and meta-analysis. *BMC Cardiovascular Disorders*. 2023. 23 (1), 206, DOI: 10.1186/s12872-023-03231-w.
 2. Jun-Yu Lu, Meng-Hua Chen, Jian-Feng Zhang, *et al.* Association between miR-499 rs3746444 polymorphism and coronary heart disease susceptibility: An evidence-based meta-analysis of 5063 cases and 4603 controls. *Gene*. 2019. 698; 34-40, DOI: 10.1016/j.gene.2019.02.045.
 3. W. Ding, M. Li, T. Sun, *et al.* A polymorphism rs3746444 within the pre-miR-499 alters the maturation of miR-499-5p and its antiapoptotic function. *J Cell Mol Med*. 2018. 22 (11), 5418-5428 DOI: 10.1111/jcmm.13813.
 4. Kristian Thygesen, S. Alpert Joseph, S. Jaffe Allan, *et al.* Fourth Universal Definition of Myocardial Infarction. *Journal of the American College of Cardiology*. 2018. 72 (18), 2231-2264, <https://doi.org/10.1161/CIR.0000000000000617>.
 5. Trần Công Duy, Lê Gia Hoàng Linh. Association between ACE I/D genetic polymorphism and the severity of coronary artery disease in Vietnamese patients with acute myocardial infarction. 2023. *Frontiers in Cardiovascular Medicine*, <https://doi.org/10.3389/fcvm.2023.1091612>.
 6. Nguyễn Nhật Tài, Hoàng Văn Sỹ, Trần Nguyễn Phương Hải. Tần suất và đặc điểm của hội chứng chuyển hóa trên bệnh nhân nhồi máu cơ tim cấp. *Tạp chí Y học Việt Nam*. 2023. 530(2). 219-223. <https://doi.org/10.51298/vmj.v530i2.6834>.
 7. Jung-Hoon Sung, Sang-Hoon Kim, Woo-In Yang, *et al.* miRNA polymorphisms (miR-146a, miR-149, miR-196a2 and miR-499) are associated with the risk of coronary artery disease. *Mol Med Rep*. 2016. 14 (3), 2328-2342, DOI: 10.3892/mmr.2016.5495.
 8. Ong Văn Phát, Phạm Thanh Phong, Phạm Thị Ngọc Nga. Đặc điểm lâm sàng, cận lâm sàng của bệnh nhân nhồi máu cơ tim cấp tại bệnh viện đa khoa trung ương cần thơ năm 2022 – 2024. *Tạp chí Y học Việt Nam*. 2024. 539(2). 226-231. <https://doi.org/10.51298/vmj.v539i2.9838>.
 9. Cunrong Chen, Huashan Hong, Lianglong Chen. Association of microRNA Polymorphisms with the Risk of Myocardial Infarction in a Chinese Population. *Tohoku J Exp Med*. 2022. 233(2), 89-94, DOI: 10.1620/tjem.233.89.
 10. Hao Qiu, Zheng Chen, Lu Lv, *et al.* Associations Between microRNA Polymorphisms and Development of Coronary Artery Disease: A Case–Control Study. *DNA and Cell Biology*. 2019. 39(1), 25-36, DOI: 10.1089/dna.2019.4963.
 11. Khalid Khan, Aakif khan, Zia Ur Rahman, *et al.* Genetic Polymorphism in miRNA Genes and Their Association with susceptibility of Coronary Heart Disease: An Updated Review. *Pathology - Research and Practice*. 2024. 264 155675, DOI: 10.1016/j.prp.2024.155675.
-