

coi trọng.

Kết hợp Y học hiện đại và Y học cổ truyền trong điều trị tăng huyết áp tại khoa đã cho kết quả khả quan với 98,4% bệnh nhân có kết quả đỡ khi ra viện với 100% bệnh nhân cải thiện các triệu chứng lâm sàng và 89,0% bệnh nhân đạt huyết áp mục tiêu điều trị. Số ngày trung bình đạt huyết áp mục tiêu chỉ có $2,3 \pm 2,8$ ngày. Do vậy, qua kết quả nghiên cứu có thể khẳng định phương pháp điều trị điều trị Y học hiện đại kết hợp Y học cổ truyền đem lại hiệu quả cao trong điều trị tăng huyết áp.

V. KẾT LUẬN

Qua nghiên cứu 454 bệnh án tăng huyết áp tại Khoa Lão – Bệnh viện Y học cổ truyền Trung ương cho thấy bệnh nhân tăng huyết áp chủ yếu được điều trị đơn trị liệu thuốc hạ huyết áp Y học hiện đại kết hợp thuốc thang Y học cổ truyền. Chế phẩm và phương pháp không dùng thuốc Y học cổ truyền ít được sử dụng. Phương pháp Y học hiện đại kết hợp Y học cổ truyền đã cải thiện triệu chứng, chỉ số huyết áp và đạt mục tiêu điều trị tốt. Tuy nhiên, cần phối hợp thuốc hạ huyết áp ngay từ đầu và tăng cường bảo chế và sử dụng chế phẩm thuốc cổ truyền và phương pháp không dùng thuốc để tăng hiệu quả điều trị.

TÀI LIỆU THAM KHẢO

1. **CDC.** Health and economic benefits of high blood pressure interventions. National center for chronic disease prevention and health promotion (NCCDPHP). 2024. <https://www.cdc.gov/nccdphp/priorities/high-blood-pressure.html>
2. **Fan H, Yang JW, Wang LQ, et al.** The hypotensive role of acupuncture in hypertension: Clinical study and mechanistic study. *Front Aging Neurosci.* 2020;12:138.doi:10.3389/fnagi.2020.00138

3. **Hội Tim mạch học Việt Nam.** Khuyến cáo của Phân hội Tăng huyết áp - Hội Tim mạch học Việt Nam (VSH/VNHA) về chẩn đoán và điều trị tăng huyết áp 2022. <http://www.vnha.org.vn/congress12.asp?hoinghi=25>
4. **Lê Trường Giang, Nguyễn Thị Ngọc Vân, Lê Thanh Tâm, Trần Hoàng Thủy Phương.** Tình hình sử dụng thuốc tăng huyết áp và đánh giá kết quả điều trị tại Bệnh viện đa khoa thành phố Cần Thơ năm 2021-2022. *Tạp chí Y Dược học Cần Thơ.* 2022;(51):221-228. doi:10.58490/ctump.2022i51.334
5. **Li J.** Traditional Chinese medicine in treating hypertension. *Circulation.* Cardiovascular quality and outcomes. 2022;15(3):e008723. doi:10.1161/circoutcomes.121.008723
6. **Li J, Sun M, Ye J, et al.** The mechanism of acupuncture in treating essential hypertension: A narrative review. *Int J Hypertens.* 2019;2019:8676490. doi:10.1155/2019/8676490
7. **Trần Thị Bích Ngọc, Dương Xuân Chử, Trần Kim Sơn.** Tình hình sử dụng thuốc theo Khuyến cáo Hội tim mạch học Việt Nam năm 2022 trên bệnh nhân tăng huyết áp nguyên phát điều trị ngoại trú tại Bệnh viện Trường Đại học Y dược Cần Thơ năm 2022-2023. *Tạp chí Y Dược học Cần Thơ.* 2023;(63):92-98. doi:10.58490/ctump.2023i63.1037
8. **Vijayakumar V, Boopalan D, Ravi P, et al.** Effect of massage on blood pressure in patients with hypertension: A meta-analysis. *Journal of Bodywork and Movement Therapies.* 2024;37:109-114. doi:10.1016/j.jbmt.2023.11.028
9. **Wang J, Yao K, Yang X, Liu W.** Chinese patent medicine Liu Wei Di Huang Wan combined with antihypertensive drugs, a new integrative medicine therapy, for the treatment of essential hypertension: A systematic review of randomized controlled trials. *Evidence-based complementary and alternative medicine.* 2012;1741-427X:714805. doi:10.1155/2012/714805
10. **World Health Organization.** Hypertension. Accessed March 1, 2025. <https://www.who.int/news-room/fact-sheets/detail/hypertension>

KHẢO SÁT SỰ PHÂN BỐ SUBTYPE CỦA HIV-1 TẠI ĐÔNG NAM Á VÀ VIỆT NAM THEO CƠ SỞ DỮ LIỆU LOS ALAMOS

Bùi Minh Trí¹

TÓM TẮT

Đặt vấn đề: Do bản chất không đồng nhất và không ngừng tiến hóa của HIV, các biện pháp điều trị, dự phòng và phát triển vắc-xin đòi hỏi phải có hiểu biết cập nhật về sự phân bố của các subtype HIV

trong quần thể. Các nghiên cứu trước đây chưa phân tích sự phân bố subtype HIV-1 tại Đông Nam Á nói chung và Việt Nam nói riêng. **Đối tượng, phương pháp:** Nghiên cứu được thực hiện dựa trên việc phân tích dữ liệu của các bệnh nhân nhiễm HIV-1 trên cơ sở dữ liệu trình tự HIV của Phòng thí nghiệm quốc gia Los Alamos. Dữ liệu được chọn lọc dựa trên những tiêu chí cụ thể và tiến hành phân tích phân bố subtype HIV-1 tại khu vực Đông Nam Á và Việt Nam. **Kết quả:** Thông qua việc phân tích 6.603 dữ liệu của khu vực Đông Nam Á, CRF01_AE (5.679/6.603 – 86%) chiếm tỷ lệ cao nhất, sau đó là subtype B (426/6.603 – 6,5%) và CRF33_01B (98/6.603 – 1,5%). Subtype

¹Đại học Y Dược Thành Phố Hồ Chí Minh

Chịu trách nhiệm chính: Bùi Minh Trí

Email: bmtri@ump.edu.vn

Ngày nhận bài: 21.2.2025

Ngày phản biện khoa học: 20.3.2025

Ngày duyệt bài: 23.4.2025

CRF33_01B chỉ xuất hiện tại Malaysia (98%) và Indonesia (2%). Tại Việt Nam, CRF01_AE chiếm tỷ lệ trên 97% qua các giai đoạn. Trong giai đoạn 2012-2021, có sự xuất hiện của các subtype CRF mới: CRF07_BC (0,1%), CRF109_0107 (0,4%) và CRF127_07109 (0,4%). **Kết luận:** Nghiên cứu cho thấy sự đa dạng của HIV-1 theo khu vực Đông Nam Á và Việt Nam. Subtype CRF01_AE chiếm tỷ lệ cao nhưng một số quốc gia có sự xuất hiện và phổ biến của các chủng CRF khác. Vì vậy, việc tiếp tục giám sát dịch tễ học của HIV-1 là rất quan trọng đối với việc thiết kế, thử nghiệm và triển khai vắc-xin phòng ngừa. **Từ khóa:** HIV, Los Alamos, Đông Nam Á, Việt Nam.

SUMMARY

INVESTIGATION OF HIV-1 SUBTYPES DISTRIBUTION IN SOUTHEAST ASIA AND VIETNAM USING THE LOS ALAMOS DATABASE

Background: Due to the heterogeneous and evolving nature of HIV, treatment, prevention, and vaccine development require an up-to-date understanding of the distribution of HIV subtypes in populations. Previous studies have not analyzed the distribution of HIV-1 subtypes specifically in Vietnam and Southeast Asia. **Methods:** This study was conducted by analyzing data from HIV-1 infected patients using the HIV sequence database from the Los Alamos National Laboratory. Data were selected based on specific criteria, and the distribution of HIV-1 subtypes in Southeast Asia and Vietnam was analyzed. **Results:** Analysis of 6.603 datasets from Southeast Asia showed that CRF01_AE accounted for the highest proportion (5.679/6.603 – 86%), followed by subtype B (426/6.603 – 6,5%) and CRF33_01B (98/6.603 – 1,5%). Subtype CRF33_01B was only found in Malaysia (98%) and Indonesia (2%). In Vietnam, CRF01_AE consistently accounted for over 97% across different time periods. Between 2012 and 2021, new CRF subtypes emerged: CRF07_BC (0,1%), CRF109_0107 (0,4%), and CRF127_07109 (0,4%). **Conclusion:** This study highlights the diversity and dynamic trends of HIV-1 across Southeast Asia and Vietnam. While CRF01_AE remains the predominant subtype, certain countries exhibit the presence and prevalence of other CRF strains. Therefore, continued epidemiological surveillance of HIV-1 is crucial for the design, testing, and implementation of preventive vaccines. **Keywords:** HIV, Los Alamos National Laboratory, Southeast Asia, Vietnam.

I. ĐẶT VẤN ĐỀ

Theo số liệu của Chương trình Phối hợp của Liên Hợp Quốc về HIV/AIDS (UNAIDS), tính đến cuối năm 2023, thế giới hiện có khoảng 39,9 triệu người nhiễm virus suy giảm miễn dịch ở người (HIV) (1). HIV bao gồm HIV-1 và HIV-2, có nguồn gốc từ virus suy giảm miễn dịch ở linh trưởng (2). HIV-1 chiếm khoảng 95% tổng số ca nhiễm trên thế giới và được phân thành bốn nhóm (M, N, O và P), trong đó nhóm M bao gồm chín phân nhóm riêng biệt, chủ yếu là C, B và A, chiếm khoảng 70% tổng số ca nhiễm HIV-1 toàn

cầu (2). So với HIV-1, HIV-2 ít phổ biến hơn, tiến triển chậm hơn và chủ yếu tập trung tại khu vực Tây Phi (2). Vào năm 2023, hơn 1,3 triệu ca nhiễm HIV mới và 630.000 ca tử vong liên quan đến AIDS được ghi nhận (1). Việc hiểu rõ các phân nhóm HIV phổ biến trong những nhóm đối tượng này có ý nghĩa quan trọng trong việc xây dựng các chiến lược phòng ngừa và can thiệp chuyên biệt. Nhìn chung, sự đa dạng của các phân nhóm HIV có tác động đáng kể đến phát triển vắc-xin, khi vắc-xin cần kích thích đáp ứng miễn dịch có khả năng nhắm mục tiêu hiệu quả vào các phân nhóm khác nhau của virus (2).

Một trong những đặc điểm chính của đại dịch HIV là tính đa dạng di truyền (3). Sự phân bố địa lý của các phân nhóm HIV-1 đang thay đổi theo thời gian, với sự gia tăng đáng kể của các biến thể tái tổ hợp mới xuất hiện (2). Quá trình tái tổ hợp giữa các phân nhóm dẫn đến sự hình thành các dạng tái tổ hợp lưu hành (CRFs) và các dạng tái tổ hợp đặc trưng (URFs) (2). Trong đó, CRFs là các chủng virus lan truyền trong quần thể, được phân loại khi phát hiện ít nhất ba cá thể không có mối liên hệ dịch tễ học và được đặt tên theo thứ tự liên tiếp dựa trên các hướng dẫn quốc tế đã được thống nhất (2, 3). URFs đề cập đến các trình tự tái tổ hợp đặc trưng, không có bằng chứng về sự lây truyền tiếp theo (2, 3). Hiện nay, cơ sở dữ liệu HIV Los Alamos đã ghi nhận 158 CRFs của HIV-1 (4), trong đó hai dạng phổ biến nhất là CRF01_AE và CRF02_AG, lần lượt có tỷ lệ lưu hành cao nhất ở châu Á và Tây Phi (2).

Do bản chất không đồng nhất và không ngừng tiến hóa của HIV, các biện pháp điều trị, dự phòng và phát triển vắc-xin đòi hỏi phải có hiểu biết cập nhật về sự phân bố của các phân nhóm HIV trong quần thể. Vào năm 2023, Williams và cộng sự đã thực hiện một nghiên cứu tổng quan hệ thống và phân tích tổng hợp phân bố địa lý HIV-1 giai đoạn 2010-2021 (2). Một tổng quan khác của Bbosa và cộng sự đã tóm lược sự phân bố toàn cầu của HIV-1 trong giai đoạn 1987–2018 (2). Tuy nhiên, các nghiên cứu trên chưa phân tích cụ thể tình hình phân bố subtype HIV-1 tại Việt Nam nói riêng và Đông Nam Á nói chung. Do đó, nghiên cứu này được thực hiện trên cơ sở dữ liệu Los Alamos – cơ sở dữ liệu tập trung các thông tin về bệnh nhân HIV, nhằm cung cấp góc nhìn toàn diện về sự phân bố của HIV-1 tại Việt Nam và Đông Nam Á.

II. ĐỐI TƯỢNG VÀ PHƯƠNG PHÁP NGHIÊN CỨU

2.1. Đối tượng nghiên cứu. Dữ liệu của các bệnh nhân nhiễm HIV-1 trên cơ sở dữ liệu

trình tự HIV của Phòng thí nghiệm quốc gia Los Alamos, truy cập vào ngày 24/01/2025.

2.2. Phương pháp nghiên cứu

Phương pháp lọc dữ liệu. Từ cơ sở dữ liệu Los Alamos, tiến hành chọn dữ liệu của bệnh nhân Châu Á. Từ bộ dữ liệu này, phần mềm R được sử dụng để chọn dữ liệu các nước Đông Nam Á. Tiếp tục tiến hành loại trừ các trình tự HIV-1 bất thường: trình tự có nhiều nucleotide không phải ATCG; trình tự có khả năng cao bị nhiễm tạp từ chủng phòng thí nghiệm; trình tự chứa các siêu đột biến thay thế G>A; trình tự tổng hợp không đại diện cho trình tự virus tự nhiên; trình tự chứa một đoạn bị xóa; trình tự được ghi nhận dưới dạng sợi DNA bổ sung. Đối với những bệnh nhân có thông tin bị trùng lặp, chỉ giữ lại 1 quan sát dựa trên mã số Id bệnh nhân. Cuối cùng, loại trừ những bệnh nhân không có năm thu mẫu.

Các biến số nghiên cứu

- Quốc gia: Nơi lấy mẫu.
- Subtype: Các phân nhóm của virus HIV-1.
- Năm: Năm lấy mẫu, tính tại thời điểm thu mẫu.
- Giai đoạn: Kết hợp nhiều năm riêng lẻ dựa trên số lượng mẫu như nhau.

Xử lý và phân tích số liệu. Phần mềm thống kê R, phiên bản 4.3.2 (R Foundation for Statistical Computing, Vienna, Áo) được sử dụng để phân tích dữ liệu. Dữ liệu định tính được biểu diễn dưới dạng tần số (%).

Phân bố subtype HIV-1 theo khu vực Đông Nam Á hoặc theo từng quốc gia: dựa trên phần trăm tỷ số của số lượng mẫu mỗi subtype và tổng số lượng mẫu tại khu vực Đông Nam Á hoặc tổng số lượng mẫu theo từng quốc gia tương ứng. Đối với Việt Nam, chúng tôi chia dữ liệu thành ba giai đoạn thời gian, dựa trên sự

tương đồng giữa số lượng bệnh nhân trong từng giai đoạn (1995–2006, 2007–2011 và 2012–2021). Giai đoạn 1995–2006 và 2012–2021 gồm nhiều năm hơn để bù đắp cho lượng dữ liệu tương đối ít ở 2 khoảng thời gian này.

III. KẾT QUẢ NGHIÊN CỨU

3.1. Kết quả lọc dữ liệu. Cơ sở dữ liệu trình tự HIV có tổng cộng 230.062 dữ liệu bệnh nhân châu Á, bao gồm 47.360 bệnh nhân Đông Nam Á (9 quốc gia trên hệ thống Phòng thí nghiệm quốc gia Los Alamos). Sau khi loại trừ 1.748 trình tự bất thường, thu được 45.612 trình tự. Tiếp tục loại trừ 38.445 bệnh nhân có cùng Id hoặc không có Id và 564 bệnh nhân không có năm lấy mẫu, việc phân tích được thực hiện trên 6.603 dữ liệu sau khi lọc.

3.2. Phân bố HIV-1 tại Đông Nam Á

Bảng 1: Phân bố subtype HIV-1 giai đoạn 1990-2021

Subtype	Tần số	%
B	426	6,5
C	57	0,9
CRF01_AE	5.679	86,0
CRF33_01B	98	1,5
Khác	343	5,1

Tại bảng 1, trong số các subtype phổ biến ở Đông Nam Á, CRF01_AE (5.679/6.603 – 86%) chiếm tỷ lệ cao nhất và gấp 13 lần so với subtype chiếm tỷ lệ cao thứ hai - B (426/6.603 – 6,5%). Các subtype khác (A, G, CRF02_AG, CRF07_BC, CRF08_BC, CRF15_01B, CRF34_01B, CRF48_01B, CRF51_01B, CRF52_01B, CRF53_01B, CRF54_01B, CRF58_01B, CRF74_01B, CRF82_cpx, CRF83_cpx, CRF97_01B, CRF109_0107, CRF127_07109 và các trình tự chưa biết subtype) chiếm tỷ lệ thấp (5.1%).

Bảng 2: Phân bố các subtype tại quốc gia Đông Nam Á giai đoạn 1990-2021

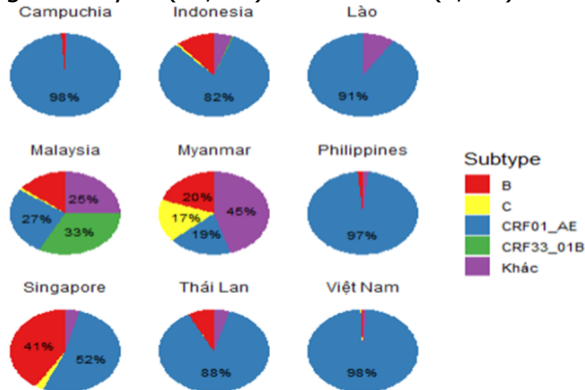
Đối tượng	Subtype				
	B	C	CRF01_AE	CRF33_01B	Khác
	N=426	N=57	N=5.679	N=98	N=343
Quốc gia, n (%)					
Campuchia	8 (1,9%)	0 (0%)	688 (12,1%)	0 (0%)	3 (0,9%)
Indonesia	47 (11,0%)	3 (5,3%)	342 (6,0%)	2 (2,0%)	22 (6,4%)
Lào	0 (0%)	0 (0%)	49 (0,9%)	0 (0%)	5 (1,5%)
Malaysia	42 (9,9%)	3 (5,3%)	78 (1,4%)	96 (98,0%)	73 (21,3%)
Myanmar	49 (11,5%)	41 (71,9%)	46 (0,8%)	0 (0%)	112 (32,7%)
Philippines	17 (4,0%)	0 (0%)	1100 (19,4%)	0 (0%)	18 (5,2%)
Singapore	118 (27,7%)	7 (12,3%)	151 (2,7%)	0 (0%)	12 (3,5%)
Thái Lan	136 (31,9%)	1 (1,8%)	1563 (27,5%)	0 (0%)	80 (23,3%)
Việt Nam	9 (2,1%)	2 (3,5%)	1662 (29,3%)	0 (0%)	18 (5,2%)

Dữ liệu được trình bày dưới dạng tần suất (%).
Giá trị tô đậm: giá trị lớn nhất của từng subtype tại các quốc gia.

CRF: Circulating recombinant form – các virus tái tổ hợp lưu hành.

Bảng 2 cho thấy CRF01_AE phổ biến nhất ở

Việt Nam (29,3%), Thái Lan (27,5%), Philippines (19,4%) và Campuchia (12,1%). Trong khi đó, subtype B được phát hiện nhiều tại Thái Lan (31,9%), Singapore (27,7%), Myanmar (11,5%) và Indonesia (11,0%). Subtype C phân bố chủ yếu tại Myanmar (71,9%) và Singapore (12,3%). Riêng CRF33_01B chỉ được phát hiện tại 2 quốc gia: Malaysia (98,0%) và Indonesia (2,0%).



Hình 1: Phân bố subtype theo từng quốc gia giai đoạn 1990-2021

Hình 1 cho thấy subtype CRF01_AE xuất hiện tại tất cả 9 quốc gia Đông Nam Á với tỷ lệ cao. Trong đó, CRF01_AE chiếm hơn 80% tại Thái Lan và Indonesia; hơn 90% tại Việt Nam, Campuchia, Philippines và Lào. Tại Singapore, subtype CRF01_AE (52%) và B (41%) cùng chiếm tỷ lệ cao. Tuy nhiên tại 2 quốc gia còn lại, ngoài subtype CRF01_AE, các subtype khác cũng chiếm một tỷ lệ tương đương: subtype CRF33_01B (33%) và B (14%) tại Malaysia; subtype B (20%) và C (17%) tại Myanmar.

3.3. Phân bố HIV-1 tại Việt Nam qua các giai đoạn

Bảng 3: Phân bố subtype HIV-1 tại Việt Nam qua 3 giai đoạn

Đối tượng	Giai đoạn		
	1995-2006	2007-2011	2012-2021
Subtype, n (%)	447	541	703
B	4 (0,9%)	4 (0,7%)	1 (0,1%)
C	1 (0,2%)	0 (0%)	1 (0,1%)
CRF01_AE	441 (98,7%)	534 (98,7%)	687 (97,7%)
CRF07_BC	0 (0%)	0 (0%)	1 (0,1%)
CRF109_0107	0 (0%)	0 (0%)	3 (0,4%)
CRF127_07109	0 (0%)	0 (0%)	3 (0,4%)
Không xác định subtype	1 (0,2%)	3 (0,6%)	7 (1,0%)

Bảng 3 cho thấy CRF01_AE chiếm tỷ lệ cao và gần như không thay đổi qua cả 3 giai đoạn. Tuy nhiên, sự phân bố các subtype khác có sự thay đổi: subtype B có xu hướng giảm và có sự

xuất hiện của các subtype CRF mới: CRF07_BC, CRF109_0107 và CRF127_07109.

IV. BÀN LUẬN

Cơ sở dữ liệu trình tự HIV có tổng cộng 230.062 dữ liệu bệnh nhân châu Á và sau khi tiến hành lọc dữ liệu, việc phân tích được thực hiện trên 6.603 bệnh nhân. Lý giải cho điều này, phần lớn dữ liệu bị loại trừ do sự trùng lặp trong Id bệnh nhân, nhiều nhất là số Id lặp lại 2 lần (3.843) và 3 lần (3.322). Ngoài ra, 17.429 bệnh nhân không có Id bị loại trừ khỏi phân tích.

Trong nghiên cứu này, subtype CRF01_AE (86%) chiếm tỷ lệ cao nhất, tiếp theo là B (6,5%) và C (0,9%). Kết quả tương đồng với các nghiên cứu tổng quan hệ thống trước đây. Vào năm 2018, Hemelaar và cộng sự cho thấy CRF01_AE chiếm tỷ lệ cao nhất qua các nhóm năm 1990-2015 (72,8% – 81,7%), sau đó là B (4,4% – 22,7%) và C (1,1% – 2,6%) (3). Tuy nhiên, nghiên cứu Hemelaar phân nhóm Đông Nam Á không bao gồm Việt Nam nhưng lại bao gồm một số quốc gia không liên quan: Afghanistan, Bangladesh, Bhutan, Maldives, Nepal, Pakistan và Sri Lanka (3). Một nghiên cứu khác vào năm 2023 cũng chỉ ra rằng tại khu vực Châu Á – Thái Bình Dương, CRF01_AE (29%) chiếm tỷ lệ cao, nhưng subtype B (13%) và C (13%) chiếm tỷ lệ tương đương (2).

So với các quốc gia khác, subtype CRF33_01B xuất hiện với tỷ lệ cao tại Malaysia. Kết quả trên đồng thuận với nghiên cứu được thực hiện trước đây. Năm 2013, kết quả nghiên cứu của Chow cho thấy CRF33_01B chiếm khoảng 71% trong quần thể những người tiêm chích ma túy tại Malaysia (5). Năm 2014, Dey và cộng sự cũng đã xác nhận lại sự xuất hiện của subtype này (6). Bên cạnh đó, CRF33_01B cũng được ghi nhận tại biên giới Indonesia và Singapore (5).

Tại Việt Nam, CRF01_AE chiếm khoảng 98% trong giai đoạn 1995-2021. Kết quả này được ghi nhận trong các nghiên cứu trước đây. Trong một nghiên cứu cắt ngang đại diện toàn quốc trên bệnh nhân bắt đầu điều trị ART vào năm 2017-2018, nhóm tác giả Vũ Quốc Đạt cho biết subtype CRF01_AE chiếm ưu thế và được phát hiện tại 328/340 (97,1%) bệnh nhân (7). Các phân nhóm khác bao gồm: B (7/340, 1,9%), C (2/340, 0,7%), CRF07_BC (1%) và CRF25_cpx (0,1%) (7). Trong một nghiên cứu trên ba nhóm đối tượng quan hệ tình dục trong năm 2018-2020, CRF01_AE cũng chiếm tỷ lệ phổ biến: 82,7%, các subtype còn lại bao gồm A, B, C, CRF07/08_BC và CRF25_cpx (8). Khi chia giai

đoạn 1995-2021 thành 3 giai đoạn dựa trên sự tương đương số lượng bệnh nhân, ta thấy rằng có sự xuất hiện của các chủng CRF mới trong những năm gần đây. Sự xuất hiện và phổ biến của các chủng CRF mới tại nhiều quốc gia, vùng lãnh thổ và trên toàn cầu đã được đề cập và đồng thuận tại các nghiên cứu trước đây (2, 3).

Nghiên cứu này có những hạn chế sau. Một: Cơ sở dữ liệu Los Alamos không chứa 2 quốc gia là Brunei và Timor-Leste. Tuy nhiên, số lượng dân số tại 2 nước ít nên có thể không ảnh hưởng nhiều đến phân bố subtype HIV-1 trên khu vực Đông Nam Á. Hai: Một số quốc gia có cỡ mẫu nhỏ và dữ liệu ít nên kết quả không thực sự đại diện cho khu vực. Ba: Một số nghiên cứu tại Việt Nam phát hiện chủng CRF25_cpx nhưng kết quả phân tích sau khi lọc dữ liệu của nghiên cứu này lại không có. Los Alamos là cơ sở dữ liệu mở, phụ thuộc vào việc cập nhật dữ liệu nên một số kết quả nghiên cứu có thể không được cập nhật trên hệ thống này.

V. KẾT LUẬN

Tóm lại, nghiên cứu trên 6.603 bệnh nhân cho thấy sự đa dạng của HIV-1 theo khu vực Đông Nam Á. Subtype CRF01_AE chiếm tỷ lệ cao nhưng một số quốc gia có sự xuất hiện và phổ biến của các chủng CRF khác. Vì vậy, việc tiếp tục giám sát dịch tễ học của HIV-1 là rất quan trọng đối với việc thiết kế, thử nghiệm và triển khai vắc-xin phòng ngừa.

TÀI LIỆU THAM KHẢO

1. **Unaid.** 2024 global AIDS report — The Urgency of Now: AIDS at a Crossroads. <https://www.unaids.org/en/resources/documents/2024/global-aids-update-2024>.

2. **Williams A, Menon S, Crowe M, Agarwal N, Bicler J, Bbosa N, et al.** Geographic and Population Distributions of Human Immunodeficiency Virus (HIV)-1 and HIV-2 Circulating Subtypes: A Systematic Literature Review and Meta-analysis (2010–2021). *The Journal of Infectious Diseases*. 2023;228(11):1583-91.
3. **Hemelaar J, Elangovan R, Yun J, Dickson-Tetteh L, Fleminger I, Kirtley S, et al.** Global and regional molecular epidemiology of HIV-1, 1990–2015: a systematic review, global survey, and trend analysis. *The Lancet infectious diseases*. 2019;19(2):143-55.
4. **Los Alamos HIV database.** HIV circulating recombinant forms (CRFs). <https://www.hiv.lanl.gov/components/sequence/HIV/crfd/crfs.comp>.
5. **Chow WZ, Ong LY, Razak SH, Lee YM, Ng KT, Yong YK, et al.** Molecular diversity of HIV-1 among people who inject drugs in Kuala Lumpur, Malaysia: massive expansion of circulating recombinant form (CRF) 33_01B and emergence of multiple unique recombinant clusters. *PloS one*. 2013;8(5):e62560.
6. **Dey SK, Zahan N, Afrose S, Islam T, Shajahan M, Saha S, et al.** Molecular epidemiology of HIV in Asia. *HIV & AIDS Review*. 2014;13(2):33-9.
7. **Dat VQ, Anh NTL, Van Nghia K, Linh NT, Thu HHK, Tam TTM, et al.** The prevalence of pre-treatment and acquired HIV drug resistance in Vietnam: a nationally representative survey, 2017–2018. *Journal of the International AIDS Society*. 2022;25(2):e25857.
8. **Hanh NTH, Tram PTP, Ha HTT, Duc BH, Huang PTT, Quoc NC, et al.** Detection of antiretroviral drug-resistant mutations and HIV-1 subtypes in circulation among men who have sex with men, SEM females and female sex workers: results of Vietnam's HIV Sentinel Surveillance Plus (HSS+) system, 2018–2020. *JAIDS Journal of Acquired Immune Deficiency Syndromes*. 2022;10.1097.

NGHIÊN CỨU TỶ LỆ NHIỄM CỦA VI KHUẨN ACINETOBACTER BAUMANNII PHÂN LẬP TỪ BỆNH PHẨM ĐƯỜNG HÔ HẤP TẠI BỆNH VIỆN ĐA KHOA THÀNH PHỐ CẦN THƠ NĂM 2021-2022

Trần Thị Thùy Trang¹, Trần Bùi Hoàng Thảo², Dương Anh Thư¹,
Phạm Đăng Khoa¹, Nguyễn Thanh Tú¹, Trần Thái Ngọc², Nguyễn Hữu Chương¹

TÓM TẮT

¹Trường Đại học Y Dược Cần Thơ

²Đại học Sư phạm Thể dục thể thao TP.Hồ Chí Minh

Chịu trách nhiệm chính: Nguyễn Hữu Chương

Email: nhchuong@ctump.edu.vn

Ngày nhận bài: 20.2.2025

Ngày phản biện khoa học: 19.3.2025

Ngày duyệt bài: 22.4.2025

Đặt vấn đề: *Acinetobacter baumannii* là một loại cầu khuẩn gram âm đã xuất hiện từ một sinh vật có khả năng gây bệnh đáng ngờ thành một tác nhân truyền nhiễm có tầm quan trọng đối với các bệnh viện trên toàn thế giới. **Mục tiêu:** Nghiên cứu tỷ lệ nhiễm của vi khuẩn *Acinetobacter baumannii* phân lập từ bệnh phẩm đường hô hấp tại Bệnh viện Đa khoa thành phố Cần Thơ năm 2021-2022. **Đối tượng và phương pháp nghiên cứu:** Nghiên cứu mô tả cắt ngang trên 434 bệnh phẩm đường hô hấp của bệnh