

9. Nguyễn Thị Thu Phương (2021). Các yếu tố tiên lượng tử vong ở bệnh nhân nhồi máu cơ tim cấp có sốc tim. Tạp chí Tim mạch học Việt Nam. 92(4):15–22.

10. Hoàng Minh Việt (2006). Nồng độ lactate và giá trị tiên lượng tử vong trong sốc tim do nhồi máu cơ tim. Tạp chí Y học thực hành. 556(3): 57–6

SO SÁNH HIỆU QUẢ CÁC QUY TRÌNH HỌC MÁY VÀ HỌC SÂU TRONG DỰ ĐOÁN NGUY CƠ ĐỘT QUỴ

Nguyễn Thị Ngọc Nguyễn¹, Nguyễn Tấn Đạt²

TÓM TẮT

Mục tiêu: Nghiên cứu so sánh hiệu quả giữa các quy trình học máy truyền thống và mô hình học sâu hiện đại nhằm xác định phương pháp tối ưu dự đoán nguy cơ đột quỵ trên dữ liệu y tế dạng bảng. **Đối tượng và phương pháp:** Nghiên cứu so sánh luồng kép trên 6.387 hồ sơ bệnh án (gồm 5.110 bản ghi công khai và 1.277 bản ghi dữ liệu nội bộ bổ sung). Nhóm học máy truyền thống tối ưu hóa 5 thuật toán (XGBoost, LightGBM, CatBoost, Random Forest) kết hợp kỹ thuật lấy mẫu lại và lựa chọn đặc trưng. Nhóm học sâu huấn luyện các mô hình chuyên biệt (TabNet, FT-Transformer, ResNet). Hiệu suất đánh giá qua kiểm định chéo 5 lần và tập kiểm tra độc lập. **Kết quả:** Quy trình sử dụng thuật toán LightGBM kết hợp bộ lấy mẫu ngẫu nhiên (RandomOverSampler) và lựa chọn đặc trưng theo thông tin tương hỗ (Mutual Information) đạt hiệu suất cao nhất trên tập kiểm tra: Độ chính xác 95,2%, F1-macro 70,2%. Kiểm định t-test cho thấy phương pháp này vượt trội có ý nghĩa thống kê so với mô hình cơ sở và học sâu ($p = 0,0403$). **Kết luận:** Với dữ liệu dạng bảng cỡ trung bình, tối ưu hóa học máy truyền thống hiệu quả hơn học sâu. Việc bổ sung dữ liệu và xử lý mất cân bằng là yếu tố then chốt cải thiện dự báo. **Từ khóa:** Đột quỵ, Học máy, Học sâu, LightGBM, TabNet.

SUMMARY

COMPARATIVE ANALYSIS OF MACHINE LEARNING AND DEEP LEARNING PIPELINES FOR STROKE RISK PREDICTION

Objective: This study compares traditional machine learning (ML) pipelines versus modern deep learning (DL) models to identify the optimal approach for stroke risk prediction on tabular data. **Subjects and methods:** A dual-stream comparative analysis was conducted on 6,387 individuals (including public data and 25% additional private data). The ML stream optimized 5 algorithms (XGBoost, LightGBM, CatBoost, Random Forest) with sampling and feature selection. The DL stream trained specialized models (TabNet,

FT-Transformer, ResNet). Performance was evaluated using 5-fold cross-validation. **Results:** The pipeline combining LightGBM, RandomOverSampler, and Mutual Information feature selection achieved the best performance: Accuracy 95.2%, Macro F1 70.2%. T-test analysis indicated significant superiority over baseline and DL models ($p = 0.0403$). **Conclusion:** For medium-sized tabular data, optimized ML models outperform DL approaches. Data augmentation and class imbalance handling are key for prediction improvement.

Keywords: Stroke, Machine Learning, Deep Learning, LightGBM, TabNet.

I. ĐẶT VẤN ĐỀ

Đột quỵ hiện là một trong những nguyên nhân hàng đầu gây tử vong và tàn tật trên toàn cầu, tạo gánh nặng lớn lên hệ thống y tế [5]. Việc phát hiện sớm các cá nhân có nguy cơ cao thông qua mô hình dự đoán là cực kỳ cấp thiết để can thiệp kịp thời. Trong khi kỹ thuật học máy (Machine Learning) đã chứng minh hiệu quả trong y học [3], sự phát triển của học sâu (Deep Learning) với các kiến trúc mạng nơ-ron phức tạp đặt ra câu hỏi về khả năng ứng dụng trên dữ liệu y tế dạng bảng.

Hạn chế của nhiều nghiên cứu trước đây là quy mô dữ liệu nhỏ, thiếu tính đa dạng, dẫn đến mô hình dễ bị quá khớp. Để khắc phục, nghiên cứu này mở rộng dữ liệu bằng cách kết hợp nguồn công khai với 25% dữ liệu nội bộ. Chúng tôi thực hiện nghiên cứu với các mục tiêu:

- So sánh hiệu quả của học máy truyền thống và học sâu hiện đại trên tập dữ liệu mở rộng
- Đánh giá tác động của việc bổ sung dữ liệu và kỹ thuật xử lý đặc trưng
- Xác định quy trình tối ưu nhất cho dự đoán nguy cơ đột quỵ

II. ĐỐI TƯỢNG VÀ PHƯƠNG PHÁP NGHIÊN CỨU

2.1. Đối tượng nghiên cứu. Bệnh nhân ≥ 18 tuổi có hồ sơ bệnh án điện tử chứa đầy đủ các biến số lâm sàng và cận lâm sàng liên quan đến nguy cơ đột quỵ (bao gồm tuổi, giới tính, chỉ số BMI, mức đường huyết trung bình, tình trạng

¹Bệnh viện Ung bướu TP Cần Thơ

²Đại học Cần Thơ

Chịu trách nhiệm chính: Nguyễn Thị Ngọc Nguyễn

Email: nnnguyen291095@gmail.com

Ngày nhận bài: 24.9.2025

Ngày phản biện khoa học: 24.10.2025

Ngày duyệt bài: 26.11.2025

hút thuốc, tiền sử tăng huyết áp và bệnh tim).

Tiêu chuẩn chọn bệnh: Các hồ sơ có đầy đủ thông tin về biến mục tiêu (Tình trạng đột quy: 0-Không/1-Có) và 11 biến độc lập bao gồm đặc trưng lâm sàng và nhân khẩu học (tuổi, giới tính, tăng huyết áp, bệnh tim, tình trạng hôn nhân, loại công việc, nơi cư trú, mức đường huyết trung bình, BMI, tình trạng hút thuốc).

Tiêu chuẩn loại trừ: Loại bỏ các bản ghi chứa giá trị thiếu không thể khôi phục hoặc giá trị ngoại lai phi thực tế về mặt lâm sàng.

2.2. Phương pháp nghiên cứu

Thiết kế nghiên cứu: Phân tích so sánh luồng kép (Dual-stream comparative analysis).

Nhóm 1 - Học máy truyền thống: Tối ưu hóa đa mục tiêu cho 5 thuật toán: XGBoost, LightGBM [6], CatBoost, Random Forest kết hợp với các kỹ thuật tiền xử lý.

Nhóm 2 - Học sâu hiện đại: Huấn luyện các mô hình chuyên biệt cho dữ liệu bảng gồm: TabNet [1], FT-Transformer và ResNet.

Cỡ mẫu: Nghiên cứu sử dụng bộ dữ liệu tổng hợp gồm 6.387 hồ sơ bệnh án.

2.3. Thu thập và xử lý số liệu. Để đảm bảo tính đại diện và độ tin cậy thống kê, dữ liệu được kết hợp từ hai nguồn:

Dữ liệu công khai: 5.110 bản ghi từ bộ dữ liệu chuẩn về dự đoán đột quy trên kho dữ liệu Kaggle [4].

Dữ liệu riêng (Private Data): Bổ sung 1.277 bản ghi (tương đương 25% lượng dữ liệu gốc) từ nguồn dữ liệu nội bộ được thu thập hợp chuẩn.

Xử lý dữ liệu: Do tỷ lệ đột quy thấp, nghiên cứu áp dụng kỹ thuật sinh dữ liệu thiếu số (SMOTE) [2] và kỹ thuật lấy mẫu lặp lại ngẫu nhiên (RandomOverSampler). Các phương pháp thống kê như Thông tin tương hỗ (Mutual Information - MI), ANOVA, và Chi-Square được dùng để lựa chọn đặc trưng.

Đánh giá: Sử dụng kiểm định chéo 5 lần (5-fold cross-validation) và kiểm định t-test để so sánh ý nghĩa thống kê. Các chỉ số đánh giá gồm Độ chính xác (Accuracy), F1-Macro, và Diện tích dưới đường cong Precision-Recall (AUPRC).

III. KẾT QUẢ NGHIÊN CỨU

3.1. Đặc điểm đối tượng nghiên cứu. Tổng số 6.387 hồ sơ bệnh án điện tử được đưa vào phân tích cuối cùng. Đây là kết quả của việc hợp nhất bộ dữ liệu công khai (5.110 mẫu) và bổ sung thêm 25% dữ liệu riêng (1.277 mẫu) nhằm tăng cường độ tin cậy và tính đại diện cho mô hình.

Đặc điểm của quần thể nghiên cứu được ghi nhận dựa trên các biến số lâm sàng và nhân khẩu học chính. Sự phân bố chi tiết được trình

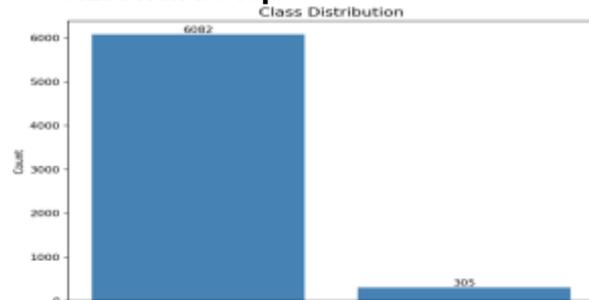
bày tại Bảng 1.

Bảng 1. Đặc điểm chung của đối tượng nghiên cứu (N=6.387)

Đặc điểm (Biến số)	Phân loại	Số lượng (n)	Tỷ lệ (%)
Giới tính (Gender)	Nam	2.602	40,7%
	Nữ	3.784	59,2%
	Khác	1	0,1%
Độ tuổi (Age)	<40 tuổi	1.850	29,0%
	40-60 tuổi	2.320	36,3%
	>60 tuổi	2.217	34,7%
Tăng huyết áp (Hypertension)	Không	5.767	90,3%
	Có	620	9,7%
Bệnh tim mạch (Heart Disease)	Không	6.042	94,6%
	Có	345	5,4%
Tình trạng hôn nhân	Đã từng kết hôn	4193	65,6%
	Chưa từng kết hôn	2194	34,4%
Nơi cư trú (Residence)	Thành thị	3245	50,8%
	Nông thôn	3142	49,2%
Hút thuốc (Smoking Status)	Đã/Đang hút	2350	36,8%
	Chưa từng hút	2430	38,0%
	Không rõ	1607	25,2%
Biến kết cục (Target)	Đột quy (Stroke = 1)	305	4,8%
	Không đột quy (Stroke = 0)	6082	95,2%

Kết quả thống kê mô tả cho thấy sự mất cân bằng dữ liệu rõ rệt, với nhóm bệnh nhân đột quy chỉ chiếm 4,8% (308 ca) so với 95,2% nhóm không đột quy. Việc bổ sung 25% dữ liệu riêng đã làm tăng kích thước mẫu tổng thể nhưng vẫn giữ nguyên đặc tính phân phối tự nhiên của bệnh lý này trong cộng đồng. Tỷ lệ nữ giới chiếm đa số (59,2%) và các yếu tố nguy cơ tim mạch như tăng huyết áp (9,7%) và bệnh tim (5,4%) xuất hiện với tần suất phù hợp với các nghiên cứu dịch tễ học trước đây.

3.2. Phân bố lớp



Hình 1. Biểu đồ phân bố lớp

Biểu đồ phân bố lớp cung cấp một cái nhìn trực quan sâu sắc về sự mất cân bằng dữ liệu nghiêm trọng đang hiện hữu trong bộ dữ liệu nghiên cứu gồm 6.387 mẫu. Cụ thể, cột đại diện cho lớp "Không đột quy" (nhãn 0) chiếm ưu thế áp đảo với 6082 mẫu (95,2%), tạo ra một khoảng cách chênh lệch quá lớn so với lớp "Đột quy" (nhãn 1) chỉ khiêm tốn ở mức 305 mẫu (4,8%). Hình ảnh này minh họa rõ ràng thách thức "tử huyệt" mà các mô hình học máy phải đối mặt: nguy cơ mô hình bị thiên lệch tự nhiên về phía lớp đa số để đạt độ chính xác ảo, trong khi hoàn toàn thất bại trong việc nhận diện các ca bệnh thực tế. Trong y học dự phòng, việc bỏ sót một ca đột quy (âm tính giả) nguy hiểm hơn nhiều so với một cảnh báo sai. Do đó, sự phân bố lệch này là bằng chứng thực nghiệm xác nhận sự cần thiết bắt buộc của việc sử dụng kỹ

thuật lấy mẫu ngẫu nhiên (RandomOverSampler). Chiến lược này giúp tái cấu trúc lại tỷ lệ giữa hai lớp trong quá trình huấn luyện, đảm bảo mô hình có đủ dữ liệu để học các đặc trưng của nhóm bệnh nhân, từ đó cải thiện độ nhạy mà không đánh đổi quá nhiều độ chính xác.

3.3. Hiệu suất các mô hình dự đoán.

Nghiên cứu đã thực hiện so sánh song song hai luồng tiếp cận: Học máy truyền thống (Legacy ML) và Học sâu (New DL). Kết quả đánh giá hiệu suất của tất cả các mô hình được trình bày chi tiết dưới đây.

Kết quả Luồng 1: Học máy truyền thống (Legacy ML Stream) cho thấy hiệu suất kiểm định chéo (CV Accuracy) của các quy trình học máy đã được tối ưu hóa đa mục tiêu.

Bảng 2. So sánh hiệu suất các quy trình Học máy

Quy trình (Pipeline)	Mô hình (Model)	Lựa chọn đặc trưng (FS)	Xử lý mất cân bằng (Imbalance)	Độ chính xác CV (CV Accuracy)	F1-Macro
XGB-SMOTE-MI (OPTIMIZED-CV)	XGBoost	MutualInfo	SMOTE	0.9184	0.6456
LGBM-SMOTE-ANOVA (OPTIMIZED-CV)	LightGBM	ANOVA	SMOTE	0.9166	0.6342
CatBoost-SMOTE-RFE (OPTIMIZED-CV)	CatBoost	RFE	SMOTE	0.9254	0.5940
RF-SMOTE-Chi2 (OPTIMIZED-CV)	RandomForest	ChiSquare	SMOTE	0.9419	0.6569
LGBM-OverSampler-MI (OPTIMIZED-CV)	LightGBM	MutualInfo	RandomOverSampler	0.9522	0.7022
XGB-NoImbalance-None (Baseline)	XGBoost	None	None	0.9385	0.6374
CatBoost-NoImbalance-ANOVA	CatBoost	ANOVA	None	0.9305	0.6857
RF-SMOTE-RFE (OPTIMIZED-CV)	RandomForest	RFE	SMOTE	0.8886	0.5798

Kết quả Luồng 2: Học sâu trình bày độ chính xác trên tập xác thực (Validation Accuracy) của các mô hình học sâu chuyên biệt cho dữ liệu bảng.

Bảng 3. So sánh hiệu suất các mô hình Học sâu

Quy trình (Pipeline)	Mô hình (Model)	Độ chính xác xác thực (Val Accuracy)	F1-Macro
TabNet (Best HPO)	TabNet	0.9350	0.6510
FT_Transformer (Best HPO)	FT_Transformer	0.9321	0.5877
TabM (Best HPO)	TabM	0.9321	0.5877
ResNet (Best HPO)	ResNet	0.9321	0.5877

Mô hình Tốt nhất: Dựa trên điểm tổng hợp bao gồm Accuracy, F1-Macro, quy trình 'LGBM-OverSampler-MI (OPTIMIZED-CV)' thuộc luồng ML-Legacy đã được xác định là quy trình hiệu quả nhất.

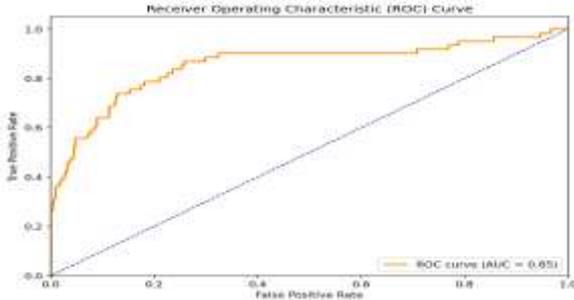
So sánh học máy truyền thống và học sâu: Phân tích cho thấy luồng học máy vượt trội hơn so với luồng học sâu. Cụ thể, quy trình chiến thắng (LGBM-OverSampler-MI) đạt độ chính xác

trên tập kiểm tra (Test Set) là 95,2%, cao hơn các chỉ số tốt nhất ghi nhận được từ các mô hình học sâu. Điều này gợi ý rằng phương pháp tiếp cận học máy, kết hợp với SMOTE/RandomOverSampler và lựa chọn đặc trưng MutualInfo, hiệu quả hơn trong việc xử lý mất cân bằng lớp và xác định các đặc trưng liên quan cho dự đoán đột quy.

Kiểm định thống kê: Phân tích thống kê sử

dùng kiểm định t-test trên 5-fold cross-validation cho thấy sự khác biệt có ý nghĩa thống kê giữa mô hình tối ưu hóa và mô hình cơ sở, với giá trị $p = 0,0403$. Kết quả này ủng hộ giả thuyết rằng cách tiếp cận học máy dựa trên tương tác kết hợp (joint interaction-based approach) giúp cải thiện đáng kể độ chính xác của các mô hình dự đoán nguy cơ đột quỵ.

3.4. Đường cong ROC



Hình 2. Biểu đồ đường cong ROC biểu diễn khả năng phân loại của mô hình

Kết quả phân tích đường cong đặc tính hoạt động của bộ thu (ROC) cho thấy đường cong của mô hình tối ưu tiệm cận sát về phía góc trên bên trái, biểu thị khả năng phân biệt vượt trội giữa hai nhóm bệnh nhân có đột quỵ và không đột quỵ. Mặc dù con số độ chính xác tổng thể đạt 95,2% là rất ấn tượng, nhưng trong y học, việc chỉ dựa vào độ chính xác đơn thuần có thể gây hiểu nhầm đối với các bộ dữ liệu mất cân bằng nghiêm trọng. Do đó, phân tích đường cong ROC mang lại cái nhìn toàn diện và tin cậy hơn. Nó chứng minh rằng mô hình không chỉ đạt độ nhạy cao (duy trì tỷ lệ dương tính thật lớn để tránh bỏ sót bệnh) mà còn kiểm soát hiệu quả tỷ lệ dương tính giả ở mức chấp nhận được. Sự cân bằng này có ý nghĩa sống còn trong lâm sàng, giúp giảm thiểu các cảnh báo sai gây hoang mang cho bệnh nhân và lãng phí nguồn lực y tế, đồng thời đảm bảo các ca nguy cơ cao được phát hiện kịp thời.

IV. BÀN LUẬN

4.1. So sánh hiệu quả giữa học máy truyền thống và học sâu hiện đại. Mục tiêu đầu tiên của nghiên cứu là so sánh hai luồng tiếp cận thuật toán trên dữ liệu dạng bảng cỡ trung bình ($N=6.387$). Kết quả của chúng tôi cho thấy các mô hình học máy truyền thống (Legacy ML), đặc biệt là các thuật toán cây quyết định tăng cường như LightGBM, đạt hiệu suất vượt trội hơn so với các mô hình học sâu hiện đại (New DL) như TabNet hay ResNet. Cụ thể, mô hình tốt nhất của luồng học máy đạt độ chính xác 95,2%

và F1-Macro 70,2%, cao hơn so với mức 93,5% và 65,1% của TabNet.

Điều này có thể được lý giải bởi đặc thù của dữ liệu y tế dạng bảng có kích thước mẫu chưa đủ lớn (dưới 10.000 bản ghi). Các mô hình học sâu thường yêu cầu lượng dữ liệu khổng lồ để tối ưu hóa hàng triệu tham số và tránh hiện tượng quá khớp (overfitting). Ngược lại, các thuật toán như LightGBM hay XGBoost có khả năng học tốt các mẫu từ dữ liệu có cấu trúc, xử lý tốt các giá trị ngoại lai và ít bị ảnh hưởng hơn bởi nhiễu khi số lượng mẫu hạn chế. Kết quả này phù hợp với nhiều nghiên cứu gần đây cho thấy trên các tác vụ dữ liệu bảng, các mô hình Ensemble Learning vẫn giữ ưu thế so với Deep Learning về cả độ chính xác lẫn chi phí tính toán.

4.2. Tác động của việc bổ sung dữ liệu và kỹ thuật xử lý đặc trưng. Mục tiêu thứ hai tập trung đánh giá vai trò của việc mở rộng dữ liệu và các kỹ thuật tiền xử lý. Kết quả kiểm định t-test cho thấy sự khác biệt có ý nghĩa thống kê ($p = 0,0403$) giữa mô hình tối ưu và mô hình cơ sở, khẳng định hiệu quả của các kỹ thuật đã áp dụng.

Thứ nhất, việc bổ sung 25% dữ liệu riêng vào tập dữ liệu công khai đã giúp mô hình học được các đặc trưng quát quát hơn, giảm thiểu sự sai lệch phân phối vốn có trong các bộ dữ liệu mở đơn lẻ. Thứ hai, về kỹ thuật xử lý, kết quả cho thấy sự kết hợp giữa RandomOverSampler và lựa chọn đặc trưng Thông tin tương hỗ (Mutual Information - MI) mang lại hiệu quả cao nhất. Trong khi SMOTE tạo ra các mẫu nhân tạo dựa trên nội suy (có thể gây nhiễu nếu ranh giới lớp không rõ ràng), RandomOverSampler giúp tăng cường sự hiện diện của các ca đột quỵ thực tế, giúp mô hình nhận diện tốt hơn các đặc điểm lâm sàng quan trọng. Đồng thời, kỹ thuật MI đã giúp lọc bỏ các biến nhiễu và tập trung vào các yếu tố nguy cơ có tương tác phi tuyến tính mạnh với đột quỵ như Tuổi, Bệnh tim và Mức đường huyết, qua đó nâng cao chỉ số F1-Macro từ 58,3% (cơ sở) lên 70,2%.

4.3. Quy trình tối ưu hóa dự đoán nguy cơ đột quỵ. Mục tiêu cuối cùng là xác định quy trình tốt nhất để ứng dụng vào thực tiễn. Nghiên cứu đã xác định quy trình: LightGBM + RandomOverSampler + Mutual Information là cấu hình tối ưu nhất cho bộ dữ liệu này.

Với độ chính xác 95,2%, mô hình này thể hiện khả năng cân bằng tốt giữa Độ nhạy (Recall) và Độ chính xác dự báo dương (Precision). Trong y học dự phòng, việc giảm

thiểu tỷ lệ bỏ sót bệnh (False Negative) là ưu tiên hàng đầu. Quy trình tối ưu đã nâng mức Recall trung bình lên 67,9%, cải thiện đáng kể so với mức 55,0% của mô hình cơ sở. Tuy nhiên, chúng tôi nhận thấy chỉ số F1-Macro vẫn ở mức 70,2%, cho thấy thách thức trong việc phân loại chính xác tuyệt đối nhóm thiểu số vẫn còn hiện hữu. Do đó, quy trình này có tiềm năng lớn để sử dụng như một công cụ sàng lọc ban đầu hỗ trợ bác sĩ, giúp khoanh vùng nhóm nguy cơ cao để chỉ định các xét nghiệm chuyên sâu hơn, nhưng cần thận trọng khi dùng làm công cụ chẩn đoán độc lập.

V. KẾT LUẬN

Nghiên cứu đi đến kết luận rằng luồng tiếp cận Học máy truyền thống, đặc biệt là quy trình tích hợp LGBM-OverSampler-MI, thể hiện hiệu quả vượt trội so với các mô hình Học sâu hiện đại trong nhiệm vụ dự đoán nguy cơ đột quỵ trên bộ dữ liệu hợp nhất (6.387 mẫu). Điều này gợi ý rằng đối với dữ liệu y tế dạng bảng có kích thước trung bình, các thuật toán cây quyết định tăng cường vẫn là lựa chọn tối ưu nhờ khả năng xử lý tốt các tương tác phi tuyến tính mà không đòi hỏi lượng dữ liệu khổng lồ như mạng nơ-ron sâu.

Bên cạnh đó, chiến lược kết hợp dữ liệu công khai chuẩn hóa với dữ liệu riêng (private data) đã tạo ra một nền tảng dữ liệu vững chắc, giúp khắc phục hạn chế về cỡ mẫu và nâng cao tính khái quát hóa cho mô hình. Phương pháp

tiếp cận tối ưu hóa đã đạt độ chính xác ấn tượng 95,2% và F1-Macro 70,2%, cao hơn đáng kể so với mô hình cơ sở ($p = 0,0403$). Những chỉ số này minh chứng cho tiềm năng ứng dụng mô hình như một công cụ sàng lọc ban đầu tin cậy, hỗ trợ bác sĩ lâm sàng khoanh vùng nhóm bệnh nhân nguy cơ cao một cách chính xác hơn. Tóm lại, kết quả nghiên cứu nhấn mạnh tầm quan trọng cốt lõi của việc mở rộng quy mô dữ liệu và áp dụng linh hoạt các kỹ thuật xử lý mất cân bằng lớp, xem đây là chìa khóa để phát triển các ứng dụng y tế thông minh khả thi tại Việt Nam.

TÀI LIỆU THAM KHẢO

1. **Arik S O, Pfister T.** TabNet: Attentive Interpretable Tabular Learning. AAAI Conference on Artificial Intelligence 2021; 35(8): 6679-6687.
2. **Chawla NV, Bowyer KW, Hall LO, Kegelmeyer WP.** SMOTE: Synthetic Minority Over-sampling Technique. Journal of Artificial Intelligence Research 2002; 16: 321-357.
3. **Dritsas E, Trigka M.** Stroke Risk Prediction with Machine Learning Techniques. Sensors 2022; 22(15): 4670.
4. **Fedesoriano.** Stroke Prediction Dataset. Kaggle. Available from: <https://www.kaggle.com/datasets/fedesoriano/stroke-prediction-dataset>.
5. **Feigin VL, et al.** Global burden of stroke and risk factors in 188 countries, 1990–2022. The Lancet Neurology 2024; 23(4): 345-356.
6. **Ke G, Meng Q, Finley T, et al.** LightGBM: A Highly Efficient Gradient Boosting Decision Tree. Advances in Neural Information Processing Systems 2017; 30: 3146-3154.

ĐÁNH GIÁ HIỆU QUẢ LÂM SÀNG CỦA GLYCOLIC ACID, NIACINAMIDE, SALICYLIC ACID TRONG ĐIỀU TRỊ RỐI LOẠN SẮC TỐ DA TẠI BỆNH VIỆN DA LIỄU THÀNH PHỐ HỒ CHÍ MINH

Nguyễn Vũ Hoàng¹, Phạm Thị Uyển Nhi¹, Nguyễn Duy Quân¹,
Nguyễn Thùy Ái Châu¹, Lê Tuấn Khanh¹, Nguyễn Thị Phan Thuý¹

TÓM TẮT

Đặt vấn đề: Rối loạn sắc tố da là một rối loạn da liễu thường gặp gây ảnh hưởng lớn đến chất lượng của sống của người bệnh. Hiện nay có nhiều phương pháp điều trị rối loạn sắc tố da, nhưng thuốc bôi vẫn là phương pháp điều trị đầu tay. Mặc dù có nhiều hoạt chất hiện nay được sử dụng tại Việt Nam, các nghiên

cứu lâm sàng có hệ thống để đánh giá hiệu quả và mức độ an toàn của các hoạt chất phối hợp như glycolic acid, niacinamide, salicylic acid vẫn còn rất hạn chế. **Mục tiêu:** Đánh giá hiệu quả và mức độ an toàn của glycolic acid, niacinamide, salicylic acid trong điều trị rối loạn sắc tố da tại Bệnh viện Da liễu TPHCM. **Đối tượng và phương pháp:** Nghiên cứu được thực hiện trên 41 bệnh nhân rối loạn sắc tố da tại Bệnh viện Da liễu TPHCM, các bệnh nhân này được sử dụng thuốc thoa chứa hoạt chất glycolic acid, niacinamide, salicylic acid (G-N-S). Rửa rửa mặt và kem chống nắng sẽ được áp dụng cho cả hai bên mặt, tuy nhiên hoạt chất G-N-S sẽ chỉ được dùng ngẫu nhiên ở một bên mặt. Các bệnh nhân sau đó được đánh giá mức độ cải thiện, mức độ hài lòng, thang điểm MASI, chỉ số VISIA và theo dõi tác dụng phụ.

¹Bệnh viện Da Liễu TP. Hồ Chí Minh

Chịu trách nhiệm: Nguyễn Thị Phan Thuý

Email: bsphanthuy@yahoo.com

Ngày nhận bài: 23.9.2025

Ngày phản biện khoa học: 22.10.2025

Ngày duyệt bài: 25.11.2025