

V. KẾT LUẬN

Việc duy trì ALBC trong phạm vi an toàn đòi hỏi sử dụng các thiết bị đo lường chính xác và đào tạo đúng cách cho người thực hiện. Các phương pháp chủ quan như kỹ thuật cảm nhận bóng kiểm soát bằng tay được chứng minh là không đáng tin cậy, dẫn đến ALBC ngoài phạm vi an toàn chiếm tỉ lệ cao, có thể gây nguy hiểm cho NB.

VI. KIẾN NGHỊ

Trang bị đồng hồ đo ALBC cho mỗi phòng phẫu thuật, đào tạo và cập nhật kiến thức cho nhân viên y tế về tầm quan trọng của việc đo lường và duy trì ALBC trong phạm vi an toàn.

TÀI LIỆU THAM KHẢO

1. Ban MG, Kim SY, Kim MS, et al. Accuracy of pilot balloon palpation for cuff pressure assessment in small versus large sized tubes: a prospective non-randomized observational study. *Sci Rep.* 2023;13(1):5580.
2. Chen RS, O'Connor L, Rebesco MR, et al. Prehospital intubations are associated with elevated endotracheal tube cuff pressures: a cross-sectional study characterizing ETT cuff pressures at a tertiary care emergency department. *Prehosp Disaster Med.* 2021;36(3):283-286.
3. Duarte N, Caetano AMM, Arouca GO, et al. Subjective method for tracheal tube cuff inflation:

performance of anesthesiology residents and staff anesthesiologists: prospective observational study. *Braz J Anesthesiol.* 2020;70(1):9-14.

4. Gupta P, Tandon S, Dhar M, et al. A prospective observational study on changes in endo-tracheal tube cuff pressure and its correlation with airway pressures during various stages of robotic pelvic surgeries. *J Anaesthesiol Clin Pharmacol.* 2022;38(2):270-274.
5. Holyszko A, Levin L, Feczko J, et al. How to prevent endotracheal tube cuff overinflation: "5 for 25". *AANA J.* 2021;89(2):147-154.
6. Janossy KM, Pullen J, Young D, et al. The effect of pilot balloon design on estimation of safe tracheal tube cuff pressure. *Anaesthesia.* 2010;65(8):785-791.
7. Rosero EB, Ozayar E, Eslava-Schmalbach J, et al. Effects of increasing airway pressures on the pressure of the endotracheal tube cuff during pelvic laparoscopic surgery. *Anesth Analg.* 2018;127(1):120-125.
8. Seyed Siamdoust SA, Mohseni M, Memarian A, et al. Endotracheal tube cuff pressure assessment: education may improve but not guarantee the safety of palpation technique. *Anesth Pain Med.* 2015;5(3):e16163.
9. Stewart SL, Secrest JA, Norwood BR, et al. A comparison of endotracheal tube cuff pressures using estimation techniques and direct intracuff measurement. *AANA J.* 2003;71(6):443-447.
10. Turner MA, Feeney M, Deeds L, et al. Improving endotracheal cuff inflation pressures: an evidence-based project in a military medical center. *AANA J.* 2020;88(3):203-208.

PHÂN BỐ VÀ TỶ LỆ CÁC KIỂU GEN VIRUS VIÊM GAN C Ở BỆNH NHÂN ĐIỀU TRỊ TẠI BỆNH VIỆN 19-8

Hoàng Văn Tiến¹, Đinh Ngọc Quân¹, Đỗ Văn Quân¹, Nguyễn Đắc Thảo¹, Nguyễn Thị Thơm¹, Đỗ Thị Nga¹, Nguyễn Quang Huy²

TÓM TẮT

Mục tiêu: Xác định sự phân bố và mối liên quan giữa kiểu gen (genotype), dưới kiểu gen (subtype) HCV với đặc điểm dịch tễ học ở bệnh nhân viêm gan C mạn tính điều trị tại Bệnh viện 19-8, Bộ Công an. **Đối tượng và phương pháp nghiên cứu:** Nghiên cứu hồi cứu trên nhóm bệnh nhân được chẩn đoán xác định mắc HCV bằng realtime PCR định lượng và giải trình tự gen. **Kết quả nghiên cứu:** Tỷ lệ mắc HCV trong nhóm tuổi < 60 chiếm 82.5%, chủ yếu là nam

giới (80%). Xác định được 04 kiểu genotype và genotype 6 chiếm tỷ lệ cao nhất 62.5%). Xác định được 12 kiểu subtype trong đó subtype 6a và 1a chiếm tỷ lệ cao nhất, lần lượt là 38.8% và 25.0%. Đa số các trường hợp viêm gan C điều trị tại Bệnh viện 19-8 đến từ Hà Nội (66.3%). **Kết luận:** Kiểu genotype 1a và 6a chiếm ưu thế trong quần thể HCV tại Bệnh viện 19-8. **Từ khóa:** Bệnh viện 19-8, HCV, kiểu subtype 6a, subtype 1a, Viêm gan C

SUMMARY

DISTRIBUTION AND PREVALENCE OF HEPATITIS C VIRUS GENOTYPES IN PATIENTS TREATED AT 19-8 HOSPITAL

Objective: The present study aimed to investigate the prevalence, distribution and correlation of HCV genotypes and its subtypes among hepatitis C patients treated at 19-8 Hospital, Ministry of Public Security, Hanoi, Vietnam. **Materials and Methods:** Retrospective study on a group of patients diagnosed with HCV by quantitative real-time PCR and gene

¹Bệnh viện 19 – 8, Bộ Công An

²Trường Đại học Khoa học và Công nghệ Hà Nội, Viện Hàn lâm Khoa học và Công nghệ Việt Nam (VAST)

Chịu trách nhiệm chính: Hoàng Văn Tiến

Email: hoangtienhh198@gmail.com

Ngày nhận bài: 13.2.2025

Ngày phản biện khoa học: 20.3.2025

Ngày duyệt bài: 22.4.2025

sequencing. **Results:** The prevalence of HCV in age groups <60 is 82.5%, mainly men (80%). Four HCV genotypes were detected, genotype 6 accounted for the highest rate 62.5%. Of the 12 identified subtypes, subtypes 6a and 1a accounted for the highest proportion, 38.8% and 25.0%, respectively. The majority of hepatitis C patients treated at Hospital 19-8 came from Hanoi (66.3%). **Conclusion:** Genotype 1a and 6a were dominant among hepatitis C patients in 19-8 Hospital. **Keywords:** 19-8 Hospital, HCV, subtype 6a, subtype 1a, Hepatitis C

I. ĐẶT VẤN ĐỀ

Virus viêm gan C (HCV) là tác nhân chính gây bệnh viêm gan C cấp tính và mãn tính, đã và đang là một mối đe dọa lớn đối với sức khỏe cộng đồng. Năm 2024, Tổ chức Y tế Thế giới (WHO) ước tính có trên 100 triệu ca nhiễm HCV xảy ra ở tất cả các khu vực trên thế giới, trong đó có khoảng 50 triệu người chuyển sang thể nhiễm HCV mãn tính [1]. Tỷ lệ mắc mới hàng năm ước tính là 1,5 triệu trường hợp. Khoảng 700.000 người tử vong mỗi năm vì các biến chứng liên quan đến nhiễm HCV bao gồm xơ gan, ung thư biểu mô tế bào gan [2]. Tuy nhiên tỷ lệ nhiễm HCV và mắc viêm gan C phân bố rất khác nhau theo khu vực địa lý, quốc gia, và thậm chí ở mức độ vùng miền ở mỗi quốc gia [3].

Hiện nay, HCV được phân loại thành bảy kiểu gen (genotype) gồm 1, 2, 3, 4, 5, 6 và 7. Mỗi kiểu gen lại được chia thành nhiều kiểu phụ hoặc dưới kiểu gen (subtype). Theo thống kê thì có trên 100 subtypes của HCV đã được xác định [4]. Trong số các kiểu gen HCV, genotype 1 chiếm tỷ lệ cao nhất với trên 44% tổng số ca nhiễm HCV trên toàn thế giới và 60% ở những ca nhiễm HCV tại những nước có thu nhập trung bình và thu nhập cao. Kiểu genotype 4 chiếm khoảng 15% tổng các ca nhiễm HCV toàn cầu.

Việt Nam nằm trong số 20 quốc gia có gánh nặng bệnh viêm gan C cao nhất trên thế giới; tỷ lệ mắc HCV khoảng 2 – 9% dân số, tùy vào khu vực, vùng miền. Mặc dù đã có nghiên cứu về dịch tễ học HCV tại một số bệnh viện tại Hà Nội, tuy nhiên do Hà Nội là 1 trong 2 thành phố có mật độ cư dân lớn nhất cả nước, dân số phân bố trên khu vực địa lý rộng nên tình hình HCV ở mỗi quận, huyện, cơ sở y tế là khác nhau. Bệnh viện 19-8 Bộ Công an là đơn vị chăm sóc sức khỏe tuyến đầu của lực lượng an ninh miền Bắc, Việt Nam. Bệnh viện còn có các bệnh nhân là người nước ngoài công tác chuyên môn dài hạn, năng cao nghiệp vụ. Do đó, thành phần, tỷ lệ và sự phân bố các kiểu genotype, subtype của HCV có thể khác so với các bệnh viện khác ở Hà Nội. Chính vì vậy chúng tôi tiến hành nghiên cứu với mục tiêu xác định đặc điểm dịch tễ học phân tử HCV tại Bệnh viện 19-8, Bộ Công an.

II. ĐỐI TƯỢNG VÀ PHƯƠNG PHÁP NGHIÊN CỨU

Đối tượng nghiên cứu. Tất cả 80 trình tự gen virus viêm gan C của 80 bệnh nhân được lưu trữ tại Trung tâm Huyết học- Truyền máu điều trị tại Bệnh viện 19-8.

Tiêu chuẩn lựa chọn mẫu nghiên cứu

- Các mẫu được xác định tải lượng HCV bằng kỹ thuật RT-Realtime PCR
- Mẫu được giải trình tự gen
- Có đầy đủ hồ sơ thông tin dịch tễ học.

Thời gian và địa điểm nghiên cứu

- Thời gian nghiên cứu: Từ tháng 3/2024 – 3/2025

- Địa điểm nghiên cứu: Bệnh viện 19-8

Phương pháp nghiên cứu

Thiết kế nghiên cứu: Nghiên cứu mô tả cắt ngang, hồi cứu

Phương pháp sử dụng trong nghiên cứu

- PCR Sequencing và giải trình tự Sanger
- Phân tích kết quả: Trình tự vùng gen NS5B được xử lý bằng phần mềm Bioedit, phân tích, xác định kiểu genotype trên trang Web: <http://hcv.lanl.gov> và so sánh với kết quả Blast trên NCBI, GenBank.

- Phương pháp phân tích cây phả hệ: Cây phả hệ dựa trên trình tự gen NS5B theo phương pháp Neighbour-joining tree, với giá trị lặp 1000 Bootstrap trên công cụ PhyML (<https://www.phylogeny.fr/>).

Xử lý số liệu: Sử dụng Chi-square test và ANOVA.

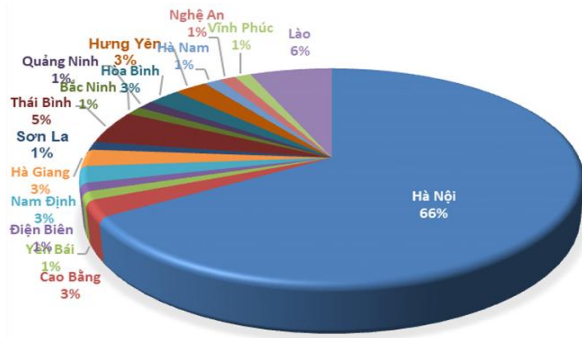
III. KẾT QUẢ NGHIÊN CỨU

Phân bố quần thể HCV theo năm, khu vực địa lý, giới tính và độ tuổi

Bảng 1: Phân bố quần thể HCV theo năm và quốc gia

Năm	Việt Nam	Lào	Số mẫu dương tính HCV	Tỷ lệ
2017	20	0	20	25.0%
2018	29	4	33	41.25%
2019	22	1	23	28.75%
2020	4	0	4	5.0%
Tổng	75	5	80	100%

Nhận xét: Tổng số 80 mẫu dương tính HCV đã được thu thập, chiếm tỷ lệ cao nhất trong năm 2018 (41.25%), tiếp theo là năm 2019 (28.75%), và thấp nhất trong năm 2020 (5%). Quần thể HCV được xác định chủ yếu từ bệnh nhân của 15 tỉnh thành phía Bắc, Việt Nam chiếm 94%, còn lại là từ Lào (6%).



Hình 1: Phân bố mẫu HCV theo khu vực địa lý

Nhận xét: Hà Nội chiếm 66%, các tỉnh thành còn lại rải rác 1 – 5%. Tại Hà Nội, mẫu HCV dương tính được thu nhận từ bệnh nhân phân bố ở 11 quận, huyện của Hà Nội, trong đó Cầu Giấy chiếm tỷ lệ cao nhất (32.1%), tiếp đến là Quận Bắc Từ Liêm (26.4%), Nam Từ Liêm (13.2%), trong khi các quận huyện còn lại gồm Tây Hồ, Đống Đa, Thanh Xuân, Hà Đông, Chương Mỹ, Mỹ Đức, Đan Phượng, Ứng Hoà chiếm tỷ lệ từ 1.9% đến 5.7%.

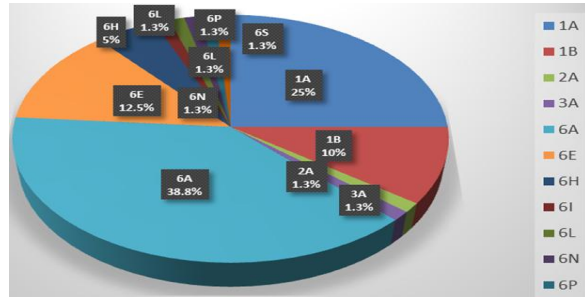
Bảng 2: Phân bố mẫu HCV theo nhóm độ tuổi và giới tính

Nhóm độ tuổi	Nam	Nữ	Kiểu gen HCV					Tỉ lệ %
			1	2	3	6	Tổng	
20 - 30	5	0	2	0	1	2	5	6.3
31 - 40	13	6	8	0	0	11	19	23.8
41 - 50	26	3	8	0	0	21	29	36.3
51 - 60	10	3	6	0	0	7	13	16.3
>60	10	4	4	1	0	9	14	17.5
Tổng	64	16	28	1	1	50	80	100
Tỷ lệ (%)	80	20	35.0	1.3	1.3	62.5	100	

Nhận xét: Theo giới tính, tỷ lệ HCV ở nhóm bệnh nhân Nam chiếm 80%, Nữ chỉ chiếm 20%. Độ tuổi trung bình của quần thể bệnh nhân dương tính HCV là 47.4%, trong đó bệnh nhân nhỏ tuổi nhất là 21 tuổi, cao tuổi nhất là 78 tuổi. Phân bố HCV theo nhóm tuổi cao nhất ở nhóm 41 – 50 tuổi (36.3%), tiếp đến là nhóm 31 – 40 tuổi (23.8%), trong khi nhóm 20 – 30 có tỷ lệ dương tính HCV thấp nhất (6.3%).

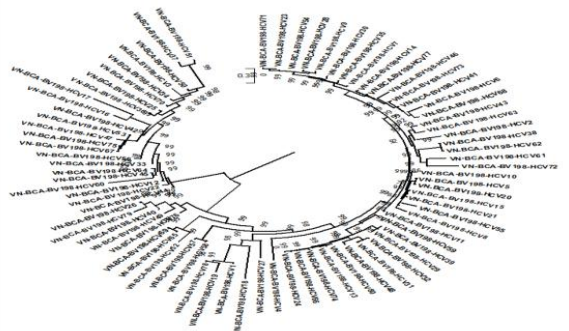
Quần thể HCV phân bố ở 4 kiểu gen điển hình trong đó chiếm ưu thế nhất là kiểu gen 6 (62.5%), tiếp theo là 1 (35.0%), trong khi kiểu gen 2 và 3 chiếm tỷ lệ rất thấp (1.3% mỗi loại).

Phân bố kiểu gen (genotype) và dưới kiểu gen (sub-genotype) HCV



Hình 2: Phân bố dưới kiểu gen HCV trong quần thể bệnh nhân

Nhận xét: Nhóm kiểu gen 1 và 6 chiếm đa số trong nhóm bệnh nhân nghiên cứu. Kiểu gen 6 có sự đa dạng nhất, dưới kiểu gen phân thành 8 kiểu: 6A, 6E, 6H, 6I, 6L, 6N, 6P, 6S. Dưới kiểu gen 6A chiếm tỉ lệ cao nhất (38,8%), tiếp theo là 6E, 6H lần lượt là 12,5% và 5%, các dưới kiểu gen 6 còn lại bằng nhau và bằng 1,3%. Kiểu gen 1 có 2 dưới kiểu gen 1A chiếm 25% và 1B chiếm 10%. Kiểu gen 2,3 chỉ có dưới kiểu gen 2A và 3A.



Hình 3: Cây phả hệ được xây dựng từ trình tự gen mã hóa gen NS5B của 80 chủng HCV trong nghiên cứu

Nhận xét: Cây phả hệ thể hiện phân bố theo từng nhánh lớn của mỗi kiểu genotype có các subtype HCV tương ứng được phát hiện trong nghiên cứu này và các nghiên cứu khác trên thế giới bao gồm các subtype hiếm gặp. Các subtype chia thành các cụm nhỏ (cluster) cho thấy sự đa dạng về đặc tính di truyền giữa các chủng HCV cùng kiểu subtype.

IV. BÀN LUẬN

Trong nghiên cứu của chúng tôi, số lượng bệnh nhân nam chiếm chủ yếu là 80% còn bệnh nhân nữ chiếm 20%, tỉ lệ nam/nữ là 4/1. Kết quả nghiên cứu của chúng tôi khá tương đồng với một nghiên cứu gần đây tại Bệnh viện Hữu nghị đa khoa Nghệ An cho thấy, tỷ lệ bệnh nhân nam nhiều hơn nữ (83,14% so với 16,86%) [5]. Tuổi trung bình của bệnh nhân là 47,5 tuổi, trong đó nhóm tuổi 40-59 chiếm tỷ lệ cao nhất (43,6%). Trong khi đó, cũng theo một nghiên

cứu khác thực hiện tại Bệnh viện Đại học Y Dược TP.HCM cho thấy, bệnh nhân nữ chiếm tỉ lệ cao hơn với 53,7%, bệnh nhân nam chiếm 46,3%, và độ tuổi trung bình là 55,5 tuổi [6].

Một số nghiên cứu cho thấy sự gia tăng tỷ lệ nhiễm HCV theo độ tuổi, có thể là do việc sàng lọc các sản phẩm máu được cải thiện và gần đây hơn cũng như áp dụng các phương pháp tiêm an toàn hơn. Các nghiên cứu huyết thanh học ở một số quốc gia Đông Nam Á cho thấy tỷ lệ lưu hành kháng thể HCV tổng thể từ 0,4% đến 6% và các nghiên cứu nhỏ hơn cho thấy sự khác biệt rất lớn theo vùng địa lý. Tỷ lệ nhiễm HCV trong dân số các quốc gia DNA và Đông Á nói chung là khác nhau, từ khoảng 0,5% ở Singapore và Hồng Kông đến khoảng 6% ở Việt Nam và Thái Lan và vượt quá 10% ở Myanmar, ở Trung Quốc là khoảng 2%–3% (tương đương với khoảng 30 triệu người)[7].

Tổng cộng 12 dưới kiểu gen HCV được xác định, kiểu genotype 6 có sự đa dạng nhất với 8 subtype (6a, 6e, 6h, 6i, 6l, 6n, 6p, và 6s), trong đó subtype 6a chiếm tỷ lệ cao nhất là 38,8%, tiếp đó là subtype 6e (12,5%) và 6h (5%), các subtype còn lại chỉ chiếm 1,3% mỗi loại. Kiểu genotype 1 chỉ xác định được 2 subtype gồm 1a (25,0%) và 1b (10,0%). Kiểu genotype 2a và 3a có tỷ lệ thấp là 1,3% mỗi loại. Kiểu genotype 1 cũng phân bố rất rộng và được tìm thấy ở hầu hết các quốc gia trên khắp thế giới [4]. Trong đó subtype 1b phổ biến và đặc trưng nhất ở Trung Quốc, Hồng Kông, Đài Loan, Nhật Bản và Hàn Quốc. Tương tự, kiểu genotype 2 và 3, được tìm thấy khá phổ biến ở Châu Âu và các nước Châu Á, đặc biệt là Nam Á [8]. Tuy nhiên hai kiểu genotype này lại phân bố rải rác ở các quốc gia Đông Nam Á, trong đó chiếm tỉ lệ thấp ở Việt Nam. Cuối cùng kiểu genotype 6 và các subtypes rất phổ biến ở Đông Nam Á, nhất là ở các quốc gia như Cambodia, Laos, Myanmar, và Vietnam, và cho thấy sự lưu hành rộng rãi và đặc trưng của kiểu genotype này trong khu vực. Các ca nhiễm kiểu genotype 6 cũng có tầm quan trọng về mặt dịch tễ học: theo thống kê của WHO, ước tính có khoảng 62 triệu người nhiễm HCV ở khu vực Tây Thái Bình Dương, chiếm khoảng một phần ba tổng số ca nhiễm HCV trên toàn thế giới [9]. Do đó nghiên cứu đặc điểm dịch tễ học phân tử của HCV không chỉ dừng lại ở từng quốc gia mà còn cần xác định ở những khu vực địa lý, cộng đồng dân cư cụ thể để có những biện pháp kiểm soát, phòng ngừa lây nhiễm và điều trị HCV hiệu quả hơn.

V. KẾT LUẬN VÀ KHUYẾN NGHỊ

Kiểu genotype 1 và 6 chiếm ưu thế nhất (97,5%) trong tổng số 4 kiểu genotype HCV được phát hiện tại Bệnh viện 19-8. Trong số 12 kiểu subtype, subtype 6a và 1a chiếm tỷ lệ cao nhất, lần lượt là 38,8% và 25,0%. Nhóm bệnh nhân viêm gan C điều trị tại Bệnh viện 19-8 đến từ 15 tỉnh thành phía Bắc, trong đó Hà Nội chiếm đa số (66,3%). Những dữ liệu này còn hạn chế, chỉ đại diện cho quần thể bệnh nhân điều trị tại Bệnh viện 19-8, do đó cần có thêm những nghiên cứu dịch tễ học tại các bệnh viện khác để đánh giá chính xác sự phân bố các kiểu genotype và subtype của HCV trên địa bàn Hà Nội.

TÀI LIỆU THAM KHẢO

1. **WHO**, Global hepatitis report 2024, Action for access in low- and middle-income countries, ISBN 978-92-4-009167-2.
2. **Petruzzello A, Marigliano S, Loquercio G, Cozzolino A, Cacciapuoti C**. Global epidemiology of hepatitis C virus infection: An update of the distribution and circulation of hepatitis C virus genotypes. *World J Gastroenterol*. 2016;22(34):7824-40.
3. **Hajarizadeh B, Grebely J, Dore GJ**. Epidemiology and natural history of HCV infection. *Nat Rev Gastroenterol Hepatol*. 2013;10(9):553-62.
4. **Shah R, Ahovegbe L, Niebel M, Shepherd J, Thomson EC**. Non-epidemic HCV genotypes in low- and middle-income countries and the risk of resistance to current direct-acting antiviral regimens. *J Hepatol*. 2021 Aug;75(2):462-473. doi: 10.1016/j.jhep.2021.04.045.
5. **Q, A. Tram, V. T. Nga**. Đánh giá mối liên quan giữa kiểu gen HCV với các đặc điểm cận lâm sàng trên bệnh nhân điều trị tại trung tâm bệnh nhiệt đới, Bệnh viện Hữu nghị Đa khoa Nghệ An. *Tạp Chí Y học Việt Nam*, 524(1A). <https://doi.org/10.51298/vmj.v524i1A.4668>.
6. **T.T.T. Nguyen, T. T. Toan, Đ. K. Vy, et al**. Khảo sát tỷ lệ nhiễm, tái nhiễm và phân bố kiểu gen virus viêm gan c trên người đến khám tại bệnh viện đại học y dược TP.HCM. *VMJ*. 2023;532(2). doi:10.51298/vmj.v532i2.760516.
7. **Wasitthanasem R, Vongpunsawad S, Siripon N, Suya C, Chulothok P, Chaiear K, Rujirojindakul P, Kanjana S, Theamboonlers A, Tangkijvanich P, Poovorawan Y**. Genotypic distribution of hepatitis C virus in Thailand and Southeast Asia. *PLoS One*. 2015 May 11;10(5):e0126764. doi: 10.1371/journal.pone.0126764.
8. **Thong VD, Akkarathamrongsin S, Poovorawan K, Tangkijvanich P, Poovorawan Y**. Hepatitis C virus genotype 6: virology, epidemiology, genetic variation and clinical implication. *World J Gastroenterol*. 2014 Mar 21;20(11): 2927-40. doi: 10.3748/wjg.v20.i11.2927.
9. **Iversen J, Wand H, Chan PL, Le LV, Maher L**. Systematic Review of Hepatitis C Virus Prevalence in the WHO Western Pacific Region. *Viruses*. 2022 Jul 15;14(7):1548. doi: 10.3390/v14071548.