

Ứng dụng học sâu phân loại ảnh vi thể tế bào học tuyến giáp theo thang chuẩn Bethesda

Phạm Ngọc Hải & PGS.TS Lê Hồng Phương

2024



Nội dung

- 1 Giới thiệu
- 2 Tổng quan tài liệu
- 3 Mô tả bộ dữ liệu
- 4 Phương pháp nghiên cứu
- 5 Kết quả
- 6 Thảo luận
 - Về kết quả đạt được
 - Về mục tiêu hiện tại và phương hướng tương lai
 - Kế hoạch và phân công việc
 - Đánh giá công việc
- 7 Kết luận

Giới thiệu

Bối cảnh và lý do chọn đề tài

Ung thư tuyến giáp

Ung thư là nguyên nhân gây tử vong hàng đầu, ảnh hưởng đến nhiều bộ phận cơ thể khác nhau. Trong các loại ung thư thì ung thư tuyến giáp là loại ung thư nội tiết phổ biến nhất [Deng et al. \(2020\)](#).

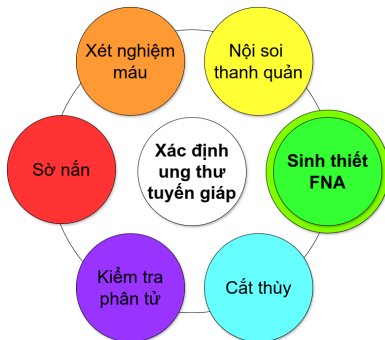
- Chiếm 52,070 ca trong tổng số 54,740 ca bệnh ung thư nội tiết mới theo ước tính tại Mỹ năm 2019 [Siegel et al. \(2019\)](#).
- Đặc biệt ở nữ giới có tỷ lệ mắc bệnh phổ biến thứ 5 với 4% ca bệnh mới hàng năm [Siegel et al. \(2019\)](#).

Số ca được chẩn đoán mắc bệnh đang gia tăng do sự phổ cập dịch vụ y tế hoặc cũng có thể từ việc chẩn đoán quá mức [Li et al. \(2020\)](#).

Điều này đặt ra khối lượng công việc lớn với các bác sĩ do thiếu nhân lực chất lượng cao hoặc/và tăng nguy cơ bệnh nhân phải thực hiện nhiều biện pháp chẩn đoán, phẫu thuật không cần thiết.

Bối cảnh và lý do chọn đề tài

Chẩn đoán ung thư tuyến giáp



Các phương pháp xác định ung thư tuyến giáp Habchi et al. (2023)

Bối cảnh và lý do chọn đề tài

Chẩn đoán ung thư tuyến giáp

- Trong đó các phương pháp như sờ nắn, xét nghiệm máu, siêu âm có chi phí rẻ, dễ thực hiện, ít xâm lấn. Đặc biệt phương pháp siêu âm đã có nhiều nghiên cứu giúp tối ưu hóa quá trình [Rossi et al. \(2021\)](#); [Vadhiraj et al. \(2021\)](#); [Zhu et al. \(2021\)](#).
- Siêu âm là phương pháp hình ảnh ưa thích để xác định xem có cần sinh thiết hay không. Hút kim nhỏ (FNAB) rất quan trọng trong việc quyết định liệu nên phẫu thuật hay giám sát định kỳ qua siêu âm [AlSaedi et al. \(2024\)](#).

Và vì thế, hiện nay trước khi thực hiện phẫu thuật loại bỏ tuyến giáp, sinh thiết chọc hút bằng kim nhỏ (FNAB) với đánh giá theo thang chuẩn Bethesda vẫn đang là tiêu chuẩn vàng [Evranos et al. \(2017\)](#).

Lý do chọn đề tài

Dựa theo bối cảnh nêu trên, việc xây dựng 1 hệ thống hỗ trợ bác sĩ phân loại ảnh mẫu sinh thiết theo thang chuẩn Bethesda bằng máy tính (CAD) có thể giúp:

- Giảm tải áp lực công việc cho các bác sĩ
- Hạn chế việc chẩn đoán quá mức với bệnh nhân, tránh phẫu thuật chi phí tốn kém và hệ lụy sức khỏe về sau

Mục tiêu nghiên cứu

Mục tiêu chính là xây dựng hệ thống chẩn đoán hỗ trợ bằng máy tính (CAD) cho các bác sĩ trong việc khám lâm sàng mẫu sinh thiết tuyến giáp hút bằng kim nhỏ. Để đạt được mục tiêu trên các công việc, bài toán cần giải quyết là:

- Xác định được vùng quan trọng trong ảnh tự động để giảm thời gian quan sát của bác sĩ cũng như giúp thuật toán phân loại ở mục tiêu 2 có kết quả dự đoán nhanh hơn
- Phân nhãn được ảnh sinh thiết thuộc vào mức độ tương ứng dựa theo thang chuẩn Bethesda (6 nhãn - tuy nhiên do tính chất của bộ dữ liệu nên mục tiêu hiện tại của nghiên cứu là phân loại 3 nhãn)
- Kết hợp 2 mục tiêu đầu để xây dựng được hệ thống máy hỗ trợ

Tổng quan tài liệu

Các nghiên cứu hiện tại

Savala và cộng sự Savala et al. (2018) đã sử dụng mạng thần kinh nhân tạo (ANN) để phân biệt 2 loại ung thư tuyến giáp là FA và FTC.

- Kết quả phân loại thu được có độ chính xác 78%, độ nhạy 75% và độ đặc hiệu là 80%
- Dù là ảnh mô bệnh học chứ không phải ảnh tế bào học, tuy nhiên cũng là bằng chứng về sự hiệu quả của các phương pháp học sâu so với các phương pháp học máy truyền thống cho tác vụ xử lý ảnh y tế
- Hạn chế hiện tại của nghiên cứu này là mới chỉ phân loại nhãn đầu ra là ung thư FA hoặc ung thư FTC. Ngoài ra kết quả trên tập kiểm tra và tập kiểm thử có chênh lệch lớn dù phân phối của 2 tập là không quá khác biệt

Các nghiên cứu hiện tại

Quan và cộng sự **Guan et al. (2019)** đã sử dụng CNN dựa trên VGG16 thông qua học chuyển tiếp để phân biệt ung thư tuyến giáp loại PTC với các nốt tuyến giáp lành tính.

- Dữ liệu gồm 279 tiêu bản tế bào được nhuộm H&E (159 ung thư PTC, 120 lành tính)
- CNN đã đạt được độ chính xác 97,7%, độ nhạy 100% và độ đặc hiệu 94,9% trên ứng độ từng ảnh cắt và độ chính xác 95% ở mức độ bệnh nhân
- Hạn chế nghiên cứu khi chỉ phân biệt ung thư PTC với u lành tính. Ngoài ra cách trích xuất thủ công từng vùng quan tâm của ảnh mặc dù có thể giúp hạn chế nhiễu trong dữ liệu nhưng sẽ gây khó khi muốn tự động hóa quá trình trích xuất vùng quan tâm trong ảnh

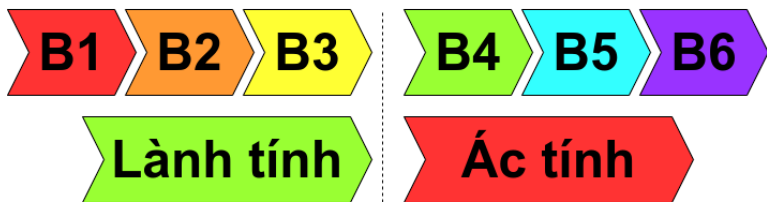
Các nghiên cứu hiện tại

- Sanyal và cộng sự [Sanyal et al. \(2018\)](#) đã sử dụng mạng tích chập (CNN) để phân loại ung thư tuyến giáp loại PTC và không phải PTC. CNN đã đạt được mức độ chính xác 85,1%, độ nhạy 90,5% và độ đặc hiệu 83,3%. Hạn chế của nghiên cứu vẫn là phân loại nhị phân và bộ dữ liệu còn nhỏ
- Lee và các cộng sự [Lee et al. \(2023\)](#) sử dụng CNN dựa trên mạng DenseNet cho cả ảnh màu và ảnh thang màu xám. Độ chính xác của bộ phân loại sử dụng ảnh màu, ảnh RI, và cả hai lần lượt là 98,0%, 98,0% và 100%. Hạn chế chỉ bao gồm 887 ảnh cắt. Mặt khác dữ liệu đầu vào một lần nữa vẫn là do các bác sĩ thủ công chọn ra các cụm tế bào quan tâm để khử nhiễu. Đầu ra bài toán vẫn chỉ là phân loại nhị phân nên khó ứng dụng cho các tác vụ chẩn đoán y tế lâm sàng

Hạn chế chung

Thang Bethesda phân loại 1 mẫu sinh thiết vào 1 trong 6 nhãn lần lượt là: không chẩn đoán (ND), lành tính, không điển hình có ý nghĩa không xác định/tổn thương nang trứng có ý nghĩa không xác định (AUS/FLUS), u nang/nghi ngờ u nang (FN/SFN), nghi ngờ ác tính (SUS) và ác tính [Evrans et al. \(2017\)](#)

Thang chuẩn Bethesda



Nghiên cứu hiện nay

Hạn chế chung

Nhìn chung, các nghiên cứu theo hướng sử dụng học sâu đối với ảnh y tế đang giúp hỗ trợ các bác sĩ rất tốt **Tsuneki (2022)**. Đối với lĩnh vực xử lý ảnh tế bào học từ kim hút nhỏ (FNAB), nhiều nghiên cứu đã được triển khai xong vẫn còn tồn tại 1 số hạn chế bao gồm:

- Trích rút vùng quan tâm của ảnh để giảm nhiễu vẫn thực hiện thủ công
- Bộ dữ liệu nhỏ
- Phân loại nhị phân

Như vậy với mục tiêu trích xuất vùng ảnh quan trọng tự động, bộ dữ liệu đa dạng cùng mục tiêu phân loại đa nhãn theo thang chuẩn Bethesda; nghiên cứu này kỳ vọng sẽ khắc phục các hạn chế của các nghiên cứu hiện nay.

Mô tả bộ dữ liệu

Nguồn gốc dữ liệu

- Bộ dữ liệu này gồm các ảnh sinh thiết tế bào được lấy từ các mẫu bệnh phẩm bằng phương pháp chọc hút kim tiêm nhỏ
- Phương pháp này được sử dụng phổ biến trong việc chẩn đoán ung thư do ít xâm lấn và dễ thực hiện
- Các ảnh được thu thập tại Bệnh viện Trung ương Quân đội 108 khi thực hiện chọc hút tế bào để chẩn đoán ung thư tuyến giáp

Đặc điểm và Cách truy cập

- Tổng số ảnh trong bộ dữ liệu là 1421 ảnh bao gồm 3 nhãn tạm ký hiệu B2, B5, B6. Ba nhãn này lần lượt tương ứng với lành tính, nghi ngờ ác tính (SUS) và ác tính trong thang chuẩn Bethesda [Evranos et al. \(2017\)](#)
- Số lượng ảnh tương ứng với các nhãn B2, B5, B6 lần lượt là 103, 541, 777
- Định dạng file là JPEG độ phân giải 1224x960 điểm ảnh với nhãn B6 và 1024x768 điểm ảnh với các nhãn B2, B5
- Hiện bộ dữ liệu đang đóng truy cập do tính chất bảo mật. Cách thức truy cập và sử dụng có thể được thay đổi, cập nhật cùng các kết quả mới của nghiên cứu này trong tương lai

Cách thức thu thập

Ảnh được thu thập theo phương pháp chọc hút tế bào (FNAB), cụ thể:

- Bác sĩ dùng ống kim nhỏ chọc hút liên tục vào vùng nghi ngờ ung thư dưới sự hỗ trợ của việc siêu âm
- Các tế bào sau đó được đặt trên 1 lát kính, loại bỏ máu và vật chất tế bào không quan trọng
- Tế bào trên lát kính sau đó được thực hiện nhuộm màu H&E (Hematoxylin và Eosin). Trong đó:
 - Hematoxylin: Là chất nhuộm có tính kiềm, nhuộm nhân tế bào thành màu xanh tím
 - Eosin: Là chất nhuộm có tính axit, nhuộm chất nền ngoại bào và bào tương thành màu hồng. Các cấu trúc khác có thể nhuộm thành các sắc thái, tông màu và sự kết hợp khác nhau của màu xanh tím và màu hồng
- Sau khi nhuộm màu, lát kính được đặt dưới kính hiển vi và được chụp ảnh

Phương pháp nghiên cứu

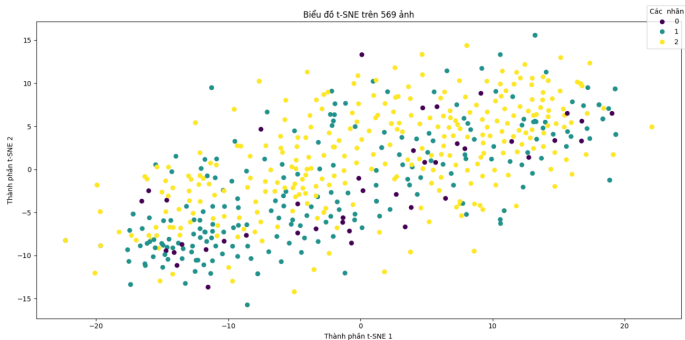
Giới thiệu

Để giải quyết các mục tiêu của nghiên cứu, 2 bài toán được đặt ra

- Cắt ra vùng quan tâm của ảnh
- Phân nhãn ảnh sinh thiết

Cắt ra vùng quan tâm của ảnh

Giả thuyết đặt ra và ý nghĩa bài toán



Trực quan hóa bộ dữ liệu trên 569 ảnh quan hóa bộ dữ liệu trên 569 ảnh

Cắt ra vùng quan tâm của ảnh

Thuật toán

- Bước 1: Ảnh đầu vào qua 1 mô hình xác định hoặc phân đoạn từng tế bào riêng lẻ
- Bước 2: Tiến hành phân cụm các tế bào và cắt ra ảnh chứa cụm nổi bật
- Bước 3: Từ ảnh được cắt ra, tiến hành sử dụng xác định lại số lượng tế bào trên 1 ảnh cắt, nếu số lượng là nhỏ hơn 1 ngưỡng cụ thể thì tiến hành loại bỏ ảnh khỏi tập cắt

Cắt ra vùng quan tâm của ảnh

Sau 3 bước nêu trên sẽ tạo ra 1 bộ dữ liệu đã được tiền xử lý và chọn ra được vùng quan trọng của ảnh. Có thể thấy để thuật toán cho bài toán đầu tiên này được kết quả tốt nhất thì phụ thuộc rất lớn vào:

- Mô hình xác định hoặc phân đoạn tế bào
- Kết quả giải thuật phân cụm để chọn ra vùng chứa cụm tế bào quan tâm

Mô hình xác định/phân đoạn tế bào

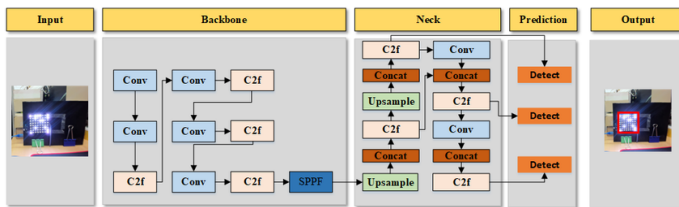
Mục tiêu của các mô hình này là giúp xác định tâm từng tế bào riêng lẻ để phục vụ cho thuật toán phân cụm được dùng về sau. Cách dùng mô hình giúp xác định hay phân đoạn từng tế bào đều có thể được sử dụng

- Mô hình xác định đối tượng (detect): YOLO, SSD, Faster R-CNN...
- Mô hình phân đoạn đối tượng (segment): U-Net, Mask R-CNN, DeepLab, YOLACT, YOLO-Unet, ...

Nhìn chung, các mô hình phân đoạn có sẵn có hiệu suất tệ và lâu. Mặt khác, việc gán nhãn phân đoạn cho 30 ảnh để huấn luyện, thử nghiệm và kiểm tra. Kết quả cho ra tương đối ổn nhưng việc gán nhãn vẫn quá tốn thời gian.

Bởi vậy mô hình được sử dụng ở nghiên cứu này sẽ là mô hình xác định từng tế bào riêng lẻ.

Mô hình xác định/phân đoạn tế bào



Kiến trúc mạng YOLO version 8 cho tác vụ xác định đối tượng

Thuật toán phân cụm để chọn ra những cụm tối ưu

Bốn giải thuật phân cụm phổ thông thường là K-means, phân cụm trộn Gaussian (GMM), phân cụm theo mật độ (DBSCAN), phân cụm phân cấp và đánh giá cụ thể đã được [Gu \(2021\)](#) thực hiện.

Do tính chất của dữ liệu (tế bào phân bố tập trung vào các vùng theo mật độ), kiểu phân cụm theo mật độ DBSCAN được đề xuất sử dụng. Các phương pháp phân cụm khác sẽ được nghiên cứu để đánh giá về mức độ cải thiện thêm về sau.

Thuật toán phân cụm để chọn ra những cụm tối ưu

Thuật toán DBSCAN

- Chọn điểm kiểm tra x , kiểm tra xem nó có đủ n điểm láng giềng cạnh giềng trong bán kính ϵ không
- Nếu có, x là điểm lõi và tất cả các điểm láng giềng cũng thuộc cùng một cụm
- Nếu không, tiếp tục kiểm tra các điểm láng giềng của x nếu chúng có đủ n điểm láng giềng
- Các điểm kết nối với điểm lõi cũng thuộc cùng cụm
- Cụm được mở rộng cho đến khi không còn điểm mới nữa
- Tâm mỗi cụm được tính chính là trung bình của tất cả các điểm trong cụm

Thuật toán phân cụm để chọn ra những cụm tối ưu

Cách chọn ảnh được cắt Sau khi đã có các cụm, ta có thể triển khai 2 hướng cắt ảnh:

- Cách 1 với mỗi cụm ta cắt ra được 1 ảnh con tương ứng với tâm cụm là tâm ảnh
- Cách 2 với mỗi cụm ta lấy ra hình chữ nhật nhỏ nhất (bouding box) bao quanh cả cụm. Thực hiện trượt trên lưới để thu được các ảnh cắt. Như vậy với một cụm có thể cắt ra được nhiều ảnh

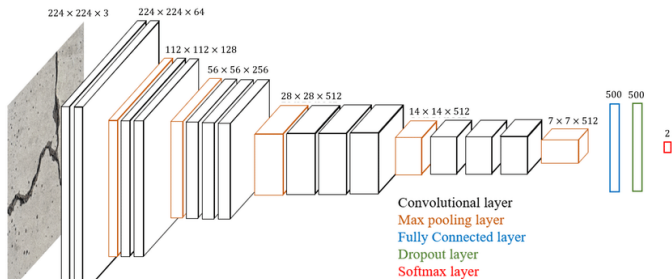
Từ các ảnh cắt ra kiểm tra lại ngưỡng tế bào tối thiểu cần có của mỗi ảnh, qua đó loại bỏ những ảnh không đảm bảo điều kiện.

Bài toán phân nhãn ảnh sinh thiết

- Kết quả nghiên cứu đạt được từ giữa kỳ, nhìn chung kết quả 3 mạng được thử nghiệm (VGG19, EfficientNetB0, ResNet50) không khác biệt quá đáng kể, độ chính xác đạt được thời điểm đó cao nhất là 0.66
- Lý do cho vấn đề này do tài nguyên tính toán có hạn, việc giảm độ sâu và độ rộng của các tầng kết nối đầy đủ (dense layer) ở cuối của mạng giúp tăng tốc độ tính toán nhưng cũng đồng thời khó ước lượng được siêu phẳng phân loại phù hợp với dữ liệu

Với vấn đề nêu trên, định hướng nghiên cứu tập trung vào cải thiện kiến trúc 1 mạng là VGG16 - kiến trúc đơn giản, dễ thay đổi trọng số để phù hợp với dữ liệu.

Bài toán phân nhãn ảnh sinh thiết



Kiến trúc chung của 1 mạng VGG16 Choi et al. (2021)

Bài toán phân nhãn ảnh sinh thiết

Việc cần điều chỉnh ở đây chính là thay đổi số lượng nơ-ron ở các tầng kết nối đầy đủ và 1 số tầng gần cuối của mạng
Hiệu quả của việc này sẽ cao hơn việc huấn luyện lại toàn bộ mạng do số lượng tham số lớn với mạng quá rộng và sâu và dữ liệu không quá nhiều tới hàng triệu

Kết quả

Các thang đo đánh giá: Bài toán xác định tế bào riêng lẻ

$$Recall = \frac{TP}{TP + FN} \quad (1)$$

$$Precision = \frac{TP}{TP + FP} \quad (2)$$

$$IoU = \frac{VungGiao}{VungHop} \quad (3)$$

- Mean Average Precision (mAP): được chọn chủ yếu

$$AP = \sum_{k=1}^n (P(k) \cdot \Delta r(k)) \quad (4)$$

$$mAP = \frac{1}{Q} \sum_{q=1}^Q AP_q \quad (5)$$

Các thang đo đánh giá: Bài toán phân cụm

Silhouette coefficient của điểm i được tính bằng công thức:

$$s(i) = \frac{b(i) - a(i)}{\max\{a(i), b(i)\}} \quad (6)$$

Các thang đo đánh giá: Bài toán phân loại ảnh

$$Accuracy = \frac{TP + TN}{TP + TN + FP + FN} \quad (7)$$

$$Mean\ Accuracy = \frac{1}{C} \sum_{i=1}^C Accuracy_i \quad (8)$$

$$Recall = \frac{TP}{TP + FN} \quad (9)$$

$$Specificity = \frac{TN}{TN + FP} \quad (10)$$

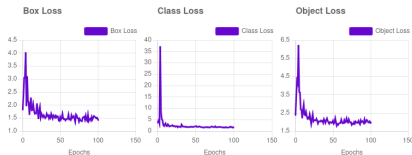
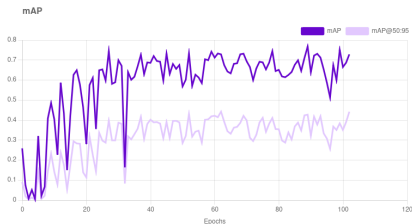
$$Precision = \frac{TP}{TP + FP} \quad (11)$$

$$F1\ Score = 2 \cdot \frac{Precision \cdot Recall}{Precision + Recall} \quad (12)$$

...

Kết quả cụ thể: Bài toán xác định tế bào

Kiểm tra trên tập test cho kết quả mAP: 72.8%, precision: 87.6%, recall: 64.5%



Kết quả cụ thể: Bài toán phân cụm & Cắt ảnh

Sau khi tiến hành giải thuật phân cụm theo mật độ, chỉ số Silhouette được tính toán cho từng cụm trong từng ảnh trong tổng số 1421 ảnh.

Sau đó, giá trị Silhouette tính chung cho 1 ảnh là trung bình của các cụm có trong ảnh, thu được 1421 giá trị. Tính trung bình 1421 giá trị này ta thu được độ đo Silhouette khi phân cụm trên toàn bộ dữ liệu là: 0.64

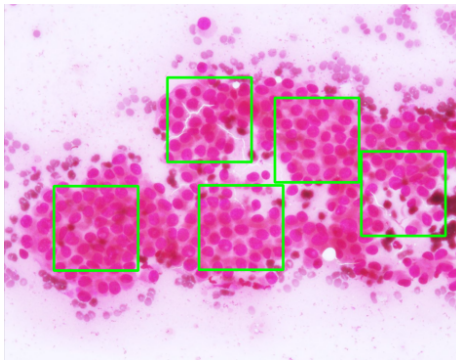


Figure: Ví dụ về cách các ảnh được chọn cắt

Kết quả cụ thể: Bài toán phân cụm & Cắt ảnh

Như vậy từ dữ liệu đầu vào là $[B2, B5, B6] = [103, 541, 777]$. Kết quả thu được bộ dữ liệu mới là $[B2, B5, B6] = [255, 1306, 3381]$

Kết quả sau khi đã cân bằng lại dữ liệu là: $[B2, B5, B6] = [3381, 3381, 3381]$ tức bao gồm 10143 ảnh. Phân chia tập huấn luyện (train), thử nghiệm (validation), kiểm tra (test) theo tỷ lệ 75:10:15.

Kết quả cụ thể: Bài toán phân loại ảnh sinh thiết

Model architecture:

Model: "model_1"

Layer (type)	Output Shape	Param #
input_3 (InputLayer)	[(None, 224, 224, 3)]	0
vgg16 (Functional)	(None, 7, 7, 512)	14714688
flatten_1 (Flatten)	(None, 25088)	0
dense_3 (Dense)	(None, 4096)	102764544
dropout_2 (Dropout)	(None, 4096)	0
dense_4 (Dense)	(None, 4096)	16781312
dropout_3 (Dropout)	(None, 4096)	0
dense_5 (Dense)	(None, 3)	12291

=====
Total params: 134272835 (512.21 MB)

Trainable params: 119558147 (456.08 MB)

Non-trainable params: 14714688 (56.13 MB)

Figure: Mô hình H1

Kết quả cụ thể: Bài toán phân loại ảnh sinh thiết

```
Confusion Matrix
[[ 11   9   1]
 [  6  85 18]
 [  2 39 116]]

Classification Report:

```

	precision	recall	f1-score	support
B2	0.58	0.52	0.55	21
B5	0.64	0.78	0.70	109
B6	0.86	0.74	0.79	157
accuracy			0.74	287
macro avg	0.69	0.68	0.68	287
weighted avg	0.76	0.74	0.74	287

Figure: So sánh kết quả dùng ảnh gốc và ảnh cắt với mô hình H1

```
Confusion Matrix:
[[388 12   7]
 [ 21 389 77]
 [ 10  69 328]]

Classification Report:

```

	precision	recall	f1-score	support
0	0.93	0.95	0.94	407
1	0.79	0.76	0.78	407
2	0.80	0.81	0.80	407
accuracy			0.84	1221
macro avg	0.84	0.84	0.84	1221
weighted avg	0.84	0.84	0.84	1221

Figure: Kết quả dùng ảnh cắt với mô hình H1

Kết quả cụ thể: Bài toán phân loại ảnh sinh thiết

Tiếp tục thử nghiệm với mô hình H2 cho bộ dữ liệu ảnh cắt vùng quan trọng.

```
Model architecture:
Model: "model_2"
-----
Layer (type)                Output Shape              Param #
-----
input_7 (InputLayer)        [(None, 224, 224, 3)]    0
vgg16 (Functional)          (None, 7, 7, 512)        14714688
global_average_pooling2d_1  (None, 512)              0
(GlobalAveragePooling2D)
dense_9 (Dense)              (None, 1824)             525312
dropout_6 (Dropout)          (None, 1824)             0
dense_10 (Dense)             (None, 1824)             1849680
dropout_7 (Dropout)          (None, 1824)             0
dense_11 (Dense)             (None, 3)                3875
-----
Total params: 16292675 (62.15 MB)
Trainable params: 1577987 (6.02 MB)
Non-trainable params: 14714688 (56.13 MB)
```

Figure: Kiến trúc mô hình H2

```
Confusion Matrix:
[[389  18  0]
 [ 15 338 54]
 [  6  60 343]]

Classification Report:

```

	precision	recall	f1-score	support
0	0.95	0.96	0.95	487
1	0.81	0.83	0.82	487
2	0.86	0.84	0.85	487
accuracy			0.87	1221
macro avg	0.87	0.87	0.87	1221
weighted avg	0.87	0.87	0.87	1221

Figure: Kết quả mô hình H2 trên tập kiểm tra của bộ dữ liệu ảnh cắt

Thảo luận

Về kết quả đạt được

Mô hình xác định tế bào hoạt động tốt với giá trị mAP cao 72.8% trên tập test, có hiệu quả sử dụng tốt.

Với thuật toán phân cụm tính tổng thể toàn tập 1421 ảnh là 0.64, đây là ngưỡng chấp nhận được và kết quả ảnh cắt ra được đánh giá thủ công là tốt.

Với bài toán phân loại ảnh, có thể chứng minh được việc cắt ra các vùng quan trọng của ảnh thay vì dùng nguyên ảnh gốc đem lại kết quả cao hơn 10% khi kiểm tra với mô hình H1, đạt độ chính xác 84%.

Thực hiện giảm độ phức tạp của mô hình H1 ta thu được mô hình H2. Có thể thấy mô hình H2 cho kết quả trên tập kiểm tra cao hơn 3%, đạt 87%.

Điều này có thể do sự đơn giản hơn của mô hình đã giúp sự cập nhật trọng số của dữ liệu hiệu quả hơn.

Về mục tiêu hiện tại và phương hướng tương lai

Đã đạt được đủ 3 mục tiêu nghiên cứu đặt ra

Hạn chế: chưa đánh giá được hiệu quả của việc sử dụng nghiên cứu này để cải thiện kết quả chẩn đoán của các bác sĩ - đặc biệt là các bác sĩ thiếu kinh nghiệm và giàu kinh nghiệm.

Như vậy mục tiêu tương lai của nghiên cứu sẽ là:

- Tiếp tục cải thiện kỹ thuật cắt vùng ảnh quan trọng
- Cải thiện hiệu suất của mô hình phân loại
- Đặc biệt là nghiên cứu ảnh hưởng tích cực của kết quả nghiên cứu này đến hiệu quả chẩn đoán của các bác sĩ

Kế hoạch và phân công việc

Lập kế hoạch: Xác định mục tiêu nghiên cứu. Lập kế hoạch công việc và phân bổ thời gian hợp lý cho từng giai đoạn.

Tìm hiểu tài liệu: Nghiên cứu và tổng hợp các tài liệu liên quan từ các nguồn tin cậy như sách, bài báo khoa học, và các tài liệu trên internet.

Triển khai nghiên cứu: Tìm hiểu dữ liệu, tiền xử lý dữ liệu. Triển khai thuật toán. Kiểm thử và đánh giá kết quả.

Viết báo cáo: Tổng hợp và viết các phần của báo cáo nghiên cứu.

Đánh giá công việc

Khó khăn và thách thức:

- Triển khai nghiên cứu một mình nên khi gặp vấn đề sức khỏe dễ ảnh hưởng tiến độ nghiên cứu.
- Cần phải cân đối thời gian giữa việc học và việc thực hiện nghiên cứu.

Kết quả đạt được:

- Hoàn thành đúng kế hoạch đã đề ra.
- Đạt được những kết quả quan trọng, đóng góp vào mục tiêu nghiên cứu ban đầu.

Bài học kinh nghiệm:

- Học được cách lập kế hoạch và quản lý thời gian hiệu quả.
- Nâng cao kỹ năng phân tích và viết báo cáo khoa học.

Kết luận

Kết luận

- Kết quả nghiên cứu hiện tại cho thấy tiềm năng cải tiến kỹ thuật học sâu (deep learning) để phân loại ảnh chọc hút tế bào bằng kim nhỏ (FNAB) đa nhân theo thang chuẩn Bethesda
- Bằng việc tự động cắt chọn ra vùng quan trọng của ảnh cũng như khả năng phân loại chính xác các nhân sinh thiết là sự giúp sức hiệu quả với các bác sĩ. Đặc biệt trong việc chẩn đoán tình trạng ung thư tuyến giáp và có phương pháp chữa trị phù hợp
- Việc nghiên cứu tiếp ảnh hưởng của kết quả nghiên cứu này tới hiệu quả hỗ trợ các bác sĩ sẽ là ứng dụng thực tiễn lớn

Tài liệu tham khảo

- AlSaedi, A. H., Almalki, D. S., and ElKady, R. M. (2024). Approach to thyroid nodules: Diagnosis and treatment. *Cureus*, 16(1):e52232.
- Choi, D., Bell, W., Kim, D., and Kim, J. (2021). Uav-driven structural crack detection and location determination using convolutional neural networks. *Sensors*, 21:2650.
- Deng, Y., Li, H., Wang, M., Li, N., Tian, T., Wu, Y., Xu, P., Yang, S., Zhai, Z., Zhou, L., Hao, Q., Song, D., Jin, T., Lyu, J., and Dai, Z. (2020). Global Burden of Thyroid Cancer From 1990 to 2017. *JAMA Network Open*, 3(6):e208759–e208759.
- Evrano, B., Polat, S. B., Baser, H., Ozdemir, D., Kilicarslan, A., Yalcin, A., Ersoy, R., and Cakir, B. (2017). Bethesda classification is a valuable guide for fine needle aspiration reports and highly predictive especially for diagnosing aggressive variants of papillary thyroid carcinoma. *Cytopathology*, 28(4):259–267.
- Gu, J. (2021). Comparative analysis based on clustering algorithms. *Journal of Physics: Conference Series*, 1994(1):012024.
- Guan, Q., Wang, Y., Ping, B., Li, D., Du, J., Yu, Q., Lu, H., Wan, X., and Xiang, J. (2019). Deep convolutional neural network vgg-16 model for differential diagnosing of papillary thyroid carcinomas in cytological images: A pilot study. *Journal of Cancer*, 10:4876–4882.
- Habchi, Y., Himeur, Y., Kheddar, H., Boukabou, A., Atalla, S., Chouchane, A., Ouamane, A., and Mansoor, W. (2023). Ai in thyroid cancer diagnosis: Techniques, trends, and future directions. *Systems*, 11(10).
- Lee, Y., Ryu, D., Kim, S., Park, J., Park, S., Ryu, D., Lee, H., Lim, S., Min, H.-s., Park, Y., and Lee, E. (2023). Machine-learning-based diagnosis of thyroid fine-needle aspiration biopsy synergistically by papanicolaou staining and refractive index distribution. *Scientific Reports*, 13.
- Li, M., Brito, J. P., and Vaccarella, S. (2020). Long-term declines of thyroid cancer mortality: An international age-period-cohort analysis. *Thyroid*, 30(6):838–846.
- Rossi, E. D., Pantanowitz, L., Raffaelli, M., and Fadda, G. (2021). Overview of the ultrasound classification systems in the field of thyroid cytology. *Cancers*, 13(13).
- Sanyal, P., Mukherjee, T., Barui, S., Das, A., and Gangopadhyay, P. (2018). Artificial intelligence in cytopathology: A neural network to identify papillary carcinoma on thyroid fine-needle aspiration cytology smears. *Journal of Pathology Informatics*, 9(1):43.
- Savala, R., Dey, P., and Gupta, N. (2018). Artificial neural network model to distinguish follicular adenoma

Thank you!