

THÔNG TIN LUẬN ÁN TIỀN SĨ ĐƯA LÊN MẠNG

Tên đề tài luận án: Nghiên cứu FAM13A trong bệnh phổi tắc nghẽn mạn tính

Chuyên ngành: Khoa học y sinh (Sinh lý học)

Mã số: 9720101

Họ và tên nghiên cứu sinh: PHẠM HOÀNG KHÁNH

Họ và tên người hướng dẫn: PGS.TS. NGUYỄN TRUNG KIÊN

TS. NGUYỄN HUY BÌNH

Tên cơ sở đào tạo: Trường Đại học Y Dược Cần Thơ

TÓM TẮT NHỮNG KẾT LUẬN MỚI CỦA LUẬN ÁN

1. Xác định được:

Tỷ lệ alen C của rs7671167, rs2869967, rs2869966, rs17014601 ở nhóm bệnh và nhóm chứng tương ứng lần lượt là 45%; 50,6%; 49,4%; 31,9% và 47,5%; 47,5%; 52,5%; 21,3%.

Tỷ lệ alen T của rs7671167, rs2869967, rs2869966, rs17014601 ở nhóm bệnh và nhóm chứng tương ứng lần lượt là 55%; 49,4%; 50,6%; 68,1% và 52,5%; 52,5%; 47,5%; 78,8%

Ở SNP rs17014601, đặc điểm phân bố alen T và C ở nhóm bệnh và nhóm chứng khác biệt có ý nghĩa thống kê.

Tỷ lệ kiểu gen TT, CT, CC của FAM13A-rs7671167 ở nhóm BPTNMT lần lượt là 28,8%; 57,5% và 13,8%.

Tỷ lệ kiểu gen TT, CT, CC của FAM13A-rs2869967 ở nhóm BPTNMT lần lượt là 22,5%; 53,8% và 23,8%.

Tỷ lệ kiểu gen TT, CT, CC của FAM13A-rs2869966 ở nhóm BPTNMT lần lượt là 23,8%; 53,8% và 22,5%.

Tỷ lệ kiểu gen TT, CT, CC của FAM13A-rs17014601 ở nhóm BPTNMT lần lượt là 45,0%; 46,3% và 8,8%. Kiểu gen CT có tỷ lệ cao nhất ở nhóm bệnh và khác biệt có ý nghĩa thống kê so với nhóm chứng ($p=0,010$), ($OR=2,429$; $CI_{95\%}=1,234-4,783$).

2. Xác định được:

Ở FAM13A-rs17014601, kiểu gen đồng hợp TT có nguy cơ mắc BPTNMT thấp hơn so với các kiểu gen còn lại ở mô hình di truyền trội ($OR_{TT/(CC+CT)}= 0,441$; $CI_{95\%}=0,233-0,833$), sự khác biệt này có ý nghĩa thống kê ($p=0,012$).

Kiểu gen TT của rs7671167, rs2869966 và kiểu gen CC của rs2869967 có đặc điểm giá trị trung bình VC của nhóm bệnh thấp hơn nhóm chứng có ý nghĩa thống kê với p lần lượt là 0,006; 0,021 và 0,021.

Có sự khác biệt mang ý nghĩa thống kê giữa 2 nhóm nghiên cứu khi phân tích về giá trị trung bình FVC ở nhóm có kiểu gen TT tại SNP rs7671167 và rs17014601. Kiểu gen dị hợp tử CT ở rs7671167, rs2869967 và rs2869966 cũng tìm được mối liên quan có ý nghĩa thống kê về giá trị trung bình FVC ở nhóm bệnh và nhóm chứng.

Ở rs7671167, tại mỗi kiểu gen đều có sự khác biệt mang ý nghĩa thống kê về giá trị trung bình FEV1 của nhóm bệnh và nhóm chứng. Kiểu gen CT của rs2869967 và rs2869966 có đặc điểm giá trị trung bình FEV1 nhóm bệnh thấp hơn nhóm chứng có ý nghĩa thống kê. Ở rs17014601, có sự khác biệt có ý nghĩa thống kê về giá trị trung bình FEV1 của 2 nhóm nghiên cứu tại kiểu gen TT và CT với p lần lượt là 0,004 và 0,002.

Giá trị trung bình chỉ số Tiffeneau ở nhóm bệnh thấp hơn nhóm chứng có ý nghĩa thống kê ở hầu hết các kiểu gen của các SNP ngoại trừ kiểu gen CC của rs17014601.

Cần Thơ, ngày tháng năm 2023

NGƯỜI HƯỚNG DẪN

NGHIÊN CỨU SINH

PGS.TS. Nguyễn Trung Kiên

TS. Nguyễn Huy Bình

Phạm Hoàng Khánh

HIỆU TRƯỞNG

THESIS INFORMATION SUBMITTED FOR A DOCTORATE DEGREE

Thesis: Study of FAM13A in chronic obstructive pulmonary disease

Specialization: Biomedical Science (Physiology) Code: 9720101

Name of doctoral candidate: PHAM HOANG KHANH

Name of supervisor: ASSOC. PROF. DR. NGUYEN TRUNG KIEN

ASSOC. PROF. DR. NGUYEN HUY BINH

Name of training institution: Can Tho University of Medicine and Pharmacy

SUMMARY OF NEW FINDINGS IN THE THESIS

1. The following were identified:

The allele frequency of C in rs7671167, rs2869967, rs2869966, rs17014601 in the disease and control groups were 45%, 50.6%, 49.4%, 31.9% and 47.5%, 47.5%, 52.5%, 21.3%, respectively.

The allele frequency of T in rs7671167, rs2869967, rs2869966, rs17014601 in the disease and control groups were 55%, 49.4%, 50.6%, 68.1% and 52.5%, 52.5%, 47.5%, 78.8%, respectively.

The distribution of the T and C alleles in rs17014601 differed significantly between the disease and control groups.

The genotype frequencies of TT, CT, CC of FAM13A-rs7671167 in the COPD group were 28.8%, 57.5%, and 13.8%, respectively.

The genotype frequencies of TT, CT, CC of FAM13A-rs2869967 in the COPD group were 22.5%, 53.8%, and 23.8%, respectively.

The genotype frequencies of TT, CT, CC of FAM13A-rs2869967 in the COPD group were 23.8%, 53.8%, and 22.5%, respectively.

The genotype frequencies of TT, CT, CC of FAM13A-rs17014601 in the COPD group were 45.0%, 46.3%, and 8.8%, respectively. The CT genotype had the highest frequency in the disease group and differed significantly from the control group ($p=0.010$), (OR=2.429; CI95%=1.234-4.783).

2. The following were determined:

In FAM13A-rs17014601, the homozygous TT genotype had a lower risk of COPD than the other genotypes in the dominant inheritance model ($OR_{TT/(CC+CT)}=0.441$; CI95%=0.233-0.833), and this difference was statistically significant ($p=0.012$).

The TT genotypes of rs7671167 and rs2869966 and the CC genotype of rs2869967 had significantly lower mean values of VC in the disease group than in the control group with p values of 0.006, 0.021, and 0.021, respectively.

There was a statistically significant difference between the two study groups in terms of the mean value of FVC at various genotypes of several SNPs. The heterozygous CT genotype

at rs7671167, rs2869967, and rs2869966 also showed a statistically significant correlation with the mean value of FVC in the disease and control groups.

In rs7671167, there was a statistically significant difference in the mean value of FEV1 between the disease and control groups at each genotype. The CT genotypes of rs2869967 and rs2869966 had significantly lower mean values of FEV1 in the disease group than in the control group. In rs17014601, there was a statistically significant difference in the mean value of FEV1 between the two study groups at the TT and CT genotypes, with p values of 0.004 and 0.002, respectively.

The mean value of the Tiffeneau index was significantly lower in the disease group than in the control group for most genotypes of the SNPs, except for the CC genotype of rs17014601.

Can Tho, July 18, 2023

Instructors

Associate Professor PhD NGUYEN TRUNG KIEN
Associate Professor PhD NGUYEN HUY BINH

PhD Student

Pham Hoang Khanh

RECTOR