

# TẦN SUẤT CÁC ĐỘT BIẾN BCP/PC LIÊN QUAN VỚI XƠ GAN (LC) VÀ UNG THƯ BIỂU MÔ TẾ BÀO GAN (HCC) Ở BỆNH NHÂN VIÊM GAN B MẠN MẮC UNG THƯ BIỂU MÔ TẾ BÀO GAN TẠI BỆNH VIỆN UNG THƯ QUỐC GIA HÀ NỘI

Nguyễn Phương Anh<sup>1</sup>

## TÓM TẮT

**Mục tiêu:** Xác định tần suất các đột biến BCP/PC của HBV liên quan với xơ gan (LC) và ung thư biểu mô tế bào gan (HCC) ở bệnh nhân viêm gan B mạn (CHB) mắc ung thư biểu mô tế bào gan tại Bệnh viện Ung thư Quốc gia Việt Nam, Hà Nội. **Phương pháp:** Các đột biến BCP/PC liên quan với LC và HCC ở 40 bệnh nhân viêm gan B mạn bị HCC tại Bệnh viện Ung thư Quốc gia, Hà Nội, từ tháng 1 năm 2017 đến tháng 12 năm 2019 được khảo sát bằng phương pháp giải trình tự trực tiếp trên máy phân tích gen ABI 3130XL. **Kết quả:** Bảy đột biến trong vùng BCP/PC liên quan với xơ gan ở bệnh nhân CHB mắc HCC gồm A1726C, A1727T, C1730G/A, C1766T, T1768A, C1773T và C1799G. Tám đột biến trong vùng BCP/PC liên quan với HCC ở bệnh nhân CHB mắc HCC gồm T1753V, A1762T, G1764A, A1846T, G1896A và G1899A, đột biến kép như A1762T/G1764A và A1762T/G1764A + T1753V (C/A/G/xóa). Tần suất đột biến thay đổi tùy theo kiểu gen, nhìn chung tần số đột biến liên quan đến xơ gan và HCC ở kiểu gen B cao hơn ở kiểu gen C. **Kết luận:** Bảy đột biến ở vùng BCP/PC liên quan với xơ gan ở bệnh nhân CHB mắc HCC gồm A1726C, A1727T, C1730G/A, C1766T, T1768A, C1773T và C1799G. Tám đột biến trong vùng BCP/PC liên quan với HCC ở bệnh nhân CHB mắc HCC gồm T1753V, A1762T, G1764A, A1846T, G1896A và G1899A, A1762T/G1764A và A1762T/G1764A + T1753V (C/A/G/xóa).

## SUMMARY

### THE PREVALENCE OF BCP/PC MUTATIONS WERE ASSOCIATED WITH LIVER CIRRHOSIS (LC) AND HEPATOCELLULAR CARCINOMA (HCC) IN CHRONIC HEPATITIS B PATIENTS WITH HCC AT NATIONAL CANCER HOSPITAL, HANOI

**Objective:** to investigate HBV BCP/PC mutations were associated with liver cirrhosis (LC) and hepatocellular carcinoma (HCC) in chronic hepatitis B (CHB) patients with HCC at Vietnam National Cancer Hospital, Hanoi. **Methods:** The BCP/PC mutations were significantly associated with LC and HCC in 40 chronic hepatitis B patients with HCC at Vietnam National Cancer Hospital, Hanoi, from January 2017 to December 2019 were investigated by direct

sequencing on 3130XL Genetic analyzer ABI. **Results:** Seven mutations in the BCP/PC region associated with cirrhosis in chronic hepatitis B patients with HCC include A1726C, A1727T, C1730G/A, C1766T, T1768A, C1773T and C1799G. Eight mutations in the BCP/PC region associated with HCC in CHB patients with HCC include T1753V, A1762T, G1764A, A1846T, G1896A and G1899A, A1762T/G1764A và A1762T/G1764A + T1753V (C/A/G/del). The frequency of mutations varies depending on the genotype, in general, the frequency of mutations associated with cirrhosis and HCC is higher in genotype B than in genotype C. **Conclusions:** Seven mutations in the BCP/PC region associated with cirrhosis in CHB patients with HCC include A1726C, A1727T, C1730G/A, C1766T, T1768A, C1773T and C1799G. Eight mutations in the BCP/PC region associated with HCC in CHB patients with HCC include T1753V, A1762T, G1764A, A1846T, G1896A and G1899A, A1762T/G1764A và A1762T/G1764A + T1753V (C/A/G/del).

## I. ĐẶT VẤN ĐỀ

Hiện nay trên thế giới có trên 2 tỷ người bị nhiễm virus viêm gan B (HBV), trong đó có trên 350 triệu người bị viêm gan B mạn (chronic hepatitis B: CHB). Viêm gan B mạn có thể dẫn tới các biến chứng như xơ gan (liver cirrhosis: LC) hoặc ung thư biểu mô tế bào gan (hepatocellular carcinoma: HCC). Ung thư gan nguyên phát là nguyên nhân thứ ba gây tử vong trên thế giới do ung thư và ung thư biểu mô tế bào gan (HCC) chiếm 85-90% trong số những ung thư gan này. Các yếu tố nguy cơ đối với ung thư biểu mô tế bào gan bao gồm nhiễm virus viêm gan B hoặc virus viêm gan C (HCV) mạn, tuổi già, giới nam, nhiễm aflatoxin B1, nghiện rượu, đái tháo đường, bệnh gan nhiễm mỡ không do alcol, nhiễm sắc tố sắt (hemochromatosis) và các yếu tố di truyền của vật chủ. Trong số các nguyên nhân đó, nhiễm virus viêm gan B mạn là một yếu tố gây ung thư biểu mô tế bào gan chủ yếu trên thế giới.

Bộ gene của virus viêm gan B là một chuỗi DNA kép không hoàn toàn có kích thước 3,2 kb. Bộ gen của HBV chứa 4 bộ khung mở che phủ lên nhau, mã hóa cho các protein bề mặt (surface), lõi (core), X và polymerase. Vùng basal core promoter (BCP) (từ nucleotide 1751 đến 1769) có chức năng thúc đẩy vùng precore (PC) sinh tổng hợp kháng nguyên e (HBeAg).

<sup>1</sup>Bệnh viện Ung thư Quốc gia Hà Nội

Chịu trách nhiệm chính: Nguyễn Phương Anh

Email: phuonganhbvk@gmail.com

Ngày nhận bài: 4.7.2023

Ngày phản biện khoa học: 18.8.2023

Ngày duyệt bài: 8.9.2023

Các genotype B và C xuất hiện chủ yếu ở Châu Á. Các nghiên cứu gần đây cho thấy các đột biến trên vùng BCP/PC có liên quan một cách có ý nghĩa với nguy cơ tăng của xơ gan [6] và HCC [1]. Trong số các yếu tố nguy cơ của HCC do HBV, ngoài tuổi già (>35), giới (nam), số lượng virus HBV DNA ( $\geq 10^4$  copies/mL), genotype C, các đột biến vùng BCP/PC có vai trò rất quan trọng [1].

Ở Việt Nam, một số đột biến vùng BCP/PC của HBV có liên quan với nguy cơ xơ gan và ung thư gan cũng đã được phát hiện ở các đối tượng nhiễm viêm gan B mạn tính [4]. Tuy nhiên, đến nay ở Việt Nam chưa có nghiên cứu nào đầy đủ về các đột biến tại vùng BCP/PC liên quan với xơ gan và HCC ở bệnh nhân viêm gan B mạn mắc ung thư biểu mô tế bào gan. Việc phát hiện các đột biến này là rất hữu ích cho việc quản lý bệnh nhân nhiễm HBV có nguy cơ tiến triển thành xơ gan và HCC. Vì vậy, đề tài này được thực hiện nhằm khảo sát tần suất và các kiểu đột biến của HBV liên quan với xơ gan và HCC ở những bệnh nhân viêm gan B mạn mắc HCC đến khám và điều trị tại Bệnh viện Ung thư Quốc gia Hà Nội với mục tiêu "Xác định tần suất các đột biến ở vùng Basal Core Promoter/ Precore (BCP/PC) liên quan đến xơ gan và ung thư biểu mô tế bào gan".

## II. ĐỐI TƯỢNG VÀ PHƯƠNG PHÁP NGHIÊN CỨU

**2.1. Đối tượng nghiên cứu.** 40 bệnh nhân bệnh nhân viêm gan B mạn mắc HCC được chẩn đoán xác định bằng chẩn đoán hình ảnh và giải phẫu bệnh tại Bệnh viện Ung thư Quốc gia, được lựa chọn cho nghiên cứu trên tinh thần tự nguyện. Trong thời gian thực hiện nghiên cứu từ tháng 1/2017 đến tháng 12/2019.

**2.2. Thiết kế nghiên cứu.** Nghiên cứu được thiết kế theo phương pháp tiến cứu, mô tả cắt ngang.

**2.3. Các bước tiến hành.** HBeAg huyết thanh được định lượng bằng kỹ thuật điện hóa phát quang trên máy xét nghiệm miễn dịch Architect i2000 của Abbott.

Hoạt độ AST và ALT huyết thanh được định lượng bằng kỹ thuật đo quang ở bước sóng 340nm trên máy phân tích Hóa sinh C501 của Roche.

Huyết tương của bệnh nhân viêm gan B mạn mắc HCC có HBsAg dương tính và số lượng HBV

DNA  $>10^4$ /mL được sử dụng. HBV DNA được tách chiết và tinh sạch từ huyết tương. Số lượng HBV DNA được xác định bằng cách khuếch đại DNA, sử dụng kỹ thuật Cobas Taqman-PCR, thực hiện trên máy Cobas TaqMan 48 của Roche. Các đột biến trên vùng BCP/PC của HBV bằng kỹ thuật giải trình tự gen trực tiếp trên máy phân tích gen ABI 3130XL.

**2.4. Vấn đề đạo đức nghiên cứu.** Nghiên cứu tuân thủ những quy tắc về đạo đức trong nghiên cứu Y học theo Quy định của Bộ y tế.

## III. KẾT QUẢ NGHIÊN CỨU

**3.1. Đặc điểm chung của nhóm nghiên cứu.** Các đặc điểm của bệnh nhân viêm gan B mạn mắc HCC được thể hiện ở Bảng 1.

**Bảng 1. Các đặc điểm của bệnh nhân viêm gan B mạn mắc HCC**

Các dấu ấn sinh học	Min	Max	Trung vị
AFP (U/mL)	1.200	17.000	4.000
AST (U/L)	250	2.500	920
ALT (U/L)	265	3.200	1.500

Kết quả ở Bảng 1 cho thấy, nồng độ AFP rất cao ở tất cả các bệnh nhân với trung vị là 4.000 U/mL, cao gấp 200 lần so với giá trị bình thường (20 ng/mL) và nồng độ ALT và AST rất cao thể hiện sự tổn thương gan nặng.

Các mức độ nhiễm HBV và trạng thái HBeAg ở bệnh nhân viêm gan B mạn bị HCC được thể hiện ở 2.

**Bảng 2. Các mức độ nhiễm HBV và trạng thái HBeAg ở bệnh nhân HCC**

Dấu ấn sinh học	Phân bố	n	%
HBV DNA	$>10^4$ copies	8	20
	$10^5$ - $10^6$ copies	20	50
	$>10^6$ copies	12	30
HBeAg	Âm tính	8	20
	Dương tính	32	80

Kết quả ở Bảng 2 cho thấy 80 % bệnh nhân HCC có mức độ HBV DNA  $>10^5$  copies, 80 % bệnh nhân HCC có HBeAg dương tính, nghĩa là ở giai đoạn chưa có sự chuyển đổi huyết thanh của HBeAg thành Anti-HBeAg.

**3.2. Tần suất các đột biến vùng BCP/PC liên quan với xơ gan theo các genotype B và C.** Tần suất các đột biến vùng BCP/PC ở genotype B và C liên quan với xơ gan ở bệnh nhân viêm gan B mạn mắc HCC được thể hiện ở Bảng 3.

**Bảng 3. Tần suất các đột biến vùng BCP/PC ở genotype B và C liên quan với xơ gan ở bệnh nhân viêm gan B mạn mắc HCC**

Các đột biến liên quan đến xơ gan	Genotype B (n, %)	Genotype C (n, %)
Ở vùng BCP	C1726A	4 (6,25)
	T1727A	2 (3,1)
		6 (11,54)

Ở vùng PC	G1730C	3 (4,65)	8 (15,4)
	C1766T	16 (25)	8 (15,4)
	T1768A	15 (23,4)	12 (23)
	C1773T	12 (18,8)	10 (19,23)
	G1799C	12 (18,8)	2 (3,84)
Ở BCP+PC	Các đột biến	64 (55,17)	52 (44,83)

Kết quả ở Bảng 3 cho thấy các đột biến ở vùng BCP và PC liên quan với HCC được phát hiện với tỷ lệ cao (>10%) ở genotype B là C1766T, T1768A, C1773T và G1799C, trong khi các đột biến ở genotype C là C1726A, T1727A, G1730C, C1766T, T1768A, C1773T, G1799C. Tổng số các đột biến liên quan với xơ gan ở genotype B nhiều hơn ở

genotype C (55,17% so với 44,83%).

**3.3. Tần suất các đột biến vùng BCP/PC liên quan với HCC theo các genotype B và C.** Tần suất các đột biến vùng BCP/PC ở genotype B và C liên quan với HCC ở bệnh nhân viêm gan B mạn mắc HCC cũng đã được phát hiện (Bảng 4).

**Bảng 4. Tần suất các đột biến vùng BCP/PC ở genotype B và C liên quan với HCC ở bệnh nhân viêm gan B mạn mắc HCC được thể hiện ở bảng 4.**

Các đột biến liên quan đến HCC		Genotype B (n,%)	Genotype C (n,%)
Ở vùng BCP	T1753V* (C/G/A/xóa)	15 (17,24)	10 (16,95)
	A1762T	14 (16,1)	12 (20,34)
	G1764A	9 (10,34)	14 (23,73)
	A1762T/G1764A	4 (4,6)	2 (3,39)
	A1762T/G1764A + T1753V (C/A/G/xóa)	2 (2,3)	1 (1,69)
Ở vùng PC	A1846T	7 (8)	4 (6,78)
	G1896A	3 (3,46)	3 (5,08)
	G1899A	4 (4,6)	2 (3,39)
	A1762T/G1764A	17 (19,54)	5 (8,48)
	A1762T/G1764A + T1753V (C/A/G/xóa)	12 (13,8)	6 (10,17)
Ở BCP+PC	Các đột biến	87 (59,59)	59 (40,41)

Các đột biến ở vùng BCP và PC liên quan với HCC ở bệnh nhân viêm gan B mạn mắc HCC được phát hiện với tỷ lệ cao ở genotype B là T1753V\*, A1762T, A1762T/G1764A, A1762T/ G1764A + T1753V (C/A/G/xóa) và ở genotyp C là T1753V\* (C/G/A/xóa), A1762T, G1764C, A1762T/G1764A +

T1753V (C/A/G/xóa). Tổng số các đột biến liên quan đến LC ở genotype B nhiều hơn ở genotype C (59,59% so với 40,41%).

Tần suất các đột biến vùng BCP/PC liên quan với LC, HCC và LC + HCC ở bệnh nhân viêm gan B mạn mắc HCC được thể hiện ở Bảng 5.

**Bảng 5. Tần suất các đột biến vùng BCP/PC liên quan với LC, HCC và LC+HCC ở bệnh nhân viêm gan B mạn bị HCC**

Bệnh nhân	Số bệnh nhân (n,%)	Genotype B (n,%)	Genotype C (n,%)
Có đột biến gây LC	28 (70)	16 (57,14)	12 (42,86)
Có đột biến gây HCC	40 (100)	23 (57,5)	17 (42,5)
Có cả đột biến gây LC và HCC	37 (92,5)	20 (54,05)	17 (45,95)

Kết quả ở Bảng 5 cho thấy, các đột biến vùng BCP/PC liên quan với xơ gan và HCC được phát hiện với tần suất cao (70% và 100%) ở bệnh nhân viêm gan B mạn mắc HCC, tần suất đột biến ở genotype B cao hơn so với genotype C.

**IV. BÀN LUẬN**

Về các đột biến có liên quan đến nguy cơ tăng lên của xơ gan, trong nghiên cứu của chúng tôi, 7 đột biến vùng BCP/PC ở genotype B và C liên quan với xơ gan ở bệnh nhân viêm gan B mạn mắc HCC được phát hiện gồm A1726C, A1727T, C1730G/A, C1766T, T1768A, C1773T và C1799G với các tần suất khác nhau, phụ thuộc vào tình trạng HBeAg, nghĩa là vào giai đoạn

bệnh (Bảng 3). Kết quả này cũng tương tự các kết quả nghiên cứu khác. Ở Miền Bắc Việt Nam, theo Luật NN và cộng sự [4], các đột biến BCP/PC của HBV liên quan với xơ gan được phát hiện ở nucleotide 1726, 1727, 1730, 1766, 1768, 1773 và 1799 với tần suất khá cao, lần lượt là 4,17%, 5,56%, 9,72%, 11,11%, 9,72%, 37,50% và 63,89%. Yin J và cộng sự (2011) [6] thấy rằng, các đột biến ở các vị trí 1727, 1730, 1762, 1764, 1766, 1768,1773,1779 và 1896 ở genotype B và ở các vị trí 1726,1727, 1730, 1762, 1764, 1768,1773,1779 và 1896 ở genotype C ở bệnh nhân viêm gan B mạn có nguy cơ dẫn đến xơ gan. Còn ở những bệnh nhân đã bị xơ gan, các

đột biến ở các vị trí 1753, 1762 và 1846 ở genotype C có nguy cơ dẫn đến HCC. Một số đột biến ở vùng BCP/PC ở các vị trí 1753, 1762, 1764 và 1896 ở genotype C có nguy cơ dẫn đến HCC không trải qua giai đoạn xơ gan. Các đột biến vùng BCP/PC như A1726C, A1727T, C1730G/A, C1766T, T1768A, C1773T và C1799G ở genotype C có liên quan có ý nghĩa với xơ gan nhưng có thể ít liên quan với nguy cơ HCC. Về cơ chế gây xơ gan, các đột biến này có thể liên quan với quá trình hàn gắn các tổn thương do sự viêm hoại tử (necroinflammation) hơn là với yếu tố gây ung thư (carcinogenesis) [6].

Về các đột biến có liên quan với nguy cơ tăng lên của HCC, theo nghiên cứu của chúng tôi, tần suất 8 đột biến vùng BCP/PC ở genotype B và C liên quan với HCC ở bệnh nhân viêm gan B mạn mắc HCC đã được phát hiện gồm T1753V, A1762T, G1764A, A1846T, G1896A và G1899A, A1762T/G1764A và A1762T/G1764A + T1753V (C/A/G/xóa) với các tần suất khác nhau, phụ thuộc vào tình trạng HBeAg (Bảng 4). Nhiều nghiên cứu gần đây chỉ ra rằng các đột biến vùng BCP/PC như C1753T, T1753V, A1762T, G1764A riêng rẽ hoặc kết hợp có liên quan với nguy cơ tăng lên của HCC [6]. Những nghiên cứu gần đây cho thấy, 3 đột biến ở vùng Precore là A1846T, G1896A và G1899A cũng liên quan với nguy cơ tăng của HCC [1, 3]. Một đột biến kép quan trọng của nguy cơ HCC là A1762T/G1764A [2]. Trong khi độ nhạy của đột biến đơn T1753V đối với HCC là 33,7% thì độ nhạy của đột biến kép A1762T/G1764A là 80,0% và của đột biến kép A1762T/G1764A + T1753V lên đến 81,1% [6]. Theo Luật NN và cộng sự [4], các đột biến trên vùng BCP/PC liên quan với HCC như T1753V (C/A/G/xóa), A1762T, G1764A, A1846T, G1896A và G1899A được phát hiện với tần suất khá cao, lần lượt là 22,22%, 37,50%, 31,94%, 13,89%, 30,56% và 8,33%. Các đột biến kép như A1762T/G1764A và A1762T/G1764A + T1753V (C/A/G/xóa) được phát hiện với tần suất lần lượt là 30,56% và 13,89%.

Về số lượng các đột biến, nghiên cứu của chúng tôi cho thấy số lượng các đột biến vùng BCP/PC ở genotype B và C liên quan với xơ gan, HCC hoặc cả hai gan ở bệnh nhân viêm gan B mạn mắc HCC cũng đã được phát hiện với các tần suất khác nhau, phụ thuộc vào tình trạng HBeAg (Bảng 4). Ba đa đột biến hàng đầu là A1762T/G1764A (36%), A1762T/G1764A/G1896A (11%) và T1753(A/C)/A1762T/G1764A/G1896A (8%). Bệnh nhân có nhiều đột biến trong bộ gen HBV ( $\geq 3$  đột biến) có nhiều

khả năng bị xơ gan hoặc ung thư biểu mô tế bào gan (OR=3,1; CI 95%: 1,6-6,0; P=0,001) [7]. Theo Jang và cộng sự 2012 [1], ở bệnh nhân có từ 3 đến 6 đột biến liên quan với nguy cơ HCC trở lên, giá trị chẩn đoán dương tính đối với nguy cơ HCC tăng từ 60,7% lên 94,3%. Sự tập hợp  $\geq 6$  đột biến ở vùng BCP/PC gồm một đột biến kép A1762T/G1764A cộng với các đột biến T1753V, A1762T, G1764A, A1846T, G1896A và G1899A là một dấu hiệu hữu ích để dự đoán sự phát triển của HCC bất kể giai đoạn tiến triển nào của bệnh gan [5].

Việc xác định các đột biến tại vùng BCP/PC liên quan với xơ gan và HCC ở những bệnh nhân viêm gan B mạn là rất hữu ích cho việc quản lý bệnh nhân nhiễm HBV có nguy cơ và chỉ ra việc cần thiết phải điều trị để làm giảm nguy cơ xơ gan và HCC ở những bệnh nhân này về mức thấp nhất.

## V. KẾT LUẬN

1) Bảy đột biến ở vùng BCP/PC ở genotype B và C liên quan với xơ gan ở bệnh nhân viêm gan B mạn mắc HCC được phát hiện gồm A1726C, A1727T, C1730G/A, C1766T, T1768A, C1773T và C1799G.

2) Tám đột biến ở vùng BCP/PC ở genotype B và C liên quan với HCC ở bệnh nhân viêm gan B mạn mắc HCC được phát hiện gồm T1753V, A1762T, G1764A, A1846T, G1896A và G1899A, A1762T/G1764A, A1762T/G1764A + T1753V (C/A/G/xóa).

## TÀI LIỆU THAM KHẢO

1. **Jang JW, Chun JY, Park YM, Shin SK, Yoo W, Kim SO, Hong SP.** Mutational complex genotype of the hepatitis B virus X/precure regions as a novel predictive marker for hepatocellular carcinoma. *Cancer Sci* 2012 Feb; 103(2): 296-304.
2. **Liao Y, Hu X, Chen J, Cai B, Tang J, Ying B, Wang H, Wang L.** Precure mutation of hepatitis B virus may contribute to hepatocellular carcinoma risk: evidence from an updated meta-analysis. *PLoS One* 2012; 7(6): e38394.
3. **Ligat G, Schuster C, Baumert TF.** Hepatitis B Virus Core Variants, Liver Fibrosis, and Hepatocellular Carcinoma. *Hepatology* (Baltimore, Md) 2019 Jan 01; 69(1): 5-8.
4. **Nguyễn Nghiêm Luật, Nguyễn Hữu Quyền, Đặng Văn Tản, Vũ Mạnh Hồng, Nguyễn Thị Thu Hương, Võ Ngọc Lan, Phạm Hùng Vân.** Các đột biến trên vùng BCP/PC của virus viêm gan B có liên quan đến xơ gan và ung thư tế bào gan được phát hiện ở bệnh nhân viêm gan B mạn ở miền Bắc Việt Nam. *Tạp chí Gan mật Việt Nam* 2013; 25: 13-19.
5. **Park YM.** Clinical utility of complex mutations in the core promoter and proximal precure regions

of the hepatitis B virus genome. World J Hepatol 2015 Jan 27; 7(1): 113-120.

6. **Yin J, Xie J, Liu S, Zhang H, Han L, et al.** Association between the various mutations in viral core promoter region to different stages of hepatitis B, ranging of asymptomatic carrier state

to hepatocellular carcinoma. Am J Gastroenterol 2011 Jan; 106(1): 81- 92.

7. **Zhang D, Ma S, Zhang X, Zhao H, Ding H, and Zeng C.** Prevalent HBV point mutations and mutation combinations at BCP/preC region and their association with liver disease progression. BMC Infect Dis 2010; 10: 271.

## KHẢO SÁT CÁC ĐẶC ĐIỂM THỂ CHẤT Y HỌC CỔ TRUYỀN TRÊN BỆNH NHÂN VẢY NẾN MÀNG

Nguyễn Trần Anh Thu<sup>1</sup>, Tăng Khánh Huy<sup>1</sup>, Lê Bảo Lưu<sup>1</sup>

### TÓM TẮT

**Mục tiêu:** Vảy nến là một bệnh lý viêm da mạn tính phổ biến, trong đó vảy nến thể mảng là phổ biến nhất. Bệnh vảy nến gây ảnh hưởng nghiêm trọng tới tâm lý và đời sống người bệnh (NB), tuy nhiên lại chưa có thuốc điều trị đặc hiệu. Thể chất theo Y học cổ truyền (YHCT) đặt nền tảng cho việc chẩn đoán, điều trị và phòng ngừa bệnh tật, điều chỉnh thể chất có thể làm cải thiện tình trạng bệnh ở NB vảy nến. Đề tài này thực hiện để tìm tỉ lệ các dạng thể chất YHCT ở người bệnh vảy nến mảng và mối liên hệ giữa thể chất YHCT với các yếu tố liên quan đến bệnh vảy nến mảng. **Đối tượng và phương pháp nghiên cứu:** Nghiên cứu cắt ngang phân tích được tiến hành thông qua khảo sát NB vảy nến mảng bằng bảng câu hỏi Constitution in Chinese Medicine Questionnaire (CCMQ) đã được chuẩn hóa. Số liệu sau khi thu thập sẽ được xử lý bằng mô hình hồi quy logistic để xác định mối liên hệ giữa thể chất YHCT và các yếu tố liên quan bệnh vảy nến mảng. **Kết quả:** Nghiên cứu khảo sát trên 384 NB vảy nến mảng, kết quả cho thấy thể chất Khí hư chiếm tỉ lệ cao nhất (38,54%), kế tiếp là thể chất Đặc biệt (25,26%) và Khí uất (18,49%), thể chất Trung tính chiếm tỉ lệ thấp nhất. Thể chất Đàm thấp tương quan thuận với thời gian mắc bệnh, thể chất Dương hư và thể chất Khí hư có tương quan thuận với yếu tố kích hoạt là nhiễm trùng, thể chất Khí uất có tương quan thuận với yếu tố kích hoạt là stress. **Kết luận:** Kết quả nghiên cứu cho thấy trên NB vảy nến thường gặp 3 dạng thể chất YHCT là Khí hư, Đặc biệt và Khí uất. Trong đó, thể chất Đàm thấp tương quan thuận với thời gian mắc bệnh, thể chất Dương hư và Khí hư có tương quan thuận với yếu tố kích hoạt là nhiễm trùng, thể chất Khí uất có tương quan thuận với yếu tố kích hoạt là stress.

**Từ khóa:** thể chất, Y học cổ truyền, vảy nến mảng, yếu tố kích hoạt.

### SUMMARY

#### SURVEY ON THE CHARACTERISTICS OF

<sup>1</sup>Đại Học Y Dược TP. Hồ Chí Minh

Chịu trách nhiệm chính: Lê Bảo Lưu

Email: lebaoluu@ump.edu.vn

Ngày nhận bài: 3.7.2023

Ngày phản biện khoa học: 17.8.2023

Ngày duyệt bài: 7.9.2023

### TRADITIONAL MEDICINE BODY CONSTITUTION IN PATIENTS WITH VULGARIS PSORIASIS

**Objectives:** Psoriasis is a prevalent chronic inflammatory skin disease, with vulgaris psoriasis accounting for most cases. Psoriasis has a negative impact on patients' psychology and lives, but there is no specific treatment. The body constitution of traditional medicine offers the framework for disease diagnosis, treatment, and prevention, and has been demonstrated to alleviate conditions in individuals with psoriasis. This study aimed to establish the proportion of body constitution types in plaque psoriasis patients, as well as the link between body constitution types and factors connected to vulgaris psoriasis. **Subjects and Methods:** A standardized Constitution in Chinese Medicine Questionnaire (CCMQ) was used to interview individuals with vulgaris psoriasis for the cross-sectional investigation. Following data collection, multivariate logistic regression was used to examine the connection between constitutional classifications of traditional medicine and factors associated with vulgaris psoriasis. **Results:** The results of a study on 384 individuals with vulgaris psoriasis revealed that the Qi-deficiency type had the most significant rate (38.54%), followed by the Inherited-special type (25.26%), and the Qi-depression type (18.49%), the Neutral type having the lowest incidence. Phlegm-dampness type is associated with disease duration, the Yang-deficiency type, and Qi-deficiency type are associated with infection, and the Qi-depression type is associated with stress. **Conclusion:** According to the study's findings, there are three body constitution types of vulgaris psoriasis in traditional medicine: Qi-deficiency, Inherited-special, and Qi-depression. In this study, Phlegm-dampness is positively correlated with disease duration, Yang-deficiency and Qi-deficiency are correlated with infection, and Qi-depression is correlated with stress.

**Keywords:** constitutional types, traditional medicine, vulgaris psoriasis, trigger factor.

### I. ĐẶT VẤN ĐỀ

Bệnh vảy nến là một bệnh viêm da mạn tính phổ biến với tỉ lệ bệnh chiếm khoảng 2-3% dân số. Trong đó, vảy nến mảng (vulgaris psoriasis) là dạng vảy nến phổ biến nhất, gặp ở khoảng