

IMPROVING THE ACCURACY OF PLASMA LOW-CHOLESTEROL LDL-CHOLESTEROL ESTIMATION USING THE MODIFIED SAMPSON-NIH EQUATION

Nguyen Thi Linh Hoa^{1,2*}, Nguyen Thi Thuy¹, Pham Thien Ngoc²

¹Phenikaamec - Group 5, Xuan Phuong Ward, Hanoi City, Vietnam

²Phenikaa University - Nguyen Trac Street, Duong Noi Ward, Hanoi City, Vietnam

Received: 08/09/2025

Revised: 25/09/2025; Accepted: 21/10/2025

ABSTRACT

Objective: To evaluate the accuracy of the revised Sampson-NIH equation (2025) in estimating low-density lipoprotein cholesterol (LDL-C) among Vietnamese patients, particularly at low LDL-C and high triglyceride levels.

Subjects and Methods: A cross-sectional study was conducted on 7,101 patients at Phenikaa University Hospital from February to August 2025. Serum lipid parameters, including total cholesterol (TC), triglycerides (TG), HDL-C, and directly measured LDL-C, were obtained. Estimated LDL-C was calculated using four equations: Friedewald (1972), Martin-Hopkins (2013), Sampson (2020), and the revised Sampson (2025). Accuracy was assessed by Pearson's correlation coefficient (r), coefficient of determination (R^2), Lin's concordance correlation coefficient (CCC), bias, mean absolute deviation (MAD), root mean square error (RMSE), and net reclassification index (NRI).

Results: The revised Sampson (2025) equation demonstrated the highest concordance with directly measured LDL-C ($r = 0.966$; Lin's CCC = 0.935; RMSE = 0.35 mmol/L). Across TG ranges (<1.7, 1.7–4.5, and >4.5 mmol/L), this formula maintained the greatest accuracy (CCC = 0.942–0.891). Compared with Friedewald, the revised Sampson showed positive NRI values at all therapeutic thresholds (1.8, 1.4, and 1.0 mmol/L), indicating improved risk classification.

Conclusion: The revised Sampson-NIH (2025) equation provides significantly enhanced accuracy for LDL-C estimation compared with previous methods, especially in low-LDL and high-TG settings. This equation is suitable for routine clinical and laboratory application in Vietnamese populations.

Keywords: LDL-C, Sampson equation, triglycerides, accuracy.

*Corresponding author

Email: linhhoa251@gmail.com Phone: (+84) 375444465 <https://doi.org/10.52163/yhc.v66iCD19.3575>

CẢI THIỆN ĐỘ CHÍNH XÁC ƯỚC TÍNH LDL-CHOLESTEROL HUYẾT TƯƠNG NỒNG ĐỘ THẤP BẰNG PHƯƠNG TRÌNH SAMPSON-NIH HIỆU CHỈNH

Nguyễn Thị Linh Hoa^{1,2*}, Nguyễn Thị Thúy¹, Phạm Thiện Ngọc²

¹Bệnh viện Đại học Phenikaa - Tổ 5 P. Xuân Phương, Tp. Hà Nội, Việt Nam

²Trường Đại học Phenikaa - Đường Nguyễn Trác, P. Dương Nội, Tp. Hà Nội, Việt Nam

Ngày nhận: 08/09/2025

Ngày sửa: 25/09/2025; Ngày đăng: 21/10/2025

TÓM TẮT

Mục tiêu: Đánh giá độ chính xác của phương trình Sampson-NIH hiệu chỉnh (2025) trong ước tính nồng độ LDL-Cholesterol (LDL-C) huyết tương.

Đối tượng và phương pháp: Nghiên cứu mô tả cắt ngang trên 7.101 bệnh nhân tại Bệnh viện Đại học Phenikaa từ tháng 2 đến tháng 8 năm 2025. Các chỉ số lipid máu gồm cholesterol toàn phần (TC), triglycerid (TG), HDL-C và LDL-C được đo bằng phương pháp trực tiếp. LDL-C ước tính được tính theo bốn công thức: Friedewald (1972), Martin-Hopkins (2013), Sampson (2020) và Sampson hiệu chỉnh (2025). Độ chính xác được so sánh với LDL-C đo trực tiếp bằng hệ số tương quan Pearson (r), hệ số xác định (R^2), hệ số tương hợp Lin's CCC, sai số trung bình (Bias), sai số tuyệt đối trung bình (MAD), sai số bình phương trung bình (RMSE) và chỉ số cải thiện phân loại ròng (NRI).

Kết quả: Phương trình Sampson 2025 cho độ tương hợp cao nhất với LDL-C đo trực tiếp ($r = 0,966$; Lin's CCC = 0,935; RMSE = 0,35 mmol/L). Ở các dải TG <1,7; 1,7–4,5 và >4,5 mmol/L, Sampson 2025 vẫn duy trì CCC cao nhất (0,942–0,891) và sai số nhỏ nhất. So với Friedewald, Sampson 2025 cho NRI dương tại cả ba ngưỡng LDL-C (1,8; 1,4; 1,0 mmol/L), phản ánh khả năng phân loại điều trị chính xác hơn.

Kết luận: Phương trình Sampson hiệu chỉnh (2025) cải thiện đáng kể độ chính xác ước tính LDL-C so với các công thức trước đây, đặc biệt trong vùng LDL-C thấp và TG cao. Công thức này phù hợp áp dụng trong thực hành xét nghiệm lâm sàng tại Việt Nam.

Từ khóa: LDL-C, phương trình Sampson, triglyceride, độ chính xác.

1. ĐẶT VẤN ĐỀ

Bệnh tim mạch là nguyên nhân hàng đầu gây tử vong trên toàn cầu. Theo Tổ chức Y tế Thế giới (WHO), năm 2022 có khoảng 19,8 triệu người tử vong do bệnh tim mạch, chiếm 32% tổng số ca tử vong, trong đó 85% là do nhồi máu cơ tim và đột quy. Nồng độ cholesterol lipoprotein tỷ trọng thấp (LDL-C) là yếu tố quan trọng trong đánh giá nguy cơ tim mạch và chỉ định điều trị hạ lipid máu.

Theo hướng dẫn của Hiệp hội Tim mạch Hoa Kỳ (AHA/ACC, 2018) và Hiệp hội Tim mạch châu Âu (ESC/EAS, 2019), mục tiêu điều trị LDL-C ngày càng được hạ thấp, xuống dưới 1,8 mmol/L (70 mg/dL) ở nhóm nguy cơ rất cao, thậm chí dưới 1,4 mmol/L hoặc 1,0 mmol/L ở bệnh nhân có biến cố tim mạch tái phát [5,6]. Do đó, yêu cầu về độ chính xác của các công thức ước tính LDL-C ngày càng quan trọng,

đặc biệt trong vùng nồng độ thấp.

Công thức Friedewald (1972) là phương pháp tính LDL-C phổ biến nhất nhờ đơn giản và chi phí thấp, nhưng độ chính xác giảm rõ khi triglycerid (TG) tăng >4,5 mmol/L hoặc ở bệnh nhân có rối loạn chuyển hóa lipoprotein [2]. Các công thức mới như Martin-Hopkins (2013) và Sampson-NIH (2020) đã được phát triển nhằm cải thiện sai số, tuy nhiên ở vùng LDL-C thấp, các phương trình này vẫn cho kết quả chưa tối ưu [3,4].

Gần đây, phương trình Sampson-NIH hiệu chỉnh (2025) được công bố với mục tiêu tối ưu hóa độ chính xác ở nồng độ LDL thấp, đặc biệt trong bối cảnh TG tăng cao. Dữ liệu ban đầu cho thấy công thức này giúp giảm 10–20% sai lệch so với các công

*Tác giả liên hệ

Email: linhhoa251@gmail.com Điện thoại: (+84) 375444465 <https://doi.org/10.52163/yhc.v66iCD19.3575>

thức trước đây [4]. Tuy nhiên, tại Việt Nam, chưa có nghiên cứu nào đánh giá tính ứng dụng của công thức này trong quần thể người Việt.

Vì vậy, chúng tôi thực hiện nghiên cứu này nhằm đánh giá và so sánh độ chính xác của phương trình Sampson-NIH hiệu chỉnh (2025) với các công thức ước tính LDL-C hiện hành.

2. ĐỐI TƯỢNG VÀ PHƯƠNG PHÁP NGHIÊN CỨU

2.1. Thiết kế nghiên cứu: Nghiên cứu mô tả cắt ngang.

2.2. Thời gian và địa điểm nghiên cứu

- Thời gian: Từ tháng 02 năm 2025 đến tháng 08 năm 2025.

- Địa điểm: Khoa Hóa sinh – Huyết học, Bệnh viện Đại học Phenikaa.

2.3. Đối tượng nghiên cứu

Nghiên cứu được thực hiện trên 7.101 bệnh nhân đến khám và điều trị tại Bệnh viện Đại học Phenikaa từ tháng 02 đến tháng 08 năm 2025.

- Tiêu chuẩn chọn mẫu:

+ Bệnh nhân ≥ 18 tuổi.

+ Có đầy đủ kết quả xét nghiệm bộ mỡ máu (TC, TG, HDL-C và LDL-C đo trực tiếp).

- Tiêu chuẩn loại trừ:

+ Bệnh nhân không phải người Việt Nam.

+ Hồ sơ bệnh án thiếu dữ liệu về các biến cần nghiên cứu.

2.4. Cỡ mẫu, chọn mẫu

Cỡ mẫu được chọn theo phương pháp thuận tiện, gồm toàn bộ 7.101 hồ sơ đạt tiêu chuẩn trong khoảng thời gian nghiên cứu.

2.5. Chỉ số nghiên cứu

- Chỉ số cơ bản: Tuổi, giới, TC, TG, HDL-C, dLDL-C (mmol/L).

- LDL-C ước tính (cLDL-C): tính theo bốn công thức:

+ Friedewald (1972): F-LDL = TC – HDL-C – TG/5 (mg/dL) [1]

+ Martin-Hopkins (2013): M-LDL = TC – HDL-C – TG / Hệ số Martin (mg/dL) [2] (Hệ số Martin theo bảng phân tầng non-HDL và TG sẵn có từ bảng tính Martin-Hopkins LDL calculator)

+ Sampson (2020): S-LDL = (TC / 0.948) – (HDL-C / 0.971) – ((TG / 8.56) + (TG × non-HDL-C / 2140) – (TG² / 16100)) – 9.44 (mg/dL) [3]

+ Sampson hiệu chỉnh (2025): SM-LDL = non-HDL-C – TG/8.37 – (TG × nonHDL-C)/2640 + TG²/17400 (mg/dL) [4]

2.6. Kỹ thuật, công cụ và quy trình thu thập số liệu

Mẫu được phân tích bằng hệ thống máy Beckman Coulter AU5800 tại Khoa Hóa sinh – Huyết học, sử dụng thuốc thử và quy trình chuẩn của nhà sản xuất. Kết quả đo trực tiếp LDL-C được sử dụng làm giá trị tham chiếu chuẩn.

Số liệu được thu thập qua hệ thống bệnh án điện tử của bệnh viện Đại học Phenikaa.

2.7. Xử lý và phân tích số liệu

Số liệu được nhập và xử lý bằng phần mềm SPSS 20.0 và R 4.1.1.

Độ chính xác của các công thức ước tính LDL-C so với LDL-C đo trực tiếp (dLDL-C) được đánh giá thông qua: Hệ số tương quan Pearson (r), Hệ số tương hợp Lin (Lin's Concordance Correlation Coefficient - CCC). Các chỉ số sai số: sai số trung bình (Bias), sai số tuyệt đối trung bình (MAD) và sai số bình phương trung bình (RMSE). Tỷ lệ phân loại sai, hệ số Kappa và chỉ số cải thiện phân loại ròng (NRI) của từng công thức được so sánh với công thức Friedewald (1972).

Toàn bộ phép tính theo công thức Friedewald Martin-Hopkins, Sampson 2020/2025 được thực hiện trên mg/dL sau khi quy đổi, được chuyển về mmol/L để mô tả và phân tích (1 mmol/L cholesterol = 38,67 mg/dL; 1 mmol/L triglycerid = 88,57 mg/dL)

3. KẾT QUẢ NGHIÊN CỨU

3.1. Đặc điểm chung của đối tượng nghiên cứu

Bảng 1. Đặc điểm chung của đối tượng nghiên cứu (n = 7.101)

Chỉ số	Trung bình $\pm$ SD hoặc Trung vị (IQR)
Tuổi (năm)	49,4 $\pm$ 16,4
Nam giới, n (%)	2.728 (38,4%)
Nữ giới, n (%)	4.373 (61,6%)
Cholesterol toàn phần (TC, mmol/L)	5,16 $\pm$ 1,17
Triglycerid (TG, mmol/L)	1,69 (1,10 – 2,59)
HDL-C (mmol/L)	1,35 $\pm$ 0,32
LDL-C đo trực tiếp (mmol/L)	3,40 $\pm$ 0,84

Tuổi trung bình của đối tượng là 49,4 $\pm$ 16,4, nữ giới chiếm đa số (61,6%). Nồng độ TC và LDL-C trung bình nằm trong giới hạn bình thường, trong khi TG có độ biến thiên khá lớn, phản ánh sự đa dạng về tình trạng chuyển hóa lipid.

3.2. So sánh độ chính xác của các công thức ước tính LDL-C

Bảng 2. So sánh các công thức ước tính LDL-C so với LDL-C đo trực tiếp (toàn bộ mẫu)

Công thức	r	Lin's CCC	Bias (mmol/L)	MAD (mmol/L)	RMSE (mmol/L)
Friedewald	0,865	0,714	-0,576	0,58	0,77
Martin-Hopkins	0,968	0,876	-0,395	0,40	0,46
Sampson	0,931	0,752	+0,579	0,68	0,80
Sampson hiệu chỉnh	0,966	0,935	+0,028	0,19	0,35

Trên toàn bộ mẫu, phương trình Sampson 2025 đạt hệ số tương quan cao nhất với LDL-C đo trực tiếp ($r = 0,966$; CCC = 0,935), sai số bình phương trung bình thấp nhất (RMSE = 0,35 mmol/L) và sai số trung bình gần bằng 0 (Bias = +0,028 mmol/L). Martin-Hopkins cũng cho kết quả tương quan tốt ($r = 0,968$; RMSE = 0,46 mmol/L). Ngược lại, Friedewald và Sampson 2020 cho sai số lớn hơn (RMSE lần lượt 0,77 và 0,80 mmol/L)

3.3. So sánh độ chính xác của các công thức theo dải triglyceride

Bảng 3. So sánh độ chính xác của các công thức LDL-C theo các dải TG

Dải TG (mmol/L)	Công thức	n	r	Lin's CCC	Bias (mmol/L)	RMSE (mmol/L)
< 1,7	Friedewald (1972)	2.986	0,902	0,802	-0,39	0,46
	Martin-Hopkins (2013)	2.986	0,977	0,913	-0,25	0,38
	Sampson (2020)	2.986	0,952	0,877	+0,28	0,47
	Sampson (2025)	2.986	0,973	0,942	+0,02	0,31
1,7 – 4,5	Friedewald (1972)	3.450	0,855	0,682	-0,60	0,78
	Martin-Hopkins (2013)	3.450	0,961	0,861	-0,37	0,44
	Sampson (2020)	3.450	0,926	0,741	+0,53	0,63
	Sampson (2025)	3.450	0,966	0,914	+0,03	0,34
> 4,5	Friedewald (1972)	665	0,711	0,534	-0,95	1,05
	Martin-Hopkins (2013)	665	0,857	0,718	-0,64	0,84
	Sampson (2020)	665	0,813	0,663	+0,74	0,92
	Sampson (2025)	665	0,912	0,891	+0,07	0,41

Phân tích theo các dải TG cho thấy Sampson 2025 duy trì độ tương hợp cao và sai số thấp ở mọi mức TG.

3.4. Phân loại bệnh nhân theo ngưỡng LDL-C điều trị

Bảng 4. Khả năng phân loại bệnh nhân theo ngưỡng LDL-C điều trị

Ngưỡng LDL-C (mmol/L)	Công thức	Kappa	Tỷ lệ phân loại sai (%)	NRI so với Friedewald
1,8	Martin-Hopkins	0,61	4,8	+0,056
	Sampson (2020)	0,58	6,3	-0,031
	Sampson (2025)	0,69	3,5	+0,088
1,4	Martin-Hopkins	0,55	6,1	+0,032
	Sampson (2020)	0,47	8,0	-0,080
	Sampson (2025)	0,62	5,2	+0,042
1,0	Martin-Hopkins	0,44	8,6	+0,020
	Sampson (2020)	0,31	12,3	-0,309
	Sampson (2025)	0,51	7,1	+0,024

Công thức Sampson 2025 đạt hệ số Kappa cao nhất (0,69; 0,62; 0,51) và tỷ lệ phân loại sai thấp nhất (3,5–7,1%) ở cả ba ngưỡng LDL-C điều trị (1,8; 1,4; 1,0 mmol/L). So với Friedewald, Sampson 2025 có NRI dương ở tất cả các ngưỡng, phản ánh khả năng cải thiện phân loại lâm sàng và giảm nguy cơ xếp nhầm bậc điều trị. Trong khi đó, Sampson 2020 cho NRI âm, biểu hiện xu hướng đánh giá quá cao LDL-C, đặc biệt khi nồng độ thấp. Martin–Hopkins duy trì độ chính xác trung gian, tuy nhiên vẫn có bias âm nhẹ.

4. BÀN LUẬN

Kết quả nghiên cứu của chúng tôi cho thấy phương trình Sampson–NIH hiệu chỉnh (2025) có độ chính xác vượt trội trong ước tính nồng độ LDL-C so với các công thức trước đây. Trên toàn bộ mẫu nghiên cứu, công thức này đạt hệ số tương quan cao ($r = 0,966$), độ tương hợp Lin's CCC = 0,935 và RMSE thấp nhất (0,35 mmol/L), đồng thời sai số trung bình Bias gần bằng 0. Điều này chứng tỏ khả năng hiệu chỉnh tốt của phương trình mới trong toàn bộ phổ giá trị lipid. Kết quả này hoàn toàn phù hợp với báo cáo của Sampson và cộng sự (Clin Chem, 2025), trong đó công thức hiệu chỉnh đạt CCC = 0,992 và giảm sai số tuyệt đối trung bình MAD khoảng 15–20% so với Sampson 2020, đặc biệt ở vùng LDL thấp [4].

So với Friedewald (1972) – công thức vẫn đang phổ biến trong thực hành lâm sàng – độ chính xác của công thức này giảm đáng kể khi TG > 4,5 mmol/L hoặc LDL-C < 1,4 mmol/L. Kết quả của chúng tôi cũng cho thấy RMSE = 0,77 mmol/L, sai số lớn nhất trong bốn công thức. Phát hiện này tương đồng với nghiên cứu của Martin et al. (JAMA, 2013), trong đó sai số trung bình của Friedewald có thể đạt tới 12–15 mg/dL ở nhóm TG cao [2]. Trong bối cảnh các hướng dẫn điều trị gần đây (AHA/ACC 2018, ESC/EAS 2019) hạ thấp mục tiêu LDL-C, việc tiếp tục sử dụng Friedewald tiềm ẩn nguy cơ đánh giá sai bậc điều trị [5,6].

Phương trình Martin–Hopkins (2013), với hệ số TG linh hoạt theo non-HDL-C, thể hiện độ chính xác tốt hơn Friedewald và hiện đã được FDA chấp thuận sử dụng trong báo cáo xét nghiệm tại Hoa Kỳ. Trong nghiên cứu của chúng tôi, công thức này đạt $r = 0,968$, CCC = 0,876, RMSE = 0,46 mmol/L, tương đồng với nghiên cứu của Rohatgi et al. (J Clin Lipidol, 2021), với RMSE khoảng 0,43 mmol/L [9]. Tuy nhiên, Martin–Hopkins vẫn cho bias âm nhẹ ở vùng LDL thấp (<1,4 mmol/L), nghĩa là có xu hướng ước tính thấp hơn thực tế, tương tự kết quả của Koba et al. (Atherosclerosis, 2023) trên quần thể Nhật Bản [8].

Công thức Sampson (2020) là bước tiến quan trọng khi lần đầu tiên bổ sung yếu tố phi tuyến (bậc hai của TG), giúp mô hình hóa chính xác hơn mối quan hệ TG–VLDL. Tuy vậy, kết quả của chúng tôi cho thấy công thức này có bias dương đáng kể (+0,58

mmol/L), tức ước tính cao hơn thực tế khi LDL thấp và TG cao. Kết quả này phù hợp với Ahmadi et al. (Clin Biochem, 2022), trong đó Sampson 2020 có bias dương trung bình 5,8 mg/dL (~0,15 mmol/L) ở nhóm TG > 2,3 mmol/L [7].

Việc điều chỉnh trong công thức Sampson 2025 giúp loại bỏ sai lệch dương ở vùng LDL thấp, cải thiện tương hợp đáng kể. Trong nghiên cứu của chúng tôi, CCC tăng từ 0,752 (Sampson 2020) lên 0,935, trong khi bias giảm từ +0,58 mmol/L xuống gần 0 (0,028 mmol/L). Các cải thiện này nhất quán với báo cáo của nhóm Sampson (2025), khẳng định hiệu quả hiệu chỉnh ở vùng LDL <1,4 mmol/L [4].

Khi phân tích theo các dải triglycerid, Sampson 2025 duy trì độ chính xác cao ở tất cả các khoảng TG. Ở nhóm TG >4,5 mmol/L, công thức này vẫn đạt CCC = 0,891 và RMSE = 0,41 mmol/L, trong khi Friedewald giảm mạnh (CCC = 0,534). Martin–Hopkins có độ tương hợp trung gian (CCC ≈ 0,88) nhưng vẫn giảm khi TG cao.

Ngoài độ chính xác định lượng, Sampson 2025 còn cải thiện khả năng phân loại lâm sàng. Kết quả của chúng tôi cho thấy NRI dương ở cả ba ngưỡng LDL-C điều trị (1,8; 1,4; 1,0 mmol/L), chứng tỏ khả năng phân loại bệnh nhân chính xác hơn Friedewald. Theo Grundy et al. (AHA, 2018), chỉ cần sai lệch 0,26 mmol/L LDL-C đã có thể làm thay đổi bậc điều trị ở nhóm nguy cơ rất cao [5]. Do đó, sự cải thiện này có ý nghĩa thực hành đáng kể.

Một điểm đáng chú ý khác là hiệu năng ổn định của Sampson 2025 ở bệnh nhân tăng TG, đặc biệt trong dân số châu Á – nơi TG trung bình thường cao hơn người phương Tây 15–20% [8]. Kết quả của chúng tôi góp phần khẳng định tính phù hợp của công thức này trong quần thể Việt Nam, nơi tỷ lệ rối loạn lipid máu và hội chứng chuyển hóa ngày càng gia tăng.

Về mặt ứng dụng thực hành, phương trình Sampson 2025 chỉ sử dụng các chỉ số lipid thường quy (TC, TG, HDL-C), do đó có thể triển khai ngay trong hệ thống xét nghiệm hiện có mà không cần thay đổi quy trình hay phần mềm. Trong bối cảnh nhiều cơ sở y tế tại Việt Nam sử dụng phương pháp ước tính LDL-C gián tiếp, việc áp dụng công thức Sampson 2025 sẽ góp phần chuẩn hóa, giảm chi phí, tăng độ tin cậy và hỗ trợ hiệu quả cho quyết định lâm sàng.

5. KẾT LUẬN

Phương trình Sampson–NIH hiệu chỉnh (2025) cải thiện đáng kể độ chính xác trong ước tính LDL-C huyết tương so với các công thức hiện hành, đặc biệt ở nhóm có LDL-C thấp và TG cao. Công thức này nâng cao khả năng phân loại điều trị và phù hợp áp dụng trong thực hành xét nghiệm thường quy tại Việt Nam.

TÀI LIỆU THAM KHẢO

- [1] Friedewald WT, Levy RI, Fredrickson DS. Estimation of the concentration of low-density lipoprotein cholesterol in plasma, without use of the preparative ultracentrifuge. *Clin Chem*. 1972;18(6):499–502.
- [2] Martin SS, Blaha MJ, Elshazly MB, et al. Comparison of a novel method vs the Friedewald equation for estimating low-density lipoprotein cholesterol levels from the standard lipid profile. *JAMA*. 2013;310(19):2061–2068.
- [3] Sampson M, Ling C, Sun Q, et al. A new equation for calculation of low-density lipoprotein cholesterol in patients with hypertriglyceridemia. *JAMA Cardiol*. 2020;5(5):540–548.
- [4] Sampson M, Zubirán R, Wolska A, et al. A modified Sampson–NIH equation with improved accuracy for estimating low levels of low-density lipoprotein cholesterol. *Clin Chem*. 2025;71(7):—. doi:10.1093/clinchem/hvaf073.
- [5] Grundy SM, Stone NJ, Bailey AL, et al. 2018 AHA/ACC/AACVPR/AAPA/ABC/ACPM/ADA/AGS/APhA/ASPC/NLA/PCNA guideline on the management of blood cholesterol. *Circulation*. 2019;139(25):e1082–e1143.
- [6] Mach F, Baigent C, Catapano AL, et al. 2019 ESC/EAS Guidelines for the management of dyslipidaemias: lipid modification to reduce cardiovascular risk. *Eur Heart J*. 2020;41(1):111–188.
- [7] Ahmadi N, Nabipoor M, Mohammadi M, et al. Evaluation of LDL-cholesterol estimation formulas at low levels and high triglycerides. *Clin Biochem*. 2022;106:45–52.
- [8] Koba S, Hirano T, Ito Y, et al. Performance of Sampson and Martin-Hopkins equations for estimating LDL-cholesterol in a Japanese population. *Atherosclerosis*. 2023;367:34–42.

