

TÍNH ĐA HÌNH Ở VỊ TRÍ RS9298814 CỦA GEN IFNA17 VỚI MỨC ĐỘ NẶNG VÀ KHẢ NĂNG TIẾN TRIỂN THÀNH MẠN TÍNH CỦA GIẢM TIỂU CẦU MIỄN DỊCH

Nguyễn Thị Mộng Hồng¹, Nguyễn Minh Tuấn², Trương Đình Kiều Diễm¹,
Hoàng Anh Vũ³, Bùi Quang Vinh¹, Lâm Thị Mỹ¹

TÓM TẮT

Mục tiêu: (1) Xác định tính đa hình của gen IFNA17 rs9290014 trong bệnh lý giảm tiểu cầu miễn dịch (2) xác định mối liên quan giữa SNP rs9298814 IFNA17 với độ nặng và khả năng giảm tiểu cầu miễn dịch tiến triển mạn tính ở trẻ tại bệnh viện Nhi Đồng 1, TPHCM. **Phương pháp nghiên cứu:** nghiên cứu mô tả kết hợp tiến cứu, xác định kiểu gen bằng phương pháp Sanger. **Đối tượng nghiên cứu:** 30 trẻ khỏe mạnh và 205 trẻ giảm tiểu cầu miễn dịch tại khoa Sốt Xuất Huyết – Huyết Học, bệnh viện Nhi Đồng 1, TPHCM từ 01/20219 đến 01/2020. **Kết quả và kết luận:** Tần suất các kiểu gen TT, TG và GG ở nhóm trẻ khỏe mạnh và nhóm trẻ mắc ITP lần lượt là 70,0%, 20,0%, và 10,0% so với 31,7%, 49,3%, và 19,0% lần lượt ở hai nhóm trẻ. Tỷ lệ của allele T/G ở nhóm trẻ khỏe mạnh là 48/12 và 231/179 ở trẻ ITP, $p < 0,05$. Trong 205 ca mắc ITP, ITP mạn tính chiếm 23,4% (48 ca) và 76,6% trẻ không diễn tiến mạn tính (157 ca). Có sự khác biệt có ý nghĩa trong phân bố kiểu gen (TT, TG và GG) ở nhóm mạn tính và nhóm không diễn tiến mạn tính ($p < 0,05$) lần lượt là 15,9%, 60,5% và 23,6% cho nhóm không diễn tiến mạn so với 83,3%, 12,5% and 4,2% ở nhóm ITP mạn. Số lượng tiểu cầu sau 3 tuần ở bệnh nhân ITP theo từng kiểu gen (TT và TG+GG) lần lượt là $18,4 \pm 6,9/\mu\text{L}$ cho TT, $21,5 \pm 8,4/\mu\text{L}$ cho TG+GG. Đột biến allele G được ghi nhận xảy ra ở các trường hợp diễn tiến không mạn tính của GTCMD. Có mối tương quan nghịch ($p < 0,05$) giữa tỉ lệ đột biến gen IFNA17 rs9298814 từ T sang G với GTCMD mạn

Từ khóa: GTCMD; IFNA17 SNP, rs9298814.

SUMMARY

THE RELATIONSHIP BETWEEN THE POLYMORPHISM AT rs9298814 OF IFNA17 GENE WITH THE DEVELOPMENT AND SEVERITY OF CHRONIC IMMUNE THROMBOCYTOPENIA

Objectives: (1) To identify genetic variants of IFNA rs9298814 in immune thrombocytopenia (ITP) (2) To investigate the association between IFNA17 rs9298814 gene polymorphism with the severity and chronic ITP in children at Children's Hospital 1.

¹Đại học Y Dược TP.HCM

²Bệnh viện Nhi Đồng 1

Chịu trách nhiệm chính: Nguyễn Thị Mộng Hồng

Email: ntmhong@ump.edu.vn

Ngày nhận bài: 01.2.2023

Ngày phản biện khoa học: 17.3.2023

Ngày duyệt bài: 5.4.2023

Research methodology: Descriptive study combined with rescuing for clinical data, genotyping for IFNA17 rs9298814 by Sanger sequencing method. **Subjects:** 30 healthy control and 205 patients with ITP in Department of Dengue Hemorrhagic Fever and Hematology – Children's Hospital 1 from 01/2019 to 01/2020. **Results and conclusion:** For the SNP of IFNA17 rs9298814, the frequencies of the homozygous wild type (TT), the heterozygous (TG) and the homozygous mutant (GG) genotypes were 70,0%, 20,0%, and 10,0% in healthy and 31,7%, 49,3%, and 19,0% in ITP patient. The ratio of allele T/G in healthy and ITP are 48/12 and 231/179, $p < 0,05$. In 205 cases, the chronic ITP is 23,4% (48 cases) and non-chronic ITP is 76,6% (157 cases). There is significant differences between cITP and non-cITP in the frequencies of genotypes (TT, TG and GG), with $p < 0,05$; 15,9%, 60,5% and 23,6% for non-cITP; 83,3%, 12,5% and 4,2% for cITP, respectively. The number of platelet after 3 weeks in cITP patients for genotype (TT và TG+GG) are $18,4 \pm 6,9/\mu\text{L}$ and $21,5 \pm 8,4/\mu\text{L}$ in that order. There was a negative correlation between SNP of IFNA17 T184G and chronic ITP. **Keywords:** immune thrombocytopenia; rs9298814, IFNA17 SNP

I. ĐẶT VẤN ĐỀ

Giảm tiểu cầu miễn dịch (GTCMD) là một bệnh lý tự miễn phức tạp đặc trưng bởi hiện tượng phá hủy tiểu cầu qua trung gian kháng thể và suy giảm đồng thời việc sản xuất. Duy trì các bất thường miễn dịch trong giảm tiểu cầu miễn dịch mạn tính được ghi nhận một phần là do rối loạn các chức năng điều hòa nói chung, cụ thể là thay đổi sự cân bằng của các tế bào T hoạt hóa và T điều hòa. Ghi nhận có sự tăng bất thường của các tế bào T hoạt hóa (tăng tỉ lệ T_{H1}/T_{H2}) cũng như giảm số lượng và chức năng của tế bào T điều hòa. Nguyên nhân của các bất thường này vẫn còn chưa được làm rõ và được xem xét là đa yếu tố. Tuy nhiên, các bất thường hay biến đổi của hệ gen được báo cáo là có liên quan đến sinh bệnh học của ITP^{1,2}.

Yếu tố di truyền đóng vai trò quan trọng trong việc sản xuất cytokin. Tính đa hình trong nội tại các gen sản xuất cytokin có thể tác động lên quá trình dịch mã và thay đổi nồng độ cytokin được sản xuất ở từng cơ thể. Những thay đổi này có thể gây ra sự suy giảm và trì hoãn trong các đáp ứng miễn dịch. Tính đa hình

đơn nucleotit (Single nucleotide polymorphisms - SNPs) ở vùng promoter của IFNA17 Ile184Arg (rs9298814) cho thấy có liên quan đến việc kiểm soát tình trạng nhiễm khuẩn và các bệnh lý tự miễn³⁻⁵. Do đó, trong nghiên cứu này, tiếp nối một số nghiên cứu liên quan đến tính đa hình đơn nucleotit ở gen IFN type I, chúng tôi mong muốn xác định tính đa hình của gen IFNA17 rs9290014 trong bệnh lý giảm tiểu cầu miễn dịch. Từ đó có thể nêu được mối liên quan giữa SNP rs9298814 IFNA17 với độ nặng và khả năng chuyển mạn tính của giảm tiểu cầu miễn dịch ở trẻ tại bệnh viện Nhi Đồng 1, TPHCM

II. ĐỐI TƯỢNG VÀ PHƯƠNG PHÁP NGHIÊN CỨU

2.1. Đối tượng nghiên cứu:

- Đối tượng nghiên cứu: Bệnh nhi GTCMD nhập tại khoa Sốt xuất huyết-Huyết học BVNĐ1, từ 01/20219 đến 01/2020.
- Thời gian nghiên cứu: từ 01/2019 đến 01/2020
- Địa điểm nghiên cứu: Khoa Sốt xuất huyết-Huyết học BVNĐ1
- Địa điểm thực hiện xét nghiệm xác định SNP: Trung tâm sinh học phân tử, Đại Học Y Dược TPHCM.
- Tiêu chuẩn chọn mẫu:
 - Các bệnh nhi từ 3 tháng tuổi - 15 tuổi.
 - Thỏa tiêu chuẩn chẩn đoán XHGTCMD ASH 2011
 - Được chẩn đoán XHGTCMD lần đầu tiên.
- Tiêu chuẩn loại trừ: XHGTC kèm các dị tật bẩm sinh (Giảm TC không có xương quay, hội chứng Witkott-Alrich) hoặc XHGTC có kèm bệnh

lý tim mạch (ống thông tĩnh mạch, bệnh tim tím), cường lách, suy tủy, bệnh ác tính.

2.2. Phương pháp nghiên cứu

- Nghiên cứu mô tả, kết hợp tiến cứu
- Mẫu nghiên cứu: 205 ca bệnh và 30 trẻ khỏe mạnh
- Cách thức thu thập số liệu: phiếu thu thập số liệu được thiết kế sẵn.

2.3. Xác định SNP của gen IFNA17 ở vị trí rs9298814

- Mẫu máu của bệnh nhân và trẻ khỏe mạnh được thu thập trong ống EDTA từ 1-2 ml. Sau đó mẫu máu được tiến hành chiết tách DNA bằng kit (Illustra blood genomicPrep Mini Spin Kit (GE Healthcare, Anh) theo hướng dẫn của nhà sản xuất trong vòng 24 giờ sau khi thu mẫu.
- DNA được trữ ở -20^oC cho đến khi thực hiện khuếch giải trình tự bằng phương pháp Sanger.
- Trình tự đoạn mồi được sử dụng: F: 5'-CAATCAGGATCATTGCCATG-3'; R: 5'-GCTTTGGACTTCCCAGG-3'. Kết quả giải trình tự được phân tích bằng phần mềm CLC Main Workbench 5.5, so sánh với trình tự chuẩn của gen IFNA17 mang mã số NM_021268.2 trong GenBank để xác định biến đổi của gen và được chia thành ba nhóm kiểu gen (TT,TG và GG).

III. KẾT QUẢ NGHIÊN CỨU

Qua nghiên cứu 205 bệnh nhi XHGTCMD từ 1/2019 đến 1/2020 tại khoa Sốt xuất huyết-Huyết học BVNĐ1, chúng tôi ghi nhận được một số kết quả sau:

3.1. Đặc điểm chung của đối tượng nghiên cứu

Bảng 1. Đặc điểm dịch tễ học của nhóm GTCMD và nhóm trẻ khỏe mạnh

Đặc điểm	Nhóm GTCMD (205 ca)	Nhóm khỏe mạnh (30 ca)	p
	Số ca (tỉ lệ %) Trung bình ± độ lệch chuẩn		
Tuổi (tháng)	53,6 ± 53,4	50,0 ± 38,5	0,5
Giới	Nữ /nam	15/15	0,11
Số lượng tiểu cầu trung bình lúc nhập viện (Trung vị và giá trị thấp nhất – giá trị cao nhất)	10(1-80) x10 ⁹ /L	217(159-356) x10 ⁹ /L	<0,01

Nhận xét: Lứa tuổi trung bình khởi phát bệnh là 53,6 tháng. Tỉ lệ giới nữ/nam ở nhóm bệnh là 102/103, Số lượng tiểu cầu tại thời điểm nhập viện thì có sự khác biệt giữa 2 nhóm có ý nghĩa thống kê.

3.2. Đặc điểm phân bố kiểu gen và allele của gen IFNA17 rs9298814 ở nhóm GTCMD và nhóm khỏe mạnh:

Bảng 2. Phân bố kiểu gen và allele của IFNA17 rs9298814 của nhóm GTCMD và nhóm khỏe mạnh

Kiểu gen và allele IFNA17 T184G	GTCMD n=205 n(%)	Nhóm khỏe mạnh n=30 n(%)	p	OR (95%CI)
Kiểu gen: TT	65 (31,7)	21 (70,0)	0,028	1
GG	39 (19,0)	3 (10,0)	<0,001	0,24 (0,07-0,85)
TG	101 (49,3)	6 (20,0)	<0,001	0,18 (0,07-0,48)

GG+TG	140 (68,3)	9 (30,0)		0,20 (0,09-0,46)
Allele: G	179 (43,7)	12 (20,0)	<0,001	3,10 (1,6-6,01)
T	231 (56,3)	48 (80,0)		

Nhận xét: Tần suất của allele T thì thấp hơn có ý nghĩa thống kê ở bệnh nhân GTCMD so với nhóm khỏe mạnh (56,3 với 80,0, $p < 0,001$). IFNA17 T184G có kiểu gen TG và GG thì có tần suất cao ở nhóm GTCMD so với nhóm khỏe mạnh (TG và GG: 68,3% với 30,0%, $p < 0,001$).

3.3. Đặc điểm phân bố kiểu gen và allele của gen IFNA17 rs9298814 với độ nặng và diễn tiến mạn tính của GTCMD

Bảng 3. Phân bố kiểu gen và allele của IFNA17 rs9298814 của nhóm GTCMD mạn và không mạn

Kiểu gen và allele IFNA17 T184G	GTCMD mạn tính (n=48) n(%)	GTCMD không mạn tính (n=157) n(%)	p	OR (95%CI)	
Kiểu gen: TT	40 (83,3)	25 (15,9)	<0,001	1	
TG	6 (12,5)	95 (60,5)		<0,001	25,33 (9,66-66,47)
GG	2 (4,2)	37 (23,6)		<0,001	29,6 (6,55-133,73)
TG+GG	8 (16,7)	132 (84,1)		<0,001	26,4 (11,05-63,09)
Allele: G	10 (10,4)	169 (53,8)	<0,001	0,1 (0,05-0,2)	
T	86 (89,6)	145 (46,2)			

Nhận xét: Sau theo dõi 12 tháng, BN XHGT CMD mạn tính chiếm tỉ lệ 23,4%, đa số là nhóm không mạn tính 76,6%. Nhóm không mạn tính có tần suất của allele G cao hơn nhóm diễn tiến mạn tính có ý nghĩa thống kê với $p < 0,001$ (53,8 so với 10,4). Kiểu gen TG và GG có tần suất thấp ở nhóm mạn tính so với nhóm không mạn, 16,7 và 84,1 ($p < 0,001$).

Bảng 4. Đặc điểm lâm sàng GTCMD với kiểu gen IFNA17 rs9298814 ở nhóm GTCMD mạn tính

Đặc điểm	Kiểu gen IFNA17 rs9298814		p	OR (95%CI)
	TT (n=40) n(%) Trung bình ± độ lệch chuẩn	TG + GG (n=8) n(%) Trung bình ± độ lệch chuẩn		
Tuổi	84,6 ± 50,2	80,9 ± 55,2	>0,05	1,05 (0,67-2,07)
Giới nam	12	6	0,04	0,14 (0,03-0,81)
Tiểu cầu sau 3 tuần	18,4 ± 6,9	21,5 ± 8,4	0,03	0,86 (0,65-1,21)

Nhận xét: Nhóm có chứa allele G đột biến (TG và GG) có tuổi trung bình thấp hơn nhóm kiểu gen TT, tuy nhiên sự khác biệt không có ý nghĩa. Giới nam và tiểu cầu sau 3 tuần ở nhóm đồng hợp tử TT thì có khác biệt với nhóm có chứa allele G đột biến có ý nghĩa thống kê với p lần lượt là 0,04 và 0,03.

Bảng 5. Đặc điểm lâm sàng GTCMD với kiểu gen IFNA17 rs9298814 ở nhóm GTCMD không mạn tính

Đặc điểm	Kiểu gen IFNA17 rs9298814		p	OR (95%CI)
	TT (n=25) n(%) Trung bình ± độ lệch chuẩn	TG + GG (n=132) n(%) Trung bình ± độ lệch chuẩn		
Tuổi	22,6 ± 25,2	29,9 ± 55,7	<0,05	0,76 (0,40-1,29)
Giới nam	8	77	<0,05	0,34 (0,14-0,83)
Tiểu cầu sau 3 tuần	38,4 ± 16,9	54,2 ± 21,4	<0,05	0,71 (0,58-0,84)

Nhận xét: Cả 3 đặc điểm về tuổi, giới nam và tiểu cầu sau 3 tuần ở kiểu gen TT thì có khác biệt với nhóm (TG+GG) có ý nghĩa thống kê với p đều <0,05.

IV. BÀN LUẬN

4.1. Đặc điểm chung của đối tượng nghiên cứu. Nhóm GTCMD và nhóm chứng có sự tương đồng về độ tuổi và giới. Ghi nhận có sự khác biệt rõ rệt về số lượng tiểu cầu tại thời điểm nhập viện. Điều này cho thấy các mẫu chứng được thu thập có mức độ tương đồng về đặc tính dân số chung. Tuy nhiên, số lượng mẫu chứng còn hạn chế nên có thể chưa xác định đầy đủ sự khác biệt về các đặc điểm, nhất là trong khảo sát

phân bố tần suất của các allele của gen cần khảo sát.

4.2. Đặc điểm phân bố kiểu gen và allele của gen IFNA17 rs9298814 ở nhóm GTCMD và nhóm chứng. Nhóm chứng có sự phân bố allele tương tự với ghi nhận của tác giả Nazif Elaldi khi mô tả về tần suất của allele T và G tại Thổ Nhĩ Kỳ⁴. Tuy nhiên tần suất phân bố của gen IFNA17 rs9298814 vẫn chưa được ghi nhận trong quần thể dân số Việt Nam. Vì thế cũng khó tránh được sự sai biệt với biểu hiện

chung của gen trong dân số do số lượng mẫu còn hạn chế.

Ghi nhận từ nghiên cứu cho thấy tần suất đột biến từ T sang G thường gặp ở bệnh nhân GTCMD. Điều này cũng được nhiều nghiên cứu khác đề cập trên bệnh nhân GTCMD. Có nhiều vị trí SNPs trên gen IFNA17 được ghi nhận có liên quan đến biểu hiện của một số bệnh lý nhiễm trùng và tự miễn. SNPs rs9298814 IFNA17 được ghi nhận có liên quan đến bệnh lý GTCMD, đặc biệt trong mối tương quan với khả năng diễn tiến mạn tính của bệnh. Cơ chế chính có thể liên quan đến sự bài tiết của TGF- β và điều này có thể ảnh hưởng đến số lượng tế bào chức năng của tế bào T điều hòa.

Sự khác biệt giữa 3 kiểu gen (TT, TG và GG) cũng có ý nghĩa thống kê giữa bệnh nhân GTCMD và nhóm chứng. Sự khác biệt của kiểu gen GG giữa nhóm bệnh và nhóm chứng là có khác biệt có ý nghĩa. Tuy nhiên, do số lượng mẫu nghiên cứu còn hạn chế, do đó chúng tôi tập trung vào phân tích về sự hiện diện của allele G trong so sánh với dân số chung.

4.3. Đặc điểm phân bố kiểu gen và allele của gen IFNA17 rs9298814 với độ nặng và diễn tiến mạn tính của GTCMD.

Nhóm bệnh nhân không mang allele G được ghi nhận có mức độ giảm tiểu cầu nặng hơn và khả năng diễn tiến mạn tính cao hơn so với nhóm có mang allele này. Điều này cũng được ghi nhận ở các nghiên cứu khác. IFNA là một cytokin có vai trò quan trọng trong đáp ứng miễn dịch với virus và ung thư và được phát triển thành một liệu pháp điều trị trong các lĩnh vực này. Ngoài ra, IFNA cũng giữ vai trò quan trọng trong sự phát triển của các bệnh lý tự miễn. Con đường IFNA tăng hoạt trong một số bệnh lý tự miễn như Lupus, viêm tuyến giáp... Tuy nhiên sự đột biến SNPs ở một vài vị trí trên gen IFNA được ghi nhận khiến cho quá trình tạo thành các cytokin viêm giảm đi, từ đó khiến cho các bệnh lý trên diễn tiến thuận lợi hơn. IFNA17 được ghi nhận có ảnh hưởng quan trọng lên con đường tín hiệu TGF- β , sự đột biến tại vị trí rs9298814 T184G làm tăng tín hiệu kích hoạt của TGF- β lên tế bào T điều hòa, giúp cho quá trình điều hòa miễn dịch diễn ra tốt hơn, giúp người mang allele G này dễ kiểm soát sự mất cân bằng giữa T giúp đỡ và T điều hòa. Từ đó khiến cho bệnh dễ đáp ứng và diễn tiến thuận lợi hơn^{1,3,6-8}.

Kiểu gen GG thì ít gặp nhất ở nhóm diễn tiến mạn tính, kể đến là kiểu gen TG và gặp nhiều nhất là kiểu gen TT, sự khác biệt về tần suất giữa 3 nhóm kiểu gen này so với nhóm không

mạn là có ý nghĩa thống kê với $p < 0,05$. Tuy nhiên do số lượng mẫu thu thập trong nghiên cứu còn hạn chế ở từng nhóm vì thế chúng tôi tập trung nêu lên sự khác biệt khi có và không có sự xuất hiện của allele G trong hai nhóm bệnh nhân nhằm đưa ra được sự khác biệt có ý nghĩa ứng dụng hơn trên lâm sàng.

Giá trị tiểu cầu ở thời điểm sau 3 tuần ở nhóm có mang allele G cao hơn có ý nghĩa thống kê ở cả hai nhóm mạn và không mạn với $p < 0,05$. Tuy nhiên ở nhóm diễn tiến không mạn tính có xu hướng phục hồi nhanh hơn và số lượng tiểu cầu tăng cao hơn sau 3 tuần. Điều này làm rõ thêm vai trò của allele G có liên quan mật thiết đến độ nặng và khả năng mạn tính của bệnh.

Ngoài IFNA17, các IFNA khác trong họ interleukin cũng có những vai trò khác nhau lên sự cân bằng miễn dịch được đề cập ở trên. Đồng thời, GTCMD là một rối loạn miễn dịch không đồng nhất và phức tạp. Vì thế cần nên khảo sát thêm nhiều biến đổi về các gen thuộc nhóm điều hòa miễn dịch khác như IL, TNF, IFNA khác để có đánh giá cụ thể hơn. Nhiều nghiên cứu đã cho thấy vai trò kết hợp của các kiểu hình khác nhau ở các gen này đều có ảnh hưởng lên diễn tiến và độ nặng của bệnh. Do đó khảo sát thêm nhiều mối tương quan kết hợp là hướng phát triển tiếp theo nhằm đưa ra mô hình tiên lượng tốt hơn cho người bệnh^{3,4,6-8}.

Phát triển những hiểu biết về gen và các thể đột biến của chúng sẽ giúp cho các phương pháp điều trị trúng đích như anti IFN, anti IL,... sẽ ngày càng hiệu quả và mang lại lợi ích cũng như giảm thiểu tác dụng phụ trong điều trị. Các thông tin về gen và tính đa hình của chúng trên từng cá thể là một phần rất quan trọng trong việc cá thể hóa điều trị theo xu hướng hiện nay.

Trong nghiên cứu này sử dụng phương pháp xác định đột biến SNPs không quá phức tạp nhưng đã cung cấp được thêm khả năng dự đoán và tiên lượng về độ nặng cũng như diễn tiến của bệnh. Thiết nghĩ ở những cơ sở trung tâm nên triển khai ứng dụng trên diện rộng để có thể giúp đỡ tốt hơn cho quá trình điều trị và tiên lượng trong thực tế khám và điều trị bệnh.

V. KẾT LUẬN

Qua nghiên cứu mô tả kết hợp tiến cứu trên 205 bệnh nhi GTCMD và 30 trẻ ở nhóm chứng tại khoa Sốt xuất huyết-Huyết học Bệnh viện Nhi Đồng 1, chúng tôi ghi nhận như sau: tỉ lệ phân bố allele T/G ở nhóm bệnh nhân GTCMD là 56,3/43,7. Tỉ lệ XHGTCMD mạn tính là 23,4%. Đột biến allele G được ghi nhận xảy ra ở các

trường hợp diễn tiến không mạn tính của GTCMD. Có mối tương quan nghịch giữa tỉ lệ đột biến gen IFNA17 rs9298814 từ T sang G với GTCMD mạn.

VI. KIẾN NGHỊ

Triển khai giải trình tự ở các cơ sở trung tâm nhằm tiên lượng tốt hơn cho người bệnh

TÀI LIỆU THAM KHẢO

1. **Akeno N, Smith EP, Stefan M, et al.** IFN-alpha mediates the development of autoimmunity both by direct tissue toxicity and through immune cell recruitment mechanisms. *J Immunol.* 2011;186(8):4693-4706.
2. **Bergmann AK, Grace RF, Neufeld EJ.** Genetic studies in pediatric ITP: outlook, feasibility, and requirements. *Ann Hematol.* 2010;89 Suppl 1(Suppl 1):S95-103.
3. **Despotovic JM, Polfus LM, Flanagan JM, et al.** Genes Influencing the Development and Severity of Chronic ITP Identified through Whole

- Exome Sequencing. *Blood.* 2015;126(23):73-73.
4. **Elaldi N, Yilmaz M, Bagci B, et al.** Relationship between IFNA1, IFNA5, IFNA10, and IFNA17 gene polymorphisms and Crimean-Congo hemorrhagic fever prognosis in a Turkish population range. *J Med Virol.* 2016;88(7):1159-1167.
5. **Li J, Ma S, Shao L, et al.** Inflammation-Related Gene Polymorphisms Associated With Primary Immune Thrombocytopenia. *Front Immunol.* 2017;8:744.
6. **Ismail AM, Higazi AM, Nomeir HM, Farag NM.** IL-23/Th17 pathway and IL-17A gene polymorphism in Egyptian children with immune thrombocytopenic purpura. *Ital J Pediatr.* 2021;47(1):178.
7. **Liu S, Xiong YZ, Li T, et al.** Interleukin-17A and -17F Gene Polymorphisms in Chinese Population with Chronic Immune Thrombocytopenia. *Ann Clin Lab Sci.* 2016;46(3):291-297.
8. **Saitoh T, Tsukamoto N, Koiso H, et al.** Interleukin-17F gene polymorphism in patients with chronic immune thrombocytopenia. *Eur J Haematol.* 2011;87(3):253-258.

ĐÁNH GIÁ SỰ HÀI LÒNG VÀ CÁC YẾU TỐ LIÊN QUAN Ở NGƯỜI BỆNH PHỔI TẮC NGHẼN MẠN TÍNH ĐIỀU TRỊ TẠI BỆNH VIỆN ĐA KHOA XANH PÔN

Đỗ Đình Tùng¹, Nguyễn Thị Hoa Huyền², Nguyễn Bích Ngọc¹

TÓM TẮT

Mục tiêu: Đánh giá sự hài lòng và các mối liên quan ở người bệnh phổi tắc nghẽn mạn tính điều trị tại Bệnh viện Đa khoa Xanh Pôn năm 2022. **Phương pháp:** 121 đối tượng mắc bệnh phổi tắc nghẽn mạn tính được khảo sát về sự hài lòng từ đó phân tích các yếu tố liên quan. **Kết quả:** Tỷ lệ người bệnh đánh giá mức độ rất hài lòng và hài lòng tương ứng là 50,4% và 26,4%. Nhóm tuổi ≥ 70 tuổi có kết quả chăm sóc tốt hơn 3,0 lần so với nhóm < 70 tuổi ($p = 0,01$). Nhóm người bệnh ở thành thị có kết quả chăm sóc điều dưỡng tốt hơn 4,8 lần so với nhóm nông thôn ($p = 0,01$). Thời gian mắc bệnh dưới 5 năm có tỷ lệ chăm sóc điều dưỡng cao hơn 1,9 lần so với nhóm đã mắc bệnh hơn 5 năm ($p = 0,03$). Nhóm người bệnh nhập viện sớm, có thời gian xuất hiện triệu chứng trước nhập viện từ 1 – 3 ngày có kết quả chăm sóc tốt hơn gấp 3,4 lần so với nhóm nhập viện muộn sau 3 ngày ($p = 0,01$). **Kết luận:** Tỷ lệ người bệnh phổi tắc nghẽn mạn tính có mức độ chăm sóc rất hài lòng và hài lòng là 50,4% và 26,4%. Nhóm tuổi ≥ 70 tuổi, thời

gian mắc bệnh dưới 5 năm và sống ở thành thị có kết quả chăm sóc điều dưỡng tốt hơn so với nhóm khác.

Từ khóa: Bệnh phổi tắc nghẽn mạn tính; COPD; sự hài lòng, chăm sóc

SUMMARY

EVALUATION OF SATISFACTION AND RELATED FACTORS IN PATIENTS WITH CHRONIC OBSTRUCTIVE PULMONARY DISEASE TREATED AT XANH PON GENERAL HOSPITAL

Objective: To evaluate the satisfaction and related factors in patients with chronic obstructive pulmonary disease (COPD) treated at Xanh Pon General Hospital in 2022. **Methods:** 121 patients with COPD were surveyed about their satisfaction and analyzed for related factors. **Results:** The proportion of patients who rated the level of care as very satisfied and satisfied was 50.4% and 26.4%, respectively. The group aged ≥ 70 years had care results 3.0 times better than the group aged < 70 years ($p = 0.01$). The group of patients living in urban areas had nursing care results 4.8 times better than the rural group ($p = 0.01$). Patients with a disease duration of less than 5 years had a nursing care rate 1.9 times higher than those who had been sick for more than 5 years ($p < 0.03$). Patients who were admitted early and had symptoms appearing 1-3 days before admission had care results 3.4 times better than those who were admitted late after 3 days ($p = 0.01$). **Conclusion:**

¹Bệnh viện Đa khoa Xanh Pôn

²Trường Đại học VinUni

Chịu trách nhiệm chính: Đỗ Đình Tùng

Email: bsdinhtung@gmail.com

Ngày nhận bài: 3.2.2023

Ngày phản biện khoa học: 20.3.2023

Ngày duyệt bài: 7.4.2023