

- adult Gambians: a cross-sectional nationwide study". *Lancet Glob Health*. 2024; 12(1):e55-e65. doi:10.1016/S2214-109X(23)00508-9.
5. **M Wleklík, R Juárez-Vela, I Uchmanowicz, M Czapla, B Uchmanowicz.** "Which multimorbidity clusters in hypertensive patients are associated with longer hospital stays?". *European Journal of Cardiovascular Nursing*. Volume 22. Issue Supplement 1, August 2023; zvad064.078, HYPERLINK "<https://doi.org/10.1093/eurcn/zvad064.078>" <https://doi.org/10.1093/eurcn/zvad064.078>.
  6. **Ji. Eunieona et al.** "Effect of multimorbidity on hypertension management." *Scientific reports* vol. 31 Oct. 2023; 13,1 18764., doi:10.1038/s41598-023-44813-0.
  7. **Tran PB, Kazibwe J, Nikolaidis GF, et al.** "Costs of multimorbidity: a systematic review and meta-analyses". *BMC Med* 2022; 20, 234. HYPERLINK "<https://doi.org/10.1186/s12916-022-02427-9>" <https://doi.org/10.1186/s12916-022-02427-9>.
  8. **Picco L, Achilla E, Abdin E, et al.** "Economic burden of multimorbidity among older adults: impact on healthcare and societal costs". *BMC Health Serv Res*. 2016; 16, 173. HYPERLINK "<https://doi.org/10.1186/s12913-016-1421-7>" <https://doi.org/10.1186/s12913-016-1421-7>.

## THỰC TRẠNG VÀ MỘT SỐ YẾU TỐ LIÊN QUAN NHIỄM VIRUS VIÊM GAN B Ở SINH VIÊN DÂN TỘC THIỂU SỐ TẠI TRƯỜNG ĐẠI HỌC Y DƯỢC THÁI NGUYÊN

Vũ Nhị Hà<sup>1,2</sup>, Chu Thị Khánh Thu<sup>1</sup>, Cà Văn Trường<sup>1</sup>,  
Ngô Thị Mỹ Bình<sup>1</sup>, Trần Ngọc Anh<sup>1</sup>,  
Nguyễn Thị Hiền<sup>1</sup>, Nghiêm Thị Phương Dung<sup>3</sup>

### TÓM TẮT

**Mục tiêu:** Khảo sát tỉ lệ nhiễm virus viêm gan B ở sinh viên dân tộc thiểu số tại Trường Đại học Y Dược Thái Nguyên. **Đối tượng và phương pháp:** Nghiên cứu mô tả cắt ngang 200 sinh viên người dân tộc thiểu số, mẫu máu được thu thập từ hiến máu. Sử dụng xét nghiệm test nhanh xác định HBsAg và kỹ thuật Nested PCR để xác định HBV-DNA. Các mẫu dương tính với PCR được giải trình tự gen và xây dựng cây phát sinh loài. **Kết quả:** 10/200 (5%) nhiễm HBV, trong đó 4/200 (2%) dương tính với HBsAg, 6/200 (3%) dương tính HBV-DNA. Có liên quan nhiễm HBV với độ tuổi ( $p=0,003$ ), không có liên quan nhiễm HBV với giới tính và dân tộc ( $p>0,05$ ). Giải trình tự gen 6 mẫu dương tính cho thấy trình tự HBV thuộc kiểu gen B, là kiểu gen HBV chiếm ưu thế tại Việt Nam. **Kết luận:** Có gánh nặng của HBV ở những khu vực người dân tộc thiểu số. Kết quả của chúng tôi nhấn mạnh sự cần thiết của việc xét nghiệm axit nucleic (NAT) trong sàng lọc viêm gan B ở người dân tộc thiểu số, ngăn ngừa lây truyền bệnh này trong cộng đồng dân cư.

**Từ khóa:** Virus viêm gan B; HBsAg; người dân tộc thiểu số Thái Nguyên

### SUMMARY

#### THE CURRENT STATUS AND ASSOCIATED

<sup>1</sup>Trường Đại học Y Dược Thái Nguyên

<sup>2</sup>Vietnamese-German Center for Medical Research (VG-CARE), Hà Nội, Việt Nam

<sup>3</sup>Trường Đại học Y Hà Nội

Chịu trách nhiệm chính: Vũ Nhị Hà

Email: vunhiha@tnmc.edu.vn

Ngày nhận bài: 18.12.2024

Ngày phản biện khoa học: 21.01.2025

Ngày duyệt bài: 25.2.2025

### FACTORS OF HEPATITIS B VIRUS AMONG MINORITY ETHNIC STUDENTS AT THAI NGUYEN UNIVERSITY OF MEDICINE AND PHARMACY

**Objective:** To investigate the prevalence of hepatitis B virus (HBV) infection among minority ethnic students at Thai Nguyen University of Medicine and Pharmacy. **Methods:** A cross-sectional study was conducted on 200 minority ethnic students, with blood samples collected from voluntary blood donations. Rapid tests were used to detect HBsAg, and nested PCR was employed to detect HBV-DNA. **Results:** 10 out of 200 (5%) students were infected with HBV, with 4/200 (2%) being HBsAg positive and 6/200 (3%) having DNA-HBV. There was a significant association between HBV infection and age ( $p=0.003$ ). Genotyping of 6 positive samples revealed HBV genotype B, the predominant genotype in Vietnam. **Conclusion:** The study highlights a significant burden of HBV among minority ethnic populations. Our findings emphasize the need for nucleic acid testing (NAT) in HBV screening among minority ethnic groups to prevent disease transmission within the community.

**Keywords:** Hepatitis B virus; HBsAg; ethnic minority Thai Nguyen

### I. ĐẶT VẤN ĐỀ

Hiện nay, theo Tổ chức Y tế Thế giới ước tính trên toàn cầu có khoảng 296 triệu người nhiễm virus viêm gan B (Hepatitis B virus: HBV) mạn tính. Hàng năm có khoảng 820.000 trường hợp tử vong liên quan đến các biến chứng của bệnh như viêm gan B mạn tính (VGBMT), xơ gan và ung thư biểu mô tế bào gan (Hepatocellular Carcinoma - HCC) [1]. Việt Nam là quốc gia có tỉ

lệ nhiễm HBV cao trong khu vực, chịu hậu quả nặng nề do nhiễm HBV gây ra. Dữ liệu từ Bộ Y tế Việt Nam năm 2019 cho thấy tỉ lệ nhiễm HBV mạn tính từ 6 – 20% dân số, tương đương với khoảng 8 triệu người. Điều đó đặt ra một thách thức lớn cho hệ thống chăm sóc sức khỏe cộng đồng và trong theo dõi, quản lý điều trị người nhiễm HBV [2].

Tại Việt Nam, trong những năm gần đây, việc triển khai rộng rãi vắc-xin HBV và những cải thiện về điều kiện vệ sinh, chăm sóc sức khỏe và chẩn đoán đã làm giảm đáng kể nguy cơ nhiễm HBV. Tuy nhiên, HBV vẫn là một trong những bệnh nhiễm trùng sau truyền máu phổ biến nhất hiện nay. Đến nay, rất ít nghiên cứu về nhiễm virus viêm gan B ở người dân tộc thiểu số, đặc biệt chưa có nghiên cứu nào phân tích kiểu gen của HBV ở Thái Nguyên.

Theo ghi nhận toàn cầu có 5 kiểu gen của HBV lưu hành là các kiểu gen A, B, C, D và E. Các nghiên cứu ở Châu Á cũng như ở Việt Nam kiểu gen B, C thường gặp nhất [3]. Tính chất phân bố, mức độ đáp ứng điều trị không đồng đều trên các vùng lãnh thổ cũng như sự phổ biến của hiện tượng pha trộn kiểu gene, đồng nhiễm và đa hình các kiểu gene đã làm cho bức tranh chung của bệnh do nhiễm HBV mạn tính thêm phong phú và gây không ít khó khăn trong điều trị. Vì vậy, các kỹ thuật sinh học phân tử xác định kiểu gene của HBV là cần thiết để góp phần lựa chọn thuốc và tiên lượng đáp ứng điều trị.

Chính vì vậy, chúng tôi thực hiện nghiên cứu với mục tiêu:

1. Mô tả thực trạng nhiễm virus viêm gan B ở sinh viên dân tộc thiểu số tại Trường Đại học Y Dược Thái nguyên
2. Xác định kiểu gen của virus viêm gan B ở đối tượng nghiên cứu

## II. ĐỐI TƯỢNG VÀ PHƯƠNG PHÁP NGHIÊN CỨU

### 2.1. Đối tượng nghiên cứu

\* **Đối tượng nghiên cứu:** 200 sinh viên dân tộc thiểu số đang học tập tại Trường ĐH Y Dược Thái Nguyên tham gia hiến máu tình

nguyện năm 2024, không có tiền sử nhiễm HBV. Loại trừ đối tượng không đồng ý tham gia, bỏ nghiên cứu.

### \*Thời gian và địa điểm nghiên cứu:

Nghiên cứu được thực hiện tại Trung tâm nghiên cứu Y học Việt - Đức (VG-CARE) - Bệnh viện Trung Ương Quân Đội 108 từ tháng 4 đến tháng 12 năm 2024.

### 2.2. Phương pháp nghiên cứu

\*Thiết kế nghiên cứu: Phương pháp nghiên cứu mô tả cắt ngang kết hợp phân tích phòng thí nghiệm.

\***Cỡ mẫu và phương pháp chọn mẫu:** Áp dụng công thức tính cỡ mẫu ước lượng cho 1 tỉ lệ:

$$n = Z_{1-\alpha/2}^2 \frac{p \cdot (1-p)}{d^2}$$

+  $\alpha$  là mức ý nghĩa thống kê (trong nghiên cứu này chúng tôi lấy  $\alpha=0,05$ ).

+  $Z_{(1-\frac{\alpha}{2})}$  tương ứng với mức ý nghĩa thống kê mong muốn,  $Z=1,96$  (tương đương  $\alpha=0,05$ ).

+  $p$  là tỷ lệ ước tính. Theo nghiên cứu của Thái Hồng Dương (2006) ở xã Linh Sơn, Thái Nguyên trên đối tượng người dân tộc có tỷ lệ dương tính virus viêm gan B là 8,8%. Do đó, trong nghiên cứu này chúng tôi lấy  $p = 0,088$ .

+  $d$  là độ chính xác tuyệt đối mong muốn. Trong nghiên cứu này chúng tôi lấy  $d = 0,05$ , dự trừ mất mẫu là 10%.

Áp dụng theo công thức trên, tính được số mẫu tối thiểu là 135

Trên thực tế, chúng tôi nghiên cứu 200 mẫu

Phương pháp chọn mẫu: Sử dụng phương pháp chọn mẫu thuận tiện, lấy vào tất cả đối tượng đáp ứng đầy đủ tiêu chuẩn, đồng ý tham gia vào nghiên cứu cho đến đủ cỡ mẫu.

### \* Kỹ thuật nghiên cứu:

+ Kỹ thuật HBsAg test nhanh (Healgen, Mỹ)

+ Kỹ thuật Nested PCR: Tách chiết DNA bằng bộ kit QIAamp DNA Mini kit (QIAGEN, Đức). Thành phần phản ứng Nested PCR được mô tả bảng dưới đây:

| Master Mix: 20 µl/ống    | Outer (µl/tube)                   | Inner (µl/tube)                              | Nồng độ cuối    |
|--------------------------|-----------------------------------|----------------------------------------------|-----------------|
| Corral Load Buffer 10x   | 2                                 | 2                                            | 1x              |
| dNTPs Mix 10 mM          | 0,4                               | 0,4                                          | 200 µM          |
| Primer 10 µM             | 0,5                               | 0,5                                          | 0,2 µM          |
| Taq DNA Polymerase 5U/µL | 0,1                               | 0,1                                          | 0,5 Unit        |
| DNA khuôn                | 5 (Đối chứng (+) pha loãng 1/100) | 5 (Tất cả sản phẩm outer PCR pha loãng 1/50) | < 1 µg/reaction |
| ddH2O                    | 12                                | 12                                           | -               |

Sản phẩm sau khi chạy PCR được điện di trên thạch agarose 1,5% và được nhuộm với

ethidium bromide để thu được dải có kích thước 332bp.

+ Giải trình tự DNA theo phương pháp Sanger

Các mẫu HBV-DNA dương tính sẽ giải trình tự Sanger bằng bộ sinh phẩm BigDye™ Terminator v.3.1 (Thermo Fisher Scientific, Hoa Kỳ) trên hệ thống máy ABI 3100 Avant (Hãng Applied Biosystems (Mỹ)).

**\* Phương pháp thống kê, phân tích số liệu.** Dữ liệu được tổng hợp bằng Excel, sau đó xử lý thống kê bằng phần mềm SPSS 26.0. Các biến định lượng được thể hiện theo giá trị trung bình ( $\bar{X}$ ) và độ lệch chuẩn (SD), các biến định tính được thể hiện dạng số lượng (n) và tỉ lệ phần trăm (%). Sử dụng kiểm định Chi-square test hoặc Fisher exact test để đánh giá sự khác biệt giữa các tỉ lệ. Sự khác biệt được coi là có ý nghĩa thống kê khi  $p < 0,05$ .

\* Nghiên cứu đã được thông qua Hội đồng Đạo đức trong nghiên cứu Y sinh học của trường Đại học Y - Dược Thái Nguyên (Số 774/ĐHYD-HĐĐĐ ngày 19/07/2024). Các kết quả xét nghiệm chỉ có giá trị trong nghiên cứu và không áp dụng trong điều trị hay cho bất kỳ mục đích thương mại. Các thông tin cá nhân của đối tượng nghiên cứu sẽ được đảm bảo bí mật.

### III. KẾT QUẢ NGHIÊN CỨU

#### 3.1. Đặc điểm chung đối tượng nghiên cứu

**Bảng 1. Đặc điểm chung của đối tượng nghiên cứu**

| Biến số   |                 | Đối tượng NC (n=200) |      |
|-----------|-----------------|----------------------|------|
|           |                 | n                    | %    |
| Tuổi      | < 20            | 23                   | 11,5 |
|           | 20 -< 30        | 155                  | 77,5 |
|           | ≥ 30            | 22                   | 11,0 |
|           | Trung bình ± SD | 22,63±4,94           |      |
|           | Khoảng tuổi     | 19÷44                |      |
| Giới tính | Nam             | 50                   | 25,0 |
|           | Nữ              | 150                  | 75,0 |
| Dân tộc   | Thái            | 20                   | 10,0 |
|           | Tày             | 79                   | 39,5 |
|           | Dao             | 13                   | 6,5  |
|           | Nùng            | 40                   | 20,0 |
|           | Mường           | 10                   | 5,0  |
|           | Mông            | 12                   | 6,0  |
|           | Sán Dìu         | 26                   | 13,0 |

**Nhận xét:** - Tuổi trung bình của nhóm NC là 22,63±4,94 tuổi, trong đó cao nhất là 44 tuổi, thấp nhất là 19 tuổi, nhóm 20 -< 30 tuổi chiếm tỷ lệ cao nhất (77,5%).

- Phần lớn đối tượng nghiên cứu là nữ giới (75,0%), tỷ lệ nữ/nam là 3.

**Bảng 2. Nhiễm virus Viêm gan B**

| Biến số                                    |            | Đối tượng NC (n=200) |      |
|--------------------------------------------|------------|----------------------|------|
|                                            |            | n                    | %    |
| HBsAg                                      | Âm tính    | 196                  | 97,5 |
|                                            | Dương tính | 4                    | 2,0  |
| DNA-HBV                                    | Âm tính    | 194                  | 97,0 |
|                                            | Dương tính | 6                    | 3,0  |
| Nhiễm HBV chung (HBsAg (+) và DNA-HBV (+)) | Âm tính    | 190                  | 94,5 |
|                                            | Dương tính | 10                   | 5,0  |

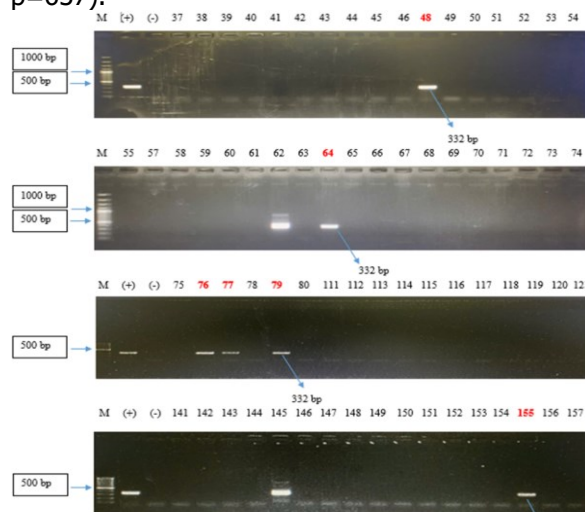
**Nhận xét:** Nhiễm HBsAg chiếm 2,0%, DNA-HBV dương tính trong máu ngoại vi chiếm 3,0%. Như vậy, tổng nhiễm HBV là 5,0%.

#### 3.2. Môi liên quan nhiễm HBV với một số đặc điểm chung và kiểu gen của HBV

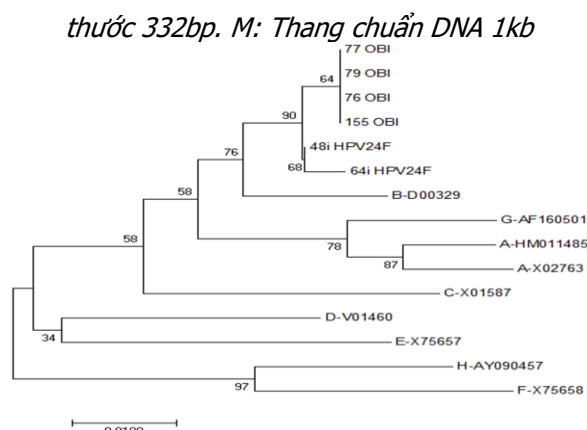
**Bảng 3. Môi liên quan nhiễm HBV với một số đặc điểm chung**

| Biến số   |         | Nhiễm HBV      |                   | p     |
|-----------|---------|----------------|-------------------|-------|
|           |         | Âm tính n; (%) | Dương tính n; (%) |       |
| Tuổi      | <20     | 23 (100)       | 0 (0,0)           | 0,023 |
|           | 20-<30  | 149 (96,1)     | 6 (3,9)           |       |
|           | ≥30     | 18 (81,8)      | 4 (18,2)          |       |
| Giới tính | Nữ      | 140 (93,3)     | 10 (6,7)          | 0,069 |
|           | Nam     | 50 (100,0)     | 0 (0,0)           |       |
| Dân tộc   | Thái    | 19 (95,0)      | 1 (5,0)           | 0,637 |
|           | Tày     | 74 (93,7)      | 5 (6,3)           |       |
|           | Dao     | 11 (84,6)      | 2 (15,4)          |       |
|           | Nùng    | 39 (97,5)      | 1 (2,5)           |       |
|           | Mường   | 10 (100,0)     | 0 (0,0)           |       |
|           | Mông    | 12 (100,0)     | 0 (0,0)           |       |
|           | Sán Dìu | 25 (96,2)      | 1 (3,8)           |       |

**Nhận xét:** Có liên quan nhiễm HBV-DNA với độ tuổi ( $p=0,023$ ). Không có liên quan nhiễm HBV-DNA với giới tính và dân tộc ( $p=0,069$  và  $p=637$ ).



**Hình 1. Kết quả điện di với 6 băng dải có kích**



**Hình 2. Cây phát sinh loài 6 chủng HBV-DNA (+)**

**Nhận xét:** Giải trình tự gen 6 mẫu dương tính cho thấy trình tự HBV thuộc kiểu gen B của HBV, là kiểu gen chiếm ưu thế tại Việt Nam.

#### IV. BÀN LUẬN

**4.1. Đặc điểm chung đối tượng nghiên cứu.** Tỷ lệ nữ so với nam trong nghiên cứu của chúng tôi có cao hơn so với kết quả của các tác giả khác là do sự khác biệt về đối tượng nghiên cứu của chúng tôi đều là người khỏe mạnh. Theo nhiều nghiên cứu trong và ngoài nước thì tần suất nhiễm HBV ở nam giới thường cao hơn nữ giới, bên cạnh đó ở các bệnh nhân nhập viện thì nam giới thường chiếm tỷ lệ cao hơn nữ giới do một số yếu tố khách quan tác động cũng làm gia tăng tần suất nhập viện ở nam như: yếu tố hormon, điều kiện làm việc và sinh hoạt không điều độ như nữ giới [4] [5].

Độ tuổi 20-30 chiếm tỷ lệ nhiều nhất trong nghiên cứu (77,5%) do cách chọn mẫu của chúng tôi là sinh viên người dân tộc thiểu số nên độ tuổi 20-30 là phù hợp. Điều này có sự khác biệt với các nghiên cứu về dấu ấn huyết thanh học chia tuổi thành hai nhóm trên và dưới 40 tuổi, vì theo nhiều nghiên cứu ghi nhận tuổi 40 đánh dấu sự thay đổi về hệ miễn dịch của các bệnh nhân nhiễm HBV mạn tính, ở độ tuổi này thường đã kết thúc giai đoạn dung nạp miễn dịch và nhiều bệnh nhân chuyển sang giai đoạn thanh thải miễn dịch, thậm chí tiến triển đến xơ gan với nhiều mức độ khác nhau [4].

Các dân tộc phân bố vào các nhóm Thái, Tày, Dao, Nùng, Mường, Mông, Sán Dìu. Nghiên cứu của chúng tôi tương đồng về giới và dân tộc với nghiên cứu về HBV ở Thái Nguyên năm 2006 với độ tuổi trung bình của quần thể nghiên cứu là  $40,4 \pm 14,6$  tuổi. Sáu mươi mốt (61%) là nữ và 39% là nam. Hơn một nửa trong số họ (56%) là người Kinh và phần còn lại (44%) đến từ các

dân tộc thiểu số khác nhau (36,3% người Sán Dìu, 5,7% người Tày, 1,8% người Nùng) [6].

**4.2. Mối liên quan nhiễm HBV với một số đặc điểm chung và kiểu gen HBV.** Nghiên cứu của chúng tôi cho thấy có liên quan nhiễm HBV-DNA với độ tuổi ( $p=0,023$ ). Không có liên quan nhiễm HBV-DNA với giới tính và dân tộc ( $p=0,069$  và  $p=0,637$ ). Đối tượng hiến máu trong nghiên cứu của chúng tôi đến từ Trường Đại học Y Dược Thái nguyên, nơi có nhiều cơ hội tiếp cận tiêm chủng, khả năng tiếp cận chăm sóc sức khỏe và trình độ dân trí cao hơn trong cộng đồng dân tộc nói chung. Do đó, tỷ lệ nhiễm HBV ở cộng đồng người dân tộc thiểu số ở các vùng nông thôn có thể còn cao hơn nữa. Cũng cần lưu ý rằng độ nhạy phân tích của các xét nghiệm phân tử đối với HBV-DNA có thể đã ảnh hưởng đến kết quả của nghiên cứu này và là một trong những nguyên nhân gây ra sự khác biệt trong tỷ lệ nhiễm HBV trong các nghiên cứu khác nhau.

Một cuộc khảo sát 400 người về tình trạng huyết thanh dương tính của kháng nguyên bề mặt viêm gan B (HBsAg) và nhiễm HBV đã được tiến hành tại năm thôn ở xã Linh Sơn, tỉnh Thái Nguyên từ tháng 6 đến tháng 8 năm 2006 cho thấy: tỷ lệ nhiễm HBV hiện tại và trong quá khứ cao được quan sát thấy ở vùng nông thôn và tăng đáng kể theo độ tuổi ( $>40$ ) [6]. Độ tuổi trong nghiên cứu của chúng tôi chủ yếu 20-30 vì đối tượng nghiên cứu đều đang đi học nhưng kết quả cho thấy có liên quan nhiễm HBV-DNA với độ tuổi ( $p=0,023$ ).

Nhiễm HBV phổ biến trên toàn thế giới, nhưng tỷ lệ mắc bệnh rất khác nhau giữa các quần thể bệnh nhân. Điều này phụ thuộc vào các khu vực địa lý khác nhau, các yếu tố nguy cơ nhiễm trùng qua đường máu và các xét nghiệm được sử dụng để phát hiện HBsAg và HBV-DNA [7]. Trong nghiên cứu của chúng tôi, không có liên quan nhiễm nhiễm HBV-DNA với giới tính và dân tộc. Đây là điểm hạn chế của nghiên cứu, cần số lượng mẫu lớn hơn trên vùng địa lý rộng hơn để có kết quả chính xác hơn. Một hạn chế khác của nghiên cứu hiện tại là tải lượng virus của các cá thể HBV dương tính không được định lượng.

Nghiên cứu của chúng tôi dựa trên Nested PCR đánh giá HBV-DNA trong mẫu ngoại vi của những người âm tính với HBsAg do hạn chế nguồn kinh phí của đề tài không phân tích các dấu ấn huyết thanh học. Nếu HBsAg (-) kèm theo 2 kháng thể Anti-HBc (-) và Anti-HBs (-) thì người bệnh chưa từng tiếp xúc với HBV. Nếu kèm theo xét nghiệm 2 kháng thể Anti-HBc (+) và Anti-HBs (+) thì người bệnh đã có miễn dịch

bảo vệ HBV trước đó. Nếu kèm theo xét nghiệm 2 kháng thể Anti-HBc (-) và Anti-HBs (+) thì người bệnh có miễn dịch bảo vệ HBV do tiêm phòng vaccine. Do vậy, việc khuếch đại HBV-DNA từ máu ngoại vi có thể không đủ nhạy khi tải lượng HBV-DNA dưới ngưỡng phát hiện ở trong máu. Điều này có thể dẫn đến việc đánh giá thấp số ca nhiễm viêm gan B và việc thiếu dữ liệu các kháng thể huyết thanh có thể hạn chế thông tin thu được về sự biến đổi các dấu ấn huyết thanh học. Đây là nghiên cứu đầu tiên giải trình tự kiểu gen HBV ở Thái Nguyên. Cần có nghiên cứu trên vùng địa lý lớn hơn với số lượng người trong các dân tộc lớn hơn để phân tích tương quan giữa các dân tộc nhiễm HBV với các đặc điểm lâm sàng và cận lâm sàng tại vùng dịch tễ lưu hành bệnh này.

Để phân tích genotype HBV-DNA và xây dựng cây phát sinh loài, chúng tôi đã sắp xếp các trình tự dữ liệu PCR theo CLUSTAL-W và BLAST (National Center for Biotechnology Information; <http://www.ncbi.nlm.nih.gov/blast/blast.cgi>). Tính chính xác và tin cậy của trình tự gen được kiểm tra bởi phần mềm BioEdit. Đặc tính di truyền và phân tích phát sinh loài được thực hiện bằng MEGA7 [8]. Ở Châu Á, kiểu gen B và C của HBV rất phổ biến và khoảng 75% các ca nhiễm HBV ở Việt Nam là do kiểu gen B [9], đây là kiểu gen được xác định ở cả 6 mẫu dương tính với HBV-DNA của chúng tôi. Đáng lưu ý kiểu gen B của HBV đặc biệt liên quan đến các biến thể thoát miễn dịch và giảm tải lượng HBV sớm do thanh thải HBeAg sớm. Trong giai đoạn hậu cửa sổ, trong khi HBV-DNA có thể được phát hiện ở tải lượng thấp, HBsAg có thể không được phát hiện do nhiễm virus cấp tính hoặc mạn tính đã được giải quyết. Ngoài ra, biểu hiện gen S thấp hoặc sự hiện diện của đột biến gen S thoát miễn dịch ở yếu tố quyết định kháng nguyên "a" và vùng ưa nước chính (MHR) đã được công nhận là gây ra kết quả HBsAg âm tính giả [10].

## V. KẾT LUẬN VÀ KIẾN NGHỊ

Trong nghiên cứu này, chúng tôi đã khảo sát tỷ lệ cao của nhiễm viêm gan B trong cộng đồng khỏe mạnh là sinh viên dân tộc thiểu số đang học tập tại Trường Đại học Y Dược Thái Nguyên. Trong khi xét nghiệm nhanh HBsAg bỏ sót nhiều ca, Nested PCR phát hiện 3% người tham gia hiến máu có HBV-DNA và giải trình tự gen các mẫu dương tính này đều thuộc kiểu gen B, là kiểu gen chiếm ưu thế tại Việt Nam. Điều này cho thấy gánh nặng của nhiễm viêm gan B có tác động đáng kể đến sức khỏe cộng đồng do khả năng lây truyền viêm gan B qua truyền máu và sản phẩm

máu, ghép tạng và lây truyền dọc, vì việc sàng lọc hiện nay chỉ dựa vào xét nghiệm HBsAg.

Những kết quả này chứng minh tầm quan trọng của xét nghiệm phân tử trong việc ngăn ngừa sự lây lan và tái hoạt động của HBV ở những bệnh nhân có nguy cơ cao; và ủng hộ việc đưa các xét nghiệm phân tử theo mục tiêu của WHO là chỉ định thường quy HBV vào năm 2030. Các nghiên cứu sâu hơn ở các tỉnh khác nhau của Việt Nam sẽ giúp xác định nguy cơ tương đối của nhiễm HBV lây truyền qua truyền máu trong dân số Việt Nam trong những năm tới.

## VI. LỜI CẢM ƠN

Nghiên cứu này được hỗ trợ bởi Liên minh PAN-ASEAN về Ứng phó Dịch bệnh và Bùng phát (PACE-UP, VG-CARE - Việt Nam); Đề tài cấp cơ sở số 774/ĐHYD-HĐĐĐ của Trường Đại học Y Dược Thái Nguyên.

## TÀI LIỆU THAM KHẢO

1. **World Health Organization** (2023), Hepatitis B, <https://www.who.int/17/8/2023>.
2. **Bộ Y tế, Cục Y tế dự phòng** (2019), Báo cáo kết quả điều tra ước tính tỷ lệ nhiễm HBV, HCV ở người trưởng thành Việt Nam 2018 -2019.
3. **Takuissu GR, Kenmoe S, Amougou Atsama M, Atenguena Okobalemba E, Mbaga DS, Ebogo-Belobo JT, et al.** Global epidemiology of occult hepatitis B virus infections in blood donors, a systematic review and meta-analysis. 2022;17(8):e0272920.
4. **Đỗ Thị Lệ Quyên, Lê Văn Nam** (2023), "Mối liên quan giữa HBV pgRNA và HBV DNA huyết tương bệnh nhân viêm gan B mạn tính và xơ gan do HBV" Tạp chí Y học Việt Nam, tập 531, số 2, tháng 10: 325-329
5. **Yang Wang, Yanna Liu, Hao Liao.** Serum HBV DNA plus RNA reflecting cccDNA level before and during NAs treatment in HBeAg positive CHB patients. International Journal of Medical Sciences. 2022(2022; 19(5): 858-866. doi: 10.7150/ijms.71737).
6. **Duong TH, Nguyen PH, Henley K, Peters MJAPjocpA.** Risk factors for hepatitis B infection in rural Vietnam. 2009;10(1):97.
7. **Saitta C, Pollicino T, Raimondo G.** Occult Hepatitis B Virus Infection: An Update. Viruses. 2022;14(7).
8. **Kumar S, Stecher G, Tamura KJMb, evolution.** MEGA7: molecular evolutionary genetics analysis version 7.0 for bigger datasets. 2016;33(7):1870-4.
9. **Araujo NM, Teles SA, Spitz NJFiM.** Comprehensive analysis of clinically significant hepatitis B virus mutations in relation to genotype, subgenotype and geographic region. 2020;11:616023.
10. **Lazarevic I, Banko A, Miljanovic D, Cupic MJV.** Immune-escape hepatitis B virus mutations associated with viral reactivation upon immunosuppression. 2019;11(9):778