

<https://tapchisinhlyhoc.com.vn/>

DOI: 10.54928/vjop.v30i1.189

Bài báo số 189, 11 trang, 52-62.



## NGHIÊN CỨU TỶ LỆ NHIỄM VÀ PHÂN BỐ GENOTYPE HPV NGUY CƠ CAO TRÊN BỆNH NHÂN KHÁM VÀ ĐIỀU TRỊ TẠI BỆNH VIỆN UNG BƯỚU NGHỆ AN

Trần Đức Hùng<sup>1</sup>, Nguyễn Thị Thuỷ Lê<sup>1</sup>, Nguyễn Duy Mạnh<sup>2</sup>, Trần Lê Phương<sup>2</sup>, Đinh Thị Phương Linh<sup>2</sup>, Trần Thị Hương Giang<sup>2</sup>, Nguyễn Thị Công<sup>2</sup>, Nguyễn Thị Việt<sup>2</sup>, Nguyễn Thị Giang An<sup>2\*</sup>

<sup>1</sup> Bệnh viện Ung bướu Nghệ An

<sup>2</sup> Trường Đại học Vinh

\*Tác giả liên hệ: Nguyễn Thị Giang An; Email: nguyengianganbio@vinhuni.edu.vn

Thông tin bài báo: Tiếp nhận: 19.03.2026; Chỉnh sửa: 26.03.2026; Chấp nhận đăng: 27.03.2026;

Công bố online: 30.03.2026.

**Mục tiêu:** Xác định tỷ lệ nhiễm HPV genotype nguy cơ cao bằng kỹ thuật Realtime PCR và mô tả tỷ lệ phân bố genotype HPV nguy cơ cao theo kết quả tế bào học cổ tử cung, mô bệnh học và chẩn đoán lâm sàng. **Phương pháp:** Nghiên cứu mô tả cắt ngang, chọn mẫu thuận tiện trên 157 bệnh nhân, sử dụng kỹ thuật Realtime PCR để phát hiện HPV nguy cơ cao; các dữ liệu lâm sàng, tế bào học và mô bệnh học được thu thập từ hồ sơ bệnh án và phân tích bằng thống kê mô tả. **Kết quả:** Tỷ lệ dương tính HPV là 26,1% (41/157), trong đó nhiễm đơn genotype chiếm 90,2%, đa genotype chiếm 9,8%. HPV52 là genotype gặp nhiều nhất (39,0%), tiếp theo là HPV18 (12,2%) và HPV16 (9,8%). Trong toàn bộ mẫu nghiên cứu, viêm cổ tử cung là chẩn đoán lâm sàng thường gặp nhất (chiếm 54,8%). Trong nhóm dương tính với HPV, viêm là nhóm tế bào học thường gặp nhất (39,0%), tiếp theo là nhóm bình thường (19,5%), LSIL và HSIL cùng chiếm 12,2%. HPV52 là genotype gặp nhiều nhất và phân bố rộng ở hầu hết các mức độ tổn thương theo tế bào học và mô bệnh học. HPV16 và HPV18 cũng xuất hiện ở một số tổn thương mức độ cao, riêng HPV18 được ghi nhận cả ở nhóm bệnh nhân ung thư. **Kết luận:** Nhiễm HPV nguy cơ cao chiếm tỷ lệ đáng kể ở nhóm bệnh nhân nghiên cứu, trong đó HPV52 là genotype nổi bật; kỹ thuật Realtime PCR có giá trị hỗ trợ phát hiện HPV nguy cơ cao cung cấp thông tin hữu ích cho sàng lọc, theo dõi tổn thương cổ tử cung. **Từ khóa:** Realtime PCR, Tỷ lệ nhiễm HPV, genotype, HPV, Ung thư cổ tử cung.

### 1. ĐẶT VẤN ĐỀ

Ung thư cổ tử cung là một trong những ung thư thường gặp ở phụ nữ và vẫn là gánh nặng y tế công cộng quan trọng trên toàn cầu. Theo Tổ chức Y tế thế giới, năm 2022 thế giới ghi nhận khoảng 660.000 ca mắc mới và 350.000 ca tử vong do ung thư cổ tử cung, trong đó phần lớn tập trung ở các quốc gia có thu nhập thấp và trung bình [1]. Nhiễm Human papillomavirus (HPV) kéo dài, đặc biệt các genotype nguy cơ cao, là

nguyên nhân căn nguyên chủ yếu của ung thư cổ tử cung [2].

Tại Việt Nam, ung thư cổ tử cung vẫn là bệnh lý cần được quan tâm trong chăm sóc sức khỏe sinh sản phụ nữ. Bên cạnh những tiến bộ trong sàng lọc và dự phòng, việc phát hiện sớm các trường hợp nhiễm HPV nguy cơ cao và tổn thương cổ tử cung vẫn còn nhiều thách thức. Các nghiên cứu trong nước cho thấy phân bố genotype HPV ở phụ nữ Việt Nam có những đặc điểm riêng. Nghiên cứu tại Thành phố Hồ Chí Minh ghi nhận các type nguy cơ cao như HPV52 và 58 gặp với tần suất đáng kể, thậm chí HPV 16 và 18 cũng ghi nhận trong quần thể nghiên cứu [3]. Nghiên cứu tại Đà Nẵng cũng cho thấy các genotype thường gặp gồm HPV 16, 18, 58 và 59. Điều này cho thấy việc phát hiện sự hiện diện của HPV là chưa đủ, mà cần xác định genotype để hỗ trợ phân tầng nguy cơ và nâng cao hiệu quả chẩn đoán [4]. Trong những năm gần đây, kỹ thuật Realtime PCR ngày càng được ứng dụng rộng rãi trong chẩn đoán nhiễm HPV, nhờ độ nhạy và độ đặc hiệu cao, thời gian thực hiện nhanh, khả năng tự động hóa tốt và cho phép định type HPV đích một cách tin cậy [5], [6].

Tại khu vực Bắc Trung Bộ, dữ liệu về tỷ lệ nhiễm và phân bố genotype HPV nguy cơ cao ở nhóm bệnh nhân khám và điều trị chuyên khoa còn hạn chế. Vì vậy, nghiên cứu này được thực hiện nhằm mô tả tỷ lệ nhiễm và phân bố genotype HPV nguy cơ cao bằng kỹ thuật Realtime PCR ở bệnh nhân khám và điều trị tại Bệnh viện Ung bướu Nghệ An, đồng thời khảo sát sự phân bố kết quả dương tính HPV theo tế bào học cổ tử cung, mô bệnh học và chẩn đoán lâm sàng.

## 2. ĐỐI TƯỢNG VÀ PHƯƠNG PHÁP NGHIÊN CỨU

### 2.1. Đối tượng nghiên cứu

157 bệnh nhân nữ đến khám phụ khoa tại Bệnh viện Ung bướu Nghệ An, được lấy mẫu phết dịch cổ tử cung để xét nghiệm HPV.

**Tiêu chuẩn lựa chọn:** Bệnh nhân đến khám, điều trị tại Bệnh viện Ung bướu Nghệ An được lấy mẫu phết cổ tử cung để xét nghiệm HPV bằng kỹ thuật Realtime PCR, có đầy đủ thông tin chẩn đoán lâm sàng, tế bào học hoặc mô bệnh học”

**Tiêu chuẩn loại trừ:** Các trường hợp thiếu thông tin hoặc mẫu bệnh phẩm không đạt yêu cầu phân tích. Bệnh nhân không đồng ý nghiên cứu.

**Thời gian nghiên cứu:** Nghiên cứu được tiến hành từ tháng 1 năm 2025 đến tháng 2 năm 2026.

**Địa điểm nghiên cứu:** Nghiên cứu được thực hiện tại Bệnh viện Ung bướu Nghệ An.

### 2.2. Phương pháp nghiên cứu

- **Thiết kế nghiên cứu:** Nghiên cứu được thiết kế theo phương pháp mô tả cắt ngang.

- **Cỡ mẫu và cách chọn mẫu:** Chọn mẫu thuận tiện, lấy tất cả bệnh nhân thỏa mãn tiêu chuẩn lựa chọn và loại trừ trong thời gian nghiên cứu. Cỡ mẫu được tính theo công thức:  $n = Z^2(1-\alpha/2) \times p(1-p)/d^2$ , với  $Z = 1,96$ ;  $p = 0,095$ ;  $d = 0,05$ , tính được cỡ mẫu tối thiểu là  $n = 153$  [7]. Thực tiễn nghiên cứu đã thu thập được 157 mẫu.

**- Phương pháp thu thập số liệu:****+ Kỹ thuật multiplex Realtime PCR**

HPV DNA được phát hiện bằng kỹ thuật multiplex Realtime PCR sử dụng bộ sinh phẩm HPV Genotypes 14 Real-TM Quant (Sacace Biotechnologies, Italy), cho phép phát hiện 14 genotype HPV nguy cơ cao gồm HPV-16, 18, 31, 33, 35, 39, 45, 51, 52, 56, 58, 59, 66 và 68. Quy trình tách chiết DNA, chuẩn bị hỗn hợp phản ứng, bố trí chứng dương/chứng âm, chạy phản ứng và diễn giải kết quả được thực hiện theo đúng hướng dẫn của nhà sản xuất. Mẫu được xác định dương tính khi tín hiệu huỳnh quang vượt ngưỡng khuếch đại; trường hợp không phát hiện HPV nhưng nội kiểm  $\beta$ -globin dương tính được kết luận âm tính với HPV DNA.

**+ Phương pháp xét nghiệm tế bào**

Mẫu tế bào học cổ tử cung được thu thập tại vùng chuyển tiếp bằng que Ayre hoặc chổi tế bào chuyên dụng, sau đó được cố định ngay trong ethanol hoặc môi trường bảo quản thích hợp. Tiêu bản được xử lý và nhuộm theo phương pháp Papanicolaou, rồi đọc dưới kính hiển vi quang học bởi 2 bác sĩ có kinh nghiệm. Kết quả tế bào học cổ tử cung được phân loại theo Hệ thống Bethesda 2014 [8], bao gồm các nhóm chính như ASC-US, LSIL, HSIL và carcinoma.

**+ Phương pháp xét nghiệm mô bệnh học**

Mẫu mô cổ tử cung sau khi phẫu tích, được cố định trong formalin 10% đệm trung tính, tiếp theo được chuyển, đúc, cắt, nhuộm các bước theo hướng dẫn tại Quyết định số 5199/QĐ-BYT ngày 25/12/2013 của Bộ Y tế. Tiêu bản sau nhuộm được quan sát dưới kính hiển vi quang học bởi 02 bác sĩ trình độ sau đại học có kinh nghiệm ngành Giải phẫu bệnh. Kết quả mô bệnh học được phân loại theo WHO Classification of Female Genital Tumours, 5th edition (2020) [10].

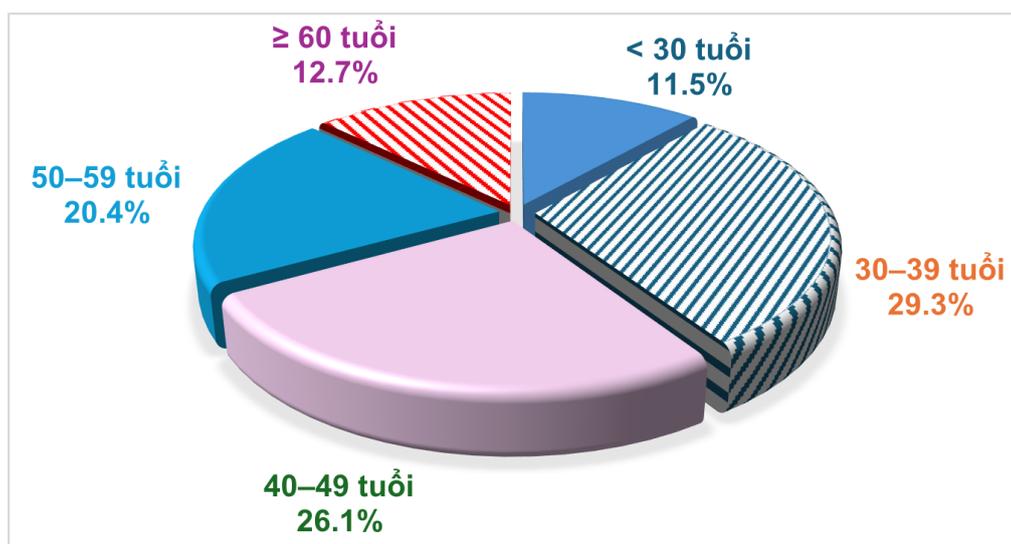
**- Xử lý và phân tích số liệu:**

Các số liệu được xử lý bằng phần mềm thống kê SPSS 26.0, biến định tính được trình bày bằng tần số và tỷ lệ phần trăm. Sự khác biệt giữa các nhóm được đánh giá bằng kiểm định Chi-square khi phù hợp. Giá trị  $p < 0,05$  được xem là có ý nghĩa thống kê.

**2.3. Đạo đức nghiên cứu:**

Nghiên cứu sử dụng số liệu xét nghiệm và hồ sơ chuyên môn sẵn có, không can thiệp trên người bệnh. Thông tin cá nhân của đối tượng nghiên cứu được mã hóa, bảo mật và chỉ sử dụng cho mục đích nghiên cứu khoa học. Nghiên cứu tuân thủ các quy định về đạo đức trong nghiên cứu y sinh học và đã được Bệnh viện Ung bướu Nghệ An cho phép..

**3. KẾT QUẢ NGHIÊN CỨU****3.1. Đặc điểm chung của đối tượng nghiên cứu:**



Hình 1. Phân bố bệnh nhân theo nhóm tuổi

Bảng 1. Đặc điểm chẩn đoán lâm sàng của đối tượng nghiên cứu

Đặc điểm	Số bệnh nhân	Tỷ lệ (%)
Viêm cổ tử cung	86	54,8
ASCUS/AGUS cổ tử cung	18	11,5
LSIL cổ tử cung	15	9,6
HSIL cổ tử cung	8	5,1
Theo dõi/nghi ngờ ung thư cổ tử cung	10	6,4
U xơ tử cung	12	7,6
Tự nguyện sàng lọc	8	5,1
Tổng	157	100

Trong 157 bệnh nhân nghiên cứu, nhóm tuổi 30–49 chiếm tỷ lệ cao nhất (55,4%), trong đó nhóm 30–39 tuổi chiếm 29,3% và nhóm 40–49 tuổi chiếm 26,1%. Về chẩn đoán lâm sàng, viêm cổ tử cung gặp nhiều nhất với 54,8%; nhóm bất thường cổ tử cung hoặc nghi ngờ tổn thương chiếm 32,5%.

### 3.2. Kết quả phát hiện HPV bằng Realtime PCR

Bảng 2. Kết quả phát hiện HPV bằng kỹ thuật Realtime PCR

Kết quả dương tính và âm tính với HPV			Tình trạng nhiễm HPV đơn/đa type		
Nhiễm HPV	Số bệnh nhân	Tỷ lệ (%)	Số lượng nhiễm genotype	Số bệnh nhân	Tỷ lệ (%)
Dương tính	41	26,1	Đơn genotype	37	90,2
Âm tính	116	73,9	Đa t genotype	4	9,8
Tổng số	157	100	Tổng cộng	41	100,0

Trong tổng số 157 bệnh nhân, tỷ lệ dương tính với HPV là 26,1%, trong khi 73,9% trường hợp âm tính.

Trong nhóm dương tính, nhiễm đơn genotype chiếm ưu thế với 90,2%, còn nhiễm đa genotype chỉ chiếm 9,8%.

**Bảng 3. Kết quả phát hiện các genotype ở các bệnh nhân nhiễm HPV**

<i>Nhiễm HPV đơn genotype</i>		
<i>genotype</i>	<i>Số lượng</i>	<i>Tỷ lệ (%)</i>
HPV52	16	39,0
HPV18	5	12,2
HPV16	4	9,8
HPV66	3	7,3
HPV56	2	4,9
HPV58	2	4,9
HPV68	2	4,9
HPV51	1	2,4
HPV59	2	4,9
HPV39 + HPV51	1	2,4
HPV16 + HPV52	1	2,4
HPV16 + HPV31	1	2,4
HPV52 + HPV66	1	2,4
Tổng số	41	100

Trong nhóm bệnh nhân nhiễm HPV, HPV52 là genotype chiếm tỷ lệ cao nhất (39,0%), tiếp theo là HPV18 (12,2%) và HPV16 (9,8%). Các genotype khác xuất hiện với tỷ lệ thấp hơn, dao động từ 2,4% đến 7,3%. Các trường hợp đồng nhiễm chiếm tỷ lệ thấp (mỗi kiểu 2,4%), cho thấy nhiễm đơn genotype vẫn là dạng chủ yếu trong quần thể nghiên cứu.

### 3.3. Phân bố genotype HPV theo tế bào học

**Bảng 4. Phân bố genotype HPV theo kết quả tế bào học và mô bệnh học**

	Phân loại	Số ca (n)	Tỷ lệ (%)	HPV52	HPV16	HPV18	Nhóm khác*	Đồng nhiễm
<b>Kết quả tế bào học</b>	Bình thường	8	19,5	3	1	0	3	1
	Viêm (nhẹ/vừa/mạn)	16	39,0	5	1	3	5	2
	ASCUS	3	7,3	2	0	0	1	0
	LSIL	5	12,2	2	0	1	2	0
	HSIL	5	12,2	3	1	0	0	1
	ASC-H	1	2,4	0	0	0	1	0

	Adenocarcinoma	1	2,4	0	0	1	0	0
	Không xác định	2	4,9	1	1	0	0	0
	<b>Tổng</b>	<b>41</b>	<b>100</b>	<b>16</b>	<b>4</b>	<b>5</b>	<b>12</b>	<b>4</b>
<b>Nhóm mô bệnh học</b>	Không tăng sinh (viêm, condyloma, polyp...)	24	58,5	7	1	3	10	3
	LSIL	6	14,6	3	0	1	2	0
	HSIL (CIN II–III)	7	17,1	4	2	0	0	1
	Ung thư (Carcinoma)	4	9,8	2	1	1	0	0
	<b>Tổng</b>	<b>41</b>	<b>100</b>	<b>16</b>	<b>4</b>	<b>5</b>	<b>12</b>	<b>4</b>
				$\chi^2 \approx 2,18; p \approx 0,14$		$\chi^2 \approx 0,62; p \approx 0,43$		

**Chú thích:** - *Nhóm khác:* HPV 39, 51, 56, 58, 59, 66, 68, 31; *Đồng nhiễm:*  $\geq 2$  genotype HPV trong cùng bệnh nhân.

Kết quả Bảng 3 theo tế bào học cho thấy, nhóm viêm chiếm tỷ lệ cao nhất (39,0%), tiếp theo là nhóm bình thường (19,5%), LSIL và HSIL cùng chiếm 12,2%. HPV52 là genotype gặp nhiều nhất (16/41) và phân bố ở hầu hết các nhóm tế bào học, đặc biệt ở nhóm viêm (5 ca), HSIL (3 ca) và nhóm bình thường (3 ca). HPV18 (5/41) chủ yếu ghi nhận ở nhóm viêm (3 ca) và xuất hiện ở LSIL và adenocarcinoma. HPV16 (4/41) phân bố rải rác ở các nhóm tế bào. Nhóm genotype khác chiếm tỷ lệ đáng kể và phân bố chủ yếu ở nhóm viêm và tổn thương nhẹ.

Theo kết quả mô bệnh học, nhóm không tăng sinh chiếm tỷ lệ cao nhất (58,5%), tiếp theo là HSIL (17,1%), LSIL (14,6%) và ung thư (9,8%). HPV52 vẫn là genotype chiếm ưu thế và xuất hiện ở tất cả các mức độ tổn thương, với tần suất cao ở HSIL (4/7) và ung thư (2/4). HPV 16 và HPV18 chủ yếu ghi nhận ở các tổn thương mức độ cao, trong đó HPV 18 xuất hiện ở nhóm ung thư. Các trường hợp đồng nhiễm chiếm tỷ lệ thấp (9,8%) và phân bố chủ yếu ở nhóm không tăng sinh và HSIL.

## 4. BÀN LUẬN

### Về đặc điểm đối tượng nghiên cứu

Trong nghiên cứu này, nhóm tuổi 30–49 chiếm tỷ lệ cao nhất (55,4%), trong đó nhóm 30–39 tuổi chiếm 29,3% và nhóm 40–49 tuổi chiếm 26,1%. Phân bố này phù hợp với đặc điểm dịch tễ học của nhiễm HPV và các tổn thương cổ tử cung, do đây là giai đoạn phụ nữ có hoạt động tình dục ổn định và có nguy cơ tích lũy phơi nhiễm HPV kéo dài. Kết quả này tương đồng với các nghiên cứu trong nước, trong đó nhiễm HPV có xu hướng tập trung ở nhóm tuổi trung niên, mặc dù một số nghiên cứu cộng đồng ghi nhận phân bố rộng hơn ở các nhóm tuổi lớn hơn [3], [11].

Về chẩn đoán lâm sàng, viêm cổ tử cung chiếm tỷ lệ cao nhất (54,8%). Hiện trạng này phản ánh thực tế tại các cơ sở khám phụ khoa, nơi bệnh nhân chủ yếu đến khám vì triệu chứng viêm nhiễm. Tuy nhiên, tỷ

lệ các bệnh nhân có bất thường hoặc nghi ngờ tổn thương cổ tử cung cũng chiếm (32,5%). Điều này cho thấy quần thể nghiên cứu không chỉ bao gồm các tình trạng lành tính mà còn có nhóm bệnh nhân cần được sàng lọc chuyên sâu.

So với nghiên cứu tại Bệnh viện K của Nguyễn Tiến Quang và Nguyễn Thị Bích Phương trên 1.450 phụ nữ  $\geq 18$  tuổi cho thấy, tỷ lệ nhiễm HPV nguy cơ cao và bất thường tế bào học thấp hơn nghiên cứu này [11]. Trong khi đó, nghiên cứu tại Vinmec Times City ghi nhận tỷ lệ nhiễm HPV nguy cơ cao là 20,9% và nguy cơ tổn thương tế bào học tăng đáng kể ở nhóm nhiễm HPV [6]. Sự khác biệt giữa các nghiên cứu có thể liên quan đến đặc điểm quần thể (cộng đồng so với bệnh viện), tiêu chí chọn mẫu và mức độ can thiệp chẩn đoán.

Nhìn chung, kết quả nghiên cứu cho thấy quần thể bệnh nhân chủ yếu thuộc nhóm tuổi có nguy cơ cao (30–49 tuổi), với viêm cổ tử cung là biểu hiện lâm sàng phổ biến, đồng thời tồn tại một tỷ lệ đáng kể các trường hợp có bất thường cần được tiếp cận bằng các phương pháp sàng lọc chuyên sâu. Điều này nhấn mạnh vai trò của xét nghiệm HPV và các kỹ thuật liên quan trong phát hiện sớm và quản lý nguy cơ tổn thương cổ tử cung.

#### **Tỷ lệ nhiễm và phân bố genotype HPV**

Tỷ lệ dương tính với HPV nguy cơ cao trong nghiên cứu là 26,1% (41/157), trong đó nhiễm đơn type chiếm ưu thế rõ rệt (90,2%), còn đa nhiễm chỉ chiếm 9,8%. Trong nhóm dương tính, HPV52 là genotype gặp nhiều nhất, tiếp theo là HPV18 và HPV16. Đáng chú ý, HPV52 xuất hiện ở hầu hết các nhóm tế bào học và mô bệnh học, từ nhóm bình thường, viêm đến LSIL, HSIL và ung thư, cho thấy đây không chỉ là genotype lưu hành phổ biến mà còn hiện diện trên toàn bộ phổ tổn thương cổ tử cung.

Kết quả này phù hợp với xu hướng dịch tễ học ghi nhận tại Việt Nam và khu vực Đông Á, nơi HPV52 và HPV58 thường có tần suất cao, thậm chí trong một số quần thể còn vượt HPV18 [3, 4, 9]. Nghiên cứu tại Thành phố Hồ Chí Minh năm 2024 ghi nhận HPV58, HPV52 và HPV16 là các genotype phổ biến nhất trong nhóm dương tính [3], trong khi nghiên cứu trên nhóm nguy cơ cao tại miền Bắc Việt Nam cũng cho thấy HPV52 là type gặp nhiều nhất, tiếp theo là HPV16, HPV18 và HPV58 [7]. Các kết quả này cho thấy HPV52 có thể là một trong những genotype lưu hành nổi bật ở phụ nữ Việt Nam.

Tuy nhiên, mô hình phân bố genotype trong nghiên cứu hiện tại có khác biệt so với các phân tích gộp toàn cầu, trong đó HPV16 và HPV18 vẫn là hai type chiếm ưu thế ở ung thư cổ tử cung xâm lấn [12]. Sự khác biệt này nhiều khả năng phản ánh đặc điểm quần thể nghiên cứu tại bệnh viện, bao gồm nhiều bệnh nhân bị viêm cổ tử cung và tổn thương chưa tiến triển đến ung thư xâm lấn. Nói cách khác, cấu trúc genotype HPV trong quần thể sàng lọc và lâm sàng có thể khác đáng kể so với quần thể ung thư cổ tử cung giai đoạn muộn.

Tỷ lệ đa nhiễm thấp (9,8%) cũng là một đặc điểm đáng chú ý của nghiên cứu này. So với các báo cáo trong nước, tỷ lệ này thấp hơn rõ rệt so với nghiên cứu tại Đà Nẵng (36,9%) và nghiên cứu tại Thành phố Hồ Chí Minh (khoảng 20%) [3], [4]. Sự khác biệt này có thể liên quan đến đặc điểm đối tượng nghiên cứu,

mức độ nguy cơ, bối cảnh thu nhận mẫu và danh mục genotype được khảo sát.

### **Ý nghĩa của genotype HPV trong liên quan tế bào học và mô bệnh học**

Kết quả nghiên cứu cho thấy HPV nguy cơ cao được phát hiện ở nhiều mức độ tổn thương khác nhau, từ nhóm tế bào học bình thường, viêm đến LSIL, HSIL và ung thư. Điều này cho thấy nhiễm HPV có thể hiện diện ngay cả khi chưa có biến đổi hình thái rõ rệt, phù hợp với tiến trình tự nhiên của nhiễm HPV, trong đó giai đoạn nhiễm ban đầu có thể kéo dài trước khi xuất hiện bất thường trên tế bào học hoặc mô bệnh học [2].

Trong số các genotype được phát hiện, HPV52 chiếm ưu thế và phân bố rộng ở hầu hết các nhóm tổn thương. HPV52 xuất hiện ở nhóm viêm, LSIL, HSIL và cả ung thư, cho thấy đây không chỉ là genotype lưu hành phổ biến mà còn có mặt trên toàn bộ phổ tổn thương cổ tử cung. Kết quả này phù hợp với các nghiên cứu tại châu Á, nơi HPV52 được ghi nhận là một trong những type thường gặp và có liên quan đến cả tổn thương mức độ thấp và mức độ cao [13], [14].

Ngược lại, HPV16 và HPV18 tuy có tần suất thấp hơn nhưng có xu hướng liên quan chặt hơn với các tổn thương mức độ cao. HPV16 được ghi nhận ở HSIL và trong các trường hợp đồng nhiễm, trong khi HPV18 xuất hiện ở adenocarcinoma. Mô hình này phù hợp với cơ chế sinh ung cổ điển, trong đó HPV16 thường liên quan đến ung thư biểu mô vảy, còn HPV18 liên quan nhiều hơn đến ung thư tuyến [1], [15].

Mặc dù ghi nhận xu hướng phân bố genotype phù hợp về mặt sinh học, nghiên cứu chưa cho thấy sự khác biệt có ý nghĩa thống kê giữa genotype HPV và mức độ tổn thương ( $p > 0,05$ ). Kết quả này trước hết có thể liên quan đến cỡ mẫu còn nhỏ ( $n = 41$ ), trong khi số trường hợp ở từng nhóm tổn thương và từng genotype lại khá ít. Đặc biệt, HPV16 và HPV18 có xu hướng xuất hiện nhiều hơn ở các tổn thương mức độ cao, nhưng số ca tuyệt đối còn hạn chế, nên chưa đủ công suất thống kê để tạo ra khác biệt rõ ràng.

Bên cạnh đó, sự phân bố bệnh nhân giữa các nhóm tổn thương không đồng đều, với phần lớn trường hợp tập trung ở nhóm không tăng sinh và viêm. Sự mất cân bằng này làm giảm khả năng phát hiện khác biệt khi sử dụng kiểm định  $\chi^2$ . Ngoài ra, HPV52 là genotype chiếm ưu thế và xuất hiện ở cả nhóm tổn thương thấp lẫn cao, khiến mức độ khác biệt giữa các nhóm càng khó bộc lộ rõ trên phương diện thống kê.

Một yếu tố khác cần lưu ý là HPV vẫn được phát hiện ở nhóm tế bào học bình thường và mô bệnh học không tăng sinh. Điều này cho thấy nhiễm HPV có thể hiện diện ở giai đoạn sớm, trước khi xuất hiện biến đổi hình thái rõ rệt, từ đó làm giảm mức độ tương quan giữa genotype và mức độ tổn thương tại thời điểm khảo sát. Hơn nữa, do thiết kế nghiên cứu cắt ngang chỉ phản ánh mối liên quan tại một thời điểm, nghiên cứu chưa cho phép đánh giá đầy đủ diễn tiến từ nhiễm HPV đến hình thành tổn thương theo thời gian.

Các trường hợp đồng nhiễm chiếm tỷ lệ thấp (9,8%) và chủ yếu gặp ở nhóm viêm và HSIL. Mặc dù số lượng còn ít, sự hiện diện của đồng nhiễm ở nhóm tổn thương cao vẫn gợi ý khả năng tương tác giữa các genotype trong tiến triển bệnh, cần được làm rõ thêm trong các nghiên cứu có cỡ mẫu lớn hơn.

Nhìn chung, kết quả nghiên cứu cho thấy HPV52 là genotype nổi bật nhất và hiện diện trên phổ tổn thương rộng nhất, trong khi HPV16 và HPV18 có xu hướng liên quan nhiều hơn đến các tổn thương mức độ cao.

Những phát hiện này nhấn mạnh vai trò của xét nghiệm genotype HPV không chỉ trong phát hiện nhiễm mà còn trong phân tầng nguy cơ và hỗ trợ sàng lọc tổn thương cổ tử cung theo từng genotype.

## 5. KẾT LUẬN

Nghiên cứu trên 157 bệnh nhân tại Bệnh viện Ung bướu Nghệ An cho thấy tỷ lệ nhiễm HPV nguy cơ cao là 26,1%, trong đó nhiễm đơn type chiếm ưu thế rõ rệt. HPV52 là genotype phổ biến nhất, tiếp theo là HPV18 và HPV16. HPV52 phân bố rộng ở hầu hết các mức độ tổn thương từ tế bào học bình thường, viêm đến LSIL, HSIL và ung thư, trong khi HPV16 và HPV18 có xu hướng liên quan nhiều hơn đến các tổn thương mức độ cao.

HPV nguy cơ cao được phát hiện không chỉ ở các tổn thương rõ rệt mà còn ở nhóm tế bào học và mô bệnh học không tăng sinh, cho thấy nhiễm HPV có thể tồn tại ở giai đoạn sớm trước khi xuất hiện biến đổi hình thái. Điều này nhấn mạnh vai trò của xét nghiệm HPV trong phát hiện sớm và phân tầng nguy cơ.

Kỹ thuật Realtime PCR cho thấy hiệu quả trong phát hiện và định type HPV nguy cơ cao, góp phần hỗ trợ sàng lọc, theo dõi và định hướng quản lý tổn thương cổ tử cung theo genotype. Kết quả nghiên cứu cung cấp thêm bằng chứng về đặc điểm phân bố genotype HPV tại khu vực Bắc Trung Bộ, đồng thời gợi ý cần tiếp tục nghiên cứu với cỡ mẫu lớn hơn và thiết kế theo dõi dọc để làm rõ mối liên quan giữa genotype HPV và tiến triển tổn thương cổ tử cung.

## LỜI CẢM ƠN

Nhóm tác giả xin trân trọng cảm ơn Khoa Giải phẫu bệnh, Bệnh viện Ung bướu Nghệ An đã tạo điều kiện thuận lợi cho việc thu thập số liệu và thực hiện nghiên cứu; đồng thời cảm ơn các cán bộ y tế và bệnh nhân đã tham gia, hỗ trợ nghiên cứu này.

## Tài liệu tham khảo

1. World Health Organization. Cervical cancer. Geneva: World Health Organization; 2025. Available at: <https://www.who.int/news-room/fact-sheets/detail/cervical-cancer>
2. World Health Organization. Human papillomavirus and cancer. Geneva: World Health Organization; 2024. Available at: <https://www.who.int/news-room/fact-sheets/detail/human-papilloma-virus-and-cancer>
3. Ho Minh Nguyet, Phan Thanh Tam, Quanh Kim Ung, To Gia Kien, Le Hong Phuoc. Prevalence and genotype distribution of high-risk Human Papillomavirus infection among Vietnamese women in Ho Chi Minh City, Viet Nam: a population-based cross-sectional study. *Gynecol Oncol Rep.* 2024;56:101526.
4. Song Nguyen Van, Minh Nguyen Khac, Jan Dimberg, Andreas Matussek, Anna J Henningsson. Prevalence of cervical infection and genotype distribution of human papilloma virus among females in Da Nang, Vietnam. *Anticancer Res.* 2017;37(3):1243-1247.

5. AT Hesselink, J Berkhof, ML van der Salm ML, AP van Splunter, TH Geelen, FJ van Kemenade et al. Clinical validation of the HPV-Risk Assay, a novel Realtime PCR assay for detection of high-risk human papillomavirus DNA by targeting the E7 region. *J Clin Microbiol.* 2014;52(3):890-896.
6. Nguyễn Thị Huy, Đoàn Mai Phương, Nguyễn Thị Thúy Hằng, Nguyễn Thị Sâm, Bùi Thị Thùy Linh, Dương Hồng Quân. Tình trạng nhiễm HPV nguy cơ cao và mối liên quan với tổn thương tế bào học cổ tử cung ở phụ nữ tại bệnh viện Vinmec Time City năm 2022- 2023. *VMJ.* 2024;542(3).
7. Huyen Thi Thanh Hoang, Azumi Ishizaki, Cuong Hung Nguyen, Vuong Thi Tran, Kaori Matsushita, et al. Infection with high-risk HPV types among female sex workers in northern Vietnam. *J Med Virol.* 2013;85(2):288-294.
8. Nayar R, Wilbur DC, editors. *The Bethesda System for reporting cervical cytology: Definitions, Criteria, and Explanatory Notes.* 3rd ed. Cham: Springer; 2015.
9. Ai HT Pham, Thao H Ha, Thanh Q Le, Dat Q Nguyen, Tuan M Vo. Prevalence of High-Risk HPV Infection in Community Women at Ho Chi Minh City in 2024: A Cross-Sectional Study with Self-Collect Sampling. *Int J Womens Health.* 2025;17:1673–1679.
10. WHO Classification of Tumours Editorial Board. *Female Genital Tumours.* 5th ed. Lyon: International Agency for Research on Cancer; 2020.
11. Nguyễn Tiến Quang, Nguyễn Thị Bích Phương. Đặc điểm nhiễm HPV nguy cơ cao ở các tổn thương bất thường cổ tử cung và ung thư cổ tử cung tại bệnh viện K. *VMJ.* 2021;509(2).
12. Dr Silvia de Sanjosé, Mireia Diaz, Xavier Castellsagué, Gary Clifford, Laia Bruni, Nubia Muñoz, et al. Worldwide prevalence and genotype distribution of cervical human papillomavirus DNA in women with normal cytology: a meta-analysis. *Lancet Infect Dis.* 2007;7(7):453-459.
13. Junya Zhang, Keyan Cheng, Zhilian Wang. Prevalence and distribution of human papillomavirus genotypes in cervical intraepithelial neoplasia in China: a meta-analysis. *Arch Gynecol Obstet.* 2020;302(6):1329-1337. doi:10.1007/s00404-020-05787-w
14. Paul K. S. Chan, Wendy C. S. Ho, Martin C. W. Chan, Martin C. W. Wong, Apple C. M. Yeung, et al. Meta-Analysis on Prevalence and Attribution of Human Papillomavirus Types 52 and 58 in Cervical Neoplasia Worldwide. *PLoS One.* 2014;9(9):e107573.
15. Than Manh Hung, Hoang Xuan Son, Le Van Nguyen Bang and Le Van Duyet. Characteristics of Cervical Cancer Caused by the Human Papillomavirus 18 and its Genetic Variations in Vietnamese Women. *Infect Genet Evol.* 2024;117:105546.

**PREVALENCE AND GENOTYPE DISTRIBUTION OF  
HIGH-RISK HUMAN PAPILLOMAVIRUS IN PATIENTS EXAMINED AND TREATED  
AT NGHE AN ONCOLOGY HOSPITAL**

Tran Duc Hung<sup>1</sup>, Nguyen Thi Thuy Le<sup>1</sup>,  
Nguyen Duy Manh<sup>2</sup>, Tran Le Phuong<sup>2</sup>, Dinh Thi Phuong Linh<sup>2</sup>, Tran Thi Huong Giang<sup>2</sup>, Nguyen Thi Cong<sup>2</sup>,  
Nguyen Thi Viet<sup>2</sup>, Nguyen Thi Giang An<sup>2</sup>

<sup>1</sup> Nghe An Oncology Hospital

<sup>2</sup> Vinh University

Corresponding author: Nguyen Thi Giang An; Email: nguyengianganbio@vinhuni.edu.vn

**Objective:** To determine the prevalence of high-risk human papillomavirus (HPV) infection using real-time PCR and to describe the distribution of high-risk HPV genotypes according to cervical cytology, histopathology, and clinical diagnosis. **Methods:** A cross-sectional descriptive study with convenience sampling was conducted on 157 patients. High-risk HPV infection was detected using real-time PCR. Clinical, cytological, and histopathological data were collected from medical records and analyzed using descriptive statistics. **Results:** The overall HPV positivity rate was 26.1% (41/157). Among HPV-positive cases, single-type infection predominated (90.2%), whereas multiple-type infection accounted for 9.8%. HPV52 was the most prevalent genotype (39.0%), followed by HPV18 (12.2%) and HPV16 (9.8%). Cervicitis was the most common clinical diagnosis (54.8%). Among HPV-positive patients, cytological findings included normal cytology (29.3%), mild inflammation (14.6%), low-grade squamous intraepithelial lesion (LSIL) (9.8%), high-grade squamous intraepithelial lesion (HSIL) (9.8%), and carcinoma (4.9%). HPV52 was detected across most lesion categories, whereas HPV18 was observed in carcinoma cases. **Conclusion:** High-risk HPV infection accounted for a considerable proportion of patients, with HPV52 being the predominant genotype. Real-time PCR is a valuable tool for the detection of high-risk HPV and provides clinically relevant information for cervical cancer screening and monitoring of cervical lesions.

**Keywords:** Real-time PCR, HPV prevalence, genotype, human papillomavirus, cervical cancer.