

TÀI LIỆU THAM KHẢO

1. R. Eryilmaz, M. Sahin, M. Hakan Tekelioglu, and E. Daldal, 'Management of lactational breast abscesses', *The Breast*, vol. 14, no. 5, pp. 375–379, Oct. 2005, doi: 10.1016/j.breast.2004.12.001.
2. L. H. Amir, D. Forster, H. McLachlan, and J. Lumley, 'Incidence of breast abscess in lactating women: report from an Australian cohort', *BJOG Int. J. Obstet. Gynaecol.*, vol. 111, no. 12, pp. 1378–1381, Dec. 2004, doi: 10.1111/j.1471-0528.2004.00272.x.
3. C. Dener and A. İnan, 'Breast Abscesses in Lactating Women', *World J. Surg.*, vol. 27, no. 2, pp. 130–133, Feb. 2003, doi: 10.1007/s00268-002-6563-6.
4. J. D. Berna-Serna, M. Madrigal, and J. D. Berna-Serna, 'Percutaneous management of breast abscesses. an experience of 39 cases', *Ultrasound Med. Biol.*, vol. 30, no. 1, pp. 1–6, Jan. 2004, doi: 10.1016/j.ultrasmedbio.2003.10.003.
5. WHO 2000. World Health Organization: Mastitis: Causes and Management. Publication Number WHO/FCH/CAH/00.13, World Health Organization, Geneva, 2000.
6. C. Colin, A. G. Delov, N. Peyron-Faure, M. Rabilloud, and M. Charlot, 'Breast abscesses in lactating women: evidences for ultrasound-guided percutaneous drainage to avoid surgery', *Emerg. Radiol.*, vol. 26, no. 5, pp. 507–514, Oct. 2019, doi: 10.1007/s10140-019-01694-z.
7. Đoàn Tú Anh (2021) Nghiên cứu chẩn đoán và áp xe vú tại Bệnh viện Phụ sản Trung Ương. Luận văn Thạc sỹ y học, Trường Đại học Y Hà Nội. 2021

KẾT QUẢ XÁC ĐỊNH NGUY CƠ UNG THƯ VÚ BẰNG PHẦN MỀM CANRISK

Vũ Thu Hương¹, Nguyễn Thị Trang^{1,2}, Trịnh Lê Huy^{1,2}, Nguyễn Thanh Long³, Lương Thị Lan Anh^{1,2}, Hồ Thị Kim Thanh^{1,2}

TÓM TẮT

Mục tiêu: Nhận xét kết quả và ứng dụng của phần mềm Canrisk trong xác định nguy cơ ung thư vú. **Phương pháp nghiên cứu:** Thực hiện tính toán nguy cơ ung thư vú bằng phần mềm Canrisk trên 40 đối tượng đã được chẩn đoán xác định ung thư vú tại bệnh viện K. Dữ liệu đầu vào gồm thông tin về các yếu tố nguy cơ và đột biến gen được thực hiện hồi cứu trên hồ sơ bệnh án. **Kết quả:** Trong 40 trường hợp được xác định ung thư vú khi khảo sát bằng phần mềm Canrisk, có 07 trường hợp cho kết quả nguy cơ cao (17,5%). Các trường hợp còn lại được xếp vào nhóm nguy cơ dân số. 01 trường hợp ung thư vú có tính chất gia đình được tính toán tỷ lệ mang gen BRCA1/2 ở đối tượng và người thân của họ dẫn đến khuyến nghị xét nghiệm gen, khi được làm xét nghiệm theo hướng dẫn đều mang đột biến trên BRCA1. **Kết luận:** Kết quả của nghiên cứu bước đầu cho thấy Canrisk có khả năng dự đoán tỷ lệ mang gen BRCA1/2 trong trường hợp ung thư vú có tính chất gia đình ở Việt Nam, có hiệu quả trong dự đoán nguy cơ mắc ung thư vú ở người mang đột biến gen BRCA1/2 nhưng chưa có sự nổi bật so với biện pháp sàng lọc thông thường ở tất cả các trường hợp.

Từ khoá: Ung thư vú; công cụ Canrisk; BRCA1/2; sàng lọc.

¹Trường Đại học Y Hà Nội

²Bệnh viện Đại học Y Hà Nội

³Bệnh viện K

Chịu trách nhiệm chính: Nguyễn Thị Trang

Email: trangnguyen@hmu.edu.vn

Ngày nhận bài: 3.11.2023

Ngày phản biện khoa học: 15.12.2023

Ngày duyệt bài: 8.01.2024

SUMMARY

THE RESULTS OF USING THE CANRISK TOOL IN DETERMINING THE RISK OF BREAST CANCER

Objective: This study aims to evaluate the effectiveness and practical applicability of the CanRisk tool in assessing the risk of breast cancer. **Methods:** The research involved the retrospective analysis of medical records of 40 individuals who had been diagnosed with breast cancer. The Canrisk tool was utilized to calculate breast cancer risk based on input data, including information about risk factors and genetic mutations. **Result:** Among the 40 cases of breast cancer confirmed by histopathology, the Canrisk tool identified 7 cases (17.5%) as having a high risk of breast cancer. The remaining cases were categorized as being in the population risk group. In one instance, a familial breast cancer case was identified, wherein the subject and their relatives carried the BRCA1/2 gene mutation. This prompted a recommendation for genetic testing, revealing that all tested individuals with the mutation carried the BRCA1 mutation. **Conclusion:** The outcomes of this preliminary study demonstrate CanRisk's capacity to forecast the prevalence of BRCA1/2 gene mutations in cases of familial breast cancer in Vietnam. It proves effective in gauging breast cancer risk among individuals carrying BRCA1/2 gene mutations, yet it has not proven to be notably superior to conventional screening methods in all cases. **Keywords:** Breast cancer; Canrisk tool; BRCA1/2; Screening.

I. ĐẶT VẤN ĐỀ

Ung thư vú là bệnh không đồng nhất gây ra bởi sự tích lũy những sai lệch di truyền, là nguyên nhân hàng đầu gây tử vong do ung thư

ở phụ nữ.[1] Xác định nguy cơ mắc ung thư vú giúp phát hiện sớm ở những người có nguy cơ cao, hỗ trợ đưa ra các biện pháp phòng ngừa và giảm tỷ lệ tử vong do bệnh.

Ngày nay có nhiều mô hình được sử dụng để phân loại nguy cơ ung thư vú. Đây là những công cụ đặc biệt hữu ích trong một số tình huống, giúp cung cấp thông tin về nguy cơ mắc ung thư vú đối với phụ nữ có nguy cơ thấp và/hoặc từ chối xét nghiệm di truyền, xác suất mang gen trước khi làm xét nghiệm, nguy cơ ung thư vú nguyên phát hoặc đối bên sau khi xét nghiệm BRCA1/2 âm tính. Liên quan đến việc ước tính nguy cơ phát triển ung thư vú, hầu hết các mô hình có sẵn đều giả định rằng các trường hợp ung thư vú hoặc ung thư buồng trứng di truyền là do đột biến BRCA1/2 và do đó không cung cấp xác suất về nguy cơ ung thư vú dựa trên khả năng xét nghiệm dương tính với các biến thể gây bệnh có nguy cơ trung bình hoặc nguy cơ cao khác. Tuy nhiên, Phần mềm Canrisk giúp đánh giá nguy cơ ung thư vú và ung thư buồng trứng dựa trên một nhóm gen với nguy cơ tiềm ẩn kết hợp với các yếu tố không di truyền khác đồng thời có khả năng dự đoán tỷ lệ mang gen đột biến nguy cơ cao ung thư vú.[2] Các ngưỡng cut-off đưa ra trong phần mềm với nguy cơ dân số được định nghĩa là thấp hơn 17% đối với nguy cơ suốt đời từ tuổi 20 hoặc thấp hơn 3% nguy cơ ở độ tuổi 40-50, nguy cơ trung bình là từ 17% đến dưới 30% đối với nguy cơ suốt đời từ tuổi 20 hoặc từ 3% - 8% nguy cơ ở độ tuổi 40-50 và nguy cơ cao khi có 30% trở lên đối với nguy cơ suốt đời từ tuổi 20 hoặc lớn hơn 8% nguy cơ ở độ tuổi 40-50.

Phần mềm Canrisk hiện được một số cơ quan và tổ chức quốc gia khuyến nghị để xác định khả năng đủ điều kiện sàng lọc ung thư vú có nguy cơ cao, khả năng đủ điều kiện sàng lọc đột biến BRCA1/2 và cung cấp thông tin về quản lý rủi ro mắc ung thư vú. Tuy nhiên, điều quan trọng là công cụ CanRisk được thiết kế riêng cho các cá nhân có nguồn gốc châu Âu và có thể không chính xác đối với các quần thể khác. Vì vậy, chúng tôi tiến hành khảo sát hiệu quả phần mềm trên đối tượng người Việt Nam giúp đánh giá và phân tích mức độ khả thi về việc ứng dụng phần mềm này trong lâm sàng tại Việt Nam.

II. ĐỐI TƯỢNG VÀ PHƯƠNG PHÁP NGHIÊN CỨU

2.1. Đối tượng, địa điểm và thời gian nghiên cứu

* **Đối tượng nghiên cứu:** Bệnh nhân được xác định ung thư vú bằng kết quả mô bệnh học

tại bệnh viện K.

* **Tiêu chuẩn lựa chọn:**

- Phụ nữ được xác định mắc ung thư vú
- Có kết quả xét nghiệm gen

* **Tiêu chuẩn loại trừ:**

- Những bệnh nhân không được chỉ định làm xét nghiệm gen liên quan đến ung thư vú

2.2. Phương pháp nghiên cứu

* **Thiết kế nghiên cứu:** Nghiên cứu mô tả cắt ngang.

* **Phương pháp chọn mẫu:** Chọn mẫu thuận tiện.

* **Các bước tiến hành:** Số liệu thu thập bao gồm 07 loại yếu tố nguy cơ: (1) Các biến thể gây bệnh trong 08 gen nhạy cảm UTV có nguy cơ cao hoặc nguy cơ trung bình BRCA1, BRCA2, PALB2, CHEK2, ATM, RAD51C, RAD51D và BARD1; (2) Điểm rủi ro đa gen đã được xác thực (PRS), sử dụng 313 biến thể nhạy cảm di truyền ung thư vú thông thường; (3) Chi tiết về tiền sử gia đình mắc bệnh ung thư bao gồm tuổi được chẩn đoán ung thư đối với những người thân bị ảnh hưởng và tuổi theo dõi lần cuối hoặc tử vong đối với những người thân không bị ảnh hưởng; (4) Thành phần đa gen còn sót lại không được giải thích bằng các hiệu ứng di truyền quan sát được ở trên; (5) Chín yếu tố nguy cơ về lối sống, nội tiết tố và sinh sản dựa trên bảng câu hỏi; (6) Mật độ chụp nhũ ảnh được đo bằng cách sử dụng phân loại thành phần vú BI-RADS; (7) Các yếu tố nhân khẩu học bao gồm tuổi, năm sinh và quốc gia.

Thông tin thu thập được sử dụng làm đầu vào để đánh giá nguy cơ bằng phần mềm canrisk.

Sau khi nhập dữ liệu và tính toán bằng phần mềm, đánh giá đầu ra bao gồm: phân tầng nguy cơ (nguy cơ dân số, nguy cơ trung bình, nguy cơ cao); dự đoán phần trăm mang gen.

* **Xử lý số liệu:** Các số liệu sau khi thu thập được nhập vào phần mềm Excel, sau đó được phân tích bằng phần mềm SPSS 16.0.

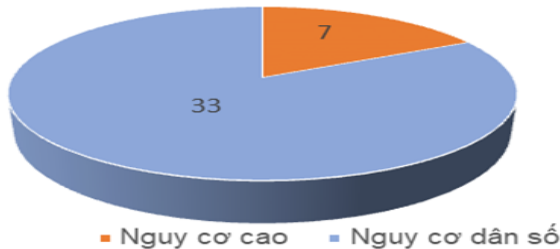
2.3. Đạo đức nghiên cứu. Nghiên cứu thuộc đề tài KC-4.0-42/19-25 đáp ứng đủ điều kiện của nghiên cứu y sinh, được thông qua Hội đồng Đạo đức của trường Đại học Y Hà Nội với mã số HMUIRB912.

III. KẾT QUẢ NGHIÊN CỨU

Bảng 1: Đặc điểm về nhóm đối tượng nghiên cứu

Nhóm tuổi	Có yếu tố gia đình	Không có yếu tố gia đình	Đột biến gen BRCA	Đột biến gen khác
30-39	0	14	2	0

40-49	0	9	0	2
50-59	1	9	4	0
60-69	0	6	0	0
>70	0	1	1	0
Tổng	1	39	7	2

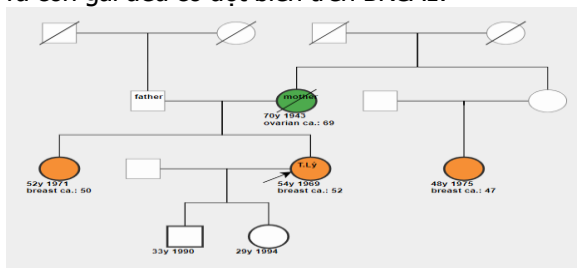


Biểu đồ 1: Kết quả dự đoán nguy cơ ung thư vú bằng phần mềm Canrisk

Trong 40 đối tượng được đánh giá rủi ro bằng phần mềm canrisk, có 7 trường hợp được dự đoán nguy cơ cao, 33 trường hợp còn lại thuộc nhóm nguy cơ dân số, không có người nào được phân loại nguy cơ trung bình. Tiếp tục thực hiện sàng lọc theo hướng dẫn của canrisk cho các đối tượng nguy cơ cao có thể xác định ung thư cho 7/7 bệnh nhân.

Một trường hợp ung thư vú có tính chất gia đình được đưa ra dự đoán xác suất mang gen và có khuyến nghị thực hiện xét nghiệm di truyền với 22,24% mang đột biến BRCA1/2. Dự đoán tỷ lệ mang gen cho con gái người này bằng phần mềm Canrisk lên tới 49,07%. Thông tin ca bệnh cụ thể như sau:

Một phụ nữ 54 tuổi, Tiền sử gia đình có em gái ruột và em họ mắc ung thư vú, mẹ ruột mắc ung thư buồng trứng, có chỉ số khối cơ thể (BMI) là 22,77 kg/m², không uống rượu, sinh con lần đầu tiên ở tuổi 21. Kết quả xét nghiệm gen ở người này và con gái đều có đột biến trên BRCA1.



Hình 1: Sơ đồ phả hệ

Xác suất mang đột biến

Từ mô hình ung thư vú, dựa trên thông tin của người phụ nữ, xác suất mang đột biến của một biến thể gây bệnh ở:

- BRCA1 là 18,54%
- BRCA2 là 5,78%
- BRCA1 hoặc BRCA2 là 24,32%
- PALB2 là 2,65%
- CHEK2 là 1,96%
- ATM là 0,80%
- BARD1 là 0,19%

Hình 2: Xác suất mang đột biến báo cáo bởi Canrisk

IV. BÀN LUẬN

Phần mềm Canrisk có thông tin đầu vào bao gồm các yếu tố nguy cơ: tuổi xuất hiện kinh lần đầu, số con, tuổi sinh con đầu tiên, cách sử dụng thuốc tránh thai, liệu pháp thay thế hormone, chỉ số khối cơ thể (BMI), đặc điểm sử dụng rượu, tuổi mãn kinh, mật độ tuyến vú, tiền sử gia đình; Thông tin về các gen: BRCA1, BRCA2, PALB2, ATM, CHEK2, BARD1, RAD51C, RAD51D.

Đối tượng được khảo sát trong bài báo này thuộc một trong các nhóm: Ung thư vú không có tính chất gia đình có hoặc không có đột biến gen, ung thư vú không có tính chất gia đình mang đột biến gen không nằm trong danh mục khảo sát và ung thư vú có tính chất gia đình. Nguy cơ mắc ung thư vú tồn tại 5 năm, 10 năm hoặc ở tuổi 80 theo tính toán của Canrisk được đưa ra cho người phụ nữ cùng với nhóm dân số có độ tuổi phù hợp và được trình bày cả ở định dạng văn bản và biểu tượng. Ngoài ra, nguy cơ ung thư được trình bày trong một biểu đồ từ tuổi hiện tại đến tuổi 80. Đối với mỗi cá nhân, nguy cơ ung thư được đưa ra trong bối cảnh rủi ro dân số nói chung. Phân loại nguy cơ ung thư vú (tức là nguy cơ dân số, nguy cơ trung bình hoặc cao), như được xác định bởi hướng dẫn quản lý lâm sàng NICE của Vương quốc Anh, được trình bày dưới dạng văn bản, bảng và đồ họa.[3] Xác suất mang các biến thể gây bệnh trong các gen nhạy cảm với ung thư được sử dụng trong các mô hình cũng được trình bày.



Hình 3. Thông tin về nguy cơ mắc ung thư vú của cá nhân trong 5 năm, 10 năm và tới tuổi 80

So sánh với các phần mềm đánh giá nguy cơ mắc ung thư vú khác như hiện nay Canrisk được xác nhận và đánh giá về hiệu quả trong dự đoán xác suất người mang mầm bệnh và dự đoán nguy cơ ung thư tiếp theo với phiên bản được cải tiến đầy đủ thông tin đầu vào hơn.[4,5] Tuy nhiên, trong khảo sát của chúng tôi 7/40 trường hợp chẩn đoán nguy cơ cao đều mang đột biến

BRCA, ngoài ra 2 trường hợp mang đột biến gen PIK3CA đều được phân loại nguy cơ dân số. Chúng tôi cũng đã tiến hành thực hiện khảo sát theo khuyến cáo của NICE cho các trường hợp nguy cơ cao và tất cả đều cho kết quả xác định ung thư vú ở người được khảo sát. Bên cạnh đó, tất cả các trường hợp được mô tả đều được chẩn đoán xác định là ung thư vú đến khám do tình cờ sờ thấy khối ở vú. Theo hướng dẫn, từ birads 4,5 bệnh nhân có chỉ định sinh thiết và làm xét nghiệm giải phẫu bệnh.[6] Do đó cả 7/7 trường hợp nếu làm theo hướng dẫn đều có thể chẩn đoán xác định. Như vậy có thể thấy Canrisk có hiệu quả dự đoán trong những trường hợp mang đột biến gen trong số gen được khảo sát, tương đương với hiệu quả của hướng dẫn sàng lọc đang áp dụng tại Việt Nam.

Công cụ này thu thập thông tin về tiền sử gia đình, các biến thể gây bệnh hiếm gặp ở các gen nhạy cảm với ung thư, điểm rủi ro đa gen, đặc điểm lối sống/nội tiết tố/làm sàng và các yếu tố rủi ro hình ảnh để dự đoán nguy cơ ung thư vú và ung thư buồng trứng cũng như ước tính xác suất mang các biến thể gây bệnh ở một số trường hợp nhất định. Nó được triển khai bằng cách sử dụng các khung web, công nghệ và dịch vụ web hiện đại để có thể mở rộng và tăng khả năng tiếp cận cho các nhà nghiên cứu và ứng dụng của bên thứ ba. Đối với danh mục phân loại nguy cơ chung theo NICE, Canrisk đưa ra kết luận bằng văn bản kèm đường dẫn cho hướng xử trí tiếp theo dựa trên NICE và NHS. Như vậy, người dùng cần truy cập và phân tích dựa trên hướng dẫn chung, Canrisk chưa thể đưa ra khuyến cáo cụ thể cho đối tượng khảo sát.

Based on your risk assessment you are at near population risk. Please refer to national screening guidelines.

[NICE Guidelines](#)

[NHS Breast Screening](#)

Hình 4. Giao diện cho kết luận nguy cơ dựa trên Canrisk

Đối với cá nhân có yếu tố gia đình rõ ràng nhưng khi chưa có thông tin về đột biến gen (trường hợp duy nhất có yếu tố gia đình được báo cáo) Canrisk đưa ra dự đoán nguy cơ ở mức trung bình, theo hướng dẫn của NICE người này có hướng dẫn các cận lâm sàng tiếp theo dẫn tới kết quả được chẩn đoán ung thư vú. Tuy nhiên, đáng chú ý hơn phần mềm có hiệu quả trong việc dự đoán nguy cơ mang gen ở bệnh nhân mắc ung thư vú có yếu tố gia đình, cũng có giá trị trong tiên đoán nguy cơ mang gen ở cá nhân khác trong gia đình trong trường hợp này. Cụ thể, ở trường hợp được chúng tôi báo cáo, Nếu

thông tin đầu vào bao gồm bệnh nhân đã được chẩn đoán ung thư vú, phần mềm Canrisk đưa ra dự đoán về khả năng mang gen BRCA1, BRCA2 lần lượt là 16,71% và 5,53%, tỷ lệ mang một trong hai đột biến trên gen này lên tới 22,24%. Theo hướng dẫn của NICE khuyến nghị cung cấp xét nghiệm di truyền cho những người có từ 10% trở lên mang gen BRCA1/2.[3] Do đó, ở trường hợp này bệnh nhân thuộc nhóm đối tượng được xét nghiệm di truyền. Mặt khác, khi thông tin đầu vào không bao gồm chẩn đoán mắc ung thư vú, nhưng có thông tin bệnh nhân mang đột biến trên gen BRCA1, phần mềm đưa ra dự đoán nguy cơ cao mắc ung thư vú, đồng thời kết quả con gái của người này thuộc nguy cơ cao mắc ung thư vú, với tỷ lệ mắc đột biến gen BRCA1 lên đến 49,07%. Trên thế giới đã có một số nghiên cứu đánh giá cao về khả năng dự đoán người mang gen của Canrisk. Một nghiên cứu của các nhà khoa học thuộc Đại học Cambridge đã so sánh khả năng dự đoán người mang biến thể gây bệnh của gen BRCA1/2 giữa phần mềm Canrisk và các công cụ khác như BRCAPRO và Tyrer-Cuzick. Kết quả cho thấy phần mềm Canrisk có độ chính xác cao hơn các công cụ khác trong việc xác định những người có nguy cơ cao mang biến thể gây bệnh của gen BRCA1/2.[7] Hay một nghiên cứu khác dựa trên 7352 gia đình từ Hiệp hội ung thư Vú và Buồng trứng Di truyền Đức cho kết quả tương tự khi đề xuất sử dụng Canrisk để đưa ra quyết định liên quan đến xét nghiệm di truyền đối với đột biến BRCA1/2. Tuy nhiên, hiệu chuẩn mô hình cần được cải thiện cho nhóm đối tượng nghiên cứu.[8]

V. KẾT LUẬN

Nghiên cứu bước đầu cho thấy Canrisk có thể có hiệu quả dự đoán trong những trường hợp mang đột biến gen trong số gen được khảo sát, tương đương với hiệu quả của hướng dẫn sàng lọc đang áp dụng tại Việt Nam. Ở bệnh nhân ung thư vú không có tính chất gia đình hiệu quả dự đoán của phần mềm Canrisk không cao, tương đương hoặc có phần không hiệu quả bằng phác đồ sàng lọc thông thường. Điểm nổi bật ở phần mềm cho thấy có thể có khả năng đánh giá nguy cơ mang đột biến liên quan ở người thân và người mắc ung thư vú có tính chất gia đình. Đây có thể xem là công cụ cũng như cơ sở giúp bác sĩ đưa ra hướng xử trí, chỉ định xét nghiệm gen tiếp theo cho người bệnh hoặc người có nguy cơ cao.

VI. LỜI CẢM ƠN

Nghiên cứu được thực hiện trong khuôn khổ

đề tài cấp Nhà nước "Nghiên cứu ứng dụng trí tuệ nhân tạo và công nghệ giải trình tự gen thế hệ mới trong phát hiện đột biến gen liên quan đến sự đáp ứng của thuốc điều trị một số loại ung thư phổ biến tại Việt Nam" thuộc chương trình KC4.0/19-25, Bộ Khoa học và Công nghệ. Nhóm tác giả xin chân thành cảm ơn Bộ Khoa học và Công nghệ, Trường Đại học Y Hà Nội và Bệnh viện K đã hỗ trợ cho nghiên cứu về tài chính lẫn cơ sở dữ liệu nghiên cứu.

TÀI LIỆU THAM KHẢO

1. Siegel RL, Miller KD, Fuchs HE, Jemal A. Cancer Statistics, 2021. CA Cancer J Clin. 2021;71(1):7-33. doi:10.3322/caac.21654
2. Lee AJ, Cunningham AP, Kuchenbaecker KB, et al. BOADICEA breast cancer risk prediction model: updates to cancer incidences, tumour pathology and web interface. Br J Cancer. 2014;110(2):535-545. doi:10.1038/bjc.2013.730
3. National Collaborating Centre for Cancer (UK). Familial Breast Cancer: Classification and Care of People at Risk of Familial Breast Cancer and Management of Breast Cancer and Related Risks in People with a Family History of Breast Cancer. National Collaborating Centre for Cancer (UK); 2013. Accessed October 3, 2023. <http://www.ncbi.nlm.nih.gov/books/NBK247567/>
4. Lakeman IMM, Rodriguez-Gironde M, Lee A, et al. Validation of the BOADICEA model and a 313-

variant polygenic risk score for breast cancer risk prediction in a Dutch prospective cohort. Genet Med Off J Am Coll Med Genet. 2020;22(11): 1803-1811. doi: 10.1038/s41436-020-0884-4

5. Pal Choudhury P, Brook MN, Hurson AN, et al. Comparative validation of the BOADICEA and Tyrer-Cuzick breast cancer risk models incorporating classical risk factors and polygenic risk in a population-based prospective cohort of women of European ancestry. Breast Cancer Res BCR. 2021;23(1):22. doi: 10.1186/s13058-021-01399-7
6. Esserman LJ, Thompson IM, Reid B, et al. Addressing overdiagnosis and overtreatment in cancer: a prescription for change. Lancet Oncol. 2014;15(6): e234-242. doi: 10.1016/S1470-2045(13)70598-9
7. Antoniou AC, Hardy R, Walker L, et al. Predicting the likelihood of carrying a BRCA1 or BRCA2 mutation: validation of BOADICEA, BRCAPRO, IBIS, Myriad and the Manchester scoring system using data from UK genetics clinics. J Med Genet. 2008;45(7):425-431. doi: 10.1136/jmg.2007.056556
8. Fischer C, Kuchenbäcker K, Engel C, et al. Evaluating the performance of the breast cancer genetic risk models BOADICEA, IBIS, BRCAPRO and Claus for predicting BRCA1/2 mutation carrier probabilities: a study based on 7352 families from the German Hereditary Breast and Ovarian Cancer Consortium. J Med Genet. 2013;50(6):360-367. doi:10.1136/jmedgenet-2012-101415

KẾT QUẢ ĐIỀU TRỊ BỆNH NHÂN UNG THƯ BUỒNG TRỨNG GIAI ĐOẠN IIIC – IV BẰNG PHÁC ĐỒ PHỐI HỢP PHẪU THUẬT, HÓA CHẤT TIỀN PHẪU, HÓA CHẤT HẬU PHẪU TẠI BỆNH VIỆN K

Đặng Tiến Giang¹, Khúc Chí Hiếu¹,
Phan Ngọc Huyền¹, Lại Thị Thanh Hà²

TÓM TẮT

Mục tiêu: Đánh giá tỉ lệ đáp ứng trên mô bệnh học, thời gian sống thêm toàn bộ và một số yếu tố ảnh hưởng trên bệnh nhân ung thư biểu mô buồng trứng (UTBMBT) được điều trị bằng phác đồ phối hợp phẫu thuật, hóa trị tiền phẫu, hóa trị hậu phẫu tại bệnh viện K. **Đối tượng và phương pháp:** Nghiên cứu mô tả hồi cứu kết hợp tiến cứu trên 58 bệnh nhân chẩn đoán xác định UTBMBT giai đoạn IIIC, IV được điều trị phối hợp hóa chất tiền phẫu, phẫu thuật, hóa chất hậu phẫu tại bệnh viện K từ tháng 9/2019 đến tháng 10/2023. **Kết quả:** Thời gian sống thêm toàn

bộ của quần thể bệnh nhân nghiên cứu 34 tháng (CI 95% 29,3-38,7 tháng). Trong đó thời gian sống thêm toàn bộ của nhóm được điều trị hóa chất đơn thuần 32 tháng, thời gian sống thêm nhóm hóa chất kết hợp bevacizumab 31 tháng (p=0.65). Trung vị thời gian sống thêm toàn bộ của nhóm bệnh nhân giai đoạn IIIC là 31 tháng, của nhóm giai đoạn IV là 30 tháng. Nhóm bệnh nhân đạt pCR chưa có bệnh nhân nào tử vong trong thời gian theo dõi. **Kết luận:** Phác đồ phẫu thuật phối hợp hóa chất tiền phẫu, hóa chất hậu phẫu mang lại hiệu quả tốt trong điều trị bệnh nhân UTBMBT giai đoạn IIIC, IV. **Từ khóa:** Hóa chất tiền phẫu, ung thư buồng trứng

SUMMARY

THE RESULTS OF SURGICAL COMBINED PREOPERATIVE CHEMOTHERAPY AND POSTOPERATIVE CHEMOTHERAPY IN STAGE IIIC-IV OVARIAN CANCER AT K HOSPITAL
Materials and methods: Prospective combined

¹Bệnh viện K

²Bệnh viện Ung Bướu Thanh Hóa

Chịu trách nhiệm chính: Đặng Tiến Giang

Email: bsdtgiang@gmail.com

Ngày nhận bài: 7.11.2023

Ngày phản biện khoa học: 15.12.2023

Ngày duyệt bài: 12.01.2024