

DOI: 10.58490/ctjump.2026i102.4816

**NGHIÊN CỨU ĐA HÌNH rs501120 GEN CXCL12 VÀ MỘT SỐ YẾU TỐ
LIÊN QUAN VỚI MỨC ĐỘ TỔN THƯƠNG ĐỘNG MẠCH VÀNH Ở
BỆNH NHÂN HỘI CHỨNG ĐỘNG MẠCH VÀNH MẠN TẠI MỘT SỐ
BỆNH VIỆN TẠI CẦN THƠ NĂM 2024-2026**

Ngô Công Nghiệp, Phạm Thị Ngọc Nga, Kha Hữu Nhân, Nguyễn Thị Diễm*

Trường Đại học Y Dược Cần Thơ

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

Ngày nhận bài: 17/3/2026

Ngày phản biện: 07/8/2026

Ngày duyệt đăng: 25/8/2026

TÓM TẮT

Đặt vấn đề: Bệnh động mạch vành là nguyên nhân tử vong hàng đầu trên thế giới. Ngoài các yếu tố nguy cơ truyền thống thì yếu tố di truyền có vai trò quan trọng trong cơ chế xơ vữa bệnh động mạch vành. Đa hình rs501120 của gen CXCL12 được xem là có liên quan đến tổn thương động mạch vành. **Mục tiêu nghiên cứu:** Khảo sát đặc điểm đa hình rs501120 gen CXCL12 và một số yếu tố liên quan với mức độ tổn thương động mạch vành ở bệnh nhân hội chứng động mạch vành mạn.

Đối tượng và phương pháp nghiên cứu: Nghiên cứu mô tả cắt ngang trên 84 bệnh nhân nhập viện tại Bệnh viện Đa khoa Trung ương Cần Thơ và Bệnh viện Trường Đại học Y Dược Cần Thơ được chẩn đoán hội chứng động mạch vành mạn và có chụp mạch vành qua da từ năm 2024 - 2026. **Kết quả:** Tỷ lệ kiểu gen đa hình rs501120 trong nhóm hẹp ý nghĩa lần lượt là CC: 7,1%, CT: 23,8% và TT: 69%, kiểu gen TT được ghi nhận là yếu tố liên quan độc lập với tổn thương động mạch vành theo thang điểm Gensini với $p = 0,043$. Hút thuốc lá ($p = 0,001$), tăng huyết áp ($p = 0,029$), béo phì ($p = 0,019$) và tiền sử gia đình mắc bệnh tim mạch sớm ($p < 0,001$) có liên quan có ý nghĩa thống kê với tình trạng hẹp ý nghĩa động mạch vành. **Kết luận:** Kiểu gen TT đa hình rs501120 là yếu tố liên quan độc lập với tổn thương động mạch vành theo thang điểm Gensini.

Từ khóa: CXCL12, rs501120, hội chứng động mạch vành mạn, tổn thương động mạch vành.

ABSTRACT

**RESEARCH ON THE rs501120 POLYMORPHISM IN THE CXCL12 GENE
AND SOME FACTORS ASSOCIATED WITH CORONARY ARTERY
LESIONS IN PATIENTS WITH CHRONIC CORONARY SYNDROME AT
SEVERAL HOSPITALS IN CAN THO, 2024-2026**

Ngo Cong Nghiep, Pham Thi Ngoc Nga, Kha Huu Nhan, Nguyen Thi Diem*

Can Tho University of Medicine and Pharmacy

Background: Coronary artery disease is the leading cause of death worldwide. In addition to traditional risk factors, genetic factors play a significant role in the mechanisms of atherosclerosis and coronary artery disease. The rs501120 polymorphism of the CXCL12 gene is considered to be associated with coronary artery damage. **Objectives:** To investigate the characteristics of the rs501120 polymorphism of the CXCL12 gene and to evaluate factors associated with the severity of coronary artery lesions in patients with chronic coronary syndrome.

Materials and methods: A cross-sectional descriptive study was conducted on 84 patients diagnosed with chronic coronary syndrome who underwent coronary angiography at Can Tho Central General Hospital and Can Tho University of Medicine and Pharmacy Hospital between 2024 and 2026.

Results: The genotype frequencies for the rs501120 polymorphism in the significant stenosis group

were CC: 7.1%, CT: 23.8%, and TT: 69%; the TT genotype was identified as an independent factor associated with coronary artery lesions based on the Gensini score with $p = 0.043$. Smoking ($p = 0.001$), hypertension ($p = 0.029$), obesity ($p = 0.019$), and a family history of premature cardiovascular disease ($p < 0.001$) were statistically significantly associated with significant coronary artery stenosis. **Conclusion:** The TT genotype of the rs501120 polymorphism is independently associated with coronary artery lesions as assessed by the Gensini score.

Keywords: CXCL12, rs501120, chronic coronary syndrome, coronary artery lesions.

I. ĐẶT VẤN ĐỀ

Bệnh tim mạch là một trong những nguyên nhân gây tử vong hàng đầu trên toàn thế giới. Số ca mắc hiện hành đã tăng hơn gấp đôi với 311 triệu ca năm 1990 và 626 triệu ca trên toàn cầu vào năm 2023 [1]. Trong những năm gần đây, nhiều đa hình đơn nucleotide liên quan đã được xác định, mặc dù chức năng của nhiều đa hình vẫn chưa được hiểu rõ.

Vai trò của CXCL12 trong bệnh tim mạch do xơ vữa đã nổi lên như một trong những trọng tâm nghiên cứu trong những năm gần đây. Các nghiên cứu chỉ ra rằng alen T của đa hình rs501120 ($p = 0,041$) có liên quan đến nồng độ CXCL12 trong máu cao hơn, từ đó dẫn đến việc gia tăng các biến cố tim mạch bất lợi [2]. Các nghiên cứu liên kết toàn bộ hệ gen trên người đã phát hiện ra các locus mới liên quan đến bệnh động mạch vành mở ra cơ hội khám phá các con đường bệnh lý mới. Một trong những locus được xác định tại vùng 10q11 của nhiễm sắc thể số 10, gần gen mã hóa chemokine CXCL12, đã được chứng minh là có liên quan đến bệnh tim mạch qua nhiều nghiên cứu trên người [3].

Tại Việt Nam, dữ liệu về mối liên quan giữa đa hình rs501120 của gen CXCL12 với tổn thương động mạch vành còn hạn chế, đặc biệt trên nhóm bệnh nhân hội chứng động mạch vành mạn, đối tượng có tiến trình xơ vữa kéo dài và chịu ảnh hưởng đồng thời của cả yếu tố di truyền và môi trường. Do đó, xuất phát từ nhu cầu thực tiễn trên, nghiên cứu được thực hiện nhằm mục đích khảo sát đặc điểm đa hình rs501120 của gen CXCL12 và một số yếu tố liên quan với mức độ tổn thương động mạch vành ở bệnh nhân hội chứng động mạch vành mạn.

II. ĐỐI TƯỢNG VÀ PHƯƠNG PHÁP NGHIÊN CỨU

2.1. Đối tượng nghiên cứu

Những bệnh nhân nhập viện tại Bệnh viện Đa khoa Trung ương Cần Thơ và Bệnh viện Trường Đại học Y Dược Cần Thơ được chẩn đoán hội chứng động mạch vành mạn và có chụp mạch vành qua da từ năm 2024-2026.

- Tiêu chuẩn chọn mẫu:

Bệnh nhân được chẩn đoán hội chứng động mạch vành mạn theo Bộ Y tế 2023 và được chụp mạch vành qua da [4], [5].

- Tiêu chuẩn loại trừ:

Chống chỉ định chụp mạch vành theo Bộ Y tế [5]:

- + Người bệnh trong tình trạng nhiễm khuẩn nặng.
- + Người bệnh có tiền sử sốc phản vệ với thuốc cản quang.
- + Người bệnh suy thận độ lọc cầu thận < 30 mL/phút/1,73 m² da.

2.2. Phương pháp nghiên cứu

- **Thiết kế nghiên cứu:** Nghiên cứu mô tả cắt ngang.

- **Cỡ mẫu:** Áp dụng công thức:

$$n = \frac{Z_{1-\frac{\alpha}{2}}^2 p(1-p)}{d^2}$$

p: Tỷ lệ alen T đa hình rs501120 trong nghiên cứu PennCAC [6] với $p = 0,86$; $z = 1,96$ với độ tin cậy 95% và $d = 0,08$.

Cỡ mẫu n tối thiểu là: ≈ 73 (người bệnh).

Thực tế chọn được: 84 (người bệnh).

- **Phương pháp chọn mẫu:** Tất cả bệnh nhân được chẩn đoán hội chứng động mạch vành mạn thỏa tiêu chuẩn chọn bệnh và được chụp động mạch vành qua da thì đưa vào nghiên cứu.

- **Nội dung nghiên cứu:**

Đối tượng nghiên cứu chia thành hai nhóm:

+ Hẹp ý nghĩa: Khi có tình trạng xơ vữa gây hẹp $\geq 50\%$ đường kính lòng mạch của ít nhất một nhánh động mạch vành [8].

+ Hẹp không ý nghĩa: Bệnh nhân được chụp động mạch vành qua da có tình trạng xơ vữa gây hẹp $< 50\%$ đường kính lòng mạch của các nhánh động mạch vành.

+ Mức độ tổn thương động mạch vành: Được đánh giá bằng thang điểm Gensini. Theo Mirjalili và cộng sự (2025), tổng điểm Gensini được phân thành ba mức: nhẹ (< 26), trung bình ($26 - 54$) và nặng (> 54) [9].

+ Đặc điểm yếu tố nguy cơ tim mạch ở bệnh nhân hội chứng động mạch vành mạn gồm: Tuổi, giới tính, tăng huyết áp, đái tháo đường, rối loạn lipid máu, hút thuốc lá, béo phì, tiền sử gia đình mắc bệnh tim mạch sớm ở nhóm hẹp ý nghĩa và hẹp không ý nghĩa.

+ Đặc điểm kiểu gen đa hình rs501120 của gen *CXCL12* gồm: CC, CT, TT.

+ Đặc điểm kiểu alen của đa hình rs501120 của gen *CXCL12* gồm C và T.

+ Mối liên quan giữa đa hình rs501120 của gen *CXCL12*, một số yếu tố liên quan với mức độ tổn thương động mạch vành theo thang điểm Gensini

- **Phương pháp thu thập và xử lý số liệu:** Số liệu được thu thập theo mẫu phiếu nghiên cứu đã thiết kế sẵn, sau đó được kiểm tra, mã hóa và nhập vào máy tính để xử lý bằng phần mềm SPSS phiên bản 23.0. Các biến định tính được trình bày dưới dạng tần số và tỷ lệ phần trăm (n, %). Các biến định lượng được biểu diễn bằng giá trị trung bình và độ lệch chuẩn ($\bar{X} \pm SD$). Sự khác biệt về tỷ lệ giữa các nhóm được so sánh bằng kiểm định Chi-square. Mối liên quan giữa các yếu tố được đánh giá thông qua Odds ratio (OR) và khoảng tin cậy 95%. Giá trị $p < 0,05$ được xem là có ý nghĩa thống kê. Kiểm định Hardy-Weinberg equilibrium (HWE) để kiểm định phân bố kiểu gen.

- **Địa điểm nghiên cứu:** Khoa Tim mạch can thiệp Bệnh viện Đa khoa Trung ương Cần Thơ và Khoa Tim mạch can thiệp - Thần kinh Bệnh viện Trường Đại học Y Dược Cần Thơ.

- **Thời gian nghiên cứu:** Từ năm 2024 đến năm 2026.

- **Đạo đức trong nghiên cứu:** Nghiên cứu được thông qua bởi Hội đồng đạo đức trong nghiên cứu y sinh học của Trường Đại học Y Dược Cần Thơ theo phiếu chấp thuận số 24.226.HV/PCT-HĐĐĐ. Tất cả thông tin của đối tượng nghiên cứu được bảo mật và chỉ sử dụng cho mục đích nghiên cứu khoa học.

III. KẾT QUẢ NGHIÊN CỨU

3.1. Đặc điểm yếu tố nguy cơ tim mạch ở bệnh nhân hội chứng động mạch vành mạn

Bảng 1. Đặc điểm yếu tố nguy cơ tim mạch ở bệnh nhân hội chứng động mạch vành mạn

Yếu tố nguy cơ		Nhóm hợp ý nghĩa (n, %)	Nhóm hợp không ý nghĩa (n, %)	Tổng (n, %)	p
Tuổi	< 60	10 (23,8)	12 (28,6)	22 (26,2)	0,62
	≥ 60	32 (76,2)	30 (71,4)	62 (73,8)	
$\bar{X} \pm SD$		66,74 ± 8,55	65,05 ± 11,01	65,89 ± 9,84	
Giới tính	Nữ	17 (40,5)	25 (59,5)	42 (50)	0,081
	Nam	25 (59,5)	17 (40,5)	42 (50)	
Hút thuốc lá	Có	24 (57,1)	9 (21,4)	33 (39,3)	0,001
Tăng huyết áp	Có	41 (97,6)	34 (81)	75 (89,3)	0,029*
Đái tháo đường	Có	12 (28,6)	8 (19)	20 (23,8)	0,306
Béo phì	Có	5 (11,9)	14 (33,3)	19 (22,6)	0,019
Rối loạn lipid máu	Có	40 (95,2)	40 (95,2)	80 (95,2)	1*
Tiền sử gia đình mắc bệnh tim mạch sớm	Có	22 (52,4)	2 (4,8)	24 (28,6)	<0,001

* Kiểm định Fisher

Nhận xét: Kết quả ghi nhận độ tuổi trung bình của nghiên cứu là 65,89 ± 9,84 tuổi. Hút thuốc lá (p = 0,001), tăng huyết áp (p = 0,029), béo phì (p = 0,019) và tiền sử gia đình mắc bệnh tim mạch sớm (p < 0,001) có liên quan có ý nghĩa thống kê với tình trạng hợp ý nghĩa động mạch vành.

3.2. Đặc điểm kiểu gen, kiểu alen đa hình rs501120 gen CXCL12

Bảng 2. Đặc điểm kiểu gen, kiểu alen đa hình rs501120 gen CXCL12

rs501120		Nhóm hợp ý nghĩa (n, %)	Nhóm hợp không ý nghĩa (n, %)	OR(95% CI)	p
Kiểm định cân bằng Hardy - Weinberg equilibrium: p = 0,093					
Kiểu gen	CC	3 (7,1)	7 (16,7)	-	0,03
	CT	10 (23,8)	18 (42,9)		
	TT	29 (69)	17 (40,5)		
Kiểu alen	T	68 (81)	52 (61,9)	2,62 (1,30-5,27)	0,006
	C	16 (19)	32 (38,1)		

Nhận xét: Kết quả cho thấy mối liên quan có ý nghĩa thống kê giữa đa hình rs501120 gen CXCL12 với tình trạng hợp ý nghĩa động mạch vành xét trên cả 2 phương diện: Kiểu gen (p = 0,03) và kiểu alen (p = 0,006).

3.3. Mối liên quan giữa đặc điểm đa hình rs501120 gen CXCL12 và một số yếu tố liên quan với mức độ tổn thương động mạch vành

Bảng 3. Liên quan giữa đặc điểm đa hình rs501120 gen CXCL12 với mức độ tổn thương động mạch vành theo thang điểm Gensini

rs501120		Gensini			p
		Nhẹ (n, %)	Trung bình (n, %)	Nặng (n, %)	
Kiểu gen	CC	10 (16,4)	-	-	0,094*
	CT	23 (37,7)	2 (28,6)	3 (18,8)	
	TT	28 (45,9)	5 (71,4)	13 (81,4)	
Kiểu alen	C	43 (35,2)	2 (14,3)	3 (9,4)	0,007
	T	79 (64,8)	12 (85,7)	29 (90,6)	

* Kiểm định Fisher

Nhận xét: Kết quả cho thấy sự khác biệt có ý nghĩa thống kê giữa kiểu alen đa hình rs501120 với mức độ tổn thương động mạch vành theo thang điểm ($p = 0,007$).

Bảng 4. Hồi quy logistic đa biến khảo sát mối liên quan giữa đa hình rs501120 và một số yếu tố liên quan với tổn thương động mạch vành theo thang điểm Gensini

Biến độc lập	Hệ số tương quan B	OR (Exp B)	OR (KTC 95%)	p
TT	1,78	5,92	1,06 - 33,02	0,043
Tuổi	0,48	1,61	0,27 - 9,50	0,596
Giới tính	0,25	1,29	0,10 - 16,43	0,845
Hút thuốc lá	2,47	11,87	0,97 - 144,67	0,052
Đái tháo đường	- 0,43	0,65	0,10 - 4,14	0,647
Béo phì	- 2,99	0,05	0,01 - 0,53	0,013
Rối loạn lipid máu	- 1,89	0,15	0,01 - 2,50	0,187
Tiền sử gia đình mắc bệnh tim mạch sớm	- 0,32	0,72	0,14 - 3,70	0,697

Nhận xét: Sau khi hiệu chỉnh các biến trong mô hình hồi quy logistic đa biến, kiểu gen TT có liên quan độc lập với tổn thương động mạch vành theo thang điểm Gensini với ($p = 0,043$). Bên cạnh đó, béo phì cũng có mối liên quan có ý nghĩa thống kê với tổn thương động mạch vành theo thang điểm Gensini ($p = 0,013$).

IV. BÀN LUẬN

4.1. Đặc điểm yếu tố nguy cơ tim mạch ở bệnh nhân hội chứng động mạch vành mạn

Đối tượng nghiên cứu của chúng tôi có tuổi trung bình $65,89 \pm 9,84$ tuổi, tương đồng với thử nghiệm ENLIGHT-KHK năm 2025 ($66,5 \pm 10,4$ tuổi) [10] cho thấy bệnh động mạch vành chủ yếu gặp ở nhóm người cao tuổi. Tỷ lệ nam giới chiếm 59,5%, phù hợp với nghiên cứu của Trần Hòa (53,8%) [11], phản ánh xu hướng nam giới vẫn là đối tượng mắc bệnh chiếm ưu thế. Về các yếu tố nguy cơ tim mạch, tăng huyết áp (97,6%) và rối loạn lipid máu (95,2%) là hai yếu tố thường gặp nhất ở nhóm hẹp động mạch vành có ý nghĩa. So với thử nghiệm ENLIGHT - KHK, nghiên cứu của chúng tôi ghi nhận tỷ lệ tăng huyết áp (97,6% so với 83,3%), rối loạn lipid máu (95,2% so với 55,5%), hút thuốc lá (57,1% so với 52,2%) và tiền sử gia đình mắc bệnh tim mạch sớm (52,4% so với 31,9%) cao hơn, trong khi đái tháo đường (28,6% so với 33,1%) và béo phì (11,9% so với 78,8%) thấp hơn [10]. Những khác biệt này có thể phản ánh sự khác nhau về đặc điểm dân số nghiên cứu và phân bố các yếu tố nguy cơ giữa các quần thể.

4.2. Đặc điểm đa hình rs501120 của gen *CXCL12* ở bệnh nhân hội chứng động mạch vành mạn

Xét về phân bố kiểu gen, tỷ lệ bệnh nhân mang kiểu gen TT ở nhóm hẹp ý nghĩa cao hơn so với nhóm hẹp không ý nghĩa (69% so với 40,5%; $p = 0,03$). Ở cấp độ alen, sự hiện diện của alen T cũng ghi nhận vai trò là một yếu tố nguy cơ mạnh khi làm tăng khả năng hẹp ý nghĩa mạch vành lên 2,62 lần so với alen C ($p = 0,006$). Khi so sánh với các nghiên cứu trước đây trên thế giới, tỷ lệ kiểu gen TT của chúng tôi thấp hơn phân tích tổng hợp WTCCC [7], với tỷ lệ các kiểu gen CC, CT và TT lần lượt là 1,1%, 19,7% và 79,2%, và cao hơn nghiên cứu của Xie Fang [12] ghi nhận tỷ lệ CC, CT và TT lần lượt là 6,7%, 44,4% và 48,9% cho thấy có sự đa dạng rõ rệt về tần suất phân bố kiểu gen của đa hình rs501120 gen

CXCL12 giữa các quần thể dân cư và các quốc gia khác nhau. Sự khác biệt này có thể do yếu tố chủng tộc và đặc điểm di truyền.

4.3. Liên quan giữa đa hình gen rs501120 gen *CXCL12* và một số yếu tố liên quan với tổn thương động mạch vành

Kết quả nghiên cứu ghi nhận mối liên quan có ý nghĩa thống kê giữa các alen của đa hình rs501120 với mức độ tổn thương động mạch vành theo thang điểm Gensini ($p = 0,007$). Khi so sánh với các nghiên cứu trước đây, Samani và cộng sự ghi nhận alen T làm tăng nguy cơ mắc bệnh động mạch vành với $OR = 1,11$ (KTC 95%: 1,05 - 1,18; $p = 4,34 \times 10^{-4}$) [13], cả hai nghiên cứu đều thống nhất rằng alen T có liên quan với nguy cơ cao hơn đối với bệnh động mạch vành. Tương tự nghiên cứu của Jan Bressler và cộng sự ghi nhận sự khác biệt rõ rệt về mức độ liên quan đến bệnh tim mạch vành theo chủng tộc. Ở quần thể người da trắng, mô hình rủi ro ghi nhận biến thể rs501120 làm tăng nguy cơ mắc mạch vành có ý nghĩa thống kê ($p = 0,030$) [14]. Sau khi hiệu chỉnh đầy đủ các yếu tố nguy cơ tim mạch truyền thống ở mô hình 2, mối liên quan này càng trở nên rõ nét hơn với ($p = 0,006$) [14], khẳng định vai trò tiên đoán độc lập của rs501120. Đặc biệt, sau khi hiệu chỉnh các yếu tố nguy cơ tim mạch truyền thống bằng mô hình hồi quy logistic đa biến, kiểu gen TT vẫn là yếu tố tiên đoán độc lập đối với tổn thương động mạch vành qua thang điểm Gensini với $OR = 5,92$ (KTC 95%: 1,06 - 33,02; $p = 0,043$), cho thấy ảnh hưởng của rs501120 không hoàn toàn phụ thuộc vào các yếu tố nguy cơ tim mạch truyền thống mà còn phản ánh vai trò độc lập của yếu tố di truyền trong quá trình tiến triển của xơ vữa động mạch. Tuy nhiên khi phân tích mô hình đa biến, nhiều yếu tố nguy cơ tim mạch chưa chứng minh được vai trò độc lập với tổn thương động mạch vành, ngoại trừ béo phì có mối liên quan có ý nghĩa thống kê ($p = 0,013$).

V. KẾT LUẬN

Kiểu gen TT đa hình rs501120 là yếu tố liên quan độc lập với tổn thương động mạch vành theo thang điểm Gensini. Cần xem xét đa hình rs501120 của gen *CXCL12* như là một yếu tố di truyền tiềm năng trong bệnh mạch vành.

TÀI LIỆU THAM KHẢO

1. Global Burden of Cardiovascular Diseases and Risks 2023 Collaborators. Global, regional, and national burden of cardiovascular diseases and risk factors in 204 countries and territories, 1990 - 2023. *Journal of the American College of Cardiology*. 2025. 86(22), 2167-2243, <https://doi.org/10.1016/j.jacc.2025.08.015>
2. Zhang S, Ding Y, Feng F, Gao Y. The role of blood CXCL12 level in prognosis of coronary artery disease: A meta-analysis. *Frontiers In Cardiovascular Medicine*. 2022.9, 938540, <https://doi.org/10.3389/fcvm.2022.938540>
3. Farouk SS, Rader DJ, Reilly MP, Mehta NN. CXCL12: A new player in coronary disease identified through human genetics. *Trends In Cardiovascular Medicine*. 2010.20(6), 204-209, <https://doi.org/10.1016/j.tcm.2011.08.002>
4. Bộ Y tế. Hướng dẫn chẩn đoán và điều trị hội chứng mạch vành mạn. Nhà xuất bản Y học. 2023, 1-10.
5. Bộ Y tế. Hướng dẫn quy trình kỹ thuật Nội khoa, chuyên ngành Tim mạch. Nhà xuất bản Y học. 2017, 15-22.
6. Mehta NN, Li M, William D, Khera AV, DerOhannessian S, et al. The novel atherosclerosis locus at 10q11 regulates plasma CXCL12 levels. *European heart journal*. 2011.32(8), 963-971. <https://doi.org/10.1093/eurheartj/ehr091>

7. Samani NJ, Erdmann J, Hall AS, Hengstenberg C, Mangino M, *et al.* Genomewide association analysis of coronary artery disease. *New England Journal of Medicine*. 2007.357(5), 443-453, <https://doi.org/10.1056/NEJMoa072366>
8. Jing J, Su L, Zeng Y, Tang X, Wei J, *et al.* Variants in 9p21 Predicts Severity of Coronary Artery Disease in a Chinese Han Population. *Annals of Human Genetics*. 2016.80(5), 274-281, <https://doi.org/10.1111/ahg.12163>
9. Mirjalili, F. S., Baghiani, T., Badkoubeh, F., Andishmand, A., Sarebanhassanabadi, M., *et al.* Noninvasive prediction of coronary artery disease severity: Comparative analysis of electrocardiographic findings and risk factors with SYNTAX and Gensini score. *Science Progress*. 2025.108(1), 368504241309454. <https://doi.org/10.1177/00368504241309454>
10. Kentenich H, Shukri A, Müller D, Wein B, Bruder O, *et al.* Sex differences in guideline adherence for coronary angiography in patients with suspected chronic coronary syndrome in Germany: insights from the ENLIGHT-KHK trial. *Clinical Research in Cardiology*. 2025.114(12), 1718-1729, <https://doi.org/10.1007/s00392-025-02655-y>.
11. Trần Hòa, Trương Phi Hùng. The characteristics of pulse wave velocity and related factors in elderly patients with chronic coronary syndrome. *Vietnam Medical Journal*. 2025.551(1), 111-114, <https://doi.org/10.51298/vmj.v551i1.14473>
12. Xie F, Chu X, Wu H, Sun W, Shen M, *et al.* Replication of putative susceptibility loci from genome-wide association studies associated with coronary atherosclerosis in Chinese Han population. *PLoS One*. 2011.6(6), e20833. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0020833>
13. Samani, N. J., Deloukas, P., Erdmann, J., Hengstenberg, C., Kuulasmaa, K., *et al.* Large scale association analysis of novel genetic loci for coronary artery disease. *Arteriosclerosis, Thrombosis, And Vascular Biology*. 2009.29(5), 774-780, <https://doi.org/10.1161/ATVBAHA.108.181388>.
14. Bressler, J., Folsom, A. R., Couper, D. J., Volcik, K. A., Boerwinkle, E. Genetic variants identified in a European genome-wide association study that were found to predict incident coronary heart disease in the atherosclerosis risk in communities study. *American journal of epidemiology*. 2010.171(1), 14-23. <https://doi.org/10.1093/aje/kwp377>.