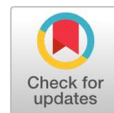




ISSN: 1859-1779

Nghiên cứu Y học

Tạp chí Y học Thành phố Hồ Chí Minh; 28(10):67-73
<https://doi.org/10.32895/hcjm.m.2025.10.09>



Học máy dự báo ung thư tuyến tiền liệt: Kết quả ban đầu từ sinh thiết hợp nhất đàn hồi

Trần Trung Thành^{1,2,3,*}, Hoàng Long³, Trần Quốc Hoà³, Trần Văn Anh⁴, Taguelmimt Kamilia²,
Filleron Thomas¹, Bert Julien², Malavaud Bernard¹

¹Viện nghiên cứu ung thư Toulouse - Oncopole, Cộng hoà Pháp

²Phòng thí nghiệm xử lý thông tin y tế LATIM, INSERM, Đại học Western Brittany, Cộng hoà Pháp

³Khoa Ngoại Tiết niệu, Bệnh viện Đại học Y Hà Nội, Hà Nội, Việt Nam

⁴Trường Đại học Y Hà Nội, Hà Nội, Việt Nam

Tóm tắt

Đặt vấn đề: Ung thư tuyến tiền liệt (UT TTL) là bệnh lý ác tính phổ biến ở nam giới, đòi hỏi phân tầng nguy cơ để tối ưu hóa chẩn đoán và giảm sinh thiết không cần thiết. Nghiên cứu này nhằm xây dựng mô hình học máy dự báo nguy cơ UT TTL dựa trên dữ liệu sinh thiết hợp nhất đàn hồi tại IUCT-Oncopole.

Đối tượng và phương pháp nghiên cứu: Nghiên cứu hồi cứu trên 1550 trường hợp nghi ngờ UT TTL từ 1/2018 đến 3/2023. Dữ liệu được chia thành tập huấn luyện (80%) và kiểm tra (20%). Các mô hình được triển khai gồm hồi quy logistic, RF, XGBoost và SVM, sử dụng các biến lâm sàng và dữ liệu cộng hưởng từ (điểm PI-RADS 2.1).

Kết quả: Tất cả mô hình cho kết quả phân loại tốt với AUC từ 0,80 đến 0,84. Mô hình logistic đạt AUC cao nhất (0,84) nhưng có số âm tính giả (FN) lớn (68). RF và XGBoost có FN thấp nhất (28), với tỷ lệ ung thư Gleason ≥ 7 thấp hơn. SVM đạt độ chính xác và hệ số Kappa cao nhất. Hồi quy logistic với chính quy hoá LASSO đơn giản, dễ giải thích, với hiệu suất khá và dễ triển khai.

Kết luận: Các mô hình học máy có tiềm năng hỗ trợ quyết định sinh thiết. Lựa chọn mô hình cần dựa trên bối cảnh, cân bằng giữa độ chính xác và mức độ dễ triển khai.

Từ khóa: ung thư tuyến tiền liệt; mô hình dự báo nguy cơ; sinh thiết tuyến tiền liệt; sinh thiết hợp nhất đàn hồi

Abstract

MACHINE LEARNING FOR PROSTATE CANCER PREDICTION: PRELIMINARY RESULTS FROM ELASTIC FUSION-GUIDED BIOPSY

Tran Trung Thanh, Hoang Long, Tran Quoc Hoa, Tran Van Anh, Taguelmimt Kamilia,
Filleron Thomas, Bert Julien, Malavaud Bernard

Ngày nhận bài: 06-08-2025 / Ngày chấp nhận đăng bài: 05-10-2025 / Ngày đăng bài: 07-10-2025

*Tác giả liên hệ: Trần Trung Thành. Viện nghiên cứu ung thư Toulouse - Oncopole, Cộng hoà Pháp. E-mail: Trantrungthanh1994@gmail.com

© 2025 Bản quyền thuộc về Tạp chí Y học Thành phố Hồ Chí Minh.

Objectives: Prostate cancer (PCa) is a common malignancy among men, requiring accurate risk stratification to optimize diagnostic pathways and reduce unnecessary biopsy. This study aimed to develop a machine learning model to predict the risk of PCa using data from elastography-guided fusion biopsies at IUCT-Oncopole.

Methods: A retrospective study was conducted on 1,550 patients with suspected PCa between January 2018 and March 2023. The dataset was split into a training set (80%) and a test set (20%). The implemented models included logistic regression, Random Forest (RF), XGBoost, and Support Vector Machine (SVM), using clinical variables and prostate MRI data (PI-RADS v2.1 scores).

Results: All models demonstrated good classification performance with area-under-curve (AUCs) values ranging from 0.80 to 0.84. Logistic regression achieved the highest AUC (0.84) but had the largest number of false negatives (FN = 68). RF and XGBoost had the lowest FN (28), with a lower proportion of Gleason ≥ 7 cancers in this group. SVM yielded the highest accuracy and Cohen's Kappa score. Logistic regression with LASSO regularization offered reasonable performance, was simple to interpret, and easy to implement in clinical settings.

Conclusions: Machine learning models show great potential in guiding prostate biopsy decisions. Model selection should be context-dependent, balancing accuracy, interpretability, and ease of implementation.

Keywords: prostate cancer; risk prediction model; prostate biopsy; elastic fusion biopsy

1. ĐẶT VẤN ĐỀ

Ung thư tuyến tiền liệt (UTTTL) là một trong những bệnh lý ác tính phổ biến nhất ở nam giới trên toàn thế giới. Năm 2020, có khoảng 1,4 triệu ca mới được chẩn đoán, và con số này dự kiến sẽ tăng gấp đôi, lên đến 2,9 triệu ca vào năm 2040 [1]. Tại Việt Nam, theo dữ liệu của Tổ chức Y tế Thế giới, năm 2022 có khoảng 6.000 trường hợp mắc mới và 3.000 trường hợp tử vong do UTTTL [2].

Việc phân tầng nguy cơ đóng vai trò quan trọng trong chỉ định sinh thiết, nhằm phát hiện kịp thời những trường hợp ung thư, đồng thời hạn chế các thủ thuật xâm lấn không cần thiết. Các công cụ dự đoán dựa trên dữ liệu lâm sàng truyền thống, chẳng hạn như PCPT-RC (Prostate Cancer Prevention Trial risk calculator) và ERSPC-RC (European Randomized study of Screening for Prostate Cancer risk calculator), mặc dù hữu ích, nhưng chỉ đạt độ chính xác ở mức trung bình [3].

Trong những năm gần đây, các thuật toán học máy – một nhánh của trí tuệ nhân tạo – đã cho thấy nhiều tiềm năng trong việc xây dựng mô hình dự báo bệnh lý, nhờ khả năng xử lý dữ liệu phức tạp và phát hiện các mẫu ẩn mà các phương pháp thống kê truyền thống khó nhận ra. Đặc biệt trong lĩnh vực ung thư, học máy có thể hỗ trợ cá thể hoá điều trị và tối ưu hoá chỉ định can thiệp. Tuy nhiên, việc triển khai các mô hình này vào thực hành lâm sàng vẫn còn nhiều thách thức, bao gồm lựa chọn mô hình phù hợp, đánh giá hiệu năng lâm sàng và đảm

bảo khả năng giải thích trong bối cảnh thực tế.

Sự ra đời của cộng hưởng từ tuyến tiền liệt (CHTTTL) đã mở ra những cơ hội mới trong sàng lọc và chẩn đoán UTTTL. Tuy nhiên, các nghiên cứu ban đầu kết hợp CHTTTL và sinh thiết thường bị giới hạn bởi cỡ mẫu nhỏ và kỹ thuật nhắm đích chưa tối ưu [4]. Để khắc phục các hạn chế này, kỹ thuật sinh thiết hợp nhất đàn hồi (Elastic Fusion Biopsy - EFB), kết hợp giữa hình ảnh cộng hưởng từ và siêu âm đã được phát triển nhằm tăng độ chính xác trong việc nhắm mục tiêu vào các tổn thương nghi ngờ [5].

Việc kết hợp dữ liệu từ CHTTTL với các yếu tố lâm sàng vào mô hình học máy đang là xu hướng cho thấy hiệu quả cải thiện đáng kể độ chính xác trong chẩn đoán UTTTL [4,6,7]. Trong bối cảnh đó, nghiên cứu này được thực hiện nhằm xây dựng mô hình học máy giúp dự báo nguy cơ UTTTL, dựa trên một tập dữ liệu lớn sinh thiết nhắm đích bằng công nghệ hợp nhất đàn hồi, được thu thập tại Viện nghiên cứu ung thư Toulouse (Institut Universitaire du Cancer de Toulouse: IUCT – Oncopole), Cộng hoà Pháp.

2. ĐỐI TƯỢNG VÀ PHƯƠNG PHÁP NGHIÊN CỨU

2.1. Đối tượng nghiên cứu

Bao gồm 1550 hồ sơ sinh thiết tuyến tiền liệt bằng kỹ thuật

EFB của những người đàn ông được giới thiệu đến do nghi ngờ UTTTL. Nghiên cứu được thực hiện tại IUCT – Oncopole (Pháp) từ tháng 1/2018 đến tháng 3/2023.

2.1.1. Tiêu chuẩn loại trừ

Những người có tiền sử chẩn đoán UTTTL trước đó.

2.2. Phương pháp nghiên cứu

2.2.1. Thiết kế nghiên cứu

Nghiên cứu đoàn hệ hồi cứu.

2.2.2. Cỡ mẫu

Chọn mẫu toàn bộ, sử dụng toàn bộ dữ liệu sẵn có.

2.2.3. Phương pháp nghiên cứu

Tập dữ liệu sau khi thu thập được chia ngẫu nhiên thành hai phần: 80% cho tập huấn luyện (1240 trường hợp) và 20% cho tập kiểm tra (310 trường hợp). Việc phân chia ngẫu nhiên có phân tầng theo kết quả giúp đảm bảo sự cân đối tỷ lệ mắc ung thư giữa hai tập dữ liệu.

Năm mô hình học máy được áp dụng để xây dựng mô hình dự báo, bao gồm hồi quy logistic (có và không sử dụng chính quy hóa LASSO), rừng ngẫu nhiên (Random Forest: RF), máy vector hỗ trợ (SVM) và gradient boosting (XGBoost). Trong đó, hồi quy logistic kết hợp kỹ thuật chính quy hóa LASSO được sử dụng nhằm lựa chọn biến đầu vào một cách tối ưu, đồng thời hạn chế quá khớp.

2.2.4. Biến số nghiên cứu

Một tập hợp ban đầu các biến có liên quan về mặt lâm sàng và khả dụng trong bộ dữ liệu đã được đánh giá, như các biến được đưa vào các mô hình bao gồm tuổi, nồng độ kháng nguyên đặc hiệu tuyến tiền liệt (PSA), tiền sử gia đình mắc ung thư tuyến tiền liệt, tiền sử sinh thiết lành tính, thể tích tuyến tiền liệt (đo qua siêu âm hoặc cộng hưởng từ), kết quả thăm trực tràng và điểm số PI-RADS (phiên bản 2.1), lấy từ

Bảng 1. Đặc điểm chung của quần thể nghiên cứu

Biến số	Ung thư (n=1048)	Không ung thư (n=502)	p	Tổng (n=1550)
Tuổi (năm)	68,6 ± 6,86	65,73 ± 6,16	<0,05 (t-test)	67,67 ± 6,77
Nồng độ PSA (ng/ml)	9,52 ± 6,25	8,31 ± 5,49	<0,05 (t-test)	9,13 ± 6,04
Thể tích tuyến tiền liệt (ml)	50,63 ± 24,57	68,85 ± 32,73	<0,05 (t-test)	56,53 ± 28,76
Điểm PIRADS tối đa	4 [4-5]	4 [3-4]	<0,05 (Wilcoxon test)	4 [4-5]

Dữ liệu liên tục được trình bày ở dạng trung bình ± SD nếu phân phối chuẩn hoặc trung vị [khoảng tứ phân vị] cho biến không chuẩn và biến thứ tự (điểm PIRADS tối đa). Phân phối biến liên tục được kiểm tra bằng kiểm định Shapiro–Wilk. So sánh giữa hai nhóm được thực hiện bằng t-test cho biến phân phối chuẩn và Wilcoxon rank-sum cho biến không chuẩn; ký hiệu p <0,05 cho khác biệt có ý nghĩa thống kê

tổn thương có điểm số cao nhất trên hình ảnh CHTTTL.

2.2.5. Xử lý và phân tích dữ liệu

Hiệu suất mô hình được đánh giá trên tập kiểm tra thông qua diện tích dưới đường cong ROC (AUC), cùng các chỉ số độ nhạy, độ đặc hiệu, giá trị tiên đoán dương/âm tính và ngưỡng tối ưu xác định theo chỉ số Youden.

Phân tích được thực hiện bằng phần mềm R (phiên bản 4.4.2), với mức ý nghĩa thống kê p <0,05.

3. KẾT QUẢ

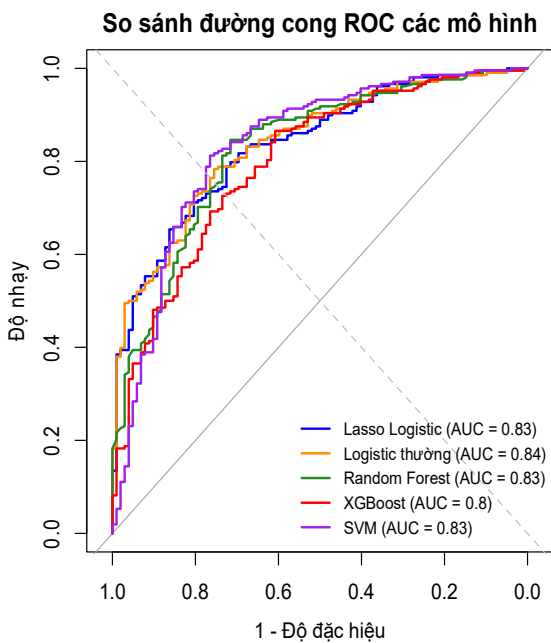
Tổng cộng 1550 bệnh nhân được đưa vào phân tích, trong đó có 1048 trường hợp ung thư tuyến tiền liệt (67,6%) và 502 trường hợp không ung thư (32,4%). So với nhóm không ung thư, nhóm ung thư có tuổi trung bình cao hơn (68,6 ± 6,86 so với 65,73 ± 6,16, p <0,05), nồng độ PSA cao hơn (9,52 ± 6,25 ng/ml so với 8,31 ± 5,49 ng/ml, p <0,05), và thể tích tuyến tiền liệt nhỏ hơn đáng kể (50,63 ± 24,57 ml so với 68,85 ± 32,73 ml, p <0,05). Điểm PIRADS tối đa cũng cho thấy sự khác biệt có ý nghĩa thống kê giữa hai nhóm (p <0,05) (Bảng 1). Dữ liệu liên tục được trình bày ở dạng trung bình ± SD nếu phân phối chuẩn hoặc trung vị [khoảng tứ phân vị] cho biến không chuẩn và biến thứ tự (điểm PIRADS tối đa). Phân phối biến liên tục được kiểm tra bằng kiểm định Shapiro–Wilk. So sánh giữa hai nhóm được thực hiện bằng t-test cho biến phân phối chuẩn và Wilcoxon rank-sum cho biến không chuẩn; ký hiệu p <0,05 cho khác biệt có ý nghĩa thống kê.

Trên tập kiểm tra, mô hình SVM đạt hiệu suất tổng thể tốt nhất với AUC = 0,83 (KTC 95%: 0,78–0,88), độ chính xác 80%, chỉ số Kappa 0,55, độ nhạy 83% và độ đặc hiệu 74%. Các mô hình khác như Random Forest, Lasso và hồi quy logistic cũng đạt AUC từ 0,80–0,84 với các chỉ số hiệu năng tương đối cân bằng (Hình 1 và Bảng 2).

Bảng 2. Hiệu suất của các mô hình học máy trên tập kiểm tra

Mô hình	AUC (95% CI)	Cutoff	Độ chính xác	Độ nhạy	Độ đặc hiệu	FN	FP	TN	TP	PPV	NPV	Kappa
Hồi quy Logistic	0,84 (0,79-0,88)	0,76	0,72	0,67	0,81	68	19	83	140	0,55	0,88	0,43
Lasso Logistic	0,83 (0,79-0,88)	0,67	0,77	0,78	0,76	45	25	77	163	0,63	0,86	0,51
Random Forest	0,83 (0,78-0,87)	0,54	0,79	0,87	0,65	28	36	66	180	0,83	0,7	0,52
XGBoost	0,8 (0,77-0,87)	0,46	0,78	0,87	0,61	28	40	62	180	0,82	0,69	0,49
SVM	0,83 (0,78-0,88)	0,71	0,8	0,83	0,74	36	27	75	172	0,86	0,68	0,55

Cutoff - ngưỡng phân loại tối ưu (theo chỉ số Youden), FN - âm tính giả, FP - dương tính giả, TN - âm tính thực sự, TP - dương tính thực sự, PPV - giá trị dự đoán dương tính, NPV - giá trị dự đoán âm tính



Hình 1. Đường cong ROC và diện tích dưới đường cong (AUC) của các mô hình học máy trên tập kiểm tra

Bảng 3. Phân bố mức độ ung thư trong nhóm bệnh nhân âm tính giả của các mô hình học máy trên tập kiểm tra

Mô hình	Ung thư không có ý nghĩa lâm sàng (ISUP <2)	Ung thư có ý nghĩa lâm sàng (ISUP ≥2)	Tổng
Hồi quy Logistic	30 (44,1%)	38 (55,9%)	68
Lasso Logistic	22 (48,9%)	23 (51,1%)	45
Random Forest	15 (53,6%)	13 (46,4%)	28
XGBoost	15 (53,6%)	13 (46,4%)	28
SVM	18 (50%)	18 (50%)	36

ISUP - International Society of Urological Pathology

Khi phân tích các trường hợp âm tính giả, tỷ lệ ung thư có ý nghĩa lâm sàng (ISUP ≥ 2) trong nhóm này dao động từ

46,4% đến 55,9%, cao nhất là ở mô hình hồi quy logistic và thấp nhất là ở Random Forest và XGBoost. Điều này nhấn mạnh rằng dù mô hình có độ chính xác cao, vẫn tồn tại nguy cơ bỏ sót ung thư quan trọng trên lâm sàng (Bảng 3).

4. BÀN LUẬN

Nhóm bệnh nhân trong nghiên cứu được chẩn đoán UTTL có tuổi trung bình cao hơn, nồng độ PSA cao hơn, thể tích tuyến tiền liệt nhỏ hơn đồng thời có điểm số PIRADS cao hơn so với nhóm không ung thư (Bảng 1). Kết quả này phù hợp với các nghiên cứu trước đây, cho thấy ung thư tuyến tiền liệt thường xảy ra ở người lớn tuổi, PSA cao và thể tích tuyến nhỏ [8]. Kết quả cũng cho thấy giá trị tiên đoán của CHTTL trong phân tầng nguy cơ ung thư.

Nghiên cứu của chúng tôi cho thấy cả năm mô hình học máy được triển khai đều đạt hiệu suất phân loại tốt trên tập kiểm tra, với diện tích dưới đường cong ROC (AUC) dao động từ 0,80 đến 0,84. Trong đó, mô hình hồi quy logistic đạt AUC cao nhất (0,84), tiếp theo là hồi quy logistic sử dụng chính quy hóa LASSO, RF và SVM với cùng AUC 0,83, và cuối cùng là XGBoost với AUC 0,80 (Hình 1, Bảng 2). Những kết quả này cho thấy khả năng phân biệt rõ ràng giữa các trường hợp có và không có UTTL. Hiệu suất này cao hơn rõ rệt so với các công cụ dự đoán truyền thống. Cụ thể, công cụ PCPT-RC đạt AUC khoảng 0,64 và ERSPC-RC đạt 0,71 [3]. Theo tổng quan của Aladwani M (2020), hầu hết các mô hình dự đoán UTTL trước đây chỉ đạt AUC 0,65–0,75 [9]. Điều này phản ánh những hạn chế của các mô hình dựa thuần túy trên thông tin lâm sàng, không tích hợp các công nghệ hình ảnh hiện đại.

Việc kết hợp giữa dữ liệu lâm sàng và chỉ số hình ảnh từ cộng hưởng từ tuyến tiền liệt (PI-RADS) đã góp phần cải thiện đáng kể hiệu suất dự đoán. Các nghiên cứu trước đây cũng ghi nhận AUC dao động từ 0,80 đến 0,93 khi tích hợp hình ảnh cộng hưởng từ vào mô hình, tùy thuộc vào thiết kế mô hình và đặc điểm dân số nghiên cứu [6,7]. Nghiên cứu của chúng tôi cho thấy kết quả ban đầu thấp hơn nhẹ hoặc tương đương với các tác giả.

Tuy nhiên, hiệu suất tổng thể không phản ánh đầy đủ ý nghĩa lâm sàng. Do đó, cần phân tích sâu hơn về các chỉ số quan trọng như độ nhạy, số lượng âm tính giả (FN) và đặc biệt là mức độ ác tính của các trường hợp bị bỏ sót ($ISUP \geq 2$) – điều có ảnh hưởng trực tiếp đến quyết định điều trị và tiên lượng. Trong nghiên cứu của chúng tôi, hồi quy logistic cổ điển bỏ sót nhiều nhất các trường hợp ung thư (68 trường hợp), trong đó có 38 trường hợp (56%) là ung thư có ý nghĩa lâm sàng ($ISUP \geq 2$) (Bảng 3). Dù AUC cao, mô hình này có tỷ lệ bỏ sót ung thư nặng cao nhất, khiến nó kém an toàn trong thực hành lâm sàng.

Trong nghiên cứu này, các mô hình học máy cho AUC tương đương nhau do khoảng tin cậy có sự chồng lấp, cho thấy sự khác biệt không thật sự rõ rệt. Việc đánh giá mô hình dự báo vì thế không chỉ dựa trên AUC, mà cần xem xét thêm các chỉ số khác. Trong các mô hình, SVM có hiệu suất tổng thể rất tốt với AUC 0,83, độ chính xác cao nhất (0,80) và chỉ số Kappa tốt nhất (0,55) (Bảng 3). Tỷ lệ âm tính giả phân bố đều giữa $ISUP < 2$ và ≥ 2 (50/50), cho thấy đây là mô hình cân bằng tốt giữa phát hiện bệnh và hạn chế dương tính giả. Tuy nhiên, đây là mô hình khó giải thích về mặt cơ chế ra quyết định. Điều này có thể là rào cản khi triển khai tại các cơ sở y tế cần sự minh bạch.

Trong khi đó, hồi quy Logistic sử dụng chính quy hóa LASSO là mô hình đơn giản hơn, ít dự đoán quá mức, với số âm tính giả là 45, tỷ lệ $ISUP \geq 2$ trong nhóm này là 51,1%. Đây là lựa chọn hợp lý khi cần mô hình gọn nhẹ, trực quan, dễ diễn giải, có thể triển khai sớm tại các cơ sở lâm sàng.

RF và XGBoost có số âm tính giả thấp nhất (28 trường hợp), đồng thời tỷ lệ ung thư có ý nghĩa trong số âm tính giả cũng thấp hơn (46,4%) (Bảng 3), cho thấy hai mô hình này có khả năng giảm thiểu bỏ sót bệnh nhân nguy cơ cao, phù hợp với mục tiêu sàng lọc. Tuy phức tạp, nhưng hai mô hình nhận diện được các mối quan hệ phi tuyến tính giữa các yếu tố đầu vào – điều mà hồi quy tuyến tính không thể làm được.

Do đó, trong các cơ sở có hạ tầng kỹ thuật tốt hoặc ứng dụng trí tuệ nhân tạo, RF/XGBoost là lựa chọn phù hợp để giảm thiểu bỏ sót ung thư có ý nghĩa ($ISUP \geq 2$). Ngược lại, tại các tuyến y tế ban đầu, mô hình đơn giản như hồi quy logistic có thể là giải pháp khả thi hơn.

Các nghiên cứu khác nhau báo cáo các mô hình học máy khác nhau là tối ưu trong quần thể riêng của họ. Esteban LM (2025) ưu tiên mô hình SVM dự báo nguy cơ UTTTL có ý nghĩa lâm sàng trên dữ liệu tích hợp hình ảnh; trong khi Li D (2025) lại nhấn mạnh XGBoost với khả năng giải thích và hiệu quả cao ở nhóm PSA < 20 ng/ml. Tuy nhiên, cho đến nay, vẫn chưa có sự đồng thuận về mô hình nào thực sự vượt trội. Nguyên nhân chủ yếu là do đa số nghiên cứu hiện tại mang tính hồi cứu, đơn trung tâm và các mô hình hiếm khi được xác thực bên ngoài quốc gia nơi chúng được phát triển [6,7,10].

Nghiên cứu của chúng tôi có một số điểm mạnh đáng chú ý. Dữ liệu có quy mô lớn (1550 trường hợp) giúp tăng độ tin cậy thống kê. Việc sử dụng công nghệ sinh thiết hợp nhất đàn hồi tiên tiến và tích hợp điểm PI-RADS từ cộng hưởng từ đã góp phần tăng độ chính xác của mô hình trong việc phát hiện các tổn thương nguy cơ cao. Mô hình cho thấy hiệu suất phân loại tốt, và có tiềm năng giúp giảm tỷ lệ sinh thiết âm tính không cần thiết trong cộng đồng.

Tuy nhiên, nghiên cứu vẫn tồn tại một số hạn chế. Mô hình hiện mới chỉ được đánh giá nội bộ tại IUCT-Oncopole và chưa có xác thực bên ngoài trên các quần thể khác. Ngoài ra, mô hình mới dừng lại ở dự đoán UTTTL nói chung, chưa phân biệt được mức độ ác tính (phân tầng theo $ISUP \geq 2$). Bên cạnh đó, các chỉ điểm sinh học mới như phiPSA hay các dấu ấn sinh học khác chưa được tích hợp vào mô hình. Những kết quả này gợi mở khả năng ứng dụng mô hình vào hỗ trợ quyết định lâm sàng cá thể hóa, đặc biệt trong lựa chọn chỉ định sinh thiết. Tuy nhiên, việc mở rộng xác thực bên ngoài và đánh giá khả năng phân tầng mức độ ác tính sẽ là bước cần thiết để tiến tới triển khai thực tế.

Trong tương lai, các mô hình học máy này có thể được tích hợp vào nền tảng trí tuệ nhân tạo (AI) trong bệnh viện, hoặc phát triển thành phần mềm hỗ trợ ra quyết định lâm sàng, giúp bác sĩ sàng lọc nguy cơ ung thư tuyến tiền liệt một cách cá thể hóa, nhanh chóng và hiệu quả hơn.

5. KẾT LUẬN

Các mô hình học máy được phát triển trong nghiên cứu cho thấy khả năng phân loại nguy cơ ung thư tuyến tiền liệt mạnh mẽ, với AUC dao động từ 0,80 đến 0,84. Việc tích hợp đồng thời các biến lâm sàng và dữ liệu CHTTTL vào mô hình dự báo có thể giúp tối ưu hóa chỉ định sinh thiết, từ đó hạn chế thủ thuật xâm lấn không cần thiết và hỗ trợ ra quyết định điều trị chính xác hơn. Trong khi SVM và RF có thể là lựa chọn tối ưu để giảm âm tính giả, mô hình hồi quy logistic sử dụng chính quy hoá LASSO lại phù hợp hơn trong bối cảnh yêu cầu mô hình đơn giản, dễ ứng dụng sớm tại các cơ sở y tế tuyến đầu. Việc lựa chọn mô hình cần dựa trên bối cảnh sử dụng cụ thể, nhằm cân bằng giữa độ chính xác, mức độ dễ triển khai và khả năng giải thích của mô hình. Trong tương lai, cần tiến hành xác thực bên ngoài trên các quần thể độc lập và đánh giá khả năng tích hợp mô hình vào nền tảng hỗ trợ quyết định lâm sàng hoặc ứng dụng trí tuệ nhân tạo, nhằm tối ưu hóa hiệu quả sàng lọc và điều trị cá thể hóa cho bệnh nhân UTTTL.

Lời cảm ơn

Tác giả xin chân thành cảm ơn các đồng nghiệp tại IUCT Oncopole và dự án DIANA (Dân chủ hóa trí tuệ nhân tạo trong lĩnh vực y tế) đã hỗ trợ và tạo điều kiện để thực hiện nghiên cứu này.

Nguồn tài trợ

Nghiên cứu không nhận tài trợ.

Xung đột lợi ích

Không có xung đột lợi ích tiềm ẩn nào liên quan đến bài viết này được báo cáo.

ORCID

Trần Trung Thành

<https://orcid.org/0000-0001-6685-1658>

Hoàng Long

<https://orcid.org/0000-0002-1714-8074>

Trần Quốc Hòa

<https://orcid.org/0009-0006-6343-7359>

Trần Văn Anh

<https://orcid.org/0000-0003-1153-3892>

Taguelmimt Kamilia

<https://orcid.org/0009-0002-6217-4295>

Filleron Thomas

<https://orcid.org/0000-0003-0724-0659>

Bert Julien

<https://orcid.org/0000-0002-2756-942X>

Malavaud Bernard

<https://orcid.org/0000-0003-2793-9459>

Đóng góp của các tác giả

Ý tưởng nghiên cứu: Trần Trung Thành, Filleron Thomas, Bert Julien, Malavaud Bernard

Đề cương và phương pháp nghiên cứu: Trần Trung Thành, Bert Julien, Malavaud Bernard

Thu thập dữ liệu: Trần Trung Thành

Giám sát nghiên cứu: Filleron Thomas, Bert Julien, Malavaud Bernard

Nhập dữ liệu: Trần Trung Thành

Quản lý dữ liệu: Trần Trung Thành

Phân tích dữ liệu: Trần Trung Thành, Taguelmimt Kamilia

Viết bản thảo đầu tiên: Trần Trung Thành, Hoàng Long, Trần Quốc Hòa, Trần Văn Anh

Góp ý bản thảo và đồng ý cho đăng bài: Trần Trung Thành, Hoàng Long, Trần Quốc Hòa, Trần Văn Anh, Malavaud Bernard

Cung cấp dữ liệu và thông tin nghiên cứu

Tác giả liên hệ sẽ cung cấp dữ liệu nếu có yêu cầu từ Ban biên tập.

Chấp thuận của Hội đồng Đạo đức

Nghiên cứu này tuân thủ theo phương pháp tham chiếu MR-004 và đã được đăng ký trong danh mục công khai của Health Data Hub với mã số 25507558. Các phương pháp nghiên cứu đã được thực hiện phù hợp với các hướng dẫn và quy định liên quan, và được Ủy ban Quốc gia Pháp về Tin học và Tự do (CNIL) cùng với Ủy ban Đạo đức và Xét duyệt Dự án của Oncopole Claudius Regaud – IUCT-Oncopole phê duyệt (số đăng ký: 22RTGENH13).

TÀI LIỆU THAM KHẢO

1. James ND, Tannock I, N'Dow J, et al. The Lancet Commission on prostate cancer: planning for the surge in cases. *The Lancet*. 2024;403(10437):1683-1722.
2. Sung H, Ferlay J, Siegel RL, et al. Global cancer statistics 2020: GLOBOCAN estimates of incidence and mortality worldwide for 36 cancers in 185 countries. *CA: A Cancer Journal for Clinicians*. 2021;71(3):209-249.
3. Foley RW, Maweni RM, Gorman L, et al. European Randomised Study of Screening for Prostate Cancer (ERSPC) risk calculators significantly outperform the Prostate Cancer Prevention Trial (PCPT) 2.0 in the prediction of prostate cancer: a multi - institutional study. *BJU International*. 2016;118(5):706-713.
4. Cuocolo R, Cipullo MB, Stanzione A, et al. Machine learning for the identification of clinically significant prostate cancer on MRI: a meta-analysis. *European Radiology*. 2020;30:6877-6887.
5. Radtke JP, Schwab C, Wolf MB, et al. Multiparametric magnetic resonance imaging (MRI) and MRI–transrectal ultrasound fusion biopsy for index tumor detection: correlation with radical prostatectomy specimen. *European Urology*. 2016;70(5):846-853.
6. Li D, Chang B, Huang Q. Using XGBoost, an interpretable machine learning model, for diagnosing prostate cancer in patients with PSA< 20 ng/ml based on the PSAMR indicator. *Sci Rep*. 2025;15(1):1532.
7. Esteban LM, Borque-Fernando Á, Escorihuela ME, et al. Integrating radiological and clinical data for clinically significant prostate cancer detection with machine learning techniques. *Sci Rep*. 2025;15(1):4261.
8. Van Poppel H, Roobol MJ, Chapple CR, et al. Prostate-specific antigen testing as part of a risk-adapted early detection strategy for prostate cancer: European Association of Urology position and recommendations for 2021. *European Urology*. 2021;80(6):703-711.
9. Aladwani M, Lophatananon A, Ollier W, Muir K. Prediction models for prostate cancer to be used in the primary care setting: a systematic review. *BMJ Open*. 2020;10(7):e034661.
10. Cuong NC, Vien NT, Thien NM, Hai PT, Dang TN. Hospital-based prostate cancer screening in vietnamese men with lower urinary tract symptoms: a classification and regression tree model. *BMC Urology*. 2022;22(1):166.