



CUỘC THI TOÁN MÔ HÌNH 2024 VÒNG 2

11 - 18 tháng 8, 2024

Mã đội thi: KND2004
Ngày thực hiện: 14/08/2024

Tóm tắt nội dung

Bài báo này được phát triển trong bối cảnh hệ thống chăm sóc sức khỏe toàn cầu đang đối mặt với những thách thức phức tạp và đa chiều. Để giải quyết những vấn đề này, ứng dụng các mô hình toán học trong mô phỏng và dự đoán các quá trình sinh học phức tạp nổi lên như một giải pháp tiềm năng. Cụ thể, báo cáo này tập trung vào việc xây dựng và triển khai một mô hình toán học nhằm mô phỏng sự tương tác phức tạp giữa glucose và insulin trong cơ thể người. Mô hình được phát triển dựa trên hệ phương trình vi phân, phản ánh quá trình điều hòa đường huyết thông qua sự tương tác giữa glucose và insulin, sử dụng dữ liệu thực nghiệm từ bữa ăn của các bệnh nhân tiểu đường.

Phương pháp nghiên cứu bao gồm việc xây dựng hệ phương trình vi phân đại diện cho các yếu tố chính ảnh hưởng đến nồng độ glucose và insulin trong máu, như sự hấp thụ glucose của các mô và phản ứng của insulin trước sự thay đổi nồng độ glucose. Sau đó tối ưu hóa tham số bằng phương pháp gradient descent qua dữ liệu về các bữa ăn của bệnh nhân. Quá trình huấn luyện gồm tiền huấn luyện và tinh chỉnh dữ liệu, đảm bảo mô hình tổng quát và hiệu quả trong lâm sàng.

Kết quả báo cáo cho thấy mô hình không chỉ cho phép phân tích chi tiết các yếu tố ảnh hưởng đến nồng độ glucose trong máu mà còn đánh giá khả năng phản ứng của insulin, tạo cơ sở cho việc phát triển các phương pháp điều trị cá nhân hóa. Điều này đã giúp cải thiện chất lượng cuộc sống của bệnh nhân, đồng thời tối ưu hóa hiệu quả của các phương pháp điều trị hiện có. Bằng cách mô phỏng động học của glucose và insulin, mô hình này cung cấp cho các nhà lâm sàng một công cụ hỗ trợ quan trọng trong việc hiểu rõ hơn về cơ chế điều hòa đường huyết, từ đó nâng cao độ chính xác trong chẩn đoán và điều trị các bệnh liên quan đến đường huyết.

Mục lục

1	Giới thiệu	4
1.1	Bệnh tiểu đường	4
1.2	Bài toán	4
2	Mô hình toán học	5
2.1	Hệ phương trình vi phân	5
2.2	Mô hình lượng glucose đưa từ bên ngoài vào cơ thể	6
2.3	Phương pháp ước lượng tham số từ dữ liệu	9
3	Thí nghiệm	10
3.1	Công cụ và dữ liệu	10
3.1.1	Công cụ	10
3.1.2	Dữ liệu	11
3.2	Phương pháp huấn luyện	11
3.3	Kết quả và phân tích	12
4	Kết luận	14
4.1	Ưu điểm của mô hình	14
4.2	Nhược điểm của mô hình	14
4.3	Hướng phát triển mô hình	15

1 Giới thiệu

1.1 Bệnh tiểu đường

Bệnh tiểu đường là một căn bệnh mãn tính khiến cơ thể không thể điều hòa lượng đường trong máu một cách hiệu quả, xuất phát từ sự suy giảm khả năng chuyển hóa glucose trong cơ thể (tiểu đường loại 1) hoặc khi cơ thể không thể sử dụng hiệu quả lượng glucose dự trữ (tiểu đường loại 2). Đây là một trong những bệnh mãn tính phổ biến trên toàn cầu và đặc biệt tại Việt Nam.

Nguyên nhân của bệnh tiểu đường là do rối loạn chức năng tuyến tụy, cơ quan chịu trách nhiệm quản lý quá trình chuyển hóa glucose trong cơ thể. Bình thường, khi chúng ta ăn, lượng đường trong máu tăng lên. Tuyến tụy sẽ tiết ra insulin (hormone giúp đưa glucose từ máu vào tế bào để cung cấp năng lượng) để giúp glucose đi vào tế bào cung cấp năng lượng. Tuy nhiên, ở người bị tiểu đường, quá trình này bị rối loạn, dẫn đến lượng đường trong máu luôn ở mức cao, gây ra nhiều biến chứng nguy hiểm.

1.2 Bài toán

Bài toán bao gồm các điểm chính như sau:

Yêu cầu:

- Xây dựng mô hình:** Mô hình toán học mô phỏng tương tác giữa insulin và glucose trong cơ thể người.
- Tính thực tế:** Mô hình phải phản ánh các đặc tính sinh học cơ bản như vòng phản hồi âm, giới hạn sinh lý, cân bằng nội môi, và phản ứng của cơ thể trước sự thay đổi nồng độ glucose.
- Cá nhân hóa mô hình:** Mô hình cần biểu thị được mối quan hệ giữa lượng đường huyết theo thời gian và thời gian mỗi bữa ăn của bệnh nhân.

Hướng tiếp cận:

- Phương trình vi phân:** Mô tả sự thay đổi theo thời gian của nồng độ glucose, insulin và các hoạt động tiếp nhận glucose của tế bào thông qua quá trình chuyển hóa glucose thành ATP với sự hỗ trợ của insulin.
- Tối ưu hóa tham số:** Thực hiện tối ưu hóa các tham số thông qua quá trình gradient descent, sử dụng dữ liệu về các bữa ăn của bệnh nhân để

liên tục cập nhật và điều chỉnh tham số mô hình. Quá trình huấn luyện mô hình được chia thành hai giai đoạn: giai đoạn tiền huấn luyện (pre-training) trên dữ liệu từ các bệnh nhân đầu tiên và giai đoạn tinh chỉnh (fine-tuning) trên dữ liệu từ các bệnh nhân còn lại. Quá trình này nhằm đảm bảo mô hình có khả năng tổng quát cao và có thể áp dụng rộng rãi trong các tình huống thực tế.

Hướng mở rộng: Chuẩn đoán các bệnh tiểu đường loại 1 và loại 2.

2 Mô hình toán học

2.1 Hệ phương trình vi phân

Nhóm chúng tôi đề xuất hệ phương trình vi phân mô tả sự thay đổi theo thời gian của nồng độ glucose, insulin và các hoạt động tiếp nhận glucose của tế bào như sau:

$$\begin{cases} \frac{dG(t)}{dt} = -X(t)G(t) + p_1(G_b - G(t)) + N(t), & G(0) = p_0 \\ \frac{dX(t)}{dt} = -p_2X(t) + p_3(I(t) - I_b), & X(0) = 0 \\ \frac{dI(t)}{dt} = p_4(G(t) - p_5)^+ - p_6(I(t) - I_b), & I(0) = 15 \end{cases}$$

Trong đó:

- $G(t)$ là nồng độ glucose trong máu tại thời điểm t .
- $X(t)$ là đại diện cho các hoạt động tiếp nhận glucose của tế bào thông qua quá trình chuyển hóa glucose thành ATP với sự hỗ trợ của insulin.
- $I(t)$ là nồng độ insulin trong máu tại thời điểm t .
- $N(t)$ là lượng glucose đưa từ bên ngoài vào cơ thể tại thời điểm t .
- p_1 là tham số biểu diễn tốc độ phân hủy tự nhiên của glucose.
- p_2 là tham số biểu diễn tốc độ suy giảm của $X(t)$.
- p_3 là tham số thể hiện mức độ nhạy cảm của $X(t)$ đối với nồng độ insulin $I(t)$.
- p_4 là tham số phản ánh tốc độ insulin tiết ra để đáp ứng với glucose.
- p_5 là ngưỡng glucose mà trên đó cơ thể bắt đầu tiết insulin.

- p_6 là tốc độ giảm của insulin trở về mức cơ bản của đối tượng.
- G_b là nồng độ glucose cơ bản của đối tượng.
- I_b là nồng độ insulin cơ bản của đối tượng.

Phương trình 1 mô hình hóa sự thay đổi của nồng độ glucose theo thời gian. Nồng độ glucose giảm do hai quá trình chính: sự hấp thụ glucose từ các tế bào thông qua quá trình chuyển hóa glucose thành ATP với sự hỗ trợ của insulin, được đại diện bởi biểu thức $-X(t)G(t)$ và sự suy giảm tự nhiên của glucose theo thời gian, biểu diễn qua $-p_1G(t)$. Ngoài ra, khi lượng glucose trong máu giảm, cơ thể sẽ cố gắng đưa nồng độ glucose trở về mức cơ bản, biểu diễn qua $+p_1G_b$, và lượng glucose đi từ bên ngoài vào cơ thể $N(t)$:

$$\frac{dG(t)}{dt} = -X(t)G(t) + p_1(G_b - G(t)) + N(t), \quad G(0) = p_0$$

Phương trình 2 mô hình hóa quá trình $X(t)$ thay đổi theo thời gian. Ở đây, $-p_2X(t)$ thể hiện sự suy giảm tự nhiên trong hoạt động hấp thụ của tế bào khi không có tác động của insulin. Ngoài ra, thành phần $p_3(I(t) - I_b)$ thể hiện cách insulin ảnh hưởng đến hoạt động của tế bào: khi nồng độ insulin $I(t)$ cao hơn mức cơ bản, nó sẽ kích thích các tế bào hấp thụ glucose nhiều hơn:

$$\frac{dX(t)}{dt} = -p_2X(t) + p_3(I(t) - I_b), \quad X(0) = 0$$

Phương trình 3 mô tả sự thay đổi trong nồng độ insulin theo thời gian. Sự tiết insulin từ tuyến tụy tăng khi mức glucose tăng cao hơn so với mức glucose cơ bản được biểu diễn qua thành phần $p_4(G(t) - p_5)^+$. Ngoài ra, phương trình cũng bao gồm sự suy giảm tự nhiên của nồng độ insulin thông qua $-p_6I(t)$, và khi lượng insulin giảm, cơ thể sẽ cố gắng đưa nồng độ insulin trở về mức cơ bản, biểu diễn qua $+p_6I_b$:

$$\frac{dI(t)}{dt} = p_4(G(t) - p_5)^+ - p_6(I(t) - I_b), \quad I(0) = 15$$

2.2 Mô hình lượng glucose đưa từ bên ngoài vào cơ thể

Trên thực tế, quá trình chuyển hóa glucose từ dữ liệu bữa ăn của bệnh nhân diễn ra khá phức tạp. Để mô phỏng quá trình này một cách toàn diện bằng một hàm $N(t)$, chúng tôi đã bổ sung các yếu tố sau:

- **Hiệu suất chuyển hóa:** Mỗi chất dinh dưỡng có hiệu suất chuyển hóa thành glucose khác nhau, do đó, cần xây dựng một hàm trọng số để phản ánh mức độ đóng góp của từng chất dinh dưỡng vào nồng độ glucose.
- **Yếu tố thời gian:** Quá trình chuyển hóa glucose có thể thay đổi theo thời gian, tùy thuộc vào nhiều yếu tố như tốc độ tiêu hóa và hấp thụ của cơ thể. Vì vậy, chúng tôi đã xây dựng một hàm thời gian để mô phỏng sự biến đổi này.

Từ đó, hàm $N(t)$ được tính theo công thức sau:

$$N(t) = \sum_{i \in I} norm(i) \cdot f_i(t)$$

Trong đó, $I = \{\text{calories, fat, carb, sugar, fiber, protein}\}$

- Hàm $norm(i) = \frac{i}{\max(i)} * 100$ là hàm được sử dụng để chuẩn hóa các giá trị về cùng một khoảng $[0, 100]$, nhằm giảm thiểu ảnh hưởng của những thành phần dinh dưỡng có giá trị dinh dưỡng cao hơn nhiều so với các thành phần khác.
- f_i biểu diễn tầm ảnh hưởng của chất i sẽ được trình bày cụ thể trong phần sau.

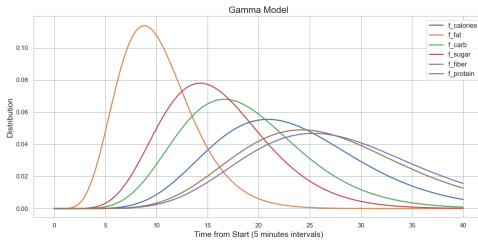
Trong bài báo này, nhóm chúng tôi thử nghiệm 4 mô hình $N(t)$ như sau:

Biến thể	f_calories	f_fat	f_carb	f_sugar	f_fiber	f_protein
Gaussian	$\mathcal{N}(\mu_{\text{calories}}, \sigma_{\text{calories}})$	\mathcal{N}	\mathcal{N}	\mathcal{N}	\mathcal{N}	\mathcal{N}
Gamma	$\Gamma(\alpha_{\text{calories}}, \beta_{\text{calories}})$	Γ	Γ	Γ	Γ	Γ
Mixed	$\Gamma(\alpha_{\text{calories}}, \beta_{\text{calories}})$	Γ	\mathcal{N}	\mathcal{N}	0	\mathcal{N}
Kolmogorov-Arnold	$Bspline(n=5, k=3)$	$Bspline$	$Bspline$	$Bspline$	$Bspline$	$Bspline$

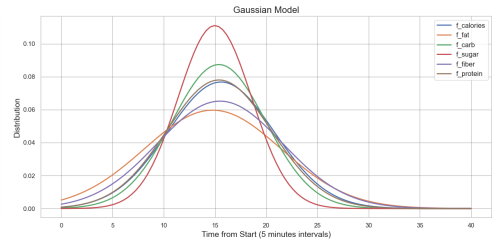
Bảng 1: Các mô hình $N(t)$ thử nghiệm

Chúng tôi đề xuất bốn hướng tiếp cận hàm $N(t)$ này vì dữ liệu lượng glucose thu được từ các bệnh nhân sau bữa ăn cho thấy một phân bố đối xứng đặc trưng, giống hình chuông. Điều này gợi ý rằng cả hàm Gaussian và Gamma đều có thể phù hợp để mô hình hóa dữ liệu. Nhóm chúng tôi đã tận dụng đặc điểm này để xây dựng mô hình dự đoán lượng glucose dựa trên các chất dinh dưỡng nạp vào. Tuy nhiên, dữ liệu về các chất dinh dưỡng lại phức tạp hơn nhiều so với phân bố đơn giản của glucose. Cụ thể, carbohydrate, đường và chất béo gây ra sự tăng nhanh lượng glucose ban đầu, rồi giảm mạnh về sau,

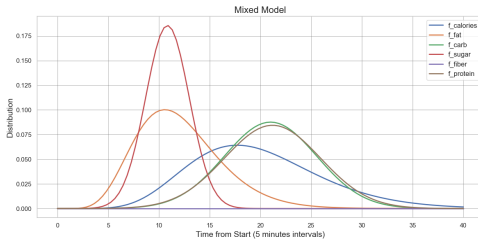
phù hợp với hàm Gaussian. Trong khi đó, protein và calo lại có xu hướng tăng ổn định hơn, phù hợp với hàm Gamma. Riêng chất xơ lại có tác dụng làm chậm quá trình tiêu hóa và hấp thụ glucose, do đó được gán giá trị 0 trong mô hình. Để giải quyết sự phức tạp này, nhóm đã xây dựng một mô hình hỗn hợp(Mixed), kết hợp cả hàm Gaussian và Gamma, nhằm mô tả chính xác hơn quá trình biến đổi lượng glucose trong cơ thể.



Hình 1: Mô hình Gamma



Hình 2: Mô hình Gaussian



Hình 3: Mô hình Mixed

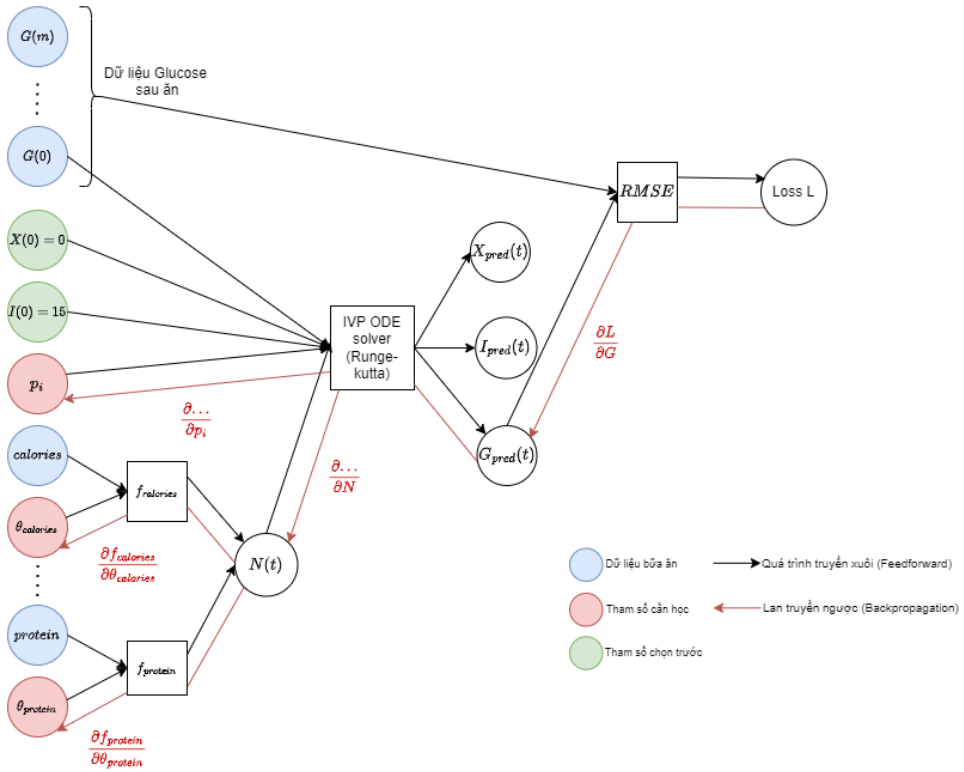


Hình 4: Mô hình Kolmogorov-Arnold [1]

Ngoài ra, nhóm chúng tôi đã thử nghiệm việc ứng dụng mạng Kolmogorov-Arnold (KAN) để tự động tìm các hàm số f_i [1]. Ý tưởng là cho biến t đi qua một lớp KAN với độ rộng [1,6], sau đó nhân vô hướng với sáu chất dinh dưỡng. Mỗi hàm kích hoạt học được từ lớp này sẽ tương ứng với một hàm mô tả sự ảnh hưởng của từng chất dinh dưỡng đến quá trình chuyển hóa glucose. Tuy nhiên, do thời gian huấn luyện hạn chế và sự thiếu đa dạng trong dữ liệu món ăn, mô hình KAN chưa đạt được hiệu quả mong muốn trong việc tìm ra các hàm số thỏa mãn. Đây là một hướng nghiên cứu tiềm năng có thể phát triển thêm trong tương để tổng quát hóa mô hình cho các loại dinh dưỡng khác.

2.3 Phương pháp ước lượng tham số từ dữ liệu

Để ước lượng các tham số của mô hình toán học mô phỏng tương tác giữa glucose và insulin, chúng tôi sử dụng quy trình lan truyền ngược [5] (backpropagation) qua một hệ phương trình vi phân thông thường với việc sử dụng giải thuật giải bài toán giá trị ban đầu (Initial Value Problem - IVP) như Runge-Kutta [3] (Cụ thể sơ đồ tính toán được trình bày ở hình 5). Quy trình thực hiện gồm các bước chính như sau:



Hình 5: Sơ đồ tính toán của quá trình ước lượng tham số từ dữ liệu bữa ăn

- 1. Quá trình truyền xuôi (Feedforward):** Trong giai đoạn đầu, các tham số cần học, bao gồm p_1, p_2, \dots, p_6 và các tham số của mô hình dinh dưỡng (ký hiệu lần lượt là $\theta_{calories}, \dots, \theta_{protein}$), được khởi tạo ngẫu nhiên. Với mỗi bộ dữ liệu bữa ăn đầu vào, mô hình thực hiện tính toán hàm $N(t)$, biểu diễn lượng glucose được đưa vào cơ thể từ bên ngoài. Hàm này được xác định bởi các hàm số $f_{calories}, f_{fat}, f_{carbs}, \dots$ tương ứng với từng loại dinh dưỡng.

Giá trị $N(t)$ tại các thời điểm khác nhau, cùng với các giá trị ban đầu $G(0), X(0), I(0)$ đã biết trước, được sử dụng làm đầu vào cho thuật toán giải bài toán giá trị ban đầu (Initial Value Problem) Runge-Kutta. Đây là một phương pháp số phổ biến để giải các hệ phương trình vi phân (ODE), cho phép dự đoán giá trị của các biến số tại các thời điểm tiếp theo dựa trên các điều kiện ban đầu và các tham số hiện tại [3].

Kết quả của quá trình này là các giá trị dự đoán $G_{\text{pred}}(t), I_{\text{pred}}(t), X_{\text{pred}}(t)$ mà sau đó sẽ được so sánh với các giá trị thực tế để tính toán sai số.

2. **Tính toán Loss và Gradient Descent:** Đầu ra của mô hình được so sánh với dữ liệu glucose thực tế bằng cách tính sai số trung bình bình phương (Mean Square Error - MSE). MSE được sử dụng vì nó cung cấp một thước đo tổng hợp sự chênh lệch giữa giá trị dự đoán và giá trị thực tế, nhấn mạnh các sai số lớn hơn, do đó giúp đánh giá độ chính xác tổng thể của mô hình một cách hiệu quả.

Dựa trên giá trị loss này, quá trình lan truyền ngược được thực hiện để cập nhật các tham số mô hình. Cụ thể, gradient của hàm loss $\frac{\partial L}{\partial G}$ được tính toán và truyền ngược lại qua từng bước tính toán trước đó, bao gồm $N(t)$, các hàm số dinh dưỡng $f_{\text{calories}}, f_{\text{fat}}, \dots$. Các tham số a_i và $\theta_{\text{calories}}, \theta_{\text{fat}}, \dots$ được cập nhật theo thuật toán gradient descent nhằm tối thiểu hóa giá trị loss.

3. **Lặp lại và tối ưu hóa:** Quá trình này được lặp lại qua nhiều vòng lặp (epochs) để tối ưu hóa các tham số. Mỗi vòng lặp bao gồm quá trình truyền xuôi, tính toán loss, và lan truyền ngược để điều chỉnh các tham số cho đến khi mô hình đạt được độ chính xác mong muốn.

3 Thí nghiệm

3.1 Công cụ và dữ liệu

3.1.1 Công cụ

Trong nghiên cứu này, chúng tôi sử dụng thư viện PyTorch và torchdiffeq [4] để xây dựng mô hình và thực hiện quá trình huấn luyện. Một điểm mạnh đặc biệt của torchdiffeq cho giải phương trình vi phân là khả năng hỗ trợ quá trình lan truyền ngược [5] (backpropagation) qua từng bước của quá trình giải phương trình [4]. Điều này có nghĩa là chúng ta có thể tích hợp các hệ ODE

trực tiếp vào quá trình huấn luyện mô hình PyTorch, và các gradient cần thiết cho quá trình cập nhật tham số mô hình sẽ được tính toán chính xác qua các bước giải hệ phương trình vi phân.

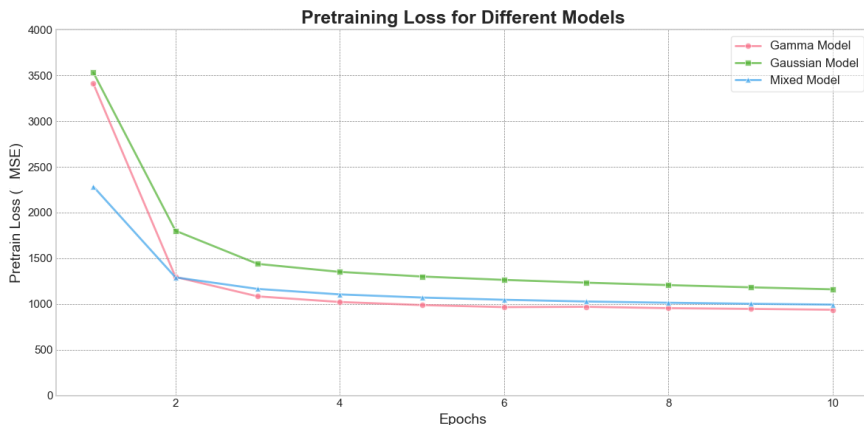
3.1.2 Dữ liệu

Dữ liệu bao gồm các chỉ số glucose trong máu của bệnh nhân, được ghi nhận theo từng khoảng 5 phút sau bữa ăn. Bộ dữ liệu này có tổng cộng 176 bữa ăn từ 30 bệnh nhân tiểu đường, mỗi bệnh nhân có từ 4 đến 6 bữa ăn được ghi lại, cung cấp cơ sở cho việc huấn luyện và đánh giá mô hình.

3.2 Phương pháp huấn luyện

Dữ liệu cho mỗi bệnh nhân trong nghiên cứu này rất hạn chế, với mỗi người chỉ có khoảng từ 4 đến 6 bữa ăn được ghi lại. Số lượng bữa ăn ít ỏi này không đủ để mô hình có thể học và tổng quát hóa tốt các đặc trưng riêng của từng bệnh nhân. Để giải quyết vấn đề này chúng tôi áp dụng kỹ thuật huấn luyện kết hợp giữa tiền huấn luyện (pre-training) và tinh chỉnh (fine-tuning) để đảm bảo độ chính xác của mô hình [2].

- **Giai đoạn tiền huấn luyện (Pre-training):** Sử dụng dữ liệu từ 26 bệnh nhân đầu tiên để tiền huấn luyện mô hình, giúp mô hình học được các đặc điểm chung về mối quan hệ giữa nồng độ glucose và insulin trong máu, đảm bảo quá trình học hiệu quả hơn cho các bệnh nhân chưa gặp.



Hình 6: Sự thay đổi hàm loss trong quá trình tiền huấn luyện của các mô hình.

- **Giai đoạn tinh chỉnh (Fine-tuning) và đánh giá (Evaluate):** Sau khi mô hình đã có được bộ tham số khởi đầu từ quá trình pre-training, mô hình sẽ được tinh chỉnh dựa trên dữ liệu riêng của từng bệnh nhân. Với mỗi bệnh nhân trong nhóm cuối, mô hình được tinh chỉnh trên $m - 1$ bữa ăn và kiểm tra trên bữa ăn còn lại. Quá trình này nhằm tối ưu hóa khả năng dự đoán cho từng trường hợp cụ thể, đảm bảo mô hình có thể phản ánh chính xác các đặc trưng riêng của từng bệnh nhân [2].

Tham số	Giá trị
p_1 : Tốc độ phân hủy tự nhiên của glucose	0.49
p_2 : Tốc độ suy giảm của $X(t)$	0.88
p_3 : Mức độ nhạy cảm của $X(t)$ đối với nồng độ insulin $I(t)$	-0.08
p_4 : Tốc độ insulin tiết ra để đáp ứng với glucose	-0.08
p_5 : Ngưỡng glucose mà trên đó cơ thể bắt đầu tiết insulin	97.71
p_6 : Tốc độ giảm của insulin trở về mức nền	0.88
G_b : Nồng độ glucose cơ bản	77.99
I_b : Nồng độ insulin cơ bản	14.79

Bảng 2: Bảng các tham số sau quá trình tiền huấn luyện trên 26 bệnh nhân.

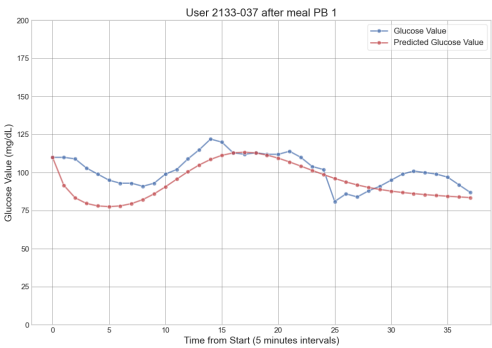
Kết quả dự đoán của các biến thể của mô hình trên bốn bữa ăn tương ứng với bốn bệnh nhân còn lại sẽ được trình bày ở mục 3.3

3.3 Kết quả và phân tích

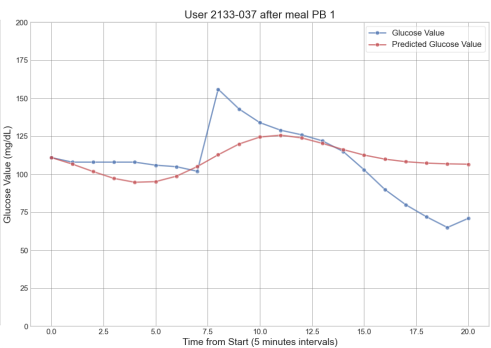
Kết quả phân tích về dự đoán lượng glucose sau bữa ăn dựa trên các biến thể mô hình Gaussian, Gamma và Mixed được thể hiện trong bảng 3, từ đó nhận thấy hiệu suất vượt trội của mô hình Gamma so với các biến thể còn lại. Hình 7, 8, 9, 10 là kết quả dự đoán của mô hình Gamma cho bốn bệnh nhân 2133-037, 2133-039, 2133-040 và 2133-041.

Biến thể mô hình	User ID				Trung bình
	User-037	User-039	User-040	User-041	
Gaussian	13.38	24.56	6.07	22.83	16.71
Gamma	11.39	16.14	11.63	10.13	12.32
Mixed	15.59	29.87	4.74	25.41	18.90

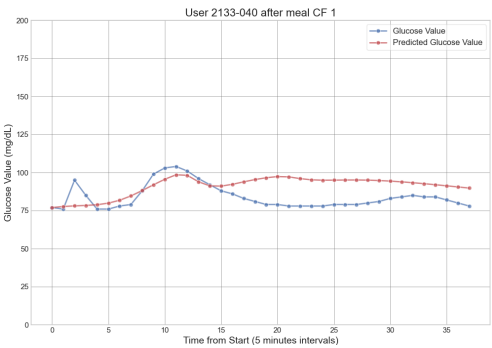
Bảng 3: Bảng kết quả so sánh giữa các mô hình (RMSE)



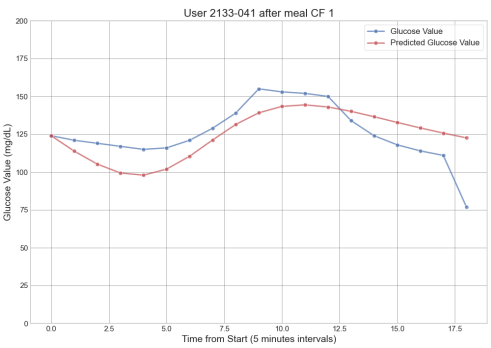
Hình 7: Kết quả trên bệnh nhân 2133-037



Hình 8: Kết quả trên bệnh nhân 2133-039



Hình 9: Kết quả trên bệnh nhân 2133-040



Hình 10: Kết quả trên bệnh nhân 2133-041

Tham số	User ID			
	User-037	User-039	User-040	User-041
p_1	0.79	0.09	0.54	0.21
p_2	0.84	0.85	0.66	0.93
p_3	-0.03	-0.06	-0.27	-0.04
p_4	0.03	-0.06	-0.27	-0.04
p_5	97.63	98.56	96.95	97.89
p_6	0.84	0.86	0.66	0.93
G_b	76.53	78.35	78.62	78.29
I_b	14.20	14.12	11.98	13.53

Bảng 4: Bảng kết quả tham số finetune của các bệnh nhân được tính bởi mô hình Gamma

Phân tích kết quả bảng tham số trên cho thấy:

- Hệ số nhạy cảm của tế bào beta với glucose ($p_4 \approx 0$) gần như bằng không: Điều này cho thấy tuyến tụy dường như không còn khả năng tiết insulin đáp ứng với sự tăng đường huyết. Đây là đặc trưng của bệnh tiểu đường loại 1.
- Hệ số nhạy cảm của hoạt động nhận glucose đối với insulin ($p_3 = -0,08$) thấp bất thường: Giá trị này thấp hơn đáng kể so với người bình thường, cho thấy các tế bào đích (gan, cơ, mỡ) giảm khả năng sử dụng glucose dưới tác dụng của insulin. Đây là biểu hiện của kháng insulin, thường gặp ở giai đoạn sớm của bệnh tiểu đường loại 2.

4 Kết luận

4.1 Ưu điểm của mô hình

Mô hình toán học đưa ra đã đảm bảo yêu cầu của đề bài bao gồm các yếu tố như vòng phản hồi âm, giới hạn sinh lý, cân bằng nội môi, và phản ứng của cơ thể trước sự thay đổi nồng độ glucose.

Mô hình có thể cá nhân hóa bệnh nhân, thể hiện sự khác biệt ở nhiều đặc điểm như khả năng phản ứng với insulin, sự phân bố và sử dụng năng lượng khác nhau... Phương pháp này từ đó có thể tạo ra những dự đoán chính xác hơn cho từng trường hợp cụ thể.

Ngoài ra, mô hình có khả năng phát hiện các chỉ số bất thường trong các tham số $p_1, p_2, p_3, p_4, p_5, p_6$ ở bệnh nhân tiểu đường. Ở những trường hợp này, quá trình điều hòa glucose bị gián đoạn, dẫn đến nồng độ glucose trong máu luôn cao hơn mức bình thường, và những bất thường này có thể được phản ánh qua các tham số trong mô hình. Từ đó thuận tiện cho việc phân loại bệnh tiểu đường loại 1 và loại 2.

4.2 Nhược điểm của mô hình

Mô hình nhạy cảm với chất lượng, tính đầy đủ và ổn định của dữ liệu đầu vào. Khi dữ liệu bị thiếu hoặc không đủ đại diện, độ chính xác của các dự đoán có thể bị suy giảm đáng kể.

Ngoài ra, mô hình không có khả năng tự cập nhật và thích ứng với những thay đổi sinh lý của cơ thể theo thời gian, dẫn đến dự đoán kém chính xác trong dài hạn. Mô hình khó dự đoán chính xác những biến động đột ngột của

đường huyết, đặc biệt là những biến đổi do các tác nhân bên ngoài hoặc khi có sự thay đổi chế độ ăn uống.

Nhóm nghiên cứu chưa xây dựng được mô hình hàm $N(t)$ hoàn chỉnh do chưa chọn được phân phối phù hợp cho từng chất. Bên cạnh đó chưa xuất hiện sự tương tác giữa các chất dinh dưỡng, chẳng hạn như tốc độ tạo ra glucose từ calories sẽ hoàn toàn phụ thuộc vào fat, protein, carbohydrate.

4.3 Hướng phát triển mô hình

Trước mắt, chúng ta cần tập trung vào việc khắc phục những hạn chế hiện tại, cải thiện độ chính xác mô hình. Một trong những ưu tiên là nâng cao độ chính xác của mô hình bằng cách sử dụng dữ liệu đầu vào phong phú và đa dạng hơn, bao gồm các dữ liệu thời gian thực và dữ liệu cập nhật liên tục để phản ánh những thay đổi sinh lý của cơ thể qua thời gian. Có thể bổ sung các yếu tố ngoại vi ảnh hưởng đến quá trình điều hòa glucose-insulin, chẳng hạn như mức độ căng thẳng, các hormone khác trong cơ thể, và tình trạng của các bệnh lý kèm theo như bệnh tim mạch hay béo phì.

Mô hình có thể mở rộng chức năng bao gồm chuẩn đoán bệnh (không chỉ các bệnh tiểu đường mà còn có các bệnh liên quan đến thận, tim mạch hay hệ thần kinh), đưa ra phác đồ điều trị phù hợp (điều chỉnh trực tiếp lượng insulin trong cơ thể bệnh nhân cho tiểu đường loại 1; thay đổi chế độ dinh dưỡng, tập luyện hàng ngày cho tiểu đường loại 2,...), dự báo tình trạng sức khỏe bất thường (hạ, tăng đường huyết liên tục).

Tóm lại, để mô hình phát triển một cách toàn diện và ứng dụng hiệu quả trong thực tiễn, việc nâng cấp và cải tiến các tham số mô hình, tích hợp dữ liệu thời gian thực và mở rộng phạm vi bao phủ của các yếu tố ngoại vi là những hướng đi cần thiết.

Tài liệu

- [1] Liu, Ziming, et al. “KAN: Kolmogorov-Arnold Networks.” arXiv preprint arXiv:2404.19756, 2024
- [2] Bengio, Yoshua, et al. “Curriculum Learning.” In Proceedings of the 26th Annual International Conference on Machine Learning, pp. 41-48. 2009.
- [3] Butcher, John C. “A history of Runge-Kutta methods.” Applied Numerical Mathematics 20.3 (1996): 247-260.
- [4] Chen, Ricky T. Q., et al. “Neural Ordinary Differential Equations.” In Advances in Neural Information Processing Systems, pp. 6571-6583. 2018. <https://github.com/rtqichen/torchdiffeq>.
- [5] Rumelhart, David E., Geoffrey E. Hinton, and Ronald J. Williams. “Learning representations by back-propagating errors.” Nature 323, no. 6088 (1986): 533-536.
- [6] Tham vấn y khoa: BSCKI. Vũ Thanh Tuấn. <https://medlatec.vn/tin-tuc/so-sanh-tieu-duong-type-1-va-type-2-khac-nhau-o-diem-nao-s62-n27845> .