

XÁC ĐỊNH ĐA HÌNH ĐƠN NUCLEOTIDE RS2596542 CỦA GEN MICA TRÊN BỆNH NHÂN U LYMPHO BẰNG KỸ THUẬT REALTIME PCR

Phạm Thị Ánh Tuyết¹, Vũ Đức Bình², Nguyễn Lan Phương²,
Nguyễn Thị Minh Nguyệt², Ngô Thị Thu Thủy³, Tạ Thành Đạt³,
Lê Văn Hưng³, Nguyễn Hoàng Việt^{3✉}

TÓM TẮT

Đặt vấn đề: Gen MICA mã hóa cho phân tử MICA đóng vai trò như các phối tử cho thụ thể NKG2D kích thích sinh miễn dịch. Sự biểu hiện của MICA có thể gây ra bởi cảm ứng "stress" ở các tế bào bị biến đổi ác tính hoặc nhiễm virus. Đã có các nghiên cứu chứng minh mối liên quan giữa SNP rs2596542 trên gen MICA với nguy cơ mắc ung thư vòm họng, ung thư biểu mô tế bào gan do virus viêm gan C và virus viêm gan B. Tuy nhiên chưa có nghiên cứu nào được thực hiện trên bệnh nhân u lympho. **Mục tiêu:** Nghiên cứu này nhằm mục đích xác định SNP rs2596542 trên gen MICA và nguy cơ mắc u lympho. Đối tượng và phương pháp: Nghiên cứu được thực hiện trên 100 bệnh nhân được chẩn đoán mắc u lympho và 100 người tình nguyện khỏe mạnh. Alen của SNP rs2596542 được xác định bằng kỹ thuật realtime PCR. **Kết quả:** Nghiên cứu đã xác định được tỷ lệ phân bố alen của SNP rs2596542C/T trên gen MICA ở bệnh nhân u lympho lần lượt là 29,5% T và 70,5% C; tỷ lệ phân bố kiểu gen là 53% CC; 35% CT và 12% TT. Nghiên cứu không tìm thấy sự khác biệt có ý nghĩa thống kê giữa tỉ lệ kiểu gen và alen của SNP rs2596542 ở 2 nhóm bệnh và nhóm chứng.

Từ khóa: u lympho, gen MICA, rs2596542

SUMMARY

IDENTIFICATION OF SINGLE NUCLEOTIDE POLYMORPHISM rs2596542 OF MICA GENE ON LYMPHOMA PATIENTS BY REALTIME PCR

Background: The MICA gene encodes for MICA molecule, acts as ligands for the immunogenic NKG2D receptor. The expression of MICA can be caused by inducing "stress" in cells that are malignantly transformed or infected with viruses. Several studies have investigated the relationship between SNP rs2596542 on MICA gene and the risk of nasopharyngeal cancer, hepatocellular carcinoma caused by hepatitis C virus and hepatitis B virus. However, no studies have been performed on patients with lymphoma. **Objectives:** Identification of SNP rs2596542 on MICA gene and the risk of lymphoma. **Materials and methods:** This study determined the allele frequency of SNP rs2596542C/T on MICA gene

in lymphoma patients was 29.5% T, 70.5% C, respectively; genotype distribution is 53% CC, 35% CT and 12% TT, respectively. However, no statistical significance was observed between genotype and allele frequency of SNP rs2596542 in the patient and control group.

Keywords: lymphoma, MICA gene, rs2596542

I. ĐẶT VẤN ĐỀ

U lympho là một nhóm bệnh lý ác tính của tổ chức lympho, được coi là dạng "u rắn" của hệ thống miễn dịch, khởi phát tại hạch hoặc ngoài hạch và là một trong số các loại u ác tính có tính đa dạng nhất. U lympho được Thomas Hodgkin mô tả từ năm 1832, cho đến nay là một trong những bệnh ung thư phổ biến ở Việt Nam và thế giới. Chỉ tính riêng u lympho không Hodgkin, độ phổ biến đứng thứ 13 trên toàn thế giới với 544.352 ca mắc mới và 259.793 ca tử vong trong năm 2020 theo GLOBOCAN [1].

Nguyên nhân chính xác gây ra bệnh u lympho cho đến nay chưa được làm rõ. Tuy nhiên, mất cân bằng điều hòa miễn dịch đóng vai trò chính trong sinh bệnh học u lympho. Một vài alen và đa hình đơn của gen MICA đã được chứng minh có liên quan đến nguy cơ mắc ung thư, cơ chế thoát miễn dịch của khối u, cũng như khả năng di truyền của một số loại ung thư. Nhiều nghiên cứu về tính đa hình của gen MICA đã được thực hiện để phát triển thành các phương pháp trị liệu bệnh đầy hứa hẹn. Với tần số xuất hiện cao, các alen và đa hình đơn mới của gen MICA được phát hiện hàng năm, điều này làm tăng thách thức cho nghiên cứu về di truyền học MICA cũng như tác động bệnh lý của nó [2]. Đa hình đơn rs2596542 của gen MICA ở vị trí -1878, nằm trên vùng gen khởi động (promoter) đầu 5' của gen MICA, tại nhiễm sắc thể số 6p21.33, bao gồm 2 alen C/T, được mô tả là có ảnh hưởng đến hoạt động phiên mã [3]. Một vài nghiên cứu đã chứng minh mối liên quan giữa SNP rs2596542 với nguy cơ mắc ung thư biểu mô tế bào gan gây ra bởi virus viêm gan B, virus viêm gan C và trong ung thư vòm họng được đặc trưng bởi virus EBV. Cho đến nay hầu hết các nghiên cứu đều chỉ ra alen T và kiểu gen TT làm tăng nguy cơ mắc ung thư, tuy nhiên chưa có một nghiên cứu nào về SNP rs2596542 trên đối

¹Bệnh viện đa khoa tỉnh Tuyên Quang

²Viện Huyết Học và Truyền Máu Trung Ương

³Khoa Kỹ thuật Y học, Trường Đại học Y Hà Nội

Chịu trách nhiệm chính: Nguyễn Hoàng Việt

Email: hoangviet@hmu.edu.vn

Ngày nhận bài: 23.6.2022

Ngày phản biện khoa học: 1.8.2022

Ngày duyệt bài: 12.8.2022

tương bệnh nhân u lympho. Vì vậy chúng tôi thực hiện đề tài này với mục đích xác định tỷ lệ SNP rs2596542 của gen MICA trên bệnh nhân u lympho và so sánh tỷ lệ SNP này giữa nhóm bệnh nhân u lympho với nhóm chứng. Kết quả nghiên cứu sẽ góp phần đánh giá nguy cơ gây bệnh u lympho bởi khả năng kết hợp giữa SNP rs2596542 với sự lây nhiễm của các chủng virus chẳng hạn như EBV, HIV, HTLV.

II. ĐỐI TƯỢNG VÀ PHƯƠNG PHÁP NGHIÊN CỨU

1. Đối tượng

Nhóm chứng: 100 người khỏe mạnh bình thường, không mắc bệnh lý ác tính, không có tiền sử bệnh lý gì đặc biệt, tại bệnh viện Đại học Y Hà Nội từ 8/2020 đến tháng 10/2020.

Nhóm bệnh: 100 bệnh nhân được chẩn đoán và điều trị u lympho tại khoa bệnh máu tổng hợp H5, viện Huyết Học & Truyền Máu Trung Ương từ 6/2019 đến 6/2020.

2. Phương pháp. Mẫu máu ngoại vi của nhóm bệnh và nhóm chứng thu thập 2mL trong ống chống đông EDTA. Thông tin bệnh nhân khai thác trên hồ sơ bệnh án. Nghiên cứu được tiến hành tại Trung tâm nghiên cứu Gen – Protein, Trường Đại học Y Hà Nội.

Tách chiết DNA: DNA tổng số được tách chiết từ máu toàn phần bằng kit QIAamp DNA Blood (QIAGEN). Nồng độ và độ tinh sạch của DNA được xác định bằng phương pháp đo mật độ quang và điện di DNA tổng số.

III. KẾT QUẢ NGHIÊN CỨU

1. Đặc điểm chung của nhóm nghiên cứu

Bảng 0.1: Đặc điểm chung của đối tượng tham gia nghiên cứu

Đặc điểm		Nhóm bệnh (n=100)	Nhóm chứng (n=100)	p
Tuổi	< 40	17 (17%)	29 (29%)	0,12
	40 - 65	63 (63%)	52 (52%)	
	> 65	20 (20%)	19 (19%)	
	Tuổi trung bình	54,01 ± 14,0	51,46 ± 14,28	0,24
Giới	Nam	62 (62%)	69 (69%)	0,37
	Nữ	38 (38%)	31 (31%)	

Ở nghiên cứu này, độ tuổi trung bình được ghi nhận giữa nhóm bệnh và nhóm chứng lần lượt là 54,01 ± 14,0 và 51,46 ± 14,28. Độ tuổi trung bình và sự phân bố nhóm tuổi giữa nhóm bệnh và nhóm chứng không có sự khác biệt về ý nghĩa thống kê ($p > 0,05$). Phân bố về giới tính của 2 nhóm lần lượt là 62% nam giới và 38% nữ giới trong nhóm bệnh lý u lympho, so với 69% nam giới và 31% nữ giới ở nhóm chứng ($p > 0,05$) (Bảng 3.1).

Bảng 0.2: Đặc điểm phân loại mô bệnh học của nhóm bệnh

Thể bệnh theo phân loại		
U lympho không Hodgkin		91 (91%)
U lympho Hodgkin		9 (9%)
Mức độ ác tính của U lympho không Hodgkin theo WF		
Độ trung bình - cao		73 (80,2%)
Độ thấp		18 (19,8%)

Quy trình kỹ thuật Realtime PCR xác định alen: Cặp mồi và probe đặc hiệu sử dụng trong nghiên cứu (Catalog: 4351379, ThermoScientific):
[VIC/FAM]–5’–

TTTTAATGACAACATAGAATTTTAT[C/T]GTGTAG
CTGTTCTTT GGGAGACGAT –3’

Thành phần phản ứng realtime PCR gồm: 5 μ L TaqMan genotyping master mix 2X; 4,5 μ L DNA khuôn (2-20 ng/ μ L) và 0,5 μ L mồi probe (20X). Chu trình nhiệt phản ứng PCR: 60°C/30 giây, 95°C/10 phút, [95°C/15 giây, 60°C/1 phút, 60°C/30 giây] x 40 chu kỳ.

3. Xử lý số liệu. Kết quả được phân tích bằng phần mềm thống kê R. Kiểm định Student's T-test với giả thiết phân phối của biến tuân theo luật phân phối chuẩn (hoặc kiểm định Wilcoxon – không tùy thuộc vào giả định phân phối chuẩn) để so sánh tuổi của các nhóm. Kiểm định χ^2 (hoặc Fisher's exact test) để so sánh tỷ lệ giới, kiểu gen, kiểu alen của nhóm bệnh và nhóm chứng. Giá trị $p < 0,05$ hoặc khoảng tin cậy 95% của OR không bao gồm 1 được xác định là mức khác biệt có ý nghĩa thống kê.

4. Đạo đức nghiên cứu. Nghiên cứu này đã được chấp thuận bởi Hội đồng Đạo đức trong nghiên cứu Y sinh học của Trường Đại học Y Hà Nội với mã số 26/HMUIRB. Bệnh nhân hoàn toàn tự nguyện tham gia nghiên cứu. Các thông tin cá nhân được bảo mật.

Trong 100 bệnh nhân u lympho tham gia nghiên cứu, tỷ lệ u lympho không Hodgkin chiếm tỷ lệ nhiều nhất với 91%, u lympho Hodgkin chiếm 9%. Bên cạnh đó, 80,2% bệnh nhân u lympho không Hodgkin có mức độ ác tính theo WF (Working Formulation) ở mức trung bình-cao, chỉ 19,8% ở mức độ thấp. (Bảng3.2)

2. So sánh tỷ lệ SNP rs2596542 giữa nhóm bệnh nhân u lympho với nhóm chứng

Bảng 0.3: Tỷ suất chênh OR kiểu gen và kiểu alen của SNP rs2596542 giữa nhóm bệnh và nhóm chứng

rs2596542		Nhóm bệnh (n= 100)	Nhóm chứng (n= 100)	OR (95% CI)
Kiểu alen				
C		141 (70,5%)	140 (70,0%)	1,02 (0,67 - 1,57)
T		59 (29,5%)	60 (30%)	0,98 (0,64 - 1,50)
Kiểu gen				
CC với TT	CC	53 (81,5%)	46 (88,46%)	0,58 (0,20 - 1,66)
	TT	12 (18,5%)	6 (11,54%)	
CT với TT	CT	35 (74,5%)	48 (88,89%)	0,36 (0,12 - 1,11)
	TT	12 (25,5%)	6 (11,11%)	
CT với CC	CT	35 (39,77%)	48 (51,06%)	0,63 (0,35 - 1,14)
	CC	53 (60,23%)	46 (48,94%)	
CC với (CT+TT)	CC	53 (53%)	46 (46%)	1,32 (0,76 - 2,31)
	CT+TT	47 (47%)	54 (54%)	
TT với (CC+CT)	TT	12 (12%)	6 (6%)	2,14 (0,77 - 5,94)
	CC+CT	88 (88%)	94 (94%)	

Tỷ lệ phân bố kiểu gen đồng hợp CC và TT tại rs2596542 trong nhóm bệnh là 81,5% và 18,5% so với 88,46% và 11,54% ở nhóm chứng. Tuy nhiên sự khác biệt này không có ý nghĩa thống kê ($p>0,05$). Tỷ lệ phân bố kiểu gen dị hợp CT và TT tại rs2596542 trong nhóm bệnh là 74,5% và 25,5% so với nhóm chứng là 88,89% và 11,11%. Tuy nhiên, sự khác biệt này không có ý nghĩa thống kê ($p>0,05$). Tỷ lệ phân bố kiểu gen dị hợp CT và CC tại rs2596542 trong nhóm bệnh là 39,77% và 60,23% so với nhóm chứng là

51,06% và 48,94%. Tuy nhiên sự khác biệt này không có ý nghĩa thống kê ($p>0,05$).

Phân tích nguy cơ mắc u lympho của các kiểu alen, kiểu gen tại rs2596542 nhận thấy đối với mô hình so sánh đồng hợp (CC với TT), mô hình so sánh dị hợp (CT với TT), mô hình di truyền trội (CC + CT và nhóm TT) và mô hình di truyền lặn (CT + TT và CC) đều cho kết quả không có sự khác biệt nào có ý nghĩa thống kê giữa nhóm bệnh và nhóm chứng (với khoảng tin cậy 95% của OR chứa 1).

Bảng 0.4: Môi liên quan của SNP rs2596542 giữa nhóm u lympho không Hodgkin và nhóm chứng

rs2596542		Nhóm NHL (n= 91)	Nhóm chứng (n= 100)	p	OR (95% CI)
Kiểu alen					
C		131 (71,98%)	140 (70,0%)	0,67	1,10 (0,71 - 1,71)
T		51 (28,02%)	60 (30%)		
Kiểu gen					
CC		50 (54,95%)	46 (46,0%)	0,11	-
CT		31 (34,07%)	48 (48,0%)		
TT		10 (10,98%)	6 (6,0%)		
CC với TT	CC	50 (83,3%)	46 (88,5%)	0,65 (0,22 - 1,94)	
	TT	10 (16,7%)	6 (11,5%)		
CT với TT	CT	31 (75,6%)	48 (88,89%)	0,39 (0,13 - 1,17)	
	TT	10 (24,4%)	6 (11,11%)		
CC với (CT+TT)	CC	50 (54,95%)	46 (46%)	1,43 (0,81 - 2,53)	
	CT+TT	41 (45,05%)	54 (54%)		
TT với (CC+CT)	TT	10 (10,99%)	6 (6%)	1,93 (0,67 - 5,55)	
	CC+CT	81 (89,01%)	94 (94%)		

Tỷ lệ phân bố alen T và C của gen MICA tại rs2596542 trên nhóm bệnh nhân u lympho không Hodgkin lần lượt là 28,02% T và 71,98% C. Tỷ lệ phân bố alen T và C trên nhóm đối chứng lần lượt là 30% và 70%. Kết quả này chỉ ra không có sự khác biệt có ý nghĩa thống kê giữa 2 nhóm nghiên cứu ($p > 0,05$). Tỷ lệ phân bố kiểu gen của gen MICA tại rs2596542 trên nhóm bệnh nhân u lympho không Hodgkin lần lượt là 54,95% CC; 34,07% CT và 10,98% TT; trên nhóm chứng lần lượt là: 46% CC; 48% CT và 6% TT. Kết quả này cho thấy không có sự khác biệt có ý nghĩa thống kê giữa hai nhóm bệnh và chứng ($p > 0,05$).

Phân tích nguy cơ mắc u lympho không Hodgkin của các kiểu alen, kiểu gen tại rs2596542 nhận thấy đối với mô hình so sánh đồng hợp (CC với TT), mô hình so sánh dị hợp (CT với TT), mô hình di truyền trội (CC + CT và nhóm TT) và mô hình di truyền lặn (CT + TT và CC) đều cho kết quả không có sự khác biệt nào có ý nghĩa thống kê giữa nhóm bệnh và nhóm chứng (với khoảng tin cậy 95% của OR chứa 1).

IV. BÀN LUẬN

Các nghiên cứu về biến thể của gen MICA đã có nhiều phát hiện về mối liên quan với nhiều bệnh lý ung thư như ung thư cổ tử cung, ung thư biểu mô tế bào gan, ung thư biểu mô tế bào vảy ở miệng, ung thư vú, ung thư biểu mô vòm họng, ung thư đại trực tràng, ung thư da, bệnh bạch cầu (leukemia) [4]. Mặc dù cơ chế phân tử mà các SNP trong vùng MICA có liên quan đến sự phát triển ung thư vẫn chưa được biết rõ, tuy nhiên, chúng được cho là có ảnh hưởng đến khả năng miễn dịch chống khối u.

Các nghiên cứu liên kết trên toàn bộ hệ gen (GWAS: Genome-wide association studies) phát hiện được rất nhiều đa hình đơn liên quan đến nguy cơ mắc các thể của u lympho, gần 80% trong số đa hình đơn đó nằm trên nhiễm sắc thể số 6, nhưng chưa phát hiện được đa hình đơn nào trên gen MICA liên quan đến bệnh lý u lympho (theo tra cứu trong danh mục GRASP của NCBI, phiên bản 3.5.0.0). Hiện nay, các array thương mại được sử dụng trong GWA được thiết kế dựa trên HapMap chỉ chứa ~ 30% SNP phổ biến có trong bộ gen. Vì thế, các biến thể có tác động trung bình có thể bị bỏ sót do phạm vi bao phủ của array SNP và ngưỡng xác nhận có ý nghĩa thống kê nghiêm ngặt của GWAS. Khi có bằng chứng cho thấy một biến thể trong một gen nhất định liên quan đến nguy cơ mắc một số bệnh ung thư, xác suất mà các biến thể chức năng khác trong cùng gen đó cũng thay đổi nguy cơ mắc

ung thư gia tăng rõ rệt. Do đó, giải trình tự sâu trong gen MICA và vùng gen lân cận là cần thiết để có thể phát hiện ra các biến thể hiếm gặp trong MICA ảnh hưởng đến nguy cơ mắc ung thư. Đối với nghiên cứu này, đây là nghiên cứu đầu tiên tại Việt Nam cũng như trên thế giới khảo sát mối liên quan của một biến thể là đa hình đơn nằm trên gen MICA với bệnh lý u lympho.

Đa hình đơn rs2596542 của gen MICA đã được nghiên cứu 10 năm trở lại đây, lần đầu tiên được phát hiện trong một nghiên cứu GWAS của Kumar và cộng sự là có liên hệ với nguy cơ mắc ung thư biểu mô tế bào gan virus viêm gan C trên quần thể người Nhật Bản. Sau đó, nhiều nghiên cứu khác cũng chỉ ra mối liên quan giữa đa hình đơn này với nguy cơ mắc ung thư biểu mô tế bào gan do virus viêm gan B và ung thư vòm họng [5-8]. Tuy nhiên trong nghiên cứu này, kết quả phân tích cho thấy chưa phát hiện được mối liên quan giữa đa hình đơn rs2596542 của gen MICA với nguy cơ mắc u lympho.

Kết quả nghiên cứu không loại trừ khả năng khi đa hình đơn này khi kết hợp với các yếu tố nguy cơ khác đối với bệnh lý u lympho như tác nhân nhiễm trùng đã được chỉ ra trước đây (virus EBV, HIV, HTLV...), hay biến đổi di truyền khác, có thể cộng hưởng làm tăng nguy cơ mắc bệnh. Cần có những hướng nghiên cứu tiếp theo trong tương lai làm rõ thêm giả thuyết này.

V. KẾT LUẬN

Nghiên cứu đã xác định được tỷ lệ phân bố alen của SNP rs2596542C/T trên gen MICA trên bệnh nhân u lympho lần lượt là 29,5% T và 70,5% C; tỷ lệ phân bố kiểu gen là 53% CC; 35% CT và 12% TT. So sánh với tỷ lệ phân bố kiểu gen và alen của SNP này giữa nhóm bệnh u lympho và nhóm đối chứng, nghiên cứu không tìm thấy sự khác biệt có ý nghĩa thống kê giữa 2 nhóm.

Lời cảm ơn. Nghiên cứu này được tài trợ bởi quỹ NAFOSTED trong đề tài mã số 108.02-2018.312. Nhóm nghiên cứu trân trọng cảm ơn Viện Huyết Học và Truyền Máu Trung Ương đã giúp đỡ trong quá trình thực hiện nghiên cứu này.

TÀI LIỆU THAM KHẢO

1. **Sung H, Ferlay J, Siegel RL, Laversanne M, Soerjomataram I, Jemal A, et al (2021).** Global Cancer Statistics 2020: GLOBOCAN Estimates of Incidence and Mortality Worldwide for 36 Cancers in 185 Countries. *CA Cancer J Clin*, 71(3):209-49.
2. **Yang X, Kuang S, Wang L, Wei Y (2018).** MHC class I chain-related A: Polymorphism, regulation and therapeutic value in cancer. *Biomed Pharmacother*, 103:111-7.
3. **Lo PHY, Urabe Y, Kumar V, Tanikawa C, Koike K, Kato N, et al (2013).** Identification of a

- functional variant in the MICA promoter which regulates MICA expression and increases HCV-related hepatocellular carcinoma risk. *PLoS One*, 8(4):e61279.
4. **Chen D, Gyllensten U (2014).** MICA polymorphism: biology and importance in cancer. *Carcinogenesis*, 35(12):2633–42.
 5. **Kumar V, Kato N, Urabe Y, Takahashi A, Muroyama R, Hosono N, et al (2011).** Genome-wide association study identifies a susceptibility locus for HCV-induced hepatocellular carcinoma. *Nat Genet*, 43(5):455–8.
 6. **Luo X, Wang Y, Shen A, Deng H, Ye M (2019).** Relationship between the rs2596542 polymorphism in the MICA gene promoter and HBV/HCV infection-induced hepatocellular carcinoma: a meta-analysis. *BMC Med Genet*, 20(1):142.
 7. **Tong HV, Toan NL, Song LH, Bock C-T, Kreamsner PG, Velavan TP (2013).** Hepatitis B virus-induced hepatocellular carcinoma: functional roles of MICA variants. *J Viral Hepat*, 20(10):687–98.
 8. **Thoa Nguyen Phuong VNH (2021).** Nghiên cứu xác định đa hình đơn Nucleotide RS2596542 của gen mica ở bệnh nhân ung thư vòm họng. *Tạp chí Khoa học Nghiên cứu Sức khỏe và Phát triển*, Tập 5, số 3, tr. 110-114

NHẬN XÉT ĐẶC ĐIỂM LÂM SÀNG, CẬN LÂM SÀNG CỦA BỆNH NHÂN CHỮA NGOÀI TỬ CUNG ĐIỀU TRỊ TẠI BỆNH VIỆN QUÂN Y 103 TỪ THÁNG 6/2020 ĐẾN THÁNG 5/2022

Đào Nguyên Hùng¹, Nguyễn Hà Việt Hưng², Hoàng Văn Sơn¹

TÓM TẮT

Mục tiêu: Nhận xét đặc điểm lâm sàng, cận lâm sàng của bệnh nhân chữa ngoài tử cung điều trị tại Bệnh viện Quân y 103 từ tháng 6/2020 - 5/2022. **Đối tượng và phương pháp:** Nghiên cứu hồi cứu kết hợp tiền cứu, phân tích mô tả trên 111 bệnh nhân CNTC điều trị tại Bệnh viện Quân Y 103 từ 6/2020-5/2022. Có 3 phương pháp điều trị được áp dụng: phẫu thuật mở bụng (PTMB), phẫu thuật nội soi (PTNS) và điều trị nội khoa bằng methotrexat (MTX). **Kết quả:** Tuổi trung bình $32,68 \pm 5,55$ tuổi; nghề nghiệp tự do chiếm 45%. Bệnh nhân có 2 con chiếm 54,95%. 45,05% bệnh nhân có tiền sử nạo phá thai, 26,23% bệnh nhân có tiền sử mổ cũ ổ bụng. Đau bụng vùng hạ vị chiếm 95,5%, ra máu âm đạo chiếm 67,57%, chậm kinh chiếm 56,76%. Khám lâm sàng khối nề ở phần phụ đau chiếm 87,39%, túi cùng Douglas đau chiếm 73,87%, có phản ứng cơ thành bụng chiếm 67,57%, tử cung to hơn bình thường chiếm 38,74%, gõ đục vùng thấp chiếm 37,84%. Triệu chứng sốc mất máu chiếm 3,6%. 41,38% bệnh nhân có nồng độ β hCG từ 1000-3000 mUI/ml; 27,59% bệnh nhân có nồng độ β hCG từ 3000-5000 mUI/ml, nồng độ β hCG dưới 1000 mUI/ml có 24,14%, nồng độ β hCG từ 5000 trở lên chiếm 6,9%. 100% bệnh nhân điều trị bằng MTX có nồng độ β hCG dưới 5000 mUI/ml. Có 55,86% bệnh nhân siêu âm có túi thai ngoài tử cung điển hình, hình ảnh siêu âm khối cạnh tử cung chiếm tỉ lệ 44,14%. Kích thước khối CNTC dưới 3cm chiếm tỉ lệ 79,28%, kích thước túi thai ≥ 3 cm chiếm 20,72%.

Từ khóa: Chửa ngoài tử cung, β hCG...

¹Bệnh viện Quân y 103,

²Bệnh viện Phụ Sản Hà Nội

Chịu trách nhiệm chính: Đào Nguyên Hùng

Email: bshung103@gmail.com

Ngày nhận bài: 22.6.2022

Ngày phản biện khoa học: 28.7.2022

Ngày duyệt bài: 11.8.2022

SUMMARY

COMMENT ON CLINICAL AND SUBCLINICAL CHARACTERISTICS OF PATIENTS WITH ECTOPIC PREGNANCY TREATED AT MILITARY HOSPITAL 103 FROM JUNE 2020 TO MAY 2022

Objectives: Comment on clinical and subclinical characteristics of patients with ectopic pregnancy treated at Military Hospital 103 from June 2020 to May 2022. **Methods:** Retrospective study, prospective, descriptive analysis on 111 patients with ectopic pregnancy, hospitalized at Military Hospital 103 from June 01, 2020 to May 31, 2022. During the study period, 3 methods were applied to treat ectopic pregnancy: laparotomy, laparoscopic surgery and medical treatment with methotrexate. **Results:** The mean age of ectopic pregnancy is 32.68 ± 5.55 . Patients with 2 children accounted for the rate of 54.95%. 45.05% of patients have a history of abortion, 26.23% of patients have a history of abdominal surgery. The most common symptom of abdominal pain accounted for 95.5%, vaginal bleeding accounted for 67.57%, delayed menstruation accounted for 56.76%. The most common physical symptoms were painful swelling in the appendages 87.39%, with full pain 73.87%, peritoneal reaction/abdominal wall reaction accounted for 67.57%, and the uterus was larger than normal. accounted for 38.74%, perforated low areas accounted for 37.84%. Shock symptoms only accounted for 3.6%. Patients with β hCG concentration from 1000-3000mUI/ml accounted for the highest proportion (41.38%), β hCG concentration from 3000-5000mUI/ml accounted for 27.59%, β hCG concentration below 1000mUI/ml accounted for 27.59%. 24.14%, patients with β hCG levels from 5000 or more accounted for 6.9%. 100% of patients treated with MTX had β hCG levels below 5000mUI/ml. The typical ultrasound image of the ectopic amniotic sac