

7. Rao J. J. et al. (2005), "Classification of nasal septal deviations-Relation to sinonasal pathology", Indian J Otolaryngol Head Neck Surg. 57 (3), pp. 199-201.
8. Sam A. et al. (2012), "Nasal septal deviation and external nasal deformity: a correlative study of 100 cases", Indian Journal of Otolaryngology and Head & Neck Surgery. 64 (4), pp. 312-318.
9. Subarić M. et al. (2002), "Nasal septum deformities in children and adolescents: a cross sectional study of children from Zagreb, Croatia", International journal of pediatric otorhinolaryngology. 63 (1), pp. 41-48.
10. Takahashi R. (1971), "Malformations of the nasal septum", A collection of ear, nose and throat studies. Kyoya Co. Ltd, Tokyo, pp. 1-87.
11. Wee J. H. et al. (2012), "Classification and prevalence of nasal septal deformity in Koreans according to two classification systems", Acta otolaryngologica. 132 (sup1), pp. S52-S57.

KHẢO SÁT TÁI SẮP XẾP GENE IGH TRÊN BỆNH NHÂN ĐA U TỬY TẠI BỆNH VIỆN TRUYỀN MÁU HUYẾT HỌC BẰNG KỸ THUẬT PCR

Nguyễn Vũ Hải Sơn¹, Lai Kim Phương², Cao Sỹ Luân³, Phan Thị Xinh^{1,3}

TÓM TẮT

Mục tiêu: Khảo sát các kiểu tái sắp xếp (TSX) gen IgH hiện mạnh trên bệnh nhân đa u tủy ở Việt Nam bằng kỹ thuật PCR. **Đối tượng:** Nghiên cứu được tiến hành trên 43 bệnh nhân đa u tủy được chẩn đoán tại Bệnh viện Truyền máu Huyết học thành phố Hồ Chí Minh trong khoảng thời gian từ tháng 6/2019 đến tháng 6/2021. **Phương pháp nghiên cứu:** Mô tả hàng loạt ca, sử dụng kỹ thuật Multiplex PCR để khảo sát các kiểu tái sắp xếp gen IgH. **Kết quả:** Tỷ lệ bệnh nhân có biểu hiện mạnh các kiểu TSX gen IgH nếu sử dụng các môi được thiết kế ở vùng gen Vh (FR1) là 74,4%, nếu khảo sát thêm vùng gen Vh (FR2) thì tăng lên 95,3% và nếu khảo sát cả 3 vùng gen Vh (FR1/2/3) thì lên tới 97,7%. **Kết luận:** Việc khảo sát cả 3 vùng gen Vh (FR1/2/3) có thể giúp xác định các kiểu TSX gen IgH biểu hiện mạnh trên hầu hết bệnh nhân đa u tủy.

Từ khóa: TSX gen IgH, đa u tủy, vùng gen Vh (FR).

SUMMARY

DETECTION OF IGH GENE REARRANGEMENTS IN MULTIPLE MYELOMA PATIENTS AT BLOOD TRANSFUSION HEMATOLOGY HOSPITAL

Objectives: Detection of IgH gene rearrangements in Vietnamese multiple myeloma patients using PCR technique. **Subjects and methods:** A prospective study was conducted on 43 patients with newly diagnosis of multiple myeloma at Blood Transfusion Hematology Hospital from June 2019 to June 2021. We detected IgH gene rearrangements using Multiplex PCR technique.

¹Đại học Y Dược TP.HCM.

²Đại học Khoa học Tự nhiên TP.HCM.

³Bệnh viện Truyền máu - Huyết học.

Chịu trách nhiệm chính: Phan Thị Xinh

Email: phanthixinh73@gmail.com

Ngày nhận bài: 7.6.2021

Ngày phản biện khoa học: 4.8.2021

Ngày duyệt bài: 13.8.2021

Results: The frequency of IgH gene rearrangements were detected in 74.4% of patients using Vh (FR1) primers, the rate of detection were consecutively 95.3% and 97.7% when we combine Vh (FR1/2) primers and Vh (FR1/2/3) primers. **Conclusions:** By combining three primers set were designed for three FR regions, we could detect the IgH gene rearrangements in the majority of myeloma patients.

Keyword: IgH gene rearrangement, multiple myeloma, FR region

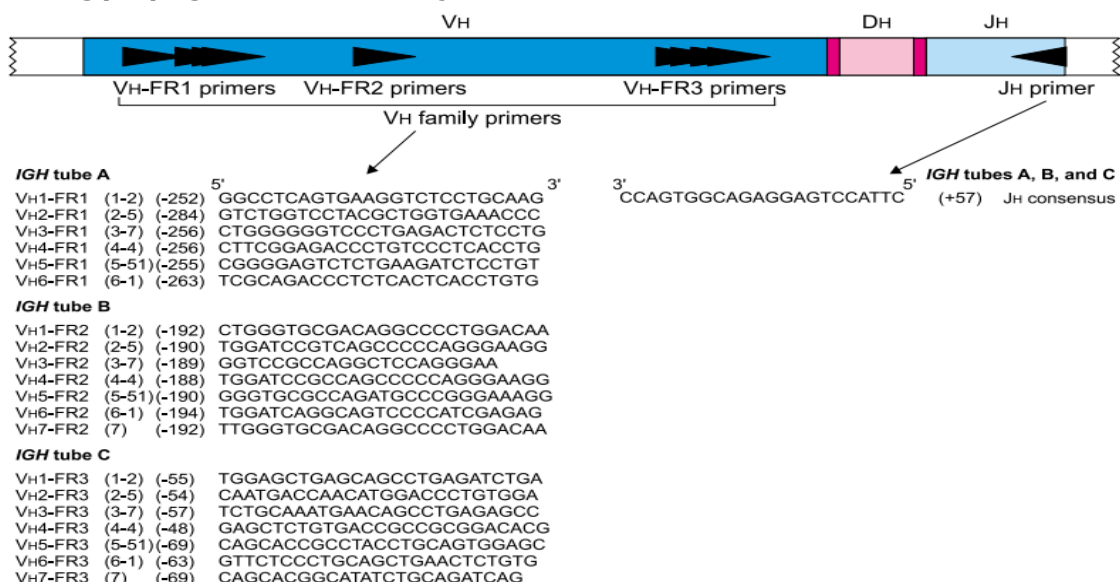
I. ĐẶT VẤN ĐỀ

Đa u tủy là một loại ung thư hệ tạo máu thường gặp ở người lớn tuổi. Hiện tại đây vẫn xem là một bệnh chưa thể chữa khỏi, 40% bệnh nhân sẽ tái phát sau khi đạt lui bệnh hoàn toàn, 20% sẽ tử vong trong vòng 4 năm [8]. Nhiều loại thuốc mới được ra đời với nhiều cơ chế tác động khác nhau, nhiều phác đồ mới được thiết kế giúp cải thiện thời gian sống (OS) và thời gian sống không tiến triển bệnh (PFS). Tuy nhiên, vẫn không tránh khỏi kết cục cuối cùng là bệnh tái phát, kể cả ở những bệnh nhân đạt được mức độ lui bệnh rất tốt sau điều trị. Điều này cho thấy rằng những phương pháp điều trị hiện tại không thể loại trừ hoàn toàn các tế bào ác tính mà chỉ làm giảm số lượng các tế bào ác tính xuống còn rất thấp và không thể phát hiện được bằng các xét nghiệm thông thường. Chính vì vậy, đòi hỏi cần phải có những kỹ thuật chuyên sâu với độ nhạy cao hơn để có thể phát hiện được số lượng tế bào ác tính ở mức rất thấp [4,6,9]. Hiện nay, ngày càng có nhiều kỹ thuật được phát minh ra nhằm mục đích phát hiện một lượng rất nhỏ các tế bào ác tính còn tồn lưu (Minimal residual disease – MRD). Một số kỹ thuật như kỹ thuật tế bào dòng chảy (multiparameter flow cytometry - MFC) được chuẩn hóa bởi EuroFlow, PCR chuyên biệt trình tự (allele- specific

oligonucleotide polymerase chain reaction - ASO-PCR) được chuẩn hóa bởi EuroMRD [4,9]. Hiện tại, ở Việt Nam, các bệnh nhân đa u tủy sau điều trị chủ yếu được theo dõi MRD bằng kỹ thuật MFC. Việc chỉ áp dụng MFC để theo dõi MRD trong đa u tủy có những hạn chế là chỉ theo dõi được ở những bệnh nhân có ghi nhận được kiểu hình miễn dịch đặc trưng cho tương bào ác tính lúc chẩn đoán, tuy nhiên, tương bào ác tính có thể thay đổi kiểu hình miễn dịch sau điều trị làm mất dấu ấn miễn dịch để theo dõi MRD. Thêm vào đó, tương bào chết rất nhanh sau khi lấy ra khỏi cơ thể làm ảnh hưởng đến chất lượng mẫu khi phân tích bằng MFC. Kỹ thuật ASO-PCR dựa trên các kiểu tái sắp xếp (TSX) của các gen Ig là một kỹ thuật đã được ứng dụng tại nhiều nơi trên thế giới để đánh giá MRD sau điều trị trên các bệnh lý ác tính dòng lympho [5]. Ở Việt Nam, đã có một số nghiên cứu ứng dụng PCR các kiểu TSX gen Ig/TCR trên bệnh nhân bạch cầu cấp dòng lympho [1,2]. Tuy nhiên, hiện tại vẫn chưa có nghiên cứu nào ở Việt Nam khảo sát các kiểu TSX gen Ig trên bệnh nhân đa u tủy cũng như ứng dụng kỹ thuật ASO-PCR để đánh giá lui bệnh trong bệnh nhân đa u tủy. Vì thế, chúng tôi đã tiến hành khảo sát các kiểu TSX gen Ig, khởi đầu bằng gen IgH, trên người Việt Nam được chẩn đoán đa u tủy. Đây là tiền đề quan trọng để có thể ứng dụng kỹ thuật ASO-PCR vào đánh giá MRD để cải thiện việc theo dõi điều trị bệnh nhân đa u tủy tại Việt Nam.

II. ĐỐI TƯỢNG VÀ PHƯƠNG PHÁP NGHIÊN CỨU

Phương pháp nghiên cứu: Mô tả hàng loạt ca.



Hình 1: Vị trí và trình tự của các đoạn mỗi Vh (FR1/2/3) và Jh trên gen Igh

Đối tượng nghiên cứu: Những bệnh nhân mới được chẩn đoán đa u tủy tại bệnh viện Truyền máu Huyết học Thành phố Hồ Chí Minh dựa vào sự hiện diện các đặc điểm chủ yếu của bệnh đa u tủy theo tiêu chuẩn của IMWG [Error! Reference source not found.] từ 06/2019 đến 06/2020.

Tiêu chuẩn nhận bệnh: tất cả những bệnh nhân được chẩn đoán xác định đa u tủy theo tiêu chuẩn của IMWG [Error! Reference source not found.] và đồng ý điều trị đặc hiệu tại Bệnh viện Truyền máu Huyết học.

Tiêu chuẩn loại trừ: các bệnh nhân tái phát, kháng trị, những bệnh nhân có bệnh lí ung thư khác kèm theo hoặc bệnh nhân đã từng hóa trị liệu trước đó.

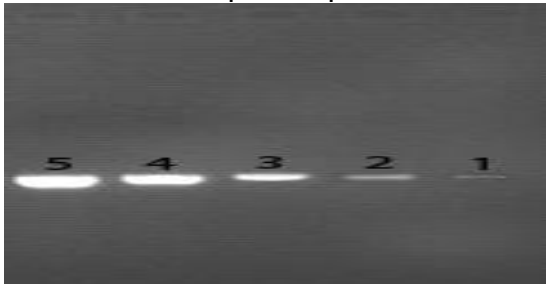
Quy trình thu thập mẫu và thực hiện xét nghiệm:

Những bệnh nhân được chẩn đoán sơ bộ là Đa u tủy sẽ được chọc hút dịch tủy xương để làm bilan chẩn đoán xác định bệnh và phân chia giai đoạn. Mẫu dịch tủy xương, thể tích 2ml, được bảo quản trong chất chống đông EDTA và chuyển đến phòng thí nghiệm. Mẫu tủy sau đó được ly trích DNA bằng bộ kit ReliaPrep™ Blood gDNA Miniprep System (Promega, Mỹ) theo hướng dẫn của nhà sản xuất, đo độ tinh sạch và nồng độ DNA bằng máy quang phổ, sau đó pha loãng để thu được nồng độ 50 ng/uL.

Mẫu DNA sau khi được pha loãng đạt nồng độ thích hợp sẽ được thực hiện phản ứng Multiplex PCR sử dụng 3 tổ hợp mồi được thiết kế tại các vùng Vh (FR1/2/3) và vùng Jh (Hình 1).

Sản phẩm PCR được điện di trên gel agarose 1,5% để xác định có hay không kiểu TSX gen IgH đặc trưng cho bệnh nhân đa u tủy dựa trên kích thước của băng điện di. Sau khi xác định được sản phẩm PCR mục tiêu, chúng tôi tiến hành đánh giá mức độ biểu hiện dựa trên đậm độ của băng điện di theo thang điểm từ 0 đến 5 như sau (Hình 2):

- Điểm 0: không biểu hiện
- Điểm 1: biểu hiện yếu
- Điểm 2: biểu hiện bình thường
- Điểm 3: biểu hiện hơi mạnh
- Điểm 4: biểu hiện mạnh
- Điểm 5: biểu hiện rất mạnh



Hình 2: Minh họa thang điểm đánh giá mức độ biểu hiện của các kiểu TSX gen Ig dựa trên độ đậm băng điện di sản phẩm PCR trên gel agarose 1,5%.

Ghi nhận mức độ biểu hiện của các kiểu TSX gen IgH trên bệnh nhân và so sánh với mức độ biểu hiện tương ứng trên người bình thường. Chúng tôi tiến hành thực hiện phản ứng Multiplex PCR với các tổ hợp môi Vh-Jh theo thứ tự từ Vh(FR1) đến Vh(FR2) và cuối cùng là Vh(FR3), nếu ghi nhận có biểu hiện mạnh (4-5 điểm) thì dừng lại và ghi nhận lại kết quả, nếu ghi nhận không có biểu hiện mạnh (0-3 điểm), thực hiện phản ứng PCR với các tổ hợp môi còn lại.

III. KẾT QUẢ NGHIÊN CỨU

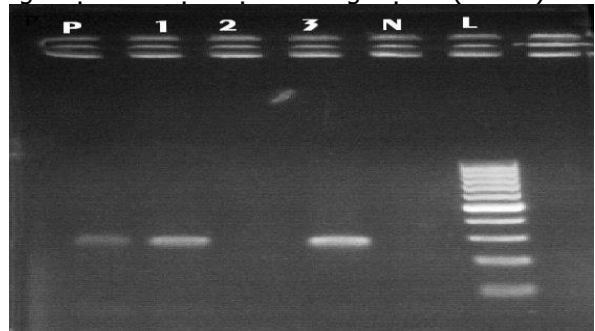
Chúng tôi đã thực hiện khảo sát các kiểu TSX gen IgH trên 43 bệnh nhân được chẩn đoán đa u tủy tại Bệnh viện Truyền máu Huyết học thành phố Hồ Chí Minh với đặc điểm bệnh nhân như sau (Bảng 1):

Bảng 6: Đặc điểm lâm sàng và cận lâm sàng của các bệnh nhân trong nghiên cứu.

Đặc điểm	Bệnh nhân (N = 43)
Tuổi lúc chẩn đoán (tuổi)	57.5 ± 9.3
Giới tính	Nam : nữ = 0.8 : 1
Thiếu máu (Hb < 10 g/dl)	32 ca(74.4%)
Tăng calci máu (cao hơn 0.25 mmol/L so với ngưỡng giới hạn trên)	3 ca(7%)

Suy thận (creatinine > 177 μ mol/L)	18 ca(41.9%)	
Tổn thương xương	43 ca(100%)	
Tỉ lệ tương bào trên tủy đồ(%)	47.9 ± 27.5	
Thể bệnh	IgG	23 ca(53.5%)
	IgA	7 ca(16.3%)
	Tiết chuỗi nhẹ đơn thuần	13 ca(30.2%)
Giai đoạn bệnh (theo RISS)	I	5 ca(11.6%)
	II	29 ca(67.4%)
	III	9 ca(20.9%)

Chúng tôi đã thực hiện phản ứng Multiplex PCR sử dụng các môi được thiết kế tại các vùng Vh (FR1/2/3) và vùng Jh trên mẫu DNA được ly trích từ tủy xương của bệnh nhân lúc chẩn đoán, sản phẩm PCR được điện di trên thạch agarose 1.5% và ghi nhận mức độ biểu hiện các kiểu TSX gen IgH dựa trên đậm độ của băng điện di (Hình 3).



Hình 3: Minh họa kết quả điện di sản phẩm PCR khảo sát vùng gen Vh(FR2).

(P (positive): chứng dương; N (negative): chứng âm; L (ladder): thang đo 100bp; 1,2,3: mẫu bệnh nhân)

Nhận xét: từ kết quả điện di sản phẩm PCR trên cho thấy bệnh nhân số 1 và 3 có biểu hiện mạnh (4 điểm) kiểu TSX gen IgH, bệnh nhân số 2 không biểu hiện kiểu TSX gen IgH đặc trưng.

Sau khi đã thực hiện phản ứng PCR, điện di sản phẩm PCR và ghi nhận mức độ biểu hiện các kiểu TSX gen IgH cho tất cả mẫu của 43 bệnh nhân, chúng tôi ghi nhận lại số ca có biểu hiện mạnh các kiểu TSX gen IgH như sau (Bảng 2):

Bảng 7: Tỷ lệ bệnh nhân có biểu hiện mạnh các kiểu TSX gen IgH.

Vùng gen Vh khảo sát	Số bệnh nhân biểu hiện mạnh kiểu TSX gen IgH (ca)	Tỉ lệ (%)
Vh (FR1)	32	74,4
Vh (FR1/2)	41	95,3
Vh (FR1/2/3)	42	97,7

Từ những kết quả trên cho thấy, nếu chỉ khảo sát vùng gen Vh (FR1) có thể phát hiện được các kiểu TSX gen IgH có biểu hiện mạnh ở 32 bệnh

nhân, chiếm tỉ lệ 74,4%. Nếu khảo sát thêm vùng gen Vh (FR2) thì tỉ lệ bệnh nhân có kiểu TSX gen IgH biểu hiện mạnh lên đến 95,3%. Còn nếu khảo sát cả 3 vùng gen Vh (FR1/2/3) thì tỉ lệ bệnh nhân có các kiểu TSX IgH biểu hiện mạnh lên tới 97,7%. Chỉ có 1 trong số 43 bệnh nhân (2,3%) là không phát hiện được kiểu TSX gen IgH có biểu hiện mạnh dù đã khảo sát cả 3 vùng gen Vh (FR1/2/3).

IV. BÀN LUẬN

Từ kết quả nghiên cứu, chúng tôi có thể xác định được các kiểu TSX gen IgH biểu hiện mạnh ở 74,4% bệnh nhân nếu chỉ khảo sát vùng gen Vh (FR1). Tỉ lệ này gần tương đương với báo cáo của Aubin và cộng sự (78% bệnh nhân bệnh lý ác tính dòng lympho B được khảo sát có biểu hiện mạnh khi sử dụng PCR với đoạn môi được thiết kế ở vùng gen FR1) [1]. Tuy nhiên, một báo cáo khác của tác giả Alejandro Medina khảo sát các kiểu TSX gen IgH trên 413 bệnh nhân đa u tủy sử dụng các môi được thiết kế ở vùng gen FR1 đã ghi nhận 390 bệnh nhân (94,4%) có biểu hiện mạnh đơn dòng, cao hơn có ý nghĩa thống kê so với ghi nhận cũng chúng tôi [7]. Sự chênh lệch này có thể do sự khác biệt về chủng tộc đã tạo ra những đặc điểm sinh học riêng của bệnh nhân đa u tủy ở từng nước, từng khu vực hay chủng tộc khác nhau.

Để tăng tỉ lệ phát hiện các kiểu TSX của gen IgH, chúng tôi khảo sát thêm các vùng gen Vh (FR2) và Vh (FR3). Kết quả, chúng tôi có thể xác định được các kiểu TSX gen IgH biểu hiện mạnh ở hầu hết các bệnh nhân đa u tủy được khảo sát, cụ thể tỉ lệ những bệnh nhân có kiểu TSX gen IgH biểu hiện mạnh được ghi nhận lần lượt là 95,3% và 97,7% nếu khảo sát hai vùng gen Vh (FR1/2) và cả ba vùng gen Vh (FR1/2/3). Theo kết quả nghiên cứu của Puig và cộng sự trên 170 bệnh nhân đa u tủy, có 130 bệnh nhân (76,5%) có biểu hiện mạnh đơn dòng các kiểu TSX gen IgH, thấp hơn có ý nghĩa thống kê so với khảo sát của chúng tôi [9]. Trong nghiên cứu của Puig, sự biểu hiện mạnh của các kiểu TSX gen IgH được xác nhận lại bằng kỹ thuật phân tích phân đoạn (fragment analysis) dựa trên kết quả điện di mao quản giúp xác định chính xác tính đơn dòng hơn so với điện di sản phẩm PCR trên thạch agarose. Đây có lẽ là một trong những lí do mà tỉ lệ biểu hiện mạnh các kiểu TSX gen IgH trong nghiên cứu của chúng tôi cao hơn so với nghiên cứu của Puig và cộng sự.

Đây là nghiên cứu bước đầu khảo sát các kiểu TSX gen Ig trên bệnh nhân đa u tủy Việt Nam,

cụ thể trong nghiên cứu này chúng tôi mới chỉ khảo sát các kiểu TSX gen IgH nên chưa xác định được các kiểu TSX gen Ig biểu hiện mạnh trên toàn bộ bệnh nhân. Vì vậy, trong các nghiên cứu tiếp theo chúng tôi sẽ tiến hành khảo sát thêm các kiểu TSX gen IgK và IgL để tăng tỷ lệ phát hiện các kiểu TSX gen Ig biểu hiện mạnh trên bệnh nhân đa u tủy. Ngoài ra, do trong nghiên cứu này chúng tôi xác định các kiểu TSX gen IgH biểu hiện mạnh dựa trên kết quả điện di sản phẩm PCR nên độ chính xác có thể chưa cao, chẳng hạn như trường hợp các kiểu TSX khác nhau nhưng kích thước sản phẩm PCR chỉ khác nhau một vài nucleotide thì sẽ không phân biệt được bằng phương pháp điện di trên gel agarose. Do đó, trong nghiên cứu tiếp theo chúng tôi sẽ sử dụng phương pháp phân tích phân đoạn để xác định chính xác tính đơn dòng của các kiểu TSX gen IgH biểu hiện mạnh. Kết quả của nghiên cứu này là tiền đề quan trọng cho những nghiên cứu sau, cụ thể khi đã xác định được kiểu TSX gen Ig biểu hiện mạnh thì chúng ta sẽ tiến hành giải trình tự sản phẩm PCR để xác định kiểu TSX gen và trình tự vùng nổi đặc trưng của bệnh nhân. Sau đó, sử dụng chúng để làm dấu ấn phân tử theo dõi điều trị cho bệnh nhân được chính xác và hiệu quả hơn.

V. KẾT LUẬN

Bằng sự kết hợp khảo sát cả 3 vùng gen Vh (FR1/2/3), chúng tôi có thể xác định được các kiểu TSX gen IgH biểu hiện mạnh trên hầu hết bệnh nhân đa u tủy. Tuy nhiên, để có thể xác định chính xác tính đơn dòng của các kiểu TSX gen IgH biểu hiện mạnh thì cần phải thực hiện thêm phân tích phân đoạn.

TÀI LIỆU THAM KHẢO

- 1. Cao Sỹ Luân, Phan Thị Xinh.** Khảo sát các kiểu TSX gen Ig/TCR thường gặp trên bệnh nhân BCCDL bằng kỹ thuật PCR. *Y học Việt Nam* 2012, 382-386.
- 2. Cao Văn Động, Nguyễn Thị Tuyết Nhung, Võ Thị Thanh Trúc, Huỳnh Nghĩa, Nguyễn Phương Liên, Phan Nguyễn Thanh Vân, Phù Chí Dũng, Nguyễn Tân Bình, Phan Thị Xinh.** Đánh giá bệnh tồn lưu tối thiểu trên bệnh bạch cầu cấp dòng lympho B ở trẻ em bằng kỹ thuật RQ-PCR các gen Ig/TCR. *Y học Việt Nam* 2020, 719-727.
- 3. Aubin J, Davi F, Nguyen-Salomon F, et al.** Description of a novel FR1 IgH PCR strategy and its comparison with three other strategies for the detection of clonality in B cell malignancies. *Leukemia*. 1995; 9(3):471-9.
- 4. Bai Y, Orfao A, Chim CS.** Molecular detection of minimal residual disease in multiple myeloma. *Br J Haematol*. 2018;181(1):11-26.

5. **González D, van der Burg M, García-Sanz R, et al.** Immunoglobulin gene rearrangements and the pathogenesis of multiple myeloma. *Blood*. 2007;110(9):3112-21.
6. **Martinez-Lopez J, Lahuerta JJ, Pepin F, et al.** Prognostic value of deep sequencing method for minimal residual disease detection in multiple myeloma. *Blood*. 2014;123(20):3073-9.
7. **Medina A, Jiménez C, Sarasquete ME, et al.** Molecular profiling of immunoglobulin heavy-chain gene rearrangements unveils new potential prognostic markers for multiple myeloma patients. *Blood Cancer J*. 2020;10(2):14.
8. **Paiva B, van Dongen JJ, Orfao A.** New criteria for response assessment: role of minimal residual disease in multiple myeloma. *Blood*. 2015;125(20):3059-68.
9. **Puig N, Sarasquete ME, Balanzategui A, et al.** Critical evaluation of ASO RQ-PCR for minimal residual disease evaluation in multiple myeloma. A comparative analysis with flow cytometry. *Leukemia*. 2014;28(2):391-7.

ĐÁNH GIÁ CHẤT LƯỢNG SỐNG CỦA NGƯỜI BỆNH UNG THƯ VÚ HER2-DƯƠNG TÍNH TẠI VIỆT NAM THEO THANG ĐO QLQ-C30

Tô Huệ Nghi*, Trần Thị Yến Nhi*,
Nguyễn Cao Đức Huy*, Nguyễn Thị Thu Thủy*

TÓM TẮT

Đặt vấn đề: Ung thư vú (UTV) đã và đang trở thành mối quan tâm hàng đầu của y tế thế giới, đây là loại ung thư phổ biến nhất trên phụ nữ. Việc đánh giá chất lượng sống (CLS) của người bệnh UTV giúp bác sĩ cân nhắc hướng điều trị, so sánh các phương pháp điều trị hiện hành và đánh giá các phương pháp điều trị mới. Đề tài này nhằm đánh giá chất lượng sống của bệnh nhân ung thư vú bằng bộ câu hỏi chuyên biệt dành cho người bệnh UTV EORTC QLQ-C30. **Đối tượng và phương pháp:** Nghiên cứu mô tả cắt ngang dựa trên dữ liệu thu thập từ phiếu khảo sát và hồ sơ bệnh án của người bệnh UTV HER2 dương tính điều trị tại 6 bệnh viện (BV) bao gồm BV Bạch Mai, BV Ung Bướu Hà Nội, BV K Trung Ương, BV Ung Bướu Đà Nẵng, BV Ung Bướu Thành phố Hồ Chí Minh và BV Chợ Rẫy. Nghiên cứu đánh giá CLS bằng thang đo QLQ-C30 và sử dụng phép kiểm thống kê phù hợp với độ tin cậy 95%. **Kết quả:** Mẫu nghiên cứu bao gồm 338 người bệnh nữ với độ tuổi trung bình $53,87 \pm 9,97$ tuổi, phần lớn mẫu thuộc giai đoạn sớm (55,7%) và chưa di căn (76,6%). Dựa trên thang đo QLQ-C30 nghiên cứu ghi nhận điểm CLS tổng quát có giá trị trung bình $60,11 \pm 15,80$. Ở thang điểm chức năng, cảm xúc, thể chất và nhận thức là 3 phương diện có số điểm cao nhất với giá trị lần lượt $77,79 \pm 21,54$; $75,35 \pm 17,75$ và $74,11 \pm 22,92$. Ở thang điểm triệu chứng, khó khăn tài chính và mất ngủ là vấn đề phổ biến và nghiêm trọng với số điểm khá cao ($55,82 \pm 32,69$ và $37,77 \pm 30,11$; tương ứng). **Kết luận:** Người bệnh ung thư vú HER2-dương tính có chất lượng sống ở mức khá với điểm chất lượng sống tổng quát $60,11 \pm 15,80$ điểm. Chức năng thể chất, cảm xúc và nhận thức có điểm số tương đối tốt, tuy nhiên quá trình điều trị mang lại khó khăn tài chính cho

người bệnh.

Từ khóa: chất lượng sống, ung thư vú HER2 dương tính, QLQ-C30.

SUMMARY

EVALUATING THE QUALITY OF LIFE OF PATIENTS DIAGNOSED WITH HER2-POSITIVE BREAST CANCER IN VIETNAM BASED ON THE EORTC QLQ-C30 SCALE

Background: Breast cancer has become a leading health concern worldwide, especially in women. Evaluating the health-related quality of life (HR-QoL) on patients helps clinicians to consider the optimum treatment, compare the current with the novel therapy. This study aimed to assess the HR-QoL of breast cancer patients by using a specialized questionnaire for cancer patients (EORTC QLQ-C30). **Materials and methods:** A cross-sectional descriptive study based on data collected from questionnaires and medical records of HER2-positive cancer patients treated at 6 hospitals including Bach Mai hospital, Cho Ray Hospital, Ho Chi Minh City Oncology Hospital, Da Nang Oncology Hospital, K Hospital, Ha Noi Oncology Hospital. **Results:** The survey sample included 338 patients with an average age of 53.87 ± 9.97 years old, most of which were in early stage (55.7%) and had not yet metastasized (76.6%). Based on the QLQ-C30 scale, the study recorded an overall QoL score of 60.11 ± 15.80 . Among the functional scale, emotional, physical, and cognitive aspects had the highest score (77.79 ± 21.54 , 75.35 ± 17.75 and 74.11 ± 22.92 , respectively). In the symptom scale, insomnia and financial struggle were reported to be the most common and severe issues encountered during the treatment with the score of 55.82 ± 32.69 and 37.77 ± 30.11 , respectively. **Conclusion:** HER2-positive breast cancer has moderate level of health-related quality of life. Physical, emotional, and cognitive functions had relatively good scores, however cancer treatment caused financial difficulties for patients

Keywords: quality of life, HER2-positive breast cancer, QLQ-C30.

*Đại học Y Dược Thành phố Hồ Chí Minh
Chịu trách nhiệm chính: Nguyễn Thị Thu Thủy
Email: nguyenthuthuy@ump.edu.vn
Ngày nhận bài: 4.6.2021
Ngày phản biện khoa học: 3.8.2021
Ngày duyệt bài: 12.8.2021