

thường rất kém nên rất dễ mắc tiêu chảy và các đợt tiêu chảy thường kéo dài hơn. Nghiên cứu của tác giả Phạm Thị Chung trên trẻ 6 – 24 tháng tuổi tại tỉnh Đắk Nông cũng cho thấy, trẻ bị tiêu chảy có nguy cơ SDDTC cao gấp 2,33 lần so với trẻ bình thường ($p < 0,05$) [1]. Bên cạnh đó thu nhập của hộ gia đình cũng là yếu tố tác động đến tình trạng SDDTC của trẻ, thực tế chỉ ra rằng, những gia đình có thu nhập tốt, có khả năng tiếp cận được với các dịch vụ y tế tốt, và trẻ được bổ sung dinh dưỡng tốt, do đó ít nguy cơ bị SDD. Nghiên cứu của chúng tôi cũng cho kết quả tương tự như tác giả Phạm Thị Chung trẻ 6 – 24 tháng tuổi tại tỉnh Đắk Nông, trẻ trong hộ nghèo cận nghèo có nguy cơ SDDTC cao gấp 2,76 lần so với trẻ trong gia đình bình thường ($p < 0,05$) [1].

V. KẾT LUẬN

Cần tích cực triển khai can thiệp và truyền thông giáo dục dinh dưỡng cho bà mẹ như truyền thông nâng cao nhận thức của bà mẹ về kiến thức và thực hành chăm sóc dinh dưỡng trong thời gian mang thai, chăm sóc, nuôi dưỡng trẻ nhỏ và bổ sung vi chất kịp thời, nhằm bù đắp sự thiếu hụt, để trẻ kịp phát triển tiệm cận với chuẩn tăng trưởng của WHO 2006, dự phòng suy dinh dưỡng thấp còi và tạo tiền đề cho trẻ phát triển tốt khi trưởng thành.

TÀI LIỆU THAM KHẢO

1. **Phạm Thị Chung, Lê Thị Vũ Huyền (2021).** Thực trạng suy dinh dưỡng ở trẻ từ 6 – 24 tháng

tuổi tại xã nham nđir, huyện không nô, tỉnh đắk nông và một số yếu tố liên quan, năm 2021. Tạp chí Y học Việt Nam tập 523 - tháng 2 - số 1 - 2023:148-52.

2. **Viện Dinh dưỡng (2016).** Số liệu thống kê về tình trạng dinh dưỡng trẻ em qua các năm 2016. <https://viendinhduong.vn/FileUpload/Documents/2015/TLSD%202016.pdf>. truy cập ngày 25/6/2023.
3. **Nguyễn Văn Đệp (2021).** Tỷ lệ suy dinh dưỡng ở trẻ dưới 5 tuổi tại 2 xã huyện Vĩnh Bảo, Hải Phòng năm 2020. Tạp chí Y học Việt Nam tập 503 - tháng 6 - số đặc biệt - 2021:157-64.
4. **Nguyễn Thanh Hà (2011).** Hiệu quả bổ sung kẽm và sprinkles đa vi chất trên trẻ 6 - 36 tháng tuổi suy dinh dưỡng thấp còi tại huyện Gia Bình, tỉnh Bắc Ninh. Luận án Tiến sĩ dinh dưỡng cộng đồng. Viện Dinh dưỡng Quốc Gia.
5. **Katoch Om Raj. (2022).** Determinants of malnutrition among children: A systematic review. Nutrition;96:111565.
6. **Tafese Zelalem, Reta Fekadu, Mulugeta Biruk, Anato Anchamo (2022).** Child undernutrition and associated factors among children 6–23 months old in largely food insecure areas of rural Ethiopia. Journal of Nutritional Science;11:e63.
7. **Organization World Health (2006).** WHO child growth standards: length/height-for-age, weight-for-age, weight-for-length, weight-for-height and body mass index-for-age: methods and development: World Health Organization; 2006.
8. **Organization World Health (2021).** Levels and trends in child malnutrition: UNICEF/WHO/The World Bank Group joint child malnutrition estimates: key findings of the 2021 edition, <https://www.who.int/publications/i/item/9789240025257> truy cập ngày 25/6/2023 2021.

PHÂN TÍCH GEN IS1111 CỦA COXIELLA BURNETII Ở CÁC BỆNH NHÂN SỐT Q TẠI VIỆT NAM NĂM 2018-2019

Đào Thị Tuyết Mai¹, Trần Mai Hoa¹, Ma Thị Huyền¹, Nguyễn Vũ Trung², Lê Thị Hội¹

TÓM TẮT

Mục tiêu: Mô tả đặc điểm dịch tễ, lâm sàng của các bệnh nhân; Phân tích phát sinh loài *C. burnetii* dựa trên trình tự gen IS1111 nhằm xác định mối liên hệ di truyền với các chủng đã được phân lập trên thế giới. **Đối tượng và phương pháp nghiên cứu:** Nghiên cứu mô tả cắt ngang được tiến hành trên các bệnh

nhân được chẩn đoán sốt Q tại 27 bệnh viện thuộc 26 tỉnh từ năm 2018 đến năm 2019. **Kết quả nghiên cứu:** Trong tổng số 29 bệnh nhân được chẩn đoán mắc *Coxiella burnetii*, có 7 trường hợp (24,1%) giải được trình tự gen IS1111. 7 bệnh nhân này có tuổi trung bình là $48,13 \pm 10$ (36-60), thuộc độ tuổi lao động, chủ yếu là nông dân (57,1%) và sinh sống ở vùng nông thôn (100%), 100% là nam giới. Tất cả các bệnh nhân đều có sốt cao kèm đau đầu, đau cơ (86%), ho (63%), sưng huyết da (57%), các triệu chứng khác gặp với tỷ lệ thấp hơn. Các chủng *C. burnetii* không có chung nguồn gốc với các chủng ở một số quốc gia trên thế giới. **Kết luận:** Tỷ lệ thu được sản phẩm PCR của gen IS1111 để giải trình tự trong số các mẫu được chẩn đoán là *C. burnetii* là 24,1% và chiếm tỷ lệ cao là nam giới trong độ tuổi lao

¹Đại học Y Hà Nội

²Viện Pasteur TP. Hồ Chí Minh

Chịu trách nhiệm chính: Lê Thị Hội

Email: lethihoi@hmu.edu.vn

Ngày nhận bài: 7.7.2023

Ngày phản biện khoa học: 23.8.2023

Ngày duyệt bài: 11.9.2023

động, đặc biệt là nông dân sinh sống ở vùng nông thôn. Các chủng *C. burnetii* phân lập tại Việt Nam không có chung nguồn gốc với các chủng đã được phân lập từ các địa phương khác, trên các mẫu khác nhau như gia súc, trâu, bò, ve,...

Từ khóa: *Coxiella burnetii*, Sốt Q, IS1111

SUMMARY

ANALYSIS OF THE IS1111 GENE OF *Coxiella burnetii* IN Q FEVER PATIENTS FROM VIETNAM FROM 2018 TO 2019

Objective: Describe some epidemiological and clinical features of patients; Phylogenetic analysis of *C. burnetii* sequences of the IS1111 gene was conducted to determine the genetic relatedness with previous isolates from the world. **Materials and Methods:** Descriptive cross-sectional study on Q fever patients at 27 hospitals in 26 provinces of Vietnam from 2018 to 2019. **Main findings:** 7 out of 29 patients included in the study (24,1%) yielded 7 sequences of the IS1111 gene. The mean age of the patients was $48,13 \pm 10$ (36-60). All Q fever patients (n=7) were male, rural inhabitants (100%), farmers (57,1%). The most common symptoms of Q fever were headache (100%), myalgia (86%), cough (63%), skin congestion (57%). In this study, none of the sample sequences clustered with previous isolates from the world. **Conclusions:** The prevalence of sequences of the IS1111 gene was 24,1% with a high proportion was men, people of working age, especially farmers, and who living in rural areas. None of *Coxiella burnetii* strain isolated in Vietnam have a common origin with strains isolated from different localities, on different samples such as cattle, buffaloes, cows, and ticks... **Keywords:** *Coxiella burnetii*, Q fever, IS1111

I. ĐẶT VẤN ĐỀ

Sốt Q là bệnh lây truyền từ động vật sang người xuất hiện ở hầu hết các quốc gia trên thế giới, ngoại trừ New Zealand [4]. Căn nguyên gây bệnh là *Coxiella burnetii*- vi khuẩn Gram âm ký sinh nội bào bắt buộc được tìm thấy trên vật nuôi, chim, động vật chân đốt, là một tác nhân tiềm năng của khủng bố sinh học [6], được Trung tâm Dự phòng và Kiểm soát bệnh tật Hoa Kỳ xếp vào tác nhân sinh học nhóm B, Tổ chức Y tế Thế giới đưa vào danh sách bệnh tật cần chú ý và là một trong 13 tác nhân gây ra bệnh truyền nhiễm lây truyền từ động vật sang người được ưu tiên. *Coxiella burnetii* lây truyền chủ yếu qua đường hô hấp thông qua các hạt aerosol, ngoài ra còn lây qua đường tiêu hóa hoặc vết đốt của các động vật chân đốt như ve. Do đó, nông dân, công nhân lò mổ, công nhân đóng gói thịt, nhân viên phòng thí nghiệm tiếp xúc với vật nuôi có nguy cơ mắc bệnh cao [1]. Vì vậy việc xác định dịch tễ, nguồn gốc các chủng *C. burnetii* có vai trò rất quan trọng. Tuy đã có những nghiên cứu trên người và động vật nhằm đánh

giá các đặc điểm dịch tễ, lâm sàng được thực hiện ở Mỹ, Úc, một số nước châu Á, châu Âu và châu Phi nhưng chưa có báo cáo đầy đủ về thực trạng và các đặc điểm sốt Q ở Việt Nam cho đến nay. Chính vì lý do trên, nghiên cứu của chúng tôi được thực hiện nhằm mục tiêu: Mô tả đặc điểm nhân khẩu học và lâm sàng của các bệnh nhân; Phân tích phát sinh loài *C. burnetii* dựa trên trình tự gen IS1111 nhằm xác định mối liên hệ di truyền với các chủng đã được phân lập trên thế giới.

Sốt Q biểu hiện ở 2 dạng cấp tính hoặc mạn tính. Trong giai đoạn cấp tính, bệnh nhân có thể có viêm phổi hoặc viêm gan kèm theo. Trong giai đoạn mạn tính tuy hiếm nhưng diễn biến nặng, thường có biểu hiện viêm nội tâm mạc và đôi khi kèm theo viêm mạch, viêm tủy xương hay viêm gan mạn tính. Nếu không được chẩn đoán và điều trị kháng sinh thích hợp kịp thời, bệnh có thể dẫn đến tử vong. Tuy nhiên, quá trình nuôi cấy và phân lập *C. burnetii* gặp nhiều khó khăn bởi chúng phải được thực hiện trong phòng xét nghiệm an toàn sinh học cấp III. Các xét nghiệm huyết thanh học lại có nhược điểm là chỉ cung cấp bằng chứng gián tiếp về tình trạng nhiễm trùng và không được áp dụng trong giai đoạn đầu của bệnh do lượng kháng thể có ít hoặc chưa có trong giai đoạn này [2]. Do đó rất khó để thực hiện xét nghiệm chẩn đoán sốt Q tại các cơ sở khám chữa bệnh. Bên cạnh đó, đặc điểm lâm sàng của bệnh lại không điển hình, dễ nhầm lẫn trong chẩn đoán với các tác nhân gây bệnh khác. Để giải quyết những thách thức trên, các kỹ thuật sinh học phân tử đã được nghiên cứu và áp dụng trong chẩn đoán, giúp chẩn đoán sớm và điều trị kịp thời, hạn chế các trường hợp diễn biến nặng.

Kích thước bộ gen của chủng *C. burnetii* Nine Mile là 2,1 Mb. Kích thước bộ gen rất khác nhau giữa các chủng *C. burnetii*, dao động từ 1,5 đến 2,4 Mb [7]. Trong đó, IS (insertion sequence)-trình tự chèn được phân tán xung quanh nhiễm sắc thể, trình tự DNA lặp lại nhiều lần là IS1111 (7 đến 120 bản sao mỗi hệ gen) thường được sử dụng làm gen đích trong chẩn đoán phòng xét nghiệm được chứng minh là có độ nhạy cao [5]. Tuy nhiên, sự hiện diện rộng rãi của các gen này trong các vi khuẩn giống *Coxiella* (*Coxiella*-like bacteria) đã được báo cáo [3]. Phân tích nhiều chủng cho thấy số lượng yếu tố IS1111 rất khác nhau giữa các chủng. Do đó việc phân tích trình tự gen IS1111 giúp xác định nguồn gốc các chủng *Coxiella burnetii* ở các bệnh nhân sốt Q tại Việt Nam năm 2018-2019.

II. ĐỐI TƯỢNG VÀ PHƯƠNG PHÁP NGHIÊN CỨU

2.1. Đối tượng nghiên cứu. Các bệnh nhân được chẩn đoán sốt Q tại 27 bệnh viện thuộc 26 tỉnh từ tháng 8 năm 2018 đến tháng 10 năm 2019 được lấy máu để tiến hành tách DNA. Nghiên cứu này là một phần của Dự án "Nghiên cứu điều tra bệnh Rickettsia, sốt mò và sốt Q tại bệnh viện và cộng đồng trên toàn quốc".

Tiêu chuẩn lựa chọn bệnh nhân: Các bệnh nhân đã được khẳng định mắc *C. burnetii*.

2.2. Phương pháp nghiên cứu

Thiết kế nghiên cứu: mô tả cắt ngang.

Cỡ mẫu: 29 mẫu đã được khẳng định là *Coxiella burnetii* bằng phương pháp realtime PCR.

Các bước tiến hành: PCR khuếch đại và tinh sạch sản phẩm PCR của đoạn gen IS1111: DNA được tách từ mẫu máu của 29 mẫu đã được khẳng định là *C. burnetii* được lưu trữ ở -80°C . Đoạn gen IS1111 được khuếch đại bằng phương pháp Nested PCR với 2 cặp mồi có trình tự: F1 5'-CGTCCTTAACATCACATTTCCCCC-3', R15'-CCGCAGCACATCAAACCGTATC-3'; F2 5'-CCCCAACAAAAACCTTAT-TCC-3', R2 5'-GTGTGGAGGAGCGAACCATTC-3' được thiết kế dựa trên trình tự gen của chủng *C. burnetii* RSA 493/Nine Mile I (AE016828). Vòng 1 sử dụng trình tự mồi IS1111 F1 và R2, thành phần phản ứng bao gồm 2,5 μl 10x PCR buffer (Taq DNA Polymerase-QIAGEN, Đức), 2,5 μl MgCl₂, 0,5 μl DNTP (QIAGEN), 1 μl mỗi xuôi, 1 μl mỗi ngược, 0,2 μl Taq, 5 μl DNA và nước khử ion vừa đủ thể tích 25 μl . Quá trình khuếch đại được thực hiện trên máy PCR Biorad T100 (Mỹ) với chu trình nhiệt: 94 $^{\circ}\text{C}/5$ phút, (94 $^{\circ}\text{C}/20\text{s}$, 58 $^{\circ}\text{C}/10\text{s}$, 72 $^{\circ}\text{C}/50\text{s}$) x40 chu kỳ, 72 $^{\circ}\text{C}/5$ phút. Sản phẩm thu được có kích thước 670 bp. Vòng 2 sử dụng trình tự mồi IS1111 F2, R1 với thành phần như vòng 1 với mẫu đầu vào là 5 μl sản phẩm của vòng 1 và chu trình: 94 $^{\circ}\text{C}/5$ phút, (94 $^{\circ}\text{C}/20\text{s}$, 60 $^{\circ}\text{C}/10\text{s}$, 72 $^{\circ}\text{C}/50\text{s}$) x40 chu kỳ, 72 $^{\circ}\text{C}/5$ phút. Sản phẩm của vòng 2 có kích thước 570 bp.

Sản phẩm PCR được điện di kiểm tra trên gel agarose 1,5% trong đệm TAE 1X, điều kiện 110V/35 phút, nhuộm gelred. Các sản phẩm PCR đúng kích thước được tinh sạch bằng QIAquick Gel Extraction Kit của QIAGEN.

Giải trình tự đoạn gen IS1111: Sản phẩm sau tinh sạch được gửi giải trình tự bằng phương pháp Sanger.

Xử lý và phân tích số liệu: Số liệu được thu thập và lưu trữ trên Excel, xử lý và phân tích bằng phần mềm SPSS 20.0. Kết quả giải trình tự được kiểm tra và xử lý bằng Bioedit, so sánh với

trình tự trên Genbank bằng phần mềm BLAST (NCBI). Xây dựng cây phát sinh loài bằng phần mềm iTOL.

Đạo đức nghiên cứu: Nghiên cứu thuộc dự án "Nghiên cứu điều tra bệnh Rickettsia, sốt mò và sốt Q tại bệnh viện và cộng đồng trên toàn quốc" tài trợ bởi NMRC và DTRA. Dự án được triển khai bởi Đại học Y Hà Nội và Bệnh viện Bệnh Nhiệt đới Trung ương. Nghiên cứu được sự chấp nhận phê duyệt của Hội đồng đạo đức. Bệnh nhân đồng ý tham gia vào nghiên cứu.

III. KẾT QUẢ NGHIÊN CỨU

Có 7 mẫu có sản phẩm PCR gen IS1111 để giải trình tự.

Đặc điểm chung của 7 bệnh nhân: Điều phân bố ở vùng nông thôn thuộc 5 tỉnh thành, trên 3 miền địa lý (Miền núi/ trung du, đồng bằng và miền biển). Trong đó Khánh Hòa, Hà Giang là 2 tỉnh có số lượng bệnh nhân nhiều nhất (2 bệnh nhân), Bắc Ninh, Bình Thuận, Hưng Yên mỗi tỉnh có 1 bệnh nhân. Tất cả các bệnh nhân đều sống ở vùng nông thôn với độ tuổi trung bình là 48,13 \pm 10; nhỏ nhất là 36 tuổi, lớn nhất là 60 tuổi. Nhóm tuổi 41-60 chiếm tỉ lệ cao nhất với 43%, nhóm 21-41 tuổi và từ 60 tuổi trở lên có tỉ lệ như nhau ở mỗi nhóm (28,5%); không ghi nhận nhóm tuổi từ 20 tuổi trở xuống. Tất cả các bệnh nhân đều là nam giới. Phần lớn bệnh nhân là nông dân (4; 57,14%).

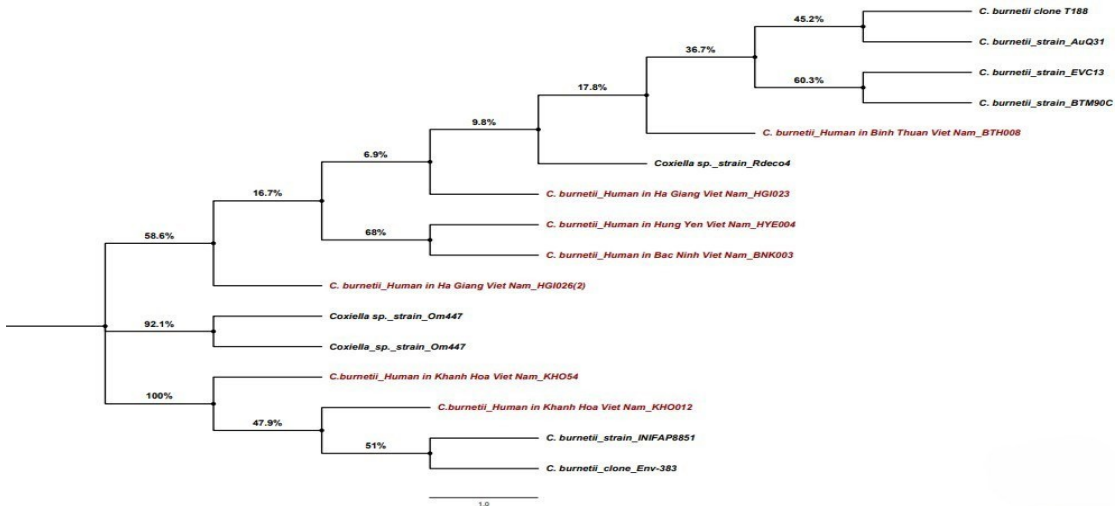
Đặc điểm các triệu chứng cơ năng trừ sốt của 7 bệnh nhân: tỉ lệ xuất hiện triệu chứng đau đầu là 100%; một số triệu chứng cũng gặp với tỷ lệ khá cao là đau cơ (86%), ho (63%), buồn nôn (38%). Còn các triệu chứng khác chỉ xuất hiện ở dưới 30% số bệnh nhân.

Các triệu chứng thực thể thường gặp nhất là các biểu hiện toàn thân, nhất là các bất thường trên da, niêm mạc như sung huyết da (57%), sung huyết kết mạc, phát ban (29%); có 1 (14%) trường hợp có hạch to. Trong số 7 bệnh nhân, chỉ có 1 trường hợp có triệu chứng bất thường ở phổi (tương ứng 14%), 2 trường hợp có gan to (29%), 1 trường hợp lách to (14%) và không ghi nhận triệu chứng bất thường ở hệ tuần hoàn hay thần kinh trung ương. Các triệu chứng gan, lách to, bất thường ở phổi của 7 bệnh nhân được phát hiện nhờ chẩn đoán hình ảnh mà chưa ghi nhận khi thăm khám lâm sàng.

Phân tích cây phát sinh loài của *C. burnetii* bằng trình tự gen IS1111. Từ kết quả giải trình tự và so sánh với các trình tự tham chiếu trên Genbank bằng công cụ BLAST. Cây phát sinh chủng loại được xây dựng dựa vào

phương pháp Neighbor Joining với 1000 lần lặp, chỉ số bootstrap ở gốc nhánh thể hiện độ tin cậy cho mỗi quan hệ phát sinh của các chủng *C. burnetii*. Mẫu ở Hưng Yên (HYE004) và Bắc Ninh (BNK003) có độ tương đồng nucleotid là 68%. Mẫu ở Bình Thuận (BTH008) có độ tương đồng nucleotid với cụm các chủng *C. burnetii* T188,

AuQ31, EVC13, BTM90C là 17,8%. 1 mẫu ở Khánh Hòa (KHO012) có độ tương đồng nucleotid với chủng *C. burnetii* Env383, INIFAP8851 là 47,9%. Cụm gồm 3 mẫu (trong đó có mẫu KHO012) có độ tương đồng nucleotid với 1 mẫu khác thu được ở Khánh Hòa (KHO054) là 100%.



Hình 1. Cây phát sinh loài của *C. burnetii* dựa trên trình tự gen IS1111. Các trình tự từ nghiên cứu được thể hiện bằng phông chữ màu đỏ, các trình tự khác từ các nước trên thế giới thể hiện bằng phông chữ màu đen

IV. BÀN LUẬN

Trong 29 mẫu đã được khẳng định mắc *Coxiella burnetii*: chỉ có 7 mẫu (24,1%) thu được sản phẩm PCR của gen IS1111 bởi vì số lượng vi khuẩn trong máu rất thấp và cũng phụ thuộc vào loại bệnh phẩm, trạng thái của chủ thể được lấy bệnh phẩm. Do đó, đa phần các nghiên cứu hiện nay thường tiến hành trên động vật, nhất là bò, cừu,... mà ít tiến hành trên người.

7 ca này phân bố ở 5 tỉnh thành (Hà Giang, Hưng Yên, Bắc Ninh, Khánh Hòa, Bình Thuận) và thuộc cả 3 miền địa lý với các dạng địa hình như rừng núi của Hà Giang, núi xen đồng bằng của Khánh Hòa, các bãi chăn thả ở Bình Thuận hay đồng bằng ở Bắc Ninh và Hưng Yên. Nghiên cứu cho thấy những người sinh sống ở vùng nông thôn, đặc biệt là những người làm nghề nông có khả năng tiếp xúc với các loài gia súc trong chăn nuôi cao hơn. Các đối tượng bệnh nhân ngoài lứa tuổi hoạt động kinh tế như trẻ em, người già, hay làm nghề khác như y tế, nội trợ, hành chính sự nghiệp,... rõ ràng là có nguy cơ phơi nhiễm thấp hơn. Qua đó nhấn mạnh nguy cơ phơi nhiễm của các đối tượng có tiếp xúc với các động vật như gia súc, dê,... điều này phù hợp với các nghiên cứu đã có, phù hợp với đặc điểm

lây truyền của bệnh. Hơn nữa, chúng tôi thấy biểu hiện của sốt Q ở 7 bệnh nhân trên rất đa dạng, không đặc hiệu, khó phân biệt với các bệnh khác nếu không có các xét nghiệm hỗ trợ chẩn đoán và phát hiện tổn thương các cơ quan. Nguồn gốc các chủng *C. burnetii* ở Việt Nam đa dạng, các chủng được phân lập từ cùng 1 địa phương (Khánh Hòa) cũng không có chung nguồn gốc với nhau và không có chung nguồn gốc với một số chủng đã phân lập tại 1 số nước.

Tuy nhiên, nghiên cứu của tôi còn một số hạn chế khi chưa có trình tự gen *C. burnetii* ở Việt Nam để so sánh và các trình tự gen tham chiếu ở trên chỉ đại diện một số loài động vật hay tác nhân lây truyền, một số địa phương trên thế giới. Ở nghiên cứu này tôi chưa xác định được chủng *C. burnetii* của 7 bệnh nhân có nguồn gốc từ loài gia súc, vật nuôi hay động vật chân đốt nào để đưa ra khuyến cáo.

V. KẾT LUẬN

Nhóm bệnh nhân của nghiên cứu chiếm tỷ lệ cao là nam giới trong độ tuổi lao động, đặc biệt là nông dân sinh sống ở vùng nông thôn. Triệu chứng có tỷ lệ gặp cao là sốt (100%), đau đầu (100%), đau cơ (86%), ho (63%), sung huyết

da (57%). Các triệu chứng khác gặp với tỷ lệ thấp hơn. 7 mẫu chứa *C. burnetii* từ 7 bệnh nhân được khẳng định là sốt Q có nguồn gốc khác nhau và khác với một số chủng tham chiếu được phân lập từ người, trâu, bò, cừu, ve từ một số quốc gia.

VI. LỜI CẢM ƠN

Nhóm tác giả xin chân thành cảm ơn ban lãnh đạo bệnh viện và các khoa, phòng của các bệnh viện tham gia nghiên cứu và Bộ môn Vi sinh, Đại học Y Hà Nội đã tạo điều kiện giúp đỡ chúng tôi thực hiện đề tài.

TÀI LIỆU THAM KHẢO

1. **Angelakis E**, Raoult D. Q Fever. *Vet Microbiol.* 2010;140(3-4):297-309. doi:10.1016/j.vetmic.2009.07.016
2. **Angelakis E**, Mediannikov O, Socolovschi C, et al. *Coxiella burnetii*-positive PCR in febrile patients

- in rural and urban Africa. *Int J Infect Dis IJID Off Publ Int Soc Infect Dis.* 2014;28:107-110. doi:10.1016/j.ijid.2014.05.029
3. **Duron O**. The IS1111 insertion sequence used for detection of *Coxiella burnetii* is widespread in *Coxiella*-like endosymbionts of ticks. *FEMS Microbiol Lett.* 2015;362(17):fnv132. doi:10.1093/femsle/fnv132
 4. **Eldin C**, Mélenotte C, Mediannikov O, et al. From Q Fever to *Coxiella burnetii* Infection: a Paradigm Change. *Clin Microbiol Rev.* 2017;30(1):115-190. doi:10.1128/CMR.00045-16
 5. **Fenollar F**, Raoult D. Molecular genetic methods for the diagnosis of fastidious microorganisms. *APMIS Acta Pathol Microbiol Immunol Scand.* 2004;112(11-12):785-807. doi:10.1111/j.1600-0463.2004.apm11211-1206.x
 6. **Pohanka M**, Kuca K. Biological warfare agents. *EXS.* 2010;100:559-578.
 7. **Willems H**, Jäger C, Baljer G. Physical and Genetic Map of the Obligate Intracellular Bacterium *Coxiella burnetii*. *J Bacteriol.* 1998; 180(15):3816-3822.

ĐÁNH GIÁ SỰ HIỂU BIẾT CHUYÊN MÔN VÀ THỰC HÀNH CỦA CÁC NHÀ THUỐC TẠI THÀNH PHỐ NHA TRANG

Đỗ Hữu Thành¹, Bùi Tùng Hiệp²

TÓM TẮT

Mục tiêu: Khảo sát sự hiểu biết chuyên môn và thực hành của các nhà thuốc tại thành phố Nha Trang, tỉnh Khánh Hòa. **Đối tượng và phương pháp:** nghiên cứu mô cắt ngang trên 40 nhà thuốc tư nhân, phỏng vấn 600 người mua thuốc và 200 khảo sát đóng vai khách hàng tại các nhà thuốc trên địa bàn thành phố Nha Trang từ ngày 10/08/2022 đến ngày 24/12/2022. **Kết quả:** 100,0% NBT đều có hiểu biết về quy định bán thuốc theo đơn, đặc biệt là bán kháng sinh. Nhưng trong thực tế, NBT sẵn sàng bán kháng sinh cho khách hàng mà không cần đơn hay quan tâm khách hàng có đơn thuốc. Việc thực hiện các kỹ năng hỏi, tư vấn, điều trị của NBT đang là chưa tốt. **Kết luận:** Tất cả người bán thuốc đều có hiểu biết về quy định bán thuốc theo đơn, đặc biệt là bán kháng sinh, tuy nhiên trong thực hành nghề nghiệp chấp hành quy định rất thấp và kỹ năng hỏi, tư vấn, điều trị của người bán thuốc là chưa tốt. **Từ khóa:** hiểu biết chuyên môn, thực hành, nhà thuốc.

SUMMARY

¹Trung tâm Y tế Thị xã Ninh Hòa – Khánh Hòa

²Trường Đại học Y khoa Phạm Ngọc Thạch

Chịu trách nhiệm chính: Đỗ Hữu Thành

Email: khoaduocbvnd@gmail.com

Ngày nhận bài: 6.7.2023

Ngày phản biện khoa học: 23.8.2023

Ngày duyệt bài: 12.9.2023

ASSESSMENT OF THE PROFESSIONAL KNOWLEDGE AND PRACTICE OF PHARMACIES IN NHA TRANG CITY

Objective: To survey the professional knowledge and practice of pharmacies in Nha Trang city. **Subjects and methods:** A cross-sectional descriptive study on 40 private pharmacies, interviews with 600 drug buyers and 200 surveys of customers at pharmacies in Nha Trang city from August 10th, 2022 to December 24th, 2022. **Results:** 100.0% of sellers were knowledgeable about prescription drug sales regulations, especially antibiotic sales. But in reality, sellers was willing to sell antibiotics to customers without a prescription or care that customers had a prescription. The implementation of sellers' questioning, counseling and treatment skills was not good. **Conclusion:** All drug sellers were knowledgeable about regulations on selling drugs by prescription, especially antibiotics, but in professional practice, compliance with regulations was very low and seller's skills in asking, consulting and treating were not good. **Keywords:** professional knowledge, practice, pharmacy.

I. ĐẶT VẤN ĐỀ

Sự gia tăng nhanh chóng về số lượng, mạng lưới nhà thuốc tư nhân đã giúp đáp ứng ngày càng tốt hơn nhu cầu của người dân trong tiếp cận thuốc điều trị và chăm sóc sức khỏe ban đầu [1], [2]. Tuy nhiên, theo sau các giá trị lợi ích mang đến cũng là những khó khăn và thách thức đặt ra cho công tác quản lý khi luôn tồn tại nhiều