

NHỮNG ĐÓNG GÓP MỚI CỦA LUẬN ÁN

Tên luận án: **Nghiên cứu các gene *oipA*, *babA2*, *cagE* và *cagA* của vi khuẩn *Helicobacter pylori* ở các bệnh nhân viêm, loét dạ dày tá tràng**

Ngành: **Nội Khoa**

Mã số: **9 72 01 07**

Họ tên nghiên cứu sinh: **Thái Thị Hồng Nhung**

Người hướng dẫn khoa học: **PGS.TS. Hà Thị Minh Thi**

Tên cơ sở đào tạo: **Trường Đại học Y-Dược, Đại học Huế**

Những đóng góp mới của luận án

Đây là nghiên cứu mới tại Việt Nam nghiên cứu đồng thời các gene *oipA* “bật/ tắt”, *babA2*, *cagE* và *cagA* của vi khuẩn *H. pylori* phân lập từ các bệnh nhân viêm, loét dạ dày tá tràng và ghi nhận tỷ lệ chủng *H. pylori* mang gene *oipA* “bật” là 96,0%, gene *babA2* (+) là 74,6%, gene *cagE* (+) là 83,8%, gene *cagA* (+) là 83,8%, góp phần làm rõ đặc điểm phân tử của vi khuẩn này tại Việt Nam.

Đặc biệt, chúng tôi đã tiến hành giải trình tự và phân tích vùng trình tự tín hiệu ở đầu 5' của gene *oipA* ghi nhận có tổng cộng 25 mô hình CT lặp lại, với 19 mô hình của gene *oipA* “bật”, phổ biến nhất là mô hình “2+1+1+1” và “3+1”. Có 5 mô hình CT lặp mới của gene *oipA* “bật” được ghi nhận.

Kết quả nghiên cứu cung cấp thông tin về các chủng *H. pylori* mang các gene và tổ hợp gene độc lực cao có liên quan với tăng nguy cơ loét dạ dày tá tràng và viêm dạ dày mạn có tổn thương tiền ung thư, góp phần làm sáng tỏ vai trò của chúng trong sự phát triển bệnh viêm loét dạ dày tá tràng do nhiễm *H. pylori*.

Huế, ngày tháng 06 năm 2024

Người hướng dẫn khoa học

Nghiên cứu sinh

PGS.TS. Hà Thị Minh Thi

Thái Thị Hồng Nhung

NEW CONTRIBUTIONS OF THE THESIS

Thesis title: “**Study on the *oipA*, *babA2*, *cagE*, and *cagA* genes of *Helicobacter pylori* in patients with gastritis, peptic ulcer disease**”

Major: **Internal medicine**

Code: **9.72.01.07**

PhD student: **Thai Thi Hong Nhung**

Academic supervisor: **Assoc.Prof. Ha Thi Minh Thi**

Training institution: **University of Medicine and Pharmacy, Hue University**

New contributions of the thesis

This new study in Vietnam, which simultaneously investigated the *oipA* "on/off", *babA2*, *cagE*, and *cagA* genes of *H. pylori* isolated from patients with gastritis or peptic ulcer disease, noted that the prevalence of *H. pylori* strains carrying the *oipA* "on" gene was 96.0%, *babA2* (+) was 74.6%, *cagE* (+) was 83.8%, and *cagA* (+) was 83.8%, contributing to a better understanding of the molecular characteristics of this bacterium in Vietnam.

Specifically, we sequenced and analyzed the 5' signal sequence region of the *oipA* gene and identified a total of 25 CT repeat patterns, with 19 patterns of the *oipA* "on" gene, with the most common patterns being "2+1+1+1" and "3+1". Five new CT repeat patterns of the *oipA* "on" gene were identified.

The study provided information on the *H. pylori* strains carrying high virulent genes and gene combinations, which were associated with an increased risk of peptic ulcer disease and chronic gastritis with precancerous lesions. This helps elucidate the role of these genes in the development of *H. pylori*-induced gastritis or peptic ulcer disease.

Hue, June , 2024

Academic Supervisor

PhD student

Assoc. Prof. Ha Thi Minh Thi

Thai Thi Hong Nhung