Tạp chí Khoa học Đại học Cần Thơ
Phần B: Nông nghiệp, Thủy sản và Công nghệ Sinh học
ISSN 1859-2333 | e-ISSN 2815-5599

DOI:10.22144/ctujos.2026.231

NGHIÊN CỨU HỒI CỨU VỀ ỨNG DỤNG MÔ HÌNH HỌC MÁY (MACHINE LEARNING) TRONG DỰ ĐOÁN BỆNH GIẢM BẠCH CẦU (*Feline panleukopenia virus*) Ở MÈO DỰA TRÊN DỮ LIỆU SINH LÝ VÀ SINH HÓA MÁU

Đặng Hoàng Đạo[1,*], Trần Đình Chánh[1], Hoàng Nguyễn Minh Tâm[1] và Trần Thanh Bình[2]
[1]Khoa Thú y, Trường Đại học Công nghệ Thành phố Hồ Chí Minh, Việt Nam
[2]Khoa y, Trường Đại học Y Dược Thành phố Hồ Chí Minh, Việt Nam
**Tác giả liên hệ (Corresponding author): dh.dao@hutech.edu.vn*

Thông tin chung (Article Information)

Nhận bài (Received): 15/01/2026
Sửa bài (Revised): 08/03/2026
Duyệt đăng (Accepted): 23/08/2026

Title: *A retrospective study on the application of machine learning models for prediction of Feline panleukopenia virus (FPV) infection in cats using hematological and blood biochemistry databases*

Author(s): *Dang Hoang Dao[1,*], Tran Dinh Chanh[1], Hoang Nguyen Minh Tam[1] and Tran Thanh Binh[1]*

Affiliation(s): *[1]Faculty of Veterinary Medicine, HUTECH University, Viet Nam; [2]Faculty of Medicine, Ho Chi Minh City Medicine and Pharmacy University, Viet Nam*

TÓM TẮT

Nghiên cứu này được tiến hành nhằm đánh giá khả năng ứng dụng các mô hình học máy trong hỗ trợ chẩn đoán nhiễm Feline panleukopenia virus (FPV) ở mèo dựa trên dữ liệu huyết học và sinh hóa máu thường quy. Nghiên cứu hồi cứu được thực hiện trên 60 cá thể mèo, gồm 30 mèo khỏe mạnh và 30 mèo nhiễm FPV, được thu thập tại các phòng khám thú y ở Thành phố Hồ Chí Minh. Dữ liệu được tiền xử lý, chuẩn hóa và phân tích bằng bảy thuật toán học máy, bao gồm Logistic Regression, K-Nearest Neighbors, Decision Tree, Random Forest, Gradient Boosting, Support Vector Machine và Naïve Bayes, kết hợp với phương pháp kiểm định chéo k-fold. Kết quả cho thấy Logistic Regression, Decision Tree, Random Forest, Gradient Boosting và SVM đạt độ chính xác 92%, trong đó Random Forest cho hiệu năng tối ưu (AUC = 1.00). Kết quả của phân tích tầm quan trọng của biến và PCA xác định bạch cầu đơn nhân (Mon#), bạch cầu tổng số (WB) và đường huyết (GLU) là các chỉ dấu dự báo chính, đồng thời chứng minh khả năng phân tách rõ ràng giữa mèo khỏe và mèo viêm ruột truyền nhiễm (FPV), khẳng định tiềm năng ứng dụng học máy trong thực hành lâm sàng thú y.

Từ khóa: *Chẩn đoán thú y, chỉ dấu sinh học, mô hình học máy, thông số huyết học sinh hóa, virus giảm bạch cầu mèo (FPV)*

ABSTRACT

This study evaluated the applicability of machine learning models for supporting the diagnosis of Feline panleukopenia virus (FPV) infection in cats based on routine haematological and blood biochemical data. A retrospective study was conducted on 60 cats, including 30 healthy cats and 30 FPV-infected cats, collected from veterinary clinics in Ho Chi Minh City. The data were preprocessed, standardized, and analyzed using seven machine learning algorithms, including Logistic Regression, KNN, Decision Tree, Random Forest, Gradient Boosting, Support Vector Machine, and Naïve Bayes, combined with k-fold cross-validation. The results showed that Logistic Regression, Decision Tree, Random Forest, Gradient Boosting, and SVM achieved an accuracy of 92%, with Random Forest demonstrating optimal performance (AUC = 1.00). Feature importance analysis and PCA identified Mon#, WBC, and GLU as the main predictive biomarkers, while also demonstrating a clear separation between healthy and FPV-infected cats, confirming the potential application of machine learning in veterinary clinical practice.

Keywords: *Biomarkers, feline panleukopenia virus (FPV), hematological and biochemical parameters, machine learning models, veterinary diagnosis*

1. GIỚI THIỆU

Feline panleukopenia virus (FPV) là bệnh viêm ruột truyền nhiễm ở mèo, là một trong những bệnh nguy hiểm ở mèo và có thể gây tử vong cao cho mèo, đặc biệt là mèo con. Sự lây nhiễm xảy ra qua tiếp xúc trực tiếp với thức ăn bị nhiễm mầm bệnh từ phân của mèo bệnh, qua vật trung gian truyền bệnh và theo đường truyền dọc từ mẹ sang con (Pandey, 2022). Trong thực hành, chẩn đoán FPV thường dựa trên bệnh sử – triệu chứng bao gồm sốt, nôn, tiêu chảy, chán ăn, mất nước, kit xét nghiệm kháng nguyên nhanh tại phòng khám; tuy nhiên, độ nhạy của kit xét nghiệm nhanh biến thiên và có thể âm tính giả ở giai đoạn rất sớm hoặc muộn của bệnh (Pandey, 2022; Irgashev & Musayev, 2023). Bên cạnh đó, việc kết hợp xét nghiệm huyết học và sinh hóa cho thấy giảm bạch cầu lympho, bạch cầu trung tính, tiểu cầu, thiếu máu, đồng thời giảm Total Protein (TP), Aspartate Aminotransferase (AST), Alanine Aminotransferase (ALT) và Total Bilirubin (TB), creatinine và urê tăng đáng kể được xác định có ý nghĩa trong chẩn đoán bệnh (Gülersoy et al., 2023; Dishow et al., 2024).

Ở giai đoạn sớm của bệnh FPV, biểu hiện lâm sàng của bệnh có thể không điển hình; đồng thời, xét nghiệm kháng nguyên nhanh tiềm ẩn nguy cơ âm tính giả, khiến việc chẩn đoán sớm trở nên hạn chế nếu chỉ dựa vào các công cụ truyền thống. Trong những năm gần đây, việc ứng dụng mô hình học máy (Machine Learning, ML) như một công cụ hỗ trợ chẩn đoán đã nổi lên đầy tiềm năng trong y học thú y, cho phép phân tích khối lượng lớn dữ liệu lâm sàng để phát hiện các mẫu hình đặc trưng của bệnh (Banzato et al., 2018; Bradley et al., 2019). Có thể kể đến các thuật toán như Random Forest, Support Vector Machine (SVM) và Gradient Boosting đã được chứng minh không chỉ có hiệu quả khi phân loại mèo khỏe mạnh và mèo mắc CKD mà còn dự đoán tiến triển bệnh, xác định các chỉ số sinh học quan trọng, hỗ trợ chẩn đoán sớm và tiên lượng bệnh (Bradley et al., 2019; Biourge et al., 2020; Vanden Broecke et al., 2025). Tuy vậy, hạn chế về bộ dữ liệu lớn và tính biến thiên sinh học giữa các cá thể vẫn là thách thức (Beam & Kohane, 2018; Esteva et al., 2019).

Do đó, nghiên cứu hồi cứu này được thực hiện nhằm xây dựng và đánh giá các mô hình ML chẩn đoán FPV để diễn giải dữ liệu huyết học và huyết thanh học hỗ trợ các bác sĩ lâm sàng trong chẩn đoán FPV, cho phép khai thác đồng thời nhiều chỉ số để nhận diện bệnh, hướng tới hỗ trợ quyết định lâm sàng nhanh, khách quan và có căn cứ.

2. PHƯƠNG PHÁP NGHIÊN CỨU

2.1. Thời gian, địa điểm, đối tượng và tiêu chuẩn chọn mẫu

Thời gian: Nghiên cứu được tiến hành từ tháng 2 đến tháng 8 năm 2025.

Địa điểm nghiên cứu: Mẫu được lấy và dữ liệu sinh lý, sinh hóa máu mèo được thu thập tại các phòng khám thú y khu vực Thành phố Hồ Chí Minh.

Nghiên cứu hồi cứu theo hướng mô tả – phân tích được thực hiện nhằm triển khai các mô hình học máy (Machine Learning) cho mục tiêu dự đoán mèo nhiễm FPV và nhận diện sự thay đổi của các chỉ tiêu huyết học, sinh hóa máu có giá trị đặc trưng đối với thú nhiễm bệnh.

Dữ liệu được trích xuất có hệ thống từ hồ sơ xét nghiệm sinh lý máu (Mindray BC-2800Vet, Mindray Bio-Medical Electronics Co., Ltd., Shenzhen, China); sinh hóa máu (Mindray BS-120, Mindray Bio-Medical Electronics Co., Ltd., Shenzhen, China) của mèo khỏe mạnh và mèo nhiễm bệnh FPV, trong đó tình trạng nhiễm bệnh đã được xác nhận bằng thăm khám lâm sàng và cận lâm sàng (bằng quick test Ag) tại các phòng khám Thú y trên địa bàn Thành phố Hồ Chí Minh.

Kích cỡ mẫu: Kích thước mẫu được xác định dựa trên tính toán công suất thống kê với $\alpha = 0,05$, công suất (power) = 0,8 và kích thước hiệu ứng ước tính = 0,8, đủ để phát hiện được những khác biệt có ý nghĩa thống kê giữa 2 nhóm độc lập (Hình 1), bên dưới bao gồm 42 mẫu (21 mẫu cho nhóm mèo khỏe và 21 mẫu nhóm mèo bệnh). Tuy nhiên, trong nghiên cứu này, kích cỡ mẫu được tăng lên 60 mẫu cho cả 2 nhóm, mỗi nhóm 30 mẫu.

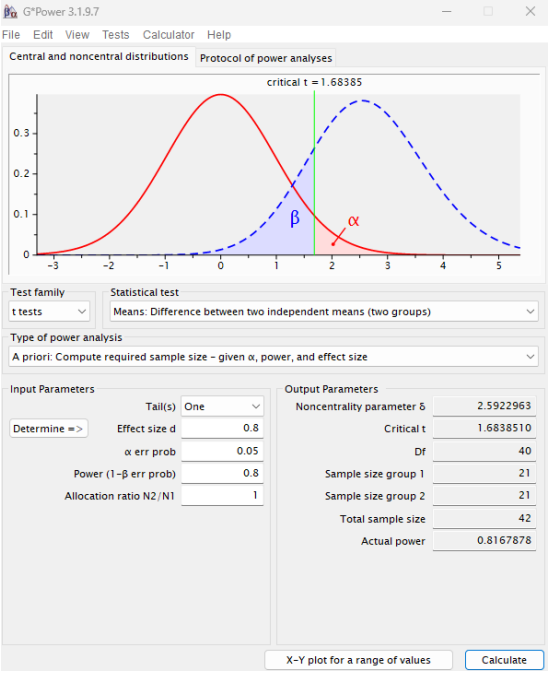
Đối tượng nghiên cứu: Tất cả cá thể mèo có độ tuổi dưới 6 tháng tuổi, từ 6 tháng tuổi đến 2 năm tuổi và trên 2 năm tuổi; về giới tính cả đực và cái; phương thức nuôi bao gồm nuôi nhốt và nuôi thả; giống mèo ghi nhận cả nội và ngoại đến khám và kiểm tra sức khỏe tại các phòng khám.

Trong nghiên cứu này, mèo được phân loại thành hai nhóm gồm nhóm mèo khỏe mạnh và nhóm mèo nhiễm FPV dựa trên đánh giá lâm sàng kết hợp với test nhanh.

Điều kiện chọn mẫu:

Nhóm mèo khỏe mạnh bao gồm các cá thể không biểu hiện dấu hiệu lâm sàng của bệnh truyền nhiễm, đặc biệt là các triệu chứng đường tiêu hóa như nôn mửa, tiêu chảy hoặc suy nhược. Đồng thời, các chỉ tiêu huyết học và sinh hóa máu nằm trong khoảng giá trị tham chiếu sinh lý của mèo. Mẫu phân của

các cá thể này phải âm tính với test nhanh kháng nguyên FPV, được thực hiện bằng bộ kit thương mại Anigen Rapid FPV Ag Test Kit do BioNote (Hàn Quốc) sản xuất. Bộ test này dựa trên nguyên lý miễn dịch sắc ký dòng chảy ngang để phát hiện kháng nguyên capsid của virus trong mẫu phân, với độ nhạy chẩn đoán khoảng 90 – 98% và độ đặc hiệu khoảng 95 – 99% (Greene, 2022; Truyen et al., 2009).



Hình 1. Kết quả tính kích cỡ mẫu

Nhóm mèo nhiễm FPV bao gồm các cá thể được bác sĩ thú y chẩn đoán mắc bệnh giảm bạch cầu ở mèo dựa trên các triệu chứng lâm sàng điển hình, bao gồm sốt, nôn mửa, tiêu chảy, mất nước, suy nhược và giảm bạch cầu. Những dấu hiệu này được xem là đặc trưng của nhiễm FPV và thường được sử dụng trong chẩn đoán lâm sàng ban đầu (Truyen et al., 2009; Greene, 2022). Chẩn đoán được xác nhận bổ sung bằng kết quả dương tính với test nhanh kháng nguyên FPV từ mẫu phân.

Tiêu chuẩn loại trừ: Trường hợp thiếu >30% biến số, mèo có bệnh hệ thống đồng thời như nhiễm trùng nặng, bệnh gan mãn tính hoặc bệnh chuyển hóa.

2.2. Biến số nghiên cứu

Bộ dữ liệu bao gồm các chỉ tiêu huyết học: Hemoglobin (HGB), số lượng hồng cầu (Red Blood Cell count - RBC), Hematocrit (HCT), số lượng bạch cầu (White Blood Cell count - WBC), bạch cầu trung tính (Neutrophil count - Neu#), bạch cầu ưa acid (Eosinophil count - Eos#), bạch cầu Lympho (Lymphocyte count - Lym#), bạch cầu đơn nhân (Monocyte count - Mon#), tiểu cầu (Platele count - PLT) và các chỉ tiêu sinh hóa như: Alanine Aminotransferase (ALT), Aspartate Aminotransferase (AST), ure máu (Blood Urea Nitrogen - BUN), Creatinine (Crea), protein toàn phần (Total Protein - TP), Albumin (ALB), Glucose (GLU). Biến gắn nhãn (Label) được xác định theo chẩn đoán lâm sàng kết hợp cận lâm sàng bằng test nhanh Ag: 0 = mèo khỏe mạnh, 1 = mèo nhiễm FPV.

2.3. Tiền xử lý và làm sạch dữ liệu

Dữ liệu được xử lý theo quy trình chuẩn bao gồm: chuẩn hóa tên biến bằng cách loại bỏ khoảng trắng, ký tự đặc biệt và chú thích; rà soát giá trị khuyết và xử lý theo quy tắc là tỷ lệ < 5% được thay bằng trung vị, trong khi mẫu có tỷ lệ thiếu > 30% bị loại bỏ khỏi phân tích; mã hóa nhãn theo định dạng nhị phân (0 = khỏe, 1 = bệnh); chuẩn hóa các biến vào bằng StandardScaler để đưa về thang đo z-score, tạo điều kiện tối ưu cho các mô hình nhạy với khoảng cách (Géron, 2022).

2.4. Chia tập dữ liệu

Bộ dữ liệu bao gồm 60 mẫu (30 mèo khỏe mạnh và 30 mèo nhiễm FPV), được phân chia thành tập huấn luyện chiếm 80% (48 mẫu) và tập kiểm tra chiếm 20% (12 mẫu) bằng phương pháp chia dữ liệu thành tập huấn luyện và tập kiểm tra, đồng thời duy trì tỷ lệ phân bố lớp ban đầu (Han et al., 2022). Quá trình phân chia giá trị tham số cố định giá trị ngẫu nhiên = 48 nhằm đảm bảo khả năng tái lập kết quả. Trên tập dữ liệu huấn luyện, phương pháp kiểm định chéo k-fold với k = 5 được áp dụng để hạn chế hiện tượng quá khớp của mô hình (overfitting) và đánh giá tính ổn định của mô hình.

2.5. Xử lý số liệu

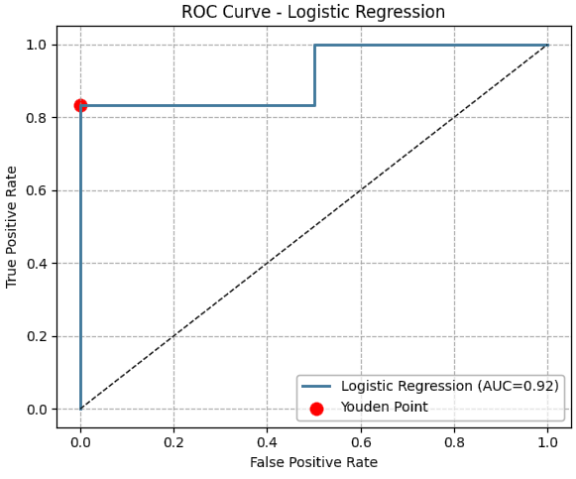
Phần mềm Microsoft Excel được sử dụng để quản lý dữ liệu, đồng thời phân tích dữ liệu bằng phần mềm Python. Quá trình huấn luyện mô hình học máy sử dụng nhiều thuật toán bao gồm: Logistic Regression (phân loại tuyến tính), K-Nearest Neighbors - KNN (dựa trên khoảng cách), Decision Tree và Random Forest (dựa trên cây quyết định), Gradient Boosting, Support Vector Machine (SVM) và Naïve Bayes. T-test được dùng để so sánh các chỉ tiêu sinh lý sinh hóa của 2 nhóm biến độc lập (nhóm mèo khỏe và mèo bệnh).

3. KẾT QUẢ VÀ THẢO LUẬN

Qua Bảng 1, mô hình Logistic Regression cho thấy hiệu năng nổi bật trên tập kiểm tra với độ chính xác tổng thể cao đạt 92%, đồng thời duy trì độ chính xác dự đoán (precision) và độ bao phủ hay độ nhớ (recall) ở mức cân bằng giữa hai lớp (mèo khỏe và mèo nhiễm FPV). Cụ thể, mô hình nhận diện 100% trường hợp mèo khỏe (recall = 1,00) và 83% trường hợp mèo bệnh (recall = 0,83), do đó F1-score trung bình macro là 0,92. Điểm nổi bật từ kết quả này là Logistic Regression, cho thấy một mô hình tuyến tính tương đối đơn giản vẫn có khả năng phân loại hiệu quả dựa trên các chỉ số huyết học – sinh hóa, gợi ý mối liên hệ tuyến tính rõ rệt giữa các đặc trưng xét nghiệm và tình trạng nhiễm FPV trên mèo. Phát hiện này phù hợp với các báo cáo trước đây về ứng dụng mô hình học máy trong chẩn đoán bệnh ở mèo, chẳng hạn như Bradley et al. (2019), dự đoán sớm viêm thận mãn tính từ dữ liệu xét nghiệm máu với độ chính xác (khoảng 90 - 95%), mặc dù bối cảnh bệnh học là viêm thận mãn tính thay vì FPV cũng cho thấy độ chính xác và độ bao phủ là tương tự nhau. Tuy nhiên, trong ngữ cảnh FPV, mô hình của chúng tôi nhấn mạnh vai trò trung tâm của bệnh giảm bạch cầu như một dấu ấn phân loại, phù hợp với mô tả huyết học điển hình ở mèo nhiễm FPV - giảm bạch cầu nghiêm trọng (neutropenia và lymphopenia) nổi bật (Soni & Ganguly, 2022).

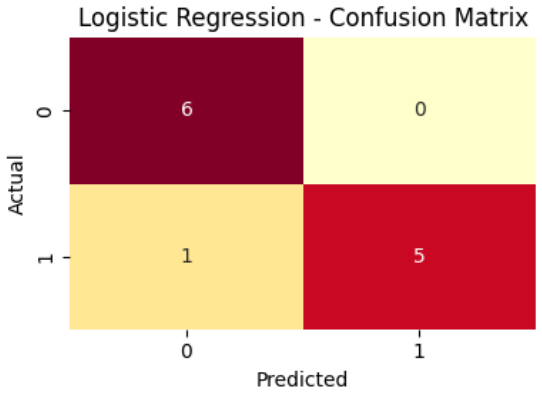
Bảng 1. Kết quả đánh giá mô hình Logistic Regression trên tập kiểm tra

Đặc tính	Độ chính xác (Precision)	Độ nhớ (Recall)	Điểm F1 (F1-Score)	Tập kiểm tra (mẫu)
Mèo khỏe	0,86	1,00	0,92	6,0
Mèo bệnh	1,00	0,83	0.91	6,0
Độ chính xác tổng thể (Accuracy)			0,92	12,0
Trung bình Macro (Macro Avg)	0,93	0,92	0,92	12,0
Trung bình trọng số (Weighted Avg)	0,93	0,92	0,92	12,0



Hình 2. Biểu đồ ROC Curve của mô hình Logistic Regression (ngưỡng tối ưu (Youden) = 0,85; J = 0,83; Se = 0,83; Spe = 1,0)

Biểu đồ Hình 2 cho thấy đường cong ROC có AUC cao (khoảng 0,95 ước tính dựa trên ngưỡng Youden), phản ánh khả năng phân biệt tốt giữa mèo khỏe và mèo mắc bệnh, với sự cân bằng hợp lý giữa độ nhạy và độ đặc hiệu. Từ biểu đồ này, có thể suy ra tiềm năng ứng dụng lâm sàng của mô hình cho mục đích sàng lọc sớm FPV, giảm thiểu các trường hợp âm tính giả, đặc biệt hữu ích khi kết hợp với kit test kháng nguyên nhanh Ag. Việc so sánh với nghiên cứu trước đó cho thấy Al Moubayed et al. (2020) báo cáo AUC tương tự (0,92) khi dùng neural network để dự đoán viêm thận mãn tính từ dữ liệu xét nghiệm máu, gợi ý rằng các mô hình tuyến tính như Logistic regression có thể cạnh tranh với các mô hình phức tạp hơn trong bối cảnh chẩn đoán bệnh mèo.



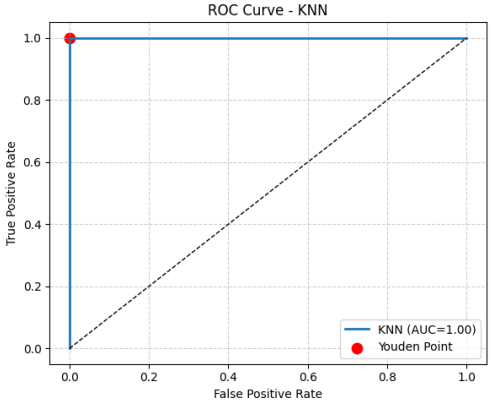
Hình 3. Biểu đồ ma trận nhầm lẫn của mô hình Logistic Regression

Biểu đồ (Hình 3) cho thấy ma trận nhầm lẫn ghi nhận chỉ 1 trường hợp dương tính giả và 1 trường hợp âm tính giả, củng cố độ chính xác cao và tỷ lệ sai phân loại thấp của mô hình. Điểm đáng chú ý là mô hình hiếm khi bỏ sót ca bệnh (hạn chế nhầm lẫn mèo nhiễm FPV thành mèo khỏe), qua đó giúp tránh bỏ lỡ các ca nhiễm FPV, giảm nguy cơ điều trị trễ trong một bệnh cảnh có tỷ lệ chết cao nếu phát hiện muộn. Nhận định này phù hợp với các nghiên cứu về thay đổi huyết học ở FPV, nơi suy giảm bạch cầu nghiêm trọng, đặc biệt bạch cầu trung tính và bạch cầu lympho dẫn đến phân loại rõ ràng (Hussein & Awad., 2024).

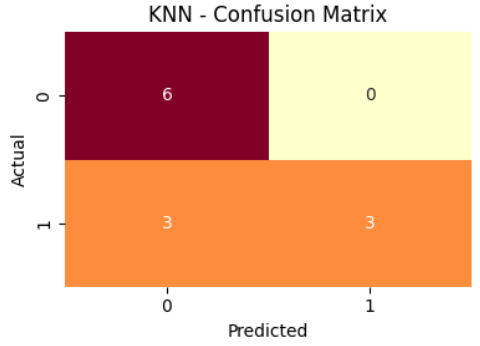
Bảng 2. Kết quả đánh giá mô hình KNN trên tập kiểm tra

Đặc tính	Độ chính xác (Precision)	Độ nhớ (Recall)	Điểm F1 (F1-Score)	Tập kiểm tra (mẫu)
Mèo khỏe	0,67	1,00	0,80	6,0
Mèo bệnh	1,00	0,50	0,67	6,0
Độ chính xác tổng thể (Accuracy)			0,75	12,0
Trung bình Macro (Macro Avg)	0,83	0,75	0,73	12,0
Trung bình trọng số (Weighted Avg)	0,83	0,75	0,73	12,0

Bảng 2 cho thấy mô hình KNN đạt độ chính xác tổng thể 75%, với precision rất cao cho lớp mèo bệnh (1.00) nhưng recall thấp (0,50), kéo theo F1-score macro trung bình đạt 0,73. Kết quả này cho thấy KNN - một thuật toán dựa trên khoảng cách, dễ bị ảnh hưởng bởi nhiễu dữ liệu và cỡ mẫu hạn chế (60 mẫu), nên hiệu năng kém ổn định hơn so với các mô hình khác. Việc so sánh với các nghiên cứu khác cho thấy Bradley et al. (2019) đạt accuracy (độ chính xác) cao hơn với KNN trong dự đoán CKD (khoảng 85%); tuy nhiên, kết quả của chúng tôi gợi ý cần tối ưu hóa thêm hyperparameter (như k-value) cho dữ liệu FPV, nơi các chỉ tiêu như WBC có biến động mạnh (Kaya et al., 2023)



Hình 4. Biểu đồ ROC Curve của mô hình KNN (ngưỡng tối ưu (Youden) = 0,40; J = 1,00; Se = 1,00; Spe = 1,00)



Hình 5. Biểu đồ ma trận nhầm lẫn của mô hình KNN

Biểu đồ Hình 4 cho thấy đường cong ROC đạt AUC cao, song ngưỡng tối ưu tương đối thấp cho thấy khả năng mô hình có thể overfit trên tập dữ liệu huấn luyện. Điểm chú ý là KNN thường phù hợp hơn khi dữ liệu cân bằng nhưng cần lựa chọn các đặc trưng để cải thiện hiệu năng trong chẩn đoán FPV.

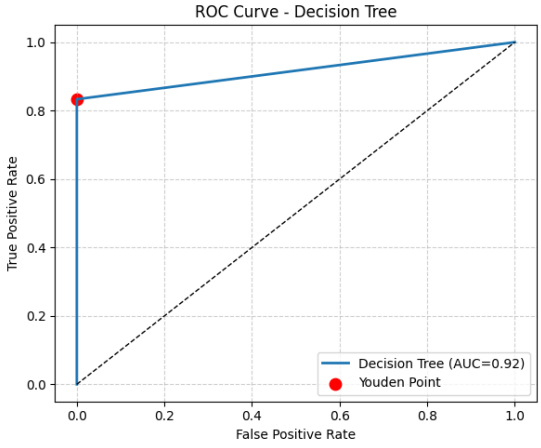
Biểu đồ Hình 5 cho thấy ma trận nhầm lẫn ghi nhận tỷ lệ âm tính giả đáng kể (3/6), nhấn mạnh hạn chế của mô hình trong phát hiện mèo bệnh, qua đó làm giảm độ nhạy. Quan sát này phù hợp với đặc điểm giảm bạch cầu không đồng đều ở mèo nhiễm FPV (Truyen & Lörcher., 2020)

Bảng 3 cho thấy mô hình Decision Tree đạt độ chính xác tổng thể 92%, tương đương Logistic, với F1 trung bình macro và trung bình trọng số đều 0,92, phản ánh hiệu năng ổn định giữa hai lớp. Precision và recall ở mèo khỏe là 0,86 và 1,00 còn ở mèo bệnh FPV là 1,00 và 0,83. Kết quả trên đều tốt cho cả hai

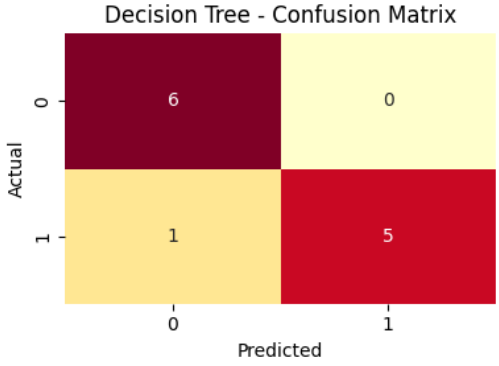
nhóm. Qua đó cho thấy mô hình dựa trên cây quyết định dễ giải thích, phù hợp lâm sàng để xác định ngưỡng thông số máu quan trọng như WBC.

Bảng 3. Kết quả đánh giá mô hình Decision Tree trên tập kiểm tra

Đặc tính	Độ chính xác (Precision)	Độ nhớ (Recall)	Điểm F1 (F1-Score)	Tập kiểm tra (mẫu)
Mèo khỏe	0,86	1,00	0,92	6,0
Mèo bệnh	1,00	0,83	0,91	6,0
Độ chính xác tổng thể (Accuracy)			0,92	12,0
Trung bình Macro (Macro Avg)	0,93	0,92	0,92	12,0
Trung bình trọng số (Weighted Avg)	0,93	0,92	0,92	12,0



Hình 6. Biểu đồ ROC Curve của mô hình Decision Tree (ngưỡng tối ưu (Youden = 1,0; J = 0,83; Se = 0,83; Spe = 1,00)



Hình 7. Biểu đồ ma trận nhầm lẫn của mô hình Decision Tree

Mô hình Decision Tree ở biểu đồ (Hình 6) cho thấy đường cong ROC có AUC cao là 0,92, chứng tỏ độ phân biệt tốt giữa mèo khỏe và mèo nhiễm FPV. Điểm Youden tối ưu là 1,0 với độ nhạy (0,83) và độ đặc hiệu (1,00) tương đối cao, cho thấy tỷ lệ dương tính giả rất thấp.

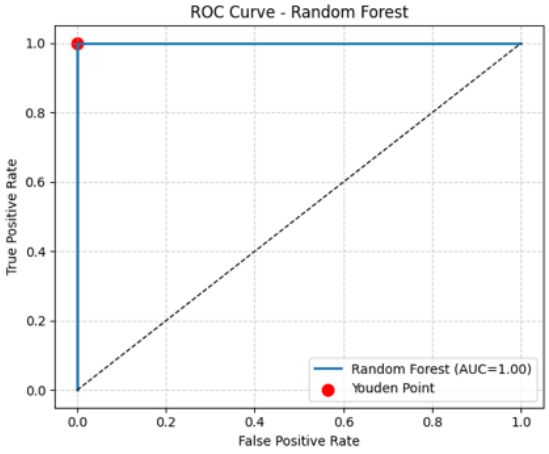
Bảng 4. Kết quả đánh giá mô hình Random Forest trên tập kiểm tra

Đặc tính	Độ chính xác (Precision)	Độ nhớ (Recall)	Điểm F1 (F1-Score)	Tập kiểm tra (mẫu)
Mèo khỏe	0,86	1,00	0,92	6,0
Mèo bệnh	1,00	0,83	0,91	6,0
Độ chính xác tổng thể (Accuracy)			0,92	12,0
Trung Bình Macro (Macro Avg)	0,93	0,92	0,92	12,0
Trung bình trọng số (Weighted Avg)	0,93	0,92	0,92	12,0

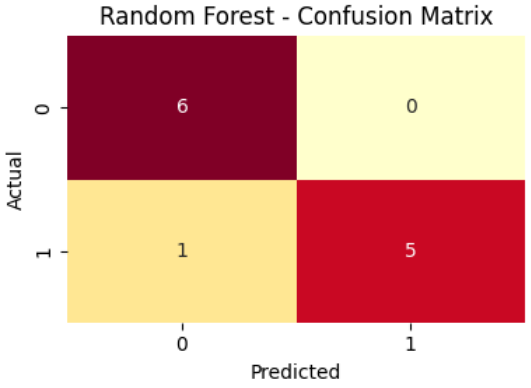
Biểu đồ Hình 7 có thể cho thấy mô hình Decision Tree đã phân loại đúng tất cả mèo khỏe, nhưng lại bỏ sót 1 ca bệnh, cho thấy nguy cơ âm tính giả - có thể gặp ở các trường hợp giảm bạch cầu không điển hình ở FPV. Qua đó cho thấy mô hình trên ít lỗi, tương tự Logistic.

Bảng 4 cho thấy mô hình Random Forest đạt hiệu năng cao với độ chính xác tổng thể là 92% cùng

các chỉ số trung bình macro và trung bình trọng số đều đạt 0,92. Qua đó cho thấy sự vượt trội nhờ ensemble và giảm overfitting so với Decision Tree đơn lẻ nhờ tổng hợp nhiều bộ ước lượng. Do đó, mô hình này thích hợp với dữ liệu đa biến có tương quan như các thông số huyết học – sinh hóa của bệnh FPV.



Hình 8. Biểu đồ ROC Curve của mô hình Random Forest (ngưỡng tối ưu (Youden) = 0,50; J = 1,00; Se = 1,00; Spe = 1,00)



Hình 9. Biểu đồ ma trận nhầm lẫn của mô hình Random Forest

Biểu đồ Hình 8 cho thấy có đường cong ROC đạt AUC rất tốt là 1,00, cho thấy khả năng phân biệt rất tốt giữa mèo khỏe và mèo nhiễm bệnh FPV trên tập kiểm tra. Ngưỡng tối ưu đạt 0,5 với độ nhạy đạt 1,00 và độ đặc hiệu đạt 1,00 nhấn mạnh độ ổn định.

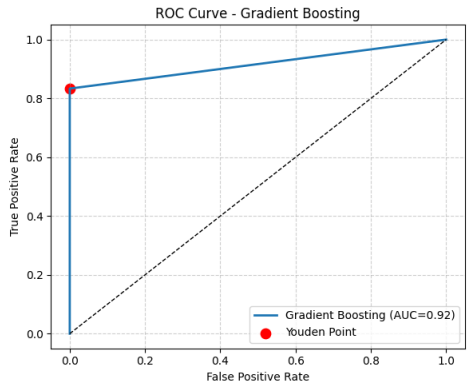
Biểu đồ Hình 9 cho thấy mô hình mắc ít sai sót và phù hợp với các nghiên cứu trước đây về ML trong thú y (Al Moubayed et al., 2020).

Bảng 5. Kết quả đánh giá mô hình Gradient Boosting trên tập kiểm tra

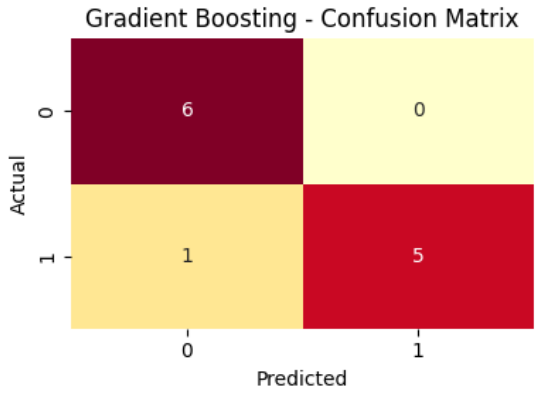
Đặc tính	Độ chính xác (Precision)	Độ nhớ (Recall)	Điểm F1 (F1-Score)	Tập kiểm tra (mẫu)
Mèo khỏe	0,86	1,00	0,92	6,0
Mèo bệnh	1,00	0,83	0,91	6,0
Độ chính xác tổng thể (Accuracy)			0,92	12,0
Trung bình Macro (Macro Avg)	0,93	0,92	0,92	12,0
Trung bình trọng số (Weighted Avg)	0,93	0,92	0,92	12,0

Bảng 5 cho thấy Gradient Boosting đạt độ chính xác tổng thể cao với 92%, với F1 trung bình macro và trung bình trọng số đều đạt 0,92. Đồng thời, mô hình cải thiện độ nhạy cho lớp mèo bệnh, giúp giảm nguy cơ bỏ sót ca FPV mà vẫn duy trì độ đặc hiệu cao đối với lớp mèo khỏe

Qua biểu đồ ROC (Hình 10) của mô hình Gradient Boosting, đường cong ROC cho thấy AUC đạt 0,92, phản ánh khả năng phân biệt rất tốt giữa mèo khỏe mạnh và mèo nhiễm FPV dựa trên các chỉ số huyết học – sinh hóa máu.



Hình 10. Biểu đồ ROC Curve của mô hình Gradient Boosting (ngưỡng tối ưu (Youden) = 1,0; J = 0,83; Se = 0,83; Spe = 1,00)



Hình 11. Biểu đồ ma trận nhầm lẫn của mô hình Gradient Boosting

Điểm Youden tối ưu (tương ứng với ngưỡng cân bằng tốt nhất giữa độ nhạy và độ đặc hiệu) đạt 1.0, với độ nhạy (Se)= 0,83 (phát hiện đúng 83% ca bệnh thực sự) và độ đặc hiệu (Spe) = 1,00 (không có dương tính giả, tức 100% ca khỏe được phân loại đúng).

Giá trị này rất phù hợp với mục tiêu sàng lọc lâm sàng, nơi ưu tiên giảm thiểu bỏ sót ca bệnh (tăng sensitivity) nhưng vẫn duy trì độ đặc hiệu cao để tránh điều trị không cần thiết ở mèo khỏe.

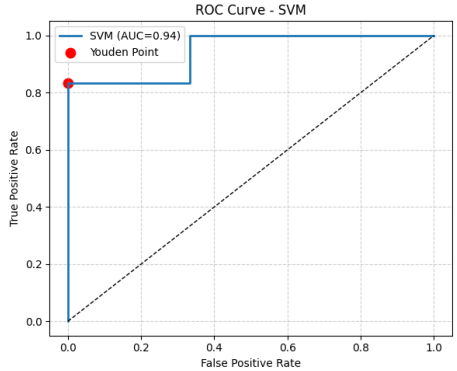
Qua biểu đồ ma trận nhầm lẫn (Hình 11), mô hình Gradient Boosting ghi nhận rất ít lỗi phân loại, đặc biệt hạn chế tối đa dương tính giả. Tuy nhiên, vẫn tồn tại một số trường hợp âm tính giả nhỏ, nghĩa là có nguy cơ bỏ sót một vài ca nhiễm FPV.

Bảng 6 cho thấy mô hình Support Vector Machine đạt hiệu năng cao 92% và có sự cân bằng giữa hai lớp với độ chính xác tổng thể đạt 0,92, cùng trung bình macro và trung bình trọng số đều là 0,92. Qua đó cho thấy mô hình SVM có độ đặc hiệu cao, hiệu quả với dữ liệu nhỏ

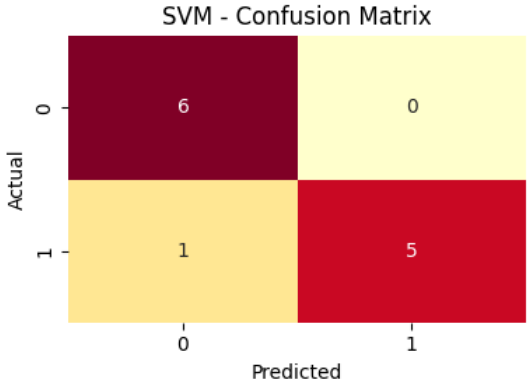
Bảng 6. Kết quả đánh giá mô hình Support Vector Machine (SVM) trên tập kiểm tra

Đặc tính	Độ chính xác (Precision)	Độ nhớ (Recall)	Điểm F1 (F1-Score)	Tập kiểm tra (mẫu)
Mèo khỏe	0,86	1,00	0,92	6,0
Mèo bệnh	1,00	0,83	0,91	6,0
Độ chính xác tổng thể (Accuracy)			0,92	12,0
Trung bình macro (Macro Avg)	0,93	0,92	0,92	12,0
Trung bình trọng số (Weighted Avg)	0,93	0,92	0,92	12,0

Hình 12 cho thấy đường cong ROC cho thấy AUC tốt đạt 0,94, phản ánh khả năng phân biệt tốt. Điểm Youden đạt 0,62 với độ nhạy đạt 0,83 và độ đặc hiệu đạt 1,00 phù hợp với mục tiêu sàng lọc dựa trên chỉ số huyết học – sinh hóa.



Hình 12. Biểu đồ ROC Curve của mô hình SVM (ngưỡng tối ưu (Youden) = 0,62; J = 0,83; Se = 0,83; Spe = 1,00)



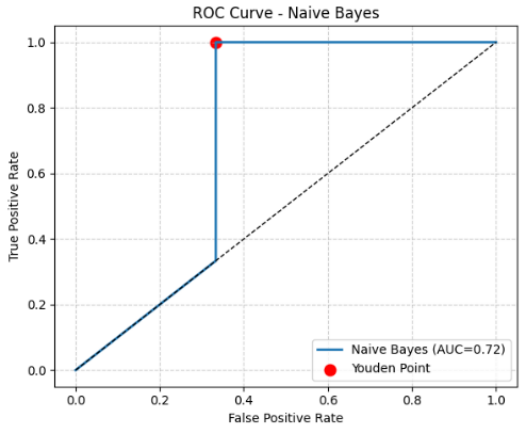
Hình 13. Biểu đồ ma trận nhầm lẫn của mô hình SVM

Biểu đồ Hình 13 cho thấy mô hình ít ghi nhận lỗi, hạn chế dương tính giả, tuy nhiên cần kết hợp với test nhanh kháng nguyên để giảm nguy cơ bỏ sót ca bệnh.

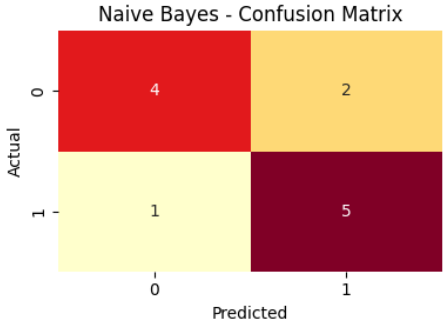
Bảng 7. Kết quả đánh giá mô hình Naïve Bayes trên tập kiểm tra

Đặc tính	Độ chính xác (Precision)	Độ nhớ (Recall)	Điểm F1 (F1-Score)	Tập kiểm tra (mẫu)
Mèo khỏe	0,80	0,67	0,73	6,0
Mèo bệnh	0,71	0,83	0,77	6,0
Độ chính xác tổng thể (Accuracy)			0,75	12,0
Trung bình macro (macro avg)	0,76	0,75	0,75	12,0
Trung bình trọng số (Weighted Avg)	0,76	0,75	0,75	12,0

Qua Bảng 7, có thể thấy Naïve Bayes đạt độ chính xác tổng thể là 75%, thấp nhất trong các mô hình do giả định độc lập không phù hợp với thông số máu tương quan. Mèo khỏe có độ chính xác là 0,8 và độ nhớ 0,67 cho thấy khả năng dương tính giả đáng kể. Trung bình macro và trung bình trọng số đều đạt 0,75 khẳng định mức hiệu năng khiêm tốn. Do đó Naïve Bayes ít phù hợp làm công cụ sàng lọc FPV.



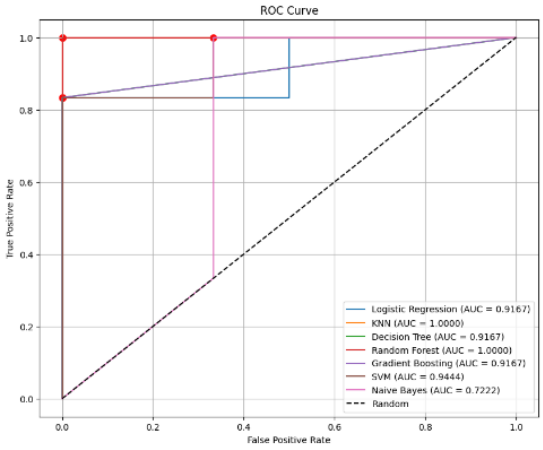
Hình 14. Biểu đồ ROC Curve của mô hình Naïve Bayes (ngưỡng tối ưu (Youden) = 0,38; J = 0,67; Se = 1,0; Spe = 0,67)



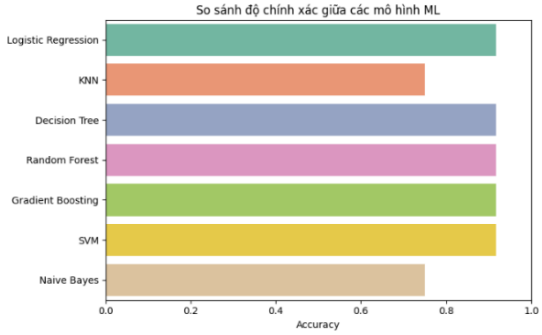
Hình 15. Biểu đồ ma trận nhầm lẫn của mô hình Naive Bayes

Qua **Hình 14**, đường cong ROC cho thấy AUC thấp, chỉ 0,72, thấp hơn các mô hình còn lại, cho thấy khả năng phân biệt giữa mèo khỏe và mèo nhiễm bệnh FPV kém hơn.

Qua Hình 15, ta thấy độ chính xác tổng thể đạt 0,75, độ nhạt đạt 0,83 và độ đặc hiệu đạt 0,67, độ chính xác của mèo bệnh chỉ 0,71 cho thấy nhiều lỗi phân loại, chủ yếu là dương tính giả (2 con mèo khỏe bị gán nhầm thành mèo bệnh) và bỏ sót 1 ca bệnh FPV.



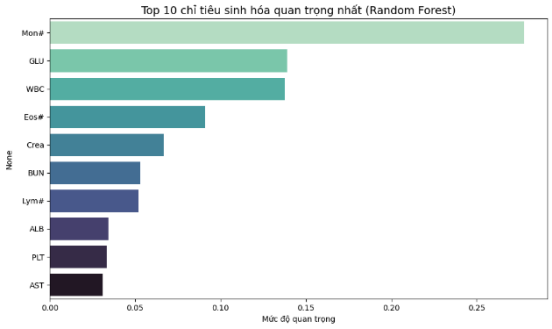
Hình 16. Biểu đồ so sánh ROC Curve của các mô hình



Hình 17. Biểu đồ so sánh độ chính xác của các mô hình.

Biểu đồ Hình 16 cho thấy các đường cong của Logistic, Random Forest và SVM có AUC cao nhất, phản ánh khả năng phân biệt tốt giữa lớp mèo bệnh FPV và lớp mèo khỏe trên tập dữ liệu. Do đó, các mô hình này nên được ưu tiên cho chẩn đoán FPV hỗ trợ lâm sàng từ dữ liệu huyết học – sinh hóa.

Biểu đồ Hình 17 cho thấy trong nhóm mô hình hiệu năng cao, Random Forest cân bằng tốt nhất, duy trì độ chính xác tổng thể đồng thời cân bằng độ chính xác và độ bao phủ hay độ nhớ, phù hợp với bối cảnh dữ liệu không cân bằng tiềm năng. Điều này củng cố lựa chọn mô hình như Random Forest cho việc sàng lọc FPV ổn định và hạn chế hiện tượng quá khớp làm giảm chất lượng dự đoán.



Hình 18. Biểu đồ xếp hạng trong dự đoán bệnh giảm bạch cầu ở mèo (FPV)

Hình 18 cho thấy sự phân bố các chỉ tiêu quan trọng, trong đó nổi bật với Mon# và GLU, tiếp theo là WBC, Eos#, Crea, kế đến là BUN, Lym#, ALB, PLT và cuối cùng là AST#. Có thể thấy các thông số huyết học chiếm đa số trong top 10 chỉ tiêu phân biệt rõ nhất, nhấn mạnh vai trò của huyết học trong FPV.

Bảng 8. Top 10 chỉ số ảnh hưởng nhất đến dự đoán bệnh FPV theo mô hình Random Forest

Xếp hạng	Chỉ số	Hệ số ảnh hưởng
1	Mon#	0,2775
2	GLU	0,1391
3	WBC	0,1375
4	Eos#	0,0909
5	Crea	0,0666
6	BUN	0,0529
7	Lym#	0,0520
8	ALB	0,0344
9	PLT	0,0333
10	AST	0,0309

Bảng 8 cho thấy Mon# (monocytes) là biến quan trọng nhất (0,2775) cho khả năng dự đoán FPV của Random Forest, theo sau là GLU (0,1391) và WBC (0,1375). Khi nói về lâm sàng, monocytes tăng có thể phản ánh đáp ứng viêm - phản ứng miễn dịch ở FPV, trong khi giảm WBC (đặc biệt là bạch cầu hạt và bạch cầu lympho) và hạ GLU là dấu hiệu cổ điển thường gặp ở FPV (Kaya et al., 2023). Các biến kế tiếp như Eos#, Crea, BUN, Lym#, ALB, PLT và AST có điểm ảnh hưởng thấp hơn nhưng vẫn gợi ý các trục sinh lý bệnh liên quan, cho thấy vai trò phân biệt chính vẫn thuộc về các chỉ số liên quan đến bất thường dòng bạch cầu và rối loạn chuyển hóa – dinh dưỡng trong giai đoạn bệnh cấp.

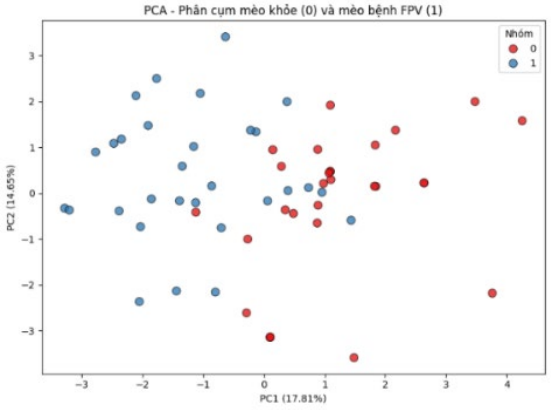
Bảng 9. So sánh giá trị trung bình của 10 chỉ tiêu sinh lý và sinh hóa máu phân biệt giữa mèo khỏe mạnh và mèo mắc bệnh FPV

Chỉ tiêu	Mèo khỏe ($\bar{X}$±SD)	Mèo bệnh ($\bar{X}$±SD)	Chênh lệch tuyệt đối	*P*-value
PLT	209,73 ± 98,63	162,17 ± 85,12	47,57	0,050
GLU	103,62 ± 30,47	62,75 ± 13,85	40,87	<0,001
HGB	133,00 ± 30,03	119,62 ± 46,72	13,38	0,193
AST	23,40 ± 11,32	31,87 ± 15,57	8,47	0,020
BUN	21,36 ± 8,50	15,28 ± 6,42	6,07	0,003
WBC	11,14 ± 3,50	5,75 ± 4,33	5,38	<0,001
TP	11,18 ± 16,94	7,21 ± 1,04	3,97	0,210
HCT	35,91 ± 8,52	38,86 ± 8,95	2,95	0,196
Mon#	0,29 ± 0,31	3,24 ± 4,15	2,95	0,001
Neu#	7,38 ± 3,33	4,92 ± 3,98	2,46	0,012

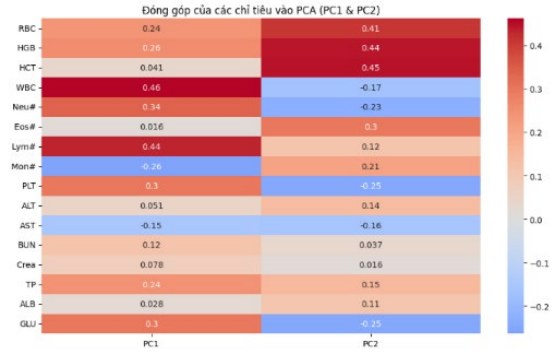
Ghi chú: Independent t-test: của 2 nhóm biến độc lập phân phối chuẩn.

Kết quả ở Bảng 9 cho thấy sự khác biệt đáng kể giữa hai nhóm mèo: GLU giảm rõ ở mèo bệnh (62,75±13,85 so với 103,62±30,47) với p<0,001, WBC thấp hơn đáng kể so với mèo khoẻ hơn (5,75±4,33 so với 11,14±3,50) với p<0,001, bên cạnh đó Mon# tăng ở mèo bệnh với 3,24±4,15 cao hơn mèo khỏe (0,29±0,31) với p=0,001, phù hợp với bệnh leukopenia kèm monocytosis ở FPV (Soni & Ganguly., 2022). Ngoài ra, AST tăng ở mèo bệnh

(31,87±15,57 so với 23,40±11,32), Neu# và PLT giảm, trong khi HGB, HCT, TP không khác biệt có ý nghĩa. Nhìn chung, các thông số này có thể làm biomarker sớm, bổ sung cho test Ag.



Hình 19. Biểu đồ điểm PCA minh họa sự phân cụm và phân tách giữa nhóm mèo khỏe mạnh (nhãn 0, màu xanh) và nhóm mèo nhiễm FPV (nhãn 1, màu đỏ) dựa trên các thông số huyết học và sinh hóa máu



Hình 20. Bản đồ nhiệt PCA: Đóng góp của các chỉ tiêu máu vào PC1 và PC2 trong chẩn đoán FPV

Biểu đồ điểm PCA (Hình 19) cho thấy sự phân tách rõ rệt giữa nhóm mèo khỏe mạnh (nhãn 0) và nhóm nhiễm FPV (nhãn 1) trên không gian hai chiều PC1 (17,81% phương sai) và PC2 (14,65% phương sai). Các điểm của mèo nhiễm bệnh tập trung ở vùng PC1 thấp hơn, phản ánh sự giảm mạnh các chỉ số huyết học như WBC, Neu# và GLU – đặc trưng của leukopenia và hypoglycemia do FPV tấn công tế bào tủy xương và hệ miễn dịch. PCA giảm chiều từ 16 biến xuống 2 thành phần chính (giải thích ~32% phương sai), hỗ trợ trực quan hóa sự khác biệt nhóm, phát hiện outlier và cải thiện hiệu suất mô hình ML bằng cách loại bỏ nhiễu.

Bản đồ nhiệt loadings (Hình 20) xác định các biến có ảnh hưởng lớn đến phân tách: WBC (dương cao trên PC1, 0,46) và Mon# (dương cao trên PC2, 0,41), phản ánh leukopenia nghiêm trọng và phản ứng miễn dịch bù đắp (monocytosis tương đối). Các biến sinh hóa như ALT/AST có loading thấp hơn, nhấn mạnh vai trò ưu thế của thay đổi huyết học trong FPV.

Kết quả PCA phù hợp với các nghiên cứu trước: Basran et al. (2023) kết hợp PCA-ML chẩn đoán rối loạn ruột ở mèo đạt AUC cao; Pegoraro et al. (2025) dùng PCA dự đoán sporotrichosis ở mèo với hypoalbuminemia là loading chính; Vanden Broecke et al. (2025) áp dụng PCA-X phát hiện sớm CKD. Kết quả của những nghiên cứu này củng cố PCA là công cụ mạnh mẽ trong xử lý dữ liệu đa biến thú y, bổ sung hiệu quả cho ML trong chẩn đoán FPV, đặc biệt khi kết hợp với các thay đổi huyết học điển hình (Irgashev & Musayev., 2023; Gülersoy et al., 2023).

4. KẾT LUẬN

Kết quả nghiên cứu này cho thấy rằng các mô hình học máy dự đoán (Logistic Regression, Decision Tree, Random Forest, Gradient Boosting, SVM) chứng minh hiệu suất vượt trội và ổn định nhất trong chẩn đoán nhiễm Feline panleukopenia virus dựa trên thông số huyết học – sinh hóa máu thường quy. Chúng xác định rõ các chỉ dấu then chốt (bạch cầu đơn nhân, bạch cầu tổng số, đường huyết) cùng mối liên hệ tuyến tính chặt chẽ của bệnh.

PCA bổ trợ trực quan sự phân tách rõ ràng giữa nhóm khỏe và nhóm bệnh, khắc phục hoàn toàn hạn chế của test kháng nguyên nhanh và triệu chứng lâm sàng không điển hình.

Kết quả khẳng định các mô hình dự đoán này là công cụ hỗ trợ lâm sàng khách quan, nhanh chóng, góp phần nâng cao chẩn đoán sớm và điều trị bệnh giảm bạch cầu ở mèo, mở đường tích hợp trí tuệ nhân tạo vào thực hành thú y. Nghiên cứu tiếp theo khi được thực hiện cần tăng kích cỡ mẫu lớn hơn để xem độ chính xác của mô hình có ổn định không.

TÀI LIỆU THAM KHẢO

Al Moubayed, N., McGowan, A., Smyth, B., & McChesney, I. (2020). An artificial neural network-based model to predict chronic kidney disease in aged cats. *Journal of Veterinary Internal Medicine*, *34*(5), 1920–1931. https://doi.org/10.1111/jvim.15892

Banzato, T., Bedin, M., Burti, S., Zotti, A., & Bonsembiante, F. (2018). Machine learning classification of feline polycystic kidney disease using ultrasonographic texture analysis. *Journal of Veterinary Internal Medicine*, *32*(6), 2043–2049. https://doi.org/10.1111/jvim.15323

Basran, P. S., Appleman, E., & Punke, J. (2023). Combining ultrasound radiomics, complete blood count, and serum biochemical biomarkers for diagnosing intestinal disorders in cats using machine learning. *Veterinary Radiology & Ultrasound*, *64*(5), 942-950. https://doi.org/10.1111/vru.13257

Beam, A. L., & Kohane, I. S. (2018). Big data and machine learning in health care. *JAMA*, *319*(13), 1317–1318. https://doi.org/10.1001/jama.2017.18391

Biourge, V., Delmotte, S., Feugier, A., Bradley, R., McAllister, M., & Elliott, J. (2020). An artificial neural network-based model to predict chronic kidney disease in aged cats. *Journal of Veterinary Internal Medicine*, *34*(5), 1920-1931. https://doi.org/10.1111/jvim.15892

Bradley, R., Tagkopoulos, I., Kim, M., Kokinias, Y., Panagiotakos, T., Kennedy, J., Ling, G. V., & Cowgill, L. D. (2019). Predicting early risk of chronic kidney disease in cats using routine clinical laboratory tests and machine learning. *Journal of Veterinary Internal Medicine*, *33*(6), 2644–2656. https://doi.org/10.1111/jvim.15623

Dishow, M. H., Al-Obaidi, Q. T., & Al-Naqshabendy, A. A. (2024). *Feline panleukopenia virus in Duhok, Iraq: Clinical, hematological and serum biochemistry changes in clinically and subclinically infected cats*. *Basrah Journal of Veterinary Research*, *23*(1), 75–89. https://doi.org/10.23975/bjvr.2024.146878.1059

Esteva, A., Robicquet, A., Ramsundar, B., Kuleshov, V., DePristo, M., Chou, K., Cui, C., Corrado, G. S., Thrun, S., & Dean, J. (2019). A guide to deep learning in healthcare. *Nature Medicine*, *25*(1), 24–29. https://doi.org/10.1038/s41591-018-0316-z

Géron, A. (2022). *Hands-On Machine Learning with Scikit-Learn, Keras, and TensorFlow* (3rd ed.). O'Reilly Media.

Greene, C. E. (2022). *Infectious diseases of the dog and cat* (5th ed.). Elsevier.

Gülersoy, E., Erol, B. B., Ok, M., & Sevinç, M. (2023). Diagnostic performances of clinical and hematological parameters in cats naturally infected with feline panleukopenia virus. *Journal of the Hellenic Veterinary Medical Society*, *74*(3), 4315-4326. https://doi.org/10.12681/jhvms.30721

Han, J., Pei, J., & Tong, H. (2022). *Data mining: concepts and techniques*. Morgan Kaufmann.

Hussein, A., & Awad, A. (2024). The coding complete genomic sequence of a feline panleukopenia virus detected from a domestic cat (*Felis catus*) in Chattogram, Bangladesh. *Microbiology Resource Announcements*, *13*(8), e00209-24. https://doi.org/10.1128/mra.00209-24

Irgashev, A., & Musayev, A. (2023). Changes in hematological and biochemical parameters in feline panleukopenia. *Exploratory Animal and Medical Research*, *13*(2), 276-280. https://doi.org/10.52635/eamr/13.2.276-280

Kaya, A., Aydin, F., Altug, N., Kaya, I. C., Onur, A., Ural, K., Timurkan, M. O., Keles, I., & Cakiroglu, D. (2023). Molecular investigation of Feline Panleukopenia in an endangered leopard cat (*Prionailurus bengalensis*) rescued from central Turkey. *Comparative Immunology, Microbiology and Infectious Diseases*, *95*, 101960. https://doi.org/10.1016/j.cimid.2023.101960

Pandey, S. (2022). Feline panleukopenia infections: treatment and control in Nepal. *European Journal of Veterinary Medicine*, *2*(1), 10-14. https://doi.org/10.24018/ejvetmed.2022.2.1.19

Pegoraro, F. B., da Silva, M. M., de Souza, R. P., & Fernandes, C. G. (2025). Application of principal component analysis as a prediction model for feline sporotrichosis. *Veterinary Sciences*, *12*(1), 32. https://doi.org/10.3390/vetsci12010032

Soni, P. K., & Ganguly, S. (2022). Feline panleukopenia: A re-emergent viral disease of cats. *Veterinary World*, *15*(3), 547–554. https://doi.org/10.14202/vetworld.2022.547-554

Truyen, U., & Lörcher, S. (2020). Feline panleukopenia virus DNA shedding following modified live virus vaccination in persistently infected cats with feline chronic kidney disease. *Viruses*, *12*(3), 320. https://doi.org/10.3390/v12030320

Truyen, U., Addie, D., Belák, S., Boucraut-Baralon, C., Egberink, H., Frymus, T., ... & Horzinek, M. C. (2009). Feline panleukopenia. ABCD guidelines on prevention and management. *Journal of Feline Medicine & Surgery*, *11*(7), 538-546. https://doi.org/10.1016/j.jfms.2009.05.002

Vanden Broecke, L., Syme, H. M., Elliott, J., Elliott, D. A., & Geddes, R. F. (2025). Early detection of feline chronic kidney disease via 3-hydroxykynurenine and machine learning. *Scientific Reports*, *15*(1), 90019. https://doi.org/10.1038/s41598-025-90019-x