**TỈ LỆ NHIỄM VÀ PHÂN BỐ GENOTYPE CỦA HUMAN PAPILLOMAVIRUS**

**TRÊN BỆNH NHÂN UNG THƯ ÂM HỘ Ở PHÍA BẮC, VIỆT NAM**

**Nguyễn Hùng Cường\*, Nguyễn Bảo Trân\*,**

**Nguyễn Thị Minh Ngọc\*, Phạm Thị Tâm\*, Phạm Văn Hán\***

**TÓM TẮT[[1]](#footnote-1)**

Chúng tôi tiến hành một nghiên cứu mô tả cắt ngang tại bệnh viện K Trung ương nhằmxác định tỉ lệ nhiễm và phân bố genotype của *Human Pappiplomavirus* (HPV) trên bệnh nhân ung thư âm hộ ở phía Bắc, Việt Nam. Tổng số 184 mẫu bệnh phẩm ung thư âm hộ được thu thập và nghiên cứu. Nhiễm HPV được xác định bằng phản ứng PCR khuyếch đại vùng gen L1 với cặp mồi GP5+/GP6+ và các cặp mồi bổ sung GP5+M1,2,3/GP6+ M1,2,3. Genotype của HPV được xác định bằng kỹ thuật reverse dot blot và giải trình tự vùng gen L1. Các kết quả cho thấy: Tuổi trung bình của bệnh nhân ung thư âm hộ là 52,54 ± 11.88. Ung thư âm hộ có tỷ lệ cao nhất ở độ tuổi 30 - 69 với 79,9%. 89,1% mẫu mô ung thư âm hộ nhiễm HPV, chủ yếu là đa nhiễm (93,9%), đơn nhiễm chỉ chiếm 6,1%. Đa nhiễm của HPV 16 và HPV 18 chiếm tới 89,6%. Có 13 loại genotype HPV khác nhau được phát hiện gồm 9 loại genotype nguy cơ cao: HPV16, 18, 35, 39, 45, 51, 52, 58, 82 và 4 genotype nguy cơ thấp: 6, 11, 71 và 81. Các genotype có tần suất hiện diện cao nhất là HPV 16 (25,87%), 11 (24,37%), 18 (24,04%), 58 (11,27%), 45 (5,3%) và 6 (2,48%).

***Từ khoá:*** Human Papillomavirus, genotype, ung thư âm hộ

**SUMMARY**

**THE PREVALENCE AND GENOTYPE DISTRIBUTION OF HUMAN PAPILLOMAVIRUS AMONG VULVA**

**CANCER PATIENTS IN NORTHERN VIETNAM**

A cross-sectional descriptive study was conducted at the National Cancer Hospital to determine the prevalence and distribution of HPV genotypes in patients with vulva cancer in northern Vietnam. Total 184 samples of vulva cancer were collected and studied. HPV infection was determined by PCR amplification of L1 gene region with GP5+/GP6+ and GP5+M1,2,3/ GP6+M1,2,3 primers. HPV genotype was determined by reverse dot blot technique and sequencing of the L1 gene. The results showed that average age of patients with vulvar cancer was 52.54 ± 11.88. The highest rate of vulvar cancer was found at age of 30-69 with 79,9%. 89,1% of vulva cancer tissue infected with HPV, mainly multi-infections (93,9%), only 6,1% was single infection. Co-infection of HPV 16 and HPV 18 were accounted for 89,6%. There were 13 different genotypes detected including 9 high risk genotypes: 16, 18, 35, 39, 45, 51, 52, 58, 82 and 4 low-risk genotypes: 6, 11, 71 and 81. The highest frequency of the presence was found in HPV genotype 16 (25.87%), 11 (24.37%), 18 (24.04%), 58 (11.27%), 45 (5.3%) and 6 (2.48%).

***Keywords:*** Human papillomavirus, genotype, vulva cancer.

1. [↑](#footnote-ref-1)