

đến các chỉ số về huyết học và sinh hóa do tác động trực tiếp vào tủy xương và thông qua phản ứng trung gian miễn dịch. B19-IgM là kháng thể xuất hiện sớm sau khoảng thời gian từ 7-14 ngày nhiễm vi rút, khi B19-IgM dương tính đại diện cho tình trạng cấp tính. Trong khi đó B19-IgG là kháng thể xuất hiện sau khoảng nhiễm vi rút 15 ngày, dương tính với B19-IgG đại diện cho từng nhiễm và được tích lũy nên kháng thể B19 thường tăng dần theo độ tuổi [7]. Trong trường hợp phát hiện có B19-IgG dương tính thường là tình trạng đã nhiễm nên biểu hiện lâm sàng và cận lâm sàng không điển hình. Do đó khi tiến hành so sánh giữa nhóm âm và dương tính với B19-IgG với một số dịch tể và cận lâm sàng kết quả thu được không thấy sự khác biệt với.

V. KẾT LUẬN

Human Parvovirus B19 đóng vai trò quan trọng đối với bệnh sốt phát ban ở trẻ em không do sởi và rubella.

TÀI LIỆU THAM KHẢO

1. **Sujay Manoharan, K., K. Ramasamy, and P. Heinz,** Rash with fever in children: A clinical approach. Paediatrics and Child Health, 2017. 27.
2. **Mendonça, M.C., et al.,** Parvovirus B19 infections in state of Rio de Janeiro, Brazil: 526 sera analyzed by IgM-enzyme-linked immunosorbent assay and polymerase chain reaction. Mem Inst Oswaldo Cruz, 2005. 100(8): p. 847-52.
3. **de Los Angeles Ribas, M., et al.,** Identification of human parvovirus B19 among measles and rubella suspected patients from Cuba. J Med Virol, 2019. 91(7): p. 1351-1354.
4. **Bouafsoun, A., et al.,** [Seroprevalence of human parvovirus B19 in children with fever and rash in the North of Tunisia]. Bull Soc Pathol Exot, 2016. 109(3): p. 165-71.
5. **Rezaei, F., et al.,** Prevalence and genotypic characterization of Human Parvovirus B19 in children with measles- and rubella-like illness in Iran. J Med Virol, 2016. 88(6): p. 947-53.
6. **Enders, M., A. Weidner, and G. Enders,** Current epidemiological aspects of human parvovirus B19 infection during pregnancy and childhood in the western part of Germany. Epidemiol Infect, 2007. 135(4): p. 563-9.
7. **Heegaard, E.D. and K.E. Brown,** Human parvovirus B19. Clin Microbiol Rev, 2002. 15(3): p. 485-505.

NGHIÊN CỨU TỈ LỆ MANG GEN CAGA CỦA VI KHUẨN HELICOBACTER PYLORI VÀ MỐI LIÊN QUAN VỚI MỘT SỐ BỆNH LÝ TIÊU HOÁ TRÊN

Lâm Phước Thiện¹, Nguyễn Thanh Liêm¹, Lê Đức Nhân²,
Võ Hoàng Nghĩa¹, Ngô Hoàng Long¹, Lâm Thị Kim Chi³

TÓM TẮT

Mục tiêu nghiên cứu: Nghiên cứu nhằm đánh giá liên quan giữa gene cagA và bệnh lý tiêu hoá trên. **Đối tượng và phương pháp nghiên cứu:** Nghiên cứu mô tả cắt ngang được tiến hành trên 64 bệnh nhân nội soi tiêu hoá trên chẩn đoán nhiễm H. pylori tại Bệnh viện Trường Đại học Y Dược Cần Thơ từ tháng 01 năm 2024 đến tháng 1 năm 2025. **Kết quả:** Về đặc điểm chung, nữ giới chiếm đa số 56,2%, tuổi trung bình là $39,5 \pm 12,8$, tiền sử hút thuốc lá và sử dụng uống rượu khá thấp, lần lượt là 14,1% và 18,8%, tỷ lệ bệnh nhân có BMI ≥ 23 là 62,5%. Nội soi tiêu hoá trên ghi nhận hình ảnh viêm sung huyết chiếm tỷ lệ cao (65,6%), tập trung chủ yếu tại hang vị (81,3%) và tỷ lệ viêm thực quản trào ngược tương đối cao (57,8%). Tỷ lệ H. pylori mang gene cagA chiếm tỷ lệ 76,6%. BMI, định khu viêm dạ dày và gene cagA có

mối liên quan đến viêm thực quản trào ngược, sự khác biệt có ý nghĩa thống kê (tất cả $p > 0,05$). Tuy nhiên, gen cagA không có sự khác biệt có ý nghĩa thống kê giữa gene cagA và định khu viêm dạ dày ($p > 0,05$). **Kết luận:** Tỷ lệ bệnh nhân nhiễm H. pylori mang gene cagA khá cao. Kết quả nghiên cứu ghi nhận mối liên quan giữa các yếu tố như BMI, gene cagA, định khu viêm dạ dày với tình trạng viêm thực quản trào ngược. **Từ khóa:** Helicobacter pylori, cagA, viêm thực quản trào ngược.

SUMMARY

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

Objective: The study aimed to evaluate the association between the cagA gene and upper gastrointestinal diseases. **Subjects and methods:** A cross-sectional descriptive study was conducted on 64 patients diagnosed with H. pylori infection by upper gastrointestinal endoscopy at Can Tho University of Medicine and Pharmacy Hospital from January 2024 to January 2025. **Results:** General characteristics showed a majority of female participants (56.2%), with an average age of 39.5 ± 12.8 , smoking history and alcohol use was quite low (14.1%, 18.8% respectively). The proportion of patients with a BMI $\geq$

¹Trường Đại học Y dược Cần Thơ

²Bệnh viện Đà Nẵng

³Bệnh viện đa khoa Trung ương Cần Thơ
Chịu trách nhiệm chính: Nguyễn Thanh Liêm
Email: ntlm@ctump.edu.vn

Ngày nhận bài: 20.2.2025

Ngày phản biện khoa học: 24.3.2025

Ngày duyệt bài: 24.4.2025

23 was 62.5%. Upper gastrointestinal endoscopy revealed a high prevalence of erythematous gastritis (65.6%), primarily concentrated in the antrum (81.3%), and a relatively high rate of erosive esophagitis (57.8%). The proportion of *H. pylori* carrying the *cagA* gene was 76.6%. BMI, the localization of gastritis, and the *cagA* gene were associated with erosive esophagitis, with statistically significant differences (all $p < 0.05$). However, there was no statistically significant difference between the *cagA* gene and the localization of gastritis ($p > 0.05$). **Conclusion:** The prevalence of *H. pylori* carrying the *cagA* gene is relatively high. The study results indicate an association between factors such as BMI, *cagA* gene, and the localization of gastritis with erosive esophagitis. **Keywords:** *Helicobacter pylori*, *cagA*, erosive esophagitis.

I. ĐẶT VẤN ĐỀ

Vi khuẩn *Helicobacter pylori* (*H. pylori*) là một trong những tác nhân vi sinh vật phổ biến nhất gây nhiễm trùng mãn tính ở người. Nhiễm khuẩn *H. pylori* được xem là nguyên nhân chính gây ra các bệnh lý thực quản dạ dày, bao gồm viêm thực quản trào ngược, viêm dạ dày mãn tính, loét dạ dày, và ung thư dạ dày [5].

Trong số các yếu tố độc lực của *H. pylori*, gen *cagA* (Cytotoxin-associated gene A) hiện diện với tỷ lệ từ 60 – 100% các trường hợp nhiễm *H. pylori* tại khu vực Ấn Độ Dương - Thái Bình Dương [7]. Bên cạnh đó, gene *cagA* đóng vai trò quan trọng trong việc điều chỉnh sự tương tác giữa vi khuẩn và tế bào ký chủ, góp phần vào sự phát triển của các bệnh lý tiêu hoá [4]. Trong bối cảnh thực tế đó, chúng tôi tiến hành nghiên cứu tỉ lệ mang gen *cagA* của vi khuẩn *Helicobacter pylori* và mối liên quan với một số bệnh lý tiêu hoá trên là hết sức cần thiết.

II. ĐỐI TƯỢNG VÀ PHƯƠNG PHÁP NGHIÊN CỨU

2.1. Đối tượng nghiên cứu. Tất cả bệnh nhân được nội soi tiêu hóa trên tại Trung tâm Nội Soi - Nội soi can thiệp, Bệnh viện Trường Đại học Y Dược Cần Thơ, chẩn đoán nhiễm *H. pylori* thông qua nội soi tiêu hoá trên, từ tháng 1 năm 2024 đến tháng 1 năm 2025.

Tiêu chuẩn chọn mẫu. Đối tượng từ 18 tuổi trở lên và đồng ý tham gia nghiên cứu.

Bệnh nhân có nội soi tiêu hóa trên và sinh thiết mẫu mô niêm mạc dạ dày. Kết quả nội soi chẩn đoán các bệnh như: viêm thực quản trào ngược, viêm dạ dày.

Được chẩn đoán xác định nhiễm *H. pylori* bằng xét nghiệm nhanh urease.

Tiêu chuẩn loại trừ. Nội soi chẩn đoán là loét dạ dày hoặc bệnh nhân đã từng bị phẫu thuật dạ dày hoặc bệnh nhân sử dụng NSAIDs.

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

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

Cỡ mẫu: Chọn mẫu thuận tiện.

Phương tiện nghiên cứu. Phiếu thu thập số liệu, máy nội soi dạ dày tá tràng Olympus GIF 190 của hãng Olympus, Nhật. Mẫu làm urease test (NK-Pylori test) của Công ty trách nhiệm hữu hạn thương mại dịch vụ Nam Khoa.

Xét nghiệm gen *cagA*, *vacA* của *H. pylori*: bộ xét nghiệm IVD NK PCR – HP KIT của Công ty trách nhiệm hữu hạn thương mại dịch vụ Nam Khoa.

Các bước tiến hành. Thu thập số liệu, sau đó, tiến hành nội soi thực quản - 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 và đọc kết quả trong vòng 60 phút. Lấy mẫu mô sinh thiết dạ dày tiến hành tách chiết DNA. Xác định các chủng *H. pylori* có *cagA* dương tính bằng kỹ thuật PCR và đọc kết quả.

Phương pháp xử lý số liệu. Số liệu thu thập được mã hoá và xử lý trên phần mềm SPSS 27.0.

2.3. 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 23.069.HV/PCT-HĐĐĐ ngày 20/03/2023.

III. KẾT QUẢ NGHIÊN CỨU

3.1. Đặc điểm chung đối tượng nghiên cứu

Bảng 1. Đặc điểm chung đối tượng nghiên cứu

Đặc điểm		Tần số (n)	Tỷ lệ (%)
Nhóm tuổi	< 40	31	48,4
	> 40	33	51,6
Giới tính	Nam	28	43,8
	Nữ	36	56,2
BMI	< 23	24	37,5
	23 – 24,9	17	26,5
	> 25	23	36,0
Tiền sử hút thuốc lá	Có	9	14,1
	Không	55	85,9
Tiền sử uống rượu	Có	12	18,8
	Không	52	81,2
Hình ảnh nội soi viêm dạ dày	Sung huyết	42	65,6
	Trợt phẳng	8	12,4
	Trợt lồi	9	14,1
	Phi đại	0	0
	Xuất huyết	3	4,7
	Trào ngược	1	1,6

	dịch mật		
	Viêm teo	1	1,6
Định khu viêm dạ dày	Hang vị	52	81,3
	Thân vị	10	15,6
	Toàn bộ dạ dày	2	3,1
Viêm thực quản trào ngược	Có	37	57,8
	Không	27	42,2

Nhận xét: Tỷ lệ nữ giới (56,2%) cao hơn nam giới (43,8%). Tuổi trung bình là $39,5 \pm 12,8$. Đa số bệnh nhân không có tiền sử hút thuốc lá (85,9%) hoặc uống rượu (81,2%). Viêm dạ dày sung huyết là phổ biến nhất (65,6%), viêm chủ yếu tập trung ở hang vị (81,3%). Tỷ lệ viêm thực quản trào ngược là 57,8%.

3.2. Tỷ lệ mang gene cagA của vi khuẩn H. pylori

Bảng 2. Tỷ lệ mang gene cagA của vi khuẩn H. pylori

Gene cagA	Tần số (n)	Tỉ lệ (%)
Dương tính	49	76,6
Âm tính	15	23,4
Tổng	64	100

Nhận xét: Tỷ lệ bệnh nhân nhiễm chủng H. pylori mang gene cagA là 76,6%.

3.3. Mối liên quan giữa gene cagA của H. pylori và định khu viêm dạ dày

Bảng 3. Mối liên quan giữa gene cagA của H. pylori và định khu viêm dạ dày

Yếu tố		Hang vị	Viêm tại vị trí khác	Giá trị p
Gene cagA	Dương tính	38 (77,6)	11 (22,4)	p >
	Âm tính	14 (93,3)	1 (6,7)	0,05

Nhận xét: Phần lớn bệnh nhân ở cả hai nhóm đều có viêm hang vị, tuy nhiên tỷ lệ này cao hơn ở nhóm gene cagA âm tính (93,3%). Không có sự khác biệt có ý nghĩa thống kê giữa gene cagA và định khu viêm dạ dày với $p > 0,05$.

3.4. Mối liên quan giữa BMI, gene cagA của H. pylori, định khu viêm dạ dày và viêm thực quản trào ngược

Bảng 4. Mối liên quan giữa BMI, gene cagA của H. pylori, định khu viêm dạ dày và viêm thực quản trào ngược

Yếu tố		Viêm thực quản trào ngược (n, %)	Không viêm thực quản trào ngược (n, %)	OR (95% CI)	Giá trị p
BMI	≥ 23	28 (70,0)	12 (30,0)	3,889	0,011
	< 23	9 (37,5)	15 (62,5)		
Gene cagA	Dương tính	24 (49,0)	25 (51,0)	0,148	0,01
	Âm tính	13 (86,7)	2 (13,3)		

Định khu viêm dạ dày	Hang vị	34 (65,4)	18 (34,6)	5,667	0,021
	Viêm tại vị trí khác	3 (25)	9 (75)		

Chú thích: OR (Odds Ratio): tỷ suất chênh hiệu chỉnh, 95% CI (confidence interval): khoảng tin cậy 95%.

Nhận xét: Nhóm có BMI ≥ 23 có nguy cơ viêm thực quản trào ngược gấp 3,889 lần so với nhóm có BMI < 23 , sự khác biệt có ý nghĩa thống kê với $p = 0,011$. Nhóm có gene cagA âm tính có tỷ lệ mắc viêm thực quản trào ngược cao hơn nhiều (86,7%) so với nhóm không có viêm thực quản trào ngược (13,3%). Có sự khác biệt có ý nghĩa thống kê với $p = 0,01$, OR = 0,148. Nhóm có viêm thực quản trào ngược có tỷ lệ viêm hang vị cao hơn đáng kể (65,4%) so với nhóm không có viêm thực quản trào ngược (34,6%). Có sự khác biệt có ý nghĩa thống kê với $p = 0,021$.

IV. BÀN LUẬN

4.1. Đặc điểm chung của mẫu nghiên cứu. Nghiên cứu của chúng tôi trên 64 bệnh nhân ghi nhận tỷ lệ nữ/nam là 1,06, tuổi trung bình là $39,5 \pm 12,8$, nhóm tuổi ≥ 40 chiếm tỉ lệ 51,6%. Tỷ lệ nữ/nam và tuổi trung bình của bệnh nhân trong nghiên cứu của chúng tôi khá tương đồng so với nghiên cứu của Thái Thị Hồng Nhung (2024) lần lượt là 1,04 và $42,6 \pm 15,1$ [1]. BMI trung bình của các bệnh nhân trong nghiên cứu là $23,9 \pm 2,4$ (kg/m²) tương đồng với nghiên cứu của tác giả Nguyễn Chí Tùng là $23,3 \pm 2,5$ (kg/m²) [3].

Đa số bệnh nhân không có tiền sử hút thuốc lá (85,9%) hoặc uống rượu (81,2%). Hình ảnh nội soi cho thấy viêm dạ dày sung huyết là phổ biến nhất (65,6%), và viêm chủ yếu tập trung ở hang vị (81,3%). Bên cạnh đó, nghiên cứu còn ghi nhận tỷ lệ viêm thực quản trào ngược khá cao (57,8%) cho thấy có mối liên hệ chặt chẽ giữa bệnh lý dạ dày và thực quản trong nhóm bệnh nhân này.

4.2. Tỷ lệ mang gene cagA của vi khuẩn H. pylori. Qua nghiên cứu này, chúng tôi ghi nhận tỷ lệ chủng vi khuẩn H. pylori mang gene cagA (+) chiếm 76,6%. Kết quả của chúng tôi khá tương đồng với kết quả nghiên cứu gần đây của tác giả Thái Thị Hồng Nhung (2024) về tỷ lệ mang gen cagA của H. pylori là 83,8% [1]. So với nghiên cứu trong thời gian 5 năm gần đây ghi nhận có sự tương đồng về tỷ lệ H. pylori mang gen cagA, điển hình như một phân tích tổng hợp từ 24 nghiên cứu tại 8 quốc gia tại vùng Ấn Độ Dương – Thái Bình Dương của tác

giả Cho Naing (2024) ghi nhận tỷ lệ *H. pylori* mang gene *cagA* chiếm 78% ở bệnh nhân viêm dạ dày [7]. Tuy nhiên, so với nghiên cứu khác của tác giả Tegwinde (2023) cho thấy tỷ lệ gene *cagA* tương đối thấp ở các nước châu Phi như Ghana là 74.8%, Senegal là 73.3%, và Gambia là 52% [4].

Thông qua nghiên cứu chúng tôi và các nghiên cứu trên các châu lục, chúng tôi nhận thấy tỷ lệ *H. pylori* mang gene *cagA* (+) khá cân xứng tại các quốc gia Đông Nam Á khác với tỷ lệ khá cao, xấp xỉ 80%. Trong khi đó, nghiên cứu từ các quốc gia thuộc châu lục khác nhìn chung 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. Tỷ lệ *H. pylori* mang gene *cagA* có sự khác biệt giữa các khu vực và các quốc gia cho thấy sự đa dạng về đặc tính di truyền của vi khuẩn *H. pylori*.

4.3. Môi liên quan giữa gene *cagA* của *H. pylori* và định khu viêm dạ dày. Nghiên cứu cho thấy không có mối liên hệ có ý nghĩa thống kê giữa gene *cagA* và định khu viêm dạ dày ($p > 0,05$). Tuy nhiên, cần lưu ý rằng có sự khác biệt về tỷ lệ tổn thương ở các vị trí khác nhau giữa nhóm có gene *cagA* dương tính và âm tính. Điều này có thể gợi ý rằng gene *cagA* có thể ảnh hưởng đến mức độ nghiêm trọng của viêm dạ dày tại các vị trí khác nhau, mặc dù không có ý nghĩa thống kê. Một nghiên cứu tại Myanmar của tác giả Thein Myint (2018) cho thấy rằng gene *cagA* có liên quan đến mức độ nghiêm trọng của viêm dạ dày và tăng nguy cơ phát triển thành các bệnh lý dạ dày khác nhưng chưa có bằng chứng về sự khác biệt về định khu viêm dạ dày [6]. Cần có thêm các nghiên cứu với cỡ mẫu lớn hơn để làm sáng tỏ vấn đề này.

4.4. Môi liên quan giữa BMI, gene *cagA*, định khu viêm dạ dày và viêm thực quản trào ngược. Nghiên cứu của chúng tôi ghi nhận có sự khác biệt có ý nghĩa thống kê về nhóm có BMI ≥ 23 có tỷ lệ mắc viêm thực quản trào ngược cao hơn đáng kể so với nhóm có BMI < 23 ($p = 0,011$). Điều này cho thấy rằng thừa cân-béo phì (BMI ≥ 23) là một yếu tố nguy cơ quan trọng của viêm thực quản trào ngược. Nguy cơ mắc viêm thực quản trào ngược ở nhóm có BMI ≥ 23 cao gấp 3,889 lần so với nhóm có BMI < 23 . Điều này nhấn mạnh tầm quan trọng của việc kiểm soát cân nặng trong phòng ngừa và điều trị viêm thực quản trào ngược. Kết quả nghiên cứu của chúng tôi với tỷ lệ viêm thực quản trào ngược ở bệnh nhân BMI ≥ 23 (70%) cao hơn đáng kể so với nghiên cứu của tác giả

Hồ Phương Thuý (2024) là 36% [2]. Sự khác biệt này có thể do sự khác nhau về cơ chế, chế độ ăn uống, lối sống, các bệnh lý đi kèm, và các yếu tố di truyền.

Nhóm bệnh nhân có gene *cagA* âm tính có tỷ lệ viêm thực quản trào ngược cao hơn nhiều so với nhóm có gene *cagA* dương tính với $p = 0,01$. Dường như gene *cagA* dương tính có thể có tác dụng bảo vệ chống lại viêm thực quản trào ngược. Thông qua nghiên cứu của tác giả Oya Yucel (2019) nghiên cứu tổng hợp nhiều kết quả cho thấy rằng các chủng *H. pylori* mang gene *cagA* có liên quan đến tình trạng viêm teo dạ dày làm giảm mức độ nghiêm trọng viêm thực quản trào ngược do giảm tiết axit [8].

Nhóm bệnh nhân viêm hang vị có tỷ lệ viêm thực quản trào ngược cao hơn đáng kể so với nhóm khác, sự khác biệt có ý nghĩa thống kê với $p = 0,028$. Tác giả Oya Yucel (2019) nghiên cứu tổng hợp kết quả từ một số Châu lục ghi nhận định khu viêm dạ dày có liên quan mật thiết đến tình trạng viêm thực quản trào ngược. Cụ thể, tình trạng viêm hang vị làm tăng tiết axit dạ dày, từ đó làm tăng nguy cơ viêm thực quản trào ngược và ngược lại [8].

Nhìn chung, mối liên quan giữa gene *cagA* và các yếu tố như BMI, định khu viêm dạ dày và viêm thực quản trào ngược đã được nhiều tác giả nghiên cứu và chứng minh, tuy nhiên kết quả nghiên cứu vẫn còn chưa được thống nhất. Kết quả trên bước đầu có thể là bước đệm cho các nghiên cứu với quy mô lớn hơn nhằm tìm ra mối tương quan giữa gene của các chủng *H. pylori* tại Việt Nam và bệnh lý tiêu hoá nói chung.

V. KẾT LUẬN

Nghiên cứu của chúng tôi cung cấp về đặc điểm chung của bệnh nhân mắc bệnh lý thực quản - dạ dày, tỷ lệ nhiễm *H. pylori* mang gene *cagA*, và mối liên quan giữa các yếu tố như BMI, gene *cagA*, định khu viêm dạ dày và viêm thực quản trào ngược. Kết quả cho thấy BMI ≥ 23 là một yếu tố nguy cơ quan trọng của viêm thực quản trào ngược, và gene *cagA* dương tính có thể có tác dụng bảo vệ chống lại tình trạng viêm thực quản trào ngược.

TÀI LIỆU THAM KHẢO

1. **Thái Thị Hồng Nhung và cộng sự**, Nghiên cứu tỷ 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: tr. 13-19.
2. **Hồ Phương Thuý và cộng sự**, Một số yếu tố liên quan đến chất lượng cuộc sống của người bệnh trào ngược dạ dày - thực quản tại Bệnh viện Đa khoa tỉnh Tuyên Quang. Tạp chí Khoa Học

- Điều Dưỡng, 2024. 7(3): tr. 30-43.
3. **Nguyễn Chí Tùng và cộng sự**, Khảo sát một số đặc điểm lâm sàng bệnh trào ngược dạ dày thực quản có tổn thương thực quản. Tạp Chí Y Dược Thực Hành 175, 2022. 32: tr. 61-68.
 4. **Compaore, Tegwinde Rebeca, et al.**, Helicobacter pylori Virulence Genes cagA, babA2, and vacA Detection in Dyspeptic Patients from Burkina Faso. American Journal of Molecular Biology, 2023. 13(3): p. 141-155.
 5. **Graham David Y.**, History of Helicobacter pylori, duodenal ulcer, gastric ulcer and gastric cancer, World Journal of Gastroenterology. WJG, 2014. 20(18): p. 5191-5204.
 6. **Myint, T., Miftahussurur, M., Vilaichone, R. K., Aye, T. T., et al.**, Characterizing Helicobacter pylori cagA in Myanmar. Gut and liver, 2017.12(1):p.51-57.
 7. **Naing, Cho, et al.**, CagA toxin and risk of Helicobacter pylori-infected gastric phenotype: A meta-analysis of observational studies. Plos one, 2024. 19(8): e0307172.
 8. **Yucel Oya**, Interactions between Helicobacter pylori and gastroesophageal reflux disease. Esophagus, 2019. 16: p. 52-62.

DIỄN TIẾN PCR SARS-COV-2 Ở BỆNH NHÂN NHIỄM HIV/AIDS TẠI BỆNH VIỆN BỆNH NHIỆT ĐỚI

Võ Triều Lý¹, Phạm Văn Tân¹,
Võ Thị Hồng Nhi¹, Vũ Thị Hiếu²

TÓM TẮT

Đặt vấn đề: COVID-19 bùng phát tại Vũ Hán, Trung Quốc vào cuối năm 2019 và đã gây ra đại dịch toàn cầu. Bệnh nhân nhiễm HIV/AIDS được xếp vào dân số nguy cơ cao trong đại dịch Covid-19. **Mục tiêu:** Mô tả diễn tiến kết quả PCR SARS-CoV-2 ở bệnh nhân nhiễm HIV mắc COVID-19 và các yếu tố liên quan đến thời gian rút virus SARS-CoV-2. **Đối tượng và phương pháp nghiên cứu:** Nghiên cứu cắt ngang mô tả, lấy mẫu là các bệnh nhân COVID-19 có nhiễm HIV/AIDS từ 16 tuổi điều trị tại Bệnh viện Bệnh Nhiệt đới trong thời gian từ ngày 11/2021 đến 03/2023. **Kết quả:** 147 trường hợp COVID-19 có nhiễm HIV/AIDS, tuổi trung bình là $36,9 \pm 10,1$. Tại thời điểm nhập viện có 95,2% bệnh nhân xét nghiệm dương tính với SARS-CoV-2. Tỷ lệ PCR SARS-CoV-2 dương tính sau 14 ngày nhập viện là 66,7%. Có 2 trường hợp PCR SARS-CoV-2 dương tính ở ngày 49 (Ct: 22,95) và ngày 56 (Ct:33). Nhóm PCR SARS-CoV-2 dương tính có số lượng CD4, tỉ lệ điều trị ARV và thuốc kháng vi rút SARS-CoV-2 thấp hơn so với nhóm có PCR SARS-CoV-2 âm tính. Trong nghiên cứu của chúng tôi tỉ lệ tử vong là 34,7%. **Kết luận:** Nghiên cứu ghi nhận 95,2% bệnh nhân tại thời điểm nhập viện có xét nghiệm PCR SARS-CoV-2 dương tính. Tỷ lệ PCR SARS-CoV-2 dương tính sau 14 ngày nhập viện là 66,7%. Có 2 trường hợp PCR SARS-CoV-2 dương tính sau 35 ngày nhập viện. Yếu tố liên quan đến chậm thải trừ SARS-CoV-2 bao gồm số lượng tế bào CD4 thấp, chưa được điều trị ARV và điều trị thuốc kháng vi rút SARS-CoV-2.

Từ khóa: COVID-19, HIV/AIDS, PCR SARS-CoV-2

SUMMARY

PROGRESS OF SARS-CoV-2 IN PATIENTS

¹Bệnh viện Bệnh Nhiệt đới

²Bệnh viện Phạm Ngọc Thạch

Chịu trách nhiệm chính: Bệnh viện Bệnh Nhiệt đới

Email: drtrieuly@gmail.com

Ngày nhận bài: 29.2.2025

Ngày phản biện khoa học: 24.3.2025

Ngày duyệt bài: 25.4.2025

WITH HIV/AIDS AT THE HOSPITAL FOR TROPICAL DISEASES

Background: COVID-19 emerged in Wuhan, China, at the end of 2019 and led to a global pandemic. Patients with HIV/AIDS are classified as a high-risk population during the COVID-19 pandemic. **Aims:** To describe the progression of SARS-CoV-2 PCR results in HIV-infected patients with COVID-19 and identify factors related to SARS-CoV-2 virus clearance. **Objectives and Methods:** A descriptive cross-sectional study, sampling COVID-19 patients with HIV/AIDS aged 16 years and older, treated at the Hospital for Tropical Diseases from November 2021 to March 2023. **Results:** A total of 147 COVID-19 cases in HIV/AIDS patients were analyzed, with an average age of 36.9 ± 10.1 years. At the time of admission, 95.2% of patients had a positive SARS-CoV-2 PCR test. The SARS-CoV-2 PCR positivity rate after 14 days of hospitalization was 66.7%. Two patients remained positive for SARS-CoV-2 PCR on day 49 (Ct: 22.95) and day 56 (Ct: 33). The group with a positive SARS-CoV-2 PCR had lower CD4 counts, ARV treatment rates, and SARS-CoV-2 antiviral drug usage compared to the group with a negative SARS-CoV-2 PCR. The mortality rate in our study was 34.7%. **Conclusion:** The study found that 95.2% of patients had a positive SARS-CoV-2 PCR test at the time of admission, and the PCR positivity rate decreased to 66.7% after 14 days of hospitalization. Two patients remained positive for SARS-CoV-2 PCR after 35 days of hospitalization. Factors associated with clearance of SARS-CoV-2 include low CD4 cell count, ARV treatment, and the treatment with anti-SARS-CoV-2. **Keywords:** COVID-19, HIV/AIDS, PCR SARS-CoV-2

I. ĐẶT VẤN ĐỀ

COVID-19 bùng phát tại Vũ Hán, Trung Quốc vào cuối năm 2019 và đã gây ra đại dịch toàn cầu. Việt Nam ghi nhận trường hợp mắc COVID-19 đầu tiên vào tháng 1 năm 2020. Theo TCYTGT, Việt Nam ghi nhận 11.622.912 ca nhiễm COVID-19 với 43.206 ca tử vong.¹ Nhiễm