

đổi trong bệnh SXHD. Số lượng bạch cầu, tiểu cầu giảm nhiều nhất trong giai đoạn ngày 4 -7 tương ứng với giai đoạn nguy hiểm của bệnh và sau đó tăng dần ở pha phục hồi của bệnh.

Kết quả này cũng phù hợp kết quả của tác giả Ngô Thị Đào tại Bệnh viện Quân y 354, năm 2019 [8] cho kết quả về phân bố bệnh nhân theo giá trị tiểu cầu trong máu thấp nhất trong các ngày bệnh từ 1 đến 10. Trong đó, bệnh nhân có chỉ số tiểu cầu giảm 5-<50 chiếm tỉ lệ cao nhất 22/43 (51,2%), tiếp theo là 20/43 (46,5%) bệnh nhân có tiểu cầu giảm 50 - <150 G/l; không có bệnh nhân nào có tiểu cầu < 5 G/l. Bệnh nhân có chỉ số tiểu cầu thấp nhất là 7G/l. Tiểu cầu giảm thấp nhất trung bình trong nghiên cứu là  $53 \pm 40,6$  G/l.

## V. KẾT LUẬN

Tuổi TB  $39,59 \pm 15,1$ ; nữ 59,42%, nam 40,58; SXHD nguyên phát 89,86%; NS1-Ag (+) 78,3%; IgM (+) 20,3%, IgG (+) 21,7%; nhập viện TB  $4,69 \pm 1,75$  ngày. Bạch cầu <4 G/L: 46,38%;

Hct tăng 34,64%; tiểu cầu <100 G/L: 91,3%. Các bất thường không liên quan giới, nhưng liên quan tuổi, loại SXHD và ngày nhập viện.

## TÀI LIỆU THAM KHẢO

1. **Bộ môn Truyền nhiễm – Đại học Y Hà Nội** (2016). Bài giảng Bệnh truyền nhiễm. NXB Y học, Hà Nội, tr. 248.
2. **Bùi Đại** (2013). Dengue xuất huyết. NXB Y học, tr. 137–192.
3. **Cục Y tế Dự phòng** (2020). Tình hình dịch bệnh Sốt xuất huyết và các biện pháp phòng chống trọng tâm (truy cập 10/10/2024).
4. **World Health Organization** (2023). Dengue and severe dengue. WHO, EMRO.
5. **Ngô Thị Đào, Lê Hữu Nhung** (2019). Nghiên cứu lâm sàng, cận lâm sàng ở bệnh nhân SXHD tại Bệnh viện 345” Tạp chí Y học Quân sự, Số 350 (01–02/2021), tr. 16–21.
6. **Nguyễn Việt Bằng, Nguyễn Khánh Hội, Trần Ngọc Tuấn** (2010). “Một số đặc điểm lâm sàng ở bệnh nhân SXHD người lớn”...
7. **Hoàng Thị Hạnh** (2023). “Đặc điểm lâm sàng, cận lâm sàng ở bệnh nhân SXHD tại Bệnh viện Đa khoa tỉnh Thái Bình”. Tạp chí Y Dược học Thái Bình, số 8–9/2023, tr. 56–61.

## XÁC ĐỊNH ĐA HÌNH RS1052133 TRÊN GEN OGG1 Ở NGƯỜI BỆNH UNG THƯ VÚ

Vũ Thị Thu Trang<sup>1</sup>, Nguyễn Thị Anh<sup>1</sup>, Vũ Ngọc Bắc<sup>2</sup>,  
Trần Nguyễn Thanh Hằng<sup>1</sup>, Phạm Lê Anh Tuấn<sup>1</sup>

### TÓM TẮT

**Mục tiêu:** Nghiên cứu nhằm xác định tần suất kiểu gen và alen của đa hình gen OGG1 rs1052133 (Ser326Cys) ở bệnh nhân ung thư vú người Việt, đồng thời đánh giá mối liên quan giữa biến thể này với nguy cơ mắc bệnh. **Đối tượng và phương pháp:** Thiết kế nghiên cứu bệnh-chứng được thực hiện trên 50 bệnh nhân ung thư vú nguyên phát và 50 người chứng khỏe mạnh tương đồng về tuổi. DNA được tách chiết từ mẫu máu ngoại vi; đa hình rs1052133 được xác định bằng kỹ thuật PCR-RFLP, và một số mẫu được giải trình tự Sanger để kiểm chứng. **Kết quả:** Phân bố kiểu gen khác biệt rõ rệt giữa hai nhóm. Ở nhóm bệnh nhân, tỷ lệ các kiểu gen CC, CG, GG lần lượt là 22%, 54%, 24%, trong khi nhóm chứng tương ứng là 56%, 44%, 0%. Sự khác biệt về phân bố kiểu gen có ý nghĩa thống kê ( $p < 0,001$ , kiểm định  $\chi^2$ ). Tương tự, tần suất alen G ở nhóm bệnh nhân (51%) cao hơn đáng kể so với nhóm chứng (22%;  $p < 0,001$ ). **Kết**

**luận:** Đa hình OGG1 Ser326Cys có mối liên quan đến nguy cơ ung thư vú, theo đó người mang alen biến thể (G, mã hóa 326Cys) có nguy cơ mắc ung thư vú cao hơn so với người mang alen thường (C, mã hóa 326Ser).

### SUMMARY

#### IDENTIFICATION OF SNP rs1052133 OF OGG1 GENE IN PATIENTS WITH BREAST CANCER

**Background:** This study aimed to determine the genotype/allele frequencies of OGG1 Ser326Cys in Vietnamese breast cancer patients and evaluate its association with breast cancer susceptibility. **Methods:** We conducted a case-control study on 50 female breast cancer patients (primary, untreated) and 50 healthy female controls matched by age. Genomic DNA was extracted from peripheral blood. PCR-RFLP analysis was used to genotype rs1052133, and Sanger sequencing validated the genotyping results. **Results:** The OGG1 rs1052133 genotype frequencies differed significantly between cases and controls. Among patients, genotype frequencies of CC, CG, GG were 22%, 54%, 24%, compared to 56%, 44%, 0% in controls. The variant G allele (326Cys) was significantly more frequent in patients (51%) than in controls (22%),  $p < 0.001$ . This corresponds to an odds ratio of approximately 3.7 for breast cancer associated with the G allele (95% confidence interval

<sup>1</sup>Trường Đại học Y Hà Nội

<sup>2</sup>Trường Đại học Y Dược Thái Bình

Chịu trách nhiệm chính: Phạm Lê Anh Tuấn

Email: phamleanhtuan@hmu.edu.vn

Ngày nhận bài: 01.10.2025

Ngày phản biện khoa học: 12.11.2025

Ngày duyệt bài: 3.12.2025

2.0–6.8). **Conclusion:** Our findings indicate a significant association between the OGG1 Ser326Cys polymorphism and breast cancer risk in the Vietnamese population. The variant 326Cys allele (G) was substantially enriched in patients, suggesting it may confer an increased breast cancer risk.

## I. ĐẶT VẤN ĐỀ

Ung thư vú là một trong những ung thư thường gặp nhất ở nữ giới trên thế giới và là nguyên nhân hàng đầu gây tử vong do ung thư ở phụ nữ Việt Nam<sup>1</sup>. Cơ chế sinh ung thư phức tạp, bao gồm tác động của các yếu tố môi trường và di truyền, trong đó các gen tham gia sửa chữa DNA có vai trò quan trọng trong duy trì tính ổn định hệ gen và ngăn ngừa ung thư<sup>2</sup>. Một trong số đó là gen OGG1 (8-oxoguanine DNA glycosylase 1) mã hóa enzyme chủ chốt của quá trình sửa chữa base DNA (base excision repair – BER), chịu trách nhiệm nhận biết và cắt bỏ 8-oxoguanine – một base DNA bị oxy hóa thường gặp do stress oxy hóa<sup>2</sup>. Gen OGG1 có tính đa hình cao ở người, với đa hình Ser326Cys (rs1052133) trên exon 7 là biến thể phổ biến và được nghiên cứu nhiều nhất trên OGG1<sup>3</sup>. Các nghiên cứu cho thấy người mang alen OGG1 326Cys (đặc biệt kiểu gen Cys/Cys đồng hợp) có mức biểu hiện và hoạt tính enzyme OGG1 thấp hơn, dẫn tới khả năng sửa chữa tổn thương 8-oxoguanine kém hiệu quả hơn bình thường<sup>4</sup>. Hậu quả là các tổn thương oxy hóa trên DNA có thể tích lũy, và thúc đẩy quá trình hình thành ung thư.

Trên thế giới, mối liên quan giữa đa hình Ser326Cys của OGG1 với nguy cơ ung thư đã được nghiên cứu rộng rãi trên nhiều cơ quan ung thư khác nhau như thực quản, phổi, dạ dày, tuyến giáp, thanh quản, đại trực tràng, tụy,...<sup>2</sup> Riêng đối với ung thư vú, đến nay đã có nhiều nghiên cứu bệnh-chứng cũng như phân tích gộp đánh giá ảnh hưởng của đa hình OGG1 Ser326Cys. Tổng hợp dữ liệu từ 17 nghiên cứu (hơn 9.000 ca bệnh và 10.000 đối chứng), Peng và cộng sự (2014) kết luận chưa có sự liên quan ý nghĩa thống kê trên toàn bộ quần thể; tuy nhiên, trong phân nhóm, biến thể 326Cys có liên quan với tăng nguy cơ ung thư vú ở phụ nữ châu Á và nhóm bệnh nhân sau mãn kinh<sup>5</sup>. Một phân tích tổng hợp khác bao gồm 16 nghiên cứu với tổng số >11.000 ca ung thư vú cho thấy người mang ít nhất một alen Ser (tức kiểu gen Ser/Ser hoặc Ser/Cys) có nguy cơ mắc bệnh thấp hơn so với người mang kiểu gen Cys/Cys đồng hợp tử<sup>4</sup>. Kết quả này đồng nghĩa với việc allele biến thể 326Cys có thể làm tăng khả năng mắc ung thư vú, phù hợp với giả thuyết về ảnh hưởng bất lợi do giảm chức năng sửa chữa DNA của enzyme

OGG1 ở người mang biến thể [6][9]. Mặc dù vậy, cũng có những nghiên cứu không tìm thấy mối liên quan rõ rệt nào giữa đa hình này với nguy cơ ung thư vú ở các quần thể khác nhau<sup>5</sup>. Sự không đồng nhất giữa các kết quả gợi ý rằng ảnh hưởng của đa hình OGG1 có thể khác biệt tùy thuộc vào yếu tố chủng tộc, môi trường hoặc cỡ mẫu nghiên cứu<sup>2</sup>. Tại Việt Nam, ung thư vú ngày càng gia tăng nhưng dữ liệu về các biến thể gen sửa chữa DNA liên quan đến nguy cơ mắc bệnh còn hạn chế. Cho đến nay, chưa có nghiên cứu trong nước nào được công bố đánh giá riêng về đa hình OGG1 Ser326Cys ở bệnh nhân ung thư vú. Xuất phát từ những vấn đề nêu trên, chúng tôi tiến hành nghiên cứu với tiêu đề "Xác định đa hình rs1052133 trên gen OGG1 ở người bệnh ung thư vú" nhằm xác định tần suất kiểu gen, alen của đa hình này trong quần thể bệnh nhân ung thư vú người Việt và bước đầu đánh giá mối liên quan giữa biến thể OGG1 Ser326Cys với nguy cơ ung thư vú.

## II. ĐỐI TƯỢNG VÀ PHƯƠNG PHÁP NGHIÊN CỨU

### Đối tượng và thiết kế nghiên cứu:

Nghiên cứu được thiết kế theo dạng bệnh-chứng, thực hiện tại Trung tâm Nghiên cứu Gen-Protein, trường Đại học Y Hà Nội. Nhóm bệnh gồm 50 bệnh nhân nữ được chẩn đoán ung thư vú nguyên phát, tại bệnh viện K Trung Ương cơ sở Tân Triều. Nhóm chứng gồm 50 phụ nữ khỏe mạnh, không có tiền sử ung thư hay bệnh lý ác tính, được chọn ngẫu nhiên phù hợp về độ tuổi.

### Thu thập, xử lý mẫu và tách chiết DNA:

Từ mỗi đối tượng nghiên cứu, lấy 2–3 mL máu tĩnh mạch ngoại vi vào ống EDTA. Mẫu được bảo quản 4°C và tách chiết DNA trong vòng 24 giờ. DNA tổng số được tách chiết từ máu ngoại vi bằng bộ kit thương mại Qiagen DNA Blood Mini Kit (Qiagen, Đức) theo hướng dẫn nhà sản xuất. Nồng độ và độ tinh sạch DNA được kiểm tra bằng quang phổ NanoDrop (Invitrogen, Mỹ).

**PCR-RFLP:** Cặp mồi khuếch đại vùng gen exon 7 chứa đa hình rs1052133 (Ser326Cys) có trình tự: Mồi xuôi: TCTTCCACCTCCCAACTG - Mồi ngược: ATTTCTTTGTCCAGGGTGCC. Thành phần phản ứng: 5 µL GoTaq Mastermix (Promega, Mỹ), 1 µL mỗi mồi, 1 µL (50 ng) DNA khuôn, 2 µL nước cất thực hiện trên chu trình nhiệt Khởi đầu: 95°C/5 phút - 35 chu kỳ: 95°C/30 giây - 58°C/30 giây - 72°C/30 giây - kéo dài cuối: 72°C/5 phút

Sản phẩm PCR được kiểm tra bằng điện di agarose 1,5% nhuộm ethidium bromide. Sản phẩm PCR được ủ với enzyme Fnu4HI (New England Biolabs, Mỹ) nhận biết vị trí đột biến

Ser326Cys. Phản ứng ủ 37°C trong 2–3 giờ, sau đó bất hoạt enzyme ở 65°C/20 phút. Sản phẩm được điện di agarose 3% để đọc băng: CC (Ser/Ser): hai băng 125 bp và 98 bp. CG (Ser/Cys): ba băng hỗn hợp 223 bp, 125 bp, 98 bp. GG (Cys/Cys): một băng duy nhất 223 bp.

**Giải trình tự Sanger:** 4 mẫu đại diện cho từng kiểu gen (tổng là 12 mẫu) được tinh sạch sản phẩm PCR và giải trình tự trên hệ thống ABI 3500 Genetic Analyzer (Applied Biosystems). Kết quả được so sánh với trình tự chuẩn GenBank (NM\_016820).

**Phân tích thống kê:** Dữ liệu được xử lý bằng SPSS với so sánh phân bố kiểu gen và alen giữa hai nhóm bằng kiểm định  $\chi^2$ . Thống kê là có ý nghĩa với  $p < 0,05$ .

**III. KẾT QUẢ NGHIÊN CỨU**

**3.1. Đặc điểm chung của nhóm nghiên cứu.** Nhóm bệnh của nghiên cứu gồm 50 bệnh nhân ung thư vú, 100% mang giới tính nữ. Tuổi trung bình của bệnh nhân  $48,4 \pm 9,4$ , trong khoảng từ 23 -70 tuổi. Số bệnh nhân có u bên vú phải là 54% (27/50), bên trái là 42% (21/50), và hai bên là 4% (2/50). Về kích thước u khối u, u nhỏ hơn 2cm chiếm 32% (16/50), u lớn hơn >2cm chiếm 58% (29/50), ngoài ra có thông tin khối u của một số bệnh nhân không thu thập được chiếm 10% (5/50).

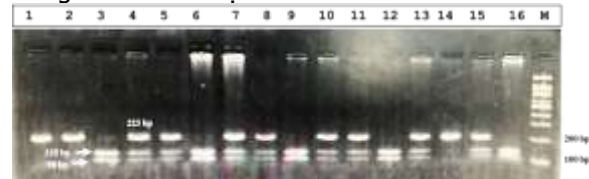
**Bảng 1. Đặc điểm chung của nhóm nghiên cứu**

Đặc điểm		Giá trị
Tuổi (năm)		48,4±9,4 (23–70)
Vị trí khối u	Vú phải	27 (54,0%)
	Vú trái	21 (42,0%)
	Hai bên	2 (4,0%)
Kích thước khối u	≤2 cm	16 (32,0%)
	>2 cm	29 (58,0%)
	Không rõ	5 (100%)
Tình trạng mãn kinh lúc chẩn đoán	Đã mãn kinh	36 (72%)
	Chưa mãn kinh	14 (28%)
Tuổi có con	<30 tuổi	44 (88%)
	≥30 tuổi	4 (8%)
	Chưa có con	2 (4%)

Tình trạng mãn kinh của bệnh nhân nghiên cứu nghiêng về đã mãn kinh với tỷ lệ lên tới 72%, so với 28% bệnh nhân chưa mãn kinh. 96% số bệnh nhân nghiên cứu đã có con, và hầu hết là có con trước tuổi 30. Như vậy, mẫu nghiên cứu chủ yếu phát hiện ở độ tuổi trung niên, với kích thước khối u >2cm chiếm tỷ lệ cao nhất, và hầu hết là ở những phụ nữ đã mãn kinh và đã có con trước tuổi 30.

**3.2. Tần suất alen và kiểu gen của**

**rs1052133 gen OGG1.** Toàn bộ 50 mẫu bệnh nhân và 50 mẫu đối chứng được thực hiện quy trình PCR-RFLP để xác định rs1052133 trên gen OGG1. Hình 1 là hình ảnh điện di, thể hiện 16 mẫu trong nghiên cứu với đầy đủ 3 dạng kiểu gen CC, CG và GG. Mẫu có kiểu gen đồng hợp CC sẽ thu được 1 băng duy nhất (kích thước 223 bp), mẫu có kiểu gen đồng hợp GG sẽ thu được 2 băng (125bp và 98bp), còn mẫu có kiểu gen dị hợp tử CG sẽ thu được cả 3 băng (223, 125 và 98bp). Tất cả các mẫu đều có thể xác định đa hình rs1052133 sử dụng kỹ thuật PCR-RFLP với các băng DNA sáng và được phân tách rõ ràng, đúng kích thước dự kiến.

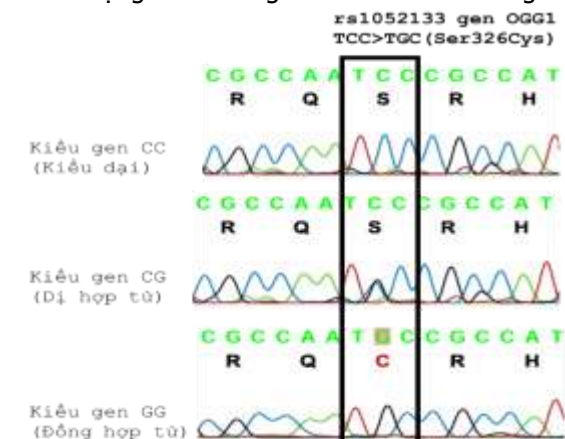


**Hình 1. Hình ảnh kết quả PCR-RFLP của 16 mẫu trong nghiên cứu**

1-16 là ký hiệu các giếng. M là thang chuẩn Marker. 100bp, 200bp, 98bp, 125bp, 223bp là các kích thước tương ứng với các băng sáng. Hình ảnh điện di cho thấy các mẫu trong giếng số 1, 2, 14 mang kiểu gen đồng hợp CC; các mẫu trong giếng số 3, 6, 9, 12, 16 mang kiểu gen đồng hợp GG; các mẫu trong giếng số 4, 5, 7, 8, 10, 11, 13, 15 mang kiểu gen dị hợp tử CG.

Đồng thời, chúng tôi sử dụng kỹ thuật giải trình tự Sanger kiểm tra 12 mẫu đã có kết quả PCR-RFLP để kiểm tra đối chiếu. Kết quả được thể hiện trong Hình 2.

Kết quả giải trình tự phù hợp với kết quả PCR-RFLP cho thấy kỹ thuật PCR-RFLP phù hợp để sử dụng cho các nghiên cứu về đa hình gen.



**Hình 2. Hình ảnh kết quả giải trình tự Sanger với 3 kiểu gen CC, CG, GG trong nghiên cứu**

Tổng hợp các kết quả PCR-RFLP ta thấy phân bố kiểu gen OGG1 rs1052133 khác biệt rõ rệt giữa hai nhóm (Bảng 2). Trong nhóm bệnh nhân, tỷ lệ các kiểu gen CC, CG, GG lần lượt là 22%, 54% và 24%, trong khi ở nhóm chứng các tỷ lệ này là 56%, 44% và 0% tương ứng. Sự khác biệt về phân bố kiểu gen giữa hai nhóm có ý nghĩa thống kê ( $p < 0,001$ ; kiểm định  $\chi^2$ ). Tương tự, tần suất alen G ở nhóm bệnh nhân (51%) cao hơn đáng kể so với nhóm chứng (22%;  $p < 0,001$ ).

**Bảng 2. Kết quả tần suất kiểu gen và alen rs1052133 gen OGG1 của nhóm nghiên cứu**

	Bệnh nhân (n=50)	Đôi chứng (n=50)
<b>Kiểu gen</b>		
CC	11 (22%)	28 (56%)
CG	27 (54%)	22 (44%)
GG	12 (24%)	0 (0%)
<b>Alen</b>		
C	49 (49%)	78 (78%)
G	51 (51%)	22 (22%)

Kiểm định  $\chi^2$  so sánh giữa nhóm bệnh và chứng: phân bố kiểu gen,  $p < 0,001$ ; tần suất alen,  $p < 0,001$ . HWE: cân bằng Hardy-Weinberg (nhóm chứng  $p = 0,09$ ; nhóm bệnh nhân  $p = 0,57$ ).

Phân tích mối liên quan giữa đa hình rs1052133 và nguy cơ ung thư vú theo các mô hình di truyền khác nhau đều cho kết quả có ý nghĩa. Cụ thể, so với alen C, alen G liên quan với nguy cơ ung thư vú cao hơn khoảng 3,7 lần (OR = 3,69; CI95%: 1,99–6,82;  $p < 0,001$ ). Theo mô hình trội (người mang ít nhất một alen G so với không mang alen G), nguy cơ tăng khoảng 4,5 lần (OR = 4,51; CI95%: 1,89–10,79;  $p < 0,001$ ). Ở mô hình lặn và mô hình đồng hợp (so sánh nhóm mang kiểu gen GG với nhóm còn lại, hoặc so sánh trực tiếp kiểu gen GG với CC), do không có đối chứng nào mang kiểu gen GG nên không thể tính toán chính xác OR, dù vậy, sự khác biệt quan sát được rất có ý nghĩa ( $p < 0,001$ ; kiểm định Fisher). Trong khi đó, kiểu gen dị hợp CG cũng làm tăng nguy cơ ung thư vú khoảng 3,1 lần so với kiểu gen hoang dại CC (OR = 3,12; CI95%: 1,27–7,65;  $p = 0,017$ ). Kết quả cụ thể được trình bày trong bảng 3.

**Bảng 3. Tỷ số chênh OR, khoảng tin cậy 95% và p-value cho các mô hình di truyền**

Mô hình	OR	CI 95%	p
Alen (G vs C)	3,69	2,00-6,82	0,000033
Trội (CG+GG vs CC)	4,51	1,89-10,79	0,00092
Lặn (GG vs CG+CC)	32,79	1,88-571,28	0,00023

So sánh đồng hợp (GG vs CC)	61,96	3,38-1135,62	0,0000085
So sánh dị hợp (CG vs CC)	3,12	1,27-7,66	0,0169

#### IV. BÀN LUẬN

Trên thế giới đã có nhiều nghiên cứu đánh giá mối liên quan giữa đa hình rs1052133 OGG1 (Ser326Cys) và nguy cơ ung thư vú, nhưng kết quả chưa thống nhất. So sánh kết quả nghiên cứu của chúng tôi với các tài liệu quốc tế cho thấy nhiều điểm đáng lưu ý về sự khác biệt và tương đồng. Trong nghiên cứu này, tần suất alen G biến thể ở nhóm bệnh nhân ung thư vú (51%) cao hơn rõ rệt so với nhóm chứng (22%), sự khác biệt có ý nghĩa thống kê (OR  $\approx 3,7$ ;  $p < 0,001$ ). Kết quả này trái ngược với đa số nghiên cứu trước đây trên thế giới, vốn không tìm thấy mối liên quan rõ ràng giữa đa hình OGG1 và nguy cơ ung thư vú. Chẳng hạn, Choi và cs. (2003) khi phân tích trên phụ nữ châu Á (Hàn Quốc/Nhật Bản) đã ghi nhận phân bố kiểu gen Ser/Ser, Ser/Cys, Cys/Cys ở bệnh nhân tương tự nhóm chứng và không có sự khác biệt có ý nghĩa thống kê<sup>6</sup>. Mặt khác, kết quả của chúng tôi có điểm tương đồng với một số nghiên cứu quốc tế gợi ý nguy cơ tăng nhẹ liên quan đến alen biến thể trong những bối cảnh nhất định. Alanazi và cs. (2017) tại Ả Rập Xê-út quan sát thấy tần suất alen Cys (biến thể) ở bệnh nhân cao hơn hẳn nhóm chứng (43% so với 30%), tương ứng với OR = 1,78,  $p = 0,02$ , cho thấy người mang alen Cys có nguy cơ ung thư vú cao hơn  $\sim 1,8$  lần<sup>8</sup>. Sangrajrang và cs. (2008) trên quần thể Thái Lan (507 ca, 425 chứng) cũng báo cáo kiểu gen Cys/Cys làm tăng nguy cơ ung thư vú ở nhóm phụ nữ hậu mãn kinh (OR = 2,05, 95% CI 1,14–3,69) mặc dù không thấy ảnh hưởng trên toàn bộ mẫu<sup>10</sup>. Những kết quả này củng cố giả thuyết rằng tác động của đa hình OGG1 Ser326Cys có thể phụ thuộc vào các yếu tố nội tiết (tình trạng tiền/hậu mãn kinh) hoặc phân nhóm bệnh (ví dụ kiểu hình bộ ba âm), mà đối chiếu sang nhóm bệnh nhân của chúng tôi có tới 72% số bệnh nhân đã mãn kinh, cho thấy sự biến chuyển mạnh mẽ của các hormone ở phụ nữ có thể là giải thích cho sự phát triển ung thư vú.

Nhìn chung, mặc dù đa hình OGG1 rs1052133 không được xem là yếu tố nguy cơ mạnh đối với ung thư vú trong cộng đồng nói chung, nghiên cứu của chúng tôi cho thấy biến thể này có thể góp phần làm tăng nguy cơ ung thư vú ở phụ nữ Việt Nam. Phát hiện mới này bổ sung vào dữ liệu hiện có, đồng thời nhấn mạnh sự cần thiết phải tiến hành các nghiên cứu tiếp

theo với cỡ mẫu lớn hơn và phân tích theo phân nhóm bệnh nhân nhằm làm rõ hơn liệu sự tương tác gene-môi trường hoặc các yếu tố nguy cơ phối hợp có thể khiến biến thể này trở nên quan trọng hơn trong sinh bệnh học ung thư vú hay không. Những hiểu biết đó sẽ giúp củng cố cơ sở khoa học cho vai trò của các gen sửa chữa DNA (như OGG1) trong ung thư vú, và định hướng cho các nghiên cứu tương lai.

## V. KẾT LUẬN

Nghiên cứu này đã xác định được đa hình rs1052133 trên gen OGG1 ở 50 bệnh nhân ung thư vú và so sánh với 50 đối chứng khỏe mạnh và cho thấy tần suất alen G biến thể ở nhóm bệnh nhân ung thư vú (51%) cao hơn rõ rệt so với nhóm chứng (22%), sự khác biệt có ý nghĩa thống kê (OR  $\approx$  3,7;  $p < 0,001$ ).

## TÀI LIỆU THAM KHẢO

1. **Globocan.** Globocan 2022.
2. **Ali K, Mahjabeen I, Sabir M, Mehmood H, Kayani MA.** OGG1 Mutations and Risk of Female Breast Cancer: Meta-Analysis and Experimental Data. *Dis Markers.* 2015;2015:690878. doi: 10.1155/2015/690878
3. **Floris M, Sanna D, Castiglia P, et al.** MTHFR, XRCC1 and OGG1 genetic polymorphisms in breast cancer: a case-control study in a population from North Sardinia. *BMC Cancer.* 2020;20(1):234.doi:10.1186/s12885-020-06749-w
4. **Qiao L, Feng X, Wang G, Zhou B, Yang Y, Li M.** Polymorphisms in BER genes and risk of breast cancer: evidences from 69 studies with 33760 cases and 33252 controls. *Oncotarget.* 2018;9(22):16220-16233. doi:10.18632/oncotarget.23804
5. **Peng Q, Lu Y, Lao X, et al.** Association between OGG1 Ser326Cys and APEX1 Asp148Glu polymorphisms and breast cancer risk: a meta-analysis. *Diagn Pathol.* 2014;9(1):108. doi:10.1186/1746-1596-9-108
6. **Choi JY, Hamajima N, Tajima K, et al.** hOGG1 Ser326Cys polymorphism and breast cancer risk among Asian women. *Breast Cancer Res Treat.* 2003;79(1):59-62. doi:10.1023/a:1023305826726
7. **Kamali M, Kargar S, Heiranizadeh N, et al.** Lack of any Association between the Hogg1 Ser326Cys Polymorphism and Breast Cancer Risk: a Systematic Review And Meta-Analysis Of 18 Studies. *Asian Pac J Cancer Prev.* 2017;18(1). doi:10.22034/APJCP.2017.18.1.245
8. **Alanazi M, Pathan AAK, Shaik JP, et al.** The hOGG1 Ser326Cys Gene Polymorphism and Breast Cancer Risk in Saudi Population. *Pathol Oncol Res.* 2017;23(3):525-535.doi:10.1007/s12253-016-0146-6
9. **Xie H, Xia K, Rong H, Chen X.** Genetic polymorphism in hOGG1 is associated with triple-negative breast cancer risk in Chinese Han women. *The Breast.* 2013;22(5):707-712. doi:10.1016/j.breast.2012.12.016
10. **Sangrajrang S, Schmezer P, Burkholder I, et al.** Polymorphisms in three base excision repair genes and breast cancer risk in Thai women. *Breast Cancer Res Treat.* 2008;111(2):279-288. doi:10.1007/s10549-007-9773-7

## ĐÁNH GIÁ TÍNH ĐỒNG NHẤT, ĐỘ ỔN ĐỊNH CỦA MẪU NƯỚC TIỂU GIẢ ĐỊNH CHỨA HCG ỨNG DỤNG TRONG CHƯƠNG TRÌNH NGOẠI KIỂM TỔNG PHÂN TÍCH NƯỚC TIỂU

Trần Thị Huệ Vân<sup>1</sup>, Văn Hy Triết<sup>1</sup>, Nguyễn Tiến Viễn<sup>1</sup>,  
Nguyễn Hà Cẩm Tú<sup>1</sup>, Nguyễn Tiến Huỳnh<sup>1</sup>, Nguyễn Thị Tú Anh<sup>1</sup>,  
Lê Thanh Tùng<sup>1</sup>, Dương Bích Trâm<sup>1</sup>, Lâm Nguyễn Mỹ Hoàng<sup>1</sup>

### TÓM TẮT

**Mục tiêu:** Đánh giá tính đồng nhất, độ ổn định của mẫu nước tiểu giả định chứa hCG ứng dụng trong chương trình ngoại kiểm tổng phân tích nước tiểu. **Đối tượng nghiên cứu:** Các thông số trong mẫu nước tiểu giả định ứng dụng trong chương trình ngoại kiểm tổng phân tích nước tiểu. **Địa điểm nghiên cứu:** Trung tâm Kiểm chuẩn Chất lượng Xét nghiệm Y học – Đại học Y dược Thành phố Hồ Chí Minh. **Phương**

**pháp nghiên cứu:** Nghiên cứu thực nghiệm. **Kết quả:** 15 Thông số được thử nghiệm gồm: Glucose, Ketone, Nitrite, Leukocyte, Urobilinogen, Bilirubin, Blood, Protein, Albumin, Creatinine, Calcium, Ascorbic acid, pH, tỷ trọng và hCG. Lô mẫu 1 (mẫu âm tính) nước tiểu giả định chứa 15 thông số ở mức âm tính/bình thường bao gồm thông số hCG âm tính, đạt tính đồng nhất và độ ổn định trong 3 tháng ở mức nhiệt độ bảo quản 2-8°C với  $p \geq 0.05$ . Lô mẫu 2 (mẫu dương tính) mẫu nước tiểu giả định chứa 11 thông số dương tính ở mức ++/+++, Ascorbic acid âm tính, pH = 7.0 và tỷ trọng (SG) = 1.025, chia làm 4 lô nhỏ với thông số hCG ở các mức nồng độ 25 mIU/mL (lô 2A), nồng độ 100 mIU/mL (lô 2B), 500 mIU/mL (lô 2C) và 1000 mIU/mL (lô 3D) đều đạt tính đồng nhất và độ ổn định trong 3 tháng ở mức nhiệt độ bảo quản 2-8°C với  $p \geq 0.05$ . **Kết luận:** Nghiên cứu đã chuẩn hoá quy

<sup>1</sup>Đại học Y Dược Thành phố Hồ Chí Minh  
Chịu trách nhiệm chính: Nguyễn Tiến Viễn  
Email: nguyentienvien@ump.edu.vn  
Ngày nhận bài: 3.10.2025  
Ngày phản biện khoa học: 14.11.2025  
Ngày duyệt bài: 4.12.2025