

- Hội, n.V., Et al., Kết quả điều trị ung thư tuyến giáp thể biệt hóa di căn phổi bằng i-131 tại bệnh viện ung bướu nghệ an. 2024(56): P. 31-40.
- Akatani, n., Et al., Long-term outcomes and prognostic factors of patients with lung metastases from differentiated thyroid cancer after radioiodine therapy in japan. 2023. 70(3): P. 315-322.
- Wang, r., Et al., Analysis of radioiodine therapy and prognostic factors of differentiated thyroid cancer patients with pulmonary metastasis: an 8-year retrospective study. Medicine (baltimore), 2017. 96(19): P. E6809.
- Ito, y., Et al., Prognostic factors for recurrence of papillary thyroid carcinoma in the lymph nodes, lung, and bone: analysis of 5,768 patients with average 10-year follow-up. 2012. 36(6): P. 1274-1278.

XÁC ĐỊNH NGƯỠNG CẮT CỦA TỈ LỆ MRNA e6/e7 BẰNG FLOW CYTOMETRY TRONG PHÁT HIỆN BẤT THƯỜNG TẾ BÀO CỔ TỬ CUNG

Nguyễn Thị Mai Anh¹, Hà Kiều Trang², Trần Thị Ngọc Mi¹,
Trịnh Nhật Trường¹, Lý Thanh Thiện¹, Nguyễn Ngọc Khánh Linh¹, Phan Đặng Anh Thư¹

TÓM TẮT

Đặt vấn đề: Nhiễm dai dẳng các típ Human Papillomavirus nguy cơ cao (HR-HPV) là yếu tố nguy cơ chính dẫn đến ung thư cổ tử cung (CTC). Biểu hiện của các gen gây ung thư E6 và E7 phản ánh hoạt động sinh học của virus và có liên quan đến sự tiến triển của tổn thương CTC. Do đó, đánh giá tỉ lệ biểu hiện mRNA E6/E7 có thể là một chỉ dấu sinh học tiềm năng trong phát hiện các bất thường tế bào CTC.

Mục tiêu: Xác định ngưỡng cắt tối ưu của tỉ lệ biểu hiện mRNA E6/E7 trong phát hiện bất thường tế bào CTC.

Đối tượng và phương pháp nghiên cứu: Nghiên cứu mô tả cắt ngang được thực hiện trên 527 phụ nữ đến khám sàng lọc UTCTC tại Phòng khám Đa khoa Đại Phước từ tháng 01/2023 đến tháng 05/2025. Tất cả mẫu phát tế bào CTC thu được được thực hiện đồng thời xét nghiệm tế bào học, HR-HPV DNA bằng multiplex real-time PCR và định lượng biểu hiện mRNA E6/E7 bằng kỹ thuật flow cytometry. Ngưỡng cắt tối ưu được xác định bằng đường cong ROC với phương pháp tế bào học làm tiêu chuẩn tham chiếu. Mức độ đồng thuận giữa các phương pháp được đánh giá bằng hệ số Gwet's AC.

Kết quả: Ngưỡng cắt tối ưu của tỉ lệ mRNA E6/E7 là 0,15%, với độ nhạy 58,82%, độ đặc hiệu 85,29%, độ chính xác 84,44%; AUC = 0,69 (KTC 95%: 0,52–0,86; p = 0,026). Phương pháp phát hiện mRNA E6/E7 có mức độ đồng thuận tốt với tế bào học (Gwet's AC = 0,80; KTC 95%: 0,75–0,84; p < 0,001).

Kết luận: Tỉ lệ biểu hiện mRNA E6/E7 với ngưỡng cắt 0,15% có khả năng phát hiện bất thường tế bào CTC với

độ đặc hiệu cao và mức độ đồng thuận tốt với tế bào học, cho thấy tiềm năng ứng dụng trong sàng lọc và phân tầng nguy cơ ung thư CTC.

Từ khóa: HR-HPV, mRNA E6/E7, Flow cytometry

SUMMARY

THE CUTOFF VALUE OF THE E6/E7 MRNA EXPRESSION RATE BY FLOW CYTOMETRY FOR THE DETECTION OF CERVICAL CYTOLOGICAL ABNORMALITIES

Background: Persistent infection with high-risk Human Papillomavirus (HR-HPV) types is the main risk factor for cervical cancer. The expression of the viral oncogenes E6 and E7 reflects the biological activity of HPV and is associated with the progression of cervical lesions. Therefore, assessing E6/E7 mRNA expression levels may serve as a potential biomarker for detecting cervical cytological abnormalities.

Objective: To determine the optimal cutoff value of E6/E7 mRNA expression rate for detecting cervical cytological abnormalities.

Methods: A cross-sectional descriptive study was conducted on 527 women undergoing cervical cancer screening at Dai Phuoc General Clinic from January 2023 to May 2025. All liquid-based cervical cytology samples were simultaneously tested using cytology, HR-HPV DNA detection by multiplex real-time PCR, and quantification of E6/E7 mRNA expression using flow cytometry. The optimal cutoff value was determined using ROC curve analysis, with cytology as the reference standard. Agreement between methods was evaluated using Gwet's AC coefficient.

Results: The optimal cutoff for E6/E7 mRNA expression was 0,15%, with sensitivity 58,82%, specificity 85,29%, and accuracy 84,44%; AUC = 0,69 (95% CI: 0,52–0,86; p = 0,026). Detection of E6/E7 mRNA showed good agreement with cytology (Gwet's AC = 0,80; 95% CI: 0,75–0,84; p < 0,001).

Conclusion: An E6/E7 mRNA expression cutoff

¹Đại học Y Dược TP. HCM

²Bệnh viện Thống Nhất

Tác giả chịu trách nhiệm chính: Nguyễn Thị Mai Anh

Email: ngmaianh2008@gmail.com

Mã bài: N729

Ngày nhận bài: 16/3/2026

Ngày phản biện khoa học: 16/3/2026

Ngày duyệt bài: 11/5/2026

of 0,15% demonstrated good specificity and strong agreement with cytology for detecting cervical cytological abnormalities, indicating its potential utility in cervical cancer screening and risk stratification.

Keywords: HR-HPV, mRNA E6/E7, Flow cytometry.

I. ĐẶT VẤN ĐỀ

Ung thư CTC là loại ung thư phổ biến thứ tư ở phụ nữ trên toàn thế giới (1) và đây cũng là nguyên nhân gây tử vong hàng đầu ở phụ nữ tại các nước đang phát triển (2). Ở Việt Nam, theo thống kê của Tổ chức Y tế Thế giới vào năm 2022, có khoảng 4612 trường hợp mắc mới và hơn 2500 trường hợp tử vong do UTCTC (1).

Yếu tố nguy cơ chính dẫn đến UTCTC là nhiễm dai dẳng các típ HPV nguy cơ cao. Trong quá trình nhiễm vi rút dai dẳng, bộ gen của vi rút được tích hợp vào bộ gen của tế bào chủ, gây ra biểu hiện quá mức các gen gây ung thư E6 và E7 và dẫn đến những thay đổi quan trọng trong tế bào để tiến triển thành các tổn thương ác tính (3).

Chính vì vậy, mRNA E6 và E7 trở thành chỉ dấu sinh học không xâm lấn tiềm năng để phát hiện tổn thương CTC mức độ cao (CIN2+), cho phép đồng thời phát hiện vi rút HPV và dự đoán các tổn thương CTC. So với phương pháp xét nghiệm dựa trên DNA, mRNA E6/E7 không chỉ cung cấp thông tin về tình trạng hoạt động của vi rút (4), mà tỉ lệ biểu hiện mRNA còn có tương quan tốt với mức độ tổn thương tế bào CTC (5) do đó có ý nghĩa về mặt lâm sàng hơn (4).

Nghiên cứu này chúng tôi sử dụng kỹ thuật FCM để phát hiện mRNA E6, E7 và xác định ngưỡng cắt tối ưu của tỉ lệ biểu hiện mRNA E6, E7 trong xác định các tổn thương tế bào CTC.

II. ĐỐI TƯỢNG VÀ PHƯƠNG PHÁP NGHIÊN CỨU

Nghiên cứu mô tả cắt ngang được thực hiện trên 527 phụ nữ đến khám sàng lọc UTCTC tại phòng khám Đa khoa Đại Phước, có chỉ định làm đồng thời xét nghiệm tế bào học, HR-HPV DNA và mRNA E6/E7 trong thời gian từ tháng 01 năm 2023 đến tháng 05 năm 2025.

III. KẾT QUẢ

Bảng 1. Đặc điểm đối tượng nghiên cứu

Kết quả	Tế bào học		HPV DNA		Tổng
	Số lượng	Tỉ lệ (%)	Số lượng	Tỉ lệ (%)	527
Âm	510	96,77	496	94,12	
Dương	17	3,23	31	5,88	

Chúng tôi thu được 529 mẫu, trong đó loại trừ 2 mẫu có kết quả xét nghiệm tế bào học không đạt. Tổng

Tiêu chuẩn chọn vào là mẫu bệnh phẩm bằng phương pháp nhúng dịch (liquid-based cytology – LBC).

Loại trừ các trường hợp: Có kết quả xét nghiệm tế bào học không đạt và kết quả real-time PCR HPV không báo cáo cụ thể typ dương tính

HR-HPV DNA: Xét nghiệm multiplex real-time PCR phát hiện HPV típ 16, 18 và 12 típ HR-HPV khác bao gồm: 31, 33, 35, 39, 45, 51, 52, 56, 58, 59, 66, 68.

Tế bào học

Âm tính: những mẫu có kết quả âm tính với tổn thương trong biểu mô hoặc ác tính, bao gồm: tế bào trong giới hạn bình thường, tế bào biến đổi teo, tế bào biến đổi do viêm nhiễm.

Dương tính: bao gồm những mẫu có tổn thương từ mức độ ASC-US trở lên.

Kỹ thuật FCM phát hiện mRNA E6/E7:

Mẫu LBC còn lại: lấy khoảng 1ml mẫu, lọc và rửa bằng dung dịch PBS, sau đó ly tâm và giữ lại khoảng 300 đến 500 µl dung dịch cận tế bào. Xử lý và nhuộm cận tế bào bằng bộ hóa chất thương mại HPV Oncotect 3Dx mRNA E6/E7 (IncelIDx, CE-IVD).

Mẫu được chạy trên hệ thống Novocyte Flow Cytometer và kết quả được phân tích bằng phần mềm Novoexpress.

Phương pháp phân tích số liệu

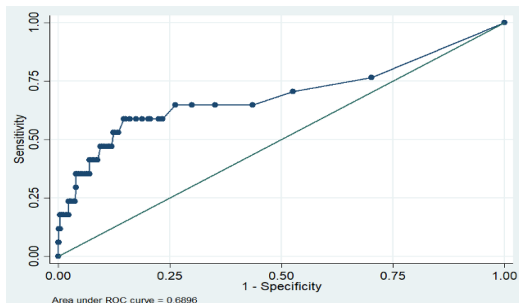
Xác định ngưỡng cắt tối ưu của tỉ lệ mRNA E6/E7: lấy phương pháp tế bào học làm phương pháp tham chiếu, xây dựng đường cong ROC và ngưỡng cắt tối ưu được xác định tại điểm trên đường cong ROC có chỉ số Youden cao nhất.

Ước tính hệ số đồng thuận Gwet's AC để đánh giá đồng thuận của xét nghiệm HPV mRNA E6/E7 với xét nghiệm Multiplex real-time PCR HPV và xét nghiệm Pap, dựa theo thang đánh giá của Landis & Koch (6) như sau: ≤ 0: không đồng thuận; từ 0,01 đến 0,2: đồng thuận không đáng kể; từ 0,21 đến 0,4: đồng thuận khá; từ 0,41 đến 0,6: đồng thuận vừa phải; từ 0,61 đến 0,8: đồng thuận tốt; từ 0,81 đến 1: đồng thuận gần như hoàn toàn.

cộng có 527 mẫu được đưa vào nghiên cứu với đặc điểm tế bào học và tình trạng nhiễm HR-HPV như trong bảng 1. Độ tuổi trung bình của đối tượng nghiên cứu là $39,56 \pm 9,93$ tuổi, thấp nhất là 19 tuổi và cao nhất là 76 tuổi.

Bảng 2. Ngưỡng cắt của tỉ lệ mRNA E6/E7 trong phát hiện bất thường tế bào CTC

Ngưỡng cắt	Độ nhạy	Độ đặc hiệu	Độ chính xác	LR+	LR-
0,15%	58,82%	85,29%	84,44%	4,00	0,48



Trong phát hiện bất thường tế bào CTC, ở ngưỡng cắt 0,15%, tỉ lệ mRNA E6/E7 có độ nhạy 58,82%, độ đặc hiệu 85,29%, độ chính xác 84,44%, tỉ lệ khả dĩ dương (LR+): 4,00 và LR-: 0,48. Diện tích dưới đường cong ROC (AUC) là 0,69 (KTC 95%: 0,52 – 0,86, giá trị $p = 0,026$).

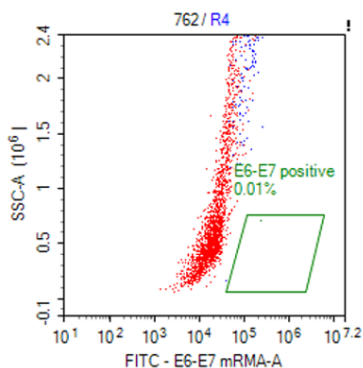
Bảng 3. Độ đồng thuận của phương pháp phát hiện mRNA E6/E7 và tế bào học

		Tế bào học		Tỉ lệ đồng thuận quan sát được	Hệ số Gwet's AC (KTC 95%)	Giá trị p
		Âm	Dương			
mRNA E6/E7	Âm	429	7	83,30%	0,80 (0,75 – 0,84)	<0,001
	Dương	81	10			

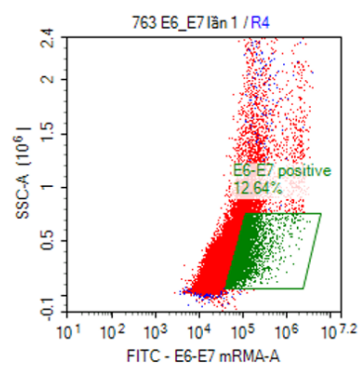
Phương pháp Flow cytometry phát hiện mRNA E6/E7 có tỉ lệ đồng thuận với phương pháp tế bào học trong phát hiện bất thường tế bào CTC là 83,30%, hệ số đồng thuận Gwet's AC là 0,80 (KTC 95%: 0,75 – 0,84, giá trị $p < 0,001$).

Trong 81 mẫu có biểu hiện mRNA E6/E7 quá mức nhưng tế bào học CTC không có bất thường, có 14 mẫu có phát hiện HR-HPV DNA bằng xét nghiệm real-time PCR. Cụ thể, có 5 trường hợp dương tính với HR-HPV típ 16, 1 trường hợp nhiễm típ 18 và 8 trường hợp dương tính với các típ HR-HPV khác típ 16, 18.

Có 7 trường hợp kết quả tế bào học ghi nhận bất thường tế bào CTC, nhưng kết quả đánh giá biểu hiện mRNA E6/E7 âm tính. Trong 7 trường hợp này, 4 mẫu có kết quả tế bào học là ASC-US, 1 mẫu LSIL, 1 mẫu ASC-H và 1 mẫu HSIL; cả 7 trường hợp đều âm tính với HR-HPV – theo kết quả xét nghiệm HR-HPV DNA.



Hình 1. Kết quả mRNA E6/E7 bình thường của mẫu có kết quả tế bào học trong giới hạn bình thường.



Hình 2. Kết quả mRNA E6/E7 biểu hiện quá mức của mẫu có kết quả Tế bào học: LSIL.

IV. BÀN LUẬN

Trong nghiên cứu này, diện tích dưới đường cong ROC của tỉ lệ biểu hiện mRNA E6/E7 là 0,69 (KTC 95%: 0,52 – 0,86, giá trị $p = 0,026$), cho thấy khả năng phân biệt tổn thương của chỉ số này ở mức độ trung bình. Chúng tôi xác định ngưỡng cắt tối ưu của tỉ lệ biểu hiện mRNA E6/E7 trong phát hiện bất thường tế bào CTC là 0,15%, với độ nhạy 58,82%, độ đặc hiệu 85,29% và độ chính xác 84,44%. Độ đặc hiệu tương đối cao cho thấy chỉ số này có khả năng phân biệt tốt các trường hợp không có bất thường tế bào CTC, có thể góp phần loại trừ các trường hợp âm tính giả. Tuy nhiên, độ nhạy của phương pháp chỉ ghi nhận ở mức trung bình. Điều này có thể vì có một số trường hợp bất thường tế bào CTC do các nguyên nhân khác, không phải do HR-HPV gây nên (7, 8). Cụ thể trong nghiên cứu này chúng tôi ghi nhận 7 trường hợp có bất thường tế bào CTC nhưng không có biểu hiện mRNA E6/E7 quá mức và âm tính với HR-HPV DNA, chúng tôi sử dụng phương pháp tế bào học làm tiêu chuẩn và không loại trừ các trường hợp âm tính với HR-HPV nên có thể ảnh hưởng đến kết quả đánh giá giá trị của phương pháp xét nghiệm. So sánh với kết quả nghiên cứu của tác giả Christine Kottaridi và cộng sự (9), nghiên cứu này cho kết quả độ nhạy (81,4%) cao hơn nghiên cứu của chúng tôi, do tác giả đánh giá dựa trên các mẫu có kết quả mô bệnh học từ mức độ CIN2 trở lên và tỉ lệ HPV DNA dương tính lên đến 95,45% (21/22 mẫu). Tác giả Deirdre Pierry (10) cũng cho kết quả độ nhạy tương đối cao (trên 88,00%) và độ đặc hiệu > 80,00% đối với tổn thương từ mức độ CIN2 trở lên. Nhìn chung, dựa trên kết quả của cả ba nghiên cứu cho thấy phương pháp đánh giá mức độ biểu hiện mRNA E6/E7 bằng Flow cytometry có thể là phương pháp tiềm năng trong phân tầng nguy cơ và hỗ trợ chẩn đoán tổn thương tế bào CTC ở các trường hợp nhiễm HR-HPV.

Ngoài ra, phương pháp phát hiện mRNA E6/E7 bằng flow cytometry có mức độ đồng thuận tốt với xét nghiệm tế bào học, với hệ số Gwet's AC đạt 0,80 (KTC 95%: 0,75–0,84; giá trị $p < 0,001$). Những kết quả này cho thấy việc định lượng tỉ lệ biểu hiện mRNA E6/E7 có giá trị trong phát hiện các bất thường tế bào CTC và có tiềm năng ứng dụng trong sàng lọc ung thư CTC – hỗ trợ các trường hợp tế bào học không rõ ràng hoặc phân tầng nguy cơ sau tế bào học và HPV DNA.

Trong số các trường hợp không đồng thuận giữa hai phương pháp, có 81 mẫu biểu hiện quá mức mRNA E6/E7 nhưng không phát hiện bất thường trên tế bào học. Trong số này, 14 trường hợp được phát hiện có HR-HPV DNA bằng xét nghiệm real-

time PCR, bao gồm các típ HPV 16, 18 và một số típ nguy cơ cao khác. Các tài liệu cũng cho thấy biểu hiện của mRNA E6/E7 có thể được phát hiện ngay cả ở những trường hợp có kết quả tế bào học bình thường, cho thấy hoạt động của các gen gây ung thư của HPV có thể xảy ra trước khi xuất hiện các thay đổi về mặt hình thái có thể thấy trên lam tế bào học (11). Do đó, đánh giá tỉ lệ biểu hiện mRNA E6/E7 có thể giúp dự đoán sớm các trường hợp nhiễm HR-HPV có khả năng tiến triển thành tổn thương tiền ung thư. Ngoài ra, tế bào học CTC phụ thuộc nhiều vào kinh nghiệm của người đọc lam và chất lượng mẫu bệnh phẩm, nên vẫn có khả năng bỏ sót các tổn thương giai đoạn sớm.

Nhìn chung, kết quả nghiên cứu cho thấy phương pháp đánh giá tỉ lệ mRNA E6/E7 có tiềm năng trở thành một công cụ bổ trợ hữu ích trong chiến lược sàng lọc ung thư CTC. Việc kết hợp xét nghiệm mRNA E6/E7 với các phương pháp sàng lọc hiện có như HPV DNA hoặc tế bào học có thể giúp cải thiện độ chính xác trong phát hiện các tổn thương có ý nghĩa lâm sàng, đồng thời hỗ trợ phân tầng nguy cơ ở những phụ nữ nhiễm HPV nguy cơ cao.

Tuy nhiên, nghiên cứu của chúng tôi vẫn còn một số hạn chế. Thứ nhất, đây là nghiên cứu cắt ngang nên chưa thể đánh giá được giá trị tiên lượng dài hạn của biểu hiện mRNA E6/E7 đối với sự tiến triển của các tổn thương CTC. Thứ hai, phương pháp tham chiếu trong nghiên cứu là xét nghiệm tế bào học thay vì mô bệnh học, do đó có thể ảnh hưởng đến độ chính xác trong phân loại tổn thương. Ngoài ra, nghiên cứu được thực hiện tại một cơ sở duy nhất nên khả năng khái quát hóa kết quả cho quần thể rộng hơn còn hạn chế.

V. KẾT LUẬN

Tỉ lệ biểu hiện mRNA E6/E7 có ngưỡng cắt tối ưu 0,15% trong phát hiện các tổn thương từ mức độ ASC-US, cho độ nhạy 58,82%, độ đặc hiệu 85,29% và độ chính xác 84,44%. Đây là phương pháp có tiềm năng ứng dụng trong sàng lọc các tổn thương tế bào CTC, hỗ trợ phân tầng nguy cơ đối với các trường hợp nhiễm HR-HPV.

LỜI CẢM ƠN

Nghiên cứu này được tài trợ kinh phí bởi Đại học Y Dược Thành phố Hồ Chí Minh theo Hợp đồng số 121/2024/HĐ- ĐHYD ngày 17/4/2024.

TÀI LIỆU THAM KHẢO

1. WHO. Data visualization tools for exploring the global cancer burden in 2022. The Global cancer observatory. 2024.

2. **Bedell SL, Goldstein LS, Goldstein AR, Goldstein AT.** Cervical Cancer Screening: Past, Present, and Future. *Sexual Medicine Reviews*. 2020;8(1):28-37.
3. **Baba SK, Alblooshi SSE, Yaqoob R, Behl S, Al Saleem M, Rakha EA, et al.** Human papilloma virus (HPV) mediated cancers: an insightful update. *Journal of Translational Medicine*. 2025;23(1):483.
4. **Derbie A, Mekonnen D, Woldeamanuel Y, Van Ostade X, Abebe T.** HPV E6/E7 mRNA test for the detection of high grade cervical intraepithelial neoplasia (CIN2+): a systematic review. *Infectious agents and cancer*. 2020;15:9.
5. **Pan C, Zhou J, Lyu J, Ren X.** Development and validation of a multiplex reverse transcript real-time PCR for E6/E7 mRNA detection of high-risk human papillomavirus. *Journal of medical microbiology*. 2018;67(10):1509-14.
6. **Wongpakaran N, Wongpakaran T, Wedding D, Gwet KL.** A comparison of Cohen's Kappa and Gwet's AC1 when calculating inter-rater reliability coefficients: a study conducted with personality disorder samples. *BMC medical research methodology*. 2013;13:61.
7. **Zhu H, Shen Z, Luo H, Zhang W, Zhu X.** Chlamydia Trachomatis Infection-Associated Risk of Cervical Cancer: A Meta-Analysis. *Medicine*. 2016;95(13):e3077.
8. **Chen L, Wang H.** eIF4E is a critical regulator of human papillomavirus (HPV)-immortalized cervical epithelial (H8) cell growth induced by nicotine. *Toxicology*. 2019;419:1-10.
9. **Kottaridi C, Tsiodras S, Spathis A, Chranioti A, Pappas A, Kassanos D, et al.** Clinical performance of human papillomavirus E6, E7 mRNA flow cytometric assay compared to human papillomavirus DNA typing. *Analytical and quantitative cytology and histology*. 2011;33(6):305-10.
10. **Pierry D, Weiss G, Lack B, Chen V, Fusco J.** Intracellular human papillomavirus E6, E7 mRNA quantification predicts CIN 2+ in cervical biopsies better than Papanicolaou screening for women regardless of age. *Archives of pathology & laboratory medicine*. 2012;136(8):956-60.
11. **Gupta SM, Warke H, Chaudhari H, Mavani P, Katke RD, Kerkar SC, et al.** Human Papillomavirus E6/E7 oncogene transcripts as biomarkers for the early detection of cervical cancer. *Journal of medical virology*. 2022;94(7):3368-75.

ĐẶC ĐIỂM RỐI LOẠN LIPID MÁU Ở NGƯỜI BỆNH TĂNG HUYẾT ÁP TẠI BỆNH VIỆN Y HỌC CỔ TRUYỀN TRUNG ƯƠNG NĂM 2025

Cao Thanh Ngoan¹, Thạch Minh Thu², Trịnh Thị Phương Dung^{2,3}

TÓM TẮT

Đặt vấn đề: Tăng huyết áp là một vấn đề sức khỏe cộng đồng nghiêm trọng, liên quan chặt chẽ đến bệnh tim mạch và tử vong sớm. Rối loạn lipid máu là yếu tố nguy cơ quan trọng góp phần thúc đẩy xơ vữa động mạch ở bệnh nhân tăng huyết áp.

Mục tiêu: Khảo sát đặc điểm rối loạn lipid máu ở người bệnh tăng huyết áp điều trị tại Bệnh viện Y học cổ truyền Trung Ương năm 2025.

Đối tượng và phương pháp nghiên cứu: Nghiên cứu mô tả cắt ngang trên 200 bệnh nhân tăng huyết áp và 200 đối tượng không tăng huyết áp tại Bệnh viện Y học cổ truyền Trung Ương từ tháng 6 đến tháng 12 năm

2025. Các chỉ số lipid máu gồm cholesterol toàn phần (TC), triglycerid (TG), HDL-C, LDL-C được định lượng trên hệ thống Beckman Coulter AU480.

Kết quả: Nồng độ trung bình TC, TG và LDL-C ở nhóm tăng huyết áp cao hơn, trong khi HDL-C thấp hơn so với nhóm không tăng huyết áp. Tỷ lệ rối loạn lipid máu ở nhóm tăng huyết áp là 72,0%, cao hơn so với nhóm chứng (58,0%) (OR=1,86; p=0,003). Tỷ lệ có ≥ 2 thành phần lipid bất thường ở nhóm tăng huyết áp là 41,0%.

Kết luận: Rối loạn lipid máu phổ biến ở bệnh nhân tăng huyết áp, đặc biệt là rối loạn đa thành phần, góp phần làm tăng nguy cơ tim mạch.

Từ khóa: Tăng huyết áp, rối loạn lipid máu, cholesterol, triglycerid

SUMMARY

LIPID PROFILE ABNORMALITIES IN HYPERTENSIVE PATIENTS AT THE NATIONAL HOSPITAL OF TRADITIONAL MEDICINE IN 2025

Background: Hypertension is a major public health concern and is strongly associated with cardiovascular disease and premature mortality. Dyslipidemia is an important risk factor that contributes to the development of

¹Bệnh viện Y học cổ truyền Hà Đông

²Trường Đại học Y Hà Nội

³Bệnh viện Bạch Mai

Tác giả chịu trách nhiệm chính: Cao Thanh Ngoan

Email: thanhcaongoan@gmail.com

Mã bài: N693

Ngày nhận bài: 24/4/2026

Ngày phản biện khoa học: 23/4/2026

Ngày duyệt bài: 25/5/2026