

DOI: 10.58490/ctjump.2026i94.4273

KHẢO SÁT ĐỘC TỐ CAGA, VACA Ở CÁC BỆNH NHÂN VIÊM LOÉT DẠ DÀY - TÁ TRÀNG DO *HELICOBACTER PYLORI* TẠI BỆNH VIỆN ĐA KHOA TRUNG ƯƠNG CẦN THƠ

Hoàng Thành Vinh¹, Huỳnh Thị Thảo Trâm¹, Trần Ngọc Nguyên¹, Lê Thị Yến Nhi¹, Huỳnh Nhật Hào¹, Đinh Thị Hương Trúc^{1,2}, Trần Thị Thu¹, Trần Thị Như Lê^{1,2}*

1. Trường Đại học Y Dược Cần Thơ

2. Bệnh viện Trường Đại học Y Dược Cần Thơ

*Email: dthtruc@ctump.edu.vn

Ngày nhận bài: 02/10/2025

Ngày phản biện: 16/01/2026

Ngày duyệt đăng: 25/01/2026

TÓM TẮT

Đặt vấn đề: *Helicobacter pylori* (*H. pylori*) là nguyên nhân chính gây bệnh viêm loét dạ dày - tá tràng, cơ chế bệnh sinh của bệnh chủ yếu liên quan đến sự biến đổi gen độc lực giữa các chủng, đặc biệt là ở các gene cytotoxin – associated A (*cagA*) và vacuolating cytotoxin A (*vacA*).

Mục tiêu nghiên cứu: Xác định tỉ lệ hiện diện các gen độc lực *cagA*, *vacA* ở bệnh nhân viêm loét dạ dày - tá tràng do *H. pylori* tại Bệnh viện Đa khoa Trung Ương Cần Thơ và khảo sát mối liên quan giữa hiện diện các gen độc lực *cagA*, *vacA* với các loại bệnh lý viêm loét dạ dày - tá tràng.

Đối tượng và phương pháp nghiên cứu: Nghiên cứu mô tả cắt ngang được thực hiện trên 49 bệnh nhân đến khám tại Bệnh viện Đa khoa Trung Ương Cần Thơ có kết quả dương tính với *H. pylori* bằng phương pháp CLO test và các gen *cagA*, *vacA* được xác định bằng phương pháp real-time PCR. **Kết quả:** Ở các bệnh nhân viêm loét dạ dày - tá tràng do *H. pylori*, tỉ lệ dương tính với *cagA* là 71,4%, tỉ lệ dương tính với *vacA* là 98%. **Kết luận:** Tỉ lệ *cagA*(+), *vacA*(+) cao. Không tìm thấy mối liên quan giữa bệnh lý viêm loét dạ dày - tá tràng với sự phân bố của *cagA*, *vacA*

Từ khóa: *Helicobacter pylori*, *cagA*, *vacA*, bệnh viêm loét dạ dày - tá tràng.

ABSTRACT

SURVEY OF CAGA AND VACA TOXINS IN PATIENTS WITH *HELICOBACTER PYLORI* – ASSOCIATED GASTRITIS AND PEPTIC ULCER DISEASE AT CAN THO CENTRAL GENERAL HOSPITAL

Hoang Thanh Vinh¹, Huynh Thi Thao Tram¹, Tran Ngoc Nguyen¹, Le Thi Yen Nhi¹, Huynh Nhat Hao¹, Dinh Thi Huong Truc^{1,2}, Tran Thi Thu¹, Tran Thi Nhu Le^{1,2}*

1. Can Tho University of Medicine and Pharmacy

2. Can Tho University of Medicine and Pharmacy Hospital

Background: *Helicobacter pylori* (*H. pylori*) is the main cause of gastroduodenal inflammatory and ulcerative disease, and its pathogenesis is primarily associated with variations in virulence genes among different strains, particularly the cytotoxin-associated gene A (*cagA*) and the vacuolating cytotoxin A gene (*vacA*). **Objective:** To determine the prevalence of the *cagA* and *vacA* virulence genes in patients with *H. pylori*-induced gastroduodenal inflammatory and ulcerative disease at Can Tho Central General Hospital and to investigate the association between the presence these virulence genes and peptic ulcer disease. **Material and methods:** A cross-sectional descriptive study was conducted on 49 patients presenting to Can Tho Central General Hospital who tested

positive for *H. pylori* using the CLO test. The presence of *cagA* and *vacA* genes was determined by real-time PCR. **Results:** Among patients with *H. pylori*-associated gastroduodenal inflammatory and ulcerative disease, the positivity rate for *cagA* was 71.4%, while the positivity rate for *vacA* was 98%. **Conclusion:** The prevalence of *cagA*(+) and *vacA*(+) strains was high. No significant association was found between peptic ulcer disease and the distribution of *cagA* and *vacA* genes.

Keywords: *Helicobacter pylori*, *cagA*, *vacA*, gastritis and peptic ulcer disease.

I. ĐẶT VẤN ĐỀ

Helicobacter pylori (*H. pylori*) – một loại xoắn khuẩn gram âm, hình xoắn ốc, phân bố ở lớp nhầy niêm mạc dạ dày của người. Nhờ khả năng tồn tại trong môi trường acid, vi khuẩn này có khả năng gây các bệnh như viêm dạ dày mãn tính, loét dạ dày - tá tràng, u lympho mô lympho liên quan đến niêm mạc dạ dày (MALT) và ung thư dạ dày [1]. Tỷ lệ nhiễm *H. pylori* tại Việt Nam được ghi nhận ở mức cao (khoảng 74,6%), theo một nghiên cứu trên 1.000 đối tượng tại cả khu vực thành thị và nông thôn [2].

Viêm loét dạ dày - tá tràng là một bệnh lý tiêu hóa phổ biến, có xu hướng tái phát và có thể gây ra nhiều biến chứng nguy hiểm. *H. pylori* là nguyên nhân chính gây bệnh, cơ chế bệnh sinh của bệnh lý viêm loét dạ dày - tá tràng do các gen độc lực như cytotoxin – associated gene A (*cagA*) và vacuolating cytotoxin A (*vacA*) gây ra. Điều này đã được chứng minh trong nhiều đề tài nghiên cứu về việc làm tổn thương niêm mạc dạ dày thông qua các cơ chế viêm, phá hủy cấu trúc tế bào và thay đổi môi trường nội mô [3].

Tại khu vực Đồng bằng sông Cửu Long, đặc biệt là Bệnh viện Đa khoa Trung Ương Cần Thơ, tình trạng nhiễm *H. pylori* khá phổ biến ở các bệnh nhân viêm loét dạ dày - tá tràng. Tuy nhiên, các nghiên cứu trong nước về mối liên quan giữa các yếu tố độc lực *cagA*, *vacA* và tổn thương nội soi còn khá hạn chế.

Do đó, chúng tôi thực hiện đề tài “Khảo sát độc tố *cagA*, *vacA* ở các bệnh nhân viêm loét dạ dày - tá tràng do *Helicobacter pylori* tại Bệnh viện Đa khoa Trung Ương Cần Thơ” với hai mục tiêu cụ thể: 1) Xác định tỷ lệ hiện diện các gen độc lực *cagA*, *vacA* ở bệnh nhân viêm loét dạ dày - tá tràng do *H. pylori* tại Bệnh viện Đa khoa Trung Ương Cần Thơ; 2) Khảo sát mối liên quan giữa hiện diện các gen độc lực *cagA*, *vacA* với loại bệnh lý viêm loét dạ dày tá tràng.

II. ĐỐI TƯỢNG VÀ PHƯƠNG PHÁP NGHIÊN CỨU

2.1. Đối tượng nghiên cứu

49 bệnh nhân đến khám nội soi tại Bệnh viện Đa khoa Trung Ương Cần Thơ vì các dấu hiệu đầy bụng, khó tiêu, đau bụng thượng vị, ợ hơi, ợ chua, buồn nôn,... kết quả nội soi có tổn thương niêm mạc dạ dày - tá tràng và được chẩn đoán nhiễm *H. pylori* từ tháng 11/2023 đến tháng 11/2024.

- Tiêu chuẩn chọn mẫu:

+ Bệnh nhân được chẩn đoán viêm, loét dạ dày - tá tràng trên nội soi khi đến khám tại Bệnh Viện Đa khoa Trung ương Cần Thơ.

+ Có kết quả dương tính với vi khuẩn *H. pylori* bằng CLO test trên mẫu sinh thiết niêm mạc dạ dày qua nội soi.

- Tiêu chuẩn loại trừ:

+ Bệnh nhân có chống chỉ định nội soi thực quản - dạ dày - tá tràng.

+ Bệnh nhân đến tái khám.

2.2. Phương pháp nghiên cứu

- Thiết kế nghiên cứu

Nghiên cứu mô tả cắt ngang.

- Cỡ mẫu và phương pháp chọn mẫu

Chọn mẫu theo công thức: $n = Z_{(1-\alpha/2)}^2 \frac{p(1-p)}{d^2}$

Trong đó: n: cỡ mẫu; z: hệ số tin cậy với $\alpha=0,05 \rightarrow Z=1,96$; d (sai số cho phép) = 0,05; p: *vacA* dương tính chiếm 98,3%, $p=0,983$ [4]. Áp dụng công thức, tính được cỡ mẫu tối thiểu là 41 bệnh nhân. Dự phòng 10% mất mẫu, cỡ mẫu được điều chỉnh là 46 bệnh nhân. Thực tế, nghiên cứu tiến hành trên 49 bệnh nhân.

- Nội dung nghiên cứu

Đặc điểm chung của mẫu nghiên cứu:

+ Đặc điểm chung: gồm tuổi (tính theo năm), giới tính (nam/nữ) và nghề nghiệp (nhân viên văn phòng/bán hàng; công nhân viên; nông dân; học sinh, sinh viên; khác).

+ Đặc điểm lâm sàng: các triệu chứng cơ năng (đau thượng vị, nóng rát, đầy hơi khó tiêu, buồn nôn, nôn, ợ hơi, ợ chua).

+ Đặc điểm cận lâm sàng: CLO test.

Các bước tiến hành:

Thu thập dữ liệu dựa trên phiếu thu thập số liệu xây dựng sẵn về đặc điểm dân số - xã hội học như: tuổi, giới, nghề nghiệp, lâm sàng, cận lâm sàng, gen *cagA*, *vacA* phát hiện bằng real-time PCR trên máy CFX96 Touch Real-Time PCR Detection System ở phòng sinh học phân tử của trường Đại học Y Dược Cần Thơ.

+ Bước 1: Thu thập mẫu mô sinh thiết dạ dày được lấy tại Bệnh viện Đa khoa Trung Ương Cần Thơ theo đúng tiêu chuẩn lựa chọn. Mẫu được bảo quản và vận chuyển ở nhiệt độ 2-4°C về phòng thí nghiệm.

+ Bước 2: Tách chiết DNA bằng bộ AccuRive sDNA PrepKit của Công ty TNHH Công Nghệ Sinh Học Khoa Thương (KT-Biotech)

+ Bước 3: Thực hiện kỹ thuật real-time PCR bằng bộ AccuPid *H. pylori* Genotyping Kit của Công ty TNHH Công Nghệ Sinh Học Khoa Thương (KT-Biotech)

+ Bước 4: Đọc kết quả: Sự hiện diện của gen *cagA*, *vacA* được phát hiện với ngưỡng là 10-20 copies/ phản ứng.

- Phương pháp phân tích và xử lý số liệu

Dữ liệu được kiểm tra, mã hóa và nhập liệu bằng phần mềm SPSS 20.0. Phân tích thực hiện trên SPSS 20.0, mô tả các biến bằng tần số và tỉ lệ. Kết quả real-time PCR được xử lý bằng phần mềm CFX Maestro. Mối liên quan giữa các biến được kiểm định bằng phép Chi-square, với ngưỡng ý nghĩa thống kê $p < 0,05$.

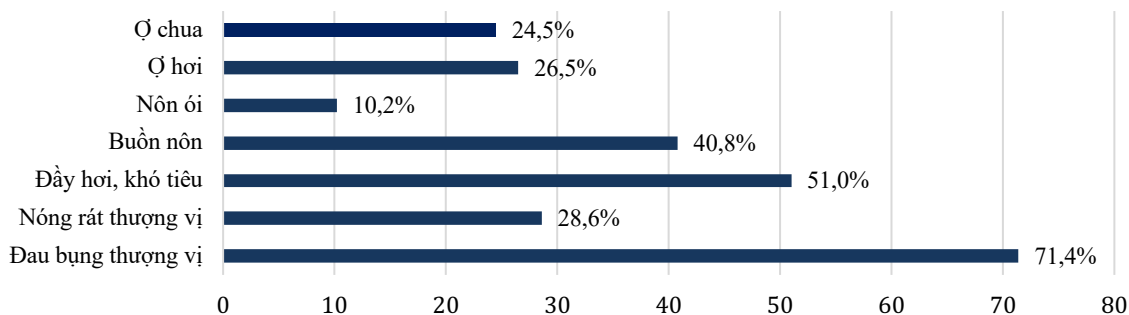
- **Đạo đức nghiên cứu:** Nghiên cứu đã được chấp thuận của Hội đồng đạo đức trong nghiên cứu y sinh học Trường Đại học Y Dược Cần Thơ, số 23.147.SV/PCT-HĐĐĐ ngày 25/12/2023.

III. KẾT QUẢ NGHIÊN CỨU

3.1. Đặc điểm chung của mẫu nghiên cứu

Nghiên cứu của chúng tôi được tiến hành trên 49 bệnh nhân, độ tuổi trung bình là $50,49 \pm 16,1$ tuổi, trong đó bệnh nhân nữ chiếm tỉ lệ ưu thế với 55,2% (tỉ lệ nữ/nam= 1,22). Số bệnh nhân đến từ tỉnh Hậu Giang chiếm tỉ lệ cao nhất với 31%, tiếp sau là Cần Thơ với

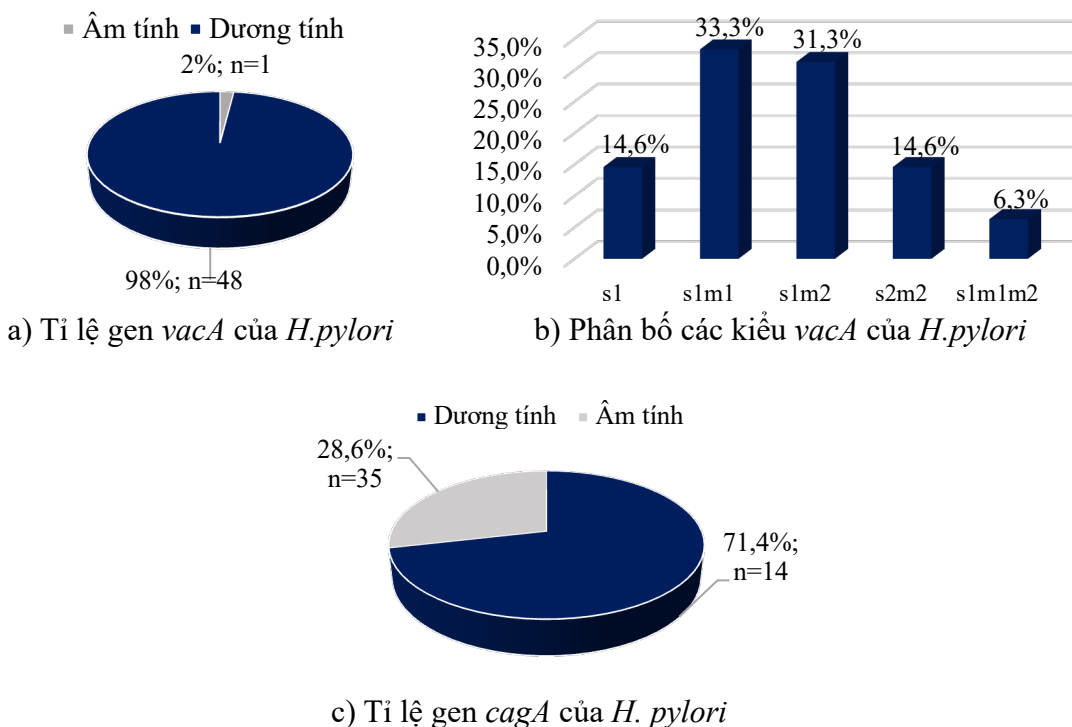
18%. Trong các nghề nghiệp được đưa vào nghiên cứu thì nông dân và NVVP/bán hàng chiếm cao nhất với tỉ lệ lần lượt 26,5% và 22,4%. Tình trạng viêm dạ dày chiếm 83,7% bệnh nhân; bệnh nhân loét dạ dày và tá tràng, viêm kết hợp loét đều chiếm 8,2%.



Biểu đồ 1: Đặc điểm lâm sàng của bệnh nhân viêm loét dạ dày - tá tràng.

Nhận xét: Bệnh nhân có triệu chứng đau bụng thượng vị thường gặp nhất với 71,4%, tiếp đến là đầy hơi, khó tiêu với 51%, buồn nôn 40,8%. Thấp nhất là triệu chứng nôn ói 10,2%.

3.2. Tỉ lệ hiện diện các gen độc lực *cagA*, *vacA* ở các bệnh nhân viêm loét dạ dày - tá tràng do *H. pylori*.



Biểu đồ 2. Tỉ lệ hiện diện các gen độc lực *cagA*, *vacA* ở các bệnh nhân viêm loét dạ dày - tá tràng do *H. pylori*

Nhận xét: Ở các bệnh nhân viêm loét dạ dày - tá tràng do *H. pylori*, tỉ lệ dương tính với *cagA* là 71,4%, tỉ lệ dương tính với *vacA* là 98%. Kiểu gen *vacA* s1 chiếm tỉ lệ 14,6%; *vacA* s1m1, *vacA* s1m2, *vacA* s2m2 và *vacA* s1m1m2 chiếm tỉ lệ tương ứng là: 33,3%, 31,3%, 14,6% và 6,3%.

Bảng 1. Mối liên quan giữa hiện diện các gen độc lực *cagA*, *vacA* và loại bệnh lý viêm loét dạ dày - tá tràng do *H. pylori*

Bệnh lý \ Genotype		<i>cagA</i>		p	<i>vacA</i>		p
		Có n(%)	Không n(%)		Có n(%)	Không n(%)	
Viêm dạ dày	Có	28(68,3)	13(31,7)	0,41*	40(97,6)	1(2,4)	1,00*
	Không	7(87,5)	1(12,5)		8(100)	0(0)	
Viêm kết hợp loét	Có	3(75)	1(25)	1,00*	4(100)	0(0)	1,00*
	Không	32(71,1)	13(28,9)		44(97,8)	1(2,2)	
Loét dạ dày	Có	4(100)	0(0)	0,31*	4(100)	0(0)	1,00*
	Không	31(68,9)	14(31,1)		44(97,8)	1(2,2)	

*kiểm định fisher

Nhận xét: Ở bệnh nhân mắc viêm dạ dày thì *cagA*, *vacA* chiếm tỉ lệ là 68,3%, 97,6%; ở bệnh nhân viêm kết hợp loét dạ dày - tá tràng thì hiện diện của *cagA* với 75% và *vacA* với 100%; còn ở nhóm bệnh nhân loét dạ dày đều có mặt của *cagA* và *vacA*. Mối liên quan giữa các bệnh lý và gen độc lực *cagA*, *vacA* chưa có ý nghĩa thống kê ($p > 0,05$).

IV. BÀN LUẬN

4.1. Đặc điểm chung của mẫu nghiên cứu

Trong 49 bệnh nhân tham gia nghiên cứu, của chúng tôi nhận thấy tỉ lệ nhiễm *H. pylori* ở bệnh nhân nữ cao hơn khá nhiều so với bệnh nhân nam và phát hiện này phù hợp với nghiên cứu của tác giả Bạch Thái Dương với tỉ lệ bệnh nhân nữ và nam lần lượt là 54,3% và 45,7% [5]. Sự khác biệt này cho thấy có thể tồn tại sự khác biệt về lối sống hoặc yếu tố môi trường khác nhau giữa hai giới ảnh hưởng đến khả năng nhiễm *H. pylori* ví dụ Zhang L và cộng sự nhận thấy rằng những người không uống rượu có tỉ lệ nhiễm *H. pylori* thấp hơn đáng kể so với những người uống rượu với tỉ lệ lần lượt là 11,4% và 32,7% [6], có thể gián tiếp kích thích sự phát triển của *H. pylori* trong dạ dày nếu người đó bị nhiễm bệnh, nên chưa có sự thống nhất thật sự về tỉ lệ mắc bệnh phụ thuộc vào giới tính. Trong số 49 bệnh nhân tham gia nghiên cứu, triệu chứng được mô tả nhiều nhất là đau bụng thượng vị với 71,4%, theo sau đó là đầy hơi, khó tiêu với 51%, triệu chứng xuất hiện với tỉ lệ thấp nhất là nôn ói (10,2%). Các triệu chứng này thường khiến bệnh nhân phiền muộn và tìm đến bác sĩ, đây cũng là các đặc điểm lâm sàng chính mà một số tác giả khác cũng đề cập đến trong nghiên cứu của mình. Theo kết quả nghiên cứu từ Bệnh viện Y học cổ truyền Hà Đông của tác giả Phạm Mỹ Linh và cộng sự [7], 100% bệnh nhân có biểu hiện đau vùng thượng vị, ợ hơi và đầy bụng chập tiêu xẹp sau đó với tỉ lệ lần lượt là 86,7%; 77,3%. Nghiên cứu của tác giả Bạch Thái Dương và cộng sự (2023) tại Bệnh viện trường Đại học Y Dược Cần Thơ [5], bệnh nhân đến khám và điều trị do những triệu chứng lâm sàng điển hình sau: đau bụng thượng vị 70,7%; nóng rát thượng vị 50,0%; đầy hơi, khó tiêu 65,5%; buồn nôn 56,0%; nôn ói 32,8%; ợ hơi 56,9%; ợ chua 50,9%; chán ăn 95,7% và sụt cân 34,5%. Tuy nhiên, vào những năm về trước ở một số nước phát triển như Mỹ, tỉ lệ bệnh nhân nhiễm *H. pylori* có triệu chứng lâm sàng điển hình lại thấp hơn. Nhiễm trùng *H. pylori* kéo dài trong nhiều năm, thậm chí là suốt đời dẫn đến việc bệnh nhân viêm dạ dày mãn tính, được ghi nhận là không có triệu chứng rõ ràng. Điều này được lý giải bởi sự khác biệt trong chủng vi khuẩn, yếu tố di truyền, chế độ ăn uống và môi trường sống.

4.2. Tỷ lệ hiện diện các gen độc lực *cagA*, *vacA* ở các bệnh nhân viêm loét dạ dày - tá tràng do *H. pylori*

Các đặc điểm sinh học và yếu tố gây bệnh của *H. pylori* biến thiên theo từng vùng địa lý, cho thấy đây là một loài vi khuẩn không đồng nhất và có tính đa dạng đáng kể. Tỷ lệ các biểu hiện lâm sàng về các bệnh lý dạ dày khác nhau có thể được giải thích, chủ yếu là do sự xuất hiện của các tác nhân độc lực khác nhau của *H. pylori*, như *cagA*, *vacA* và một số yếu tố độc lực khác. Một số nghiên cứu trước đây đã tập trung vào sự đa dạng của các kiểu gen độc lực *H. pylori vacA* và *cagA*. Tuy nhiên, có rất ít thông tin có sẵn liên quan đến tần suất của các kiểu gen *H. pylori vacA* và *cagA* ở các bệnh nhân đến khám tại Bệnh viện Đa khoa Trung Ương Cần Thơ. Trong 49 bệnh nhân viêm loét dạ dày - tá tràng do *H. pylori* tham gia nghiên cứu có độc tố *cagA(+)* chiếm 71,4%, *cagA(-)* chiếm 28,6%, cho thấy đây là một trong những yếu tố độc lực phổ biến và có liên quan chặt chẽ đến mức độ nghiêm trọng của bệnh. Kết quả này cũng tương đương với một số nghiên cứu trong nước trước đây như của tác giả Nguyễn Thị Mai Ngân (2022) [8], có tỷ lệ 80%.

Độc tố tế bào gây không bào A (*vacA*) là một protein đa phân tử cao có trong tất cả các chủng *H. pylori*. Đây là một độc tố đa chức năng tiết ra gây ra hiện tượng tạo không bào ở tế bào, gây rối loạn vận chuyển nội lysosome, thúc đẩy quá trình apoptosis và điều hòa miễn dịch, gen *vacA* thể hiện mức độ đa dạng cao vì nó bao gồm ba vùng đa hình chính; vùng tín hiệu (s), vùng giữa (m) và vùng trung gian (i). Sự kết hợp của các biến thể alen chủ yếu ở vùng s (*s1* và *s2*) và vùng m (*m1* và *m2*) của gen *vacA*, chủ yếu chịu trách nhiệm về mức độ nghiêm trọng của các tác động tạo không bào của nhiều chủng *H. pylori*. Theo nghiên cứu của chúng tôi cho thấy: tỷ lệ *vacA* dương tính 48/49 (98%), trong đó *vacA s1*, *vacA s1m1*, *vacA s1m2*, *vacA s2m2* và *vacA s1m1m2* chiếm tỷ lệ tương ứng là: 14,6%, 33,3%, 31,3%, 14,6% và 6,3%.

Nhìn chung, nghiên cứu của chúng tôi cho thấy tỷ lệ lưu hành cao của kiểu gen *vacA* (98%) chủ yếu là các tuýp *s1m1* và *s1m2* khiến bệnh nhân có khả năng dễ mắc các bệnh liên quan đến *H. pylori* hơn. Có thể có sự khác biệt về nguồn gốc địa lý dẫn đến sự khác biệt giữa kết quả của nghiên cứu này và kết quả ở Iraq. Kết quả của chúng tôi khác với nghiên cứu ở Iraq [9], *s2m2* là phổ biến nhất, với tỷ lệ 29/55 (52,7%) là phổ biến nhất, tiếp theo là *s1m1* 20/55 (36,4%), *s1m2* 5/55 (9,1%) và kiểu gen *s2m1* chỉ được tìm thấy ở một chủng.

4.3. Mối liên quan giữa hiện diện các gen độc lực *cagA*, *vacA* và các loại bệnh lý viêm loét dạ dày - tá tràng do *H. pylori*

Nghiên cứu của chúng tôi cho thấy tỷ lệ dương tính với *cagA* ở bệnh nhân mắc viêm dạ dày chiếm tỷ lệ 68,3%, với loét dạ dày chiếm 100%, viêm kết hợp với loét chiếm 75%, tương đồng với các nghiên cứu khác. Nghiên cứu của tác giả Nguyễn Thị Mai Ngân [8], cho kết quả tỷ lệ dương tính *cagA* rất cao, lên đến 90% ở bệnh ung thư dạ dày, loét dạ dày - tá tràng là 85,7% và viêm dạ dày là 74,6%. Nghiên cứu của chúng tôi khác kết quả với tác giả Thái Thị Hồng Nhung [10], cho kết quả dương tính với *cagA* ở bệnh nhân loét dạ dày - tá tràng chiếm tỷ lệ 95% và viêm dạ dày mạn chiếm 71,1%. Mối liên quan giữa *cagA* và các bệnh lý đã được nhiều nghiên cứu chứng minh tuy nhiên kết quả vẫn chưa được thống nhất.

Chúng tôi ghi nhận có 48 mẫu bệnh có dương tính với *vacA* - chiếm tỷ lệ 98% và 1 mẫu bệnh âm tính. Đối với 48 mẫu dương tính, dạng bệnh viêm dạ dày chiếm tỷ lệ 97,6%, kế tiếp là 2 dạng bệnh loét dạ dày và viêm kết hợp loét đồng tỷ lệ 100%. Hiện tại chúng tôi chưa ghi nhận được mối liên quan trực tiếp của *vacA* lên các bệnh lý. Điều này do nghiên cứu của chúng tôi còn hạn chế về cỡ mẫu nhỏ và chỉ xét sự hiện diện (+ hoặc -) của *cagA*,

vacA nên khó thấy sự khác biệt. Theo nhiều nghiên cứu chỉ ra rằng độc tố của *vacA* còn phụ thuộc vào các kiểu gene vùng *smi*, tác giả Nguyễn Thị Mai Ngân và cộng sự chỉ ra rằng các tổ hợp gene cụ thể như *cagA(+)/vacA s1m1i1* có tỉ lệ cao nhất ở nhóm bệnh loét dạ dày - tá tràng [8]. Do đó, kết quả của chúng tôi có thể đóng góp thêm vào sự hiểu biết về độc tố này.

V. KẾT LUẬN

Qua nghiên cứu 49 bệnh nhân đến khám nội soi tại Bệnh viện Đa khoa Trung Ương Cần Thơ, chúng tôi ghi nhận tỉ lệ *cagA(+)*, *vacA(+)* cao với lần lượt là 71,4% và 98%. Không tìm thấy mối liên quan giữa bệnh lý viêm loét dạ dày - tá tràng với sự phân bố của *cagA*, *vacA*.

LỜI CẢM ƠN

Nhóm nghiên cứu xin chân thành cảm ơn Trường Đại học Y Dược Cần Thơ đã hỗ trợ kinh phí thực hiện đề tài theo Quyết định giao thực hiện số 4630/QĐ-ĐHYDCT ngày 29 tháng 12 năm 2023 của Trường Đại học Y Dược Cần Thơ.

TÀI LIỆU THAM KHẢO

1. Yamaoka, Y., Pathogenesis of *Helicobacter pylori*-related gastroduodenal diseases from molecular epidemiological studies. *Gastroenterol Res Pract.* 2012. 2012, 371503. DOI: 10.1155/2012/371503.
 2. Hoang, T.T., et al. Seroprevalence of *Helicobacter pylori* infection in urban and rural Vietnam. *Clin diagn lab immunol.* 2005. 12(1), 81-5. DOI: 10.1128/cdli.12.1.81-85.2005
 3. Malfertheiner, P., et al. *Helicobacter pylori* infection. *Nature reviews disease primers.* 2023. 9(1), 19. DOI: 10.1038/s41572-023-00431-8
 4. Trần Thiện Trung, Quách Hữu Lộc, Trần Thiện Khiêm, Trần Ái Anh, Nguyễn Thị Minh Tâm và cộng sự, Kết quả nghiên cứu gen *cagA* và các gen *vacA* của *Helicobacter pylori* trên bệnh nhân viêm dạ dày bằng phương pháp multiplex PCR. *Tạp chí Y học Thành phố Hồ Chí Minh*, 2013. 17(4), 11.
 5. Bạch Thái Dương và cộng sự, Khảo sát hình ảnh nội soi và tình hình nhiễm *Helicobacter pylori* ở bệnh nhân viêm loét dạ dày- tá tràng tại bệnh viện trường Đại học Y Dược Cần Thơ. *Tạp chí Y Dược học Cần Thơ.* 2023(56), 37-44. DOI: 10.58490/ctump.2023i56.497.
 6. Zhang, L., et al. Relationship between alcohol consumption and active *Helicobacter pylori* infection. *Alcohol Alcohol*, 2010. 45(1), 89-94. DOI: 10.1093/alcalc/agg068.
 7. Phạm Mỹ Linh và Nguyễn Thị Thanh Tú. Đặc điểm lâm sàng và cận lâm sàng bệnh nhân viêm loét dạ dày tá tràng có *Helicobacter pylori* dương tính tại bệnh viện Y học cổ truyền Hà Đông. *Tạp chí Y học Việt Nam.* 2024. 536(1). DOI:10.51298/vmj.v536i1.8666.
 8. Nguyễn Thị Mai Ngân và Hà Thị Minh Thi, Nghiên cứu tỉ lệ mang gene *cagA* và kiểu gene *vacA* của vi khuẩn *Helicobacter pylori* ở bệnh nhân bệnh lý dạ dày - tá tràng. *Tạp chí Y Dược học.* 2022. 12(01), 75. DOI: 10.34071/jmp.2022.1.10.
 9. Al-Ouqaili, M.T.S., et al. Study of vacuolating cytotoxin a (*vacA*) genotypes of ulcerogenic and non-ulcerogenic strains of *Helicobacter pylori* and its association with gastric disease. *Saudi J Biol Sci.* 2023. 30(12), 103867. DOI: 10.1016/j.sjbs.2023.103867
 10. Thái Thị Hồng Nhung, Nguyễn Thái Hòa, Nguyễn Hồng Phong, Nguyễn Thị Hải Yến, Nguyễn Thị Bé Hai và cộng sự, Nghiên cứu tỉ lệ mang gene *cagA* của vi khuẩn *Helicobacter pylori* và mối liên quan với bệnh lý dạ dày - tá tràng. *Tạp chí Y Dược học Cần Thơ.* 2023. (67), 13-19. DOI: 10.58490/ctump.2023i67.2175.
-