

TỶ LỆ NHIỄM VÀ ĐẶC ĐIỂM PHÂN BỐ KIỂU GEN HPV NGUY CƠ CAO Ở PHỤ NỮ LÀM XÉT NGHIỆM TẠI BỆNH VIỆN ĐA KHOA TÂM ANH NĂM 2025

Vũ Thị Thanh Hoa¹, Bùi Thị Thu Dung¹

TÓM TẮT

Đặt vấn đề: Ung thư cổ tử cung liên quan chặt chẽ đến nhiễm Human Papillomavirus (HPV), đặc biệt là các genotype nguy cơ cao (HR-HPV). Phân bố genotype thay đổi theo khu vực, đặc điểm dân số và hệ thống sàng lọc; dữ liệu tại các bệnh viện tư nhân lớn ở Việt Nam còn hạn chế.

Mục tiêu: Xác định tỷ lệ nhiễm HR-HPV, mô tả phân bố genotype theo nhóm tuổi và tình trạng đồng nhiễm ở phụ nữ làm xét nghiệm tại Bệnh viện Đa khoa Tâm Anh.

Phương pháp: Nghiên cứu mô tả cắt ngang hồi cứu trên 6.606 mẫu phết cổ tử cung từ ngày 01/01/2025 đến 31/12/2025. Xét nghiệm real-time PCR được thực hiện trên Cobas 5800 và Alinity m. Tỷ lệ được trình bày với khoảng tin cậy 95% (95% CI); khác biệt giữa các nhóm tuổi được đánh giá bằng kiểm định Chi-square.

Kết quả: Có 928/6.606 mẫu dương tính HR-HPV, tương ứng 14,05% (95% CI: 13,23–14,91). HPV16, HPV18 và Other HR-HPV được phát hiện lần lượt ở 2,44%, 1,39% và 11,43% tổng số mẫu. Tỷ lệ nhiễm cao nhất ở nhóm <30 tuổi (16,87%), tiếp theo là nhóm ≥50 tuổi (15,83%); khác biệt giữa các nhóm tuổi có ý nghĩa thống kê ($\chi^2 = 17,24$; df = 3; $p < 0,001$). Đồng nhiễm từ hai nhóm genotype trở lên chiếm 8,08% số trường hợp dương tính.

Kết luận: Tỷ lệ nhiễm HR-HPV là 14,05%; Other HR-HPV chiếm ưu thế và tỷ lệ nhiễm cao hơn ở phụ nữ <30 tuổi và ≥50 tuổi.

Từ khóa: Nhiễm HPV nguy cơ cao, HPV16, HPV18, HR-HPV, Ung thư cổ tử cung

SUMMARY

PREVALENCE AND GENOTYPE DISTRIBUTION OF HIGH-RISK HUMAN PAPILLOMAVIRUS IN CERVICAL SAMPLES AT TAM ANH HOSPITAL IN 2025

Background: Cervical cancer is strongly associated with persistent high-risk Human Papillomavirus (HR-HPV) infection. Genotype distribution varies by geography, population, and screening setting.

Objective: To determine HR-HPV prevalence and genotype distribution among women tested at Tam Anh General Hospital, including age-specific patterns and coinfection.

Methods: This retrospective cross-sectional study included 6,606 cervical specimens collected from January 1 to December 31, 2025. Real-time PCR testing was performed on the Cobas 5800 and Alinity m platforms. Proportions were reported with 95% confidence intervals (95% CI), and age-group differences were assessed using the Chi-square test.

Results: HR-HPV was detected in 928/6,606 samples, corresponding to 14.05% (95% CI: 13.23–14.91). HPV16, HPV18, and other HR-HPV were detected in 2.44%, 1.39%, and 11.43% of all samples, respectively. Prevalence was highest in women aged <30 years (16.87%), followed by those aged ≥50 years (15.83%); the difference was statistically significant ($\chi^2 = 17.24$; df = 3; $p < 0.001$). Coinfection with at least two genotype groups occurred in 8.08% of positive cases.

Conclusion: HR-HPV prevalence was 14.05%. Non-HPV16/18 HR-HPV predominated, with higher prevalence among women aged <30 and ≥50 years.

Keywords: High-risk HPV infection, HPV16, HPV18, HR-HPV, Cervical cancer.

¹Bệnh viện Đa khoa Tâm Anh Hà Nội
Chịu trách nhiệm chính: Vũ Thị Thanh Hoa
Email: hoavtt@tamanhhospital.vn
Ngày nhận bài: 8/6/2026
Ngày phản biện khoa học: 17/7/2026
Ngày duyệt bài: 14/8/2026

I. ĐẶT VẤN ĐỀ

Nhiễm Human Papillomavirus (HPV), đặc biệt các genotype nguy cơ cao (high-risk HPV, HR-HPV), là nguyên nhân chủ yếu của ung thư cổ tử cung; WHO ghi nhận hầu hết trường hợp bệnh liên quan đến nhiễm kéo dài các type HPV sinh ung thư [1]. HPV16 và HPV18 có ý nghĩa sinh ung thư nổi bật, trong khi các genotype 31, 33, 45, 52, 58 và nhiều type khác cũng thuộc nhóm nguy cơ cao [2]. Xác định tỷ lệ nhiễm và phân bố genotype có vai trò quan trọng trong sàng lọc, theo dõi và dự phòng ung thư cổ tử cung.

Tỷ lệ nhiễm và phân bố genotype HPV khác nhau theo quốc gia, khu vực địa lý và quần thể nghiên cứu [3-7]. Tại Việt Nam đã có nhiều nghiên cứu tại cộng đồng và cơ sở y tế, nhưng dữ liệu từ các bệnh viện tư nhân quy mô lớn còn hạn chế [3,4]. Bệnh viện Đa khoa Tâm Anh thực hiện số lượng lớn xét nghiệm HPV trên các hệ thống sinh học phân tử hiện đại, qua đó cung cấp thêm dữ liệu về phụ nữ đến khám và sàng lọc.

Nghiên cứu “Tỷ lệ nhiễm và đặc điểm phân bố kiểu gen HPV nguy cơ cao ở phụ nữ làm xét nghiệm tại Bệnh viện Đa khoa Tâm Anh năm 2025” được thực hiện với hai mục tiêu:

- Xác định tỷ lệ nhiễm HPV nguy cơ cao ở phụ nữ làm xét nghiệm tại Bệnh viện Đa khoa Tâm Anh năm 2025.

- Mô tả phân bố genotype HPV nguy cơ cao theo nhóm tuổi và tình trạng đồng nhiễm.

II. ĐỐI TƯỢNG VÀ PHƯƠNG PHÁP

2.1. Đối tượng nghiên cứu

Đối tượng nghiên cứu gồm các mẫu phết tế bào cổ tử cung của phụ nữ làm xét nghiệm

HPV tại Bệnh viện Đa khoa Tâm Anh từ 01/01/2025 đến 31/12/2025.

2.2. Tiêu chuẩn lựa chọn

- Phụ nữ được lấy mẫu phết cổ tử cung để xét nghiệm HPV nguy cơ cao.

- Có thông tin về tuổi hoặc năm sinh tại thời điểm xét nghiệm.

- Có kết quả HPV hợp lệ, gồm HPV16, HPV18 và nhóm HPV nguy cơ cao khác.

2.3. Tiêu chuẩn loại trừ

- Thiếu thông tin tuổi hoặc năm sinh.

- Kết quả HPV không hợp lệ, không xác định hoặc không đủ thông tin phân loại genotype.

- Trường hợp xét nghiệm trùng lặp trong thời gian nghiên cứu chỉ lấy kết quả đầu tiên.

2.4. Địa điểm và thời gian nghiên cứu

Nghiên cứu thực hiện tại Trung tâm Xét nghiệm, Bệnh viện Đa khoa Tâm Anh.

Thời gian thu thập số liệu: 01/01/2025–31/12/2025.

2.5. Thiết kế nghiên cứu

Nghiên cứu mô tả cắt ngang hồi cứu.

2.6. Cỡ mẫu và phương pháp chọn mẫu

Nghiên cứu chọn mẫu thuận tiện, sử dụng toàn bộ 6.606 mẫu hợp lệ ghi nhận trong năm 2025, không ấn định cỡ mẫu trước. Việc khai thác toàn bộ dữ liệu sẵn có giúp tăng độ chính xác của ước lượng tỷ lệ HR-HPV và cho phép phân tích genotype theo nhóm tuổi. Cỡ mẫu đáp ứng yêu cầu của thống kê mô tả và kiểm định Chi-square.

2.7. Kỹ thuật xét nghiệm HPV

Mẫu phết cổ tử cung được lấy bằng dụng cụ

chuyên dụng, bảo quản trong môi trường tương thích và chuyển đến phòng xét nghiệm theo quy định. HPV được phát hiện bằng kỹ thuật real-time PCR trên hai hệ thống tự động Cobas 5800 (Roche Diagnostics) và Alinity m (Abbott Diagnostics). Cả hai hệ thống định danh riêng HPV16, HPV18 và nhóm các genotype nguy cơ cao khác. Kết quả chỉ được chấp nhận khi nội kiểm đạt yêu cầu; chứng kiểm soát, hiệu chuẩn, bảo trì thiết bị và kiểm soát chất lượng được thực hiện theo hướng dẫn của nhà sản xuất và quy trình phòng xét nghiệm.

- HPV16
- HPV18
- Other HR HPV type 31/33/35/39/45/51/52/56/58/59/66/68

Kết quả không hợp lệ được kiểm tra, xét nghiệm lại theo quy trình và chỉ đưa vào phân tích khi có đầy đủ kết quả HPV16, HPV18 và Other HR-HPV.

III. KẾT QUẢ NGHIÊN CỨU

Bảng 1. Đặc điểm chung của đối tượng nghiên cứu (N = 6.606)

Đặc điểm	Số lượng (n)	Tỷ lệ (%)
Tuổi trung bình ($\bar{X} \pm SD$)	39,46 $\pm$ 10,58	
Tuổi nhỏ nhất – lớn nhất	18 – 89	
<30 tuổi	1.132	17,14
30–39 tuổi	2.578	39,02
40–49 tuổi	1.721	26,05
≥ 50 tuổi	1.175	17,79
Tổng	6.606	100

Nhận xét: Tuổi trung bình là 39,46 $\pm$ 10,58, dao động 18–89 tuổi. Nhóm 30–39 tuổi chiếm tỷ lệ cao nhất (39,02%), tiếp theo là nhóm 40–49 tuổi (26,05%); nhóm <30 và ≥ 50 tuổi lần lượt chiếm 17,14% và 17,79%.

2.8. Thu thập và xử lý số liệu

Dữ liệu được trích xuất từ hệ thống quản lý thông tin xét nghiệm của bệnh viện và mã hóa trước phân tích.

Số liệu được xử lý bằng SPSS 24.0 (IBM Corp., Armonk, NY, Hoa Kỳ). Biến định tính được trình bày bằng tần số, tỷ lệ phần trăm và khoảng tin cậy 95% (95% CI). Tỷ lệ HR-HPV giữa các nhóm tuổi được so sánh bằng kiểm định Chi-square Pearson, báo cáo χ^2 , bậc tự do (df) và p-value; p < 0,05 được coi là có ý nghĩa thống kê. OR thô và 95% CI được tính cho từng nhóm tuổi, lấy nhóm 40–49 tuổi làm tham chiếu. Do chỉ có biến tuổi và thiếu dữ liệu về các yếu tố nhiễu, nghiên cứu không thực hiện hồi quy logistic đa biến.

2.9. Đạo đức nghiên cứu

Nghiên cứu sử dụng dữ liệu hồi cứu, không can thiệp vào khám, chẩn đoán hoặc điều trị. Thông tin cá nhân được bảo mật và chỉ dùng cho mục đích nghiên cứu khoa học.

Bảng 2. Tỷ lệ HPV nguy cơ cao (HR-HPV) trong quần thể nghiên cứu

Kết quả	Số lượng (n)	Tỷ lệ (%)	95% CI
HR-HPV dương tính	928	14,05	13,23–14,91
HR-HPV âm tính	5.678	85,95	85,09–86,77

Nhận xét: Trong 6.606 phụ nữ được xét nghiệm, có 928 trường hợp dương tính với HPV nguy cơ cao, chiếm 14,05% (Khoảng tin cậy 95%: 13,23–14,91); 5.678 trường hợp âm tính, chiếm 85,95% (Khoảng tin cậy 95%: 85,09–86,77). Như vậy, khoảng 1 trong 7 phụ nữ trong quần thể nghiên cứu nhiễm HPV nguy cơ cao.

Bảng 3. Phân bố các genotype HPV nguy cơ cao trong quần thể nghiên cứu

Nhóm genotype	Số lượng (n)	Trên toàn bộ mẫu, % (95% CI)	Trong nhóm HR-HPV (+), % (95% CI)*
HPV16	161	2,44 (2,09–2,84)	17,35 (15,06–19,92)
HPV18	92	1,39 (1,14–1,70)	9,91 (8,15–12,00)
Other HR-HPV	755	11,43 (10,68–12,22)	81,36 (78,73–83,73)

Nhận xét: Trong toàn bộ quần thể nghiên cứu, nhóm Other HR-HPV được phát hiện nhiều nhất (11,43%), tiếp đến là HPV16 (2,44%) và HPV18 (1,39%). Trong nhóm HR-HPV dương tính, Other HR-HPV chiếm 81,36%, HPV 16 chiếm 17,35% và HPV 18 chiếm 9,91%. Do hiện tượng đồng nhiễm nhiều genotype HPV ở cùng 1 bệnh phẩm nên tổng tỷ lệ các genotype trong nhóm HR-HPV dương tính có thể vượt quá 100%.

Bảng 4. Tình trạng nhiễm đơn và đồng nhiễm trong nhóm HR-HPV dương tính (n = 928)

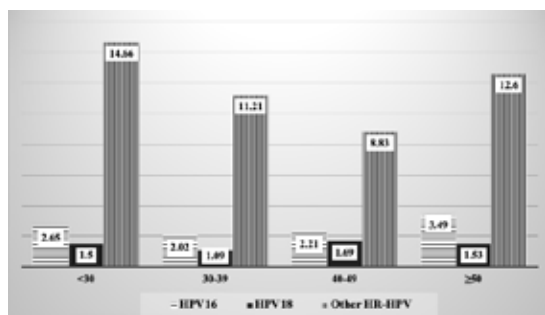
Kiểu nhiễm	Số lượng (n)	Tỷ lệ (%)	95% CI
Nhiễm đơn HPV16	113	12,18	10,23–14,44
Nhiễm đơn HPV18	59	6,36	4,96–8,11
Nhiễm đơn Other HR-HPV	681	73,38	70,45–76,13
HPV16 + Other HR-HPV	42	4,52	3,37–6,06
HPV18 + Other HR-HPV	27	2,91	2,01–4,20
Đồng nhiễm khác	6	0,65	0,30–1,40

Nhận xét: Trong 928 trường hợp dương tính, nhiễm đơn chiếm ưu thế với 853 trường hợp (91,92%), Trong đó nhóm Other HR-HPV gặp nhiều nhất (73,38%), tiếp theo là HPV16 và HPV18 lần lượt chiếm 12,18% và 6,36%. Đồng nhiễm được ghi nhận ở 75 trường hợp (8,08%), chủ yếu là HPV16 kết hợp với Other HR-HPV (4,52%), tiếp theo là HPV18 kết hợp Other HR-HPV (2,91%); các kiểu đồng nhiễm khác chỉ chiếm 0,65%.

Bảng 5. Tỷ lệ nhiễm HPV nguy cơ cao theo nhóm tuổi

Nhóm tuổi	Tổng mẫu (n)	HPV (+) (n)	Tỷ lệ, % (95% CI)	OR thô (95% CI)*
<30	1.132	191	16,87 (14,80–19,17)	1,48 (1,19–1,83)
30–39	2.578	343	13,30 (12,05–14,67)	1,12 (0,93–1,34)
40–49	1.721	208	12,09 (10,63–13,71)	1,00 (tham chiếu)
≥50	1.175	186	15,83 (13,85–18,03)	1,37 (1,11–1,69)

Nhận xét: Tỷ lệ HR-HPV dao động 12,09% đến 16,87% giữa các nhóm tuổi. Tỷ lệ cao nhất ghi nhận ở nhóm dưới 30 tuổi (16,87%; KTC 95% : 14,80–19,17), tiếp theo là nhóm ≥50 tuổi (15,83%; KTC 95%: 13,85–18,03). Trong khi thấp nhất ở nhóm 40–49 tuổi (12,09%, KTC 95% 10,61–13,71). Sự khác biệt giữa các nhóm tuổi có ý nghĩa thống kê ($\chi^2 = 17,24$; df = 3; $p < 0,001$). So với nhóm 40–49 tuổi, nguy cơ nhiễm HR-HPV cao hơn ở nhóm dưới 30 tuổi (OR=1,48; KTC 95%: 1,19–1,83) và nhóm trên 50 tuổi (OR= 1,37; KTC 95%: 1,11–1,69), trong khi ở nhóm 30–39 tuổi không có sự khác biệt có ý nghĩa thống kê (OR= 1,11; KTC 95%: 0,98–1,26).



Biểu đồ 1. Phân bố các nhóm genotipe HPV nguy cơ cao theo nhóm tuổi (%)

Nhận xét: Nhóm Other HR-HPV chiếm ưu thế ở tất cả các nhóm tuổi với tỷ lệ dao động từ 8,89% đến 14,66% và cao nhất ở nhóm <30 tuổi. HPV16 được ghi nhận với tỷ lệ thấp hơn

(2,02–3,49%), có xu hướng tăng ở nhóm ≥50 tuổi. HPV18 có tỷ lệ thấp và tương đối ổn định giữa các nhóm tuổi (1,03–1,5%). Nhìn chung, các genotipe HR-HPV không phải HPV 16, HPV 18 chiếm phần lớn gánh nặng nhiễm HPV nguy cơ cao trong quần thể nghiên cứu.

IV. BÀN LUẬN

Nghiên cứu được thực hiện trên 6.606 phụ nữ làm xét nghiệm HPV tại Bệnh viện Đa khoa Tâm Anh năm 2025. Tuổi trung bình của đối tượng nghiên cứu là $39,46 \pm 10,58$ tuổi, trong đó nhóm tuổi 30–39 chiếm tỷ lệ cao nhất, tiếp theo là nhóm 40–49 tuổi. Đây là nhóm tuổi thường có nhu cầu khám phụ khoa, tầm soát ung thư cổ tử cung và xét nghiệm HPV.

Nghiên cứu ghi nhận tỷ lệ HR-HPV là 14,05% (95% CI: 13,23–14,91). Kết quả này tương đương nghiên cứu tại Bệnh viện Đa khoa Quốc tế Vinmec Times City (13,6%) [3] và tổng quan trên 856.535 phụ nữ tại Trung Quốc (14,3%) [7]. Tỷ lệ trong nghiên cứu hiện tại cao hơn các nghiên cứu cộng đồng tại Hà Nội (9,27%) [4] và Thành phố Hồ Chí Minh (7,5%) [5], nhưng thấp hơn nghiên cứu ở phụ nữ đến khám phụ khoa tại Bệnh viện A Thái Nguyên (18,82%) [6]. Sự khác biệt có thể liên quan đến nguồn tuyển chọn đối tượng, đặc điểm tuổi và nguy cơ của quần thể, chỉ định xét nghiệm, tỷ lệ phụ nữ có triệu chứng

hoặc tiền sử bất thường, loại bệnh phẩm, nền tảng xét nghiệm và phổ genotype mà từng bộ sinh phẩm phát hiện. Vì đối tượng nghiên cứu là phụ nữ chủ động đến khám hoặc được chỉ định xét nghiệm tại bệnh viện, tỷ lệ ghi nhận không nên được diễn giải như tỷ lệ hiện mắc đại diện cho toàn bộ phụ nữ trong cộng đồng.

Về phân bố genotype, nhóm Other HR-HPV chiếm ưu thế: 11,43% trên toàn bộ mẫu và được phát hiện ở 81,36% trường hợp HR-HPV dương tính. Xu hướng này phù hợp với các nghiên cứu trong nước và khu vực cho thấy các genotype nguy cơ cao ngoài HPV16/18, đặc biệt HPV52, HPV58 và một số type khác, chiếm tỷ lệ đáng kể [5–7]. Tuy nhiên, Cobas 5800 và Alinity m chỉ định danh riêng HPV16 và HPV18, còn các genotype khác được báo cáo theo nhóm gộp; vì vậy nghiên cứu không thể xác định type cụ thể nào đóng góp nhiều nhất trong nhóm Other HR-HPV. Ngoài ra, tỷ lệ phát hiện HPV16, HPV18 và Other HR-HPV trong nhóm dương tính có thể cộng vượt 100% do một người có thể đồng thời dương tính với nhiều nhóm genotype.

Trong nhóm HPV dương tính, nhiễm đơn genotype chiếm đa số với 91,92%. Nhiễm đơn Other HR-HPV là kiểu nhiễm phổ biến nhất, chiếm 73,38% tổng số trường hợp HPV dương tính. Đồng nhiễm từ hai genotype trở lên chiếm 8,08%, trong đó thường gặp nhất là đồng nhiễm HPV16 với Other HR-HPV. Tỷ lệ đồng nhiễm này thấp hơn nghiên cứu tại Vinmec Times City, nơi đa nhiễm HPV chiếm 15,4% trong số các trường hợp dương tính [3], và cũng thấp hơn nghiên cứu tại Bệnh viện A Thái Nguyên, trong đó các trường hợp nhiễm từ hai type trở lên chiếm 32,56% [6]. Sự khác biệt có thể do khác nhau về quần thể nghiên

cứu, hệ thống xét nghiệm, cách phân loại genotype và tiêu chuẩn xác định đồng nhiễm.

Phân tích theo tuổi cho thấy sự khác biệt có ý nghĩa thống kê giữa bốn nhóm ($\chi^2 = 17,24$; $df = 3$; $p < 0,001$). So với nhóm 40–49 tuổi, nguy cơ HR-HPV ở nhóm <30 tuổi cao hơn 1,48 lần và ở nhóm ≥ 50 tuổi cao hơn 1,37 lần. Mô hình tỷ lệ cao ở phụ nữ trẻ, giảm ở tuổi trung niên và tăng trở lại ở nhóm tuổi lớn đã được ghi nhận trong một số quần thể châu Á [7]. Ở phụ nữ trẻ, tỷ lệ cao có thể liên quan đến nhiễm mới và mức phơi nhiễm cao hơn. Ở phụ nữ ≥ 50 tuổi, sự tăng trở lại có thể liên quan đến tái hoạt nhiễm tiềm ẩn, thay đổi miễn dịch và nội tiết sau mãn kinh, hoặc thay đổi hành vi sàng lọc. Tuy nhiên, các OR trong nghiên cứu là OR thô; do thiếu dữ liệu về hành vi tình dục, tiền sử tiêm vắc xin, hút thuốc, tình trạng miễn dịch và kết quả tế bào học, chưa thể khẳng định tuổi là yếu tố nguy cơ độc lập.

Nghiên cứu có một số hạn chế. Thứ nhất, thiết kế mô tả cắt ngang hồi cứu không cho phép đánh giá nhiễm kéo dài, diễn biến tự nhiên hoặc nguy cơ tiến triển tổn thương cổ tử cung. Thứ hai, mẫu nghiên cứu được chọn từ phụ nữ đến khám và làm xét nghiệm tại bệnh viện, vì vậy có nguy cơ sai lệch chọn mẫu và không đại diện cho cộng đồng. Thứ ba, nhóm Other HR-HPV được báo cáo dưới dạng nhóm gộp, chưa tách riêng từng genotype. Thứ tư, nghiên cứu chưa thu thập đầy đủ các yếu tố liên quan như tình trạng tiêm vắc xin, hành vi nguy cơ, tiền sử tổn thương cổ tử cung, tình trạng miễn dịch và hút thuốc; do đó chỉ tính được OR thô và không thực hiện hồi quy logistic đa biến. Cuối cùng, dữ liệu chưa được liên kết với tế bào học, soi cổ tử cung hoặc mô bệnh học để đánh giá ý nghĩa lâm sàng của từng nhóm genotype.

Nhìn chung, nghiên cứu cho thấy tỷ lệ nhiễm HPV nguy cơ cao tại Bệnh viện Đa khoa Tâm Anh là 14,05%, ở mức tương đương một số nghiên cứu bệnh viện và dữ liệu khu vực, nhưng cao hơn một số nghiên cứu cộng đồng trong nước. Nhóm Other HR-HPV chiếm ưu thế, tỷ lệ nhiễm thay đổi có ý nghĩa thống kê theo nhóm tuổi, và phần lớn trường hợp HPV dương tính là nhiễm đơn genotype. Kết quả này góp phần cung cấp thêm dữ liệu về đặc điểm nhiễm HPV nguy cơ cao ở phụ nữ đến khám tại cơ sở y tế tư nhân lớn, đồng thời nhấn mạnh vai trò của xét nghiệm HPV đầy đủ genotype nguy cơ cao trong sàng lọc ung thư cổ tử cung.

V. KẾT LUẬN

Nghiên cứu này cho thấy tỷ lệ nhiễm HPV nguy cơ cao ở phụ nữ đến khám tại Bệnh viện Đa khoa Tâm Anh ở mức đáng kể. Nhóm genotype HR-HPV ngoài HPV16 và HPV18 chiếm ưu thế, phản ánh sự đa dạng về phân bố genotype HPV trong quần thể nghiên cứu. Tỷ lệ nhiễm HR-HPV có sự khác biệt giữa các nhóm tuổi, với nguy cơ cao hơn ở phụ nữ trẻ và nhóm lớn tuổi. Nhiễm đơn genotype là hình thái chủ yếu, trong khi đồng nhiễm nhiều genotype ít gặp. Kết quả nghiên cứu cung cấp thêm bằng chứng về đặc điểm dịch tễ học của HPV nguy cơ cao tại Việt Nam, góp phần hỗ trợ lựa chọn chiến lược sàng lọc, định type HPV và theo dõi phù hợp nhằm nâng cao hiệu quả dự phòng ung thư cổ tử cung.

TÀI LIỆU THAM KHẢO

1. **World Health Organization (WHO).** Cervical cancer [Internet]. Geneva: World Health Organization; 2025 Dec 2 [cited 2026 Jun 8]. Available from: <https://www.who.int/news-room/fact-sheets/detail/cervical-cancer>
2. **Muñoz N, Bosch FX, de Sanjosé S, Herrero R, Castellsagué X, Shah KV, et al.** Epidemiologic classification of human papillomavirus types associated with cervical cancer. *N Engl J Med.* 2003;348(6):518-527. doi:10.1056/NEJMoa021641.
3. **Vũ Duy Thái, Nguyễn Thị Thu Hà, Đỗ Minh Hương, Hà Thị Tuyết Mai, Phí Thị Minh Phương, Trần Thị Bích Phượng, et al.** Thực trạng nhiễm HPV nhóm nguy cơ cao ở phụ nữ đến khám tại Bệnh viện Đa khoa Quốc tế Vinmec Times City. *Vietnam Journal of Community Medicine.* 2026;67(1):120-125. doi:10.52163/vhc.v67i1.4156.
4. **Nguyễn Duy Ánh.** Nghiên cứu tỷ lệ mắc HPV và một số yếu tố liên quan ở phụ nữ trong độ tuổi sinh sản ở Hà Nội. *Tạp chí Y học Việt Nam.* 2022;512(1). doi:10.51298/vmj.v512i1.2218.
5. **Pham AH, Ha TH, Le TQ, Nguyen DQ, Vo TM.** Prevalence of high-risk HPV infection in community women at Ho Chi Minh City in 2024: a cross-sectional study with self-collect sampling. *Int J Womens Health.* 2025;17:1673-1679. doi:10.2147/IJWH.S519586.
6. **Nguyễn Thu Hằng, Hà Hải Bằng, Đào Ngọc Tuấn, Nguyễn Kim Huệ, Vi Huyền Nhung, Chu Thị Hồng Quyên.** Khảo sát tình hình nhiễm Human Papillomavirus và sự phân bố các type nguy cơ cao ở phụ nữ đến khám phụ khoa tại Bệnh viện A Thái Nguyên. *Journal of Military Pharmaco-medicine.* 2025;50(1):46-52. doi:10.56535/jmpm.v50i1.944.
7. **Yu YQ, Hao JQ, Mendez M, Mohamed SB, Fu SL, Zhao FH, Qiao YL.** The prevalence of cervical HPV infection and genotype distribution in 856,535 Chinese women with normal and abnormal cervical lesions: a systematic review. *J Cytol.* 2022;39(4):137-147. doi:10.4103/joc.joc_42_22.