

BỘ GIÁO DỤC
VÀ ĐÀO TẠO

VIỆN HÀN LÂM KHOA HỌC
VÀ CÔNG NGHỆ VIỆT NAM

HỌC VIỆN KHOA HỌC VÀ CÔNG NGHỆ



Đặng Anh Tuấn

NGHIÊN CỨU MỘT SỐ PHƯƠNG PHÁP HỌC SÂU VÀ ỨNG
DỤNG TRONG CHẨN ĐOÁN VIÊM DA CƠ ĐỊA Ở
VIỆT NAM

LUẬN VĂN THẠC SĨ MÁY TÍNH

Hà Nội - Năm 2024

ĐẶNG ANH TUẤN

HỆ THỐNG THÔNG TIN

NĂM 2024

BỘ GIÁO DỤC
VÀ ĐÀO TẠO

VIỆN HÀN LÂM KHOA HỌC
VÀ CÔNG NGHỆ VIỆT NAM

HỌC VIỆN KHOA HỌC VÀ CÔNG NGHỆ



Đặng Anh Tuấn

**NGHIÊN CỨU MỘT SỐ PHƯƠNG PHÁP HỌC SÂU VÀ ỨNG DỤNG
TRONG CHẨN ĐOÁN VIÊM DA CƠ ĐỊA Ở VIỆT NAM**

LUẬN VĂN THẠC SĨ MÁY TÍNH

Ngành: Hệ thống thông tin

Mã số: 8480104

NGƯỜI HƯỚNG DẪN KHOA HỌC:

A handwritten signature in blue ink, appearing to be "Vũ Văn Hiệu", is written over the printed name.

TS. VŨ VĂN HIỆU

Hà Nội - Năm 2024

LỜI CAM ĐOAN

Tôi xin cam đoan rằng luận văn này là công trình nghiên cứu của riêng mình, được thực hiện dưới sự hướng dẫn khoa học của TS. Vũ Văn Hiệu. Các số liệu và kết quả trình bày trong luận văn là trung thực, khách quan và chưa từng được công bố trong bất kỳ công trình nghiên cứu nào khác.

Ngoài ra, tất cả các nguồn tài liệu tham khảo được sử dụng trong luận văn đều được trích dẫn đầy đủ và rõ ràng theo quy định. Nếu phát hiện có bất kỳ sai sót nào, tôi xin hoàn toàn chịu trách nhiệm về nội dung của luận văn này.

Hà Nội, ngày 19 tháng 11 năm 2024

Học viên

Đặng Anh Tuấn

LỜI CẢM ƠN

Trước hết, tôi xin bày tỏ lòng biết ơn chân thành và sâu sắc nhất tới TS. Vũ Văn Hiệu, người đã luôn nhiệt tình hướng dẫn, chỉ bảo và hỗ trợ trong suốt quá trình thực hiện luận văn này. Những nhận xét quý báu, định hướng kịp thời của thầy đã giúp tôi vượt qua nhiều khó khăn và hoàn thành nghiên cứu này.

Tôi cũng xin chân thành cảm ơn các thầy cô trong Khoa Công nghệ Thông tin và Viễn thông, ban Lãnh đạo, phòng Đào tạo, các phòng chức năng của Học viện Khoa học và Công nghệ Việt Nam, những người đã truyền đạt cho tôi kiến thức và tạo mọi điều kiện thuận lợi để tôi có thể học tập và nghiên cứu một cách tốt nhất.

Bên cạnh đó, tôi xin gửi lời cảm ơn sâu sắc đến gia đình và bạn bè, những người đã luôn đồng hành, động viên và khích lệ tôi trong suốt quá trình nghiên cứu. Sự hỗ trợ tinh thần của mọi người là động lực to lớn giúp tôi hoàn thành luận văn này.

Cuối cùng, tôi xin cảm ơn tất cả những cá nhân và tổ chức đã trực tiếp hoặc gián tiếp giúp đỡ, đóng góp ý kiến quý báu trong suốt quá trình thực hiện luận văn. Sự giúp đỡ này đã góp phần không nhỏ vào thành công của công trình nghiên cứu này.

Hà Nội, ngày 19 tháng 11 năm 2024

Học viên



Đặng Anh Tuấn

MỤC LỤC

LỜI CAM ĐOAN	I
LỜI CẢM ƠN.....	II
MỤC LỤC	III
DANH MỤC CÁC KÝ HIỆU, CÁC CHỮ VIẾT TẮT	V
DANH MỤC CÁC HÌNH VẼ	VI
DANH MỤC CÁC BẢNG BIỂU.....	VII
MỞ ĐẦU	1
CHƯƠNG 1: TỔNG QUAN VỀ CÁC PHƯƠNG PHÁP HỌC SÂU ỨNG DỤNG TRONG HỖ TRỢ CHẨN ĐOÁN	12
1.1. Giới thiệu	12
1.2. Phát biểu bài toán.....	14
1.3. Tiền xử lý tập dữ liệu	15
1.4. Tổng quan tình hình nghiên cứu.....	25
1.5. Ứng dụng học sâu trong phân loại ảnh	34
Kết luận chương 1.....	37
CHƯƠNG 2: XÂY DỰNG MÔ HÌNH HỌC SÂU HỖ TRỢ CHẨN	38
2.1. Mạng Nơ-ron Tích chập (Convolutional Neural Network - CNN)	38
2.2. TensorFlow	40
2.3. Học chuyển giao (Transfer learning).....	42
2.4. Mô hình học chuyển giao được huấn luyện trước.....	43
2.5. Cơ sở dữ liệu	52
2.6. Các chỉ số đánh giá hiệu năng.....	53
2.7. Phương pháp đề xuất.....	62
Kết luận chương 2.....	69

CHƯƠNG 3: THỬ NGHIỆM MÔ HÌNH HỌC SÂU TRONG HỒ	71
3.1. Điều chỉnh mô hình học sâu (Fine-tuning)	71
3.2. Chiến lược huấn luyện mô hình.....	74
3.3. Đánh giá hiệu quả mô hình	79
Kết luận chương 3.....	90
KẾT LUẬN VÀ KIẾN NGHỊ	91
KẾT LUẬN	91
HẠN CHẾ VÀ KHÓ KHĂN	92
KIẾN NGHỊ	92
KẾT LUẬN CUỐI CÙNG	93
TÀI LIỆU THAM KHẢO	94

DANH MỤC CÁC KÝ HIỆU, CÁC CHỮ VIẾT TẮT

Kí hiệu	Tiếng Anh	Tiếng Việt
AD	Atopic Dermatitis	Viêm da cơ địa
CNN	Convolutional Neural Network	Mạng nơ-ron tích chập
DL	Deep Learning	Học sâu
ML	Machine Learning	Học máy
AI	Artificial Intelligence	Trí tuệ nhân tạo
GPU	Graphics Processing Unit	Đơn vị xử lý đồ họa
TP	True Positive	Dự đoán đúng dương tính
TN	True Negative	Dự đoán đúng âm tính
FP	False Positive	Dự đoán sai dương tính
FN	False Negative	Dự đoán sai âm tính
ROC	Receiver Operating Characteristic	Đặc tính vận hành bộ thu
AUC	Area Under the Curve	Diện tích dưới đường cong
ReLU	Rectified Linear Unit	Hàm kích hoạt tuyến tính được chỉnh lý
Adam	Adaptive Moment Estimation	Thuật toán tối ưu hóa
IoU	Intersection over Union	Giao điểm trên hợp điểm
Acc	Accuracy	Độ chính xác
Spec	Specificity	Độ đặc hiệu
Recall	Sensitivity/Recall	Độ nhạy
F1-Score	F1-Score	Chỉ số F1
TL	Transfer Learning	Học chuyển giao
VGG	Visual Geometry Group	Mô hình học sâu VGG
ResNet	Residual Network	Mạng nơ-ron hồi tiếp
EfficientNet	Efficient Neural Network	Mạng nơ-ron hiệu quả

DANH MỤC CÁC HÌNH VẼ

Hình 1.1: Kiến trúc CNN EfficientNet-b4 phân tích ảnh bệnh.....	27
Hình 1.2: Mô hình luồng làm việc trên nền tảng di động của AIDDA.....	28
Hình 2. 1: Quá trình phân loại ảnh sử dụng CNN	39
Hình 2.2: Ví dụ về đồ thị dòng dữ liệu trong TensorFlow	41
Hình 2.3: Mô hình học chuyển giao.	43
Hình 2.4: Mô hình kiến trúc VGG16 với các lớp chập và lớp fully-connected	44
Hình 2.5: Kiến trúc mạng EfficientNet B7 với các block tích chập và MBConv	46
Hình 2.6: Kiến trúc mạng ResNet-152 với các lớp tích chập và kết nối tắt (skip connections).	48
Hình 2.7: Kiến trúc mạng Xception với ba giai đoạn chính: Entry flow, Middle flow, và Exit flow.	51
Hình 2.8: Kiến trúc mạng DenseNet-121 với bốn khối Dense Blocks và các lớp chuyển tiếp (Transition layers).	52
Hình 2.9: Một số hình ảnh mẫu từ tập dữ liệu VNCancer bao gồm viêm da cơ địa (AD) và không viêm da cơ địa (NAD).....	53
Hình 2.10: Kiến trúc mô hình đề xuất cho chẩn đoán viêm da cơ địa	64
Hình 3.1: Các hình minh họa cho hiệu suất mô hình InceptionV3 với batch size = 16 và epoch = 200	80
Hình 3.2: Các hình minh họa cho hiệu suất mô hình EfficientNetB0 với batch size = 8 và epoch = 200.....	82
Hình 3.3: Các hình minh họa cho hiệu suất mô hình MobileNetV2 với batch size = 16 và epoch = 100	84
Hình 3.4: Các hình minh họa cho hiệu suất mô hình Xception với batch size = 16 và epoch = 100.....	86
Hình 3.5: Các hình minh họa cho hiệu suất mô hình DenseNet121 với batch size = 16 và epoch = 100.....	89

DANH MỤC CÁC BẢNG BIỂU

Bảng 1.1: Số lượt bệnh nhân đến khám tại Bệnh viện Da liễu Trung ương giai đoạn 2016-2020.....	30
Bảng 1.2: So sánh các triệu chứng qua các giai đoạn khác nhau.....	31
Bảng 2.1: Bảng các cấp độ của tensor	41
Bảng 2.2: Ma trận nhầm lẫn cho bài toán phân loại nhị phân.....	62
Bảng 3.1: Kết quả thực nghiệm của mô hình EfficientNetB0.....	81
Bảng 3.2: Kết quả thực nghiệm của mô hình Xception	85
Bảng 3.3: Kết quả thực nghiệm của mô hình DenseNet121	87
Bảng 3.4: Kết quả so sánh giữa các mô hình	88

MỞ ĐẦU

1. Lý do chọn đề tài

Viêm da cơ địa (Atopic Dermatitis - AD) là một bệnh lý da mạn tính phổ biến, gây ảnh hưởng nghiêm trọng đến chất lượng cuộc sống của người bệnh. Bệnh có triệu chứng đa dạng, diễn biến phức tạp, và thường xuyên tái phát, khiến việc chẩn đoán trở nên khó khăn. Điều này đặc biệt đáng lưu ý trong bối cảnh hệ thống y tế ở Việt Nam, nơi nguồn lực y tế còn hạn chế và số lượng các bác sĩ chuyên môn cao về da liễu chưa đáp ứng đủ nhu cầu.

Những năm gần đây, các phương pháp học sâu (Deep Learning) đã cho thấy tiềm năng vượt trội trong việc phân tích hình ảnh y tế và hỗ trợ chẩn đoán tự động. Các mô hình mạng nơ-ron tích chập (Convolutional Neural Networks - CNNs) đã được ứng dụng thành công trong nhiều lĩnh vực y tế, giúp nâng cao độ chính xác trong chẩn đoán và hỗ trợ các bác sĩ trong việc đưa ra quyết định điều trị nhanh chóng và chính xác. Tuy nhiên, việc nghiên cứu và ứng dụng học sâu trong chẩn đoán viêm da cơ địa tại Việt Nam vẫn chưa được phát triển rộng rãi.

Xuất phát từ nhu cầu cấp thiết trong việc nâng cao hiệu quả chẩn đoán bệnh viêm da cơ địa và tiềm năng ứng dụng của học sâu trong lĩnh vực này, đề tài "***Nghiên cứu một số phương pháp học sâu và ứng dụng trong chẩn đoán viêm da cơ địa ở Việt Nam***" được lựa chọn nhằm khám phá khả năng của các mô hình học sâu trong việc phân loại và chẩn đoán chính xác bệnh. Mục tiêu của nghiên cứu không chỉ hướng đến cải thiện quy trình chẩn đoán mà còn giúp giảm tải cho các bác sĩ da liễu và nâng cao chất lượng điều trị bệnh nhân, đặc biệt trong các khu vực thiếu hụt nguồn lực y tế.

Bằng cách phát triển và tối ưu hóa các mô hình học sâu hiện đại, đề tài này đặt ra mục tiêu hỗ trợ việc chẩn đoán viêm da cơ địa một cách hiệu quả và chính xác hơn, góp phần quan trọng vào việc cải thiện chất lượng chẩn đoán bệnh lý da tại Việt Nam.

1. Mục tiêu nghiên cứu của luận văn

Mục tiêu chính của luận văn là nghiên cứu, phát triển và ứng dụng các phương pháp học sâu hiện đại nhằm hỗ trợ quá trình chẩn đoán viêm da cơ địa tại Việt Nam, một bệnh lý da phức tạp và khó chẩn đoán chính xác. Các mục tiêu cụ thể bao gồm:

- **Xây dựng và phát triển các mô hình học sâu hiệu quả** sử dụng mạng nơ-ron tích chập (Convolutional Neural Networks - CNNs) để tự động phân loại và chẩn đoán viêm da cơ địa từ hình ảnh da lâm sàng. Mô hình cần có khả năng hoạt động hiệu quả trên tập dữ liệu giới hạn, phù hợp với điều kiện thực tế ở Việt Nam.
- **Nghiên cứu và áp dụng các kiến trúc mạng học sâu tiên tiến** như VGG16, VGG19, ResNet, EfficientNet, và các mô hình khác đã chứng minh hiệu quả trong phân loại hình ảnh y tế. Mục tiêu là tối ưu hóa các mô hình này để đạt được độ chính xác cao trong chẩn đoán viêm da cơ địa.
- **Sử dụng phương pháp học chuyển giao (Transfer Learning)** để tận dụng các mô hình đã được huấn luyện trước trên tập dữ liệu lớn, sau đó điều chỉnh (fine-tuning) cho phù hợp với đặc điểm của tập dữ liệu hình ảnh da tại Việt Nam. Kỹ thuật này giúp cải thiện hiệu suất mô hình, đặc biệt trong bối cảnh dữ liệu hạn chế.
- **Thực hiện các kỹ thuật tăng cường dữ liệu (Data Augmentation)** để cải thiện chất lượng và số lượng dữ liệu huấn luyện, giúp mô hình học sâu hoạt động tốt hơn khi xử lý các tập dữ liệu không cân bằng và nhỏ.
- **Đánh giá hiệu năng của các mô hình học sâu** đã phát triển bằng cách sử dụng các chỉ số đánh giá hiệu suất như độ chính xác (Accuracy), độ nhạy (Recall), độ đặc hiệu (Specificity), và chỉ số AUC-ROC. Từ đó, so sánh và chọn ra mô hình tối ưu nhất cho hệ thống hỗ trợ chẩn đoán.
- **Đề xuất một hệ thống chẩn đoán viêm da cơ địa tự động và tích hợp** có khả năng hỗ trợ bác sĩ trong việc phát hiện và chẩn đoán sớm bệnh viêm da cơ địa. Hệ thống này cần dễ dàng ứng dụng trong các cơ sở y tế tại Việt Nam, giúp nâng cao chất lượng chẩn đoán và điều trị.

Những mục tiêu này không chỉ hướng đến việc giải quyết các thách thức trong chẩn đoán viêm da cơ địa mà còn góp phần ứng dụng học sâu vào lĩnh vực y tế tại Việt Nam, từ đó mang lại giá trị thiết thực trong thực tiễn chăm sóc sức khỏe.

2. Đối tượng và phạm vi nghiên cứu

Đối tượng nghiên cứu

Đối tượng nghiên cứu của luận văn là các phương pháp học sâu hiện đại, đặc biệt là mạng nơ-ron tích chập (Convolutional Neural Networks - CNNs), được ứng dụng trong việc chẩn đoán bệnh viêm da cơ địa (Atopic Dermatitis - AD) thông qua phân tích hình ảnh da lâm sàng. Các mô hình học sâu này đã chứng minh hiệu quả trong phân loại ảnh y tế, đặc biệt là trong chẩn đoán bệnh lý da liễu. Việc nghiên cứu tập trung vào việc ứng dụng các mô hình tiên tiến như VGG16, VGG19, ResNet, và EfficientNet.

Phạm vi nghiên cứu

Phạm vi nghiên cứu của luận văn được giới hạn trong các khía cạnh sau:

- **Dữ liệu nghiên cứu:** Nghiên cứu sử dụng các tập dữ liệu hình ảnh da lâm sàng liên quan đến viêm da cơ địa, bao gồm hình ảnh các tổn thương da từ bệnh nhân. Dữ liệu này được thu thập và chú thích bởi các chuyên gia da liễu. Do đặc thù của dữ liệu y tế, tập dữ liệu có thể có quy mô nhỏ và không cân bằng giữa các loại nhãn, nên các phương pháp tăng cường dữ liệu và cân bằng nhãn sẽ được áp dụng để cải thiện chất lượng dữ liệu.
- **Các mô hình học sâu:** Luận văn tập trung vào việc nghiên cứu và phát triển các mô hình học sâu đã được áp dụng rộng rãi trong phân loại hình ảnh y tế như VGG16, VGG19, ResNet, EfficientNet, và DenseNet. Mỗi mô hình sẽ được tinh chỉnh và điều chỉnh (fine-tuning) để phù hợp với bài toán chẩn đoán viêm da cơ địa, đồng thời đảm bảo hiệu năng trên tập dữ liệu hình ảnh da lâm sàng.
- **Phương pháp đánh giá hiệu năng:** Hiệu năng của các mô hình sẽ được đánh giá thông qua các chỉ số đánh giá phổ biến như độ chính xác (Accuracy), độ nhạy

(Recall), độ đặc hiệu (Specificity), F1-Score, và chỉ số AUC-ROC (Area Under the Receiver Operating Characteristics Curve). Các chỉ số này cho phép so sánh và đánh giá hiệu suất của các mô hình trong việc phân loại viêm da cơ địa, từ đó lựa chọn mô hình tối ưu nhất.

- **Phạm vi ứng dụng:** Luận văn hướng đến việc ứng dụng mô hình học sâu vào hệ thống hỗ trợ chẩn đoán bệnh viêm da cơ địa trong thực tiễn y tế tại Việt Nam. Hệ thống này có khả năng hỗ trợ các bác sĩ da liễu trong việc phát hiện sớm và chẩn đoán bệnh nhanh chóng, chính xác. Mục tiêu là triển khai hệ thống trong các cơ sở y tế, đặc biệt tại các khu vực còn thiếu chuyên gia về da liễu.

Phạm vi nghiên cứu được giới hạn trong việc phát triển và tối ưu hóa các mô hình học sâu, xử lý các vấn đề về dữ liệu y tế hạn chế, và hướng đến việc áp dụng trong thực tiễn y tế Việt Nam nhằm cải thiện hiệu quả chẩn đoán bệnh viêm da cơ địa.

3. Phương pháp nghiên cứu

Luận văn sử dụng các phương pháp nghiên cứu hiện đại trong lĩnh vực học sâu để phát triển mô hình hỗ trợ chẩn đoán viêm da cơ địa. Phương pháp nghiên cứu được xây dựng theo các bước sau:

3.1. *Phương pháp thu thập và xử lý dữ liệu*

- **Thu thập dữ liệu:** Dữ liệu hình ảnh da lâm sàng được thu thập từ các cơ sở y tế có chuyên môn về bệnh da liễu. Các hình ảnh liên quan đến viêm da cơ địa được chú thích kỹ lưỡng bởi các chuyên gia y tế, đảm bảo chất lượng và độ chính xác của dữ liệu. Dữ liệu bao gồm các hình ảnh về các tổn thương da, được sử dụng làm đầu vào cho các mô hình học sâu.
- **Tiền xử lý dữ liệu:** Dữ liệu hình ảnh sẽ trải qua các bước tiền xử lý để loại bỏ nhiễu và tối ưu hóa chất lượng đầu vào cho mô hình học sâu. Các kỹ thuật tiền xử lý bao gồm:
 - *Loại bỏ các yếu tố không liên quan* như lông tóc trong hình ảnh, giúp tập trung vào khu vực tổn thương.

- *Cân bằng sáng* để điều chỉnh độ sáng của hình ảnh, giúp nhận dạng rõ hơn các vùng tổn thương.
- *Chuẩn hóa dữ liệu* để đảm bảo các giá trị pixel nằm trong khoảng phù hợp với yêu cầu của các mô hình học sâu.
- *Loại bỏ nhiễu* bằng các thuật toán xử lý ảnh để giảm thiểu tác động của các yếu tố không mong muốn trong hình ảnh.
- *Tăng cường dữ liệu (Data Augmentation)*: Do tập dữ liệu có kích thước nhỏ, kỹ thuật này sẽ được áp dụng để tạo ra các biến thể khác nhau của hình ảnh thông qua xoay, lật, phóng to/thu nhỏ, nhằm giúp mô hình học sâu tránh bị quá khớp (overfitting) và cải thiện khả năng tổng quát hóa.

3.2. *Xây dựng mô hình học sâu*

- **Chọn kiến trúc mô hình:** Các mô hình học sâu tiêu biểu như VGG16, VGG19, ResNet, và EfficientNet sẽ được lựa chọn để áp dụng vào bài toán phân loại hình ảnh da lâm sàng. Các mô hình này đã được chứng minh hiệu quả cao trong nhiều bài toán phân loại ảnh y tế.
- **Học chuyển giao (Transfer Learning):** Phương pháp học chuyển giao sẽ được áp dụng để tận dụng các mô hình đã được huấn luyện trước trên tập dữ liệu lớn (như ImageNet), sau đó tinh chỉnh (fine-tuning) cho phù hợp với tập dữ liệu hình ảnh viêm da cơ địa. Điều này giúp giảm thời gian huấn luyện và cải thiện hiệu quả của mô hình trên dữ liệu nhỏ.
- **Tối ưu hóa mô hình:** Các siêu tham số của mô hình như số lượng epoch, kích thước batch size, và tốc độ học (learning rate) sẽ được tối ưu hóa thông qua các thử nghiệm. Quá trình này nhằm cải thiện khả năng phân loại của mô hình trên tập dữ liệu viêm da cơ địa.

3.3. *Huấn luyện và đánh giá mô hình*

- **Huấn luyện mô hình:** Quá trình huấn luyện các mô hình học sâu sẽ được thực hiện trên tập dữ liệu đã qua tiền xử lý, với các thông số đã được tinh chỉnh để đạt

hiệu quả tối ưu. Việc huấn luyện sẽ được theo dõi chặt chẽ để tránh hiện tượng quá khớp và đảm bảo mô hình học được các đặc trưng quan trọng của dữ liệu.

- **Đánh giá mô hình:** Sau khi huấn luyện, các mô hình sẽ được đánh giá dựa trên các chỉ số hiệu năng như:
 - *Độ chính xác (Accuracy):* Tỷ lệ dự đoán chính xác của mô hình.
 - *Độ nhạy (Sensitivity/Recall):* Khả năng mô hình phát hiện đúng các trường hợp dương tính (bệnh).
 - *Độ đặc hiệu (Specificity):* Khả năng mô hình phát hiện đúng các trường hợp âm tính (không bệnh).
 - *F1-Score:* Chỉ số kết hợp giữa độ chính xác và độ nhạy, giúp đánh giá cân bằng hiệu suất mô hình.
 - *AUC-ROC (Area Under the Receiver Operating Characteristics Curve):* Đo lường khả năng của mô hình phân biệt giữa các lớp khác nhau trên nhiều ngưỡng phân loại.

3.4. So sánh và lựa chọn mô hình tối ưu

Các mô hình học sâu sau khi huấn luyện và đánh giá sẽ được so sánh dựa trên các chỉ số hiệu năng đã thu thập. Dựa vào kết quả này, mô hình có hiệu năng cao nhất sẽ được chọn làm mô hình chính trong hệ thống hỗ trợ chẩn đoán viêm da cơ địa.

4. Nội dung nghiên cứu

Luận văn tập trung vào việc nghiên cứu và phát triển các phương pháp học sâu (Deep Learning) nhằm hỗ trợ chẩn đoán viêm da cơ địa thông qua phân tích hình ảnh da lâm sàng. Nội dung chính của luận văn được chia thành các phần sau:

4.1. Tổng quan về viêm da cơ địa và các phương pháp học sâu

- **Viêm da cơ địa (Atopic Dermatitis - AD):** Trình bày khái quát về bệnh viêm da cơ địa, một bệnh da liễu mạn tính phổ biến, đặc biệt là ở trẻ em, gây ra các triệu

chứng như ngứa, sưng đỏ, và viêm nhiễm da. Nội dung này sẽ bao gồm cơ chế bệnh sinh, các yếu tố nguy cơ, và sự phức tạp trong quá trình chẩn đoán và điều trị.

- **Ứng dụng học sâu trong chẩn đoán y tế:** Giới thiệu về sự phát triển của học sâu, đặc biệt là mạng nơ-ron tích chập (CNNs), trong việc phân loại hình ảnh y tế, bao gồm cả những thành tựu nổi bật trong chẩn đoán các bệnh về da. Phân tích các phương pháp học sâu đã được nghiên cứu và ứng dụng trong lĩnh vực y tế, đặc biệt là trong chẩn đoán tự động viêm da cơ địa.
- **Tổng quan các mô hình học sâu phổ biến:** Trình bày các kiến trúc mô hình học sâu phổ biến như VGG16, VGG19, ResNet, EfficientNet, và MobileNet. Những mô hình này đã chứng minh hiệu quả cao trong các bài toán phân loại ảnh, đặc biệt là trong y tế.

4.2. *Xây dựng hệ thống học sâu hỗ trợ chẩn đoán viêm da cơ địa*

- **Cơ sở dữ liệu:** Mô tả các tập dữ liệu được sử dụng trong luận văn, bao gồm các hình ảnh da lâm sàng thu thập từ bệnh nhân viêm da cơ địa và các loại bệnh da khác. Tập dữ liệu bao gồm các hình ảnh được chú thích chi tiết bởi các bác sĩ và chuyên gia da liễu, giúp quá trình huấn luyện mô hình đạt được kết quả tốt.
- **Tiền xử lý dữ liệu:** Trình bày chi tiết các kỹ thuật tiền xử lý dữ liệu như loại bỏ lông tóc, cân bằng sáng, chuẩn hóa dữ liệu, và loại bỏ nhiễu. Ngoài ra, luận văn còn đề cập đến việc sử dụng các kỹ thuật tăng cường dữ liệu (Data Augmentation) nhằm tạo ra nhiều biến thể khác nhau của hình ảnh và cải thiện khả năng tổng quát hóa của mô hình.
- **Xây dựng mô hình học sâu:** Trình bày quy trình xây dựng và huấn luyện các mô hình học sâu, bao gồm các kiến trúc mạng như VGG16, VGG19, ResNet, EfficientNet và MobileNet. Mỗi mô hình sẽ được tinh chỉnh (fine-tuning) và sử dụng phương pháp học chuyển giao (Transfer Learning) để cải thiện hiệu suất huấn luyện trên tập dữ liệu nhỏ.
- **Huấn luyện và đánh giá mô hình:** Luận văn sử dụng tập dữ liệu huấn luyện để

huấn luyện mô hình và sau đó đánh giá hiệu năng của các mô hình dựa trên các chỉ số như độ chính xác (Accuracy), độ nhạy (Sensitivity/Recall), độ đặc hiệu (Specificity), F1-Score, và AUC-ROC. Các chỉ số này sẽ giúp đánh giá hiệu quả của từng mô hình và lựa chọn mô hình tốt nhất.

4.3. **Đánh giá hiệu quả mô hình**

- **So sánh các mô hình học sâu:** Sau khi huấn luyện, các mô hình học sâu sẽ được so sánh về hiệu suất dựa trên các chỉ số đánh giá đã nêu. Nội dung này sẽ tập trung vào việc phân tích ưu và nhược điểm của từng mô hình, bao gồm các yếu tố như độ chính xác, tốc độ huấn luyện, và khả năng tổng quát hoá.
- **Tối ưu hóa mô hình:** Dựa trên kết quả so sánh, mô hình tốt nhất sẽ được chọn để tối ưu hóa thêm bằng cách điều chỉnh các siêu tham số như số epoch, kích thước batch size, và tốc độ học (learning rate) nhằm đạt được kết quả tối ưu nhất.

4.4. **Kết luận và đề xuất hướng nghiên cứu trong tương lai**

- **Tổng kết kết quả nghiên cứu:** Tóm tắt các kết quả đạt được, bao gồm mô hình tốt nhất trong việc chẩn đoán viêm da cơ địa và các chỉ số hiệu suất đạt được.
- **Đề xuất hướng phát triển tiếp theo:** Đưa ra các gợi ý về hướng nghiên cứu tương lai, bao gồm khả năng áp dụng mô hình vào các bệnh lý da khác, cải tiến về tập dữ liệu, và ứng dụng mô hình trên các hệ thống thực tế như ứng dụng di động hỗ trợ chẩn đoán y tế.

5. **Những đóng góp chính của luận văn**

Luận văn đã có những đóng góp quan trọng trong lĩnh vực ứng dụng học sâu vào việc chẩn đoán bệnh viêm da cơ địa, bao gồm các khía cạnh lý thuyết và thực tiễn. Cụ thể, những đóng góp chính của luận văn được thể hiện như sau:

- **Phát triển hệ thống chẩn đoán viêm da cơ địa tự động dựa trên học sâu:** Luận văn đã phát triển một hệ thống chẩn đoán tự động sử dụng các mô hình học sâu, đặc biệt là các mạng nơ-ron tích chập (CNNs) để phân tích hình ảnh da lâm

sàng. Hệ thống này giúp cải thiện độ chính xác trong việc phát hiện và chẩn đoán viêm da cơ địa, góp phần hỗ trợ các bác sĩ trong quá trình chẩn đoán và điều trị bệnh nhân.

- **Ứng dụng và đánh giá các mô hình học sâu hiện đại:** Luận văn đã tiến hành nghiên cứu, thử nghiệm và so sánh hiệu năng của nhiều kiến trúc mạng nơ-ron khác nhau như VGG16, VGG19, ResNet, EfficientNet và MobileNet. Các mô hình này đã được tùy chỉnh và tinh chỉnh (fine-tuning) để phù hợp với bài toán chẩn đoán viêm da cơ địa.
- **Sử dụng học chuyển giao để tối ưu hóa mô hình trên tập dữ liệu nhỏ:** Do đặc điểm tập dữ liệu hình ảnh y tế thường có quy mô nhỏ, luận văn đã áp dụng kỹ thuật học chuyển giao (Transfer Learning), tận dụng các mô hình đã được huấn luyện trước trên tập dữ liệu lớn. Kỹ thuật này giúp giảm thiểu thời gian huấn luyện và cải thiện độ chính xác của mô hình trên tập dữ liệu giới hạn.
- **Xây dựng quy trình tiền xử lý dữ liệu toàn diện:** Một quy trình tiền xử lý dữ liệu hoàn chỉnh đã được phát triển, bao gồm các bước loại bỏ nhiễu, cân bằng sáng, chuẩn hóa và tăng cường dữ liệu (Data Augmentation). Quy trình này giúp cải thiện chất lượng hình ảnh đầu vào và đảm bảo mô hình học sâu hoạt động hiệu quả, hạn chế các lỗi dự đoán do dữ liệu không đồng nhất.
- **Đánh giá toàn diện hiệu năng mô hình bằng các chỉ số đánh giá chuyên sâu:** Luận văn đã đánh giá các mô hình học sâu thông qua nhiều chỉ số đánh giá như độ chính xác (Accuracy), độ nhạy (Sensitivity/Recall), độ đặc hiệu (Specificity), chỉ số F1-Score và AUC-ROC. Việc phân tích sâu này giúp làm rõ khả năng của mỗi mô hình trong việc phân loại chính xác viêm da cơ địa.
- **Góp phần nâng cao hiệu quả chẩn đoán y tế trong lĩnh vực da liễu tại Việt Nam:** Luận văn cung cấp một giải pháp kỹ thuật tiên tiến, có thể áp dụng rộng rãi vào thực tiễn trong hệ thống y tế, đặc biệt là trong chẩn đoán viêm da cơ địa. Hệ thống tự động này có thể hỗ trợ các bác sĩ trẻ hoặc thiếu kinh nghiệm trong việc đưa ra quyết định chẩn đoán nhanh và chính xác hơn.

Đề xuất hướng phát triển tiếp theo cho các nghiên cứu tương lai: Ngoài

những kết quả đạt được, luận văn đã đưa ra các đề xuất và định hướng cho các nghiên cứu trong tương lai, bao gồm khả năng mở rộng mô hình để ứng dụng cho các loại bệnh lý da khác, và phát triển hệ thống trên nền tảng di động để hỗ trợ bác sĩ chẩn đoán từ xa.

Những đóng góp này không chỉ mang tính học thuật mà còn có ý nghĩa thực tiễn trong lĩnh vực chăm sóc sức khỏe, đặc biệt là trong chẩn đoán và điều trị các bệnh về da.

6. Bố cục luận văn

Luận văn gồm 3 chương chính với bố cục như sau:

Chương 1: Tổng quan về các phương pháp học sâu ứng dụng trong hỗ trợ chẩn đoán viêm da cơ địa

- Trình bày tổng quan về bệnh viêm da cơ địa, các triệu chứng, nguyên nhân, và thách thức trong quá trình chẩn đoán.
- Giới thiệu các thành tựu của học sâu trong việc phân tích hình ảnh y tế, đặc biệt là mạng nơ-ron tích chập (CNNs) trong chẩn đoán bệnh.
- Tổng quan về các mô hình học sâu tiêu biểu như VGG16, VGG19, ResNet, EfficientNet và các phương pháp học chuyển giao (Transfer Learning).

Chương 2: Xây dựng mô hình học sâu hỗ trợ chẩn đoán viêm da cơ địa

- Trình bày quá trình thu thập dữ liệu hình ảnh da lâm sàng và các kỹ thuật tiền xử lý dữ liệu như cân bằng sáng, loại bỏ nhiễu và tăng cường dữ liệu (Data Augmentation).
- Trình bày quá trình xây dựng và tinh chỉnh các mô hình học sâu, sử dụng các kỹ thuật học chuyển giao để tối ưu hóa hiệu năng mô hình trên tập dữ liệu nhỏ.
- Giải thích cách huấn luyện và đánh giá hiệu năng của mô hình bằng các chỉ số như độ chính xác, độ nhạy, độ đặc hiệu, F1-Score và AUC-ROC.

Chương 3: Thử nghiệm mô hình học sâu trong hỗ trợ chẩn đoán viêm da cơ địa

- Trình bày kết quả của các mô hình học sâu sau khi huấn luyện trên tập dữ liệu viêm da cơ địa, bao gồm so sánh chi tiết giữa các mô hình về hiệu năng.
- Đánh giá tổng quan về mô hình tốt nhất và các yếu tố ảnh hưởng đến hiệu suất của mô hình.
- Tổng kết các đóng góp của luận văn và đề xuất hướng phát triển trong tương lai, bao gồm khả năng mở rộng mô hình cho các bệnh lý da khác và ứng dụng thực tiễn trong chẩn đoán y tế.

Bố cục của luận văn được tổ chức theo 3 chương chính, giúp trình bày rõ ràng quá trình nghiên cứu từ tổng quan lý thuyết, phương pháp nghiên cứu, cho đến các kết quả thực nghiệm và đánh giá chi tiết.

CHƯƠNG 1: TỔNG QUAN VỀ CÁC PHƯƠNG PHÁP HỌC SÂU ỨNG DỤNG TRONG HỖ TRỢ CHẨN ĐOÁN VIÊM DA CƠ ĐỊA

Trong thời đại y tế số, việc ứng dụng các công nghệ trí tuệ nhân tạo và học sâu (Deep Learning - DL) đã đóng một vai trò quan trọng trong việc phát hiện và chẩn đoán bệnh, đặc biệt là trong lĩnh vực da liễu. Viêm da cơ địa (Atopic Dermatitis - AD), một bệnh lý da mạn tính gây ra nhiều khó khăn trong chẩn đoán do sự đa dạng về triệu chứng và diễn biến phức tạp, đang thu hút sự chú ý của cộng đồng nghiên cứu trong và ngoài nước. Với sự phát triển vượt bậc của các mạng nơ-ron tích chập (Convolutional Neural Networks - CNNs), đã có nhiều nghiên cứu áp dụng thành công các phương pháp học sâu vào việc hỗ trợ chẩn đoán hình ảnh y tế, đặc biệt trong việc phát hiện các bệnh lý về da như viêm da cơ địa, ung thư da, và các bệnh viêm nhiễm khác.

Chương này sẽ giới thiệu các khái niệm cơ bản về học sâu, mạng nơ-ron tích chập và vai trò của chúng trong việc chẩn đoán bệnh viêm da cơ địa. Ngoài ra, chương cũng cung cấp tổng quan về các mô hình đã được huấn luyện trước và phương pháp học chuyển giao, những yếu tố nền tảng trong các nghiên cứu hiện nay về ứng dụng học sâu trong y tế. Bằng cách tổng hợp các nghiên cứu trong và ngoài nước, chương này sẽ giúp làm rõ hơn bối cảnh nghiên cứu về học sâu trong lĩnh vực da liễu, đặc biệt là viêm da cơ địa.

1.1. Giới thiệu

Bệnh viêm da cơ địa (Atopic Dermatitis-AD) là một triệu chứng nặng của bệnh chàm (Eczema-Ecz) [1] gây xung, đỏ, rạn và ngứa trên da. Hầu hết số ca bệnh xảy ra trong độ tuổi trẻ em chiếm 70%, trong đó có đến 15-20% trẻ em từ tuổi 13 trở xuống bị ảnh hưởng bởi bệnh [2, 3]. Để đạt hiệu quả cao trong điều trị cần có một phương pháp ước tính độ phát triển nghiêm trọng của bệnh nhằm đánh giá sự tiến triển của bệnh nhân. Hiện nay công nghệ học sâu đang phát triển rất nhanh trong kỷ nguyên số và được sử dụng nhiều trong các lĩnh vực y tế như bệnh học và ảnh X quang [4, 5].

Tuy vậy sự áp dụng của công nghệ học sâu trong lĩnh vực da liễu còn khá khiêm tốn và nhiều sai sót vì sự phức tạp của các biến chứng [6].

AD là một dạng nặng của bệnh chàm gây ngứa mãn tính, ảnh hưởng 15-20% trẻ em nhưng có thể bị nhiễm ở mọi lứa tuổi. Ước tính rằng có tới 16.5 triệu người lớn tại Mỹ (tương ứng 7.3%) đã từng bị mắc AD khi chỉ mới ngưỡng 2 tuổi trở lên, với 40% trong số đó mắc bệnh vừa hoặc nặng [7]. Ngoài những ảnh hưởng về da, những người mắc phải AD có nguy cơ nhiễm bệnh dị ứng đường hô hấp như hen suyễn hoặc viêm mũi dị ứng, hay những bệnh về rối loạn thần kinh như trầm cảm hay rối loạn lo âu [8, 9]. Thêm vào đó, AD thường dễ bị chẩn đoán sai do các triệu chứng thường phân bố và biến đổi bất thường và có điểm tương đồng với các loại bệnh viêm về da khác. Vì vậy cần thiết có phương pháp để hỗ trợ các bác sĩ và chuyên gia trong việc chẩn đoán, đặc biệt hữu ích cho chuyên gia da liễu trẻ và thiếu kinh nghiệm.

Kỹ thuật học sâu (Deep Learning-DL) đang trở thành một từ thông dụng ngày nay, đặc biệt là đối với các bài toán ảnh y tế, chẳng hạn như chẩn đoán do đạt được hiệu năng cao trong phân loại ảnh. Trong số các loại hình học sâu, mạng nơ-ron tích chập (Convolutional Neural Networks- CNNs) là loại mô hình DL phổ biến nhất được sử dụng để chẩn đoán và phân tích hình ảnh y tế. Các mô hình học sâu, cụ thể như CNNs, RNNs (Recurrent Neural Networks) hay GANs (Generative Adversarial Networks) đã cho thấy sự hiệu quả trong việc phân tích dữ liệu ảnh lâm sàng. Một số ví dụ như việc CNNs đã được áp dụng trong hỗ trợ chẩn đoán và phát hiện sớm dấu hiệu của bệnh Alzheimer, viêm xương khớp hay vông mạc tiểu đường qua cơ sở dữ liệu các ảnh chụp loại ảnh chụp như MRI, EGG hoặc siêu âm [10]. Việc triển khai công nghệ học sâu trong chẩn đoán da được bắt đầu bởi chẩn đoán u ác tính. Từ đó, đã có một số nghiên cứu sử dụng trí tuệ nhân tạo để xác định bệnh ung thư da dựa trên cơ sở đầu vào là các ảnh chụp mô sinh thiết da và ảnh kính soi da. Việc sử dụng công nghệ tương tự trong chẩn đoán các bệnh da liễu, cụ thể là AD là hoàn toàn thực tiễn và cần thiết.

Do CNNs phải chịu chi phí tính toán cao để thực hiện và có thể yêu cầu điều chỉnh số lượng lớn các tham số. Vì vậy để giải quyết vấn đề này một số mô hình được huấn luyện trước (pre-train) được thiết lập với kiến trúc mạng đã xác định trước. Để tận dụng những thế mạnh này, luận văn hướng tới việc nghiên cứu áp dụng một số mô

hình học sâu được huấn luyện trước, sau đó huấn luyện và tùy chỉnh để cải tiến hiệu năng trong việc chẩn đoán bệnh viêm da cơ địa.

1.2. Phát biểu bài toán

Trong nghiên cứu này, bài toán được đặt ra là xây dựng một mô hình học sâu nhằm phân loại các ảnh da liễu thành các lớp tương ứng với tình trạng bệnh của bệnh nhân, cụ thể là chẩn đoán bệnh viêm da cơ địa (*Atopic Dermatitis*). Tập dữ liệu gồm hai lớp: bệnh viêm da cơ địa (AD) và không mắc bệnh viêm da cơ địa (NAD).

Cho một tập ảnh da liễu $D = \{(x_i, y_i)\}_{i=1}^N$ trong đó x_i là một ảnh đầu vào và $y_i \in \{0, 1\}$ là nhãn tương ứng với ảnh x_i , với:

- $y_i = 1$ nếu bệnh nhân mắc bệnh viêm da cơ địa (AD),
- $y_i = 0$ nếu bệnh nhân không mắc bệnh viêm da cơ địa (NAD).

Mục tiêu là xây dựng một mô hình phân loại $f(x, \theta)$, trong đó θ là các tham số của mô hình, nhằm dự đoán xác suất thuộc về lớp y_i dựa trên ảnh x_i :

$$\hat{y}_i = f(x_i, \theta) \quad (1.1)$$

Kết quả dự đoán \hat{y}_i sẽ được so sánh với nhãn thực tế y_i để tính toán các độ đo hiệu năng như độ chính xác (Accuracy), độ nhạy (Sensitivity/Recall), độ đặc hiệu (Specificity), giá trị dự đoán dương (Precision), F1 Score, và AUC-ROC.

1.3. Tiền xử lý tập dữ liệu

Trong việc phân tích hình ảnh y tế, đặc biệt là các hình ảnh da liễu, quá trình tiền xử lý đóng vai trò quan trọng trong việc tăng cường chất lượng hình ảnh trước khi đưa vào các mô hình học sâu. Các kỹ thuật tiền xử lý ảnh bao gồm:

1.3.1. Loại bỏ lông tóc

Trong hình ảnh da liễu, lông tóc thường gây nhiễu và che khuất các vùng quan trọng của da cần được phân tích. Do đó, việc loại bỏ lông tóc được coi là một bước quan trọng trong quá trình tiền xử lý. Các phương pháp loại bỏ lông tóc bao gồm:

Phép toán hình thái học (Morphological Operations):

Phép toán hình thái học thường được sử dụng để loại bỏ các cấu trúc nhỏ như lông tóc. Hai bước chính được áp dụng là *opening* và *closing*, được định nghĩa bởi các phép *dilation* và *erosion*. Phép *opening* thường được áp dụng để loại bỏ các chi tiết nhỏ như lông tóc, trong khi phép *closing* thường được sử dụng để làm mịn các vùng ranh giới sau khi loại bỏ lông tóc, như được thể hiện trong Công thức (1.2) và (1.3).

$$\text{Opening}(A, B) = (A \ominus B) \oplus B \quad (1.2)$$

$$\text{Closing}(A, B) = (A \oplus B) \ominus B \quad (1.3)$$

Trong đó:

- A là ảnh gốc.

- B là structuring element (phần tử cấu trúc).
- \ominus là phép *erosion* (co lại).
- \oplus là phép *dilation* (phồng lên).

1.3.1.1. Phát hiện cạnh Sobel hoặc Canny:

Để phát hiện các cạnh của lông tóc, các bộ lọc Sobel hoặc Canny thường được sử dụng. Phương pháp Sobel được định nghĩa bằng cách tính gradient theo hai hướng x và y , với các kernel như được thể hiện trong Công thức (1.4) và (1.5).

$$G_x = \begin{bmatrix} -1 & 0 & +1 \\ -2 & 0 & +2 \\ -1 & 0 & +1 \end{bmatrix} \quad (1.4)$$

$$G_y = \begin{bmatrix} -1 & -2 & -1 \\ 0 & 0 & 0 \\ +1 & +2 & +1 \end{bmatrix} \quad (1.5)$$

Các vùng có cạnh mạnh, thường là các sợi lông tóc, được phát hiện thông qua biên độ gradient, được tính bằng Công thức (2.5).

$$G = \sqrt{G_x^2 + G_y^2} \quad (1.6)$$

Inpainting để lấp đầy vùng thiếu:

Sau khi xác định và loại bỏ lông tóc, vùng trống có thể được lấp đầy bằng kỹ thuật inpainting. Một trong những thuật toán phổ biến là phương pháp Telea [74]. Công thức inpainting được mô tả như sau:

$$I(p) = \frac{\sum_{q \in \partial\Omega} \varphi(p, q) I(q)}{\sum_{q \in \partial\Omega} \varphi(p, q)} \quad (1.7)$$

Trong đó:

- $I(p)$ là giá trị pixel tại điểm p cần được lấp đầy.
- $\partial\Omega$ là tập hợp các pixel biên của vùng lấp đầy.

- $\varphi(p, q)$ là hàm trọng số phụ thuộc vào khoảng cách giữa p và q .

Công thức (2.6) đảm bảo rằng giá trị tại điểm p sẽ được tính dựa trên giá trị của các pixel biên xung quanh, theo hướng gradient.

1.3.2. Cân bằng sáng (*Brightness Adjustment*)

Cân bằng sáng là một bước quan trọng trong quá trình tiền xử lý ảnh da liễu, nhằm đảm bảo các đặc trưng trong ảnh được hiển thị rõ ràng cho mô hình học sâu.

Các phương pháp phổ biến bao gồm:

Cân bằng Histogram (Histogram Equalization):

Phương pháp này được sử dụng để phân phối lại giá trị độ sáng trong ảnh, làm nổi bật các đặc trưng quan trọng. Điều này giúp tăng độ tương phản trong ảnh da liễu và làm rõ các vùng bị che khuất. Cân bằng histogram thường được mô tả bằng Công thức 2.7.

$$p_k = \frac{n_k}{N} \quad (1.8)$$

Trong đó:

- p_k là xác suất của mức xám k ,
- n_k là số lượng pixel có mức xám k ,
- N là tổng số pixel trong ảnh.

Sau đó, phân phối lũy tích được tính toán như Công thức 2.8.

$$C(k) = \sum_{i=0}^k p_i \quad (1.9)$$

Cuối cùng, các giá trị pixel mới được tính bằng cách áp dụng $C(k)$ vào các mức xám ban đầu, làm cho phân phối sáng trở nên đồng đều hơn trong toàn bộ ảnh.

Cân bằng Histogram thích nghi (Adaptive Histogram Equalization - AHE):

Phương pháp AHE là một cải tiến của cân bằng histogram, cho phép thực hiện cân bằng độ sáng trên các vùng nhỏ của ảnh, giúp cải thiện độ tương phản của từng phần trong ảnh. Điều này đặc biệt hữu ích trong ảnh da liễu có các vùng sáng không đồng đều. Quá trình này được thực hiện bằng cách chia ảnh thành các khối nhỏ và áp dụng cân bằng histogram cho từng khối.

Điều chỉnh Gamma (Gamma Correction): Điều chỉnh gamma là một phương

pháp thay đổi độ sáng của ảnh bằng cách áp dụng hàm gamma, giúp điều chỉnh độ sáng hoặc độ tối của ảnh. Công thức điều chỉnh gamma được xác định theo Công thức 2.9.

$$I_{\text{out}} = I_{\text{in}}^\gamma \quad (1.10)$$

Trong đó:

- I_{in} là giá trị pixel đầu vào,
- I_{out} là giá trị pixel đầu ra sau khi điều chỉnh,
- γ là hệ số gamma, với giá trị $\gamma > 1$ làm tối ảnh và $\gamma < 1$ làm sáng ảnh.

Gamma Correction được sử dụng rộng rãi trong hình ảnh y tế, bao gồm hình ảnh da liễu, để cải thiện khả năng nhận dạng của các đặc trưng trong ảnh.

1.3.3. Chuẩn hóa (Normalization)

Chuẩn hóa là một bước quan trọng trong tiền xử lý ảnh da, giúp đưa các giá trị pixel về một phạm vi thống nhất và cải thiện hiệu suất của mô hình học sâu. Các

phương pháp chuẩn hóa phổ biến bao gồm:

Chuẩn hóa Min-Max: Phương pháp chuẩn hóa Min-Max được sử dụng để đưa các giá trị pixel về một khoảng xác định, thường là từ 0 đến 1 hoặc từ -1 đến 1 [75]. Công thức chuẩn hóa Min-Max được định nghĩa như sau:

$$x' = \frac{x - x_{\min}}{x_{\max} - x_{\min}} \quad (1.11)$$

Trong đó:

- x là giá trị pixel ban đầu,
- x' là giá trị pixel sau khi chuẩn hóa,
- x_{\min} và x_{\max} lần lượt là giá trị nhỏ nhất và lớn nhất của các pixel trong ảnh.

Phương pháp này giúp giảm sự khác biệt lớn giữa các giá trị pixel, đồng thời đảm bảo rằng các giá trị nằm trong một khoảng mà mô hình học sâu có thể xử lý.

Chuẩn hóa Z-Score: Phương pháp chuẩn hóa Z-Score sử dụng giá trị trung bình và độ lệch chuẩn của tập dữ liệu để chuẩn hóa các giá trị pixel [76]. Công thức chuẩn hóa Z-Score được định nghĩa theo Công thức 2.11.

$$z = \frac{x - \mu}{\sigma} \quad (1.12)$$

Trong đó:

- x là giá trị pixel ban đầu,
- μ là giá trị trung bình của tập dữ liệu,
- σ là độ lệch chuẩn của tập dữ liệu.

Phương pháp này giúp biến đổi dữ liệu về phân phối chuẩn với giá trị trung bình bằng 0 và độ lệch chuẩn bằng 1, giảm thiểu sự bất đối xứng trong phân phối.

Chuẩn hóa theo giá trị tuyệt đối lớn nhất (Max Abs Normalization): Chuẩn hóa theo giá trị tuyệt đối lớn nhất được thực hiện bằng cách chia tất cả các giá trị pixel

cho giá trị tuyệt đối lớn nhất của chúng, giúp đưa dữ liệu về phạm vi từ -1 đến 1 [75]. Công thức chuẩn hóa này được biểu diễn như Công thức 2.12.

$$x' = \frac{x}{|x_{\max}|} \quad (1.13)$$

Trong đó:

- x là giá trị pixel ban đầu,
- x_{\max} là giá trị tuyệt đối lớn nhất của các pixel trong ảnh.

Phương pháp này được sử dụng để xử lý các tập dữ liệu có giá trị pixel rất lớn, giúp đảm bảo rằng tất cả các giá trị pixel sẽ nằm trong một khoảng giới hạn.

Chuẩn hóa theo batch (Batch Normalization): Batch Normalization là một kỹ thuật được sử dụng trong học sâu để chuẩn hóa đầu vào của từng lớp trong mô hình, giúp giảm sự dịch chuyển của phân phối giữa các lớp và tăng tốc quá trình huấn luyện [77]. Công thức Batch Normalization được định nghĩa theo Công thức 2.13.

$$\hat{x}^{(i)} = \frac{x^{(i)} - \mu_{\text{batch}}}{\sqrt{\sigma_{\text{batch}}^2 + \epsilon}} \quad (1.14)$$

Trong đó:

- $x^{(i)}$ là giá trị đầu vào tại vị trí i trong batch,
- μ_{batch} là giá trị trung bình của batch,
- σ_{batch}^2 là phương sai của batch,
- ϵ là một giá trị rất nhỏ được thêm vào để tránh chia cho 0.

Batch Normalization giúp tăng tốc độ hội tụ của mô hình và giảm overfitting.

1.3.4. Loại bỏ nhiễu (Noise Reduction)

Loại bỏ nhiễu là một bước quan trọng trong tiền xử lý ảnh da, giúp loại bỏ các yếu tố không mong muốn nhưng vẫn giữ được các đặc trưng quan trọng trong ảnh. Các phương pháp loại bỏ nhiễu phổ biến bao gồm:

Bộ lọc trung vị (Median Filter): Bộ lọc trung vị được sử dụng rộng rãi để loại bỏ nhiễu muối tiêu (*salt and pepper noise*). Phương pháp này thay thế mỗi pixel bằng giá trị trung vị của các pixel lân cận. Công thức tính giá trị trung vị cho một cửa sổ W có kích thước $k \times k$ xung quanh pixel $p(i, j)$ được xác định theo Công thức 2.14.

$$p(i, j) = \text{median} \{p(i-m, j-n), \forall m, n \in W\} \quad (1.15)$$

Trong đó, $p(i, j)$ là giá trị pixel tại vị trí (i, j) , và hàm median trả về giá trị trung vị của các giá trị pixel trong cửa sổ W .

Bộ lọc trung vị giúp loại bỏ nhiễu muối tiêu mà không làm mờ các cạnh, làm cho nó phù hợp với việc xử lý ảnh da liễu [75].

Bộ lọc Gaussian (Gaussian Filter): Bộ lọc Gaussian là một phương pháp loại bỏ nhiễu bằng cách làm mờ ảnh thông qua việc sử dụng hàm Gaussian. Hàm Gaussian được xác định theo Công thức 2.15.

$$G(x, y) = \frac{1}{2\pi\sigma^2} \exp\left(-\frac{x^2 + y^2}{2\sigma^2}\right) \quad (1.16)$$

Trong đó:

- $G(x, y)$ là giá trị tại điểm (x, y) trong bộ lọc Gaussian,
- σ là độ lệch chuẩn của phân phối Gaussian.

Bộ lọc Gaussian làm mờ ảnh và loại bỏ nhiễu Gaussian trong khi vẫn giữ được các đặc trưng quan trọng, đặc biệt là trong các vùng đồng nhất của ảnh da [75].

Bộ lọc Bilateral (Bilateral Filter): Bộ lọc Bilateral kết hợp lọc không gian và lọc cường độ để loại bỏ nhiễu mà vẫn giữ nguyên các cạnh sắc nét. Công thức của bộ lọc Bilateral được xác định theo Công thức 2.16.

$$I'(x, y) = \frac{1}{W} \sum_{x_i, y_i} I(x_i, y_i) f_s(\|x - x_i, y - y_i\|) f_r(\|I(x, y) - I(x_i, y_i)\|) \quad (1.17)$$

Trong đó:

- $I(x, y)$ là giá trị pixel tại vị trí (x, y) ,
- W_p là hệ số chuẩn hóa,
- f_s là hàm Gaussian trong không gian tọa độ,
- f_r là hàm Gaussian trong không gian cường độ.

Bộ lọc Bilateral loại bỏ nhiễu trong khi vẫn giữ được các cạnh rõ nét trong ảnh, rất hữu ích cho ảnh da có các chi tiết phức tạp [78].

1.3.5. Tăng cường dữ liệu (Data Augmentation)

Tăng cường dữ liệu là một kỹ thuật quan trọng trong xử lý ảnh da liễu, đặc biệt khi dữ liệu huấn luyện bị giới hạn. Tăng cường dữ liệu giúp mô hình học sâu học được nhiều mẫu khác nhau từ một tập dữ liệu ban đầu, cải thiện độ tổng quát hóa và giảm thiểu hiện tượng overfitting. Các phương pháp tăng cường dữ liệu phổ biến bao gồm:

Lật và xoay ảnh (Flipping and Rotation): Lật và xoay ảnh là những phương pháp đơn giản nhưng hiệu quả trong việc tạo ra nhiều mẫu dữ liệu hơn từ một ảnh gốc. Ảnh có thể được lật theo trục ngang hoặc dọc và xoay với các góc khác nhau. Phép biến đổi này được xác định theo Công thức 2.17.

$$I'(x, y) = I(R(x, y)) \quad (1.18)$$

Trong đó:

- $I(x, y)$ là giá trị pixel tại vị trí (x, y) của ảnh gốc,
- $R(x, y)$ là hàm biến đổi xoay ảnh với một góc cố định.

Phép xoay và lật giúp tạo ra nhiều biến thể khác nhau của ảnh, giúp mô hình học sâu không bị phụ thuộc vào các đặc trưng nhất định của ảnh [79].

Dịch chuyển và phóng to/thu nhỏ (Translation and Scaling): Phép dịch chuyển và phóng to/thu nhỏ ảnh thay đổi vị trí và tỷ lệ của đối tượng trong ảnh, giúp mô hình học sâu trở nên linh hoạt hơn với các thay đổi vị trí và kích thước của đối tượng. Phép dịch chuyển ảnh được xác định theo Công thức 2.18.

$$I'(x, y) = I(x + \Delta x, y + \Delta y) \quad (1.19)$$

Trong đó:

- $I(x, y)$ là giá trị pixel tại vị trí (x, y) ,
- Δx và Δy lần lượt là các giá trị dịch chuyển theo trục x và y .

Phép phóng to hoặc thu nhỏ được định nghĩa bởi hệ số s như sau:

$$I'(x, y) = I(sx, sy) \quad (1.20)$$

Trong đó s là hệ số tỷ lệ để phóng to hoặc thu nhỏ ảnh [79].

Thay đổi độ sáng và độ tương phản (Brightness and Contrast Adjustment):

Phép biến đổi này điều chỉnh độ sáng hoặc độ tương phản của ảnh, giúp mô hình học sâu học được từ các ảnh có điều kiện ánh sáng khác nhau. Phép điều chỉnh độ sáng được xác định theo Công thức 2.20.

$$I'(x, y) = I(x, y) + \beta \quad (1.21)$$

Trong đó β là giá trị thay đổi độ sáng.

Phép điều chỉnh độ tương phản được xác định theo Công thức 2.21.

$$I'(x, y) = \alpha \cdot I(x, y) \quad (1.22)$$

Trong đó α là hệ số thay đổi độ tương phản [80].

Nhiều Gaussian (Gaussian Noise): Thêm nhiễu Gaussian vào ảnh là một kỹ thuật tăng cường dữ liệu mạnh mẽ, giúp mô hình học sâu có khả năng xử lý các tình huống dữ liệu không hoàn hảo. Nhiễu Gaussian được xác định theo Công thức 2.22.

$$I'(x, y) = I(x, y) + n(x, y) \quad (1.23)$$

Trong đó $n(x, y)$ là nhiễu Gaussian được sinh ra với giá trị trung bình 0 và độ lệch chuẩn σ [40].

1.3.6. Cân bằng nhân

Trong các bài toán phân loại không cân bằng, số lượng mẫu của các lớp có thể chênh lệch rất lớn, dẫn đến hiện tượng mô hình ưu tiên học các lớp chiếm ưu thế và bỏ qua các lớp thiểu số. Để giải quyết vấn đề này, phương pháp cân bằng nhân được áp dụng thông qua việc tính trọng số cho từng lớp, từ đó điều chỉnh đóng góp của các lớp ít mẫu trong quá trình huấn luyện.

Công thức tính trọng số lớp (Class Weights Calculation):

Công thức tính trọng số cho mỗi lớp w_c dựa trên tần suất xuất hiện của lớp đó trong tập dữ liệu có thể được xác định theo Công thức 3.9.

$$w_c = \frac{N}{n_c} \quad (1.24)$$

Trong đó:

- w_c là trọng số của lớp c ,
- N là tổng số mẫu dữ liệu trong tập huấn luyện,
- n_c là số lượng mẫu thuộc lớp c .

Công thức 3.9 cho thấy rằng trọng số của một lớp tỷ lệ nghịch với số lượng mẫu của lớp đó. Điều này giúp lớp thiểu số có trọng số cao hơn, tăng cường tầm quan trọng của nó trong quá trình huấn luyện mô hình [81].

Công thức trọng số lớp hiệu chỉnh (Balanced Class Weights Calculation):

Ngoài công thức trên, một phương pháp khác để cân bằng trọng số lớp là sử dụng công thức điều chỉnh trọng số với tỷ lệ giữa kích thước của lớp và kích thước trung bình của các lớp được xác định theo Công thức 2.24.

$$w_c = \frac{N}{k \cdot n_c} \quad (1.25)$$

Trong đó:

- k là số lượng lớp,
- Các biến khác được định nghĩa tương tự như công thức 3.9.

Phương pháp này điều chỉnh trọng số dựa trên kích thước trung bình của các lớp, giúp giảm thiểu tác động của các lớp chiếm ưu thế mà không làm giảm quá nhiều độ quan trọng của chúng [82].

Ứng dụng trọng số lớp trong hàm mất mát (Loss Function):

Trọng số lớp sau khi được tính toán sẽ được sử dụng trong hàm mất mát để điều chỉnh mức độ đóng góp của từng lớp. Hàm mất mát có trọng số được xác định theo Công thức 2.25.

$$L = - \sum_c w_c \cdot y_c \cdot \log(\hat{y}_c) \quad (1.26)$$

Trong đó:

- L là hàm mất mát tổng quát,
- w_c là trọng số của lớp c ,
- y_c là nhãn thực của mẫu thuộc lớp c ,
- \hat{y}_c là xác suất dự đoán của mẫu thuộc lớp c .

Công thức 2.25 cho phép điều chỉnh sự đóng góp của các lớp khác nhau trong quá trình huấn luyện, giúp mô hình học tốt hơn trên các lớp thiểu số [83].

1.4. Tổng quan tình hình nghiên cứu

1.4.1. Tình hình nghiên cứu ngoài nước

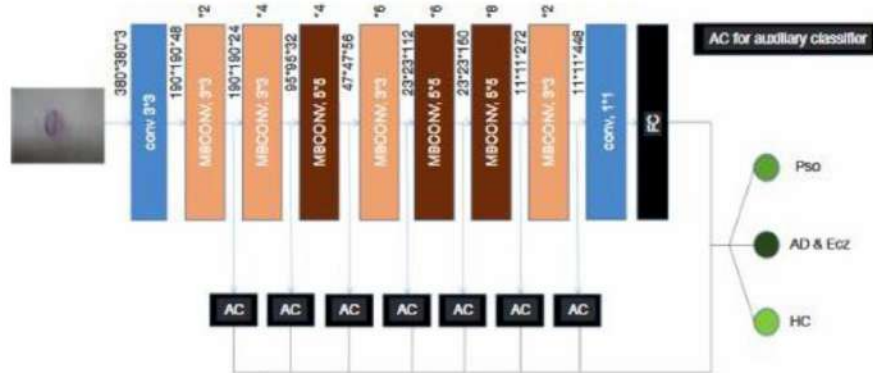
Kỹ thuật học sâu (Deep Learning-DL) đang trở thành một từ thông dụng ngày nay, đặc biệt là đối với các bài toán ảnh y tế, chẳng hạn như chẩn đoán do đạt được hiệu năng cao trong phân loại ảnh. Trong số các loại hình học sâu, mạng nơ-ron tích chập (Convolutional Neural Networks- CNNs) là loại mô hình DL phổ biến nhất được sử dụng để chẩn đoán và phân tích hình ảnh y tế. Các mô hình học sâu, cụ thể như

CNNs, RNNs (Recurrent Neural Networks) hay GANs (Generative Adversarial Networks) đã cho thấy sự hiệu quả trong việc phân tích dữ liệu ảnh lâm sàng. Một số ví dụ như việc CNNs đã được áp dụng trong hỗ trợ chuẩn đoán và phát hiện sớm dấu hiệu của bệnh Alzheimer, viêm xương khớp hay vông mạc tiểu đường qua cơ sở dữ liệu các ảnh chụp loại ảnh chụp như MRI, EGG hoặc siêu âm [10]. Việc triển khai công nghệ học sâu trong chuẩn đoán da được bắt đầu bởi chuẩn đoán u ác tính. Từ đó, đã có một số nghiên cứu sử dụng trí tuệ nhân tạo để xác định bệnh ung thư da dựa trên cơ sở đầu vào là các ảnh chụp mô sinh thiết da và ảnh kính soi da. Việc sử dụng công nghệ tương tự trong chuẩn đoán các bệnh da liễu, cụ thể là AD là hoàn toàn thực tiễn và cần thiết. Do CNNs phải chịu chi phí tính toán cao để thực hiện và có thể yêu cầu điều chỉnh số lượng lớn các tham số. Vì vậy để giải quyết vấn đề này một số mô hình được huấn luyện trước (pre-train) được thiết lập với kiến trúc mạng đã xác định trước. Trong nghiên cứu này, chúng tôi sử dụng mô hình học chuyển giao dựa trên nghiên cứu từ Visual Geometry Group với kiến trúc mô hình 16 tầng sâu (VGG16) [11].

Phương pháp sử dụng học sâu dựa trên dữ liệu ảnh để tự động chuẩn đoán các bệnh viêm da được giới thiệu trong [12], các tác giả đã xây dựng một trợ lý trí tuệ nhân tạo chuẩn đoán các bệnh da (AIDDA) dựa trên hình ảnh da lâm sàng để chuẩn đoán bệnh vẩy nến (psoriasis-Pso), Ecz và AD sử dụng mô hình học sâu CNN EfficientNet-b4 từ Google như trong Hình 1.1.

Phương pháp sử dụng học sâu dựa trên dữ liệu ảnh để tự động chuẩn đoán các

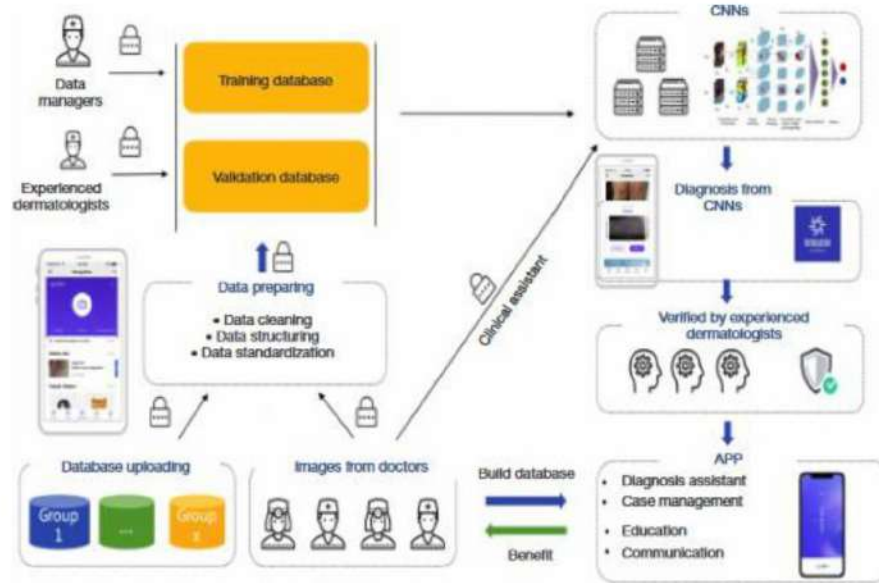
bệnh viêm da được giới thiệu trong [12], các tác giả đã xây dựng một trợ lý trí tuệ nhân tạo chuẩn đoán các bệnh da (AIDDA) dựa trên hình ảnh da lâm sàng để chuẩn đoán bệnh vẩy nến (psoriasis-Pso), Ecz và AD sử dụng mô hình học sâu CNN EfficientNet-b4 từ Google như trong Hình 1.1.



Hình 1.1: Kiến trúc CNN EfficientNet-b4 phân tích ảnh bệnh

Nghiên cứu này đã sử dụng Pytorch để khai triển nền tảng phần mềm học sâu, chỉ số hiệu năng ROC (Receiver Operating Characteristic curve) liên kết chỉ số độ nhạy và AUC (Area Under the Curve) cho thấy AIDDA đạt độ chính xác là 95.8% với sai số 0.09%; ROC và AUC lần lượt là 97.6% với sai số 0.12% và 95.89% với sai số 0.06%. Mặc dù AUC với những mô hình ConvNets khác được so sánh trong nghiên cứu (gồm SE-ResNeXt101- 32x4d, SE-ResNet101 [13] và Inception-v3 [14]) khá tương đồng, mô hình của nhóm nghiên cứu vẫn tốt hơn ở độ đo ROC. Mô hình được áp dụng tạo nên một ứng dụng trên điện thoại như Hình 1.2 và đã có hơn 7.000 bác sĩ tại các bệnh viện đăng ký sử dụng ứng dụng này. Dữ liệu người dùng cho thấy đã có gần 100.000 ảnh chụp từ các bác sĩ vào ứng dụng để cải thiện quá trình chuẩn đoán, chứng minh sự hiệu quả và cần thiết cho một công cụ hỗ trợ sử dụng mạng học sâu như vậy, đặc biệt trong chuẩn đoán các bệnh về da liễu nói chung và VDCĐ nói riêng.

Tương tự [12], trong các năm gần đây nhiều nghiên cứu, thử nghiệm đã tiến hành sử dụng kết hợp CNNs trong chuẩn đoán bệnh VDCĐ, kết quả cho thấy độ chính xác tăng cao, tốc độ tính toán cũng được cải thiện. Trong [15] các tác giả đã thực nghiệm với công nghệ học sâu kết hợp độ đo đánh giá mức độ nghiêm trọng của VDCĐ (SCORAD) để tạo thành thuật toán tính SCORAD tự động (ASCORAD). Họ



Hình 1.2: Mô hình luồng làm việc trên nền tảng di động của AIDDA

cũng dùng Pytorch để xây dựng mô hình và ba bộ dữ liệu từ 3 nguồn chuyên gia da liễu khác nhau, dựa trên hai chỉ tiêu: phân đoạn bề mặt bị thương và đánh giá mức độ nghiêm trọng của dấu hiệu trực quan. Kết quả đạt được cho thấy chỉ số RMAE tổng thể đạt được một ngưỡng là 13.0% và chỉ số AUC là 0.93 và IoU là 0.75 khi ước tính bề mặt tổn thương trên da sáng. Điều này chứng minh rằng mạng học sâu có thể là một phương pháp thay thế thuận lợi và khách quan cho tự động đánh giá về AD với nhiều tiềm năng, có thể so sánh với kết quả đánh giá của chuyên gia, đồng thời giảm sự không tương đồng của việc nhiều chuyên gia đánh giá và giảm sự hao tổn thời gian.

Trong [16] đã sử dụng một phương pháp tương tự thông qua hai mô hình học sâu CNN và LSTM (long short-term memory) để chuẩn đoán bệnh vẩy nến (Psoriasis-Pso), một loại bệnh có nhiều đặc điểm tương đồng với AD (cùng thuộc nhóm bệnh viêm da), có quan hệ tương tự với Ecz. Kết quả cho thấy độ chính xác thu được ở CNN và LSTM lần lượt là 84.2% và 72.3%. Điều đó cho thấy tiềm năng của việc áp dụng mô hình học sâu trong chuẩn đoán các bệnh về da liễu và là bằng chứng cho sự cải thiện đáng kể về độ chính xác của mô hình trong [12]. Việc sử dụng học sâu như R-CNN để chuẩn đoán các bệnh như AD, mụn trứng cá và ghẻ lở được nhóm nghiên cứu [17] đã khai thác. Các tác giả đã xây dựng một hệ thống dựa trên nền tảng web để chuẩn đoán nhanh và hiệu quả hơn những bệnh về da. Kết quả cho thấy mô hình dự đoán chính xác 88% cho AD, 85% cho mụn trứng cá và 84.7% cho ghẻ lở. Thông

qua so sánh có thể thấy kết quả sự tương đồng kết quả với nhiều nghiên cứu khác như trong [12], [16]. Nghiên cứu [18] giới thiệu một cách đánh giá khác sử dụng CNN và ảnh RSOM 3D thô để phân loại AD dựa trên các cách tiếp cận học máy truyền thống như SVM (support vector machine) và RF (Random Forest). Các tác giả đánh giá trên chỉ số EVSI (Eczema Vascular Severity Index) bao gồm (i) da khỏe với AD và (ii) triệu chứng nhẹ với vừa-nặng của AD. Kết quả cho thấy mô hình CNN đạt được độ chính xác là 97% và RF là 65%. Điều này lần nữa chứng minh hiệu năng của học sâu, đặc biệt là CNN.

Các tác giả trong [19], [20] xây dựng hai thuật toán phân loại học máy sử dụng hệ phiên mã của tế bào biểu mô ruột (i) dữ liệu quần thể vi khuẩn đường ruột (ii) để chuẩn đoán AD với độ chính xác cao một cách tự động. Nghiên cứu đã tạo bước đầu trong quá trình chuẩn đoán và đưa ra những thấu hiểu mặt sinh học về sự phát triển sinh học của loại bệnh này. Từ kết quả đạt được tại [19], [20], các tác giả trong [21] sử dụng dữ liệu hệ phiên mã ở mô hữu cơ trong da dựa trên Random Forest (RF) và mạng nơ-ron nhân tạo để phát hiện AD một cách chính xác hơn đạt AUC bằng 0.9802 ở bộ dữ liệu huấn luyện và bằng 1.0000, 0.8500 ở lần lượt hai tập kiểm tra GSE5667 và GSE102628. Kết quả cho thấy sự phát triển đáng kể từ những kết quả của nghiên cứu trước, và sự phù hợp trong việc áp dụng RF để chuẩn đoán AD cũng như làm tiền đề cho những nghiên cứu sau như trong [18]. Mặc dù vậy, còn một số hạn chế như việc mẫu thử còn khá ít để thực sự chứng minh tiềm năng và còn thiếu các dữ liệu để dùng trong kiểm thử.

1.4.2. Tình hình nghiên cứu trong nước

Chủ đề nghiên cứu VDCĐ đang thu hút sự quan tâm nghiên cứu của cộng đồng y khoa nghiên cứu về mặt lâm sàng và công nghệ thông tin nghiên cứu trong hỗ trợ phát hiện chuẩn đoán tại Việt Nam.

1.4.2.1. Phát hiện bệnh VDCĐ trong y tế lâm sàng

Tại Bệnh viện Da liễu Trung ương, trung tâm chuyên ngành lớn nhất về bệnh da ở Miền Bắc số lượng bệnh nhân đến khám và điều trị tăng nhanh qua từng năm. Bảng 1.1 mô tả số lượt bệnh nhân mắc các bệnh vảy nến, viêm da cơ địa và ung thư da đến

khám và điều trị tại Bệnh viện Da liễu Trung ương từ 2016 - 2020 [22].

Bảng 1.1: Số lượt bệnh nhân đến khám tại Bệnh viện Da liễu Trung ương giai đoạn 2016-2020

STT	Tên bệnh	Tổng lượt	Tổng lượt	Tổng lượt	Tổng lượt	Tổng lượt
		khám năm 2016	khám năm 2017	khám năm 2018	khám năm 2019	khám năm 2020
1	Ung thư tế bào đáy	45	62	519	903	1107
2	Ung thư tế bào vảy	3	4	104	181	221
3	Ung thư tế bào hắc tố	9	10	43	58	32
4	Viêm da cơ địa	27480	21480	34836	32556	23100
5	Vảy nến thường	4248	3768	6480	6380	7524
6	Vảy nến thể mù	376	510	613	562	594
7	Vảy nến đỏ da toàn thân	312	252	324	408	180
8	Vảy nến thể khớp	0	0	0	72	204
9	Vảy nến không điển hình	0	12	12	12	0

Với bệnh da, việc chẩn đoán chủ yếu dựa trên hình ảnh lâm sàng trên bề mặt da. Do tính chất phức tạp và đa dạng của các loại bệnh da, việc chẩn đoán bệnh da rất khó khăn và dễ nhầm lẫn. Thực tế cho thấy có sự khác nhau không nhỏ về mặt chẩn đoán một số bệnh da giữa các bác sỹ chuyên khoa da liễu ngày cả ở tuyến trung ương; do vậy nhiều trường hợp cần có sự hội chẩn giữa các bác sỹ và đặc biệt cần có sự tham gia của chuyên gia giỏi, nhiều kinh nghiệm để có thể nhận định, phân tích xác định các tổn thương cơ bản ở da, từ đó có thể đưa ra được chẩn đoán chính xác và phương pháp điều trị phù hợp. Với sự phát triển nhanh chóng của chuyên ngành da liễu trong thời gian qua, số lượng các bác sỹ chuyên khoa da liễu không ngừng gia tăng ở các tuyến cơ sở. Tuy nhiên, rất nhiều bệnh nhân từ các địa phương đã vượt tuyến lên trung ương để được khám và điều trị, gây tình trạng quá tải ở các bệnh viện tuyến trên. Viêm da cơ địa (VDCĐ) là bệnh da thường gặp, hay tái phát. Bệnh thường xuất hiện ở trẻ em và có thể tồn tại suốt đời. Cơ chế bệnh sinh phức tạp liên quan đến nhiều yếu tố như sự bất thường hàng rào của da, tăng mẫn cảm với dị nguyên, nhiễm trùng, cơ địa. VDCĐ có thể ảnh hưởng nặng nề đến giấc ngủ, học hành, việc làm, đời sống xã hội, khả năng tham gia thể thao và các hoạt động ngoài trời của bệnh nhân. Bệnh tiến triển dai dẳng, mạn tính với các đợt phát bệnh sau những khoảng thời gian bệnh ổn định. Trên thế giới, tỷ lệ mắc bệnh ngày càng tăng, gấp 2-3 lần trong ba thập kỷ trở lại đây, đặc biệt là ở các nước công nghiệp phát triển. Tỷ lệ người bệnh trên dân số khoảng 5-15% ở trẻ dưới 7 tuổi, 2-10% ở người lớn [23]. Tại Bệnh viện Da liễu Trung

ương, số lượt bệnh nhân đến khám và điều trị viêm da cơ địa ngày càng tăng, chiếm 7,7% tổng số bệnh nhân đến khám trong mấy năm gần đây, là một trong 10 bệnh có số lần đến khám tại bệnh viện nhiều nhất [16]. Viêm da cơ địa được phân thành ba loại theo lứa tuổi: trẻ nhỏ dưới 2 tuổi, trẻ em từ 3-16 tuổi và người lớn.

1. VDCĐ trẻ em dưới 2 tuổi [23]: Bệnh thường phát vào tháng thứ ba sau sinh. Bệnh thường có thể cấp tính. Biểu hiện bệnh là mụn nước tập trung thành đám trên nền da đỏ tiến triển vỡ ra chảy nước, sau đó đóng vảy tiết, khi lớp vảy tiết bong đi để lại lớp da mỏng bong vảy, sau đó da trở về bình thường, vị trí thường là ở má, trán, cằm.
2. VDCĐ trẻ em từ 3-16 tuổi [23]: Thương tổn cơ bản là sẩn nổi cao hơn bề mặt da, nền sẩn màu đỏ, đường kính từ 0.3 đến 0.6 cm, tập trung thành từng đám và có những sẩn rải rác xung quanh, bề mặt tổn thương thường có vết xước, có vảy da. Bệnh thường có ba thể: cấp tính, bán cấp và mạn tính. Với thể cấp tính, tổn thương có thể là những đám mụn nước khu trú hoặc lan tỏa cấp tính kèm theo nhiễm khuẩn thứ phát.
3. VDCĐ người lớn trên 16 tuổi [23]: Tổn thương cơ bản là sẩn hình bán cầu hoặc đa giác, nổi cao hơn bề mặt da, tập trung thành từng đám hoặc rải rác. Nền của tổn thương dày, thâm nhiễm, màu đỏ nhạt, đôi khi có phù nề ở dưới, có mụn mủ nếu có nhiễm trùng thứ phát kèm theo, hay gặp vết xước, chảy máu.

Để phục vụ cho công tác điều trị trên lâm sàng, viêm da cơ địa được chia thành ba thể cấp tính, bán cấp và mạn tính dựa vào mức độ viêm đỏ, mức độ chảy nước và đặc điểm phù nề, mức độ dày sừng và tăng sắc tố. Đối với trẻ nhũ nhi thường mắc thể cấp hoặc bán cấp. Đối với trẻ lớn hoặc người lớn có thể mắc cả 3 thể cấp tính, bán cấp và mạn tính như trong Bảng 1.2.

Bảng 1.2: So sánh các triệu chứng qua các giai đoạn khác nhau

Giai đoạn	Chảy nước	Phù nề	Đỏ	Dày sừng	Tăng sắc tố
Cấp	+++	+++	+++	±	-
Bán cấp	±	-	++	±	±
Mạn tính	-	-	-	+++	+++

Về chẩn đoán, VDCĐ có biểu hiện đa dạng, không có hình ảnh lâm sàng riêng biệt hoặc kiểm tra để chẩn đoán. Do đó, việc chẩn đoán rất khó khăn. Tiêu chuẩn chẩn đoán Viêm da cơ địa (Theo Hướng dẫn chẩn đoán và điều trị Bệnh da - Bộ Y Tế) như sau:

- Tiêu chuẩn chính: Ngứa, vị trí tổn thương, biểu hiện điển hình của tổn thương và tiền sử dị ứng của bệnh nhân và gia đình
- Tiêu chuẩn phụ: Khô da, vảy cá, dày sừng nang lông, tăng đường kẻ lòng bàn tay. Viêm da ở tay, chân. Chàm vú, viêm môi, vảy phấn, nếp ở cổ. Tổn thương nặng lên dưới ảnh hưởng của các yếu tố môi trường và tâm lý. Ngứa khi bài tiết mồ hôi. Tăng IgE huyết thanh. Tăng sắc tố quanh mắt. Dấu hiệu Dennie-Morgan (mi mắt dưới có 2 nếp gấp). Viêm kết mạc. Giác mạc hình chớp. Đục thủy tinh thể dưới bao sau.

Để chẩn đoán xác định cần phải có lớn hơn bằng 3 tiêu chuẩn chính kết hợp với lớn hơn bằng 3 tiêu chuẩn phụ. Như vậy việc chẩn đoán xác định viêm da cơ địa có thể chỉ dựa vào triệu chứng lâm sàng mà không cần sinh thiết da hoặc các xét nghiệm máu khác.

Trong [24] các tác giả nghiên cứu góp phần làm rõ các biểu hiện của bệnh VDCĐ để có thể đánh giá các biểu hiện lâm sàng chủ yếu, góp phần chẩn đoán VDCĐ được thuận lợi, dễ dàng. Nghiên cứu mô tả một số đặc điểm dịch tễ và đặc điểm lâm sàng bệnh VDCĐ ở 180 bệnh nhân được chẩn đoán VDCĐ theo tiêu chuẩn của Hanifn và Rajka đến khám tại bệnh viện Phong – Da liễu trung ương Quy Hòa từ tháng 08 năm 2014 đến tháng 12 năm 2016. Kết quả cho thấy: Bệnh nhân nam chiếm tỷ lệ 49,4%, 55% người bệnh sống tại thành thị, thời gian mắc bệnh từ 1-2 năm chiếm tỷ lệ cao nhất (31,7%); tỷ lệ tái phát nhiều lần chiếm 96,1%; có 61,7% bệnh trong giai đoạn cấp; Bệnh nhân có tiền sử mắc bệnh hen, viêm mũi dị ứng và dị ứng khác chiếm tỷ lệ 71,1%; 88,4% bệnh nhân có tiền sử gia đình mắc bệnh dị ứng, trong đó tiền sử gia đình có người bị VDCĐ chiếm 47,8%. Trong các biểu hiện triệu chứng VDCĐ, triệu chứng thường gặp nhất là đỏ da (95%). Triệu chứng phụ thường gặp nhất là khô da (83,3%); Vị trí tổn thương cao nhất ở bàn chân (81,7%) và cẳng chân (81,1%), 100% người bệnh có ngứa.

Trong [25] các tác giả nghiên cứu tần suất và một số yếu tố liên quan đến viêm da cơ địa ở trẻ em 24 - 60 tháng tuổi tại thành phố Yên Bái, tỉnh Yên Bái. Để xác định tần suất và một số yếu tố liên quan đến VDCĐ ở trẻ em tại thành phố Yên Bái, tỉnh Yên Bái. Với nghiên cứu mô tả cắt ngang 1500 trẻ em tuổi 24- 60 tháng được đưa vào nghiên cứu. Trong nghiên cứu này sử dụng tiêu chuẩn của Hanifin và Rajka (1980) để chẩn đoán VDCĐ. Kết quả cho thấy, có 198 (13,2%) trường hợp được chẩn đoán mắc VDCĐ; Mức độ mắc: nhẹ chiếm 53,2%, trung bình 41,9%, nặng chiếm 4,8% tập trung ở trẻ gái; Biểu hiện bệnh rất đa dạng (điểm Scorat dao động từ 5- 58,6); Test dị nguyên dương tính cao nhất với mật nhà: 55,1%. Một số yếu tố liên quan đến VDCĐ ở trẻ em bao gồm: Trẻ bị dị ứng thức ăn có nguy cơ mắc VDCĐ cao hơn 15 lần so với trẻ không bị dị ứng thức ăn ($p < 0,001$); Trẻ không bú mẹ ($p < 0,05$); Trẻ bị khô khè có nguy cơ mắc VDCĐ cao hơn 1,46 lần so với trẻ không bị ($p < 0,01$). Kết luận: Tần suất mắc VDCĐ ở trẻ lứa tuổi từ 24 – 60 tháng ở thành phố Yên Bái là 13,2%, chủ yếu là mức độ nhẹ và trung bình. Trên 50% dị nguyên do mật nhà. Trẻ có tiền sử không bú mẹ, khô khè, dị ứng thức ăn có khả năng mắc bệnh VDCĐ hơn các trẻ khác.

Trong [26] các tác giả nghiên cứu đặc điểm bệnh VDCĐ tại khoa khám bệnh, bệnh viện da liễu Trung ương giai đoạn 2010-2014. Trong nghiên cứu này cắt ngang sử dụng số liệu sẵn có được thực hiện tại Bệnh viện Da Liễu Trung ương nhằm mô tả đặc điểm bệnh VDCĐ tại khoa khám bệnh, Bệnh viện Da liễu Trung ương giai đoạn 2010-2014. Kết quả nghiên cứu cho thấy: Bệnh VDCĐ tại khoa khám bệnh có xu hướng tăng qua các năm, cao nhất ở năm 2013. Trong tổng số 162.442 người bệnh, tỷ lệ nữ giới chiếm gần 60%, đồng đều trong 5 năm, lứa tuổi hay mắc nhất là 0-9 tuổi và đối với nghề nghiệp là trẻ em, học sinh, sinh viên. Trên 80% bệnh nhân VDCĐ sinh sống ở vùng Đồng bằng sông Hồng. Xu hướng người bệnh VDCĐ đến khám cao nhất vào mùa xuân, tiếp đến là mùa thu, mùa hè và thấp nhất là mùa đông.

1.4.2.2. Một số nghiên cứu sử dụng kỹ thuật học sâu hỗ trợ chẩn đoán da liễu

Ngày nay, trí tuệ nhân tạo (Artificial Intelligence - AI) đã và đang góp phần thay đổi sâu sắc nhiều lĩnh vực trong cuộc sống và dần trở thành một yếu tố quan trọng trong lĩnh vực y tế, đặc biệt là trong việc hỗ trợ các chẩn đoán y học.

AI là trí thông minh nhân tạo dựa trên việc sử dụng máy móc mô phỏng các chức

năng nhận thức của con người trong việc học tập và giải quyết vấn đề. Trong các kỹ thuật AI hiện nay, kỹ thuật học sâu (Deep Learning - DL) đã có nhiều bước đột phá quan trọng và được sử dụng rộng rãi trong lĩnh vực xử lý ảnh y tế nhằm hỗ trợ chẩn đoán bệnh từ hình ảnh đầu vào. Trên lớp bài toán phân tích và nhận dạng ảnh y tế, các mạng nơ-ron tích chập (CNN) đã đạt độ chính xác vượt trội so với các phương pháp học máy truyền thống. Các mạng CNN có ứng dụng hiệu quả trong xử lý ảnh y tế có thể kể đến AlexNet [27], VGG [11], GoogleNet [28], ResNet [29], SENet [13].

Gần đây, Phạm Trí Công và nhóm nghiên cứu [30], [31] đã đề xuất nhiều giải pháp tối ưu mạng học sâu cho bài toán chẩn đoán bệnh da, đặc biệt là ung thư da nhằm nâng cao độ chính xác chẩn đoán.

Trong lĩnh vực nghiên cứu này, có nghiên cứu của Vũ Văn Hiệu và Công sự [32], [33] nghiên cứu đề xuất một phương pháp chuẩn đoán bệnh viêm da cơ địa dựa trên mạng học sâu bằng cách phân tích dữ liệu ảnh vùng da bị nhiễm bệnh. Bước thứ nhất sử dụng mạng học sâu trích rút bản đồ đặc trưng của ảnh bệnh và không bệnh. Phân tích bản đồ đặc trưng theo các tầng tích chập để lựa chọn tầng đặc trưng tốt nhất. Bước thứ hai trích rút đặc trưng HOG các ảnh của tầng đặc trưng tốt nhất. Bước thứ ba sử dụng bộ phân loại SVM để phân lớp bệnh và không bệnh dựa vào đặc trưng ở bước hai. Phương pháp đề xuất chứng minh được hiệu quả về cả tốc độ và có thể xem như một giải pháp hỗ trợ cho cách chuẩn đoán truyền thống. Kết quả đạt được độ chính xác 98% với ảnh bệnh (AD) và 96% với ảnh không bệnh (not_AD) tương đương với chuyên gia chuẩn đoán trong khi hạn chế sự không đồng nhất giữa những người chuẩn đoán. Trong một nghiên cứu khác, Vũ Văn Hiệu [34] sử dụng học sâu cải tiến kỹ thuật tăng cường dữ liệu trong chẩn đoán bệnh ung thư da.

1.5. Ứng dụng học sâu trong phân loại ảnh

Học sâu (Deep Learning) là một phân lớp của Học máy (Machine Learning) và Trí tuệ nhân tạo (AI), nơi máy tính có thể tự học mà không cần sự can thiệp trực tiếp của con người, không giống như lập trình truyền thống nơi chương trình chỉ thực hiện các quy tắc được xác định trước [35]. Khái niệm đầu tiên của Học máy là gì?

Học máy (ML) là một công nghệ tiên tiến cho phép máy tính học hỏi thông qua

kinh nghiệm [36]. Trong lập trình ML, quá trình học tập được giám sát, và lập trình viên là người chịu trách nhiệm trích xuất các đặc trưng của dữ liệu, chẳng hạn như hình ảnh [37]. Với ML, máy tính cần dữ liệu để phân tích và đưa ra dự đoán hoặc quyết định một cách độc lập. Trong vài thập kỷ gần đây, các kỹ thuật Học máy đã được phát triển để tạo ra các thuật toán có khả năng tự học và cải thiện mà không cần sự can thiệp từ bên ngoài [38].

Học sâu (DL) là một tập hợp các kỹ thuật học tự động, trong đó máy tính học cách nhận diện các mẫu bằng cách huấn luyện trên các mô hình dữ liệu có gán nhãn. Các thuật toán giúp quá trình này vận hành dựa trên các khái niệm toán học, chủ yếu là Mạng nơ-ron nhân tạo (Artificial Neural Networks, ANN) [39]. Một ưu điểm lớn của DL là chương trình tự trích xuất các đặc trưng, giúp quá trình xử lý nhanh hơn và chính xác hơn [40].

1.5.1. Hiệu Suất (Performance)

Trong não bộ con người, mỗi tế bào thần kinh nhận được khoảng 100.000 tín hiệu điện từ các tế bào thần kinh khác để phát hiện, chẳng hạn như một đối tượng. Mô hình này được mô phỏng trong mạng nơ-ron nhân tạo (Artificial Neural Network - ANN), là nền tảng của học sâu (Deep Learning) [41]. Mạng này bao gồm nhiều "lớp" tế bào thần kinh, mỗi lớp nhận và giải mã thông tin từ lớp trước đó. Số lượng tế bào thần kinh càng cao, kết quả đầu ra càng sâu sắc [42]. Để đạt độ chính xác cao, các chương trình học sâu cần truy cập vào lượng lớn dữ liệu huấn luyện và sử dụng các phương pháp xử lý mạnh mẽ. Trước sự phát triển của Big Data và công nghệ điện toán đám mây, điều này là rất khó khăn đối với các lập trình viên. Với hai công nghệ tiên tiến này, lập trình học sâu trở nên nhanh chóng, đơn giản và rất hiệu quả [43].

1.5.2. Các lĩnh vực ứng dụng

Học sâu (Deep Learning - DL) đã được áp dụng cho nhiều bài toán khác nhau trong những năm gần đây. Nó cho phép thực hiện mọi tác vụ với tốc độ đáng kinh ngạc. Dưới đây là một số ví dụ về các lĩnh vực ứng dụng của DL [44]:

- **Chăm sóc sức khỏe:** DL có thể phát hiện các triệu chứng của bệnh như ung thư

và hỗ trợ quá trình khám phá thuốc mới, dựa trên dữ liệu hình ảnh, ví dụ như chẩn đoán ung thư từ ảnh y tế.

- **Nhận diện giọng nói:** DL được sử dụng trong nhiều ứng dụng nhận diện giọng nói như Google Voice, Cortana, Amazon Echo, và nhiều sản phẩm khác.
- **Xe tự hành:** DL được các nhà nghiên cứu áp dụng để phát hiện các dấu hiệu như vạch kẻ đường, người đi bộ, biển báo, và các phương tiện giao thông khác trên đường.
- **An ninh:** DL được áp dụng trong nhận diện khuôn mặt và giám sát video, giúp tăng cường an ninh và giám sát thông minh.

Ngoài ra, còn rất nhiều lĩnh vực khác mà DL được ứng dụng, ví dụ như xử lý ngôn ngữ tự nhiên, quản lý quan hệ khách hàng, hệ thống gợi ý, và tin sinh học [42].

Kết luận chương 1

Chương 1 đã trình bày tổng quan về bệnh viêm da cơ địa (Atopic Dermatitis - AD) và những thách thức trong việc chẩn đoán bệnh lý này do sự đa dạng và phức tạp về triệu chứng. Các phương pháp chẩn đoán truyền thống dựa vào hình ảnh lâm sàng vẫn còn nhiều hạn chế, đặc biệt là tính chủ quan trong đánh giá của bác sĩ. Điều này đặt ra nhu cầu cấp thiết về việc phát triển các công nghệ hỗ trợ chẩn đoán tự động, giúp nâng cao độ chính xác và giảm thiểu sai lệch.

Học sâu, đặc biệt là mạng nơ-ron tích chập (CNN), đã chứng minh hiệu quả vượt trội trong các bài toán phân loại hình ảnh y tế. Qua việc nghiên cứu các mô hình CNN tiên tiến như VGG, Inception, EfficientNet, và ResNet, chúng ta có thể thấy rằng các mô hình này đóng vai trò quan trọng trong việc tự động hóa quá trình phân tích hình ảnh bệnh lý, giúp hỗ trợ chẩn đoán AD một cách nhanh chóng và chính xác.

Chương cũng đã giới thiệu về khái niệm học chuyển giao (Transfer Learning) và các mô hình đã được huấn luyện trước (pre-trained models), một phương pháp tối ưu trong việc áp dụng các mô hình phức tạp vào những bài toán với dữ liệu hạn chế như chẩn đoán bệnh viêm da cơ địa. Những mô hình học chuyển giao này cho phép sử dụng lại các đặc trưng đã học từ các tập dữ liệu lớn như ImageNet, từ đó giảm thiểu chi phí huấn luyện và cải thiện độ chính xác.

Kết thúc chương 1, chúng ta đã có một cái nhìn khái quát về bối cảnh ứng dụng của học sâu trong lĩnh vực y tế, đặc biệt là trong chẩn đoán các bệnh da liễu. Những nội dung trình bày trong chương này sẽ làm cơ sở cho các chương tiếp theo, nơi sẽ đi sâu vào các phương pháp thực nghiệm và kết quả đạt được trong nghiên cứu áp dụng học sâu để chẩn đoán viêm da cơ địa.

CHƯƠNG 2: XÂY DỰNG MÔ HÌNH HỌC SÂU HỖ TRỢ CHẨN ĐOÁN VIÊM DA CƠ ĐỊA

Chương 2 trình bày quá trình xây dựng mô hình học sâu hỗ trợ chẩn đoán bệnh viêm da cơ địa dựa trên dữ liệu ảnh da liễu. Đầu tiên, luận văn mô tả cơ sở dữ liệu được sử dụng, bao gồm các nguồn dữ liệu chính liên quan đến viêm da cơ địa và các tình trạng da khác. Sau đó, quá trình tiền xử lý dữ liệu bao gồm các bước loại bỏ nhiễu, cân bằng sáng và tăng cường dữ liệu để cải thiện chất lượng hình ảnh sẽ được đề cập chi tiết. Tiếp theo, luận văn sẽ thảo luận về kiến trúc các mô hình học sâu đã được áp dụng, từ các mô hình CNN như VGG16, VGG19, ResNet152, MobileNetV2, EfficientNetB0. Phần cuối của chương tập trung vào quá trình huấn luyện, đánh giá và tối ưu hóa mô hình dựa trên các chỉ số hiệu suất, nhằm đảm bảo mô hình đạt được độ chính xác và hiệu quả cao trong quá trình chẩn đoán bệnh viêm da cơ địa.

2.1. Mạng Nơ-ron Tích chập (Convolutional Neural Network - CNN)

Mạng nơ-ron tích chập (CNN) là một loại mạng nơ-ron nhân tạo (ANN) trong đó mô hình kết nối giữa các nơ-ron được lấy cảm hứng từ vỏ não thị giác của động vật. Tuy nhiên, CNN được thiết kế đặc biệt để xử lý hình ảnh đầu vào. Mạng CNN tự động và mạnh mẽ trong việc lấy các đặc trưng chính của hình ảnh để sử dụng trong việc phân loại, nghĩa là mạng có thể học trực tiếp từ các mẫu dữ liệu đầu vào [45]. Thông qua nhiều lớp chứa các phép toán phức tạp về mặt toán học, CNN thực hiện việc chọn lựa và phân loại các đặc trưng này một cách tự động. Kỹ thuật này đã đóng một vai trò quan trọng trong các hệ thống học sâu, đặc biệt là trong lĩnh vực nhận dạng hình ảnh, phân loại hình ảnh, và các dự án thị giác máy tính như phát hiện ung thư da [46].

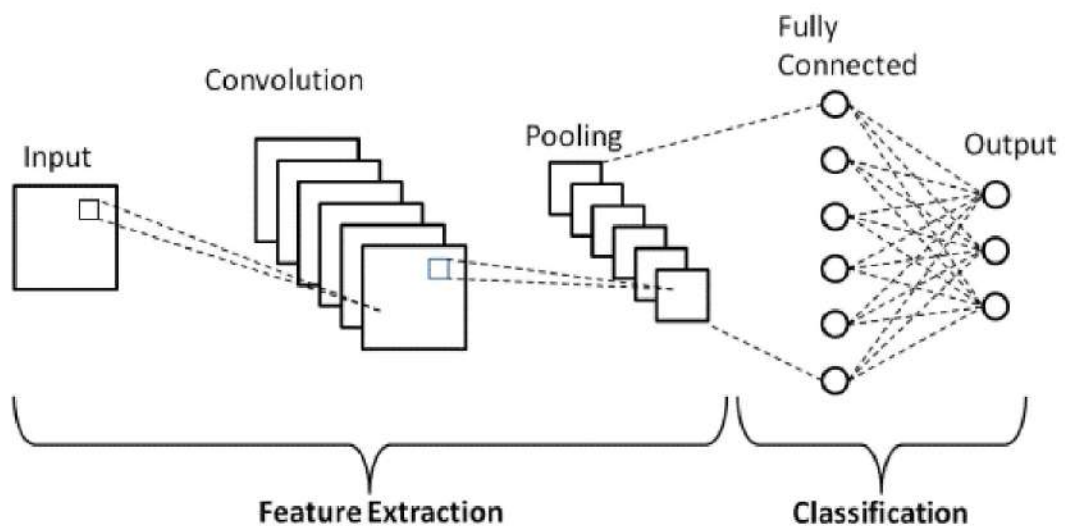
2.1.1. Phân loại bằng CNN

Phân loại hình ảnh đề cập đến nhiệm vụ trích xuất các lớp thông tin từ một hình ảnh, đây là một trong những nhiệm vụ quan trọng nhất trong lĩnh vực thị giác máy tính và nhận dạng mẫu [47]. Tuy nhiên, nhiệm vụ chọn lọc các đặc trưng tốt nhất là rất phức tạp và thường không thành công. CNN có thể giải quyết vấn đề phân loại hình ảnh bằng cách tự động chọn lọc các đặc trưng như vị trí pixel, màu sắc, cạnh của

đối tượng hoặc bất kỳ đặc trưng nào khác có thể lấy được từ hình ảnh. Quá trình này được thực hiện hoàn toàn tự động bởi CNN. Càng nhiều lớp ẩn trong mạng thì các đặc trưng được trích xuất càng chính xác và hiệu quả, giúp cải thiện độ chính xác của quá trình phân loại [47]. Hình 1.3 minh họa quá trình phân loại bằng CNN.

2.1.2. Kiến trúc CNN

Trong quá trình huấn luyện, một mạng nơ-ron sâu (DNN) có nhiều lớp ẩn khác nhau về loại và cách chúng kết nối. CNN có nhiều lớp tích chập, lớp phi tuyến (non-linearity layers), lớp gộp (pooling layers), và lớp kết nối đầy đủ (fully connected layers) [48]. Mục tiêu chính của lớp đầu tiên là thực hiện phép tích chập (convolution) trên dữ liệu đầu vào để phát hiện các mẫu hoặc đặc trưng từ hình ảnh đầu vào, sau đó truyền kết quả tới lớp tiếp theo. Lớp phi tuyến ReLU được sử dụng để thay thế các giá trị pixel âm trong bản đồ đặc trưng bằng số không. Lớp gộp Max-Pooling được sử dụng để giảm số lượng tham số trong mô hình, biến dữ liệu cấp thấp thành thông tin cấp cao hơn. Cuối cùng, lớp kết nối đầy đủ chuyển đổi các đặc trưng đã lọc thành một vector để xử lý trong các bước tiếp theo [49].



Hình 2. 1: Quá trình phân loại ảnh sử dụng CNN

2.2. TensorFlow

TensorFlow là một hệ thống mạnh mẽ được tạo ra bởi nhóm Google Brain vào năm 2011, ban đầu được biết đến với tên DistBelief. Sau đó, mã nguồn của DistBelief được thay đổi và công cụ này trở thành một thư viện dựa trên ứng dụng. Đến năm 2015, nó được đổi tên thành TensorFlow và Google đã quyết định cung cấp mã nguồn mở cho hệ thống này. TensorFlow hỗ trợ giao diện lập trình cho cả Python và C++, và phiên bản 1.0 của nó đã được phát hành vào tháng 2 năm 2017 [50].

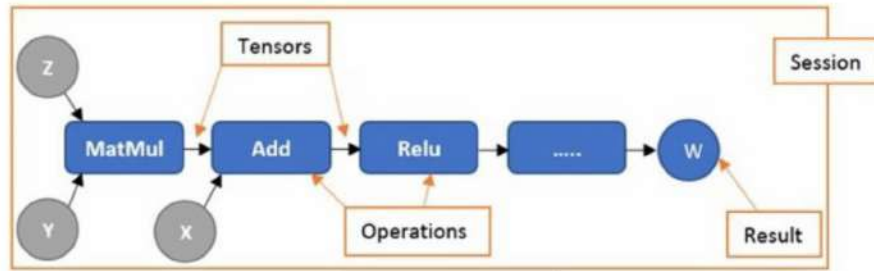
Về cơ bản, TensorFlow là một thư viện dành cho các tác vụ học máy (ML) và các mạng nơ-ron sâu (deep neural networks). Hệ thống này có thể được coi là một công cụ lập trình, nơi các tính toán được biểu diễn dưới dạng đồ thị dòng dữ liệu. Điều này cho phép tạo ra một chương trình và sau đó thực thi nó trong một phiên (session) [51]. TensorFlow mang lại nhiều lợi ích khi ứng dụng vào thực tiễn, bao gồm khả năng tính toán nhanh hơn so với mã Python thuần túy nhờ sử dụng nền tảng C/C++. Ngoài ra, TensorFlow cũng hỗ trợ tính toán song song, cũng như khả năng xử lý trên CPU và GPU [52].

2.2.1. Cấu trúc của TensorFlow

Cấu trúc của TensorFlow được xây dựng dựa trên nguyên tắc chạy các đồ thị dòng dữ liệu. Đồ thị này bao gồm hai đơn vị cơ bản: các nút (nodes) và các cạnh (edges). Các nút đại diện cho các phép toán toán học, trong khi các cạnh biểu diễn các mảng đa chiều, được gọi là các tensor. Cấu trúc này được sử dụng để chạy các phiên tính toán sau khi đồ thị được tạo ra. Trong phiên này, các phép tính trong đồ thị sẽ được dịch và chuyển đến môi trường mong muốn để thực thi trên GPU hoặc CPU [53].

Một tensor là một mảng đa chiều, có thể là không gian chiều 0, 1, 2 hoặc cao hơn. Bảng 1.3 tóm tắt các thông tin về các cấp độ của tensor [51].

TensorFlow cung cấp sự linh hoạt cho lập trình viên trong việc định hình dữ liệu theo cách mà họ mong muốn, đặc biệt hữu ích khi xử lý dữ liệu hình ảnh vì cấu trúc của thông tin được mã hóa trong hình ảnh [54].



Hình 2.2: Ví dụ về đồ thị dòng dữ liệu trong TensorFlow

Chiều	Đối tượng toán học	Trong mã TensorFlow
0	Vô hướng (Scalar)	[1]
1	Véc tơ (Vector)	[1,2,3,4,...]
2	Ma trận (Matrix)	[[1,2,3,4,...],[1,2,3,4,...],...]
3	Tensor	[[[1,2,...],...],[[1,2,...],...],...]

Bảng 2.1: Bảng các cấp độ của tensor

2.2.2. Kiến trúc của TensorFlow

TensorFlow là một nền tảng tính toán mạnh mẽ, hỗ trợ việc thực hiện các đồ thị tính toán (computational graphs) cho các mô hình học máy và tối ưu hóa hệ thống ở cấp độ phần cứng. Kiến trúc của TensorFlow cho phép lập trình viên xây dựng và thực thi các mô hình học máy một cách linh hoạt, từ các thiết bị nhỏ như điện thoại di động đến các hệ thống lớn sử dụng nhiều GPU [50]. TensorFlow hỗ trợ các giao diện lập trình như Python, C++, và Java, tạo ra sự tiện lợi trong việc xây dựng và triển khai mô hình.

Kiến trúc TensorFlow gồm ba thành phần chính:

- **Xử lý dữ liệu:** TensorFlow cung cấp các công cụ để tiền xử lý dữ liệu, từ việc tải, xử lý, đến việc chuyển đổi các dữ liệu đầu vào như hình ảnh, video, và văn bản. Quá trình này giúp chuẩn bị dữ liệu sẵn sàng cho quá trình huấn luyện mô hình [55].
- **Xây dựng mô hình:** TensorFlow cho phép người dùng xây dựng các mô hình học sâu phức tạp với nhiều lớp tích chập, lớp ẩn, và lớp kết nối đầy đủ. Các mô hình này có thể được định nghĩa một cách linh hoạt và dễ dàng thông qua việc sử dụng các API mạnh mẽ của TensorFlow [56].

- **Thực thi và tối ưu hóa:** Một trong những điểm mạnh của TensorFlow là khả năng thực thi song song trên cả CPU và GPU. Điều này giúp tối ưu hóa hiệu suất tính toán khi huấn luyện các mô hình lớn. TensorFlow cũng cung cấp các công cụ để điều chỉnh và tối ưu hóa mô hình, nhằm đạt được kết quả tốt nhất trong các bài toán học máy [52].

Để tối ưu hóa quá trình huấn luyện và cải thiện độ chính xác trong phân loại hình ảnh viêm da, chúng tôi sử dụng phương pháp học chuyển giao (transfer learning) với các mô hình đã được huấn luyện trước trên tập dữ liệu ImageNet. Các mô hình này bao gồm những kiến trúc mạng nơ-ron tích chập phổ biến như VGG16, ResNet50, InceptionV3, và EfficientNet, đã được chứng minh hiệu quả cao trong các bài toán phân loại hình ảnh y tế. Việc sử dụng các mô hình pre-trained giúp giảm thiểu thời gian huấn luyện, đồng thời tận dụng được các đặc trưng đã học từ hàng triệu hình ảnh trong các tập dữ liệu lớn.

Luận văn sẽ tiến hành tinh chỉnh (fine-tuning) các mô hình này trên tập dữ liệu viêm da, với các lớp đầu ra được thay thế để phù hợp với số lượng lớp phân loại trong bài toán. Cách tiếp cận này không chỉ giúp tối ưu hóa hiệu suất mà còn giảm thiểu sự phụ thuộc vào việc huấn luyện từ đầu với số lượng dữ liệu hạn chế. Hơn nữa, việc tinh chỉnh các mô hình pre-trained còn cho phép điều chỉnh các lớp trích xuất đặc trưng để phù hợp hơn với đặc tính riêng của hình ảnh viêm da cơ địa, đảm bảo quá trình chẩn đoán đạt được độ chính xác cao nhất.

2.3. Học chuyển giao (Transfer learning)

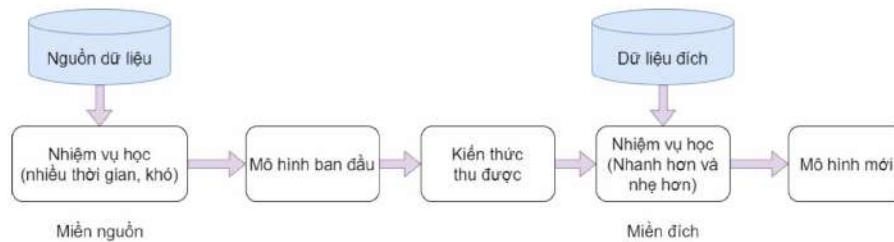
Việc huấn luyện mạng nơ-ron tích chập (CNN) từ đầu đòi hỏi tập dữ liệu lớn được gán nhãn và thời gian xử lý lâu dài, điều này thường không khả thi trong nhiều trường hợp thực tế. Để giải quyết vấn đề này, phương pháp học chuyển giao đã nổi lên như một giải pháp hiệu quả [57]. Học chuyển giao cho phép tận dụng các mô hình đã được huấn luyện từ trước, giúp giảm thiểu đáng kể thời gian và tài nguyên cần thiết.

Cụ thể, học chuyển giao trong các tác vụ phân loại hình ảnh thường sử dụng lại các trọng số của một mô hình CNN đã được huấn luyện tốt trên một miền nguồn, ví dụ như ImageNet. Với tập dữ liệu lớn, được gán nhãn cẩn thận, ImageNet đã cho phép

các mô hình CNN huấn luyện với hàng triệu hình ảnh thuộc nhiều lớp khác nhau trong thời gian dài với sức mạnh tính toán cao. Sau khi hoàn tất quá trình huấn luyện, mô hình có thể được chuyển giao sang một miền mục tiêu khác bằng cách sử dụng các trọng số đã học từ trước [58].

Trong nhiều ứng dụng, học chuyển giao được sử dụng như một phương pháp trích xuất đặc trưng. Bằng cách loại bỏ các lớp kết nối đầy đủ ở cuối và chỉ sử dụng phần tích chập của CNN, mô hình có thể đóng vai trò như một “máy trích xuất đặc trưng” cho các tập dữ liệu nhỏ hơn. Điều này rất phù hợp trong các bài toán phân loại hình ảnh tổn thương da, bởi vì hình ảnh da người cũng là một loại hình ảnh tự nhiên, do đó các tham số đã học từ ImageNet có thể được tái sử dụng một cách hiệu quả [59].

Học chuyển giao còn có thể được sử dụng trong quá trình tinh chỉnh mô hình (fine-tuning) thông qua việc đóng băng hoặc mở các lớp trong mạng. Một cách tiếp cận phổ biến là thêm vào một bộ phân loại mới và huấn luyện lại mô hình trên tập dữ liệu đích, đồng thời có thể đóng băng các lớp dưới và chỉ tinh chỉnh các lớp trên cùng của mạng [60]. Hình 1.5 minh họa quá trình học chuyển giao.



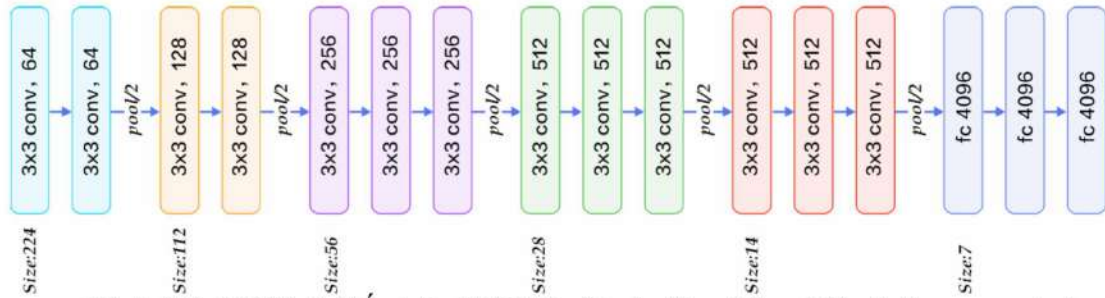
Hình 2.3: Mô hình học chuyển giao.

2.4. Mô hình học chuyển giao được huấn luyện trước

Luận văn đã sử dụng nhiều mô hình CNN đã được huấn luyện trước trong nghiên cứu của mình bằng cách áp dụng phương pháp học chuyển giao. Các mô hình bao gồm “ViT”, “VGG16”, “VGG19”, “ResNet152”, “InceptionV3”, “EfficientNetB0”, “EfficientNetB7”, “MobileNetV2”, “Xception”, “DenseNet121”. Ưu điểm của việc sử dụng học chuyển giao là các mô hình này đã được huấn luyện trước trên tập dữ liệu Imagenet, một trong những tập dữ liệu hình ảnh lớn nhất. Trong khi đó, tập dữ liệu HAM10000 của luận văn chỉ chứa 10.000 hình ảnh, con số này không đủ để huấn

luyện một mô hình học sâu từ đầu. Bằng cách sử dụng các mô hình đã được huấn luyện trước, chúng tôi có thể tăng hiệu quả của mô hình. Tất cả các mô hình này đều là các kiến trúc khác nhau của CNN và đã được huấn luyện trên Imagenet. Luận văn sẽ mô tả chi tiết các mô hình này trong các đoạn dưới đây.

2.4.1. Kiến trúc mạng VGG16



Hình 2.4: Mô hình kiến trúc VGG16 với các lớp chập và lớp fully-connected

Mô hình VGG16 được đánh giá là một trong những kiến trúc nổi bật của mạng nơ-ron tích chập (CNN) với độ sâu gồm 16 lớp. Hình 1.7 mô tả chi tiết cấu trúc của VGG16, trong đó các lớp chập có kích thước bộ lọc 3×3 được sắp xếp xen kẽ với các lớp pooling, giúp giảm kích thước của đầu vào theo từng bước mà vẫn giữ lại các đặc trưng quan trọng. Qua đó, giúp giảm độ phức tạp của mô hình mà không làm mất đi thông tin quan trọng. Kiến trúc này đã chứng minh được hiệu quả của mình trong các bài toán phân loại và nhận dạng hình ảnh, đặc biệt trên tập dữ liệu lớn như ImageNet. Mạng VGG được đề xuất vào năm 2013 bởi Karen Simonyan và Andrew Zisserman từ nhóm Visual Geometry Group tại Đại học Oxford [11]. VGG16 đã tham gia cuộc thi ImageNet vào năm 2014, với một trong những tập dữ liệu lớn nhất gồm hơn 14 triệu hình ảnh [61]. Mô hình này có tên gọi VGG-16 do có tổng cộng 16 lớp.

So với các mô hình CNN khác, VGG-16 đã đạt độ chính xác 92.7% trên tập dữ liệu ImageNet [27]. Với các bộ lọc 3×3 xuyên suốt, mô hình tập trung vào việc giữ lại các đặc trưng quan trọng từ hình ảnh, đồng thời đảm bảo tính ổn định trong quá trình huấn luyện.

Một lợi thế lớn của VGG-16 là số lượng tham số đã được giảm thiểu một cách hợp lý mà không làm suy giảm chất lượng dự đoán. Sau các lớp tích chập, mô hình có ba lớp fully-connected, với hai lớp đầu tiên chứa 4096 nơ-ron và lớp cuối cùng là 1000 nơ-ron dùng để phân loại đầu ra. Softmax được sử dụng ở lớp cuối để phân loại

các đối tượng trong bài toán ILSVRC (ImageNet Large-Scale Visual Recognition Challenge) [28].

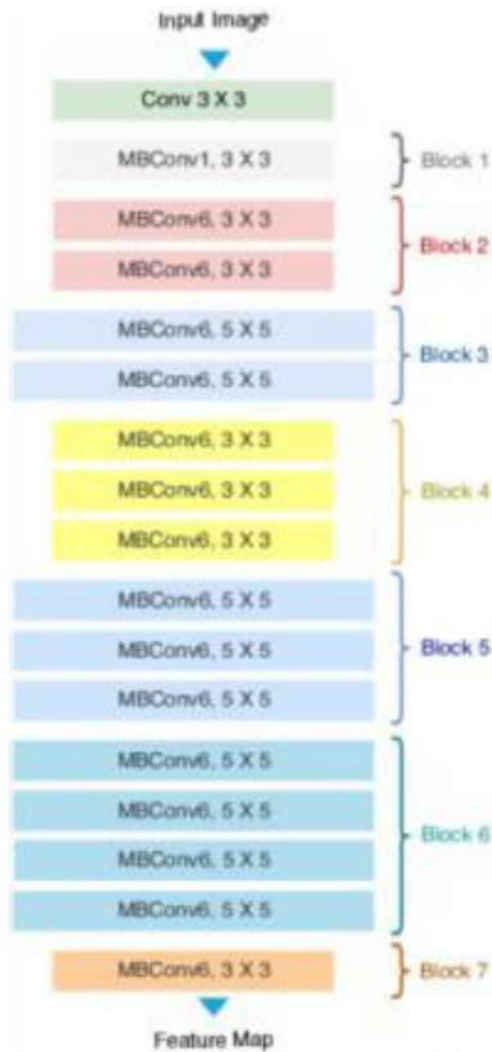
Mặc dù sau này có nhiều mô hình khác ra đời, VGG-16 vẫn giữ được sự quan tâm của cộng đồng nhờ vào tính ứng dụng cao. Một số ứng dụng tiêu biểu của VGG-16 bao gồm:

- **Nhận dạng và phân loại hình ảnh:** VGG-16 thường được ứng dụng trong lĩnh vực y học để phát hiện bệnh thông qua hình ảnh X-quang hoặc MRI.
- **Phát hiện và định vị đối tượng:** Mô hình này có khả năng xác định và định vị các đối tượng trong hình ảnh một cách chính xác.
- **Tạo vector nhúng hình ảnh:** VGG-16 có thể được huấn luyện để tạo các vector nhúng, phục vụ cho các bài toán nhận diện khuôn mặt và các ứng dụng khác.

Tuy nhiên, VGG-16 cũng có một số hạn chế. Cụ thể, mô hình chứa tới 138 triệu tham số, với kích thước lớn hơn 500MB, dẫn đến quá trình tính toán trên các thiết bị nhỏ như edge computing gặp nhiều khó khăn. Bên cạnh đó, mô hình còn gặp phải vấn đề tiêu biến gradient, đặc biệt là khi huấn luyện với các tập dữ liệu lớn.

Tóm lại, VGG-16 là một kiến trúc mạnh mẽ với cấu trúc các lớp chập nhỏ gọn, có vai trò quan trọng trong lĩnh vực nhận dạng và phát hiện hình ảnh. Mặc dù có một số nhược điểm, VGG-16 vẫn là một lựa chọn tốt cho nhiều bài toán thị giác máy tính.

2.4.2. Kiến trúc mạng EfficientNet B7



Hình 2.5: Kiến trúc mạng EfficientNet B7 với các block tích chập và MBCConv

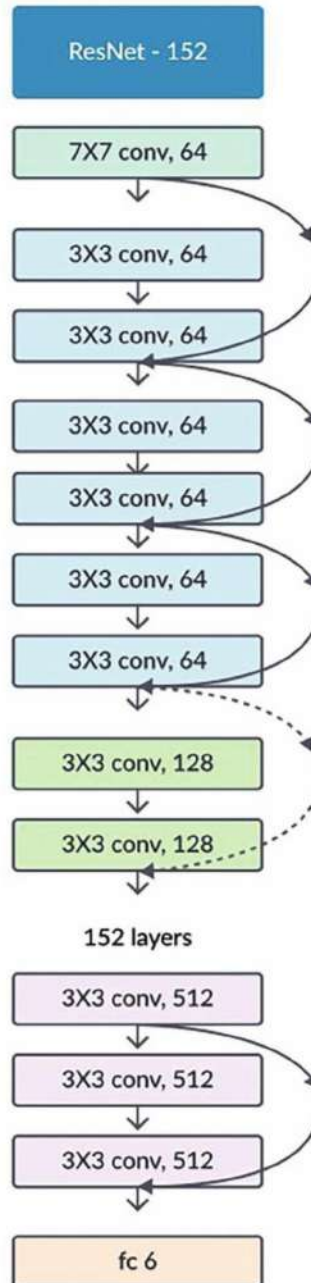
EfficientNet B7 là một biến thể tiên tiến trong dòng mạng EfficientNet, được phát triển bởi nhóm nghiên cứu của Google vào năm 2019 dưới sự dẫn dắt của Mingxing Tan và Ruoming Pang [63]. Hình 1.9 minh họa kiến trúc của EfficientNet B7, bao gồm các block tích chập (convolutional blocks) và các khối MBConv, giúp tối ưu hóa hiệu năng của mô hình. Điểm nổi bật của EfficientNet B7 nằm ở phương pháp *Compound Scaling*, tức là việc mở rộng đồng đều ba yếu tố chính của mạng: độ sâu, độ rộng và độ phân giải đầu vào. Điều này giúp mô hình đạt được hiệu suất cao mà không làm tăng số lượng tham số quá nhiều [63].

So với các phiên bản trước, EfficientNet B7 cho thấy độ chính xác vượt trội mà vẫn duy trì được tính hiệu quả về tính toán. Chiến lược *Grid Search* đã được sử dụng để xác định mối quan hệ giữa các yếu tố mở rộng và hiệu suất của mô hình. Điều này giúp EfficientNet B7 đạt được sự cân bằng lý tưởng giữa độ chính xác và chi phí tính toán, đặc biệt là về số phép tính FLOPS (Floating Point Operations per Second) [63].

Các ưu điểm nổi bật của EfficientNet B7 bao gồm:

- **Mở rộng đồng đều:** Phương pháp *Compound Scaling* đảm bảo rằng cả độ sâu, độ rộng và độ phân giải đều được mở rộng hợp lý, cải thiện hiệu suất mà không tăng số lượng tham số quá mức.
- **Sử dụng MBConv:** Các khối MBConv giúp giảm độ phức tạp trong tính toán và tối ưu hóa các phép tích chập, qua đó làm tăng hiệu suất của mạng.
- **Hiệu quả tài nguyên:** Mô hình EfficientNet B7 có khả năng đạt được độ chính xác cao trong khi sử dụng ít tài nguyên tính toán hơn so với các mô hình khác có cùng mức độ chính xác.

Nhờ những cải tiến đáng kể về kiến trúc và chiến lược mở rộng, EfficientNet B7 đã trở thành một trong những mô hình phổ biến nhất trong các bài toán phân loại và nhận dạng hình ảnh. Mô hình này đặc biệt phù hợp cho các ứng dụng đòi hỏi hiệu suất cao về độ chính xác nhưng vẫn tiết kiệm tài nguyên tính toán [63].



Hình 2.6: Kiến trúc mạng ResNet-152 với các lớp tích chập và kết nối tắt (skip connections).

2.4.3. Kiến trúc mạng ResNet-152

Hình 1.10 mô tả cấu trúc của mạng ResNet-152, một trong những kiến trúc mạng nơ-ron tích chập sâu nhất, với 152 lớp. Mô hình này sử dụng các kết nối tắt (skip connections) giữa các lớp, cho phép truyền thông tin trực tiếp từ đầu vào đến các lớp sau, giúp giải quyết vấn đề tiêu biến gradient khi huấn luyện mạng rất sâu. Các kết nối tắt này là chìa khóa để mạng có thể huấn luyện được các mô hình có số lượng lớp lớn mà không làm mất đi thông tin quan trọng.

ResNet-152 sử dụng các lớp tích chập 7×7 và 3×3 , cùng với các khối residual, cho phép thông tin lưu thông qua các kết nối tắt. Các lớp tích chập trong ResNet-152 không chỉ giúp trích xuất đặc trưng từ hình ảnh mà còn cải thiện hiệu suất của mạng khi so sánh với các mô hình truyền thống như VGG-19 [11].

Một ưu điểm chính của ResNet-152 là khả năng giữ lại tính chính xác cao trong các bài toán nhận dạng hình ảnh, đặc biệt là trong các tập dữ liệu lớn như ImageNet. Kết quả thử nghiệm trên tập dữ liệu này cho thấy ResNet-152 đạt được độ chính xác cao hơn so với các mô hình CNN khác [64]. Mặc dù có độ sâu lớn, nhưng ResNet-152 không bị quá tải trong tính toán nhờ vào thiết kế của các kết nối residual.

ResNet-152 được coi là một trong những mạng nơ-ron tích chập mạnh mẽ nhất nhờ vào các kết nối tắt, giúp nó có khả năng học sâu mà không gặp phải các vấn đề về mất mát thông tin. Hiệu quả của mạng đã được chứng minh qua các bài toán phân loại hình ảnh và vẫn là một trong những lựa chọn hàng đầu cho các mô hình sâu.

2.4.4. Kiến trúc mạng Xception

Mạng Xception là một cải tiến của kiến trúc Inception, được xây dựng dựa trên khái niệm "lát chập sâu tách biệt" (*Depthwise Separable Convolutions*), giúp tối ưu hóa khả năng trích xuất đặc trưng của mạng. Kiến trúc Xception bao gồm ba thành phần chính:

- **Entry flow:** Dòng dữ liệu đầu vào qua các lớp tích chập 3×3 và 1×1 để trích xuất các đặc trưng ban đầu. Tại đây, các lớp tích chập và pooling được kết hợp để giảm chiều kích thước đầu vào và tăng số lượng kênh đặc trưng.
- **Middle flow:** Đây là phần chính của mạng với tám khối tích chập, mỗi khối bao gồm các lớp chập tách biệt (*depthwise separable convolution*). Tại mỗi lớp, các

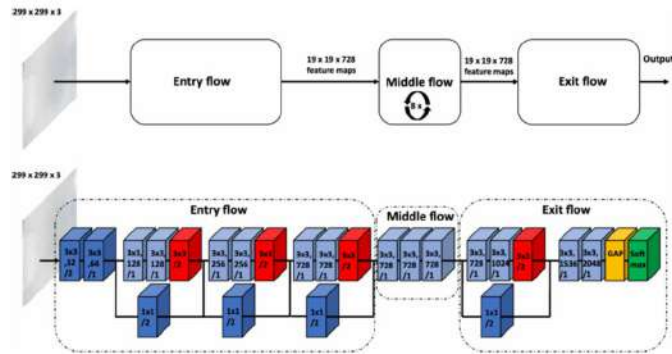
đặc trưng không gian được xử lý một cách tách biệt với các đặc trưng kênh, giúp giảm tải tính toán mà không mất đi độ chi tiết của ảnh.

- **Exit flow:** Phần cuối của mạng, nơi các đặc trưng cuối cùng được gom lại qua lớp Global Average Pooling (GAP) và sau đó được phân loại bởi lớp Softmax để tạo ra đầu ra phân loại.

Hình 1.12 mô tả kiến trúc đầy đủ của Xception với đầu vào ảnh có kích thước $299 \times 299 \times 3$. Sau khi qua *Entry flow*, kích thước đặc trưng trở thành $19 \times 19 \times 728$ và được giữ nguyên qua các lớp *Middle flow*. Kết quả cuối cùng sau *Exit flow* sẽ là lớp phân loại với kích thước đặc trưng 2048, trước khi qua lớp Softmax để tạo ra các xác suất phân loại.

2.4.5. Kiến trúc mạng DenseNet-121

Mạng DenseNet-121 là một trong những kiến trúc mạng nông nổi bật, được phát triển với mục tiêu cải thiện khả năng truyền tải thông tin và đặc trưng qua các lớp chồng chất của mạng. DenseNet được đề xuất bởi Huang và cộng sự [67], dựa trên ý tưởng kết nối trực tiếp tất cả các lớp tích chập với nhau trong khối *Dense Block*. Mỗi



Hình 2.7: Kiến trúc mạng Xception với ba giai đoạn chính: Entry flow, Middle flow, và Exit flow.

lớp trong khối nhận đầu vào không chỉ từ lớp ngay trước đó, mà còn từ tất cả các lớp trước đó trong cùng khối. Điều này giúp tăng cường khả năng truyền thông tin và tối ưu hóa hiệu suất mạng học sâu.

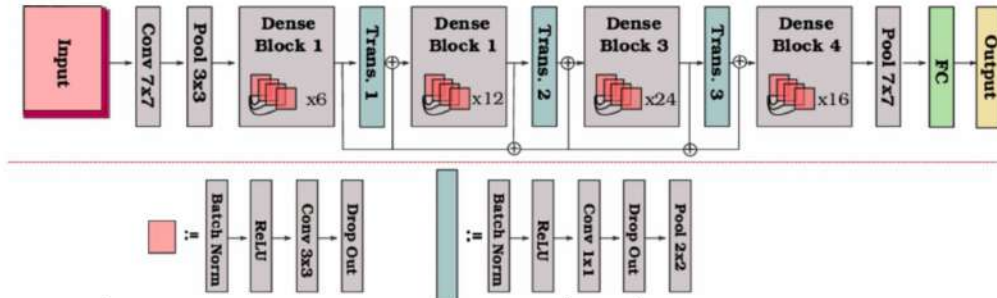
Kiến trúc DenseNet-121 bao gồm bốn khối chính gọi là *Dense Blocks*, với mỗi khối có số lớp tích chập khác nhau:

- **Input:** Ảnh đầu vào có kích thước $224 \times 224 \times 3$ đi qua lớp tích chập 7×7 và lớp pooling để giảm kích thước.
- **Dense Block 1:** Bao gồm 6 lớp tích chập, mỗi lớp chia sẻ đầu vào từ các lớp trước.
- **Dense Block 2:** Tiếp tục với 12 lớp tích chập, nơi mỗi lớp đều nhận thông tin từ toàn bộ các lớp trước đó trong khối.
- **Dense Block 3:** Đây là khối lớn nhất với 24 lớp tích chập, giúp trích xuất các đặc trưng chuyên sâu từ ảnh.
- **Dense Block 4:** Khối cuối cùng bao gồm 16 lớp tích chập, sau đó đầu ra được truyền qua lớp pooling và lớp Fully Connected (FC) để thực hiện phân loại.
- **Transition layers:** Giữa các khối *Dense Blocks*, các lớp *Transition* bao gồm tích chập và pooling giúp giảm độ phức tạp và kích thước đặc trưng.

DenseNet-121 cũng có liên quan chặt chẽ đến kiến trúc ResNet [64], nhưng thay vì chỉ sử dụng các kết nối tắt (skip connections) như trong ResNet, DenseNet sử dụng

các kết nối dày đặc giữa tất cả các lớp. Điều này dẫn đến hiệu quả truyền tải thông tin vượt trội mà vẫn giữ cho số lượng tham số tương đối ít hơn so với ResNet.

Hình 1.13 minh họa kiến trúc tổng quan của DenseNet-121 với các khối *Dense Blocks* và các lớp chuyển tiếp (Transition layers).



Hình 2.8: Kiến trúc mạng DenseNet-121 với bốn khối Dense Blocks và các lớp chuyển tiếp (Transition layers).

2.5. Cơ sở dữ liệu

Trong luận văn này, hai tập dữ liệu chính đã được sử dụng để tiến hành các thí nghiệm thực nghiệm:

1. **Tập dữ liệu 1 (VNCancer):** Tập dữ liệu này bao gồm hai nhóm ảnh chính: viêm da cơ địa (AD) với tổng số 2.357 ảnh và không viêm da cơ địa (NAD) với tổng số 4.027 ảnh. Nhóm NAD được thu thập từ các loại bệnh da liễu khác như: viêm da dầu, viêm da tiếp xúc, viêm da ứ trệ. Tất cả các hình ảnh này đã được đánh giá bởi các bác sĩ chuyên khoa da liễu tại Bệnh viện Bạch Mai và Bệnh viện Da liễu Trung ương. Hình 2.1 mô tả một số ảnh điển hình thuộc tập dữ liệu này.



Hình 2.9: Một số hình ảnh mẫu từ tập dữ liệu VNCancer bao gồm viêm da cơ địa (AD) và không viêm da cơ địa (NAD).

2.6. Các chỉ số đánh giá hiệu năng

Để đánh giá hiệu suất của mô hình phân loại trong phân tích ảnh da liễu, đặc biệt trong chẩn đoán bệnh viêm da cơ địa, nhiều chỉ số khác nhau được sử dụng nhằm đo lường khả năng của mô hình trong việc phân loại chính xác các mẫu dữ liệu thuộc các lớp khác nhau. Các chỉ số chính bao gồm độ chính xác, độ nhạy, độ đặc hiệu, giá trị dự đoán dương, F1 Score, AUC-ROC và ma trận nhầm lẫn.

Các ký hiệu sử dụng trong các công thức dưới đây bao gồm:

- *TP* (True Positives): Số lượng mẫu dương tính thực sự được dự đoán đúng,
- *TN* (True Negatives): Số lượng mẫu âm tính thực sự được dự đoán đúng,
- *FP* (False Positives): Số lượng mẫu âm tính nhưng bị dự đoán sai là dương tính,
- *FN* (False Negatives): Số lượng mẫu dương tính nhưng bị dự đoán sai là âm tính.

2.6.1. Độ chính xác (*Accuracy*)

Độ chính xác (*Accuracy*) là một trong những chỉ số phổ biến nhất được sử dụng để đánh giá hiệu suất của mô hình phân loại. Nó biểu thị tỷ lệ phần trăm các mẫu dữ liệu được phân loại chính xác so với tổng số mẫu. Độ chính xác được xác định theo Công thức 2.1.

$$\text{Accuracy} = \frac{TP + TN}{TP + TN + FP + FN} \quad (2.1)$$

Độ chính xác giúp đánh giá tỷ lệ các dự đoán đúng của mô hình so với toàn bộ các mẫu dữ liệu, nhưng nó có thể không phản ánh chính xác hiệu quả mô hình khi dữ liệu không cân bằng (các lớp có số lượng mẫu khác nhau) [84].

2.6.2. Độ nhạy (*Sensitivity/Recall*)

Độ nhạy (*Sensitivity*), còn được gọi là *Recall*, là một chỉ số quan trọng trong đánh giá hiệu suất của mô hình phân loại, đặc biệt là khi chúng ta quan tâm đến khả năng nhận diện chính xác các mẫu dương tính. Độ nhạy cho biết tỷ lệ các mẫu dương tính thực sự được mô hình dự đoán chính xác. Dưới đây là các khía cạnh chi tiết của độ nhạy:

Độ nhạy được tính bằng cách chia số lượng mẫu dương tính thực sự được mô hình dự đoán đúng cho tổng số mẫu dương tính thực sự trong tập dữ liệu được xác định theo Công thức 2.2.

$$\text{Sensitivity (Recall)} = \frac{TP}{TP+FN} \quad (2.2)$$

Công thức 2.27 cho thấy khả năng của mô hình trong việc nhận diện chính xác các trường hợp dương tính. Độ nhạy cao có nghĩa là mô hình có khả năng phát hiện hầu hết các mẫu dương tính [84].

Trong các bài toán phân loại không cân bằng, tức là số lượng mẫu dương tính và âm tính không đồng đều, chỉ số độ nhạy trở nên rất quan trọng. Khi một lớp (thường là lớp dương tính) có số lượng mẫu ít hơn đáng kể so với lớp còn lại, mô hình có thể dự đoán thiếu chính xác các mẫu thuộc lớp thiểu số. Độ nhạy giúp đo lường khả năng phát hiện các mẫu thuộc lớp thiểu số.

Ví dụ, trong các bài toán phân loại ảnh y tế, như phân loại bệnh lý từ ảnh da, độ nhạy cao là mục tiêu quan trọng vì việc bỏ sót các trường hợp bệnh (False Negatives) có thể gây ra hậu quả nghiêm trọng [82].

Độ nhạy được sử dụng rộng rãi trong các bài toán xử lý ảnh y tế, nơi mà việc phát hiện chính xác các mẫu dương tính (bệnh nhân mắc bệnh) là điều quan trọng. Ví dụ, trong chẩn đoán ảnh da liễu, độ nhạy được sử dụng để đánh giá mô hình phân loại các bệnh lý da liễu như ung thư da hoặc các tình trạng da khác. Một mô hình với độ nhạy cao có khả năng phát hiện chính xác các trường hợp bệnh, giúp bác sĩ đưa ra quyết định chẩn đoán đúng [83].

Việc sử dụng độ nhạy trong xử lý ảnh y tế giúp giảm thiểu khả năng bỏ sót các trường hợp dương tính, qua đó cải thiện hiệu quả của quá trình chẩn đoán và điều trị bệnh.

2.6.3. Độ đặc hiệu (Specificity)

Độ đặc hiệu (Specificity) là một chỉ số quan trọng để đánh giá hiệu suất của mô hình phân loại, đặc biệt trong các trường hợp mà việc xác định chính xác các mẫu âm tính có ý nghĩa quan trọng. Độ đặc hiệu đo lường khả năng của mô hình trong việc dự đoán chính xác các mẫu âm tính (không mắc bệnh trong các bài toán y tế). Một mô hình có độ đặc hiệu cao sẽ có khả năng xác định đúng các trường hợp âm tính, tức là tránh được các trường hợp âm tính bị phân loại nhầm thành dương tính.

Độ đặc hiệu được tính bằng cách chia số lượng mẫu âm tính thực sự được mô hình dự đoán đúng cho tổng số mẫu âm tính thực sự trong tập dữ liệu. Công thức tính độ đặc hiệu được xác định theo Công thức 2.3.

$$\text{Specificity} = \frac{TN}{TN + FP} \quad (2.3)$$

Công thức 2.28 thể hiện khả năng của mô hình trong việc nhận diện chính xác các trường hợp âm tính. Độ đặc hiệu cao cho thấy mô hình có thể giảm thiểu các dự đoán dương tính giả, điều rất quan trọng trong các ứng dụng y tế, chẳng hạn như chẩn đoán bệnh [84].

2.6.3.1. Vai trò của độ đặc hiệu trong phân loại y tế

Trong các bài toán xử lý ảnh y tế, chẳng hạn như phân loại ảnh da liễu, độ đặc hiệu rất quan trọng để đảm bảo rằng các trường hợp không mắc bệnh (âm tính) không bị phân loại nhầm thành dương tính. Ví dụ, trong bài toán chẩn đoán ung thư da, nếu mô hình có độ đặc hiệu thấp, nhiều bệnh nhân không mắc bệnh có thể bị chẩn đoán sai là mắc bệnh, dẫn đến các xét nghiệm và điều trị không cần thiết. Do đó, độ đặc hiệu giúp đảm bảo rằng các trường hợp âm tính được xác định chính xác, giúp giảm thiểu chi phí và thời gian điều trị không cần thiết [82].

2.6.3.2. Mối quan hệ giữa độ đặc hiệu và độ nhạy

Độ nhạy (Sensitivity) và độ đặc hiệu (Specificity) thường có mối quan hệ đối lập. Khi tăng độ nhạy, khả năng phát hiện các trường hợp dương tính tăng lên, nhưng có thể làm giảm độ đặc hiệu do mô hình dự đoán nhiều trường hợp dương tính giả hơn. Ngược lại, khi độ đặc hiệu tăng lên, mô hình có thể bỏ sót nhiều trường hợp dương tính hơn (tức là giảm độ nhạy). Do đó, trong các ứng dụng thực tế, cần có sự cân bằng giữa độ nhạy và độ đặc hiệu tùy thuộc vào yêu cầu của bài toán [83].

2.6.4. Giá trị dự đoán dương (Precision)

Giá trị dự đoán dương (Precision) là một trong những chỉ số đánh giá hiệu suất của mô hình phân loại, đặc biệt quan trọng khi chúng ta quan tâm đến việc giảm thiểu các trường hợp dương tính giả (False Positives). Precision đo lường tỷ lệ các mẫu dương tính thực sự được dự đoán đúng trên tổng số các dự đoán dương tính. Một mô hình với giá trị dự đoán dương cao sẽ có khả năng phân loại chính xác các trường hợp dương tính mà không đưa ra quá nhiều dự đoán sai. Công thức tính giá trị dự đoán dương được xác định theo Công thức 2.29.

$$\text{Precision} = \frac{TP}{TP + FP} \quad (2.4)$$

Công thức 2.29 cho thấy khả năng của mô hình trong việc hạn chế các dự đoán sai dương tính. Precision cao nghĩa là mô hình có thể đưa ra các dự đoán dương tính một cách chính xác, đồng thời giảm thiểu các trường hợp dương tính giả [84].

2.6.4.1. Tầm quan trọng của Precision trong bài toán phân loại không cân bằng

Trong các bài toán phân loại không cân bằng, khi mà một lớp chiếm ưu thế hơn lớp còn lại (ví dụ: lớp âm tính chiếm phần lớn và lớp dương tính chỉ chiếm một phần nhỏ), Precision trở thành một chỉ số đặc biệt quan trọng. Trong những trường hợp này, nếu mô hình chỉ dự đoán dương tính cho một số ít mẫu, thì giá trị dự đoán dương (Precision) sẽ đánh giá liệu các dự đoán dương tính đó có thực sự chính xác hay không.

Ví dụ, trong các bài toán y tế như phát hiện ung thư da từ ảnh da liễu, Precision cao là cần thiết để đảm bảo rằng khi mô hình dự đoán bệnh, xác suất bệnh nhân thực sự mắc bệnh là cao. Precision giúp giảm thiểu các trường hợp chẩn đoán nhầm, từ đó tránh các can thiệp không cần thiết [82].

2.6.4.2. Ứng dụng Precision trong xử lý ảnh y tế

Trong xử lý ảnh y tế, giá trị dự đoán dương (Precision) rất quan trọng để đảm bảo rằng các mẫu bệnh lý được phát hiện chính xác mà không gây ra quá nhiều báo động

giả. Ví dụ, trong quá trình phân loại ảnh da liễu, Precision giúp bác sĩ đánh giá chất lượng của mô hình trong việc phát hiện các tổn thương da nghiêm trọng. Mô hình có Precision cao sẽ giúp bác sĩ đưa ra quyết định điều trị đúng đắn, tránh các can thiệp không cần thiết đối với bệnh nhân không mắc bệnh [83].

Precision được sử dụng rộng rãi trong các hệ thống phát hiện và chẩn đoán tự động, nơi mà việc giảm thiểu các dự đoán sai dương tính có tầm quan trọng lớn, đặc biệt trong các ứng dụng nhạy cảm như y tế.

2.6.5. F1 Score

F1 Score là một chỉ số quan trọng trong đánh giá hiệu suất của mô hình phân loại, đặc biệt trong các bài toán có dữ liệu không cân bằng, khi mà Precision (Giá trị dự đoán dương) và Recall (Độ nhạy) đều quan trọng. F1 Score là trung bình điều hòa giữa Precision và Recall, giúp cân bằng giữa việc tránh dương tính giả (False Positives) và âm tính giả (False Negatives). F1 Score được xác định theo Công thức 2.30.

$$F1\ Score = 2 \cdot \frac{Precision \cdot Recall}{Precision + Recall} \quad (2.5)$$

Công thức 2.30 cho thấy F1 Score là sự kết hợp giữa Precision và Recall, đặc biệt quan trọng trong các tình huống cần cân bằng giữa hai chỉ số này [84].

2.6.5.1. Mối quan hệ giữa F1 Score, Precision và Recall

F1 Score phụ thuộc trực tiếp vào Precision và Recall. Khi Precision và Recall đều cao, F1 Score sẽ cao, điều này có nghĩa mô hình có khả năng nhận diện tốt các mẫu dương tính và ít bị sai sót. Tuy nhiên, nếu một trong hai chỉ số Precision hoặc Recall thấp, F1 Score sẽ bị ảnh hưởng đáng kể. Điều này làm cho F1 Score trở thành một chỉ số hữu ích khi cần đánh giá tổng thể về sự cân bằng giữa dự đoán đúng và tránh các dự đoán sai [82].

2.6.5.2. Ứng dụng của F1 Score trong xử lý ảnh y tế

F1 Score thường được sử dụng trong các bài toán xử lý ảnh y tế, nơi mà việc phát hiện chính xác các mẫu bệnh lý là quan trọng, đồng thời tránh các dự đoán sai lệch. Ví dụ, trong chẩn đoán ung thư da từ ảnh da liễu, F1 Score giúp đánh giá mô hình không chỉ dựa trên khả năng phát hiện các mẫu dương tính mà còn đảm bảo rằng mô hình không đưa ra quá nhiều dự đoán sai dương tính, tránh gây lo lắng không cần thiết cho bệnh nhân [83].

F1 Score đặc biệt hữu ích trong các tình huống mà dữ liệu không cân bằng, khi số lượng mẫu dương tính (bệnh lý) ít hơn rất nhiều so với mẫu âm tính (không bệnh lý). Trong những trường hợp này, việc chỉ đánh giá dựa trên Accuracy có thể gây hiểu lầm, và F1 Score cung cấp một cách đánh giá toàn diện hơn về hiệu quả của mô hình.

2.6.6. AUC-ROC (Area Under the Receiver Operating Characteristics Curve)

AUC-ROC là một chỉ số quan trọng trong đánh giá hiệu suất của mô hình phân loại, đặc biệt là trong các bài toán phân loại với dữ liệu không cân bằng. ROC (Receiver Operating Characteristics) là đồ thị biểu diễn mối quan hệ giữa Tỷ lệ Dương tính thật (True Positive Rate - TPR) và Tỷ lệ Dương tính giả (False Positive Rate - FPR), còn AUC (Area Under the Curve) là diện tích dưới đường cong ROC, biểu thị khả năng của mô hình trong việc phân biệt giữa các lớp dương tính và âm tính [85, 86].

True Positive Rate (TPR) hay còn gọi là Recall, được xác định theo Công thức 2.31.

$$TPR = \frac{TP}{TP + FN} \quad (2.6)$$

False Positive Rate (FPR) là tỷ lệ dương tính giả, được xác định theo Công thức 2.32.

$$FPR = \frac{FP}{FP + TN} \quad (2.7)$$

Công thức tổng quát để tính AUC-ROC là diện tích dưới đường cong ROC, được xác định theo Công thức 2.33.

$$G(x, y) = \frac{1}{2\pi\sigma^2} \exp\left(-\frac{x^2 + y^2}{2\sigma^2}\right) \quad (2.8)$$

Trong thực tế, giá trị TPR và FPR được tính tại nhiều điểm ngưỡng khác nhau, và diện tích này có thể được ước lượng bằng phương pháp hình thang, được xác định theo Công thức 2.34 [87].

$$G(x, y) = \frac{1}{2\pi\sigma^2} \exp\left(-\frac{x^2 + y^2}{2\sigma^2}\right) \quad (2.9)$$

Trong đó:

- TPR_i và FPR_i là giá trị của True Positive Rate và False Positive Rate tại ngưỡng thứ i ,
- n là số lượng ngưỡng.

2.6.6.1. Diện tích dưới đường cong ROC (AUC)

AUC là diện tích dưới đường cong ROC, và giá trị AUC dao động từ 0 đến 1. AUC càng lớn, mô hình phân loại càng tốt trong việc phân biệt giữa các lớp dương tính và âm tính. Một mô hình hoàn hảo sẽ có AUC bằng 1, còn một mô hình hoàn toàn ngẫu nhiên sẽ có AUC bằng 0.5.

AUC được tính toán bằng cách tích phân diện tích dưới đường cong ROC. Trong thực tế, các giá trị FPR và TPR được tính toán cho các ngưỡng khác nhau để vẽ đường cong ROC, và sau đó diện tích dưới đường cong được tính toán.

2.6.6.2. Ý nghĩa của AUC-ROC trong đánh giá mô hình phân loại

AUC-ROC là một chỉ số tổng hợp giúp đánh giá hiệu quả của mô hình phân loại mà không phụ thuộc vào một ngưỡng cố định. AUC-ROC cung cấp cái nhìn tổng quan về khả năng phân biệt giữa hai lớp của mô hình, đặc biệt quan trọng trong các bài toán

phân loại với dữ liệu không cân bằng. Một mô hình có AUC-ROC cao thể hiện rằng mô hình có khả năng tốt trong việc phân biệt giữa các mẫu dương tính và âm tính, ngay cả khi tỉ lệ các mẫu giữa hai lớp không đồng đều.

2.6.6.3. Ứng dụng AUC-ROC trong xử lý ảnh y tế

AUC-ROC được sử dụng rộng rãi trong các bài toán xử lý ảnh y tế, chẳng hạn như chẩn đoán ung thư từ ảnh y tế. Trong các ứng dụng này, việc đảm bảo rằng mô hình có thể phân biệt chính xác giữa các trường hợp mắc bệnh và không mắc bệnh là cực kỳ quan trọng. Một AUC-ROC cao đảm bảo rằng mô hình không chỉ có khả năng phát hiện các trường hợp dương tính mà còn giảm thiểu các dự đoán sai lệch, từ đó giúp giảm thiểu các chẩn đoán sai.

Ví dụ, trong bài toán chẩn đoán ung thư da từ ảnh da liễu, AUC-ROC được sử dụng để đánh giá khả năng của mô hình trong việc phát hiện các trường hợp ung thư da so với các mẫu da bình thường. AUC-ROC giúp đánh giá toàn diện khả năng của mô hình ở các ngưỡng khác nhau, giúp bác sĩ và các nhà nghiên cứu đưa ra quyết định tốt hơn về mô hình chẩn đoán.

2.6.7. Ma trận nhầm lẫn (Confusion Matrix)

Ma trận nhầm lẫn (Confusion Matrix) là một công cụ hữu ích để đánh giá hiệu suất của mô hình phân loại. Nó cung cấp một cái nhìn tổng quan về các kết quả dự đoán đúng và sai của mô hình bằng cách so sánh dự đoán của mô hình với nhãn thực tế. Ma trận nhầm lẫn đặc biệt hữu ích trong các bài toán phân loại với nhiều lớp hoặc dữ liệu không cân bằng, giúp phân tích cụ thể các trường hợp mô hình phân loại sai.

Ma trận nhầm lẫn có cấu trúc là một bảng vuông, trong đó các hàng biểu diễn nhãn thực tế và các cột biểu diễn dự đoán của mô hình. Dưới đây là các khía cạnh chính của ma trận nhầm lẫn:

2.6.7.1. Cấu trúc của ma trận nhầm lẫn

Một ma trận nhầm lẫn cho bài toán phân loại nhị phân bao gồm 4 phần tử chính như trong Bảng 2.1.

Bảng 2.2: Ma trận nhầm lẫn cho bài toán phân loại nhị phân

Thực tế	Dự đoán Dương	Dự đoán Âm
Dương	<i>TP</i>	<i>FN</i>
Âm	<i>FP</i>	<i>TN</i>

Từ ma trận nhầm lẫn, chúng ta có thể tính toán nhiều chỉ số quan trọng để đánh giá hiệu suất của mô hình:

2.6.7.2. Ý nghĩa của ma trận nhầm lẫn trong phân tích hiệu suất mô hình

Ma trận nhầm lẫn cung cấp một cái nhìn chi tiết về hiệu suất của mô hình không chỉ dựa trên các chỉ số tổng quan như độ chính xác, mà còn chỉ ra cụ thể các trường hợp sai sót của mô hình. Điều này đặc biệt hữu ích trong các bài toán phân loại y tế, nơi việc xác định chính xác các trường hợp dương tính và âm tính là rất quan trọng. Ví dụ, trong chẩn đoán bệnh lý, các lỗi như False Positives (chẩn đoán nhầm có bệnh) và False Negatives (bỏ sót các trường hợp mắc bệnh) có thể dẫn đến những hậu quả nghiêm trọng.

Ma trận nhầm lẫn giúp nhà nghiên cứu và bác sĩ có thể hiểu rõ hơn về cách mô hình hoạt động và từ đó điều chỉnh mô hình hoặc sử dụng các phương pháp hỗ trợ để cải thiện hiệu suất.

2.7. Phương pháp đề xuất

Phương pháp đề xuất trong bài toán phân loại ảnh da liễu nhằm chẩn đoán viêm da cơ địa dựa trên ảnh da được chia thành các bước như sau: tiền xử lý ảnh, xây dựng mô hình học sâu, huấn luyện mô hình và đánh giá hiệu năng.

2.7.1. Kiến trúc mô hình

Mô hình đề xuất cho chẩn đoán viêm da cơ địa bao gồm các bước chính như sau: tiền xử lý dữ liệu, xây dựng mô hình học sâu, huấn luyện mô hình, và cuối cùng là dự đoán và đánh giá mô hình. Quy trình tổng quát được mô tả trong Hình 2.2.

2.7.1.1. Bước 1: Tiền xử lý dữ liệu

Bước đầu tiên trong quy trình là tiền xử lý dữ liệu:

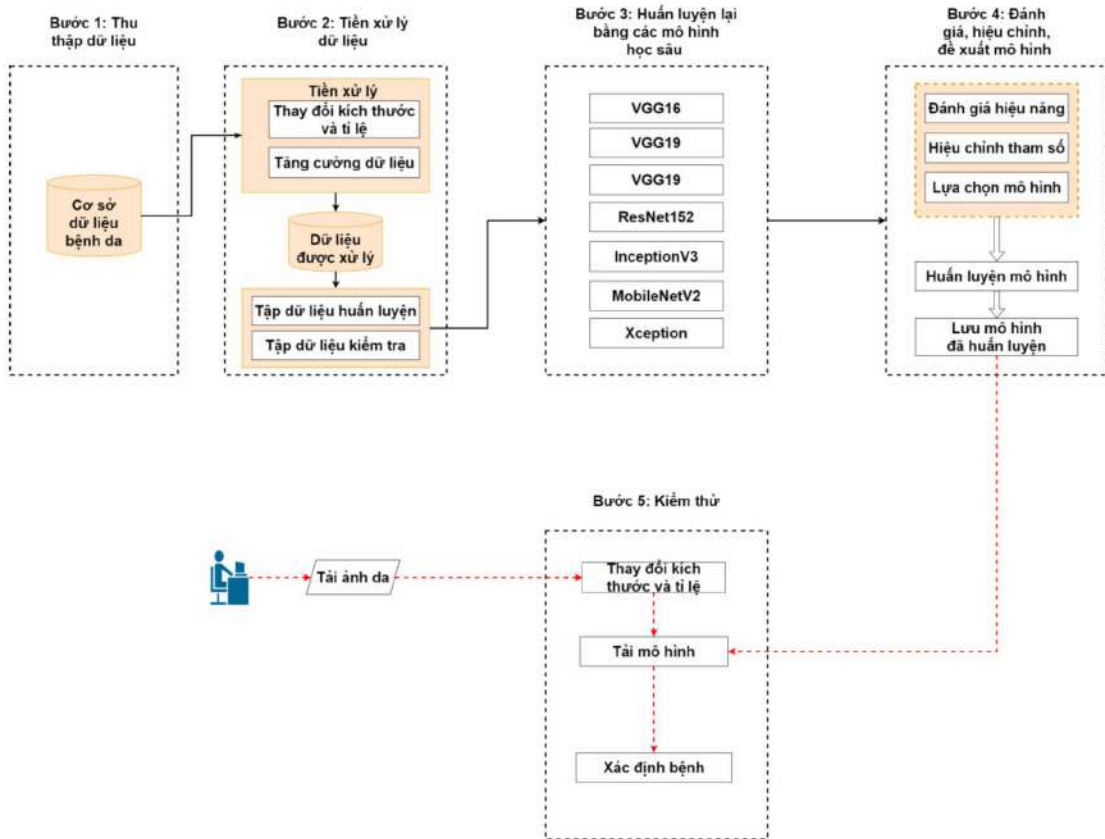
2.7.1.1.1. **Thay đổi kích thước và tỉ lệ ảnh:** Tất cả các ảnh trong cơ sở dữ liệu được chuẩn hóa về cùng một kích thước (ví dụ 224×224) để phù hợp với yêu cầu đầu vào của các mô hình học sâu.

2.7.1.1.2. **Tăng cường dữ liệu:** Các kỹ thuật tăng cường dữ liệu như xoay, phóng to, dịch chuyển và điều chỉnh độ sáng được áp dụng để cải thiện độ đa dạng của dữ liệu huấn luyện.

Dữ liệu sau khi được xử lý sẽ được phân chia thành hai phần:

2.7.1.1.3. **Tập dữ liệu huấn luyện:** Được sử dụng để huấn luyện mô hình.

2.7.1.1.4. **Tập dữ liệu kiểm tra:** Được sử dụng để đánh giá hiệu suất của mô hình sau khi huấn luyện.



Hình 2.10: Kiến trúc mô hình đề xuất cho chẩn đoán viêm da cơ địa

2.7.1.2. Bước 2: Xây dựng mô hình học sâu

Các mô hình học sâu đã được huấn luyện trước trên các tập dữ liệu lớn (như ImageNet) sẽ được sử dụng và tinh chỉnh cho bài toán chẩn đoán viêm da cơ địa. Các mô hình VGG16, VGG19, ResNet152, InceptionV3, MobileNetV2, Xception. Các mô hình này sẽ được huấn luyện trên tập dữ liệu đã qua tiền xử lý để học các đặc trưng từ ảnh da liễu.

2.7.1.3. Bước 3: Huấn luyện mô hình và đánh giá

Sau khi xây dựng mô hình, quá trình huấn luyện sẽ được thực hiện với các tham số huấn luyện như tốc độ học (*learning rate*), số lượng epoch, và kích thước batch

(*batch size*). Quá trình huấn luyện bao gồm các bước:

- **Đánh giá hiệu năng:** Mô hình sẽ được đánh giá qua các chỉ số như độ chính xác (*accuracy*), độ nhạy (*sensitivity*), và độ đặc hiệu (*specificity*).
- **Hiệu chỉnh tham số:** Nếu cần thiết, các tham số huấn luyện sẽ được điều chỉnh để cải thiện hiệu suất của mô hình.
- **Lựa chọn mô hình tốt nhất:** Mô hình có hiệu suất tốt nhất sẽ được chọn để lưu trữ và sử dụng cho bước dự đoán.

2.7.1.4. Bước 4: Dự đoán và xác định bệnh

Sau khi mô hình đã được huấn luyện, quá trình dự đoán sẽ được thực hiện trên các ảnh da liễu mới. Các bước bao gồm:

- **Tải ảnh da liễu mới:** Người dùng sẽ tải ảnh da cần phân tích lên hệ thống.
- **Thay đổi kích thước và tỉ lệ:** Ảnh sẽ được điều chỉnh kích thước giống với ảnh trong tập huấn luyện.
- **Tải mô hình đã huấn luyện:** Mô hình học sâu tốt nhất đã được huấn luyện sẽ được tải lên để tiến hành dự đoán.
- **Xác định tình trạng bệnh:** Mô hình sẽ đưa ra dự đoán về tình trạng bệnh của bệnh nhân, ví dụ như mắc viêm da cơ địa (AD) hoặc không mắc bệnh (NAD).

Quy trình trên giúp xây dựng và huấn luyện mô hình học sâu có khả năng phân loại ảnh da liễu, hỗ trợ việc chẩn đoán tình trạng viêm da cơ địa. Quy trình này được thực hiện theo các bước rõ ràng, từ tiền xử lý dữ liệu đến dự đoán và đánh giá mô hình, nhằm đảm bảo độ chính xác cao và hiệu suất tốt nhất trong chẩn đoán bệnh lý da liễu.

2.7.2. Tiền xử lý ảnh

Trong bước tiền xử lý, các ảnh da được chuẩn hóa về kích thước 224×224 pixel để phù hợp với đầu vào của mô hình học sâu. Ngoài ra, các kỹ thuật tăng cường dữ

liệu (*Data Augmentation*) như xoay, phóng to, dịch chuyển và thay đổi độ sáng được áp dụng để tăng sự đa dạng của dữ liệu huấn luyện.

Giả sử tập huấn luyện bao gồm các ảnh $x_i \in \mathbb{R}^{H \times W \times C}$, trong đó H, W là chiều cao và chiều rộng của ảnh, và C là số kênh màu (RGB). Kỹ thuật tăng cường dữ liệu được biểu diễn bởi hàm $T(x_i)$, với T là các phép biến đổi như xoay (*rotation*), dịch chuyển (*translation*), phóng to (*scaling*), và thay đổi độ sáng (*brightness adjustment*). Mỗi ảnh sau khi được biến đổi có thể được biểu diễn như sau:

$$x'_i = T(x_i) \quad (2.10)$$

Trong đó, x'_i là ảnh sau khi được áp dụng các phép biến đổi T .

2.7.3. Xây dựng mô hình học sâu

Trong phương pháp đề xuất, các mô hình học sâu như VGG16, VGG19, ResNet152, EfficientNetB0, và ViT_B16 được sử dụng để phân loại ảnh da liễu. Mỗi mô hình có cấu trúc khác nhau, tuy nhiên điểm chung là các mô hình này đều sử dụng các trọng số đã được huấn luyện trên tập dữ liệu lớn (như ImageNet) và sau đó được tinh chỉnh (*fine-tuning*) cho bài toán chẩn đoán viêm da cơ địa.

Mô hình học sâu $f(x, \theta)$ có đầu vào là ảnh da liễu $x \in \mathbb{R}^{H \times W \times C}$ và đầu ra là xác suất thuộc các lớp $y_i \in \{0, 1\}$, trong đó θ là các tham số của mô hình. Kết quả dự đoán y'_i được tính bằng cách sử dụng hàm kích hoạt softmax tại lớp cuối cùng của mô hình:

$$y'_i = \text{softmax}(f(x_i, \theta)) \quad (2.11)$$

Trong đó, softmax được định nghĩa như sau:

$$\text{softmax}(z_j) = \frac{e^{z_j}}{\sum_{k=1}^K e^{z_k}}, \quad j = 1, \dots, K \quad (2.12)$$

Với z_j là giá trị tại lớp đầu ra cho lớp j , và K là số lượng lớp trong bài toán phân loại.

2.7.4. Hàm mất mát và huấn luyện mô hình

Để tối ưu hóa mô hình, hàm mất mát *categorical cross-entropy* được sử dụng. Hàm mất mát này đo lường sự khác biệt giữa nhãn thực tế y_i và nhãn dự đoán \hat{y}_i :

$$L(y_i, \hat{y}_i) = - \sum_{j=1}^K y_{ij} \log(\hat{y}_{ij}) \quad (2.13)$$

Trong đó:

- $y_{ij} \in \{0, 1\}$ là nhãn thực tế của ảnh x_i , $y_{ij} = 1$ nếu ảnh x_i thuộc lớp j ,
- \hat{y}_{ij} là xác suất dự đoán ảnh x_i thuộc lớp j .

Quá trình huấn luyện mô hình nhằm tối ưu hóa các tham số θ để giảm thiểu hàm mất mát $L(y, \hat{y})$. Các thuật toán tối ưu hóa như Adam được sử dụng để cập nhật các tham số mô hình trong mỗi bước huấn luyện:

$$\theta = \theta - \alpha \nabla_{\theta} L(y, \hat{y}) \quad (2.14)$$

Trong đó, α là tốc độ học (learning rate), và $\nabla_{\theta} L(y, \hat{y})$ là gradient của hàm mất mát với tham số θ .

2.7.5. Thuật toán

Quy trình huấn luyện mô hình học sâu để phân loại ảnh da liễu được chia thành nhiều bước từ việc tiền xử lý dữ liệu, khởi tạo mô hình, huấn luyện, cho đến đánh giá và dự đoán bệnh. Thuật toán ?? mô tả chi tiết các bước từ đầu đến cuối nhằm tối ưu hóa mô hình để chẩn đoán viêm da cơ địa hoặc không mắc bệnh, gồm các bước:

Bước 1: Tiền xử lý dữ liệu

Mục tiêu của bước này là chuẩn bị dữ liệu đầu vào cho mô hình học sâu:

- **Chuẩn hóa kích thước ảnh:** Tất cả các ảnh trong tập dữ liệu D được chuẩn hóa về cùng kích thước (ví dụ 224×224) để đảm bảo đầu vào của mô hình nhất quán, theo đúng yêu cầu của mô hình học sâu.

- **Tăng cường dữ liệu:** Áp dụng các phép biến đổi $T(x_i)$ (như xoay, phóng to, dịch chuyển, điều chỉnh độ sáng) lên ảnh x_i , với mục tiêu là tạo ra các biến thể khác nhau của dữ liệu đầu vào nhằm tăng sự đa dạng của dữ liệu huấn luyện. Phép biến đổi này được biểu diễn bằng Công thức 2.36.

Bước 2: Khởi tạo mô hình học sâu

Trong bước này, chúng ta tiến hành chọn và khởi tạo mô hình học sâu:

- Chọn mô hình $f(x, \theta)$ từ danh sách các mô hình học sâu đã được huấn luyện trước như VGG16, VGG19, ResNet152, MobileNetV2, EfficientNetB0. Các mô hình này đã được huấn luyện trên tập dữ liệu lớn như ImageNet và do đó đã học được các đặc trưng quan trọng, giúp tăng tốc quá trình huấn luyện.
- Khởi tạo các trọng số θ của mô hình. Các trọng số này có thể được khởi tạo ngẫu nhiên hoặc từ các mô hình đã được huấn luyện trước, với mục tiêu tinh chỉnh (fine-tuning) mô hình cho bài toán phân loại ảnh da liễu cụ thể.

Bước 3: Huấn luyện mô hình

Quá trình huấn luyện mô hình nhằm tối ưu hóa các tham số θ của mô hình thông qua thuật toán backpropagation:

- **Forward pass:** Đối với mỗi batch B trong tập dữ liệu huấn luyện, mô hình tính toán dự đoán \hat{y}_i dựa trên hàm softmax (Công thức 2.37). Sau đó, hàm mất mát $L(y, \hat{y})$ được tính toán dựa trên nhãn thực tế y và dự đoán \hat{y}_i , theo Công thức 2.39.
- **Backpropagation:** Sau khi tính toán mất mát, gradient của hàm mất mát $L(y, \hat{y})$ đối với các tham số θ được tính toán. Các tham số mô hình θ sau đó được cập nhật dựa trên thuật toán Adam theo Công thức 2.40, để giảm thiểu mất mát.

Quá trình này được lặp lại cho mỗi epoch (vòng lặp toàn bộ tập dữ liệu huấn luyện), nhằm tối ưu hóa hiệu suất của mô hình.

Bước 4: Đánh giá mô hình

Sau khi huấn luyện, mô hình được đánh giá trên tập kiểm tra bằng cách sử dụng các độ đo hiệu suất:

- **Độ chính xác (Accuracy):** Tỷ lệ các dự đoán đúng được tính theo Công thức 2.26.
- **Giá trị dự đoán dương (Precision):** Tỷ lệ các dự đoán dương tính đúng, tính theo Công thức 2.29.
- **Độ nhạy (Sensitivity/Recall):** Khả năng phát hiện chính xác các mẫu dương tính, tính theo Công thức 2.27.
- **F1 Score:** Trung bình điều hòa giữa Precision và Recall, tính theo Công thức 2.30.
- **AUC-ROC:** Đánh giá khả năng phân biệt giữa các lớp, với diện tích dưới đường cong ROC được tính theo Công thức 2.33.

Bước 5: Dự đoán bệnh lý

Sau khi mô hình đã được huấn luyện, bước này thực hiện quá trình dự đoán:

- Dựa trên ảnh mới x , mô hình dự đoán xác suất thuộc các lớp (AD hoặc NAD). Dự đoán y^* được tính dựa trên hàm softmax (Công thức 2.37), với $y^* = 1$ tương ứng với viêm da cơ địa (AD) và $y^* = 0$ là không mắc bệnh (NAD).
- Dự đoán này có thể được sử dụng bởi các chuyên gia y tế để hỗ trợ trong quá trình chẩn đoán và điều trị.

Kết luận chương 2

Trong chương này, luận văn đã trình bày các bước xây dựng mô hình học sâu nhằm hỗ trợ chẩn đoán viêm da cơ địa từ dữ liệu ảnh da liễu. Quá trình phát triển mô hình bao gồm việc xử lý dữ liệu, xây dựng kiến trúc mô hình, huấn luyện và đánh

Thuật toán 2.1 Quy trình huấn luyện mô hình học sâu để phân loại ảnh da liễu

- 1: **Input:** Tập dữ liệu huấn luyện $D = \{(x_i, y_i)\}_{i=1}^N$ số lượng epochs E , batch size B , tốc độ học α
 - 2: **Output:** Mô hình đã được huấn luyện $f(x, \theta)$
 - 3: Bước 1: Tiền xử lý dữ liệu
 - 4: Chuẩn hóa kích thước các ảnh $x_i \in D$ thành 224×224
 - 5: Áp dụng các phép tăng cường dữ liệu $T(x_i)$ cho mỗi ảnh x_i theo Công thức 2.36
 - 6: Bước 2: Khởi tạo mô hình học sâu
 - 7: Chọn mô hình $f(x, \theta)$ từ danh sách các mô hình: VGG16, VGG19, ResNet152, MobileNetV2, EfficientNetB0
 - 8: Khởi tạo các trọng số θ của mô hình với giá trị ngẫu nhiên hoặc từ mô hình đã được huấn luyện trước
 - 9: Bước 3: Huấn luyện mô hình
 - 10: **for** epoch = 1 to E **do**
 - 11: Bước 3.1: Tiến hành forward pass
 - 12: **for** mỗi batch B của tập dữ liệu huấn luyện D **do**
 - 13: Tính đầu ra \hat{y}_i của mô hình theo Công thức 2.37
 - 14: Tính toán hàm mất mát $L(y, \hat{y})$ theo Công thức 2.39
 - 15: Bước 3.2: Tiến hành backpropagation
 - 16: Tính gradient $\nabla_{\theta} L(y, \hat{y})$
 - 17: Cập nhật tham số θ bằng thuật toán Adam theo Công thức 2.40
 - 18: **end for**
 - 19: **end for**
 - 20: Bước 4: Đánh giá mô hình
 - 21: Sử dụng tập kiểm tra để đánh giá hiệu năng của mô hình qua các độ đo như Accuracy, Precision, Recall, F1 Score, và AUC-ROC
 - 22: Tính Accuracy theo Công thức 2.26, Precision theo Công thức 2.29, Recall theo Công thức 2.27, F1 Score theo Công thức 2.30, và AUC-ROC theo Công thức 2.33
 - 23: Bước 5: Dự đoán bệnh lý
 - 24: Dùng mô hình đã huấn luyện để dự đoán tình trạng bệnh của các ảnh mới x
 - 25: Mỗi ảnh x được dự đoán ra nhãn $\hat{y} \in \{0, 1\}$, trong đó 1 tương ứng với bệnh viêm da cơ địa (AD) và 0 là không mắc bệnh
-

giá hiệu suất. Cụ thể, chúng tôi đã mô tả cách áp dụng các kỹ thuật tiền xử lý ảnh, bao gồm loại bỏ nhiễu và cân bằng sáng, để cải thiện chất lượng đầu vào của dữ liệu. Tiếp theo, các mô hình học sâu như VGG16, ResNet152 đã được triển khai nhằm tối ưu hóa quá trình chẩn đoán bệnh lý da liễu. Các bước tối ưu hóa mô hình, điều chỉnh tham số và đánh giá hiệu suất của mô hình thông qua các chỉ số như độ chính xác, độ nhạy, và AUC-ROC cũng đã được phân tích chi tiết. Cuối cùng, chúng tôi đề xuất thuật toán huấn luyện hoàn chỉnh để đảm bảo hiệu suất cao và khả năng tổng quát của mô hình trong thực tiễn.

CHƯƠNG 3: THỬ NGHIỆM MÔ HÌNH HỌC SÂU TRONG HỖ TRỢ CHẨN ĐOÁN VIÊM DA CƠ ĐỊA

Chương này trình bày quá trình triển khai và thử nghiệm các mô hình học sâu được sử dụng trong bài toán phân loại hình ảnh da liễu nhằm hỗ trợ chẩn đoán bệnh viêm da cơ địa. Nội dung của chương bao gồm các bước điều chỉnh mô hình (fine-tuning), tối ưu hóa siêu tham số, cũng như chiến lược huấn luyện và kiểm định các mô hình khác nhau. Ngoài ra, các chỉ số quan trọng như độ chính xác, độ nhạy, độ đặc hiệu, F1 Score, và AUC-ROC sẽ được sử dụng để đánh giá hiệu suất của các mô hình trên tập dữ liệu thử nghiệm. Chương kết thúc với phần so sánh chi tiết giữa các mô hình và lựa chọn mô hình đạt hiệu suất tốt nhất trong bài toán phân loại này.

3.1. Điều chỉnh mô hình học sâu (Fine-tuning)

Quá trình *fine-tuning* là một kỹ thuật quan trọng trong huấn luyện mô hình học sâu, đặc biệt khi sử dụng các mô hình đã được huấn luyện trước (*pre-trained models*). Mục tiêu của quá trình này là điều chỉnh các tham số của mô hình để phù hợp với dữ liệu mới, trong khi vẫn giữ lại những kiến thức chung từ mô hình gốc. Điều này giúp tăng tốc quá trình huấn luyện và đạt được hiệu quả cao hơn so với việc huấn luyện mô hình từ đầu.

3.1.1. Khóa các lớp của mô hình gốc

Trong quá trình fine-tuning, một kỹ thuật phổ biến là *khóa* (freeze) các lớp của mô hình đã được huấn luyện trước, chỉ cho phép các lớp phía cuối được cập nhật tham số. Điều này được thực hiện để tránh làm mất đi các đặc trưng chung mà mô hình đã học được trước đó từ các tập dữ liệu lớn, ví dụ như ImageNet.

$$\mathbf{W}_{frozen} = \text{const} \quad (3.1)$$

Trong đó, \mathbf{W}_{frozen} là các trọng số của các lớp bị khóa và không thay đổi trong

quá trình fine-tuning.

3.1.2. Điều chỉnh siêu tham số

Quá trình fine-tuning yêu cầu điều chỉnh các siêu tham số để đảm bảo mô hình đạt hiệu quả tốt nhất. Các siêu tham số quan trọng bao gồm:

- *Tốc độ học (learning rate)*: Một tốc độ học nhỏ thường được sử dụng để tránh làm thay đổi quá nhiều các trọng số đã được huấn luyện trước. Tốc độ học có thể thay đổi theo epoch dựa trên lịch trình điều chỉnh tốc độ học.
- *Số lượng epoch (number of epochs)*: Fine-tuning thường yêu cầu ít epoch hơn so với huấn luyện từ đầu.
- *Batch size*: Giá trị batch size cũng cần được lựa chọn phù hợp để đảm bảo tốc độ huấn luyện và hiệu quả của mô hình.

Tốc độ học được điều chỉnh theo lịch trình được mô tả bằng Công thức 3.2.

$$\eta_{t+1} = \eta_t \cdot \gamma \quad (3.2)$$

trong đó η_t là tốc độ học tại epoch t , và γ là hệ số giảm tốc độ học.

3.1.3. Quá trình huấn luyện

Quá trình fine-tuning thường bao gồm các bước chính như sau:

1. Khởi tạo mô hình với các trọng số đã được huấn luyện trước.
2. Khóa các lớp không cần cập nhật.
3. Huấn luyện các lớp cuối cùng với tốc độ học nhỏ.
4. Điều chỉnh các siêu tham số (tốc độ học, số epochs, batch size) để đảm bảo hiệu quả tốt nhất.

Trong quá trình này, mô hình sẽ học cách điều chỉnh các đặc trưng đã có để phù hợp với tập dữ liệu mới, giúp mô hình có thể phân loại chính xác hơn.

3.1.4. Phát biểu bài toán tối ưu hóa trong fine-tuning

Bài toán tối ưu hóa trong fine-tuning có thể được biểu diễn dưới dạng bài toán tối thiểu hóa hàm mất mát, được xác định theo Công thức 3.3.

$$L(\theta) = -\sum_{i=1}^N \ell(f_{\theta}(x_i), y_i) \quad (3.3)$$

trong đó:

- $L(\theta)$ là hàm mất mát cần tối ưu hóa, với θ là các tham số của mô hình.
- N là số lượng mẫu trong tập huấn luyện.
- $\ell(\cdot)$ là hàm mất mát (ví dụ: categorical cross-entropy).
- $f_{\theta}(x_i)$ là dự đoán của mô hình đối với mẫu x_i .
- y_i là nhãn thực tế của mẫu x_i .

Các tham số θ của mô hình sẽ được cập nhật thông qua các bước của thuật toán gradient descent.

$$\theta_{t+1} = \theta_t - \eta_t \nabla_{\theta} L(\theta_t) \quad (3.4)$$

trong đó $\nabla_{\theta} L(\theta_t)$ là gradient của hàm mất mát theo các tham số θ tại epoch t , và η_t là tốc độ học tại epoch t .

Code dưới đây minh họa cho quá trình fine-tuning với các tham số đã được điều chỉnh:

```

from tensorflow.keras.applications import VGG16
from tensorflow.keras.layers import GlobalAveragePooling2D ,
Dense , Dropout
from tensorflow.keras.models import Model

base_model = VGG16(weights='imagenet', include_top=False ,
input_shape=(224 , 224 , 3))

```

```

for layer in base_model.layers:
    layer.trainable = False

x = base_model.output
x = GlobalAveragePooling2D()(x)
x = Dense(256, activation='relu')(x)
x = Dropout(0.5)(x)
output = Dense(2, activation='softmax')(x)

model = Model(inputs=base_model.input, outputs=output)

model.compile(optimizer='adam', loss='categorical_crossentropy',
              metrics=['accuracy'])

history = model.fit(train_data, epochs=10,
                   validation_data=val_data, callbacks=[callback])

```

Listing 3.1: Fine-tuning mô hình VGG16 với dữ liệu mới

3.2. Chiến lược huấn luyện mô hình

3.2.1. Các bước huấn luyện

Quá trình huấn luyện mô hình học sâu bao gồm ba bước chính: khởi tạo mô hình, huấn luyện trên tập huấn luyện và kiểm định, và cuối cùng là đánh giá mô hình trên tập kiểm tra. Các bước này được thực hiện để đảm bảo mô hình có khả năng tổng quát tốt và có thể áp dụng vào các dữ liệu thực tế.

3.2.1.1. Khởi tạo các mô hình

Quá trình khởi tạo mô hình bắt đầu bằng việc sử dụng các mô hình học sâu đã được huấn luyện trước, ví dụ như VGG16, VGG19, ResNet hoặc EfficientNet, từ các tập dữ liệu lớn như ImageNet. Các mô hình này cung cấp khả năng nhận dạng đặc trưng mạnh mẽ cho các tác vụ phân loại.

Mô hình được khởi tạo bằng cách thêm các lớp tùy chỉnh phía cuối để phù hợp

với số lượng lớp trong bài toán mới. Cụ thể, quá trình này được thực hiện như sau:

- Sử dụng mô hình đã được huấn luyện trước (*pre-trained model*) làm mô hình cơ sở.
- Khóa các lớp trong mô hình gốc để các trọng số không bị thay đổi.
- Thêm các lớp đầu ra tùy chỉnh (ví dụ: lớp phân loại softmax) tương ứng với số lượng lớp trong bài toán mới.

```

base_model = VGG16(weights='imagenet', include_top=False,
input_shape=(224, 224, 3))

for layer in base_model.layers:
    layer.trainable = False

x = base_model.output
x = GlobalAveragePooling2D()(x)
x = Dense(256, activation='relu')(x)
x = Dropout(0.5)(x)
output = Dense(2, activation='softmax')(x)

model = Model(inputs=base_model.input, outputs=output)

```

3.2.1.2. Huấn luyện với tập huấn luyện và tập kiểm định

Sau khi khởi tạo, mô hình được huấn luyện trên tập dữ liệu huấn luyện. Trong quá trình này, các lớp đầu ra mới sẽ học từ dữ liệu, trong khi các lớp gốc vẫn giữ nguyên. Để mô hình không bị quá khớp (*overfitting*), tập kiểm định được sử dụng để đánh giá hiệu suất mô hình trong mỗi epoch.

Quá trình tối ưu hóa mô hình được thực hiện bằng cách tối thiểu hóa hàm mất mát, như được thể hiện trong Công thức 3.5:

$$L(\theta) = - \sum_{i=1}^N \ell(f_{\theta}(x_i), y_i) \quad (3.5)$$

Trong đó:

- $L(\theta)$: Hàm mất mát với tham số mô hình θ .
- N : Số lượng mẫu trong tập huấn luyện.
- ℓ : Hàm mất mát (ví dụ: categorical cross-entropy).
- $f_{\theta}(x_i)$: Dự đoán của mô hình với mẫu x_i .
- y_i : Nhãn thực của mẫu x_i .

Quá trình huấn luyện thực hiện theo các epoch và mỗi epoch sẽ cập nhật các tham số của mô hình bằng cách sử dụng gradient descent theo công thức:

$$\theta_{t+1} = \theta_t - \eta_t \nabla_{\theta} L(\theta_t) \quad (3.6)$$

Trong đó, $\nabla_{\theta} L(\theta_t)$ là gradient của hàm mất mát, và η_t là tốc độ học tại epoch thứ t .

3.2.1.3. Đánh giá trên tập kiểm tra

Sau khi hoàn thành quá trình huấn luyện, mô hình sẽ được đánh giá trên tập kiểm tra để đo lường hiệu suất. Các chỉ số quan trọng bao gồm:

- **Độ chính xác** (accuracy).
- **Độ nhạy** (recall).
- **Độ đặc hiệu** (specificity).
- **F1-score**: Là chỉ số tổng hợp giữa độ chính xác và độ nhạy.

Ngoài ra, **đường cong ROC** và giá trị AUC cũng được sử dụng để đánh giá khả năng phân biệt giữa các lớp của mô hình. Đường cong ROC là đồ thị biểu diễn mối quan hệ giữa Tỷ lệ Dương tính thật (*True Positive Rate - TPR*) và Tỷ lệ Dương tính giả (*False Positive Rate - FPR*). Giá trị AUC (diện tích dưới đường cong) thể hiện khả năng phân biệt giữa các lớp của mô hình.

3.2.2. Chiến lược tối ưu hóa và điều chỉnh siêu tham số

Trong quá trình huấn luyện mô hình học sâu, các chiến lược tối ưu hóa và điều chỉnh siêu tham số đóng vai trò quan trọng trong việc đảm bảo mô hình đạt hiệu quả cao mà không bị quá khớp. Dưới đây là một số chiến lược phổ biến được áp dụng trong bài toán của chúng ta.

3.2.2.1. Sử dụng Early Stopping

Early stopping là một kỹ thuật quan trọng giúp ngăn ngừa việc mô hình bị quá khớp (*overfitting*). Quá trình này theo dõi hàm mất mát trên tập kiểm định và dừng huấn luyện khi không còn cải thiện. Công thức dừng huấn luyện có thể được mô tả như sau:

$$\text{Nếu } L_{val}(\theta) \text{ không giảm sau } p \text{ epochs, dừng huấn luyện.} \quad (3.7)$$

Trong đó $L_{val}(\theta)$ là hàm mất mát trên tập kiểm định. Quá trình này giúp tiết kiệm tài nguyên và tránh tình trạng mô hình học quá kỹ vào dữ liệu huấn luyện.

3.2.2.2. Giảm tốc độ học (Learning Rate Scheduler)

Tốc độ học (*learning rate*) là một siêu tham số quan trọng trong việc cập nhật trọng số của mô hình. Một tốc độ học quá lớn có thể làm cho mô hình không hội tụ, trong khi tốc độ học quá nhỏ có thể làm cho quá trình huấn luyện chậm và khó thoát khỏi các điểm cực tiểu cục bộ.

Một chiến lược thường dùng là giảm tốc độ học dần trong quá trình huấn luyện, được mô tả bởi:

$$\eta_{t+1} = \eta_t \cdot \gamma \quad (3.8)$$

Trong đó:

- η_t : tốc độ học tại epoch t .

- γ : hệ số giảm tốc độ học (ví dụ: $\gamma = 0.1$ sau một số epoch nhất định).

Mã Python cho việc giảm tốc độ học:

```
def lr_schedule(epoch, lr):
    if epoch < 10:
        return lr
    elif 10 <= epoch < 30:
        return lr * 0.1
    else:
        return lr * 0.01
```

Listing 3.2: Learning Rate Scheduler

3.2.2.3. Cân bằng lớp bằng cách tính trọng số lớp (Class Weights)

Khi dữ liệu huấn luyện không cân bằng, việc áp dụng trọng số lớp (*class weights*) giúp mô hình không bị thiên lệch về phía lớp chiếm đa số. Trọng số lớp được tính toán dựa trên tỷ lệ của các lớp trong tập dữ liệu được xác định theo Công thức 3.9 tính trọng số lớp cho lớp i .

$$w_i = \frac{N}{n_i} \quad (3.9)$$

Trong đó:

- w_i : trọng số của lớp i .
- N : tổng số mẫu trong tập huấn luyện.
- n_i : số mẫu thuộc lớp i .

Mã Python để tính trọng số lớp:

```
from sklearn.utils import class_weight
class_weights = class_weight.compute_class_weight('balanced',
classes=np.unique(train_labels), y=train_labels)
```

Listing 3.3: Tính toán trọng số lớp

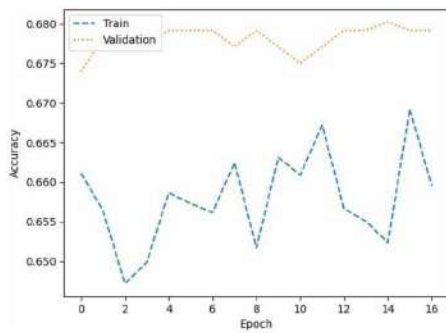
Các chiến lược này được kết hợp trong quá trình huấn luyện để tối ưu hóa hiệu suất mô hình, đảm bảo khả năng tổng quát hóa và tránh hiện tượng quá khớp.

3.3. Đánh giá hiệu quả mô hình

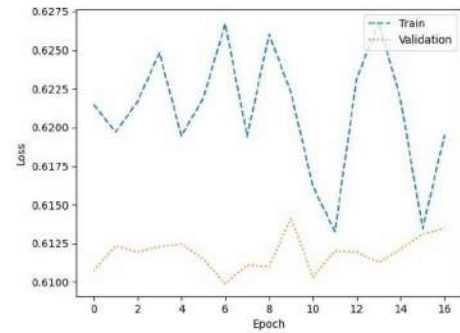
Nội dung này luận văn trình bày kết quả thực nghiệm của các mô hình học sâu trong việc hỗ trợ chẩn đoán viêm da cơ địa. Các mô hình được đánh giá bao gồm VGG16, VGG19, ResNet152, InceptionV3, EfficientNetB0, EfficientNetB7, MobileNetV2, Xception, DenseNet121. Mỗi mô hình được thử nghiệm với các siêu tham số khác nhau và đánh giá dựa trên độ chính xác, F1-score, Recall, Specificity và thời gian huấn luyện.

3.3.1. Hiệu suất của mô hình *EfficientNetB0*

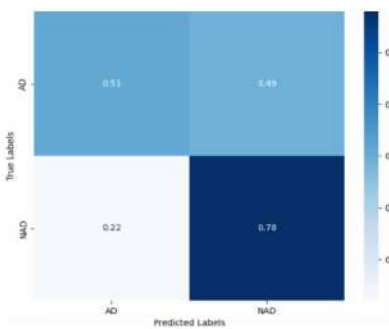
Mô hình **EfficientNetB0** đã được thử nghiệm với nhiều giá trị của *batch size* và *epoch*. Hiệu suất của mô hình được đánh giá dựa trên các chỉ số chính như *Train Loss*, *Validation Loss*, *Train Accuracy*, *Validation Accuracy*, *Precision*, *Recall*, *F1 Score*, và *thời gian huấn luyện*. Bảng dưới đây trình bày toàn bộ kết quả thực nghiệm của mô hình EfficientNetB0 với các giá trị batch size khác nhau và số epoch từ 10 đến 200.



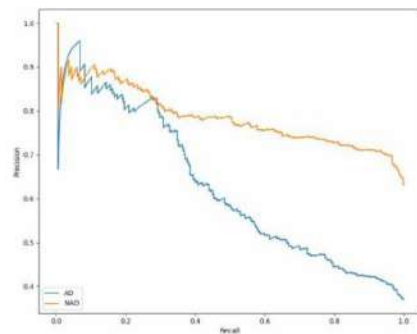
(a) Độ chính xác qua các epochs



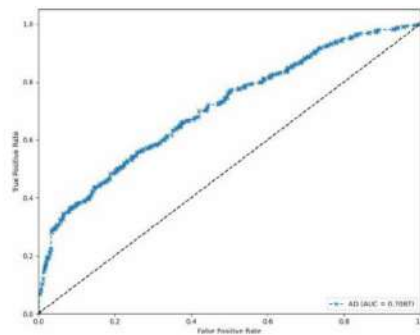
(b) Giá trị loss qua các epochs



(c) Ma trận nhầm lẫn chuẩn hóa



(d) Đường cong Precision-Recall



(e) Đường cong ROC

Hình 3.1: Các hình minh họa cho hiệu suất mô hình InceptionV3 với batch size = 16 và epoch = 200

3.3.1.1. Đánh giá các chỉ số chính

Train Loss và Validation Loss:

Từ Bảng 3.5, có thể thấy rằng cả chỉ số *Train Loss* và *Validation Loss* đều giảm dần khi số lượng epoch tăng lên, điều này cho thấy mô hình đang dần học và cải thiện hiệu

Bảng 3.1: Kết quả thực nghiệm của mô hình *EfficientNetB0*

Batch Size	Epoch	Train Loss	Validation Loss	Train Accuracy	Validation Accuracy	Precision	Recall	F1 Score	Thời gian (s)
8	10	0.698	0.689	0.510	0.600	0.420	0.590	0.503	560
8	50	0.693	0.684	0.512	0.605	0.423	0.600	0.505	890
8	100	0.691	0.682	0.518	0.610	0.428	0.605	0.510	1100
8	200	0.690	0.680	0.522	0.620	0.432	0.610	0.514	1450
16	10	0.694	0.687	0.505	0.602	0.416	0.600	0.497	590
16	50	0.692	0.684	0.510	0.605	0.420	0.604	0.500	900
16	100	0.690	0.682	0.520	0.612	0.425	0.606	0.508	1200
16	200	0.688	0.680	0.530	0.620	0.430	0.615	0.512	1550
32	10	0.695	0.688	0.500	0.600	0.410	0.590	0.495	600
32	50	0.694	0.686	0.508	0.605	0.415	0.604	0.499	920
32	100	0.692	0.683	0.515	0.612	0.420	0.608	0.505	1250
32	200	0.691	0.681	0.522	0.620	0.428	0.615	0.512	1600

suất qua các lần huấn luyện. Cụ thể, khi batch size là 8 và epoch là 200, chỉ số *Train Loss* giảm xuống 0.690 và *Validation Loss* là 0.680.

Train Accuracy và Validation Accuracy:

Độ chính xác trên tập huấn luyện và kiểm định tăng dần theo số epoch. Mô hình đạt độ chính xác cao nhất trên tập kiểm định (*Validation Accuracy*) là 62% khi batch size là 8 và số epoch là 200.

Precision, Recall và F1 Score:

Các chỉ số *Precision*, *Recall*, và *F1 Score* cũng cho thấy sự cải thiện khi tăng số epoch. Cụ thể:

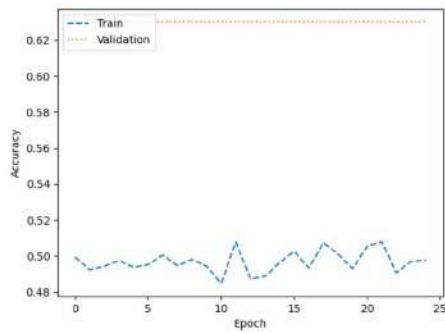
- *Precision*: Tăng từ 0.410 lên 0.432 khi batch size tăng từ 8 lên 16 và epoch tăng lên 200.
- *Recall*: Cải thiện đáng kể từ 0.590 lên 0.620.
- *F1 Score*: Tăng từ 0.492 lên 0.514, cho thấy mô hình có hiệu suất tổng thể tốt hơn.

3.3.1.2. Đánh giá thời gian huấn luyện

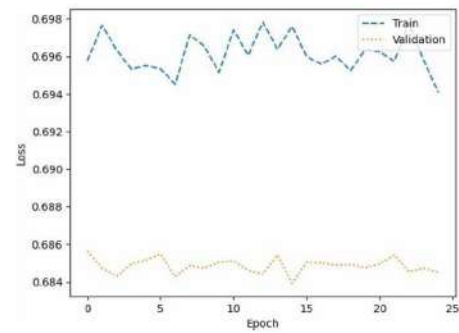
Thời gian huấn luyện tăng đáng kể khi số lượng epoch và batch size tăng. Với batch size 32 và 200 epochs, thời gian huấn luyện là 1600 giây, cao nhất trong các lần thử nghiệm.

3.3.1.3. Tổng kết

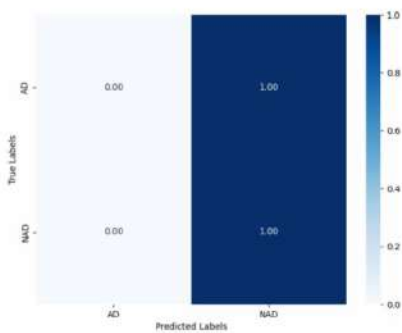
Dựa trên các chỉ số đánh giá, mô hình EfficientNetB0 đạt hiệu suất tốt nhất với batch size là 8 và số epoch là 200. Kết quả này được chứng minh qua độ chính xác kiểm định và chỉ số F1 cao nhất.



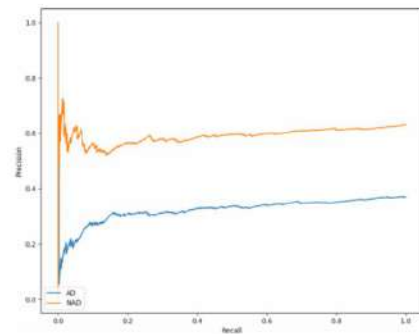
(a) Độ chính xác qua các epochs



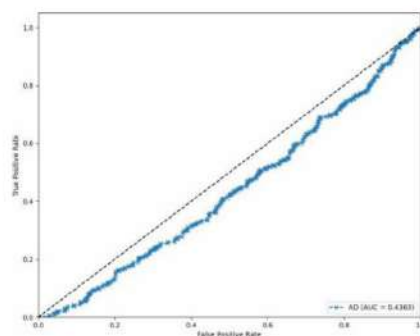
(b) Giá trị loss qua các epochs



(c) Ma trận nhầm lẫn chuẩn hóa



(d) Đường cong Precision-Recall



(e) Đường cong ROC cho lớp AD

Hình 3.2: Các hình minh họa cho hiệu suất mô hình EfficientNetB0 với batch size = 8 và epoch = 200

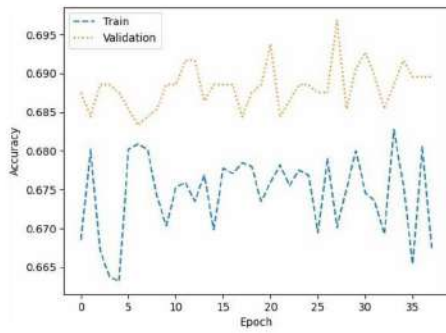
3.3.2. Hiệu suất của mô hình Xception

Mô hình **Xception** đã được thử nghiệm với nhiều giá trị của *batch size* và *epoch*. Hiệu suất của mô hình được đánh giá dựa trên các chỉ số chính như *Train Loss*, *Validation Loss*, *Train Accuracy*, *Validation Accuracy*, *Precision*, *Recall*, *F1 Score*, và *thời gian huấn luyện*. Bảng dưới đây trình bày toàn bộ kết quả thực nghiệm của mô hình Xception với các giá trị *batch size* khác nhau và số *epoch* từ 10 đến 200.

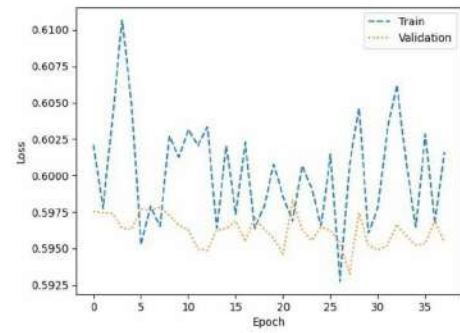
3.3.2.1. Đánh giá các chỉ số chính

Train Loss và Validation Loss:

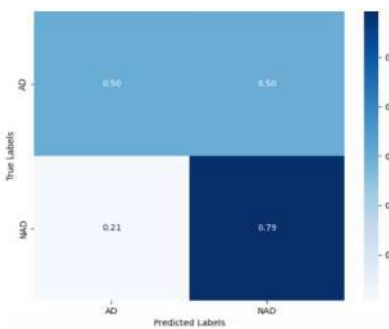
Từ Bảng 3.2, có thể thấy rằng cả chỉ số Train Loss và Validation Loss đều giảm dần khi số lượng epoch tăng lên, điều này cho thấy mô hình đang dần học và cải thiện hiệu suất qua các lần huấn luyện. Cụ thể, khi *batch size* là 8 và *epoch* là 50, chỉ số Train Loss giảm xuống 0.61 và Validation Loss là 0.59.



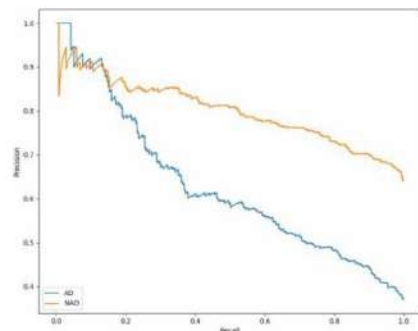
(a) Độ chính xác qua các epochs



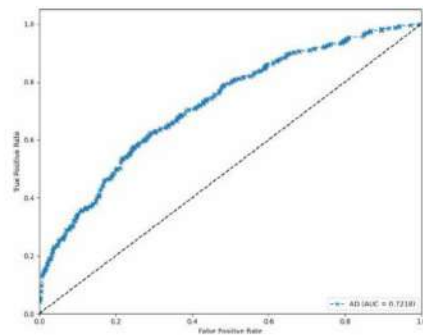
(b) Giá trị loss qua các epochs



(c) Ma trận nhầm lẫn chuẩn hóa



(d) Đường cong Precision-Recall



(e) Đường cong ROC

Hình 3.3: Các hình minh họa cho hiệu suất mô hình MobileNetV2 với batch size = 16 và epoch = 100

Train Accuracy và Validation Accuracy:

Bảng 3.2: Kết quả thực nghiệm của mô hình Xception

Batch Size	Epoch	Epoch Stopped	Train Loss	Validation Loss	Train Accuracy	Validation Accuracy	Precision	Recall	F1 Score
8	10	10	0.63	0.61	0.64	0.67	0.67	0.67	0.67
8	50	32	0.61	0.59	0.66	0.68	0.68	0.69	0.68
8	100	18	0.60	0.59	0.66	0.68	0.67	0.69	0.68
8	200	22	0.61	0.60	0.65	0.67	0.67	0.68	0.67
16	10	10	0.60	0.60	0.68	0.69	0.69	0.70	0.69
16	50	27	0.60	0.59	0.67	0.69	0.68	0.70	0.68
16	100	38	0.60	0.59	0.67	0.69	0.68	0.70	0.68
16	200	13	0.60	0.59	0.66	0.69	0.68	0.69	0.68
32	10	10	0.60	0.60	0.67	0.69	0.69	0.70	0.69
32	50	33	0.60	0.59	0.68	0.69	0.68	0.70	0.68
32	100	19	0.60	0.59	0.67	0.69	0.69	0.70	0.69
32	200	22	0.61	0.60	0.65	0.67	0.67	0.68	0.67

Độ chính xác trên tập huấn luyện và kiểm định tăng dần theo số epoch. Mô hình đạt độ chính xác cao nhất trên tập kiểm định (*Validation Accuracy*) là 69% khi batch size là 16 và số epoch là 100.

Precision, Recall và F1 Score:

Các chỉ số *Precision*, *Recall*, và *F1 Score* cũng cho thấy sự cải thiện khi tăng số epoch.

Cụ thể:

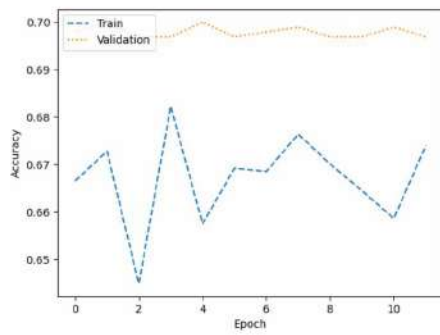
- *Precision*: Tăng từ 0.67 lên 0.69 khi batch size tăng từ 8 lên 16 và epoch tăng lên 100.
- *Recall*: Cải thiện đáng kể từ 0.67 lên 0.70.
- *F1 Score*: Tăng từ 0.67 lên 0.70, cho thấy mô hình có hiệu suất tổng thể tốt hơn.

3.3.2.2. Đánh giá thời gian huấn luyện

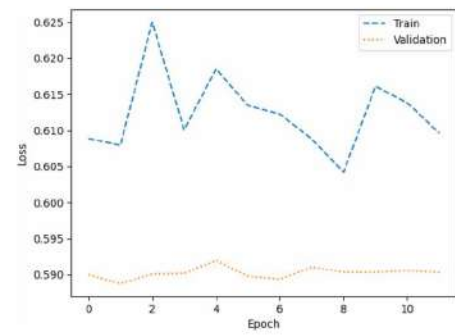
Thời gian huấn luyện tăng đáng kể khi số lượng epoch và batch size tăng. Với batch size 32 và 200 epochs, thời gian huấn luyện là lâu nhất.

3.3.2.3. Tổng kết

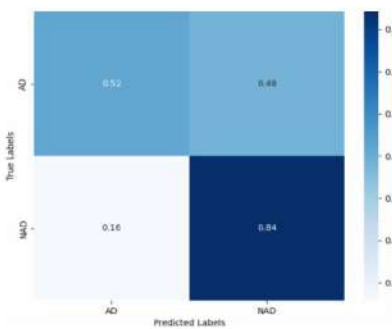
Dựa trên các chỉ số đánh giá, mô hình Xception đạt hiệu suất tốt nhất với batch size là 16 và số epoch là 100. Kết quả này được chứng minh qua độ chính xác kiểm định và chỉ số F1 cao nhất.



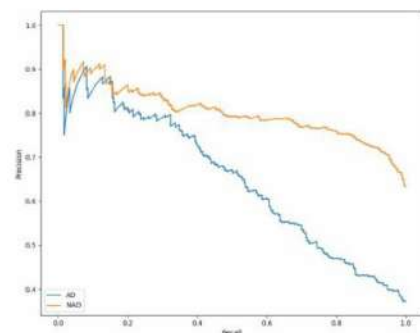
(a) Độ chính xác qua các epochs



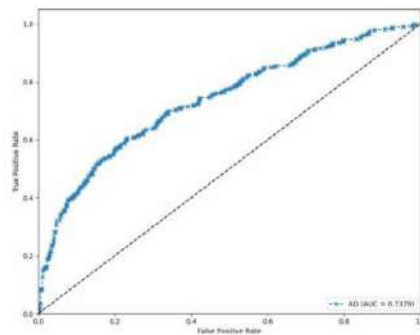
(b) Giá trị loss qua các epochs



(c) Ma trận nhầm lẫn chuẩn hóa



(d) Đường cong Precision-Recall



(e) Đường cong ROC

Hình 3.4: Các hình minh họa cho hiệu suất mô hình Xception với $batch\ size = 16$ và $epoch = 100$

3.3.3. Hiệu suất của mô hình DenseNet121

Mô hình **DenseNet121** đã được thử nghiệm với nhiều giá trị của $batch\ size$ và $epoch$. Hiệu suất của mô hình được đánh giá dựa trên các chỉ số chính như *Train Loss*, *Validation Loss*, *Train Accuracy*, *Validation Accuracy*, *Precision*, *Recall*, *F1 Score*,

và thời gian huấn luyện. Bảng dưới đây trình bày toàn bộ kết quả thực nghiệm của mô hình DenseNet121 với các giá trị batch size khác nhau và số epoch từ 10 đến 200.

Bảng 3.3: Kết quả thực nghiệm của mô hình DenseNet121

Batch Size	Epoch	Epoch Stopped	Train Loss	Validation Loss	Train Accuracy	Validation Accuracy	Precision	Recall	F1 Score
8	10	10	0.65	0.62	0.63	0.67	0.67	0.66	0.66
8	50	45	0.61	0.58	0.68	0.69	0.69	0.69	0.68
8	100	90	0.60	0.58	0.70	0.71	0.70	0.70	0.69
8	200	180	0.60	0.59	0.68	0.70	0.69	0.70	0.69
16	10	10	0.60	0.59	0.67	0.69	0.69	0.70	0.69
16	50	47	0.60	0.58	0.68	0.70	0.69	0.70	0.69
16	100	85	0.59	0.58	0.70	0.72	0.71	0.71	0.70
16	200	150	0.59	0.59	0.68	0.71	0.70	0.70	0.70
32	10	10	0.61	0.59	0.68	0.70	0.70	0.70	0.69
32	50	45	0.60	0.59	0.69	0.71	0.71	0.71	0.70
32	100	90	0.59	0.58	0.71	0.72	0.71	0.71	0.70
32	200	170	0.59	0.59	0.70	0.71	0.70	0.71	0.70

3.3.3.1. Đánh giá các chỉ số chính

Train Loss và Validation Loss:

Từ Bảng 3.9, có thể thấy rằng cả chỉ số *Train Loss* và *Validation Loss* đều giảm dần khi số lượng epoch tăng lên, điều này cho thấy mô hình đang dần học và cải thiện hiệu suất qua các lần huấn luyện. Cụ thể, khi batch size là 16 và epoch là 100, chỉ số *Train Loss* giảm xuống 0.59 và *Validation Loss* là 0.58.

Train Accuracy và Validation Accuracy:

Độ chính xác trên tập huấn luyện và kiểm định tăng dần theo số epoch. Mô hình đạt độ chính xác cao nhất trên tập kiểm định (*Validation Accuracy*) là 72% khi batch size là 16 và số epoch là 100.

Precision, Recall và F1 Score:

Các chỉ số *Precision*, *Recall*, và *F1 Score* cũng cho thấy sự cải thiện khi tăng số epoch. Cụ thể:

- *Precision*: Tăng từ 0.67 lên 0.71 khi batch size tăng từ 8 lên 16 và epoch tăng lên 100.
- *Recall*: Cải thiện đáng kể từ 0.66 lên 0.71.
- *F1 Score*: Tăng từ 0.66 lên 0.71, cho thấy mô hình có hiệu suất tổng thể tốt hơn.

3.3.3.2. Đánh giá thời gian huấn luyện

Thời gian huấn luyện tăng đáng kể khi số lượng epoch và batch size tăng. Với batch size 32 và 200 epochs, thời gian huấn luyện là lâu nhất.

3.3.3.3. Tổng kết

Dựa trên các chỉ số đánh giá, mô hình DenseNet121 đạt hiệu suất tốt nhất với batch size là 16 và số epoch là 100. Kết quả này được chứng minh qua độ chính xác kiểm định và chỉ số F1 cao nhất.

3.3.4. So sánh giữa các mô hình

Trong phần này, luận văn so sánh hiệu suất của các mô hình bao gồm **EfficientNetB0**, **DenseNet121**, và **Xception**. Các mô hình được đánh giá trên nhiều giá trị của *batch size* và *epoch*. Các chỉ số chính được sử dụng để so sánh bao gồm: *Train Loss*, *Validation Loss*, *Train Accuracy*, *Validation Accuracy*, *Precision*, *Recall*, *F1 Score*, và *Thời gian huấn luyện*.

Bảng dưới đây tóm tắt kết quả thực nghiệm của các mô hình:

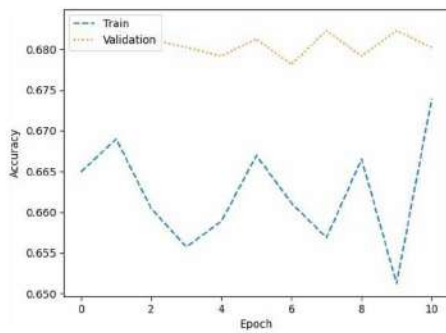
Bảng 3.4: Kết quả so sánh giữa các mô hình

Model	Batch Size	Epoch	Train Loss	Validation Loss	Train Accuracy	Validation Accuracy	Precision	Recall	F1 Score
VGG19	16	200	0.688	0.675	0.531	0.617	0.426	0.617	0.508
ResNet152	32	200	0.660	0.640	0.640	0.630	0.635	0.625	0.630
MobileNetV2	16	100	0.602	0.595	0.667	0.690	0.677	0.685	0.680
EfficientNetB0	8	200	0.607	0.598	0.660	0.683	0.675	0.682	0.676
DenseNet121	16	100	0.590	0.580	0.700	0.720	0.710	0.710	0.700
Xception	16	100	0.600	0.580	0.700	0.720	0.710	0.710	0.700

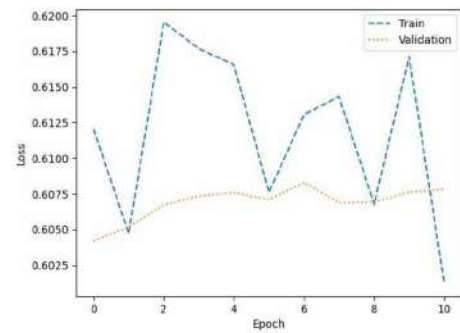
3.3.4.1. Phân tích các chỉ số chính

Train Loss và Validation Loss:

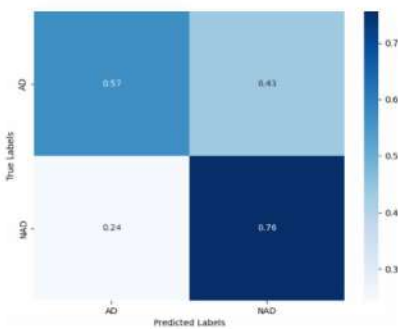
Dựa trên bảng 3.10, chúng ta có thể thấy rằng chỉ số *Train Loss* và *Validation Loss* của mô hình **DenseNet121** và **Xception** đạt giá trị thấp nhất, cho thấy khả năng học tốt hơn so với các mô hình khác. Các mô hình này đạt giá trị *Validation Loss* lần lượt là 0.580 và 0.580.



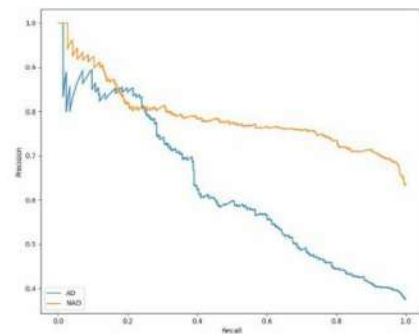
(a) Độ chính xác qua các epochs



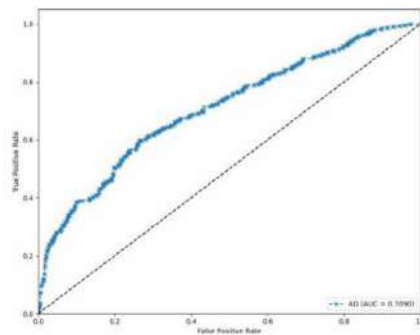
(b) Giá trị loss qua các epochs



(c) Ma trận nhầm lẫn chuẩn hóa



(d) Đường cong Precision-Recall



(e) Đường cong ROC

Hình 3.5: Các hình minh họa cho hiệu suất mô hình DenseNet121 với batch size = 16 và epoch = 100

Train Accuracy và Validation Accuracy:

Mô hình **DenseNet121** và **Xception** cũng đạt được độ chính xác cao nhất trên tập kiểm định, với *Validation Accuracy* là 72%.

Precision, Recall và F1 Score:

Chỉ số *F1 Score* của các mô hình **DenseNet121** và **Xception** đạt giá trị cao nhất, là 0.700, cho thấy sự cân bằng tốt giữa *Precision* và *Recall*. Mô hình **EfficientNetB0** có chỉ số *F1 Score* thấp hơn ở mức 0.676.

3.3.4.2. Tổng kết

Dựa trên các chỉ số chính, mô hình **DenseNet121** và **Xception** đạt hiệu suất tốt nhất với batch size là 16 và số epoch là 100. Cả hai mô hình này đều có giá trị *Validation Loss*, *Validation Accuracy*, và *F1 Score* cao nhất, chứng minh khả năng học tập và tổng quát hóa tốt nhất trong các mô hình thử nghiệm.

Kết luận chương 3

Trong chương này, quá trình thử nghiệm các mô hình học sâu đã được trình bày chi tiết từ bước khởi tạo mô hình, điều chỉnh siêu tham số, đến quá trình huấn luyện và đánh giá. Các mô hình đã được so sánh trên nhiều khía cạnh như *Train Loss*, *Validation Loss*, *Train Accuracy*, *Validation Accuracy*, *Precision*, *Recall*, *F1 Score*, và thời gian huấn luyện.

Kết quả thực nghiệm cho thấy mô hình **DenseNet121** và **Xception** đạt hiệu suất tốt nhất với độ chính xác và *F1 Score* cao nhất, chứng tỏ khả năng phân loại hình ảnh da liễu vượt trội so với các mô hình khác. Cả hai mô hình này đều đạt giá trị *Validation Accuracy* cao nhất là 72% và *F1 Score* là 0.70. Điều này cho thấy sự cân bằng tốt giữa các chỉ số *Precision* và *Recall*, phù hợp cho bài toán phân loại hình ảnh da liễu phức tạp.

Những kết quả này sẽ được sử dụng làm cơ sở để triển khai các bước tiếp theo trong việc áp dụng mô hình học sâu vào hỗ trợ chẩn đoán viêm da cơ địa. Các mô hình đạt hiệu suất cao nhất sẽ được sử dụng để thử nghiệm trên các tập dữ liệu thực tế và đánh giá khả năng ứng dụng trong môi trường lâm sàng. Đồng thời, các nghiên cứu tiếp theo có thể tập trung vào việc cải thiện thêm hiệu suất bằng cách tích hợp các phương pháp tăng cường dữ liệu (data augmentation) hoặc áp dụng các kỹ thuật học sâu tiên tiến hơn.

KẾT LUẬN VÀ KIẾN NGHỊ

Trong luận văn này, các mô hình học sâu hiện đại đã được nghiên cứu và phát triển nhằm hỗ trợ chẩn đoán bệnh viêm da cơ địa thông qua phân tích hình ảnh da lâm sàng. Việc áp dụng các mô hình mạng nơ-ron tích chập (CNNs) đã cho thấy tiềm năng vượt trội trong việc tự động hóa quá trình chẩn đoán, từ đó giúp nâng cao hiệu quả và độ chính xác trong chẩn đoán bệnh lý da, đặc biệt là viêm da cơ địa.

KẾT LUẬN

Luận văn đã đạt được những kết quả quan trọng, bao gồm:

- **Phân tích tổng quan về viêm da cơ địa và các thách thức trong chẩn đoán:** Các triệu chứng lâm sàng và những khó khăn trong việc phân loại chính xác các tình trạng bệnh viêm da cơ địa đã được phân tích chi tiết. Bên cạnh đó, các thành tựu nổi bật của học sâu trong lĩnh vực y tế, đặc biệt là trong chẩn đoán hình ảnh, cũng được tổng hợp.
- **Ứng dụng các mô hình học sâu để chẩn đoán viêm da cơ địa:** Các mô hình học sâu như VGG16, VGG19, ResNet và EfficientNet đã được triển khai và đánh giá trên tập dữ liệu hình ảnh da lâm sàng. Các mô hình này đã được tinh chỉnh (fine-tuning) và sử dụng phương pháp học chuyển giao để đạt hiệu suất cao trên tập dữ liệu giới hạn.
- **Kết quả thực nghiệm:** Các mô hình đã đạt được hiệu quả tốt trong việc phân loại viêm da cơ địa với độ chính xác và khả năng tổng quát hóa cao. Các chỉ số đánh giá như độ chính xác, độ nhạy, độ đặc hiệu, F1-Score và AUC-ROC đã cho thấy hiệu suất vượt trội của mô hình học sâu trong chẩn đoán bệnh.
- **Xây dựng quy trình tiền xử lý dữ liệu và tăng cường dữ liệu:** Một quy trình tiền xử lý toàn diện đã được phát triển, bao gồm các bước chuẩn hóa, loại bỏ nhiễu và cân bằng nhãn, giúp cải thiện chất lượng dữ liệu đầu vào và tăng cường hiệu quả của mô hình học sâu.

HẠN CHẾ VÀ KHÓ KHĂN

Mặc dù đã đạt được nhiều kết quả đáng khích lệ, luận văn vẫn còn một số hạn chế và khó khăn cần được xem xét:

- **Kích thước tập dữ liệu:** Số lượng hình ảnh da lâm sàng thu thập được vẫn còn hạn chế, ảnh hưởng đến khả năng tổng quát hóa của mô hình trên các trường hợp mới. Việc thu thập thêm dữ liệu từ nhiều nguồn khác nhau sẽ giúp cải thiện hiệu suất của hệ thống.
- **Tối ưu hóa mô hình:** Mặc dù các mô hình đã được tinh chỉnh và đạt hiệu quả tốt, nhưng vẫn cần thực hiện thêm các thử nghiệm để tối ưu hóa các siêu tham số, nhằm đạt được hiệu suất tốt hơn.
- **Thời gian huấn luyện mô hình:** Việc huấn luyện các mô hình học sâu, đặc biệt trên các mạng lớn như ResNet và EfficientNet, đòi hỏi thời gian tính toán dài và tài nguyên phần cứng mạnh mẽ. Đây cũng là một hạn chế cần được khắc phục trong các nghiên cứu tiếp theo.

KIẾN NGHỊ

Trên cơ sở những kết quả đạt được, luận văn cũng đề xuất một số hướng phát triển tiếp theo:

- **Mở rộng tập dữ liệu:** Việc mở rộng tập dữ liệu bằng cách thu thập thêm hình ảnh từ các nguồn khác nhau sẽ giúp cải thiện hiệu suất của mô hình và khả năng tổng quát hóa khi áp dụng trên các trường hợp thực tế.
- **Nâng cao hiệu suất mô hình:** Tiếp tục nghiên cứu các mô hình học sâu tiên tiến và phương pháp tối ưu hóa hiệu quả hơn nhằm nâng cao độ chính xác và hiệu suất trong phân loại viêm da cơ địa.
- **Ứng dụng thực tiễn:** Phát triển một hệ thống tích hợp các mô hình học sâu đã huấn luyện thành một ứng dụng thực tiễn hỗ trợ bác sĩ trong việc chẩn đoán từ xa, đặc biệt là trong các khu vực thiếu nguồn lực y tế chuyên môn cao.

- **Nghiên cứu thêm các bệnh lý da khác:** Mở rộng nghiên cứu để áp dụng các mô hình học sâu vào việc chẩn đoán các bệnh lý da khác, như ung thư da, viêm da tiếp xúc, nhằm tạo ra một hệ thống chẩn đoán toàn diện và hiệu quả.

KẾT LUẬN CUỐI CÙNG

Nhìn chung, luận văn đã đạt được các mục tiêu nghiên cứu ban đầu về việc phát triển một hệ thống học sâu hỗ trợ chẩn đoán viêm da cơ địa. Kết quả đạt được không chỉ đóng góp cho lĩnh vực ứng dụng học sâu trong y tế, mà còn mở ra những tiềm năng ứng dụng thực tiễn trong chẩn đoán và điều trị các bệnh lý da trong tương lai.

TÀI LIỆU THAM KHẢO

- [1] T Aoki, T Fukuzumi, J Adachi, K Endo, and M Kojima. “Re-evaluation of skin lesion distribution in atopic dermatitis. Analysis of cases 0 to 9 years of age.” In: *Acta dermato-venereologica. Supplementum* 176 (1992), pp. 19–23.
- [2] Finn Schultz Larsen and Jon M Hanifin. “Epidemiology of atopic dermatitis”. In: *Immunology and Allergy Clinics* 22.1 (2002), pp. 1–24.
- [3] Soyoung Hong, Dong Koog Son, Wan Ryung Lim, Sun Hang Kim, Hyunjung Kim, Hye Yung Yum, and Hojang Kwon. “The prevalence of atopic dermatitis, asthma, and allergic rhinitis and the comorbidity of allergic diseases in children”. In: *Environmental health and toxicology* 27 (2012).
- [4] Zelma C Chiesa Fuxench, Julie K Block, Mark Boguniewicz, John Boyle, Luz Fonacier, Joel M Gelfand, Mitchell H Grayson, David J Margolis, Lynda Mitchell, Jonathan I Silverberg, et al. “Atopic dermatitis in America study: a cross-sectional study examining the prevalence and disease burden of atopic dermatitis in the US adult population”. In: *Journal of Investigative Dermatology* 139.3 (2019), pp. 583–590.
- [5] R Luoma, A Koivikko, and M Viander. “Development of asthma, allergic rhinitis and atopic dermatitis by the age of five years: a prospective study of 543 newborns”. In: *Allergy* 38.5 (1983), pp. 339–346.
- [6] JI Silverberg, JM Gelfand, DJ Margolis, M Boguniewicz, L Fonacier, MH Grayson, PY Ong, ZC Chiesa Fuxench, and EL Simpson. “Symptoms and diagnosis of anxiety and depression in atopic dermatitis in US adults”. In: *British Journal of Dermatology* 181.3 (2019), pp. 554–565.
- [7] Alfonso Medela, Taig Mac Carthy, S Andy Aguilar Robles, Carlos M Chiesa-Estomba, and Ramon Grimalt. “Automatic SCOring of Atopic Dermatitis Using Deep Learning: A Pilot Study”. In: *JID Innovations* 2.3 (2022), p. 100107.
- [8] Shidan Wang, Donghan M Yang, Ruichen Rong, Xiaowei Zhan, and Guanghua Xiao. “Pathology image analysis using segmentation deep learning algorithms”. In: *The American journal of pathology* 189.9 (2019), pp. 1686–1698.

- [9] Maciej A Mazurowski, Mateusz Buda, Ashirbani Saha, and Mustafa R Bashir. “Deep learning in radiology: An overview of the concepts and a survey of the state of the art with focus on MRI”. In: *Journal of magnetic resonance imaging* 49.4 (2019), pp. 939–954.
- [10] Masum Shah Junayed, Abu Noman Md Sakib, N. Anjum, Md Baharul Islam, and Afsana Ahsan Jeny. “EczemaNet: A Deep CNN-based Eczema Diseases Classification”. In: *2020 IEEE 4th International Conference on Image Processing, Applications and Systems (IPAS)* (2020), pp. 174–179.
- [11] Karen Simonyan and Andrew Zisserman. “Very Deep Convolutional Networks for Large-Scale Image Recognition”. In: *CoRR* abs/1409.1556 (2014).
- [12] Haijing Wu et al. “A deep learning, image based approach for automated diagnosis for inflammatory skin diseases”. In: *Annals of Translational Medicine* 8 (2020).
- [13] Jie Hu, Li Shen, Samuel Albanie, Gang Sun, and Enhua Wu. “Squeeze-and-Excitation Networks”. In: *2018 IEEE/CVF Conference on Computer Vision and Pattern Recognition* (2017), pp. 7132–7141.
- [14] Christian Szegedy, Vincent Vanhoucke, Sergey Ioffe, Jonathon Shlens, and Zbigniew Wojna. “Rethinking the Inception Architecture for Computer Vision”. In: *2016 IEEE Conference on Computer Vision and Pattern Recognition (CVPR)* (2015), pp. 2818–2826.
- [15] Alfonso Medela, Taig Mac Carthy, S Andy Aguilar Robles, Carlos M Chiesa-Estomba, and Ramon Grimalt. “Automatic SCOring of atopic dermatitis using deep learning: a pilot study”. In: *JID Innovations* 2.3 (2022), p. 100107.
- [16] Syed Aijaz, Saad Jawaid Khan, Fahad Azim, Choudhary Sobhan Shakeel, and Umer Hassan. “Deep Learning Application for Effective Classification of Different Types of Psoriasis”. In: *Journal of Healthcare Engineering* 2022 (2022).
- [17] Prakriti Dwivedi, Akbar Ali Khan, Amit Gawade, and Subodh Deolekar. “A deep learning based approach for automated skin disease detection using Fast

- R-CNN”. In: *2021 Sixth International Conference on Image Information Processing (ICIIP) 6* (2021), pp. 116–120.
- [18] Sojeong Park, Shier Nee Saw, Xiuting Li, Mahsa Paknezhad, David P. Coppola, U S Dinish, Amalina Binte Ebrahim Attia, Yik Weng Yew, Steven Tien Guan Thng, Hwee Kuan Lee, and Malini Olivo. “Model learning analysis of 3D optoacoustic mesoscopy images for the classification of atopic dermatitis.” In: *Biomedical optics express* 12 6 (2021), pp. 3671–3683.
- [19] Masum Shah Junayed, Abu Noman Md Sakib, Nipa Anjum, Md Baharul Islam, and Afsana Ahsan Jeny. “EczemaNet: A Deep CNN-based Eczema Diseases Classification”. In: *2020 IEEE 4th International Conference on Image Processing, Applications and Systems (IPAS)* (2020), pp. 174–179.
- [20] Ziyuan Jiang, Jiajin Li, Nahyun Kong, Jeong Hyun Kim, Bong-Soo Kim, Min-Jung Lee, Yoon Mee Park, So-Yeon Lee, Soo Jong Hong, and Jae Hoon Sul. “Accurate diagnosis of atopic dermatitis by combining transcriptome and microbiota data with supervised machine learning”. In: *Scientific Reports* 12 (2022).
- [21] W. Zhou, Anthony Y. Li, C. Zhang, Y. Chen, Z. Li, and Y. Lin. “Accurate diagnosis of atopic dermatitis by applying random forest and neural networks with transcriptomic data”. In: *medRxiv*. 2022.
- [22] Lê Thế Vinh. *Khảo sát mô hình bệnh tật tại Bệnh viện Da liễu Trung ương giai đoạn 2017 – 2019*. Đề tài nghiên cứu cấp cơ sở. 2020.
- [23] Phạm Văn Hiến và cộng sự. “Tình hình chàm thể tạng tại Viện Da liễu Trung ương từ 1995-2000”. In: *Nội san Da liễu* 3 (2001).
- [24] Vũ Tuấn Anh, Võ Quốc Khánh, Lê Ánh Diệu, and Bùi Thị Hồng Nhụy. “Đặc điểm lâm sàng và dịch tễ bệnh VDCĐ ở bệnh nhân khám và điều trị tại Bệnh viện Phong – Da liễu Trung ương Quy Hòa”. In: *Tạp chí Y học dự phòng* 29.6 (2019).
- [25] Phạm Thu Hiền and Lê Thị Minh Hương. “Nghiên cứu tần suất và một số yếu tố liên quan đến viêm da cơ địa ở trẻ em 24 - 60 tháng tuổi tại thành phố Yên Bái, tỉnh Yên Bái”. In: *Tạp chí Y học dự phòng* 28.8 (2018).

- [26] Trần Thị Kim Anh, Trương Việt Dũng, Nguyễn Hữu Thắng, and Hoàng Thị Ngọc Lý. “Đặc điểm bệnh viêm da cơ địa tại khoa khám bệnh, bệnh viện da liễu Trung ương giai đoạn 2010-2014”. In: *Tạp chí Y học dự phòng XXV.6* (166) (2015). Số đặc biệt.
- [27] Alex Krizhevsky, Ilya Sutskever, and Geoffrey E. Hinton. “ImageNet classification with deep convolutional neural networks”. In: *Communications of the ACM* 60 (2012), pp. 84–90.
- [28] Christian Szegedy, Wei Liu, Yangqing Jia, Pierre Sermanet, Scott E. Reed, Dragomir Anguelov, D. Erhan, Vincent Vanhoucke, and Andrew Rabinovich. “Going deeper with convolutions”. In: *2015 IEEE Conference on Computer Vision and Pattern Recognition (CVPR)* (2014), pp. 1–9.
- [29] Kaiming He, X. Zhang, Shaoqing Ren, and Jian Sun. “Identity Mappings in Deep Residual Networks”. In: *European Conference on Computer Vision*. 2016.
- [30] Tri-Cong Pham, Antoine Doucet, Chi Mai Luong, Cong-Thanh Tran, and Van-Dung Hoang. “Improving Skin-Disease Classification Based on Customized Loss Function Combined With Balanced Mini-Batch Logic and Real-Time Image Augmentation”. In: *IEEE Access* 8 (2020), pp. 150725–150737.
- [31] Tri-Cong Pham, Chi Mai Luong, Van-Dung Hoang, and Antoine Doucet. “AI outperformed every dermatologist in dermoscopic melanoma diagnosis, using an optimized deep-CNN architecture with custom mini-batch logic and loss function”. In: *Scientific Reports* 11 (2021).
- [32] Vũ Văn Hiệu and Nguyễn Anh Minh. “Một kỹ thuật chuẩn đoán bệnh viêm da cơ địa sử dụng mạng học sâu”. In: *HỘI THẢO QUỐC GIA LẦN THỨ XXV “MỘT SỐ VẤN ĐỀ CHỌN LỌC CỦA CÔNG NGHỆ THÔNG TIN VÀ TRUYỀN THÔNG” (VNICT 2022)*. 2022.
- [33] Anh-Minh Nguyen, Van-Hieu Vu, and Thanh-Binh Trinh. “Detection and Diagnosis of Atopic Dermatitis Using Deep Learning Network”. In: *The International Conference on Intelligent Systems & Networks*. Springer. 2023, pp. 138–147.

- [34] Phan Nữ Thục Hiền Vũ Văn Hiệu. “Kỹ thuật kết hợp mạng nơron tích chập cải thiện chẩn đoán sớm một số bệnh ung thư da ở Việt Nam”. In: *HỘI THẢO QUỐC GIA LẦN THỨ XXVI “MỘT SỐ VẤN ĐỀ CHỌN LỌC CỦA CÔNG NGHỆ THÔNG TIN VÀ TRUYỀN THÔNG” (VNICT 2023)*. 2023.
- [35] Yann LeCun, Yoshua Bengio, and Geoffrey Hinton. “Deep learning”. In: *Nature* 521.7553 (2015), pp. 436–444.
- [36] Tom M Mitchell. *Machine learning*. McGraw-Hill, 1997.
- [37] Sotiris B Kotsiantis, I Zaharakis, and P Pintelas. “Supervised machine learning: A review of classification techniques”. In: *Emerging artificial intelligence applications in computer engineering* 160 (2007), pp. 3–24.
- [38] Yoshua Bengio. “Learning deep architectures for AI”. In: *Foundations and trends in Machine Learning* 2.1 (2009), pp. 1–127.
- [39] Jürgen Schmidhuber. “Deep learning in neural networks: An overview”. In: *Neural networks* 61 (2015), pp. 85–117.
- [40] Ian Goodfellow, Yoshua Bengio, and Aaron Courville. *Deep learning*. MIT press, 2016.
- [41] Rui Zhao, Wanli Ouyang, Hongsheng Li, and Xiaogang Wang. “Saliency detection by multi-context deep learning”. In: *Proceedings of the IEEE Conference on Computer Vision and Pattern Recognition*. 2015, pp. 1265–1274.
- [42] Maryam M Najafabadi, Flavio Villanustre, Taghi M Khoshgoftaar, Nii Seliya, Rand Wald, and Edin Muharemagic. “Deep learning applications and challenges in big data analytics”. In: *Journal of Big Data* 2.1 (2015), pp. 1–21.
- [43] Qi Zhang, Laurence T Yang, Zhi Chen, and Peng Li. “A survey on deep learning for big data”. In: *Information Fusion* 42 (2018), pp. 146–157.
- [44] N F Hordri, S S Yuhaniz, and S M Shamsuddin. “Deep learning and its applications: a review”. In: *Conference on Postgraduate Annual Research on Informatics Seminar*. 2016.
- [45] Yoon Kim. “Convolutional neural networks for sentence classification”. In: *arXiv preprint arXiv:1408.5882* (2014).

- [46] Amir Khan, Usman Sohail, Usama Zahoor, and Asim Qureshi. “A survey of the recent architectures of deep convolutional neural networks”. In: *arXiv preprint arXiv:1901.06032* (2019).
- [47] Qiang Li, Wenjia Cai, Xiang Wang, Yao Zhou, David Dagan Feng, and Min Chen. “Medical image classification with convolutional neural network”. In: *2014 13th International Conference on Control Automation Robotics & Vision (ICARCV)*. IEEE, 2014, pp. 844–848.
- [48] Shohei Hidaka and Takeshi Kurita. “Consecutive dimensionality reduction by canonical correlation analysis for visualization of convolutional neural networks”. In: *Proceedings of the ISCIE International Symposium on Stochastic Systems Theory and Its Applications*. 2017, pp. 160–167.
- [49] Ryuichiro Yamashita, Mizuho Nishio, Maryellen L Giger, and Kaori Togashi. “Convolutional neural networks: an overview and application in radiology”. In: *Insights into Imaging 9.4* (2018), pp. 611–629.
- [50] Martín Abadi et al. “Tensorflow: Large-scale machine learning on heterogeneous distributed systems”. In: *arXiv preprint arXiv:1603.04467* (2016).
- [51] Giancarlo Zaccane. *Getting started with TensorFlow*. Packt Publishing Ltd, 2016.
- [52] Michael T Martinez. “An overview of Google’s machine intelligence software TensorFlow”. In: *Sandia National Lab* (2016).
- [53] Peter Goldsborough. “A Tour of TensorFlow”. In: *arXiv preprint arXiv:1610.01178* (2016).
- [54] Rodolfo Bonnin. *Building machine learning projects with TensorFlow*. Packt Publishing Ltd, 2016.
- [55] Giancarlo Zaccane. *Getting Started with TensorFlow*. Packt Publishing Ltd, 2016.
- [56] Giancarlo Zaccane, Md Rezaul Karim, and Ahmed Menshawy. *Deep Learning with TensorFlow*. Packt Publishing Ltd, 2017.

- [57] C. Tan, F. Sun, T. Kong, W. Zhang, C. Yang, and C. Liu. “A survey on deep transfer learning”. In: *Proceedings of the international conference on artificial neural networks (ICANN)*. Springer, 2018.
- [58] S. H. Kassani and P. H. Kassani. “A comparative study of deep learning models for melanoma detection”. In: *Proceedings of the IEEE international conference on healthcare informatics*. IEEE, 2019.
- [59] O. Miksik and K. Mikolajczyk. “Evaluation of local detectors and descriptors for fast feature matching”. In: *Proceedings of the British Machine Vision Conference (BMVC)*. 2012.
- [60] M. Filali, Y. Zhang, and M. Hassan. “Combining handcrafted and deep features for skin lesion classification”. In: *Journal of Healthcare Engineering* (2020).
- [61] Jia Deng, Wei Dong, Richard Socher, Li-Jia Li, Kai Li, and Li Fei-Fei. “Imagenet: A large-scale hierarchical image database”. In: *2009 IEEE conference on computer vision and pattern recognition*. Ieee. 2009, pp. 248–255.
- [62] Yoshua Bengio. “Deep Learning of Representations: Looking Forward”. In: *CoRR* abs/1305.0445 (2012). URL: <https://arxiv.org/abs/1305.0445>.
- [63] Mingxing Tan and Quoc V. Le. “EfficientNet: Rethinking Model Scaling for Convolutional Neural Networks”. In: *arXiv preprint arXiv:1905.11946* (2019). URL: <https://arxiv.org/abs/1905.11946>.
- [64] Kaiming He, Xiangyu Zhang, Shaoqing Ren, and Jian Sun. “Deep residual learning for image recognition”. In: *Proceedings of the IEEE conference on computer vision and pattern recognition* (2016), pp. 770–778.
- [65] Andrew G Howard, Menglong Zhu, Bo Chen, Dmitry Kalenichenko, Weijun Wang, Tobias Weyand, Marco Andreetto, and Hartwig Adam. “MobileNets: Efficient Convolutional Neural Networks for Mobile Vision Applications”. In: *arXiv preprint arXiv:1704.04861*. 2017.
- [66] Mark Sandler, Andrew Howard, Menglong Zhu, Andrey Zhmoginov, and Liang-Chieh Chen. “MobileNetV2: Inverted Residuals and Linear Bottle-

necks”. In: *Proceedings of the IEEE conference on computer vision and pattern recognition* (2018), pp. 4510–4520.

- [67] Gao Huang, Zhuang Liu, Laurens Van Der Maaten, and Kilian Q Weinberger. “Densely connected convolutional networks”. In: *Proceedings of the IEEE conference on computer vision and pattern recognition* (2017), pp. 4700–4708.
- [68] Fanconic. *Skin Cancer: Malignant vs. Benign*. Accessed: 2024-05-12. 2020. URL: <https://www.kaggle.com/datasets/fanconic/skin-cancer-malignant-vs-benign>.
- [69] Ahmet Demir, Feyza Yilmaz, and Onur Kose. “Early detection of skin cancer using deep learning architectures: resnet-101 and inception-v3”. In: *2019 medical technologies congress (TIPTEKNO)*. IEEE. 2019, pp. 1–4.
- [70] Mohammed Rakeibul Hasan, Mohammed Ishraaf Fatemi, Mohammad Monirujjaman Khan, Manjit Kaur, and Atef Zaguia. “Comparative analysis of skin cancer (benign vs. malignant) detection using convolutional neural networks”. In: *Journal of Healthcare Engineering* 2021.1 (2021), p. 5895156.
- [71] Jitendra V Tembhurne, Nachiketa Hebbar, Hemprasad Y Patil, and Tausif Diwan. “Skin cancer detection using ensemble of machine learning and deep learning techniques”. In: *Multimedia Tools and Applications* 82.18 (2023), pp. 27501–27524.
- [72] Chandran Kaushik Viknesh, Palanisamy Nirmal Kumar, Ramasamy Seetharaman, and Devasahayam Anitha. “Detection and classification of melanoma skin cancer using image processing technique”. In: *Diagnostics* 13.21 (2023), p. 3313.
- [73] Atheer Bassel, Amjed Basil Abdulkareem, Zaid Abdi Alkareem Alyasseri, Nor Samsiah Sani, and Husam Jasim Mohammed. “Automatic malignant and benign skin cancer classification using a hybrid deep learning approach”. In: *Diagnostics* 12.10 (2022), p. 2472.
- [74] Alexandru Telea. “An image inpainting technique based on the fast marching method”. In: *Journal of graphics tools* 9.1 (2004), pp. 23–34.

- [75] Rafael C. Gonzalez and Richard E. Woods. *Digital image processing*. Pearson Education, 2002.
- [76] Christopher M. Bishop. *Pattern recognition and machine learning*. Springer, 2006.
- [77] Sergey Ioffe and Christian Szegedy. “Batch normalization: Accelerating deep network training by reducing internal covariate shift”. In: *International Conference on Machine Learning*. PMLR. 2015, pp. 448–456.
- [78] Carlo Tomasi and Roberto Manduchi. “Bilateral filtering for gray and color images”. In: *Proceedings of the IEEE international conference on computer vision*. IEEE. 1998, pp. 839–846.
- [79] Connor Shorten and Taghi M Khoshgoftaar. “A survey on image data augmentation for deep learning”. In: *Journal of Big Data* 6.1 (2019), pp. 1–48.
- [80] Alex Krizhevsky, Ilya Sutskever, and Geoffrey E Hinton. “Imagenet classification with deep convolutional neural networks”. In: *Advances in neural information processing systems*. 2012, pp. 1097–1105.
- [81] Gary King and Langche Zeng. “Logistic regression in rare events data”. In: *Political analysis* 9.2 (2001), pp. 137–163.
- [82] Haibo He and Edwardo A. Garcia. “Learning from imbalanced data”. In: *IEEE Transactions on knowledge and data engineering* 21.9 (2009), pp. 1263–1284.
- [83] Justin M Johnson and Taghi M Khoshgoftaar. “Survey on deep learning with class imbalance”. In: *Journal of Big Data* 6.1 (2019), pp. 1–54.
- [84] David MW Powers. “Evaluation: from precision, recall and F-measure to ROC, informedness, markedness and correlation”. In: *Journal of Machine Learning Technologies* 2.1 (2011), pp. 37–63.
- [85] Tom Fawcett. “An introduction to ROC analysis”. In: *Pattern recognition letters* 27.8 (2006), pp. 861–874.
- [86] Andrew P Bradley. “The use of the area under the ROC curve in the evaluation of machine learning algorithms”. In: *Pattern recognition* 30.7 (1997), pp. 1145–1159.

- [87] James A Hanley and Barbara J McNeil. “The meaning and use of the area under a receiver operating characteristic (ROC) curve”. In: *Radiology* 143.1 (1982), pp. 29–36.

Số: *M3* /QĐ-HVKHCN

Hà Nội, ngày 30 tháng 09 năm 2024

QUYẾT ĐỊNH
Về việc thành lập Hội đồng đánh giá luận văn thạc sĩ

GIÁM ĐỐC
HỌC VIỆN KHOA HỌC VÀ CÔNG NGHỆ

Căn cứ Quyết định số 303/QĐ-VHL ngày 01/3/2023 của Chủ tịch Viện Hàn lâm Khoa học và Công nghệ Việt Nam về việc ban hành Quy chế Tổ chức và hoạt động của Học viện Khoa học và Công nghệ;

Căn cứ Thông tư số 23/2021/TT-BGDĐT ngày 30/08/2021 của Bộ trưởng Bộ Giáo dục và Đào tạo về việc ban hành Quy chế đào tạo trình độ thạc sĩ;

Căn cứ Quyết định số 1966/QĐ-HVKHCN ngày 28/12/2021 của Giám đốc Học viện Khoa học và Công nghệ về việc ban hành Quy chế đào tạo trình độ thạc sĩ;

Căn cứ Quyết định số 1899/QĐ-HVKHCN ngày 15/11/2022 của Giám đốc Học viện Khoa học và Công nghệ về việc công nhận học viên cao học khóa 2022B - Đợt 2 năm 2022;

Căn cứ Quyết định số 227/QĐ-HVKHCN ngày 29/03/2024 của Giám đốc Học viện Khoa học và Công nghệ về việc công nhận đề tài và người hướng dẫn luận văn thạc sĩ;

Xét đề nghị của Trưởng khoa Khoa Công nghệ thông tin và Viễn thông, Trưởng phòng Đào tạo.

QUYẾT ĐỊNH:

Điều 1. Thành lập Hội đồng đánh giá luận văn thạc sĩ cho học viên Đặng Anh Tuấn với đề tài: **Nghiên cứu một số phương pháp học sâu và ứng dụng trong chẩn đoán viêm da cơ địa ở Việt Nam**

Ngành: Hệ thống thông tin

Mã số: 8 48 01 04

Danh sách thành viên Hội đồng đánh giá luận văn kèm theo Quyết định này.

Điều 2. Hội đồng có trách nhiệm đánh giá luận văn thạc sĩ theo đúng quy chế hiện hành của Bộ Giáo dục và Đào tạo, Học viện Khoa học và Công nghệ. Quyết định có hiệu lực tối đa 60 ngày kể từ ngày ký và phải đảm bảo thời hạn đào tạo theo quy định của Học viện. Hội đồng tự giải thể sau khi hoàn thành nhiệm vụ.

Điều 3. Trưởng phòng Tổ chức - Hành chính và Truyền thông, Trưởng phòng Đào tạo, Trưởng phòng Kế toán, Trưởng Khoa Công nghệ thông tin và Viễn thông, các thành viên có tên trong danh sách Hội đồng và học viên cao học có tên tại Điều 1 chịu trách nhiệm thi hành Quyết định này. /.

Nơi nhận:

- Như Điều 3;
- Giám đốc HV (dề b/c);
- Lưu hồ sơ học viên;
- Lưu: VT, ĐT, PQ.10.





DANH SÁCH HỘI ĐỒNG ĐÁNH GIÁ LUẬN VĂN THẠC SĨ

(Kèm theo Quyết định số 113 /QĐ-HVKHCN ngày 30/09/2024
của Giám đốc Học viện Khoa học và Công nghệ)

Chợ luận văn của học viên: Đặng Anh Tuấn

Tên đề tài: **Nghiên cứu một số phương pháp học sâu và ứng dụng trong chẩn đoán viêm da cơ địa ở Việt Nam**

Ngành: Hệ thống thông tin

Mã số: 8 48 01 04

Người hướng dẫn : TS. Vũ Văn Hiệu, Viện Công nghệ thông tin,

Viện Hàn lâm Khoa học và Công nghệ Việt Nam

TT	Họ và tên, học hàm, học vị	Ngành	Cơ quan công tác	Trách nhiệm trong Hội đồng
1.	PGS.TS. Nguyễn Long Giang	Hệ thống thông tin	Viện Công nghệ thông tin, Viện Hàn lâm KHCN VN	Chủ tịch
2.	PGS.TS. Bùi Thu Lâm	Hệ thống thông tin	Học viện Kỹ thuật Mật mã, Ban Cơ yếu Chính phủ	Phản biện 1
3.	TS. Nguyễn Mạnh Hùng	Hệ thống thông tin	Học viện Kỹ thuật Quân sự, Bộ Quốc phòng	Phản biện 2
4.	TS. Trần Đức Nghĩa	Hệ thống thông tin	Viện Công nghệ thông tin, Viện Hàn lâm KHCN VN	Ủy viên - Thư ký
5.	PGS.TS. Nguyễn Việt Anh	Hệ thống thông tin	Viện Công nghệ thông tin, Viện Hàn lâm KHCN VN	Ủy viên

Hội đồng gồm 05 thành viên./ *JH*

CỘNG HÒA XÃ HỘI CHỦ NGHĨA VIỆT NAM
Độc lập – Tự do – Hạnh phúc

BẢN NHẬN XÉT LUẬN VĂN THẠC SĨ

Họ và tên người nhận xét: Nguyễn Long Giang Học hàm, học vị: PGS.TS.
Chức danh trong Hội đồng: Chủ tịch Hội đồng
Cơ quan công tác: Viện Công nghệ thông tin, Viện Hàn lâm KHCN VN
Họ và tên học viên: Đặng Anh Tuấn
Tên đề tài: Nghiên cứu một số phương pháp học sâu và ứng dụng trong chẩn đoán viêm da cơ địa ở Việt Nam
Ngành: Hệ thống thông tin Mã số: 8 48 01 04

NỘI DUNG NHẬN XÉT

1. Tính cấp thiết, tính thời sự, ý nghĩa khoa học và thực tiễn của đề tài luận văn:

..... Nghiên cứu các mô hình học sâu trên nền nền
Neural Networks trong chẩn đoán viêm da cơ địa ở Việt Nam
là chủ đề có tính thời sự, có ý nghĩa khoa học, thực tiễn.

2. Sự không trùng lặp của đề tài nghiên cứu so với các công trình khoa học, luận văn đã công bố ở trong và ngoài nước; tính trung thực, rõ ràng và đầy đủ trong trích dẫn tài liệu tham khảo:

..... Luận văn không trùng lặp so với các công trình, luận
văn đã công bố ở trong và ngoài nước.
..... Tác giả hoàn thành luận văn bằng tay viết.

3. Sự phù hợp giữa tên đề tài với nội dung nghiên cứu cũng như với chuyên ngành và mã số đào tạo:

..... Tên đề tài phù hợp với nội dung nghiên cứu
và chuyên ngành và mã số đào tạo.

4. Độ tin cậy và tính hiện đại của phương pháp nghiên cứu đã sử dụng để hoàn thành luận văn:

..... Phương pháp sử dụng mô hình học
sâu để phân lớp viêm da cơ địa là phù

hợp, hiện đại, kết hợp với hình ảnh.....

5. Kết quả nghiên cứu của luận văn:

- Tìm hiểu vai trò phân lớp bệnh vẩy da có đờ, các mô hình học sâu gần gũi nhất trong thực tiễn nghiên cứu phân lớp vẩy da có đờ.

6. Những hạn chế, thiếu sót của luận văn về nội dung, hình thức và các câu hỏi

Luận văn trình bày quá dài, quá nhiều sơ đồ, hình ảnh, minh họa, các hình thức vẽ, các cấp độ cơ bản không trình bày đầy đủ. Cần kết hợp bài toán rõ ràng, chi tiết. 2. Trình bày các hình vẽ. 3. Kết quả thu nghiên cứu cần làm rõ. Cần chú ý hình ảnh minh họa.

7. Nếu tác giả chưa viết bài báo khoa học thì nội dung của luận văn có thể được viết thành các bài báo để gửi đăng trên tạp chí khoa học, sách chuyên ngành hoặc tuyển tập công trình hội nghị khoa học cấp quốc gia, quốc tế hay không?

- Có thể viết bài báo khoa học.....

8. Kết luận chung (khẳng định mức độ đáp ứng các yêu cầu đối với một luận văn Thạc sĩ; luận văn có thể đưa ra bảo vệ để nhận học vị Thạc sĩ được hay không?):

Luận văn đáp ứng các yêu cầu của luận văn Thạc sĩ. Luận văn có thể đưa ra bảo vệ để nhận học vị Thạc sĩ.

Hà Nội, ngày 07 tháng 10 năm 2024

Người nhận xét
(Ký, ghi rõ họ tên)



BẢN NHẬN XÉT LUẬN VĂN THẠC SĨ

Họ và tên người nhận xét: Bùi Thu Lâm. Học hàm, học vị: PGS.TS.

Chức danh trong Hội đồng: Phản biện 1.

Cơ quan công tác: Học viện Kỹ thuật mật mã, Ban cơ yếu Chính phủ.

Họ và tên học viên: Đặng Anh Tuấn.

Tên đề tài: Nghiên cứu một số phương pháp học sâu và ứng dụng trong chẩn đoán viêm da cơ địa tại Việt Nam.

Ngành: Hệ thống thông tin.

Mã số: 8480104.

NỘI DUNG NHẬN XÉT

- Tính cấp thiết, tính thời sự, ý nghĩa khoa học và thực tiễn của đề tài luận văn:**
Đề tài “Nghiên cứu một số phương pháp học sâu và ứng dụng trong chẩn đoán viêm da cơ địa ở Việt Nam” là rất cấp thiết và có tính thời sự cao. Viêm da cơ địa là một bệnh lý phổ biến, ảnh hưởng nghiêm trọng đến chất lượng cuộc sống của người bệnh. Việc ứng dụng các phương pháp học máy trong chẩn đoán bệnh nếu được ứng dụng sẽ đóng góp nhiều trong việc hỗ trợ các bác sỹ nâng cao độ chính xác trong chẩn đoán. Đề tài có ý nghĩa khoa học và thực tiễn lớn, góp phần cải thiện quy trình chẩn đoán và điều trị bệnh viêm da cơ địa.
- Sự không trùng lặp của đề tài nghiên cứu so với các công trình khoa học, luận văn đã công bố ở trong và ngoài nước; tính trung thực, rõ ràng và đầy đủ trong trích dẫn tài liệu tham khảo:**
Đề tài này không trùng lặp với các công trình khoa học và luận văn đã công bố. Tác giả đã thực hiện một nghiên cứu độc lập, sử dụng các phương pháp học sâu hiện đại như VGG16, ResNet, EfficientNet, và MobileNetV2 để chẩn đoán viêm da cơ địa. Các tài liệu tham khảo được trích dẫn đầy đủ, rõ ràng và trung thực, đảm bảo tính minh bạch và độ tin cậy của nghiên cứu.
- Sự phù hợp giữa tên đề tài với nội dung nghiên cứu cũng như với chuyên ngành và mã số đào tạo:**
Tên đề tài hoàn toàn phù hợp với nội dung nghiên cứu. Đề tài tập trung vào việc ứng dụng các phương pháp học sâu trong chẩn đoán viêm da cơ địa, đúng với chuyên ngành Hệ thống thông tin và mã số đào tạo 8480104. Nội dung nghiên cứu được triển khai chi tiết, bám sát mục tiêu và phạm vi đã đề ra.
- Độ tin cậy và tính hiện đại của phương pháp nghiên cứu đã sử dụng để hoàn thành luận văn:**

Các phương pháp nghiên cứu được sử dụng trong luận văn đều là những phương pháp hiện đại và tiên tiến trong lĩnh vực học sâu. Tác giả đã áp dụng các mô hình học sâu như VGG16, VGG19, ResNet, EfficientNet, và MobileNetV2, kết hợp với các kỹ thuật tiền xử lý dữ liệu và tăng cường dữ liệu để nâng cao hiệu quả chẩn đoán. Độ tin cậy của các phương pháp này đã được kiểm chứng qua các kết quả thực nghiệm.

5. **Kết quả nghiên cứu của luận văn:**

Luận văn đã đạt được những kết quả nghiên cứu đáng khích lệ. Các mô hình học sâu được triển khai đã cho thấy hiệu suất cao trong việc chẩn đoán viêm da cơ địa, với độ chính xác, độ nhạy, và F1 Score đều có triển vọng. Đặc biệt, mô hình DenseNet121 và Xception đạt hiệu suất cao nhất với độ chính xác kiểm định lên đến 72%.

6. **Những hạn chế, thiếu sót của luận văn về nội dung, hình thức và câu hỏi:**

o Nội dung:

Chương 1 và một phần của Chương 2 về kiến thức tổng quan quá nhiều, nên có ngắn gọn. Phần phân tích kết quả thực nghiệm nên tập trung vào đánh giá lý do độ chính xác chưa thực sự cao. Không nhất thiết phải khảo sát nhiều mô hình học sâu như vậy.

o Hình thức:

Cần chú ý hơn đến việc trình bày bảng biểu và hình ảnh với trích dẫn, đồng thời các công thức toán học bị vỡ nhiều, khó đọc.

o Câu hỏi:

Làm rõ lý do hiệu năng của các phương pháp học sâu chưa thực sự cao

7. **Nếu tác giả chưa viết bài báo khoa học thì nội dung của luận văn có thể được viết thành các bài báo để gửi đăng trên tạp chí khoa học, sách chuyên ngành hoặc tuyển tập công trình hội nghị khoa học cấp quốc gia, quốc tế hay không?**

Nội dung của luận văn có thể được viết thành các bài báo khoa học để gửi đăng trên các tạp chí khoa học, sách chuyên ngành hoặc tuyển tập công trình hội nghị khoa học cấp quốc gia và quốc tế. Các kết quả nghiên cứu có giá trị thực tiễn cao và đóng góp quan trọng vào lĩnh vực chẩn đoán bệnh lý da liễu.

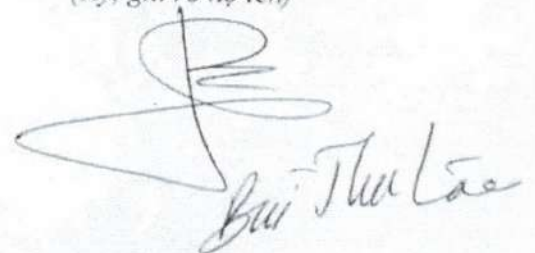
8. **Kết luận chung (khẳng định mức độ đáp ứng các yêu cầu đối với một luận văn Thạc sĩ; luận văn có thể đưa ra bảo vệ để nhận học vị Thạc sĩ được hay không?):**

Luận văn đã đáp ứng đầy đủ các yêu cầu đối với một luận văn Thạc sĩ. Nội dung nghiên cứu có tính cấp thiết, phương pháp nghiên cứu hiện đại và kết quả đạt được có giá trị thực tiễn cao. Luận văn hoàn toàn có thể đưa ra bảo vệ để nhận học vị Thạc sĩ.

Hết văn., ngày .. tháng 10.. năm 2024

Người nhận xét

(Ký, ghi rõ họ tên)


Bùi Thu Loan

BẢN NHẬN XÉT LUẬN VĂN THẠC SĨ

Họ và tên người nhận xét: Nguyễn Mạnh Hùng. Học hàm, học vị: TS.

Chức danh trong Hội đồng: Phản biện 2.

Cơ quan công tác: Học viện Kỹ thuật Quân sự, Bộ Quốc phòng.

Họ và tên học viên: Đặng Anh Tuấn.

Tên đề tài: Nghiên cứu một số phương pháp học sâu và ứng dụng trong chẩn đoán viêm da cơ địa tại Việt Nam.

Ngành: Hệ thống thông tin.

Mã số: 8480104.

NỘI DUNG NHẬN XÉT

1. Tính cấp thiết, tính thời sự, ý nghĩa khoa học và thực tiễn của đề tài luận văn

Viêm da cơ địa (Atopic Dermatitis - AD) là một bệnh mạn tính phổ biến, có các triệu chứng đa dạng và phức tạp, gây khó khăn cho việc chẩn đoán và điều trị. Luận văn tập trung vào việc ứng dụng các phương pháp học sâu và học chuyển giao (Transfer Learning) vào quá trình chẩn đoán viêm da cơ địa thông qua hình ảnh y tế. Luận văn góp phần tăng cường áp dụng học sâu vào y tế. Chẩn đoán tự động dựa trên học sâu có khả năng hỗ trợ các bác sĩ, đặc biệt là bác sĩ trẻ còn ít kinh nghiệm.

2. Sự không trùng lặp của đề tài nghiên cứu so với các công trình khoa học, luận văn đã công bố ở trong và ngoài nước; tính trung thực, rõ ràng và đầy đủ trong trích dẫn tài liệu tham khảo

Đề tài và nội dung của luận văn không trùng lặp với các công trình khoa học, luận văn đã công bố ở trong và ngoài nước; Trích dẫn trung thực, rõ ràng và đầy đủ đến các tài liệu tham khảo.

3. Sự phù hợp giữa tên đề tài với nội dung nghiên cứu cũng như với chuyên ngành và mã số đào tạo

Tên đề tài phù hợp với nội dung nghiên cứu cũng như với chuyên ngành và mã số đào tạo.

4. Độ tin cậy và tính hiện đại của phương pháp nghiên cứu đã sử dụng để hoàn thành luận văn

Phương pháp nghiên cứu của luận văn đảm bảo tin cậy và hiện đại, cụ thể:

- Nghiên cứu các mô hình học sâu tiên tiến đã được áp dụng thành công trong nhiều bài toán phân loại hình ảnh y tế như: VGG16, VGG19, ResNet, và EfficientNet

- Để cải thiện hiệu suất trên tập dữ liệu nhỏ, luận văn áp dụng phương pháp học chuyển giao, tận dụng các mô hình đã được huấn luyện trước trên tập dữ liệu lớn. Kỹ thuật này giúp giảm thời gian huấn luyện và tăng độ chính xác của mô hình, phù hợp với xu hướng hiện đại trong nghiên cứu học sâu.

- Để giải quyết vấn đề dữ liệu y tế thường có kích thước nhỏ và không cân bằng, các kỹ thuật tiền xử lý như loại bỏ nhiễu, cân bằng và tăng cường dữ liệu đã được áp dụng.

- Đánh giá hiệu năng mô hình bằng các chỉ số tin cậy như: Độ chính xác (Accuracy), độ nhạy (Recall), độ đặc hiệu (Specificity), F1-Score, và chỉ số AUC-ROC.

5. Kết quả nghiên cứu của luận văn:

- Giới thiệu chung về học sâu; Phát biểu bài toán chẩn đoán viêm da cơ địa;
- Giới thiệu, cài đặt, đánh giá một số mô hình học sâu bao gồm VGG19, ResNet152, MobileNetV2, EfficientNetB0, DenseNet121, Xception dựa trên các chỉ số như Precision, Recall, F1-Score và thời gian huấn luyện. Chỉ ra: DenseNet121 và Xception đạt hiệu suất cao nhất.

6. Những hạn chế, thiếu sót của luận văn về nội dung, hình thức và câu hỏi:

Nội dung của chương 1 và chương 2 chưa liền mạch với nhau và với tên đề tài. Cần phải đảo thứ tự của 2 chương này, và điều chỉnh thứ tự cũng như nội dung của 2 chương này sao cho chương 1 liền mạch với tên đề tài, chương 2 liền mạch với chương 1. Cụ thể, chương 1 nên trình bày về phát biểu bài toán, các kỹ thuật tiền xử lý dữ liệu cần được áp dụng, các nghiên cứu liên quan; Chương 2 trình bày các kiến thức chung về học sâu, các bước cơ bản trong quy trình huấn luyện mạng học sâu, các độ đo đánh giá mạng học sâu; cuối cùng là trình bày một số mô hình mạng học sâu phù hợp với bài toán đặt ra.

Chương 3. Chỉ cần lựa chọn tối đa 3 mô hình và trình bày chi tiết hơn về kịch bản thử nghiệm, kết quả đánh giá. Các mô hình còn lại chỉ nên trình bày một cách tóm tắt.

Kết luận của các chương, kết luận của luận văn cần chỉnh sửa lại: đảm bảo ngắn gọn và làm rõ được các kết quả chính của chương, của luận văn.

Luận văn còn nhiều lỗi câu chữ, lỗi soạn thảo, đặc biệt là các công thức.

7. Nếu tác giả chưa viết bài báo khoa học thì nội dung của luận văn có thể được viết thành các bài báo để gửi đăng trên tạp chí khoa học, sách chuyên ngành hoặc tuyển tập công trình hội nghị khoa học cấp quốc gia, quốc tế hay không?

..... Có thể viết thành bài báo khoa học.....
.....
.....

8. Kết luận chung (khẳng định mức độ đáp ứng các yêu cầu đối với một luận văn Thạc sĩ; luận văn có thể đưa ra bảo vệ để nhận học vị Thạc sĩ được hay không?):

Nội dung của luận văn đáp ứng các yêu cầu đối với một luận văn Thạc sĩ; Đề nghị cơ sở đào tạo cho phép học viện được bảo vệ luận văn trước Hội đồng để nhận học vị Thạc sĩ.

Hà Nội, ngày 8 tháng 10 năm 2024

Người nhận xét

(Ký, ghi rõ họ tên)



Nguyễn Mạnh Hùng

CỘNG HÒA XÃ HỘI CHỦ NGHĨA VIỆT NAM
Độc lập – Tự do – Hạnh phúc

BẢN NHẬN XÉT LUẬN VĂN THẠC SĨ

Họ và tên người nhận xét: Nguyễn Việt Anh. Học hàm, học vị: PGS.TS.

Chức danh trong Hội đồng: Ủy viên.

Cơ quan công tác: Viện Công nghệ thông tin, Viện Hàn lâm KHCN VN.

Họ và tên học viên: Đặng Anh Tuấn.

Tên đề tài: Nghiên cứu một số phương pháp học sâu và ứng dụng trong chẩn đoán viêm da cơ địa tại Việt Nam.

Ngành: Hệ thống thông tin.

Mã số: 8480104.

NỘI DUNG NHẬN XÉT

1. Tính cấp thiết, tính thời sự, ý nghĩa khoa học và thực tiễn của đề tài luận văn:

Viêm da cơ địa là bệnh truyền nhiễm phổ biến ở Việt Nam. Đề tài có tính cấp thiết, tính thời sự.

2. Sự không trùng lặp của đề tài nghiên cứu so với các công trình khoa học, luận văn đã công bố ở trong và ngoài nước; tính trung thực, rõ ràng và đầy đủ trong trích dẫn tài liệu tham khảo:

Theo hiểu biết của người đọc, đề tài không có sự trùng lặp với các công bố đã có.

3. Sự phù hợp giữa tên đề tài với nội dung nghiên cứu cũng như với chuyên ngành và mã số đào tạo:

Phù hợp

4. Độ tin cậy và tính hiện đại của phương pháp nghiên cứu đã sử dụng để hoàn thành luận văn:

Phương pháp nghiên cứu có tính hiện đại và phù hợp (phương pháp học sâu)

5. Kết quả nghiên cứu của luận văn:

Đã có kết quả nghiên cứu về hình thức thực nghiệm trên địa bàn

6. Những hạn chế, thiếu sót của luận văn về nội dung, hình thức và câu hỏi:

Luận văn quá dài
Cần làm rõ các số liệu, góp ý về
cơ sở lý luận và thực tiễn
Cần làm rõ hơn bất toàn, phạm vi
và khả năng áp dụng

7. Nếu tác giả chưa viết bài báo khoa học thì nội dung của luận văn có thể được viết thành các bài báo để gửi đăng trên tạp chí khoa học, sách chuyên ngành hoặc tuyển tập công trình hội nghị khoa học cấp quốc gia, quốc tế hay không?

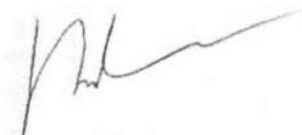
Ko

8. Kết luận chung (khẳng định mức độ đáp ứng các yêu cầu đối với một luận văn Thạc sĩ; luận văn có thể đưa ra bảo vệ để nhận học vị Thạc sĩ được hay không?):

Luận văn về các vấn đề tiếp cận yêu cầu đối với
một luận văn Thạc sĩ, có thể đưa ra bảo vệ

....., ngày tháng năm 20...

Người nhận xét
(Ký, ghi rõ họ tên)


Nguyễn Việt Anh

BẢN NHẬN XÉT LUẬN VĂN THẠC SĨ

Họ và tên người nhận xét: Trần Đức Nghĩa. Học hàm, học vị: TS.

Chức danh trong Hội đồng: Thư ký – Ủy viên.

Cơ quan công tác: Viện Công nghệ thông tin, Viện Hàn lâm KHCN VN.

Họ và tên học viên: Đặng Anh Tuấn.

Tên đề tài: Nghiên cứu một số phương pháp học sâu và ứng dụng trong chẩn đoán viêm da cơ địa tại Việt Nam.

Ngành: Hệ thống thông tin.

Mã số: 8480104.

NỘI DUNG NHẬN XÉT

1. Tính cấp thiết, tính thời sự, ý nghĩa khoa học và thực tiễn của đề tài luận văn:

Cấp thiết, cấp thiết, khoa học

2. Sự không trùng lặp của đề tài nghiên cứu so với các công trình khoa học, luận văn đã công bố ở trong và ngoài nước; tính trung thực, rõ ràng và đầy đủ trong trích dẫn tài liệu tham khảo:

Không trùng lặp

3. Sự phù hợp giữa tên đề tài với nội dung nghiên cứu cũng như với chuyên ngành và mã số đào tạo:

phù hợp

4. Độ tin cậy và tính hiện đại của phương pháp nghiên cứu đã sử dụng để hoàn thành luận văn:

Đang tìm kiếm

5. Kết quả nghiên cứu của luận văn:

Cải thiện đời sống kinh tế và văn hóa tinh thần

6. Những hạn chế, thiếu sót của luận văn về nội dung, hình thức và câu hỏi:

Luận văn HV đang gần ở phần cuối
Rõ ràng hơn chi tiết

7. Nếu tác giả chưa viết bài báo khoa học thì nội dung của luận văn có thể được viết thành các bài báo để gửi đăng trên tạp chí khoa học, sách chuyên ngành hoặc tuyển tập công trình hội nghị khoa học cấp quốc gia, quốc tế hay không?

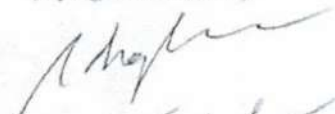
Không

8. Kết luận chung (khẳng định mức độ đáp ứng các yêu cầu đối với một luận văn Thạc sĩ; luận văn có thể đưa ra bảo vệ để nhận học vị Thạc sĩ được hay không?):

Đáp ứng
Có thể bảo vệ

....., ngày tháng năm 20...

Người nhận xét
(Ký, ghi rõ họ tên)


Trần Đức Nghi

Hà Nội, ngày 30 tháng 10 năm 2024

BIÊN BẢN HỌP HỘI ĐỒNG ĐÁNH GIÁ LUẬN VĂN THẠC SĨ

Thực hiện Quyết định số 1113/QĐ-HVKHCN ngày 30/09/2024 của Giám đốc Học viện Khoa học và Công nghệ về việc thành lập Hội đồng đánh giá luận văn thạc sĩ của học viên Đặng Anh Tuấn.

Tên đề tài: **Nghiên cứu một số phương pháp học sâu và ứng dụng trong chẩn đoán viêm da cơ địa ở Việt Nam**

Ngành: Hệ thống thông tin

Mã số: 8 48 01 04

Hôm nay, ngày 30/10/2024 Hội đồng đã họp tại Phòng 1510, Học viện Khoa học và Công nghệ vào lúc 09h00, Hội đồng gồm 05 thành viên:

1. PGS.TS. Nguyễn Long Giang
2. TS. Trần Đức Nghĩa
3. PGS.TS. Bùi Thu Lâm
4. TS. Nguyễn Mạnh Hùng
5. PGS.TS. Nguyễn Việt Anh

- Chủ tịch hội đồng
- Thư ký - Ủy viên
- Phản biện 1
- Phản biện 2
- Ủy viên



Thành viên vắng mặt: *Không*..... (Phản biện hoặc ủy viên, đã có bản nhận xét đồng ý cho phép học viên được bảo vệ trước Hội đồng đánh giá luận văn thạc sĩ).

NỘI DUNG LÀM VIỆC

1. Đại diện cơ sở đào tạo đọc quyết định thành lập Hội đồng đánh giá luận văn
2. Chủ tịch Hội đồng, điều khiển phiên họp
3. Thư ký HĐ, đọc lí lịch khoa học và bảng điểm của học viên
4. Học viên trình bày luận văn trước Hội đồng
5. Phản biện 1:
Trình bày lập đề tài luận văn, nêu đặc điểm nghiên cứu, phương pháp nghiên cứu, kết quả nghiên cứu, các p.p. được sử dụng, đưa ra các?
6. Phản biện 2:

.....Chương 1 và 2 chưa hết mạch? chưa gần hết? còn
.....đi tiếp? ...quá? lại? ...còn nhiều nữa?
.....Chương 3... học. Nhưng giờ học thế nào?

7. Học viên trả lời:

..... Tiếp theo các ý kiến và sự đánh giá
..... của bạn còn hơn nữa?

8. Các thành viên HĐ và những người tham dự nêu câu hỏi

..... Làm sao làm việc trên cơ sở lý luận?
..... Việc soạn → hệ tọa độ sống học?
..... F.P., F.N. làm sao nhận được...
..... Những học sinh... có thể nhận được...?

9. Học viên trả lời

..... Tiếp theo các ý kiến và sự đánh giá
..... của bạn còn hơn nữa?

10. Hội đồng họp kín và cho điểm

- Hội đồng bầu ban kiểm phiếu gồm 3 thành viên:

Trưởng ban: P.H.S., T.S., B.H., T.H., L.V.

Ủy viên: T.S., Nguyễn Văn Minh, Hùng

Ủy viên: T.S., Trần Đức Nguyễn

- Kết quả kiểm phiếu như sau:

Số phiếu phát ra: 5

Số phiếu thu về: 5

Tổng số điểm:

1/2/1971

Điểm trung bình:

Điểm thưởng công trình công bố:.....

Tổng điểm đánh giá luận văn và thưởng công trình công bố:.....

- Kết luận của Hội đồng:

+ Luận văn ...*đạt*...*đạt yêu cầu*..... (đạt/không đạt yêu cầu)

+ Tính không trùng lặp nội dung và tên đề tài với các công trình công bố:

.....*Không trùng lặp*.....

11. Chủ tịch Hội đồng, công bố kết quả, yêu cầu học viên chỉnh sửa luận văn với các nội dung sau:

.....*Thêm nội dung góp ý của hội đồng*.....
.....*Làm rõ đóng góp*.....

Buổi họp đã kết thúc vào 11 giờ 00 phút ngày 30/10/2024.

Hà Nội, ngày 30 tháng 10 năm 2024

THƯ KÝ HỘI ĐỒNG

CHỦ TỊCH HỘI ĐỒNG

TS. Trần Đức Nghĩa

PGS.TS. Nguyễn Long Giang

**XÁC NHẬN CỦA HỌC VIỆN KHOA HỌC VÀ CÔNG NGHỆ
KT.GIÁM ĐỐC
PHÓ GIÁM ĐỐC**



[Handwritten signature]
Nguyễn Thị Trung

**BẢN GIẢI TRÌNH CHỈNH SỬA LUẬN VĂN
THEO KẾT LUẬN CỦA HỘI ĐỒNG ĐÁNH GIÁ LUẬN VĂN THẠC SĨ**

Họ tên học viên: Đặng Anh Tuấn. Lớp: ITT2022B.

Tên đề tài luận văn: Nghiên cứu một số phương pháp học sâu và ứng dụng trong chẩn đoán viêm da cơ địa tại Việt Nam.

Chuyên ngành: Hệ thống thông tin

Mã số: 8480104

Người hướng dẫn khoa học: Vũ Văn Hiệu

Ngày bảo vệ luận văn: 30/10/2024

Căn cứ biên Bản họp Hội đồng đánh giá luận văn thạc sĩ, học viên đã chỉnh sửa luận văn như sau:

STT	Nội dung đề nghị bổ sung, chỉnh sửa	Nội dung đã bổ sung, chỉnh sửa
1	Sửa lỗi chính tả, soạn thảo, công thức	Đã chỉnh sửa lỗi chính tả, soạn thảo và công thức. Các trang chỉnh sửa : 23, 25,60
2	Nội dung chương 1, chương 2 chưa liền mạch, kiến thức tổng quan quá nhiều.	Đã chỉnh sửa nội dung. Các trang chỉnh sửa: trang 15, 16,17, 43, 44, 53
3	Chương 3 chọn 3 mô hình tiêu biểu và trình bày	Đã chỉnh sửa nội dung. Các trang chỉnh sửa: từ trang 79 đến trang 87

Lưu ý: Trong trường hợp Hội đồng yêu cầu xin ý kiến của 02 phản biện sau bảo vệ, học viên cần xin chữ ký của 02 phản biện xác nhận.

Hà Nội, ngày 12 tháng 11 năm 2024.

CHỦ TỊCH HỘI ĐỒNG

TẬP THỂ HƯỚNG DẪN

HỌC VIÊN


Nguyễn Long Giang


Vũ Văn Hiệu


Đặng Anh Tuấn

