

DOI: 10.58490/ctjump.2026i100.5105

KHẢO SÁT ĐẶC ĐIỂM ĐA HÌNH GEN ANRIL Ở BỆNH NHÂN HỘI CHỨNG ĐỘNG MẠCH VÀNH MẠN TẠI CẦN THƠ NĂM 2025 - 2026**Trần Viết An, Phạm Thị Ngọc Nga, Ngô Hoàng Toàn,
Nguyễn Thị Ngọc Trinh, Trần Lâm Thái Bảo****Trường Đại học Y Dược Cần Thơ***Email: tltbao@ctump.edu.vn**Ngày nhận bài: 11/5/2026**Ngày phản biện: 02/7/2026**Ngày duyệt đăng: 25/7/2026***TÓM TẮT**

Đặt vấn đề: Các đa hình đơn gen thuộc gen ANRIL, được cho là có liên quan hội chứng vành mạn. Tuy nhiên, dữ liệu về đặc điểm phân bố các đa hình này ở bệnh nhân Việt Nam còn hạn chế. **Mục tiêu nghiên cứu:** Khảo sát tần suất của ba đa hình ANRIL (rs1333040, rs1333049, rs2383207) cùng các yếu tố liên quan tim mạch ở bệnh nhân hội chứng vành mạn. **Đối tượng và phương pháp nghiên cứu:** Nghiên cứu cắt ngang mô tả trên 148 bệnh nhân hội chứng động mạch vành mạn tại 05 bệnh viện trên thành phố Cần Thơ trong 2025 đến 2026. Dữ liệu lâm sàng, cận lâm sàng và các yếu tố nguy cơ tim mạch được thu thập theo bộ câu hỏi chuẩn hóa. **Kết quả:** Tuổi trung bình của đối tượng nghiên cứu là $60,06 \pm 9,86$ tuổi; nam giới chiếm 62,2%. Tần suất kiểu gen rs1333040 lần lượt là TT 33,1%, CT 43,9% và CC 23,0%; rs1333049 gồm GG 43,9%, GC 43,2% và CC 12,8%; rs2383207 gồm GG 38,5%, GA 45,9% và AA 15,5%. Hồi quy logistic đa biến cho thấy ở đa hình rs1333040, mô hình trội có liên quan với ít vận động thể lực (OR = 3,87; KTC 95%: 1,07-13,98; $p = 0,039$), tăng huyết áp (OR = 3,79; KTC 95%: 1,50-9,56; $p = 0,005$) và tăng lipid máu (OR = 3,46; KTC 95%: 1,39-8,66; $p = 0,008$). Ở mô hình lặn, rs1333049 có liên quan đến tăng huyết áp (OR = 2,62; KTC 95%: 1,24-5,56; $p = 0,012$) và rs2383207 liên quan với ít vận động thể lực (OR = 3,17; KTC 95%: 1,45-6,93; $p = 0,004$). **Kết luận:** Các đa hình rs1333040, rs1333049 và rs2383207 của gen ANRIL phân bố phổ biến ở bệnh nhân hội chứng động mạch vành mạn tại Việt Nam. Một số mô hình di truyền có liên quan với các yếu tố nguy cơ tim mạch.

Từ khóa: Hội chứng động mạch vành mạn, ANRIL, rs1333040, rs1333049, rs2383207.

ABSTRACT**ASSESSING ANRIL GENE POLYMORPHISM CHARACTERISTICS
AMONG PATIENTS WITH CHRONIC CORONARY ARTERY
SYNDROME IN CAN THO CITY IN 2025-2026****Tran Viet An, Pham Thi Ngoc Nga, Ngo Hoang Toan,
Nguyen Thi Ngoc Trinh, Tran Lam Thai Bao****Can Tho University of Medicine and Pharmacy*

Background: Single nucleotide polymorphisms (SNPs) within the ANRIL gene, have been suggested to be associated with CCS. However, data regarding the distribution of these polymorphisms in Vietnamese patients remain limited. **Objectives:** To investigate the frequencies of three ANRIL polymorphisms (rs1333040, rs1333049, and rs2383207) and their cardiovascular related factors in patients with chronic coronary syndrome. **Materials and methods:** A cross-sectional descriptive study was conducted in 148 patients diagnosed with chronic coronary syndrome at 5 hospitals in Can Tho City from 2025 to 2026. Clinical characteristics, laboratory findings, and cardiovascular risk factors were collected using a standardized questionnaire. **Results:** The mean age of the study population was 60.06 ± 9.86 years, and 62.2% of participants

were male. The genotype frequencies of rs1333040 were TT 33.1%, CT 43.9%, and CC 23.0%; for rs1333049, GG 43.9%, GC 43.2%, and CC 12.8%; and for rs2383207, GG 38.5%, GA 45.9%, and AA 15.5%. Multivariable logistic regression demonstrated that, for rs1333040, the dominant genetic model was significantly associated with physical inactivity (OR = 3.87, 95% CI: 1.07-13.98; $p = 0.039$), hypertension (OR = 3.79, 95% CI: 1.50-9.56; $p = 0.005$), and dyslipidemia (OR = 3.46, 95% CI: 1.39-8.66; $p = 0.008$). Under the recessive model, rs1333049 was significantly associated with hypertension (OR = 2.62, 95% CI: 1.24-5.56; $p = 0.012$), whereas rs2383207 was significantly associated with physical inactivity (OR = 3.17, 95% CI: 1.45-6.93; $p = 0.004$). **Conclusions:** The rs1333040, rs1333049, and rs2383207 polymorphisms of the ANRIL gene are commonly distributed among Vietnamese patients with chronic coronary syndrome. Certain genetic models were associated with modifiable cardiovascular risk factors.

Keywords: Chronic coronary syndrome, ANRIL, rs1333040, rs1333049, rs2383207.

I. ĐẶT VẤN ĐỀ

Theo báo cáo thống kê cập nhật năm 2024 của Hiệp hội Tim mạch Hoa Kỳ (AHA) dựa trên dữ liệu Gánh nặng Bệnh tật Toàn cầu (GBD) 2023, bệnh lý tim mạch tiếp tục là nguyên nhân gây tử vong hàng đầu trên thế giới. Bệnh lý này chiếm khoảng 32% tổng số ca tử vong toàn cầu, tương ứng với gần 20 triệu ca tử vong mỗi năm [1]. Tại Việt Nam, bệnh lý động mạch vành hiện là một trong những nguyên nhân gây tử vong dẫn đầu. Theo số liệu ước tính từ Tổ chức Y tế Thế giới vào năm 2016, các bệnh lý tim mạch chịu trách nhiệm cho khoảng 31% tổng số ca tử vong chung, trong đó bệnh động mạch vành chiếm hơn một nửa số trường hợp này [2].

Nghiên cứu gần đây, đã phát hiện ra nhiều vùng gen nguy cơ làm tăng khả năng mắc bệnh động mạch vành, trong đó có đa hình rs1333040, rs1333049 và rs2383207 gen ANRIL [3]. Theo nghiên cứu tổng hợp năm 2019 của Lina Hu cho thấy có sự liên quan giữa các đa hình rs1333040, rs1333049 và rs2383207 với nguy cơ bệnh động mạch vành, đặc biệt ở người Đông Á [4]. Tỷ lệ xuất hiện kiểu gen đồng hợp tử GG của biến thể rs2383207 được ghi nhận cao hơn rõ rệt ở những bệnh nhân có tổn thương nhánh phải và thân chung động mạch vành trái [5]. Tuy nhiên, tần suất cũng như sự liên quan đến các yếu tố nguy cơ tim mạch vẫn chưa được đánh giá một cách hệ thống tại dân số Việt Nam, đặc biệt là khu vực đồng bằng sông Cửu Long. Nghiên cứu này nhằm khảo sát tần suất xuất hiện của đa hình ANRIL rs1333040, rs1333049 và rs2383207 ở bệnh nhân hội chứng vành mạn tại Cần Thơ, đồng thời đánh giá sự liên quan giữa các yếu tố nguy cơ tim mạch với các đa hình này nhằm cung cấp dữ liệu dịch tễ di truyền đặc thù tại Việt Nam.

II. ĐỐI TƯỢNG VÀ PHƯƠNG PHÁP NGHIÊN CỨU

2.1. Đối tượng nghiên cứu

- **Đối tượng nghiên cứu:** Bệnh nhân được chẩn đoán hội chứng động mạch vành mạn và được chụp động mạch vành qua da tại Bệnh viện Trường Đại học Y Dược Cần Thơ, Bệnh viện Đa khoa thành phố Cần Thơ, Bệnh viện Đa khoa Trung ương Cần Thơ và Bệnh viện Tim mạch thành phố Cần Thơ và Bệnh viện SIS Cần Thơ từ năm 2025 đến năm 2026.

- **Tiêu chuẩn chọn mẫu:** Hội chứng động mạch vành mạn theo hướng dẫn Chẩn đoán và Điều trị Bệnh động mạch vành mạn của Bộ Y Tế (2023) [6]. Bệnh nhân được xác định bằng chụp động mạch vành qua da và ghi nhận hẹp động mạch vành có ý nghĩa từ 50% lòng động mạch vành.

- **Tiêu chuẩn loại trừ:** Chống chỉ định chụp mạch vành theo Bộ Y tế [6], đối tượng nghiên cứu sẽ bị loại trừ nếu có một trong các yếu tố: nhiễm khuẩn nặng, tiền sử sốc phản vệ thuốc cản quang, eGFR dưới 30 mL/phút/1,73 m² da.

- **Địa điểm và thời gian nghiên cứu:** Bệnh viện Trường Đại học Y Dược Cần Thơ, Bệnh viện Đa khoa thành phố Cần Thơ, Bệnh viện Đa khoa Trung ương Cần Thơ, Bệnh viện Tim mạch thành phố Cần Thơ và Bệnh viện SIS Cần Thơ từ năm 2025 đến năm 2026.

2.2. Phương pháp nghiên cứu

- **Thiết kế nghiên cứu:** Nghiên cứu mô tả cắt ngang, có phân tích.

- **Cỡ mẫu và chọn mẫu:** Phương pháp chọn mẫu thuận tiện, tính theo công thức

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

Trong đó: trong đó $p=0,21$ là tỷ lệ người bệnh động mạch vành mang kiểu gen GG của đa hình rs1333049 gen ANRIL theo nghiên cứu của Qi Li và cộng sự [7], chọn $d=0,08$. Chúng tôi tính được $n \geq 100$. Thực tế, chúng tôi tiến hành nghiên cứu trên 148 bệnh nhân.

- **Nội dung nghiên cứu:** Các đặc điểm dịch tễ học và nhân trắc học cơ bản của đối tượng nghiên cứu như: tuổi, giới tính, cùng với các thông số hình thể bao gồm chiều cao, cân nặng và chỉ số khối cơ thể (BMI). Yếu tố liên quan lối sống: Béo phì, ít vận động thể lực, hút thuốc lá. Khảo sát 3 đa hình: rs1333040 (TT, CC, CT, allele thiếu số là C), rs1333049 (GG, CC, GC, allele thiếu số là C) và rs2383207 (GG, AG, AA, allele thiếu số là A).

- **Phân tích đa hình gen:** DNA được tách chiết từ máu toàn phần bằng GeneJET Genomic DNA Purification Kit (Thermo Scientific) theo phương pháp cột màng silica. Các đoạn gen chứa đa hình ANRIL rs1333040, rs1333049 và rs2383207 được khuếch đại bằng PCR sử dụng MyTaq™ Mix (Bioline) và các cặp mồi đặc hiệu. Sản phẩm PCR được kiểm tra bằng điện di agarose, sau đó tinh sạch bằng ExoSAP-IT™ PCR Product Cleanup Reagent (Thermo Scientific). Sản phẩm tinh sạch được giải trình tự Sanger trên hệ thống ABI PRISM 3730XL Analyzer; kết quả được phân tích bằng SeqScape® v2.7 và đối chiếu trình tự tham chiếu để xác định kiểu gen tại ba vị trí đa hình.

- **Phương pháp thu thập và xử lý số liệu:** Các biến định tính được mô tả dưới dạng tỷ lệ phần trăm (%), và mối tương quan hay sự khác biệt về tỷ lệ giữa các phân nhóm được đánh giá bằng phép kiểm Chi bình phương (Chi-square). Ý nghĩa thống kê được thiết lập khi giá trị p nhỏ hơn 0,05. Thêm vào đó, trạng thái cân bằng di truyền của các kiểu gen được xác định qua kiểm định Hardy-Weinberg (HWE). Hệ số chênh (OR) và khoảng tin cậy 95% (95% KTC) được thực hiện bằng mô hình hồi quy logistic đơn biến nhằm đánh giá mối liên quan giữa các yếu tố liên quan và đa hình gen.

- **Đạo đức trong nghiên cứu:** Nghiên cứu được Hội đồng Đạo đức trong nghiên cứu y sinh học của Trường Đại học Y Dược Cần Thơ thông qua với số phiếu chấp thuận 25.080.GV/PCT-HĐĐĐ.

III. KẾT QUẢ NGHIÊN CỨU

3.1. Đặc điểm dịch tễ học của dân số nghiên cứu

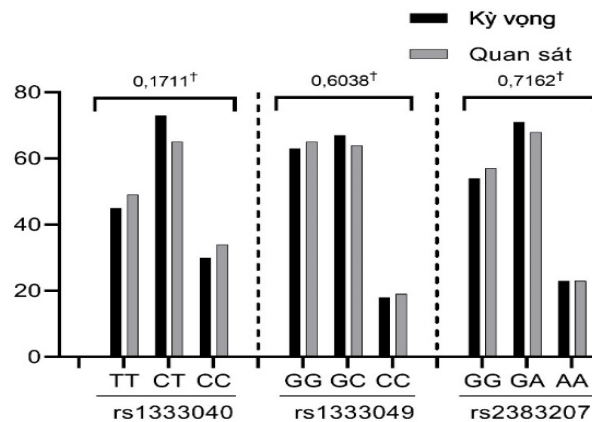
Bảng 1. Đặc điểm dịch tễ học của đối tượng nghiên cứu

Đặc điểm	n (n = 148)
Tuổi (trung bình $\pm$ độ lệch chuẩn)	60,06 $\pm$ 9,86
Giới nam (%)	92 (62,2%)
BMI (trung bình $\pm$ độ lệch chuẩn)	22,39 $\pm$ 3,00

Đặc điểm	n (n = 148)
Béo phì	30 (20,3)
Ít vận động thể lực	36 (24,3)
Hút thuốc lá	60 (40,5)

Nhận xét: Dân số nghiên cứu gồm 148 bệnh nhân, trong đó 62,2% nam, tuổi trung bình $60,06 \pm 9,86$ năm. BMI trung bình là $22,39 \pm 3,00$ (Kg/m²).

3.2. Đặc điểm đa hình gen *rs1333040*, *rs1333049* và *rs2383207* ở bệnh nhân hội chứng động mạch mạn và các yếu tố liên quan



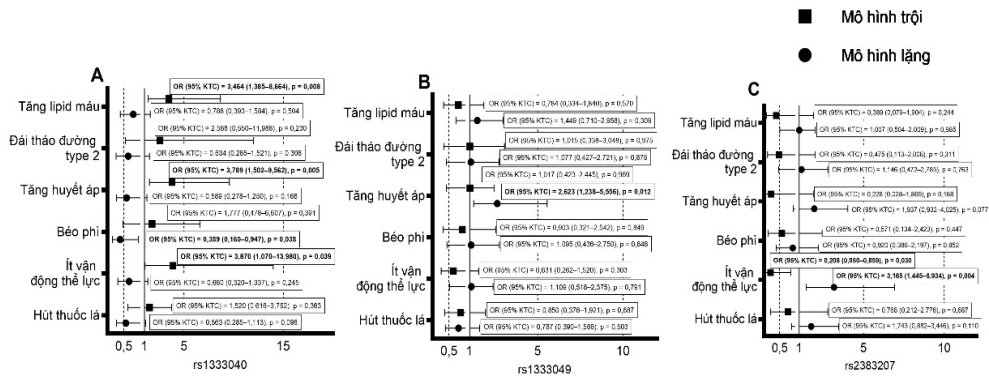
Hình 1. Đặc điểm đa hình gen *rs1333040*, *rs1333049* và *rs2383207*. †Kiểm định Hardy-Weinberg Equilibrium

Nhận xét: Phân bố kiểu gen quan sát được của *rs1333040*, *rs1333049* và *rs2383207* tương đồng với phân bố kỳ vọng theo cân bằng Hardy-Weinberg, với sự khác biệt không có ý nghĩa thống kê (lần lượt $p = 0,1711$; $0,6038$ và $0,7162$).

Bảng 2. Phân bố của một số yếu tố nguy cơ theo các kiểu gen đa hình *rs1333040*, *rs1333049* và *rs2383207*

Đa hình gen	Yếu tố nguy cơ														
	Hút thuốc lá			Ít vận động thể lực			Béo phì			Tăng huyết áp			Đái tháo đường		
	n	%	p	n	%	p	n	%	p	n	%	p	n	%	p
rs1333040															
TT	22	36,7	0,562	14	38,9	0,016	18	60	0,002	49	48,0	0,003	15	55,6	0,225
CT	23	38,3		20	55,6		8	26,7		43	42,2		10	37,0	
CC	15	25,0		2	5,6		4	13,3		10	9,8		2	7,4	
rs1333049															
GG	29	48,3	0,598	15	41,7	0,731	16	53,3	0,504	26	25,5	0,007	8	29,6	0,832
GC	23	38,3		15	41,7		11	36,7		56	54,9		14	51,9	
CC	8	13,3		6	16,6		3	10,0		20	19,6		5	18,5	
rs2383207															
GG	22	36,7	0,682	8	22,2	0,061	11	36,7	0,408	37	36,3	0,088	10	37,0	0,269
GA	30	50,0		20	55,6		12	40,0		55	53,9		13	48,1	
AA	8	13,3		8	22,2		7	23,3		10	9,8		4	14,8	

Nhận xét: Phân bố hút thuốc lá không khác biệt rõ giữa các kiểu gen của *rs1333040*, *rs1333049* và *rs2383207*. Ở đa hình *rs1333040*, kiểu gen TT chiếm tỷ lệ béo phì cao nhất (60,0%), trong khi kiểu gen CT chiếm tỷ lệ ít vận động thể lực cao nhất (55,6%).



Hình 2. Hồi qui logistics đa biến đánh giá sự liên quan giữa các yếu tố nguy cơ tim mạch và ba SNP *rs1333040*, *rs1333049*, *rs2383207*

Nhận xét: Phân tích hồi qui logistic đa biến hiệu chỉnh theo tuổi và giới tính cho thấy ở đa hình *rs1333040*, mô hình trội có liên quan với ít vận động thể lực (OR = 3,87; KTC 95%: 1,07-13,98; p = 0,039), tăng huyết áp (OR = 3,79; KTC 95%: 1,50-9,56; p = 0,005) và tăng lipid máu (OR = 3,46; KTC 95%: 1,39-8,66; p = 0,008), trong khi mô hình lặn có liên quan với béo phì (OR = 0,39; KTC 95%: 0,16-0,95; p = 0,038). Đối với *rs1333049*, chỉ ghi nhận mối liên quan có ý nghĩa thống kê giữa mô hình lặn và tăng huyết áp (OR = 2,62; KTC 95%: 1,24-5,56; p = 0,012). Ở đa hình *rs2383207*, mô hình lặn liên quan với ít vận động thể lực (OR = 3,17; KTC 95%: 1,45-6,93; p = 0,004), trong khi mô hình trội cũng ghi nhận mối liên quan với yếu tố này (OR = 0,21; KTC 95%: 0,05-0,86; p = 0,030).

IV. BÀN LUẬN

4.1. Đặc điểm dịch tễ học của dân số nghiên cứu

Trong nghiên cứu của chúng tôi, nhóm bệnh nhân (n=148) có độ tuổi trung bình $60,06 \pm 9,86$ tuổi và 62,2% là nam. Kết quả này có sự tương đồng với nghiên cứu trước đó, khi độ tuổi trung bình của quần thể bệnh nhân hội chứng động mạch vành mạn là $65,4 \pm 10,3$ và cấu trúc giới tính ghi nhận 70,2% là nam (Lê Tấn Đạt và Huỳnh Minh Phú, 2024) [9]. Chỉ số BMI trung bình $22,39 \pm 3,00$ Kg/m² cho thấy phần lớn bệnh nhân không thừa cân, tương tự với các nghiên cứu ở Việt Nam trên dân số hội chứng vành mạn cho thấy chỉ số BMI trung bình là $23,02 \pm 4,16$ Kg/m² [10], $23,0$ (21,9 - 23,4) Kg/m² [11]. Đặc điểm thể trạng này ghi nhận sự phân hóa rõ rệt khi đối chiếu với các dữ liệu lâm sàng tại các quốc gia phương Tây, nơi quần thể bệnh nhân thường sở hữu chỉ số BMI vượt trội hơn, đạt mức $28,5 \pm 6,0$ Kg/m² [12]. Sự khác biệt này có thể do đặc điểm dân số hoặc lối sống của người Việt Nam, trong đó chế độ ăn và hoạt động thể chất có vai trò quan trọng. Về các yếu tố liên quan, có 40,5% người hút thuốc lá hiện tại, 24,3% có mức độ hoạt động thể lực không đạt chuẩn và ít trường hợp thừa cân/béo phì (theo BMI). Tương tự với các nghiên cứu trước đây trên cùng nhóm bệnh nghiên cứu, Nguyễn Thanh Tuấn (2025) ghi nhận tỷ lệ hút thuốc lá (47,7%), ít vận động (50,0%) và béo phì (27,3%) [10]. Nghiên cứu của Jing và cộng sự trên nhóm dân số Trung Quốc ghi nhận tỷ lệ hút thuốc lá cao hơn với tỷ lệ 50,6%, sự khác biệt do nghiên cứu ghi nhận bệnh mạch vành, bao gồm cả hội chứng vành cấp và mạn [13].

4.2. Đặc điểm đa hình gen *rs1333040*, *rs1333049* và *rs2383207* ở bệnh nhân hội chứng động mạch mạn và các yếu tố tim mạch liên quan

Trong nhóm 148 bệnh nhân, kiểu gen phân bố như sau: rs1333040: TT 33,1% (n=49), CT 43,9% (n=65), CC 23,0% (n=34); rs1333049: GG 43,9% (n=65), GC 43,2% (n=64), CC 12,8% (n=19); rs2383207: GG 38,5% (n=57), GA 45,9% (n=68), AA 15,5% (n=23). Tương tự với nghiên cứu trên nhóm dân số Việt Nam như Nghiên cứu của Trần Nguyễn Thảo Liên ghi nhận tần suất TT/CT/CC của rs1333040 là 36/49/5 với tỷ lệ allele T cao hơn [11]. Có sự khác biệt với nghiên cứu của Nguyễn Thanh Tuấn và cộng sự trên dân số bệnh mạch vành mạn năm 2025 với tần suất AA/AG/GG của rs2383207 là 27/15/2 (61,4%/34,1%/4,5%) sự khác biệt có thể do mẫu nghiên cứu nhỏ dẫn đến sai lệch [10]. So sánh với nghiên cứu quốc tế, Jing và cộng sự trên nhóm dân số Trung Quốc mắc bệnh mạch vành ghi nhận tần suất AA/AG/GG của rs2383207 là 171/630/618 tương tự với kiểu hình GG cao hơn đáng kể so với AA [13]. Tuy nhiên, có sự khác biệt về tần số đa hình gen so với khu vực khác như nghiên cứu của Ferraz-Amaro và cộng sự trên dân số Hoa Kỳ ghi nhận tần suất AA/AG/GG của rs2383207 là 140/192/89, rs1333040 CC/CT/TT là 76/206/143 và rs1333049 CC/CG/GG là 123/215/82 [12].

Kết quả nghiên cứu cho thấy các đa hình rs1333040 thể hiện nhiều mối liên quan nhất, với kiểu gen theo mô hình trội làm tăng khả năng xuất hiện ít vận động thể lực, tăng huyết áp và tăng lipid máu, trong khi mô hình lặn lại có mối liên quan nghịch với béo phì. Đối với rs1333049, mối liên quan chỉ được ghi nhận ở tăng huyết áp, gợi ý vai trò chọn lọc của biến thể này đối với một số yếu tố nguy cơ nhất định. Riêng rs2383207 có mối liên quan đáng kể với tình trạng ít vận động thể lực ở cả hai mô hình di truyền. Nghiên cứu trước đây của Nguyễn Thanh Tuấn trên 48 bệnh nhân hội chứng vành mạn [10] và nghiên cứu của Trần Nguyễn Thảo Liên trên 90 bệnh nhân nhồi máu cơ tim [11] lại không thể hiện rõ được sự khác biệt và liên quan với các yếu tố nguy cơ này ($p>0,05$), sự khác biệt có thể do mẫu nghiên cứu nhỏ dẫn đến sai lệch. Các biến thể của ANRIL tại locus 9p21 điều hòa sự biểu hiện của các gen liên quan đến chu kỳ tế bào và chuyển hóa lipid và viêm như ABCA1, TNFA. Do đó, khi bệnh nhân mang kiểu gen nguy cơ kết hợp với lối sống ít vận động hoặc béo phì, phản ứng viêm nội mô và rối loạn chuyển hóa sẽ bị khuếch đại, thúc đẩy xơ vữa động mạch mạnh hơn so với người mang kiểu gen bình thường [14].

V. KẾT LUẬN

Trong nghiên cứu này, các đa hình gen rs1333040, rs1333049 và rs2383207 của gen ANRIL đều có phân bố tương đối phổ biến ở bệnh nhân hội chứng động mạch vành mạn, với tỷ lệ kiểu gen và alen phù hợp với cân bằng Hardy-Weinberg. Các đa hình rs1333040, rs1333049 và rs2383207 của gen ANRIL có mối liên quan với một số yếu tố nguy cơ tim mạch có thể thay đổi được, nổi bật là ít vận động thể lực, tăng huyết áp, tăng lipid máu và béo phì. Kết quả nghiên cứu của chúng tôi ghi nhận bước đầu về mối liên quan giữa kiểu gen với môi trường, thói quen sống và các yếu tố nguy cơ tim mạch tại Việt Nam. Cần có những nghiên cứu với cỡ mẫu lớn hơn, thiết kế đa trung tâm và theo dõi dọc để xác định rõ hơn vai trò của các đa hình gen này trong dịch tễ học di truyền, phân tầng nguy cơ và dự phòng bệnh mạch vành ở người Việt Nam.

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 6088/QĐ-ĐHYDCT ngày 26 tháng 12 năm 2025 của Trường Đại học Y Dược Cần Thơ.

Nhóm nghiên cứu cũng cảm ơn các thành viên trong nhóm nghiên cứu đề tài khoa học công nghệ cấp thành phố Cần Thơ (Quyết định số 333/QĐ-SKHCN, ngày 18 tháng 10 năm 2024) đã phối hợp và giúp đỡ chúng tôi trong thực hiện đề tài này. Đồng thời, chúng tôi cảm ơn quý bệnh nhân, gia đình đã đồng ý tham gia thực hiện nghiên cứu.

TÀI LIỆU THAM KHẢO

1. Martin SS, Aday AW, Almarazooq ZI, *et al.*, 2024 Heart Disease and Stroke Statistics: A Report of US and Global Data From the American Heart Association. *Circulation*. 2024.149(8), e347-e913, <https://doi.org/10.1161/CIR.0000000000001209>.
2. World Health Organization. Cardiovascular diseases (CVD) in Viet Nam. 2026. <https://www.who.int/vietnam/health-topics/cardiovascular-diseases>.
3. Zhang Y.N., Qiang B., Fu L.J.. Association of ANRIL polymorphisms with coronary artery disease: A systemic meta-analysis. *Medicine (Baltimore)*. 2020.99(42), e22569, <https://doi.org/10.1097/MD.00000000000022569>.
4. Hu L., Su G., Wang X. The roles of ANRIL polymorphisms in coronary artery disease: a meta-analysis. *Biosci Rep*. 2019.39(12), BSR20181559, <https://doi.org/10.1042/BSR20181559>.
5. Jing J., Su L., Zeng Y., *et al.* Variants in 9p21 Predicts Severity of Coronary Artery Disease in a Chinese Han Population. *Ann Hum Genet*. 2016.80(5), 274-281, <https://doi.org/10.1111/ahg.12163>.
6. Bộ Y Tế. Hướng dẫn chẩn đoán và điều trị Hội chứng vành mạn. 2023.
7. Li Q., Peng W., Li H., *et al.* Association of the single nucleotide polymorphism in chromosome 9p21 and chromosome 9q33 with coronary artery disease in Chinese population. *BMC Cardiovasc Disord*. 2017.17(1), 255, <https://doi.org/10.1186/s12872-017-0685-0>.
8. Golabgir Khademi K., Foroughmand A.M., Galehdari H., *et al.* Association Study of rs1333040 and rs1004638 Polymorphisms in the 9p21 Locus with Coronary Artery Disease in Southwest of Iran. *Iran Biomed J*. 2016.20(2), 122-127, <https://doi.org/10.7508/ibj.2016.02.008>.
9. Le T.D. and Huynh M.P. Clinical characteristics and imaging findings of computed tomography angiography in 160 slice layers of coronary artery disease patients in An Giang from 2022 to 2023. *Cantho Journal of Medicine and Pharmacy*. 2024.70, 19-25, <https://doi.org/10.58490/ctump.2024i70.2077>.
10. Nguyen T.T., Tran V.A., and Pham T.N.N. Investigation of rs2383207 polymorphism in the cdkn2b-as1 gen among patients with chronic coronary syndrome at Can Tho University of Medicine and Pharmacy Hospital in 2023-2025. *Cantho Journal of Medicine and Pharmacy*. 2025.86, 125-132, <https://doi.org/10.58490/ctump.2025i86.3745>.
11. Trần Nguyễn Thảo Liên, Phạm Thị Ngọc Nga, Bùi Thế Dũng, Trần Việt An. Đặc điểm đa hình gen ANRIL rs1333040 ở bệnh nhân nhồi máu cơ tim cấp có tăng huyết áp tại Bệnh viện Đa khoa Trung Ương Cần Thơ. *Tạp chí Tim mạch học Việt Nam*. 2024. 109, 64-68, <https://doi.org/10.58354/jvc.109.2024.843>.
12. Ferraz-Amaro I., Winchester R., Gregersen P.K., *et al.* Coronary Artery Calcification and Rheumatoid Arthritis: Lack of Relationship to Risk Alleles for Coronary Artery Disease in the General Population. *Arthritis Rheumatol*. 2017.69(3), 529-541, <https://doi.org/10.1002/art.39862>.
13. Jing J., Su L., Zeng Y., *et al.* Variants in 9p21 Predicts Severity of Coronary Artery Disease in a Chinese Han Population. *Ann Hum Gent*. 2016.80(5), 274-281, <https://doi.org/10.1111/ahg.12163>.
14. Razeghian-Jahromi I, Karimi Akhormeh A, Zibaenezhad MJ. The Role of ANRIL in Atherosclerosis. *Dis Markers*. 2022. 8859677, <https://doi.org/10.1155/2022/8859677>.