สำนักหอสมุดกลาง พระจอมเกล้าลาดกระบัง

โปรแกรมบันทึกข้อมูลความแตกต่างของแถบ DNA

Automated DNA Fragments Documentation

นางสาว กนกวรรณ สถิรวัฒนานนท์

นาย เกรียงไกร ดิลกศักดากุล

ปริญญานิพนธ์นี้เป็นส่วนหนึ่งของการศึกษาหลักสูตรปริญญาวิศวกรรมศาสตรบัณฑิต

ภาควิชาวิศวกรรมคอมพิวเตอร์

คณะวิศวกรรมศาสตร์

สถาบันเทคโนโลยีพระจอมเกล้าเจ้าคุณทหารลาดกระบัง

ปีการศึกษา 2544

เลขหมู่.....
เลขทะเบียน 46159
วัน, เดือน, ปี 20 มี.ค. 2546

.b.....
.i.....

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า ไม่ว่ากรณีใดๆ ทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ดัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

โปรแกรมบันทึกข้อมูลความแตกต่างของแถบ DNA

Automated DNA Fragments Documentation

โดย

นางสาว กนกวรรณ สถิรวัฒนานนท์

นาย เกรียงไกร ดิลกศักดากุล

อาจารย์ที่ปรึกษา

ดร. ชุติเมษฎ์ ศรีนิลทา

ปริญญานิพนธ์นี้เป็นส่วนหนึ่งของการศึกษาหลักสูตรปริญญาวิศวกรรมศาสตรบัณฑิต

ภาควิชาวิศวกรรมคอมพิวเตอร์

คณะวิศวกรรมศาสตร์

สถาบันเทคโนโลยีพระจอมเกล้าเจ้าคุณทหารลาดกระบัง

ปีการศึกษา 2544

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า ไม่ว่ากรณีใดๆ ทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ดัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

ปริญญานิพนธ์ปีการศึกษา 2544

ภาควิชา วิศวกรรมคอมพิวเตอร์

คณะวิศวกรรมศาสตร์ สถาบันเทคโนโลยีพระจอมเกล้าเจ้าคุณทหารลาดกระบัง

เรื่อง โปรแกรมบันทึกข้อมูลความแตกต่างของแถบ DNA

Automated DNA Fragments Documentation

ผู้จัดทำ

1. นางสาว กนกวรรณ สถิรวัฒนานนท์ รหัสประจำตัว 41014003
2. นาย เกรียงไกร ดิลกศักดากุล รหัสประจำตัว 41014040

ชุติเมษฎ์ ศรีนิลทา อาจารย์ที่ปรึกษา

(ดร. ชุติเมษฎ์ ศรีนิลทา)

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า ไม่ว่ากรณีใดๆ ทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ดัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

โปรแกรมบันทึกข้อมูลความแตกต่างของแถบ DNA

นางสาว กนกวรรณ สถิรวัฒนานนท์ 41014003
นาย เกรียงไกร ดิลกศักดากุล 41014040
ดร. ชุติเมษฎ์ ศรีนิลทา อาจารย์ที่ปรึกษา
ปีการศึกษา 2544

บทคัดย่อ

การจำแนก และวิเคราะห์ความแตกต่างของพืชแต่ละสายพันธุ์ เป็นงานที่มีความสำคัญทางด้านพันธุ์ศาสตร์ เพื่อที่จะสร้างพืชสายพันธุ์ใหม่ๆขึ้น ในงานวิจัยนี้ได้พัฒนาซอฟแวร์ต้นแบบ สำหรับช่วยในการบันทึกข้อมูลความแตกต่างของแถบดีเอ็นเอ โดยข้อมูลที่นำมาวิเคราะห์เป็นไฟล์รูปภาพที่ได้มาจากการทดลองในห้องแล็บ ซึ่งเราได้มีกระบวนการปรับปรุงรูปภาพให้มีความคมชัดมากขึ้นก่อนทำการหาความแตกต่าง การทำงานแบ่งได้เป็น 3 ขั้นตอน คือ 1. การกำจัดสัญญาณรบกวนบนภาพ (Smoothing) 2. การปรับความคมชัดของรูปภาพ (Histogram Equalization) 3. การแปลงภาพให้เป็นรูปขาว – ดำ (Binarization) หลังจากนั้นจึงนำภาพมาผ่านกระบวนการหาแถบสว่างของดีเอ็นเอ และทำการบันทึกผลที่ได้ลง Excel ไฟล์

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า ไม่ว่ากรณีใดๆ ทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ดัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

Automated DNA Fragments Documentation

Kanokwan Satirawatananon

Kriangkrai Diloksakdakul

Dr. Chutimet Srinilta Advisor

Abstract

The classification and analysis of DNA images is an important task in medical genetic to create new species of plant. The purpose of this project is to develop a software prototype that assists researcher in documenting the difference of DNA's band. The preparation process which prepares DNA images steps : smoothing , histogram equalization and binarization. After that the program scores the DNA fagments and write output to Microsoft Excel files.

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า ไม่ว่ากรณีใดๆ ทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ดัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

กิตติกรรมประกาศ

ปริญญานิพนธ์นี้คงไม่อาจเสร็จได้ด้วยดี หากไม่ได้รับความช่วยเหลือ และความร่วมมือจากบุคคลหลายๆฝ่าย บุคคลแรกที่ต้องกล่าวถึง เพราะเป็นบุคคลที่มีส่วนทำให้วิทยานิพนธ์นี้เสร็จลงได้ด้วยดี ก็คือ ดร. ชุติเมษฎ์ ศรีนิลทา อาจารย์ที่ปรึกษาโครงงานนี้ อาจารย์ได้ให้ความช่วยเหลือต่าง ๆ ไม่ว่าจะเป็น คำแนะนำ ข้อมูล รวมทั้ง ความเอาใจใส่ ซึ่งต้องขอขอบพระคุณอาจารย์ ณ.ที่นี้ด้วย

และต้องขอขอบพระคุณ บิดา มารดา อันเป็นที่เคารพรักยิ่ง ซึ่งได้เลี้ยงดูผู้เขียนมาเป็นอย่างดี พร้อมทั้งให้โอกาสการศึกษาอย่างเต็มที่ ข้าพเจ้าขอระลึกในพระคุณอันสุดประมาณ และขอกราบขอบพระคุณมา ณ ที่นี้

กนกวรรณ สถิรวัฒนานนท์

เกรียงไกร ดิลกศักดากุล

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า ไม่ว่ากรณีใดๆ ทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ดัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

สารบัญ

บทคัดย่อภาษาไทย	I
บทคัดย่อภาษาอังกฤษ	II
กิตติกรรมประกาศ	III
สารบัญ	IV
สารบัญภาพ	VII
สารบัญตาราง	VIII
บทที่ 1 บทนำ	1
1.1 ความสำคัญของโครงงาน	1
1.2 วัตถุประสงค์ของโครงงาน	1
1.3 ขอบเขตของโครงงาน	2
1.4 ข้อมูลที่ใช้ และ ผลลัพธ์ที่ได้จากโครงงาน	2
บทที่ 2 ทฤษฎีเกี่ยวกับ DNA	4
2.1 ลักษณะทางพันธุกรรม	4
2.1.1 ความแปรผันของลักษณะทางพันธุกรรม	4
2.1.2 ลักษณะทางพันธุกรรมกับสิ่งแวดล้อม	4
2.2 สารพันธุกรรม	5
2.2.1 การค้นพบสารพันธุกรรม	5
2.2.2 การพิสูจน์ว่าดีเอ็นเอเป็นสารพันธุกรรม	6
2.3 องค์ประกอบทางเคมีและโครงสร้างของดีเอ็นเอ	8
บทที่ 3 ทฤษฎีและหลักการเบื้องต้น	13
3.1 การกำจัดสัญญาณรบกวนบนภาพ	13
3.2 การปรับค่าความสว่างของภาพให้ดูชัดเจนยิ่งขึ้น	14
3.3 การแปลงภาพเป็น 2 ระดับ	16
3.4 การหาค่าเทรสโฮลด์	17
3.4.1 การหาความชันระดับของระดับความเข้มของภาพ	18
3.4.2 การเลือกค่าเทรสโฮลด์โดยการทำซ้ำ	19
บทที่ 4 ขั้นตอนการทำงาน	21
4.1 การแยกแถบดีเอ็นเอออกเป็นคอลัมน์	24
4.2 การหาแถว และนำแถวที่ได้มาหาแถบดีเอ็นเอภายในแถว	26
4.3 การเปรียบเทียบแถบดีเอ็นเอ และการเชื่อมแถบดีเอ็นเอในแต่ละแถว	27
4.4 การประมวลผลแถบดีเอ็นเอ และการบันทึกแถบดีเอ็นเอ	28
บทที่ 5 การทดลองและผลการทดลอง	30

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า ไม่ว่ากรณีใดๆ ทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ดัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

5.1 ผลของการแยกแถบดีเอ็นเอออกเป็นคอลัมน์ 31
5.2 ผลของการหาแถว และนำแถวที่ได้มาหาแถบดีเอ็นเอภายในแถว 32
5.3 ผลของการเปรียบเทียบแถบดีเอ็นเอ และการเชื่อมแถบดีเอ็นเอในแต่ละแถว 33
5.4 การประมวลผลแถบดีเอ็นเอ และการบันทึกแถบดีเอ็นเอ 34
5.5 เปรียบเทียบรูปแถบดีเอ็นเอที่ได้จากการทดลองในแต่ละขั้นตอนตามลำดับ 34
5.5.1 ภาพที่มีพื้นหลังและแถบสว่างอยู่ในช่วงเดียวกัน 35
5.5.2 ภาพที่มีพื้นหลังและแถบสว่างหลายระดับ 36
5.5.3 ภาพที่มีลักษณะเอียง 38
5.6 สรุปเปอร์เซ็นต์ของผลการทดลองจากการทดลองหลาย ๆ ครั้ง 39
บทที่ 6 สรุปผลการทดลอง 40
6.1 ผลสรุปจากการทดลอง 40
6.2 ลักษณะของภาพที่นำมาทดลอง 40
6.3 แสดงการเปรียบเทียบวิธีในการหาค่าทดลอง 41
6.3.1 การหาค่าเทรสโฮลด์แบบไอเทอเรทีฟ 42
6.3.2 การหาค่าเทรสโฮลด์ด้วยวิธีการหาความชันของระดับความเข้มของภาพ 42
ภาคผนวก โครงสร้าง Bitmap 43
โครงสร้างของ BITMAPFILEHEADER 43
โครงสร้างของ BITMAPINFO 43
โครงสร้างของ BITMAPINFOHEADER 44
โครงสร้างของ RGBQUAD 45
สรุป Layout ของ DIB Format 46
บรรณานุกรม 47

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า ไม่ว่ากรณีใดๆ ทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ดัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

สารบัญภาพ

รูปที่ 1.1	ตัวอย่างภาพ DNA ที่ได้จากห้อง Lab	3
รูปที่ 2.1	ภาพแสดงการทดลองทรานสฟอร์เมชั่น โดยนายแพทย์กริฟฟิท	7
รูปที่ 2.2	ภาพแสดงการทดลองที่พิสูจน์ว่า ดีเอ็นเอ เป็นสารพันธุกรรม โดยแอเวอรี่ แมคลีด และ แมคคาธี	8
รูปที่ 2.3	สูตรโครงสร้างของเบสภาพ	9
รูปที่ 2.4	สูตรโครงสร้างทางเคมีของน้ำตาลเพนโทส	9
รูปที่ 2.5	แสดงส่วนประกอบทางเคมีของดีเป็นเอ ก) ภายในหนึ่งคลีโอไทด์ ข) ระหว่างนิวคลีโอไทด์	10
รูปที่ 2.6	ถ่ายของผลึกดีเอ็นเอ ถ่ายจากเทคนิค X – ray diffraction	10
รูปที่ 2.7	แสดงการจับกันด้วยพันธะไฮโดรเจนระหว่างคู่เบสในดีเอ็นเอ	11
รูปที่ 2.8	โครงสร้างระดับโมเลกุลของดีเอ็นเอแสดงถึงการจับกันระหว่าง น้ำตาล – ฟอสเฟท และการ “วิ่ง” ในทิศทางตรงข้ามของ 2 โพลี่นิวคลีโอไทด์ ก)การจับกันระหว่าง A กับ T ข)โครงสร้าระดับโมเลกุล ค)โครงสร้างอย่างง่าย ง)แบบจำลอง “เกลียวคู่” และ จ)แบบจำลองเกลียวคู่ที่แสดงอะตอมของธาตุองค์ประกอบ	12
รูปที่ 3.1	รูปก่อนทำการ Average Filtering	14
รูปที่ 3.2	รูปหลังจากทำ Average Filtering (รูปจะค่อนข้างเบลออย่างเป็นได้ชัด)	14
รูปที่ 3.3	รูป และ ฮิสโตแกรมของรูปก่อนทำฮิสโตแกรมอีควอไลเซชั่น	15
รูปที่ 3.4	รูป และ ฮิสโตแกรมของรูปหลังทำฮิสโตแกรมอีควอไลเซชั่น	15
รูปที่ 3.5	แสดงการหาค่าเทรสโฮลด์ที่จุดกึ่งกลางของจุดยอดทั้งสอง	17
รูปที่ 4.1	ภาพแถบดีเอ็นเอ	21
รูปที่ 4.2	ภาพที่ผ่านกระบวนการฮิสโตแกรมอีควอไลเซชั่น	21
รูปที่ 4.3	ฮิตโตแกรมของภาพที่มีระดับสีของพื้นหลัง และ ระดับสีของแถบสว่างอยู่ในช่วงเดียวกัน	22
รูปที่ 4.4	ฮิตโตแกรมของภาพที่มีระดับสีของพื้นหลังอยู่ในช่วงเดียวกัน แต่ระดับสีของแถบสว่างหลายช่วง	22
รูปที่ 4.5	ฮิตโตแกรมของภาพที่มีระดับสีของพื้นหลังหลายช่วง แต่ระดับสีของแถบสว่างอยู่ในช่วงเดียวกัน	23
รูปที่ 4.6	ฮิตโตแกรมของภาพที่มีระดับสีของพื้นหลัง และระดับสีของแถบสว่างหลายช่วง	23
รูปที่ 4.7	ฮิตโตแกรมของภาพที่มีระดับสีของพื้นหลัง และระดับสีของแถบดีเอ็นเอกลมกลืนกัน	23
รูปที่ 4.8	ภาพแถบดีเอ็นเอที่ผ่านขั้นตอนการแยกพื้นหลังออกจากวัตถุ โดยวิธีการหาความชันของระดับความเข้มของภาพ	25
รูปที่ 4.9	การสแกนหาวัตถุในแนวดิ่ง	26

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า ไม่ว่ากรณีใดๆ ทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ดัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

รูปที่ 4.10 ขั้นตอนการเก็บค่าความยาวของแถบสว่าง และค่าระห่างระหว่างคอลัมน์ 26
รูปที่ 4.11 การบันทึกขอบบน และขอบล่างของแถบดีเอ็นเอ 27
รูปที่ 4.12 การเปรียบเทียบแถบดีเอ็นเอ และการเชื่อมแถบดีเอ็นเอในแต่ละแถว 27
รูปที่ 4.13 การบันทึกข้อมูลของแถบดีเอ็นเอ 28
รูปที่ 5.1 ลักษณะของโปรแกรม 30
รูปที่ 5.2 ภาพดีเอ็นเอที่นำมาทดลอง 31
รูปที่ 5.3 ภาพแถบดีเอ็นเอที่ผ่านกระบวนการไบนาริเซชั่น 22
รูปที่ 5.4 ผลการหาคอลัมน์ของแถบดีเอ็นเอ 32
รูปที่ 5.5 ผลการนำ แถวที่ได้มาหาแถบดีเอ็นเอภายในแถว 33
รูปที่ 5.6 ผลการเปรียบเทียบแถบดีเอ็นเอ และการเชื่อมแถบดีเอ็นเอ 33
รูปที่ 5.7 การบันทึกแถบดีเอ็นเอลงบนไมโครซอฟท์ Excel 34
รูปที่ 5.8 ภาพที่มีพื้นหลัง และ วัตถุอยู่ในช่วงเดียวกัน 35
รูปที่ 5.9 ผลของรูปที่ 5.8 หลังผ่านการทำไบนาริเซชั่นที่ใช้ที่ใช้ค่าเทรสโฮลด์เดียวทั้งรูป 35
รูปที่ 5.10 ผลของรูปที่ 5.8 หลังผ่านการทำไบนาริเซชั่นที่ใช้ที่ใช้ค่าเทรสโฮลด์ในแต่ละคอลัมน์ 35
รูปที่ 5.11 ผลของรูปที่ 5.8 หลังผ่านการทำไบนาริเซชั่นที่ใช้ที่ใช้ค่าเทรสโฮลด์ในแต่ละเซลล์ 35
รูปที่ 5.12 ภาพที่มีพื้นหลัง และ วัตถุอยู่ในช่วงเดียวกัน 36
รูปที่ 5.13 ผลของรูปที่ 5.12 หลังผ่านการทำไบนาริเซชั่นที่ใช้ที่ใช้ค่าเทรสโฮลด์เดียวทั้งรูป 36
รูปที่ 5.14 ผลของรูปที่ 5.12 หลังผ่านการทำไบนาริเซชั่นที่ใช้ที่ใช้ค่าในแต่ละคอลัมน์ 37
รูปที่ 5.15 ผลของรูปที่ 5.12 หลังผ่านการทำไบนาริเซชั่นที่ใช้ที่ใช้ค่าเทรสโฮลด์ในแต่ละเซลล์ 37
รูปที่ 5.16 แสดงรูปที่เกิดการเอียง และมีความแตกต่างระหว่างพื้นหลัง และแถบสว่างหลายช่วง 38
รูปที่ 5.17 ผลของรูปที่ 5.16 หลังผ่านการทำไบนาริเซชั่นที่ใช้ที่ใช้ค่าเทรสโฮลด์เดียวทั้งรูป 38
รูปที่ 5.18 ผลของรูปที่ 5.16 หลังผ่านการทำไบนาริเซชั่นที่ใช้ที่ใช้ค่าเทรสโฮลด์ในแต่ละคอลัมน์ 38
รูปที่ 5.19 ผลของรูปที่ 5.16 หลังผ่านการทำไบนาริเซชั่นที่ใช้ค่าเทรสโฮลด์ในแต่ละเซลล์ 38

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า ไม่ว่ากรณีใดๆ ทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ดัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

สารบัญตาราง

ตารางที่ 1-1 แสดงตัวอย่างผลลัพธ์ที่นักวิจัยนำไปใช้ในการคำนวณความแตกต่างของดีเอ็นเอ 3
ตารางที่ 1-2 แสดงตัวอย่างผลลัพธ์ที่ได้จากโปรแกรม 3
ตารางที่ 3-1 ตัวอย่างฮิสโตแกรมของภาพ 16
ตารางที่ 3-2 ผลลัพธ์ค่าสีใหม่จากการทำฮิสโตแกรมอีควอไลเซชั่น 16
ตารางที่ 4-1 แสดงการลักษณะภาพที่นำมาใช้ และปัญหาที่พบ 24
ตารางที่ 5-1 แสดงความแตกต่างระหว่างผลลัพธ์ที่ได้จากการทำงานแต่ละขั้นตอนของรูป 5.8 36
ตารางที่ 5-2 แสดงความแตกต่างระหว่างผลลัพธ์ที่ได้จากการทำงานแต่ละขั้นตอนของรูป 5.12 37
ตารางที่ 5-3 แสดงความแตกต่างระหว่างผลลัพธ์ที่ได้จากการทำงานแต่ละขั้นตอนของรูป 5.16 38
ตารางที่ 5-4 แสดงเปอร์เซ็นต์ของผลการทดลองจากการทดลองหลาย ๆ ครั้ง 39
ตารางที่ 6-1 แสดงลักษณะแถบดีเอ็นเอกับความถูกต้องที่ได้ 41

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า ไม่ว่ากรณีใดๆ ทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ดัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

บทที่ 1
บทนำ

1.1 ความสำคัญของโครงงาน

เนื่องจากปัจจุบันได้มีความตื่นตัวทางด้านเทคโนโลยีชีวภาพมากขึ้นในประเทศไทย ไม่ว่าจะเป็นการวิจัย การศึกษา หรือการพัฒนาโครงงานที่เกี่ยวข้องกับเทคโนโลยีชีวภาพ ดังนั้นการเรียนรู้และประยุกต์เอาเทคโนโลยีทางด้านไอทีต่าง ๆ เข้ามาใช้จึงเป็นสิ่งที่ช่วยให้การทำงานเป็นไปได้อย่างรวดเร็ว และแม่นยำยิ่งขึ้น

การวิเคราะห์ และปรับปรุงพันธุ์พืช เป็นโครงงานหนึ่งที่เกี่ยวข้องกับเทคโนโลยีทางชีวภาพ ซึ่งถือว่ามีความสำคัญในการอนุรักษ์พันธุกรรมพืช และปรับปรุงพันธุ์พืช โดยก่อนที่จะทำการปรับปรุงพันธุ์พืชจะต้องมีการตรวจสอบพันธุกรรมพ่อพันธุ์ และ แม่พันธุ์เสียก่อน เพราะหากว่าพ่อพันธุ์ และ แม่พันธุ์มีความคล้ายกันด้านพันธุกรรมสูง การปรับปรุงพันธุ์พืชก็จะไม่ค่อยได้ผลเท่าที่ควร เนื่องจากความแตกต่างทางพันธุกรรมค่อนข้างต่ำ เช่นเดียวกันกับการอนุรักษ์พันธุ์พืช หากว่าพ่อพันธุ์ และแม่พันธุ์มีความแตกต่างกันทางด้านพันธุกรรม ก็จะทำให้พืชที่ได้มามีการกลายพันธุ์ไป ไม่ได้ดังที่ต้องการ ดังนั้นจึงต้องมีการวิเคราะห์ความแตกต่างของสายพันธุ์เสียก่อน วิธีการวิเคราะห์ที่สำคัญวิธีการหนึ่งก็คือ การจำแนกความแตกต่างของแถบดีเอ็นเอ (DNA) เนื่องจาก ดีเอ็นเอถือเป็นสารพันธุกรรมชนิดหนึ่งที่สามารถถ่ายทอดสู่รุ่นต่อ ๆ ไปได้

การวิเคราะห์ความแตกต่างของแถบดีเอ็นเอ ทำได้โดยการนำรูปดีเอ็นเอที่ได้จากการทดลองในห้องแล็บมาวิเคราะห์แล้วบันทึกว่าแถบสว่างที่ปรากฏของพืชแต่ละชนิดอยู่ช่วงไหนบ้าง หลังจากนั้นจึงนำมาคำนวณด้วยสูตรทางคณิตศาสตร์ ก็จะได้ค่าที่บ่งบอกถึงความแตกต่างทางพันธุกรรมออกมา ซึ่งหากเรามีโปรแกรมที่สามารถช่วยงานทางด้านวิเคราะห์รูปภาพได้ ก็จะทำให้การทำงานเป็นไปได้อย่างรวดเร็วยิ่งขึ้น จึงได้เกิดเป็นโครงงานวิจัยนี้ขึ้นมา

โครงงานนี้มีวัตถุประสงค์เพื่อที่จะพัฒนาซอฟท์แวร์สำหรับจำแนกความแตกต่างของแถบดีเอ็นเอ ซึ่งจะช่วยลดการทำงานบางส่วนในการอนุรักษ์ และ ปรับปรุงพันธุ์พืชได้ โดยโปรแกรมนี้จะพิจารณารูปดีเอ็นเอที่ได้จากการทดลอง เพื่อหาแถบสว่างทั้งหมดที่ปรากฏในรูป แล้วบันทึกผลออกมาให้อยู่ในรูปของตารางที่แสดงถึงการมี หรือ ไม่มีแถบสว่างในแต่ละช่วง ซึ่งจะมีประโยชน์ในการคำนวณความแตกต่างของพืชแต่ละสายพันธุ์ได้

1.2 วัตถุประสงค์โครงงาน

1.2.1 ศึกษาวิธีการ ในการจำแนกความแตกต่างของแถบดีเอ็นเอ

1.2.2 หาวิธีการที่เหมาะสมเพื่อใช้ในการปรับปรุงภาพให้คมชัด เนื่องจากภาพดีเอ็นเอที่ได้จากห้องทดลองอาจมีคุณสมบัติที่ไม่ดี หรือมีสัญญาณรบกวนเกิดขึ้นระหว่างการสร้างได้ ซึ่ง

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า ไม่ว่ากรณีใดๆ ทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ดัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

จะมีผลทำให้การวิเคราะห์รูปเกิดความผิดพลาดได้ ดังนั้นจึงต้องหาวิธีที่จะช่วยให้ความผิดพลาดในส่วนนี้เกิดน้อยที่สุด

1.2.3 หาวิธีในการในการประมวลผลภาพ เพื่อให้ได้ผลออกมาให้อยู่ในรูปของตารางที่แสดงถึงการมี หรือ ไม่มีแถบสว่างในแต่ละช่วง

1.2.4 ศึกษาการเขียนโปรแกรมในส่วนที่เกี่ยวข้องกับการเข้าถึงข้อมูลของรูปภาพ

1.3 ขอบเขตของโครงงาน

ขอบเขตของงานวิจัยนี้เริ่มตั้งแต่การนำภาพดีเอ็นเอที่ได้จากการทดลองในห้องแล็บ ซึ่งมีลักษณะรูปเป็น ระดับของสีเทา (Gray Scale) ที่มีความเข้มของจุดภาพ 256 ระดับ มาเข้าสู่ขั้นตอนของการประมวลผลภาพ โดยสามารถเลือกได้ว่าจะให้ทำทีละภาพในกรณีที่ผู้ใช้อยากจะปรับปรุงภาพด้วยทูล (Tool) ที่มีในโปรแกรมก่อน หรือ เพื่อความรวดเร็วอาจสั่งให้โปรแกรมทำการคำนวณภาพทั้งโฟล์ดเดอร์ (Folder)ก็ได้ แต่วิธีการนี้ผู้ใช้ไม่สามารถควบคุมการทำงานได้ หากผู้ใช้ต้องการควบคุมการทำงานด้วยตัวเองก็จะมีทูลช่วยดังนี้

- การขจัดสิ่งรบกวนต่าง ๆ ในภาพ
- การปรับความคมชัดของภาพ

สำหรับเทคนิคต่าง ๆ ที่นำมาใช้ในการปรับปรุงรูปภาพนั้นสามารถใช้ได้หลายวิธี เนื่องจากมีงานวิจัยอื่น ๆ ได้นำเสนอไว้มากมาย ในโครงงานนี้ผู้เขียนก็ได้กล่าวถึงไว้พอสังเขป ผู้ที่สนใจก็สามารถที่จะเปลี่ยนแปลงเทคนิคการปรับปรุงภาพต่าง ๆ ไปเป็นเทคนิคที่ซับซ้อนมากยิ่งขึ้นก็ได้เพื่อความถูกต้องและสมบูรณ์มากยิ่งขึ้น

ต่อมาก็มาสู่การประมวลผลภาพโดยเริ่มจากการแปลงภาพจากภาพระดับของสีเทาให้เปลี่ยนมาเป็นภาพขาว – ดำ (Binary) เพื่อง่ายต่อการคำนวณ ซึ่งต้องหาวิธีการที่จะใช้ในการแปลงรูป โดยพิจารณาจากค่าสีที่ปรากฏในแต่ละพิกเซล (Pixel) เพื่อหาค่าที่ดีที่สุดที่จะแยกส่วนของพื้นหลัง (Background) และส่วนของวัตถุ (Object) ได้อย่างถูกต้อง จากนั้นจึงมาสู่ขั้นตอนของการหาแถบสว่างที่ปรากฏในภาพ เพื่อบันทึกผลออกมาว่าแถบสว่างปรากฏอยู่ในช่วงไหนบ้าง

1.4 ข้อมูลที่ใช้ และ ผลลัพธ์ที่ได้จากโครงงาน

อินพุต

ไฟล์รูปภาพดีเอ็นเอที่ได้จากการทดลองในห้องแล็บ ซึ่งมีนามสกุลเป็น .BMP และมีลักษณะเป็นภาพแบบระดับของสีเทาที่มีความเข้มของจุดภาพ 256 ระดับ

เอาท์พุต

ผลลัพธ์ที่ได้จากโปรแกรมจะอยู่ในรูปของตารางที่แสดงถึงการมี หรือไม่มีแถบสว่าง

- 0 แทนการไม่มีแถบสว่าง
- 1 แทนการมีแถบสว่าง
- 9 แทนข้อมูลที่สรุปไม่ได้ว่ามีแถบสว่างหรือไม่มี เนื่องจากข้อมูลไม่ชัดเจน

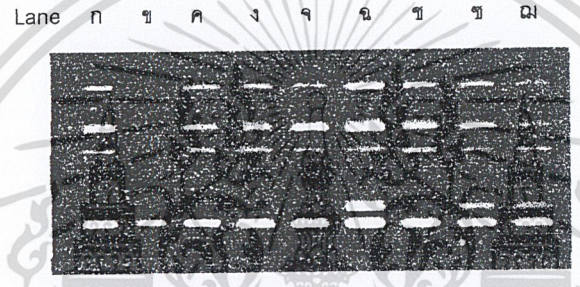
เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ ดัดแปลง เผยแพร่ หรือแสวงหาประโยชน์ด้านการค้า ไม่ว่ากรณีใดๆ ทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ดัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

Probe	ขนาด	ก	ข	ค	ง	จ	ฉ	ช	ซ	ฌ
ABC789a	-	1	0	1	1	1	1	1	1	1
ABC789b	-	0	0	0	0	0	1	0	1	1
ABC789c	-	1	0	0	1	0	0	1	1	0

ตารางที่ 1-1 แสดงตัวอย่างผลลัพธ์ที่นักวิจัยนำไปใช้ในการคำนวณความแตกต่างของดีเอ็นเอ

การบันทึกข้อมูลที่ได้จากอินพุตมาเป็นเอาท์พุต

ตัวอย่าง สมมติ ภาพดีเอ็นเอที่เข้ามามีลักษณะ



รูปที่ 1.1 ตัวอย่างภาพ DNA ที่ได้จากห้อง Lab

แต่เนื่องจากในการทำงานของโปรแกรมต้องการแค่เพียงทำการหาแถบสว่างที่ปรากฏบนภาพเท่านั้น ดังนั้นส่วนของชื่อ โพรบ และ ขนาดของโพรบจึงไม่มีความจำเป็น เราจึงแสดงผลลัพธ์ของโปรแกรมเฉพาะแค่ส่วนข้อมูลที่หาได้จริง ๆ ดังรูป

ก	ข	ค	ง	จ	ฉ	ช	ซ	ฌ
1	0	1	1	1	1	1	1	1
1	0	1	1	1	1	1	1	1
1	0	1	1	1	1	1	1	1
0	0	0	0	0	1	0	1	1
1	1	1	1	1	1	1	1	1

ตารางที่ 1-2 แสดงตัวอย่างผลลัพธ์ที่ได้จากโปรแกรม

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า ไม่ว่ากรณีใดๆ ทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ดัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

บทที่ 2
ทฤษฎีเกี่ยวกับดีเอ็นเอ

2.1 ลักษณะทางพันธุกรรม

คำว่า "พันธุกรรม" หมายถึง หน่วยที่มีคุณสมบัติในการควบคุมลักษณะต่าง ๆ ของสิ่งมีชีวิต การศึกษาพันธุกรรม และความรู้ทางวิทยาศาสตร์ที่ว่าด้วยหลักเกณฑ์ของการถ่ายทอดลักษณะของสิ่งมีชีวิตจากรุ่นหนึ่งไปยังรุ่นต่อ ๆ ไป เราเรียกว่า พันธุศาสตร์ (Genetic)

โลกของสิ่งมีชีวิตจะสมดุลอยู่ได้ย่อมต้องมีองค์ประกอบที่หลากหลาย ทั้งทางด้านกายภาพ และชีวภาพ องค์ประกอบทางชีวภาพก็คือ สิ่งมีชีวิตแต่ละสปีชีส์ ซึ่งดำรงอยู่ได้ก็ด้วยความสามารถของสิ่งมีชีวิตที่จะสืบทอดลูกหลานเพื่อดำรงสปีชีส์ให้คงอยู่ได้ยาวนานที่สุด ในโลกของสิ่งมีชีวิตเราจึงพบอยู่เสมอว่าแม้สิ่งมีชีวิตแต่ละหน่วยจะตายไปตามอายุขัยของตน แต่สปีชีส์ยังคงอยู่ หากสิ่งมีชีวิตต่างก็ตายไปโดยไม่มีการสืบทอดลูกหลาน สปีชีส์ก็ดำรงอยู่ไม่ได้

สิ่งมีชีวิตทั้งหลายมีลักษณะหรือคุณสมบัติที่สามารถปรับตัวเพื่อความอยู่รอดในสิ่งแวดล้อม ลักษณะเหล่านี้หากเป็นลักษณะที่ไม่สามารถสืบทอดไปให้แก่ลูกหลานได้ ความสามารถในการปรับตัวนั้นก็จะหมดไปทุกรุ่นนั่นเอง ดังนั้นการปรับตัวทั้งหลายที่จะมีประโยชน์ต่อการดำรงสปีชีส์จึงต้องเป็นการปรับตัวที่สามารถถ่ายทอดไปยังลูกหลานได้ ความหลากหลายของสิ่งมีชีวิตที่ปรากฏอยู่จนถึงปัจจุบันนี้จึงอาจกล่าวได้ว่าเป็นความหลากหลายทางพันธุกรรมจำนวนมากที่ทำให้สปีชีส์ต่าง ๆ มีความแตกต่างกัน

2.1.1 ความแปรผันของลักษณะทางพันธุกรรม

เป็นที่ทราบกันอยู่แล้วว่าสิ่งมีชีวิตต่างสปีชีส์กันมีความแตกต่างกันมากกว่าสิ่งมีชีวิตสปีชีส์เดียวกัน คนที่เกิดจากพ่อแม่เดียวกันย่อมคล้ายกันมากกว่าคนที่ต่างพ่อแม่กัน ความแตกต่างเหล่านี้เนื่องจากพันธุกรรมที่แตกต่างกัน ซึ่งเรียกว่ามี**ความแปรผันทางพันธุกรรม (genetic variation)**

ความแปรผันทางพันธุกรรมที่สืบทอดไปในแต่ละรุ่นย่อมต้องมีการถ่ายทอดอย่างมีหลักเกณฑ์ มิฉะนั้นแล้วสิ่งมีชีวิตคงไม่สามารถดำรงพันธุ์ไว้ได้ยาวนานถึงเพียงนี้ ลักษณะทั้งหลายที่สืบทอดจากรุ่นหนึ่งไปยังรุ่นต่อ ๆ ไปเรียกว่า **ลักษณะทางพันธุกรรม (genetic character)**

สิ่งมีชีวิตแต่ละหน่วยประกอบขึ้นด้วยลักษณะทางพันธุกรรมจำนวนมาก ลักษณะทางพันธุกรรมบางประเภทเราสามารถวัดปริมาณลดหลั่นกันได้ เช่น ความสูง ลักษณะทางพันธุกรรมประเภทนี้เรียกว่าลักษณะทางพันธุกรรมที่มีความแปรผันต่อเนื่อง (continuous variation) และอีกประเภทหนึ่งคือ ลักษณะทางพันธุกรรมที่เราสามารถบอกความแตกต่างเป็นกลุ่ม ๆ ได้อย่างชัดเจน เช่น หมู่เลือด ลักษณะทางพันธุกรรมประเภทนี้เรียกว่า ลักษณะทางพันธุกรรมที่มีความแปรผันไม่ต่อเนื่อง (discontinuous variation)

2.1.2 ลักษณะทางพันธุกรรมกับสิ่งแวดล้อม

สิ่งที่เราเรียกว่าลักษณะทางพันธุกรรมนั้นมีมากมาย และสามารถตรวจสอบได้ด้วยวิธีการต่าง ๆ หลายวิธี และหลายระดับ ลักษณะทางพันธุกรรมอาจจะเป็นสิ่งที่เล็กถึงระดับโมเลกุลไปจนกระทั่งเป็น

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า ไม่ว่ากรณีใดๆ ทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ดัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

โครงสร้างขนาดใหญ่ ลักษณะที่เราสามารถศึกษาได้ละเอียดถึงระดับโมเลกุล หรือ ปฏิกิริยาภายในเซลล์ ลักษณะนั้นย่อมได้รับอิทธิพลจากสิ่งแวดล้อมน้อยลง เช่น สีผิวเป็นลักษณะทางพันธุกรรมที่เกี่ยวข้องกับรงควัตถุในเซลล์ผิวหนัง ลักษณะนี้จึงไม่ขึ้นกับสิ่งแวดล้อมภายนอก ส่วนลักษณะใดที่ต้องผ่านกระบวนการต่าง ๆ หลายขั้นตอนย่อมมีโอกาสได้รับอิทธิพลจากสิ่งแวดล้อมภายนอกมากขึ้น เช่น ความสูง เป็นลักษณะทางพันธุกรรมที่เกี่ยวข้องกับกระบวนการเจริญเติบโต สิ่งแวดล้อมภายนอก อาทิเช่น อาหาร การเอาใจใส่เลี้ยงดู มีส่วนเกี่ยวข้องด้วย ลักษณะเหล่านี้จึงขึ้นอยู่กับอิทธิพลของสิ่งแวดล้อมภายนอก ด้วยเหตุนี้เอง ความแตกต่างของลักษณะทางพันธุกรรมของสิ่งมีชีวิตจึงมิใช่จะขึ้นอยู่กับพันธุกรรมไปเสียทั้งหมด แต่ส่วนหนึ่งขึ้นอยู่กับสิ่งแวดล้อมด้วย ซึ่งจะมากหรือน้อยก็ขึ้นอยู่กับขั้นตอนที่ทำให้เกิดลักษณะนั้น ๆ

2.2 สารพันธุกรรม

ในปัจจุบันเป็นที่ทราบกันแล้วว่ายีน หรือ สารพันธุกรรมในสิ่งมีชีวิตส่วนใหญ่ คือ สารประกอบจำพวกดีเอ็นเอ ซึ่งเป็นส่วนประกอบหนึ่งของโครโมโซม

2.2.1 การค้นพบสารพันธุกรรม

ในช่วงเวลาที่นักชีววิทยากำลังศึกษารายละเอียดในเซลล์ นักเคมีก็ค้นคว้าเกี่ยวกับองค์ประกอบทางเคมีของเซลล์ ต่อมาในปี ค.ศ. 1869 เอฟ มีเชอร์ (F. Meisher) ได้ค้นพบสารอินทรีย์ชนิดใหม่ในนิวเคลียส เป็นสารที่มีโมเลกุลขนาดใหญ่มีฟอสฟอรัสเป็นองค์ประกอบ สารชนิดนี้ไม่ใช่โปรตีน ไขมัน หรือ คาร์โบไฮเดรตที่นักเคมีเคยรู้จักกันอยู่แล้ว เขาจึงตั้งชื่อสารใหม่นี้ว่า **นิวคลีอิน** เนื่องจากว่าพบในนิวเคลียส

ต่อมาได้มีการพบว่านิวคลีอินมีคุณสมบัติเป็นกรด จึงเปลี่ยนเป็นชื่อใหม่ว่า **กรดนิวคลีอิค (nucleic acid)** ซึ่งพบในนิวเคลียสของเซลล์ต่าง ๆ ทั้งโพรทิสต์ พืช และสัตว์ และยังพบอีกว่าโครโมโซมประกอบไปด้วยโมเลกุลของกรดนิวคลีอิกด้วย และไม่นานต่อมา ได้มีการพบว่ากรดนิวคลีอิค มี 2 ชนิด คือ ดีเอ็นเอ และ อาร์เอ็นเอ โดยที่มักพบดีเอ็นเอในนิวเคลียส ในขณะที่มักพบอาร์เอ็นเอในไซโทพลาซึม ในปี ค.ศ. 1914 อาร์ ฟุลเกน (R.Feulgen) ได้ใช้สีฟิวซ์ชันย้อมเซลล์และพบว่าเฉพาะดีเอ็นเอเท่านั้นที่ติดสีย้อมชนิดนี้ (มีสีม่วงแดง) ต่อมาในปี ค.ศ. 1924 มีการพบเพิ่มเติมว่า สีฟิวซ์ชันนั้นย้อมติดสีม่วงแดงเฉพาะในนิวเคลียสเท่านั้น ทำให้เข้าใจว่าดีเอ็นเอมีเฉพาะภายในนิวเคลียสเท่านั้น

อย่างไรก็ตาม คนในสมัยนั้นยังคงไม่ได้ให้ความสนใจในกรดนิวคลีอิคมากนัก โดยเฉพาะอย่างยิ่งเมื่อมีการพบสารชนิดใหม่ที่ให้ชื่อว่า เอนไซม์ โดยพบว่าเอนไซม์เป็นสารที่ช่วยเร่งปฏิกิริยาเคมีในกระบวนการเมทาโบลิซึมชนิดต่าง ๆ ในเซลล์ด้วย จึงมีความเชื่อว่าเอนไซม์น่าจะเป็นตัวการสำคัญในการถ่ายทอดทางพันธุกรรม และต่อมาเมื่อมีการพบว่าเอนไซม์ทุกชนิดเป็นสารโปรตีน ประกอบกับความรู้เดิมที่เคยค้นพบแล้วว่า โครโมโซมซึ่งมีอยู่ในนิวเคลียสนั้นประกอบด้วยโปรตีน กับ ดีเอ็นเอ จึงยิ่งทำให้มีความเชื่อว่าโปรตีนเป็นสารพันธุกรรม

แต่การค้นคว้าเกี่ยวกับกรดนิวคลีอิกก็พัฒนาไปตามลำดับจนกระทั่งในปี ค.ศ. 1944 การทดลองของ โอ ที แอเวอรี (O. T. Avery) ซี เอ็ม แมคลอยด์ (C. M. Macleod) และ เอ็ม แม็คคาที (M. McCarty) ได้พิสูจน์ให้เห็นอย่างชัดเจนว่า กรดนิวคลีอิกที่ชื่อ **ดีเอ็นเอ (DNA : Deoxyribonucleic acid)** คือ สารพันธุ

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า ไม่ว่ากรณีใดๆ ทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ดัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

กรรม และในปี ค.ศ. 1953 เจมส์ ดี วัตสัน (James D. Watson) และ ฟรานซิส คริก (Francis Crick) ได้ค้นพบสูตรโครงสร้างของดีเอ็นเอ ซึ่งเป็นรากฐานของการค้นคว้า และทดลองทางพันธุศาสตร์ระดับโมเลกุล (Molecular Genetic)

2.2.2 การพิสูจน์ว่าดีเอ็นเอเป็นสารพันธุกรรม

ในช่วงที่มีการค้นพบกรดนิวคลีอิกยังไม่มีใครคาดคิดมาก่อนว่า สารจำพวกนี้เองที่มีบทบาทสำคัญต่อพันธุกรรมของสิ่งมีชีวิต กรดนิวคลีอิกสามารถแยกได้เป็น 2 ชนิดคือ ดีเอ็นเอ และอาร์เอ็นเอ โดยในระยะแรกมีความเข้าใจผิดกันว่า อาร์เอ็นเอเป็นกรดนิวคลีอิกของพืช และดีเอ็นเอเป็นของสัตว์ จนกระทั่งต่อมาเทคนิคการแยกดีเอ็นเอ และ อาร์เอ็นเอดีขึ้น จึงทำให้ทราบว่าทั้งพืช และสัตว์มีดีเอ็นเอ และอาร์เอ็นเอ อยู่ในเซลล์

ต่อมาในปี ค.ศ. 1924 มีค้นพบว่าปริมาณดีเอ็นเอในเซลล์สืบพันธุ์จะเป็นครึ่งหนึ่งของปริมาณดีเอ็นเอในเซลล์ร่างกายเสมอ การค้นพบเช่นนี้เริ่มชี้ให้เห็นถึงบทบาทของดีเอ็นเอต่อพันธุกรรม

ก่อนที่จะมีการพิสูจน์ว่าดีเอ็นเอเป็นสารพันธุกรรม ได้มีการทดลองที่เป็นแนวทางที่จะนำไปสู่การค้นพบความจริงดังกล่าวนี้ การทดลองนี้มีชื่อเรียกกันโดยทั่วไปว่า ทรานสฟอร์เมชั่น โดยนายแพทย์ชาวอังกฤษ ชื่อ เอฟ กริฟฟิท (F. Griffith) ในปีค.ศ. 1928 เขาทำการทดลองเกี่ยวกับแบคทีเรียชนิดนิวโมคอคคัสที่ทำให้เกิดโรคปอดบวม (Pneumonia) ในสัตว์เลี้ยงลูกด้วยน้ำนม ซึ่งแบคทีเรียชนิดนี้มี 2 สายพันธุ์ คือ สายพันธุ์ S (smooth) เป็นสายพันธุ์ที่มีสารหุ้มเซลล์ห่อหุ้มไว้ จึงทำให้ผิวโคโลนี หรือผิวเซลล์มีขนาดใหญ่ และ เรียบ สายพันธุ์นี้เป็นสายพันธุ์ที่ทำให้เกิดโรค (Virulent) ส่วนอีกสายพันธุ์คือ สายพันธุ์ R (rough) เป็นสายพันธุ์ที่ไม่ทำให้เกิดโรค (Avirulent) มีลักษณะแตกต่างกับสายพันธุ์แรกตรงที่เซลล์มีขนาดเล็กกว่าและผิวโคโลนีมีลักษณะขรุขระ เพราะไม่มีสารหุ้มเซลล์ห่อหุ้มไว้ คุณสมบัติต่าง ๆเหล่านี้สามารถถ่ายทอดไปยังแบคทีเรียในรุ่นต่อ ๆ ไปได้

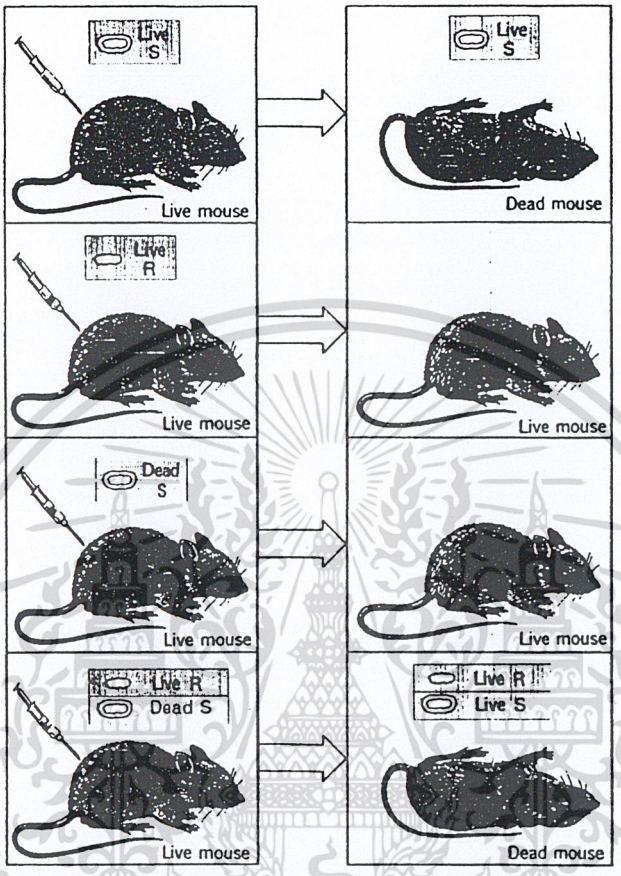
กริฟฟิทได้แบ่งการทดลองเป็น 4 การทดลองย่อย ดังต่อไปนี้ (รูปที่ 2.1)

1. ฉีดเชื้อสายพันธุ์ S เข้าไปในหนู ผลปรากฏว่า หนูเป็นโรค และตาย และตรวจในเลือดจากศพของหนู พบแบคทีเรียสายพันธุ์ S
2. ฉีดเชื้อสายพันธุ์ R เข้าไปในหนู ปรากฏว่าหนูไม่เป็นโรคจึงไม่ตาย และไม่พบเชื้อแบคทีเรียในตัวหนู
3. ฉีดเชื้อสายพันธุ์ S ที่ถูกฆ่าตายด้วยความร้อน (ประมาณ 60 องศาเซลเซียส) เข้าไปในหนู ปรากฏว่าหนูไม่ตาย และไม่พบเชื้อแบคทีเรียในร่างกายของหนู
4. ฉีดเชื้อสายพันธุ์ S ที่ถูกฆ่าตายแล้วด้วยความร้อนร่วมกับเชื้อสายพันธุ์ R เข้าไปในหนู พบว่าหนูตาย และเมื่อตรวจในเลือดจากศพหนู พบว่ามีเชื้อทั้ง 2 สายพันธุ์ อยู่ด้วย

กริฟฟิทไม่อาจหาเหตุผลมาอธิบายผลการทดลองที่ 4 เพียงแต่ให้ข้อสังเกตว่า มีสายพันธุ์ R บางตัวถูกเปลี่ยนเป็นสายพันธุ์ S และ แบคทีเรียของสายพันธุ์ S ที่ถูกฆ่าตายแล้วยังคงมีองค์ประกอบทางเคมีที่ถ่ายทอดลักษณะทางพันธุกรรมได้ และไม่ถูกทำลายด้วยความร้อน เมื่อองค์ประกอบนี้ผ่านเข้าไปในเซลล์ของแบคทีเรียสายพันธุ์ R ก็สามารถถ่ายทอดลักษณะนำโรคให้แก่แบคทีเรียรุ่นต่อไปได้ ซึ่งเป็นการถ่ายทอดที่ถาวร และเป็นสาเหตุที่ทำให้หนูเป็นโรค และตายในที่สุด โดยเขาเรียกองค์ประกอบทางเคมีนี้ว่า TP

เอกสารนี้สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า ไม่ว่ากรณีใดๆ ทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ดัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

(Transforming principle) และเรียกปรากฏการณ์ที่ TP จากแบคทีเรียสายพันธุ์ S ที่ถูกฆ่าตายแล้วเข้าไปอยู่ในแบคทีเรียสายพันธุ์ R บางตัวแล้วทำให้แบททีเรียสายพันธุ์ R เปลี่ยนแปลงเป็นสายพันธุ์ S ว่า ทรานสฟอร์เมชั่น



รูปที่ 2.1 ภาพแสดงการทดลองทรานสฟอร์เมชั่นโดยนายแพทย์กริฟฟิท

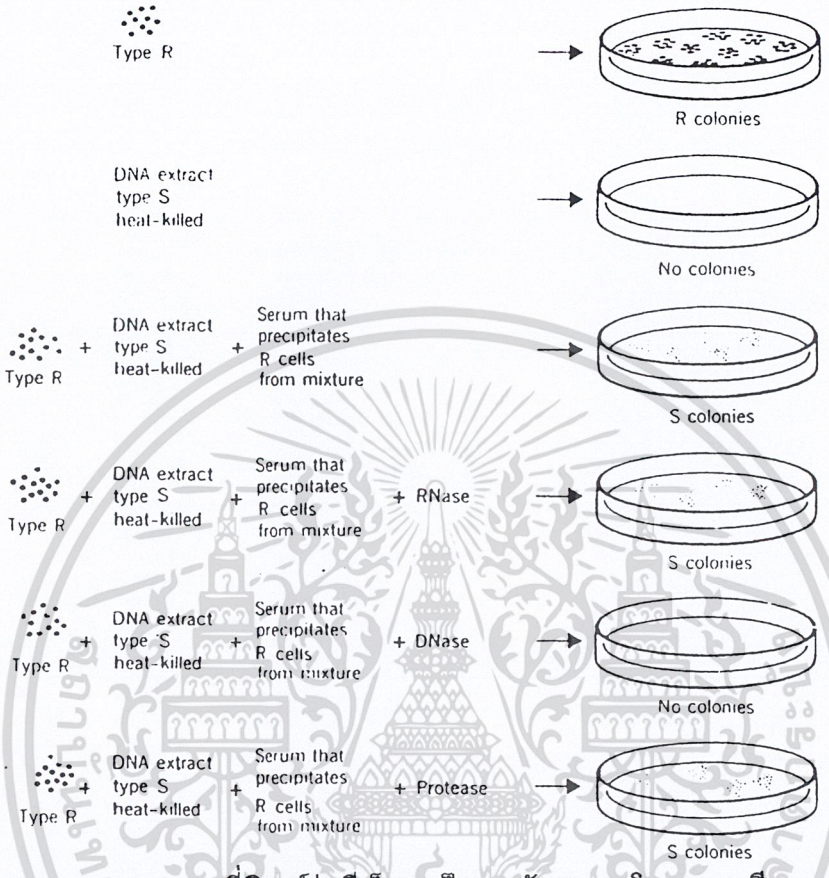
ต่อมา ในปี ค.ศ. 1944 แอเวอรี , แมคลอยด์ และ แม็คคาที ได้พิสูจน์ให้เห็นว่า TP ในการทดลองของกริฟฟิท คือ ดีเอ็นเอ

เขาทำการทดลองโดยสกัดเฉพาะดีเอ็นเอจากแบคทีเรียสายพันธุ์ S ที่ถูกฆ่าตายด้วยความร้อนแล้วมาใส่ลงในหลอดแก้วทดลองที่มีแบคทีเรียสายพันธุ์ R ที่กำลังเจริญเติบโตอยู่ แล้วทิ้งไว้ระยะเวลาหนึ่งจึงได้พบว่ามีแบคทีเรียสายพันธุ์ S เกิดขึ้นจำนวนหนึ่ง จึงสรุปได้ว่าสาร TP ที่เกิดในการทดลองของกริฟฟิท คือ ดีเอ็นเอ

ในการทดลองยังมีการพิสูจน์ให้เห็นว่าเป็นจริงเฉพาะดีเอ็นเอเท่านั้น ไม่ใช่โปรตีนที่อยู่ร่วมกันกับดีเอ็นเอในโครโมโซม และ ไม่ใช่อาร์เอ็นเอที่มีอยู่ในเซลล์แบคทีเรียที่เป็นตัวการในการทำให้เกิดปรากฏการณ์นี้ โดยเขาทำการเติมเอนไซม์ที่ทำลายดีเอ็นเอ (Deoxyribonuclease , DNase) หรือเติมเอนไซม์ที่ทำลายโปรตีน (protease) หรือเติมเอนไซม์ที่ทำลายอาร์เอ็นเอ (Ribonuclease , Rnase) ลงไปในสารสกัดดีเอ็นเอจากสายพันธุ์ S ซึ่งผลการเขาทดลองพบว่า เฉพาะการทดลองที่เติมเอนไซม์ชนิดทำลายดีเอ็นเอเท่านั้นที่ไม่มีทรานสฟอร์เมชั่นเกิดขึ้น การทดลองดังกล่าวทั้งหมดจึงแสดงว่าเฉพาะดีเอ็นเอเท่านั้นที่เป็นสารพันธุกรรม (รูปที่ 2.2)

เอกสารนี้สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า ไม่ว่ากรณีใดๆ ทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ดัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

อย่างไรก็ตาม ในเวลาต่อมาก็มีการพบว่าไวรัสบางชนิดที่สามารถเจริญได้บนพืช (plant virus) หรือที่เจริญบนแบคทีเรีย (phage หรือ bacteriophage) ไม่มีดีเอ็นเอแต่มีเฉพาะอาร์เอ็นเอและอาร์เอ็นเอจะทำหน้าที่เป็นสารพันธุกรรมแทน



รูปที่ 2.2 ภาพแสดงการทดลองที่พิสูจน์ว่า ดีเอ็นเอ เป็นสารพันธุกรรม โดย แอเวอรี แมคลอยด์ และแม็คคาที

2.3 องค์ประกอบทางเคมีและโครงสร้างของดีเอ็นเอ

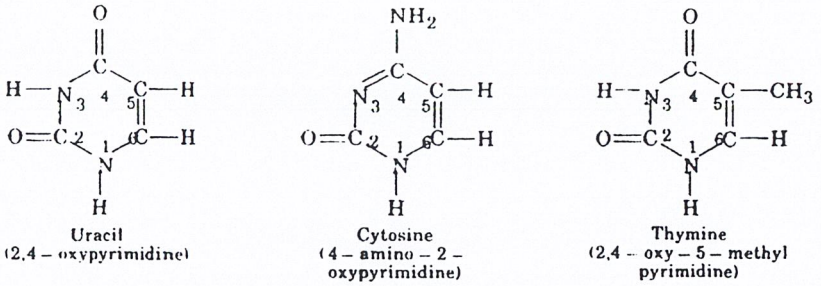
ในช่วงต้นคริสต์ศตวรรษที่20 ได้มีการค้นพบว่า กรดนิวคลีอิกจากเซลล์สัตว์มีธาตุไนโตรเจนเป็นองค์ประกอบหลัก และมีคุณสมบัติเป็นเบส จึงเรียกว่านิวคลีโอไทด์เบส หรือ ไนโตรจีนัสเบส เรียกสั้น ๆ ว่าเบส ซึ่งมีโครงสร้างทางเคมีที่แตกต่างกัน จึงแบ่งออกเป็น 2 ประเภท คือ

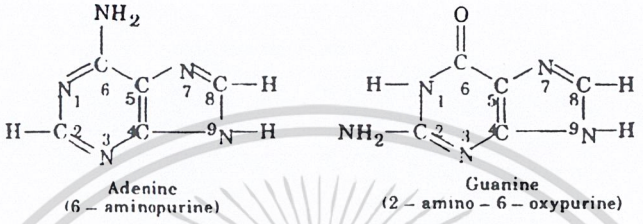
1. พิวรีน เป็นเบสที่มีโครงสร้างหลักประกอบด้วยวงแหวน 2 วง สารประกอบพิวรีนแบ่งออกได้เป็น 2 ชนิด คือ อะนีดีน หรือ A และ กวานีน หรือ G

2. ไพริมิดีน เป็นเบสที่มีโครงสร้างหลักประกอบด้วยวงแหวน 1วง สารประกอบไพริมิดีนแบ่งออกได้เป็น 2 ชนิด คือ ไทมีน หรือ T และ ไซโทซีน หรือ C (รูป 2.3)

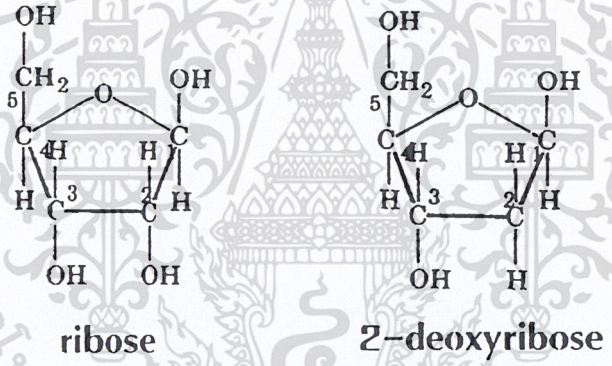
นอกจากนั้นกรดนิวคลีอิกยังประกอบไปด้วยน้ำตาลที่มีคาร์บอน 5 อะตอม หรือที่เรียกกันว่า น้ำตาลเพนโทส โดยน้ำตาลเพนโทสยังสามารถแบ่งออกได้เป็น 2 ประเภท คือ น้ำตาลไรโบส และ น้ำตาลดีออกไรโบส แต่ในดีเอ็นเอจะมีเฉพาะน้ำตาลดีออกไรโบส ส่วนน้ำตาลไรโบสจะมีอยู่ในอาร์เอ็นเอ (รูปที่ 2.4)

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า ไม่ว่ากรณีใดๆ ทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ดัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้





รูปที่ 2.3 สูตรโครงสร้างของเบส



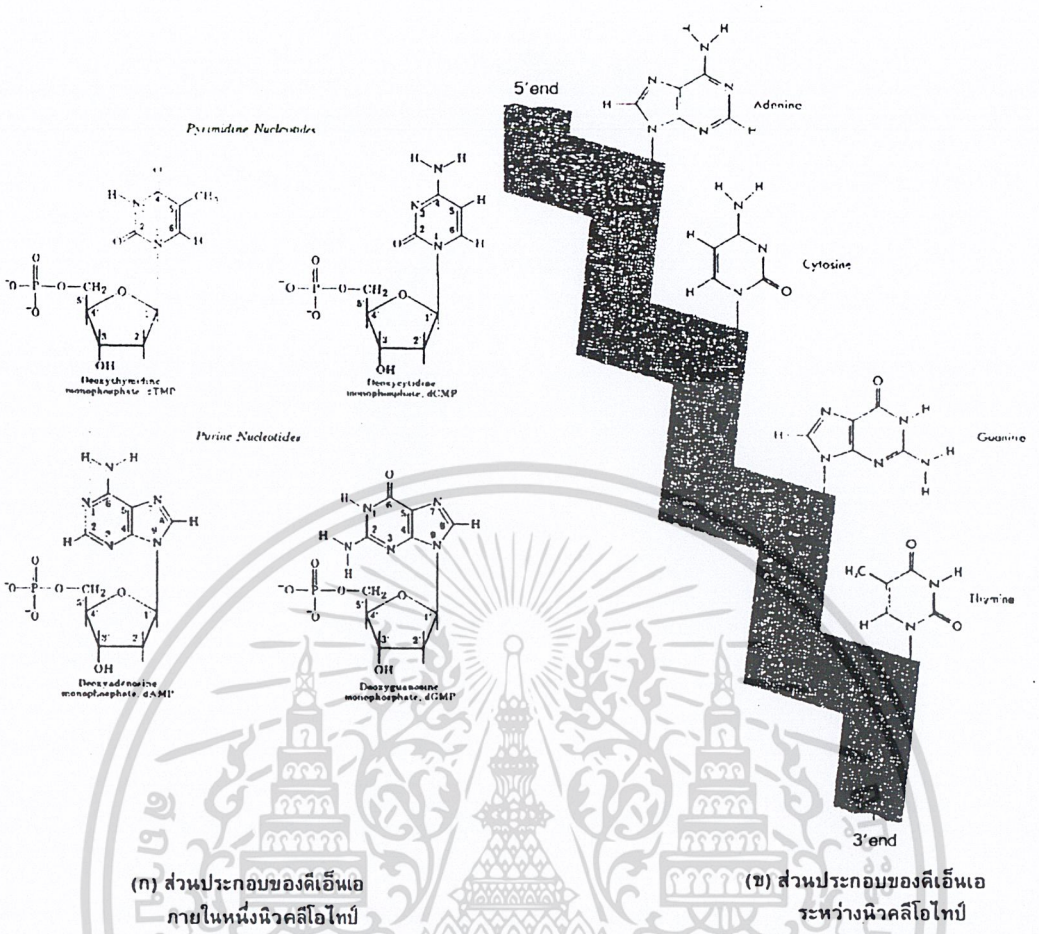
รูปที่ 2.4 สูตรโครงสร้างทางเคมีของน้ำตาลเพนโทส

องค์ประกอบสุดท้ายที่พบก็คือ หมู่ฟอสเฟต ซึ่งมีฟอสฟอรัสเป็นองค์ประกอบ โดยแต่ละโมเลกุลที่ประกอบไปด้วยหน่วยย่อยซึ่งมี น้ำตาล เบส และหมู่ฟอสเฟตเป็นองค์ประกอบเรียกว่านิวคลีโอไทด์ (รูปที่ 2.5)

นิวคลีโอไทด์ในดีเอ็นเอมีอยู่ด้วยกันทั้งหมด 4 ชนิดซึ่งจะมีความแตกต่างกันตามลักษณะของส่วนประกอบที่เป็นเบส (A, G, C, T) โดยดีเอ็นเอจะต้องมีระบบการจัดเรียงตัวของนิวคลีโอไทด์ 4 ชนิดนี้ในลักษณะที่ทำให้จำนวนอะดีนีน เท่ากับ จำนวนไทมีน และ จำนวนไซโทซีน เท่ากับจำนวนกวานีน

สำหรับการเชื่อมต่อของแต่ละนิวคลีโอไทด์ของดีเอ็นเอ ไนโตรเจนที่ตำแหน่งที่ 1 ของไพริมิดีน หรือไนโตรเจนตรงตำแหน่งที่ 9 ของพิวรีน จะทำการเชื่อมต่อกับคาร์บอนตำแหน่งที่ 1 ของน้ำตาลด้วยพันธะไกลโคซิดิค (glycosidic bond) ส่วนฟอสเฟทจะเชื่อมกับคาร์บอนตรงตำแหน่งที่ 3 และ 5 ของน้ำตาลด้วยพันธะฟอสโฟไดเอสเตอร์ (phosphodiester bond) ซึ่งจะทำให้นิวคลีโอไทด์แต่ละหน่วยต่อกันเป็นลักษณะสายยาว หรือที่กันเรียกว่า โพลี่นิวคลีโอไทด์ โดยมีปลายหนึ่งเป็น 3(OH) และปลายอีกข้างเป็น 5 (phosphate)

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า ไม่ว่ากรณีใดๆ ทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ดัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

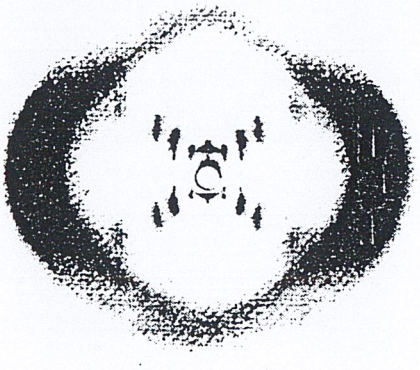


(ก) ส่วนประกอบของดีเอ็นเอ ภายในหนึ่งนิวคลีโอไทป์

(ข) ส่วนประกอบของดีเอ็นเอ ระหว่างนิวคลีโอไทป์

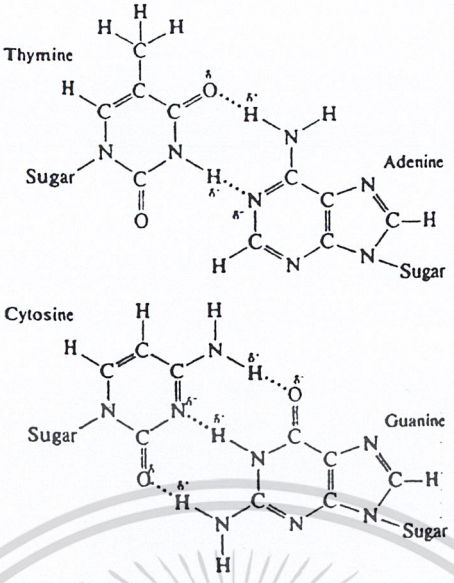
รูปที่ 2.5 แสดงส่วนประกอบทางเคมีของดีเป็นเอ ก) ภายในหนึ่งคลีโอไทด์ ข) ระหว่างนิวคลีโอไทด์

ในช่วงเวลาเดียวกัน นักฟิสิกส์ที่ค้นคว้าเกี่ยวกับโครงสร้างของผลึกสารเคมีด้วยเทคนิคที่เรียกว่าเอกซ์เรย์ดิฟแฟรคชัน ได้นำตัวอย่างของดีเอ็นเอบริสุทธิ์มาวิเคราะห์ด้วยวิธีนี้บ้าง จนได้ภาพถ่ายที่แสดงการหักเหของรังสีเอกซ์ที่ฉายผ่านโมเลกุลของดีเอ็นเอ ภาพนี้ทำให้นักฟิสิกส์แปลผลว่าโครงสร้างของดีเอ็นเอมีลักษณะเป็นเกลียว และประกอบด้วยโพลี่นิวคลีโอไทด์มากกว่า 1 สายขึ้นไป และเกลียวแต่ละรอบมีระยะทางเท่ากัน โดยพันธะทางเคมีที่เชื่อมสายโพลี่นิวคลีโอไทด์2สายให้พันเป็นเกลียวคือพันธะไฮโดรเจน



รูปที่ 2.6 ภาพถ่ายของผลึกดีเอ็นเอ ถ่ายจากเทคนิค X – ray diffraction

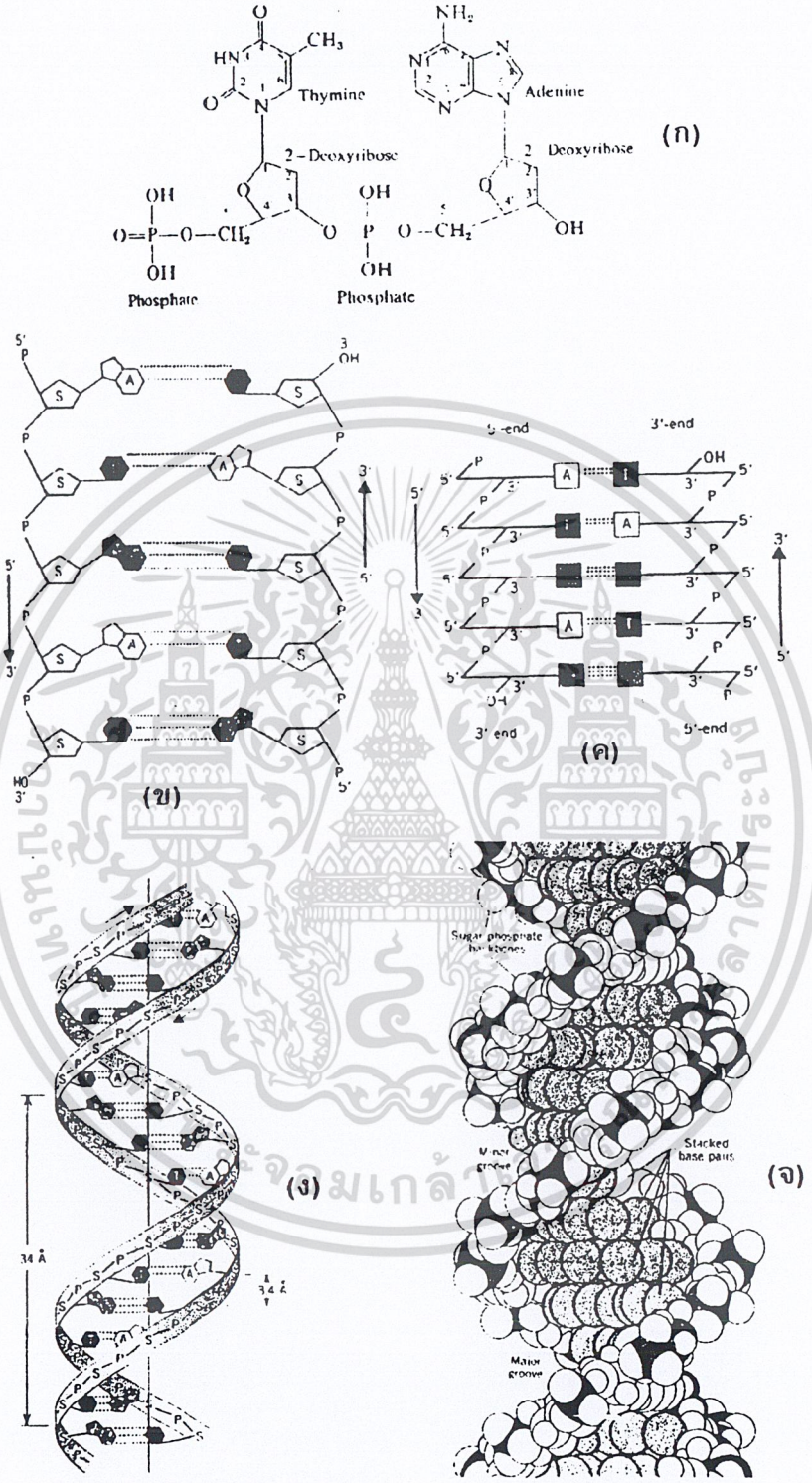
เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า ไม่ว่ากรณีใดๆ ทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ดัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้



รูปที่ 2.7 แสดงการจับกันด้วยพันธะไฮโดรเจนระหว่างคู่เบสในดีเอ็นเอ

โพลี่นิวคลีโอไทด์2สายที่มีเบสสอดคล้องกัน (complementary) จะมาจับหรือเชื่อมกันด้วยพันธะไฮโดรเจน โดยที่ถ้าเป็นอะดีนีน จะจับกับ ไทมีนด้วยไฮโดรเจน 2 อะตอม และ กวานีน จะจับกับ โซโทซีนด้วยไฮโดรเจน 3 อะตอม (รูปที่ 2.7) ซึ่งการจับกันของคู่เบสเช่นนี้จะทำให้โพลี่นิวคลีโอไทด์ 2 สายนี้ต้อง "วิ่ง" ในทิศทางที่ตรงกันข้ามกัน (antiparallel) โดยที่ถ้าสายหนึ่งมีทิศทางเป็น 3′ - 5′ อีกสายจะมีทิศทางเป็น 5′ - 3′ นอกจากนี้โพลี่นิวคลีโอไทด์ 2 สายนี้จะพันกันเป็นเกลียวคู่ โดยที่แต่ละรอบของเกลียวจะประกอบด้วย 10 นิวคลีโอไทด์ และห่างกัน 34 อังสตรอม หรือ 3.4 นาโนเมตร ดังนั้น แต่ละนิวคลีโอไทด์ห่างกัน 3.4 อังสตรอม หรือ 0.34 นาโนเมตร ลากโครงสร้างเกลียวคู่นี้ทำให้โครงสร้างของดีเอ็นเอมีลักษณะคล้ายบันไดเวียน โดยที่ส่วนที่มีลักษณะเสมือนเป็นราวบันได หรือ เป็นกระดูกสันหลัง (backbone) คือ ส่วนที่เป็นฟอสเฟทจับกับน้ำตาลเพนโทส และส่วนที่เป็นเสมือนขั้นบันได ก็คือ คู่ของเบส (รูปที่ 2.8)

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า ไม่ว่ากรณีใดๆ ทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ดัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้



รูปที่ 2.8 โครงสร้างระดับโมเลกุลของดีเอ็นเอแสดงถึงการจับกันระหว่างน้ำตาล – ฟอสเฟท และการ "วิ่ง" ในทิศทางตรงข้ามของ 2 โพลี่นิวคลีโอไทด์ ก)การจับกันระหว่าง A กับ T ข)โครงสร้างระดับโมเลกุล ค)โครงสร้างอย่างง่าย ง)แบบจำลอง "เกลียวคู่" และ จ)แบบจำลองเกลียวคู่ที่แสดงอะตอมของธาตุองค์ประกอบ

เอกสารนี้สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า ไม่ว่ากรณีใดๆ ทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ดัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

บทที่ 3
ทฤษฎีและหลักการเบื้องต้น

ในบทนี้จะกล่าวถึงทฤษฎี และ หลักการเบื้องต้นที่ได้นำมาประยุกต์ และ ใช้ในการทำโครงงานนี้ ซึ่งส่วนใหญ่จะเป็นทฤษฎีที่เกี่ยวข้องกับการปรับปรุง และ ประมวลผลภาพ (Image processing)

3.1 การกำจัดสัญญาณรบกวนบนภาพ

เทคนิคนี้ใช้ในการกำจัดสัญญาณรบกวนบนภาพ โดยจะช่วยลดสัญญาณรบกวนบนภาพ ซึ่งสัญญาณรบกวนบนภาพนี้อาจเกิดจากกระบวนการสร้างภาพที่ไม่สมบูรณ์ หรือ กระบวนการสแกนรูปที่ไม่ดี หากเรานำรูปที่มีสัญญาณรบกวนเหล่านี้มาคำนวณ ก็จะทำให้ผลที่ได้มีความผิดพลาดได้ ดังนั้นเราจึงต้องทำการกำจัดสัญญาณรบกวนบนภาพเสียก่อน

หลักการที่จะใช้นี้ เรียกว่า หลักการเอเวอร์เรจฟิลเตอร์ริ่ง โดยมีข้อสมมติฐานที่ว่า พิกเซลของรูปภาพที่อยู่บริเวณเดียวกัน (Neighborhood) น่าจะมีความสว่างที่ใกล้กัน ดังนั้น เราจึงหาค่าความสว่างของแต่ละพิกเซลใหม่โดยคำนวณมาจากค่าเฉลี่ยของความสว่างในบริเวณเดียวกัน หากภาพมีสัญญาณรบกวนเกิดขึ้น พิกเซลนั้น ๆ ก็จะมีค่าความสว่างแตกต่างไปจากพิกเซลรอบข้าง เมื่อทำการหาค่าเฉลี่ยแล้ว สัญญาณรบกวนที่เกิดขึ้นที่พิกเซลนี้ก็จะถูกทำให้ลดน้อยลง หรือ หายไปเลย

วิธีการทำ คือ เราจะพิจารณารูปทีละขนาดเล็ก ๆ เพื่อแสดงถึงบริเวณที่อยู่ใกล้ ๆ กันกับพิกเซลที่เรากำลังพิจารณา โดยปกติจะพิจารณาในลักษณะรูปสี่เหลี่ยมจัตุรส คือ n*n พิกเซล ในที่นี้เราจะใช้ n = 3 ซึ่งเป็นค่าที่นิยมใช้ทั่วไป เนื่องจากหากขนาดที่พิจารณาใหญ่เกินไปจะทำให้ค่าที่ได้ผิดเพี้ยนมากขึ้น เพราะค่าที่ได้ออกมามีการคำนวณเอาพิกเซลที่อยู่ไกลเกินไปซึ่งอาจจะมีความสว่างที่แตกต่างกันมากมาด้วย

P4	P3	P2
P5	P0	P1
P6	P7	P8

โดยเราจะให้จุดที่อยู่ตรงกลางคือ จุดที่เราจะพิจารณา จากนั้นทำการคำนวณค่าความสว่างที่จุด p0 ใหม่ด้วยสมการต่อไปนี้

$$P0 = \left(\frac{1}{9}\right)\sum_{i=0}^{8} p_i$$

เมื่อได้ค่าแล้วก็ทำการวนเปลี่ยนจุด p0 ไปเรื่อย ๆ จนครบทุกจุดของรูปภาพ แต่การใช้วิธีการนี้กับรูปภาพจะมีผลทำให้รูปภาพที่ออกมาเบลอ ความคมชัดของรูปลดลง เนื่องจากค่าความสว่างที่คำนวณได้ใน

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า ไม่ว่ากรณีใดๆ ทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ดัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

แต่ละพิกเซลหามาจากค่าเฉลี่ย ในทางทฤษฎีของสัญญาณเสียงเราจะเรียกสมการในลักษณะนี้ว่า โลว์พาส ฟิลเตอร์ริ่ง (Lowpass Filtering) ทำให้ส่วนของรูปที่เป็นขอบของวัตถุซึ่งมีสว่างแตกต่างไปจากพิกเซลรอบข้างถูกกรองออกไปดังรูปที่ 3.1 และ 3.2 ดังนั้นถ้าหากว่ารูปภาพไม่ได้มีสัญญาณรบกวนที่เห็นได้ชัดมากนักก็ไม่จำเป็นที่จะต้องทำขั้นตอนนี้

รูปที่ 3.1 รูปก่อนทำการ Average Filtering

รูปที่ 3.2 รูปหลังจากทำ Average Filtering (รูปจะค่อนข้างเบลออย่างเห็นได้ชัด)

3.2 การปรับค่าความสว่างของภาพให้ดูชัดเจนยิ่งขึ้น

เนื่องจากภาพที่ได้จากทดลองเป็นภาพแบบระดับของสีเทา ซึ่งมีระดับสีทั้งหมด 256 ระดับ โดยบางทีภาพที่ได้มาอาจไม่ค่อยชัดเจน เนื่องจากระดับสีค่อนข้างจะใกล้เคียงกัน เราจึงต้องทำการปรับค่าความสว่าง – มืด ของภาพใหม่เสียก่อนเพื่อให้ภาพมีความชัดเจนขึ้น โดยวิธีนี้จะเป็นการปรับค่าความสว่างโดยการไปเปลี่ยนแปลงค่าของฮิสโตแกรม เรียกว่า วิธีฮิสโตแกรมอีควอไลเซชั่น (Histogram equalization)

ค่าของฮิสโตแกรมของรูป ก็คือ การกระจายของระดับสีต่าง ๆ ในภาพ ระดับสีในภาพ ก็คือ ระดับความสว่างของแต่ละพิกเซลที่ปรากฏในภาพ ดังนั้น ฮิสโตแกรมของรูป ก็คือ กราฟที่แสดงจำนวนพิกเซลของแต่ละระดับสีที่แตกต่างกันในภาพ ดังนั้น ถ้าภาพใดมีความชัดเจนสูง ฮิสโตแกรมก็จะกว้าง เนื่องจากมีการกระจายของระดับสีสูง ถ้าภาพใดมีความชัดเจนต่ำฮิสโตแกรมก็จะแคบ ภาพใดค่อนข้างมืดฮิสโตแกรมก็จะมีการรวมกลุ่มกันในทางซ้ายแต่ถ้าหากภาพค่อนข้างสว่างฮิสโตแกรมก็จะมีการรวมกลุ่มกันในทางขวา

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า ไม่ว่ากรณีใดๆ ทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ดัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

ดังที่กล่าวเอาไว้ข้างต้นแล้วว่า ภาพที่มีฮิสโตแกรมแคบความชัดเจนจะยิ่งต่ำ และ ภาพที่มีฮิสโตแกรมกว้างความชัดเจนก็จะยิ่งสูง การทำฮิสโตแกรมอีควอไลเซชั่น เป็นการเพิ่มความเด่น และ ความชัดเจนให้กับรูปที่ไม่ดี โดยจะมีลักษณะคล้ายกันกับการขยายฮิสโตแกรม แต่มันจะทำให้ลักษณะของฮิสโตแกรมเป็นแบบแบนราบ เนื่องจากหากภาพมีฮิสโตแกรมเกาะกลุ่มกันอยู่ส่วนใดส่วนหนึ่ง จะทำให้ภาพไม่มีความชัดเจน ซึ่งก็สามารถแก้ได้โดยปรับค่าฮิสโตแกรมของภาพให้กระจายในลักษณะแบนราบ ดังรูป 3.3 และ 3.4

รูปที่ 3.3 รูป และ ฮิสโตแกรมของรูปก่อนทำฮิสโตแกรมอีควอไลเซชั่น

รูปที่ 3.4 รูป และ ฮิสโตแกรมของรูปหลังทำฮิสโตแกรมอีควอไลเซชั่น

หลักในการทำฮิสโตแกรมอีควอไลเซชั่น ก็คือ

1. หาค่าผลรวมฮิสโตแกรมที่ระดับสีต่าง ๆ

   สมมติว่าภาพที่เราใช้เป็นภาพแบบ 3 บิต และ ค่าฮิสโตแกรมของรูป คือ

ระดับสี	จำนวนพิกเซล
0	8
1	5
2	10

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า ไม่ว่ากรณีใดๆ ทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ดัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

3	2
4	6
5	7
6	3
7	4

ตารางที่ 3-1 ตัวอย่างฮิสโตแกรมของภาพ

ผลรวมของแต่ละระดับก็จะเป็น 8 , 8+5 = 13 , 8+5+10 = 23 , 8+5+10+2 = 25 , ... , จนถึงระดับสุดท้ายซึ่งก็คือ 8+5+10+2+6+7+3+4 = 45

2. นำค่าผลรวมของแต่ละระดับสีที่ได้จากข้อ 1 มาหารด้วยจำนวนจุดทั้งหมดของภาพ

จำนวนจุดภาพทั้งหมด ก็คือ 8+5+10+2+6+7+3+4 = 45 ดังนั้น ค่าที่ได้จากการหาร ก็คือ 8/45 , 13/45 , 23/45 , … , 45/45

3. นำค่าสีที่มากที่สุดของฮิสโตแกรมมาคูณกับค่าแต่ละค่าที่ได้จากข้อ 2 แล้วปัดเศษ (มากกว่า 0.5 ปัดขึ้นนอกนั้นปัดลง)

ค่าสีที่มากที่สุดของฮิสโตแกรม คือ 7 ดังนั้น เราจะได้ค่าสีใหม่ของแต่ละระดับเป็น (8/45)*7 , (13/45)*7 , (23/45)*7 , (25/45)*7 , … , (45/45)*7 ซึ่งมีค่าเท่ากับ 1 , 2 , 4 , 4 , 5 , 6 , 6 , 7

4. เปลี่ยนค่าสีของรูปโดยเทียบกันกับค่าที่ได้จากข้อ 3 แบบ 1-1

สีเดิม	สีใหม่
0	1
1	2
2	4
3	4
4	5
5	6
6	6
7	7

ตารางที่ 3-2 ผลลัพธ์ค่าสีใหม่จากการทำฮิสโตแกรมอีควอไลเซชั่น

3.3 การแปลงภาพให้เป็นภาพ 2 ระดับ

เนื่องจาก ถ้าเรานำภาพระดับของสีเทามาคำนวณเลยจะเป็นการยากในการแยกวัตถุ กับ พื้นหลัง เพราะเราจะต้องทำการเทียบค่าสีทุกครั้งที่เราคำนวณว่ามันคือ วัตถุ หรือ พื้นหลัง ดังนั้นจึงต้องมีกระบวนการในการแยกวัตถุ กับ พื้นหลังเสียก่อน เรียกว่าวิธีไบนาไรเซชั่น (Binarization)

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า ไม่ว่ากรณีใดๆ ทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ดัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

สำนักหอสมุดกลาง พระจอมเกล้าลาดกระบัง

การทำไบนาไรเซชั่นเป็นการทำภาพจากระดับสีหลายระดับให้เหลือเพียงแค่ 2 ระดับสี คือ ขาว กับ ดำ เพื่อแยกระหว่าง ตัววัตถุ กับ พื้นหลัง ทำให้การคำนวณง่ายขึ้น หากเจอสีดำก็คือ พื้นหลัง และหากเจอสีขาวก็คือ วัตถุโดยการแยกว่าจุดไหนเป็นวัตถุ และ จุดไหนเป็น พื้นหลังนั้นสามารถทำได้โดยการหาค่าเทรสโฮลด์ที่เหมาะสมกับภาพนั้น ๆ มาเสียก่อน เพราะค่าเทรสโฮลด์นี้จะเป็นตัวกำหนดว่าจุดภาพใดจะเป็นวัตถุ และ จุดภาพใดจะเป็นพื้นหลัง โดยใช้สมการ

$$G(x,y) = \begin{cases} 1 & \text{if } f(x,y) > T \\ 0 & \text{if } f(x,y) < T \end{cases}$$

โดย

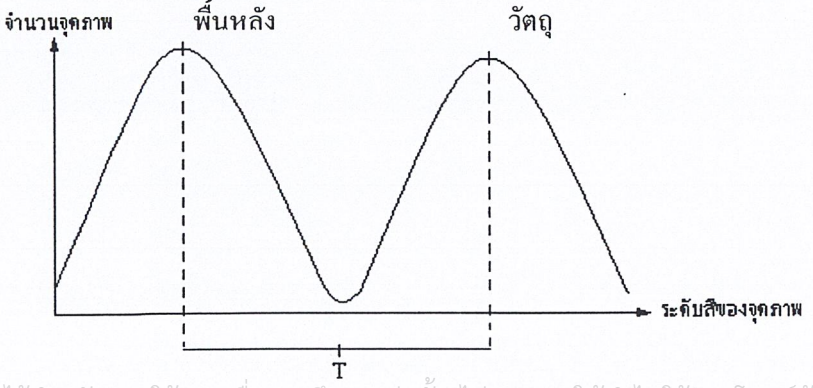
G(x,y) : ค่าสีใหม่ของจุด x,y

F(x,y) : ค่าสีเดิมของจุด x,y

T : ค่าเทรสโฮลด์

3.4 การหาค่าเทรสโฮลด์

ปัญหาของการทำไบนาไรเซชั่น ก็คือ เราจะหาค่าเทรสโฮลด์ที่เหมาะสมกับภาพแต่ละภาพได้อย่างไร เนื่องจากภาพแต่ละภาพมีลักษณะไม่เหมือนกัน และ การคำนวณหาค่าเทรสโฮลด์นั้นก็มีอยู่หลายรูปแบบ โดยปกติแล้ว การหาค่าเทรสโฮลด์จะคำนวณมาจาก ค่าที่จุดกึ่งกลางระหว่างจุดยอดทั้งสองของฮิสโตแกรม ดังรูปที่ 3.5 แต่การหาค่าเทรสโฮลด์ด้วยวิธีแบบนี้จะเหมาะสมกับภาพที่มีส่วนของพื้นหลัง กับ ส่วนของวัตถุแยกกันอย่างชัดเจน ก็คือฮิสโตแกรมแยกออกเป็น 2 ฝั่งอย่างชัดเจน ถ้าหากใช้กับภาพที่มีส่วนของพื้นหลัง กับ ส่วนของวัตถุเหลื่อมล้ำกัน การหาค่าเทรสโฮลด์ด้วยวิธีแบบนี้ก็จะทำให้ค่าที่ได้ผิดเพี้ยนไป เช่นเดียวกันกับภาพ DNA ที่ใช้ในโปรแกรม ซึ่งมีส่วนของพื้นหลัง กับ ส่วนของวัตถุเหลื่อมล้ำกันจึงใช้การหาค่าเทรสโฮลด์ด้วยวิธีนี้ไม่ได้ โดยวิธีการที่ใช้ในโปรแกรมนั้นมีอยู่ 2 วิธี คือ วิธีที่เรียกว่า การหาความชันของระดับความเข้มของภาพ (Intensity Gradient Threshold Base Method) และ วิธีที่เรียกว่า การเลือกค่าเทรสโฮลด์โดยการทำซ้ำ ๆ (Iterative Threshold Selection)



รูปที่ 3.5 แสดงการหาค่าเทรสโฮลด์ที่จุดกึ่งกลางของจุดยอดทั้งสอง

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า ไม่ว่ากรณีใดๆ ทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ดัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

46159

3.4.1 การหาความชันของระดับความเข้มของภาพ (Intensity Gradient Threshold Base Method)

การหาค่าเทรสโฮลด์ด้วยวิธีอินเทนสิตี้เทรสโฮลด์เบสเมธอดทำโดย

1. หาค่าเกรเดียน (G) ของทุก ๆ จุดภาพ
2. หาค่าเฉลี่ยเกรเดียน ($\overline{G}$)
3. คำนวณค่า เทรสโฮลด์

โดยค่า G คือ ความแตกต่างของระดับความสว่างที่มากที่สุดของจุดภาพหนึ่ง ๆ กับ จุดภาพที่อยู่ประชิดทั้ง 8 ทิศทาง ∴ ที่ขอบภาพจะมีค่า G สูง เนื่องจากเมื่อทำการหาค่าความต่างของระดับสีแล้วจะมีค่าที่สูง (ระดับความสว่างแตกต่างกันมาก)

1. หาค่าเกรเดียนของทุก ๆ จุดภาพ โดยค่า G จะเลือกเอาค่าเกรเดียนที่มากที่สุด (Max) จากทุกทิศทางมาเพียง 1 ค่า

EX สมมติพิกเซลที่เราพิจารณาคือ P0 และ พิกเซลรอบข้างทั้ง 8 ทิศทางคือ P1 – P8

P4	P3	P2
P5	P0	P1
P6	P7	P8

$$G(i,j) = \text{Max}\,[\, I(i+\alpha_i, j+\alpha_j) - I(i,j) \,]$$

∴ G_{p0} = Max [(P1-P0),(P2-P0),(P3-P0), (P4-P0),(P5-P0),(P6-P0), (P7-P0),(P8-P0)]

2. หาค่าเฉลี่ยเกรเดียน ($\overline{G}$)

การหาค่าเฉลี่ยเกรเดียน ($\overline{G}$) เราจะหาโดยการสร้างฮิสโตแกรมที่แสดงจำนวนพิกเซลของแต่ละ G เพื่อจะดูที่ค่า G หนึ่ง ๆ มีจำนวนพิกเซลอยู่กี่พิกเซล แล้วเอาค่า G ทุกค่ามาหาค่าเฉลี่ย

วิธีการ

สร้างอาร์เรย์ H[256] ไว้เก็บจำนวนพิกเซลของแต่ละค่า G

ให้ I คือ ลำดับของจุดภาพ (x,y)

G(I) คือ ค่าเกรเดียนของจุดภาพที่ I

For ทุกๆ จุดภาพ I

H[G(I)] = H[G(I)]+1 ; } บวกเพิ่มจำนวนจุดภาพของแต่ละค่า G ที่เจอ

End

เมื่อได้อาร์เรย์ที่แสดงถึงฮิสโตแกรมของค่าเกรเดียนแล้วก็มาทำการหาค่าเฉลี่ยเกรเดียน โดยสมการดังต่อไปนี้

$$\overline{G} = \frac{\sum G}{n}$$

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า ไม่ว่ากรณีใดๆ ทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ดัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

โดยค่า G ที่นำมาคำนวณใน $\sum G$ คือ ค่าอินเด็กซ์ของอาร์เรย์ H ที่มีค่ามากกว่า 0 และ ค่า n คือ จำนวนอินเด็กซ์ของอาร์เรย์ H ที่มีค่ามากกว่า 0

3. คำนวณค่าเทรสโฮลด์

การหาค่าเทรสโฮลด์จะหาจากจุดภาพซึ่งมีค่า $G > \overline{G}$ โดย เราจะนำค่าความสว่างของจุด i ที่มีค่า $G(i) > \overline{G}$ มาคำนวณหาค่า T โดยสมการ

$$T = Min[I(i)]$$

3.4.2 การเลือกค่าเทรสโฮลด์โดยการทำซ้ำ (Iterative Threshold Selection)

การหาค่าเทรสโฮลด์ด้วยวิธีนี้สามารถใช้กับรูปที่มีส่วนของวัตถุ และ ส่วนของพื้นหลังไม่แยกกันอย่างชัดเจนได้ เนื่องจากมันจะทำการหาค่าที่ดีที่สุดที่จะแยก 2 ส่วนออกจากกันโดยให้เกิดความผิดพลาดน้อยที่สุด

วิธีการหาทำได้โดย

1. สมมติให้พิกเซลที่มุมทั้ง 4 ของรูปเป็นส่วนของพื้นหลัง และให้พิกเซลที่เหลือทั้งรูปเป็นส่วนของวัตถุไป เนื่องจากรูปภาพส่วนใหญ่ที่มุมมักจะเป็นพื้นหลัง เช่นเดียวกันกับรูปภาพที่ใช้ในโปรแกรมวัตถุไม่มีทางปรากฏอยู่ที่มุมของรูปได้

2. ทำการวนลูปไปเรื่อย ๆ จนกว่าค่าเทรสโฮลด์ที่ได้ในรอบนี้จะมีค่าเท่ากันกับค่าเทรสโฮลด์ที่หาได้จากรอบที่แล้ว โดยในลูปจะต้องมีการคำนวณดังต่อไปนี้

2.1 ทำการหาค่าเฉลี่ยของสีที่เป็นพื้นหลัง (μ^t_B) และ ค่าเฉลี่ยของสีที่เป็นวัตถุ (μ^t_O) โดยถ้าเป็นการเข้าลูปครั้งแรกพิกเซลที่เป็นพื้นหลังก็คือ พิกเซลที่มุมทั้ง 4 นอกนั้นก็คือพิกเซลที่เป็นวัตถุ แต่ถ้าไม่ใช่การเข้าลูปครั้งแรกพิกเซลไหนเป็นพื้นหลัง หรือ วัตถุเทียบได้จากค่าเทรสโฮลด์ที่หาได้ในรอบที่แล้ว สำหรับการหาค่า μ^t_B และ μ^t_O หาได้โดยนำค่าความสว่างของทุกพิกเซลที่เป็นวัตถุ หรือ พื้นหลังมาบวกกันให้หมด แล้วหารด้วยจำนวนพิกเซลที่เป็นวัตถุหรือ พื้นหลัง ดังสมการ

$$\mu^t_B = \frac{\sum_{(i,j)\in \text{background}} f(i,j)}{\#\text{background_pixels}} \quad , \quad \mu^t_O = \frac{\sum_{(i,j)\in \text{objects}} f(i,j)}{\#\text{object_pixels}}$$

2.2 หาค่าเทรสโฮลด์ โดยค่าเทรสโฮลด์ที่หาได้ในแต่ละรอบจะเป็นค่าเทรสโฮลด์ที่นำไปแยกพื้นหลัง กับ วัตถุในการวนลูปรอบถัดไป ซึ่งคำนวณได้จากการหาค่าเฉลี่ยระหว่าง μ^t_B และ μ^t_O ดังสมการ

$$T^{(t+1)} = (\mu^t_B + \mu^t_O)/2$$

2.3 เทียบค่าเทรสโฮลด์ที่ได้ในรอบนี้กับค่าเทรสโฮลด์ที่ได้ในรอบที่แล้ว หากเท่ากันก็ให้ค่าเทรสโฮลด์ของรูปเท่ากับค่านี้ และ ออกจากลูป แต่ถ้ายังไม่เท่ากันก็วนลูปไปเรื่อย ๆ โดยการเทียบความเท่ากันนั้นไม่ต้องเทียบถึงขนาดค่าของทศนิยม เพราะค่าทศนิยมของค่า

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า ไม่ว่ากรณีใดๆ ทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ดัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

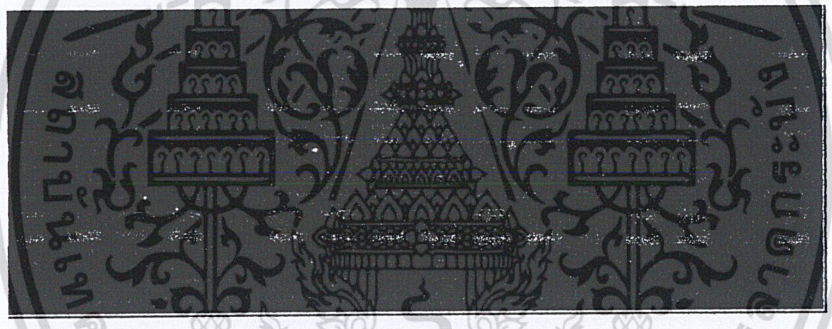
เทรสโฮลด์ไม่มีผลในการแบ่งวัตถุ กับ พื้นหลังอยู่แล้ว เนื่องจากค่าความสว่างของแต่ละพิกเซลเป็นจำนวนเต็ม เช่นสมมติว่าค่าเทรสโฮลด์ที่ได้ในรอบที่แล้วมีค่าเท่ากับ 3.25 และ ค่าเทรสโฮลด์ที่ได้ในรอบนี้เท่ากับ 3.89 แต่เมื่อลองพิจารณาดูแล้ว 2 ค่านี้สามารถแบ่งวัตถุ และ พื้นหลังได้เหมือนกันทุกประการ ก็คือ พิกเซลไหนที่มีค่าตั้งแต่ 4 ขึ้นไปก็จะเป็นวัตถุไป พิกเซลมีค่าตั้งแต่ 3 ลงมาก็จะเป็นพื้นหลังไป (วัตถุสีขาว พื้นหลังสีดำ) ดังนั้น เวลาเทียบความเท่ากันของค่าเทรสโฮลด์เทียบเฉพาะค่าที่เป็นจำนวนเต็มก็พอ

และเนื่องจากภาพในแต่ละส่วนอาจมีความมืด - สว่างไม่เท่ากัน หากเราใช้ค่า เทรสโฮลด์ เพียงค่าเดียวสำหรับทั้งภาพจะทำให้บางส่วนของวัตถุอาจหายไปได้ ทำให้ภาพไม่สมบูรณ์ โดยเรามีสมมติฐานที่ว่าภาพที่อยู่ในบริเวณใกล้เคียงกันน่าจะมีความเข้มของภาพใกล้เคียงกัน พื้นหลัง และวัตถุจะได้มีค่าความสว่างใกล้เคียงกันในส่วนของตัวเอง ดังนั้นเราจึงไม่ใช้ค่าเทรสโฮลด์ เดียวสำหรับทั้งภาพ แต่จะใช้วิธีการหาค่าเทรสโฮลด์ที่เหมาะสมกับภาพในแต่ละส่วน ทำให้การทำการแปลงภาพเป็น 2 ระดับต้องคิดเทียบกับค่าเทรสโฮลด์ในแต่ละบริเวณของมันเอง

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า ไม่ว่ากรณีใดๆ ทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ดัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

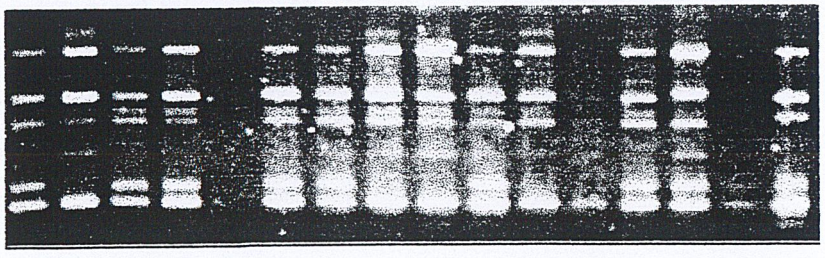
บทที่ 4
ขั้นตอนการทำงาน

ในขั้นตอนการทำงานเมื่อเราได้รูปภาพที่เป็นภาพลักษณะระดับของสีเทา โดยมีความเข้มของจุดภาพทั้งหมด 256 ระดับ ซึ่งได้จากห้องทดลอง นำภาพดังกล่าวมาผ่านกระบวนการหาแถบดีเอ็นเอ ซึ่งเราไม่สามารถที่จะแยกแถบดีเอ็นเอภายในครั้งเดียวโดยการคำนวณภาพทั้งภาพได้ เนื่องจากข้อมูลที่ได้นั้นจะมีความผิดพลาดสูง ซึ่งสาเหตุหลักสำคัญเลยก็คือ แถบดีเอ็นเอที่ปรากฏบนรูปแต่ละแถบมีค่าความสว่างไม่เท่ากัน และ พื้นหลังก็มีค่าความสว่างแตกต่างกันค่อนข้างสูงจนบางตำแหน่งของพื้นหลังมีค่าความสว่างเท่ากันกับแถบดีเอ็นเอในอีกตำแหน่ง ซึ่งถ้าใช้ค่าเทรสโฮลด์ค่าเดียวกับทั้งรูป จะทำให้เกิดความผิดพลาดสูง ข้อมูลจะไม่ถูกต้อง ซึ่งเราจึงต้องแบ่งขั้นตอนออกเป็นขั้นตอนย่อย ๆ ในการแยกแถบดีเอ็นเอ เพื่อให้ได้มาซึ่งข้อมูลที่ถูกต้องที่สุด



รูปที่ 4.1 ภาพแถบดีเอ็นเอ

จากรูปที่ 4.1 เป็นภาพแถบดีเอ็นเอที่ยังไม่ได้ผ่านขั้นตอนการทำงาน สังเกตได้ว่าแถบดีเอ็นเอแต่ละแถบมีค่าความสว่างไม่เท่ากัน และพื้นหลังก็เช่นเดียวกัน จนบางตำแหน่งของพื้นหลังมีความสว่างมากกว่าแถบดีเอ็นเอบางแถบเสียอีก ซึ่งลักษณะความแตกต่างของค่าความสว่างนี้จะเห็นได้ชัดเจนเลยถ้าเรานำภาพดีเอ็นเอมาผ่านการทำ ฮิสโตแกรมอีควอไลเซชั่น ซึ่งเป็นการปรับภาพให้มีความชัดเจนมากขึ้น

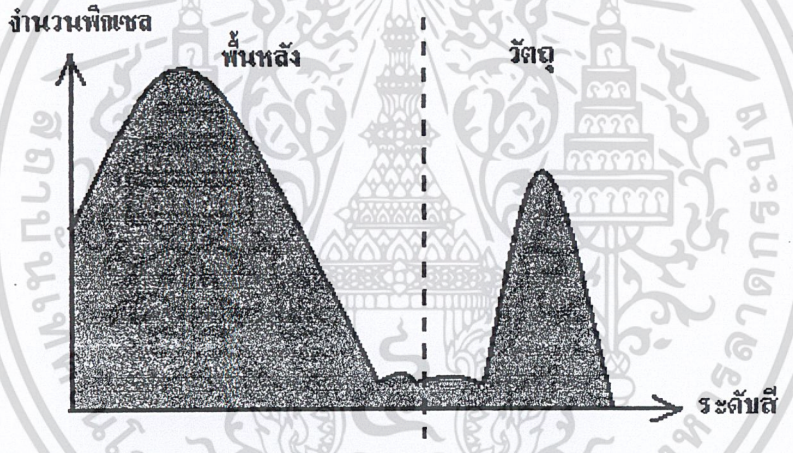


รูปที่ 4.2 ภาพที่ผ่านกระบวนการฮิสโตแกรมอีควอไลเซชั่น

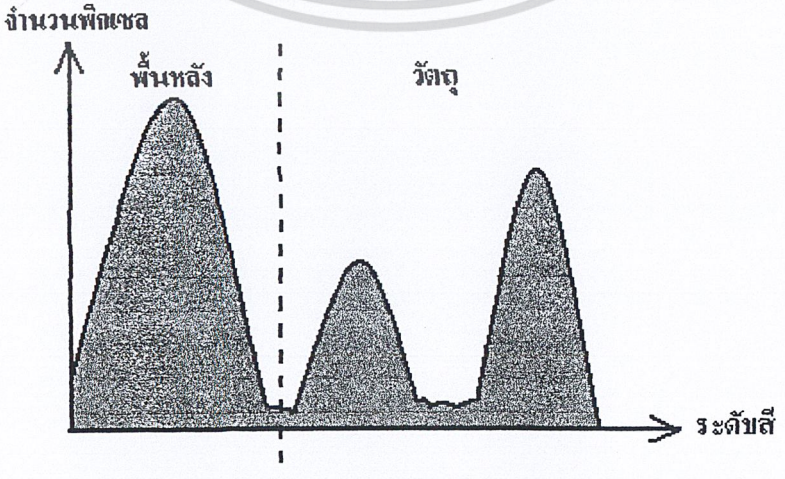
เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า ไม่ว่ากรณีใดๆ ทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ดัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

จากรูปที่ 4.2 แสดงความแตกต่างระหว่างวัตถุกับพื้นหลัง จะเห็นได้ชัดเจนเลยว่าพื้นหลังในบางส่วนมีค่าความสว่างมากกว่าแถบดีเอ็นเอบางแถบเสียอีก ทำให้เป็นการยากที่เราจะแยกแถบดีเอ็นเอออกจากพื้นหลังได้ ถ้าใช้ค่าเทรสโฮลด์ค่าเดียวเป็นตัวแยกวัตถุกับแถบดีเอ็นเอ จะทำให้แถบดีเอ็นเอบางส่วนหายไป และ บางส่วนที่ไม่ใช่แถบดีเอ็นเอก็จะกลายมาเป็นแถบดีเอ็นเอ ทำให้ข้อมูลที่ได้เกิดความผิดพลาดมาก เราจึงใช้วิธีในการหาค่าเทรสโฮลด์ 2 วิธี คือ วิธีการหาความชันของระดับความเข้มของภาพ และ การเลือกค่าเทรสโฮลด์โดยการทำซ้ำ ซึ่งทั้ง 2 วิธีมีทั้งข้อดีและข้อด้อยแตกต่างกันไป โดยเราจะใช้การหาค่าเทรสโฮลด์ด้วยวิธีการเลือกค่าเทรสโฮลด์โดยการทำซ้ำในการทำงาน และใช้ค่าเทรสโฮลด์ที่หาได้จากวิธีการหาความชันของระดับความเข้มของภาพเป็นตัวช่วย

และจากการสังเกตรูปต่าง ๆ ที่นำมาทำการทดลอง เราสามารถที่จะแบ่งรูปออกได้เป็นหลายลักษณะแตกต่างกันไป แม้ว่าจะไม่สามารถสังเกตเห็นได้ด้วยตาปกติ แต่จะรู้เมื่อได้ดูเจาะลงไปที่ค่าสีแต่ละพิกเซล ซึ่งผลลัพธ์ที่ได้จะมีค่าที่ไม่เท่ากัน เราสามารถจำแนกภาพออกเป็นประเภทต่างๆ ตามลักษณะของฮิสโตแกรมได้ดังนี้

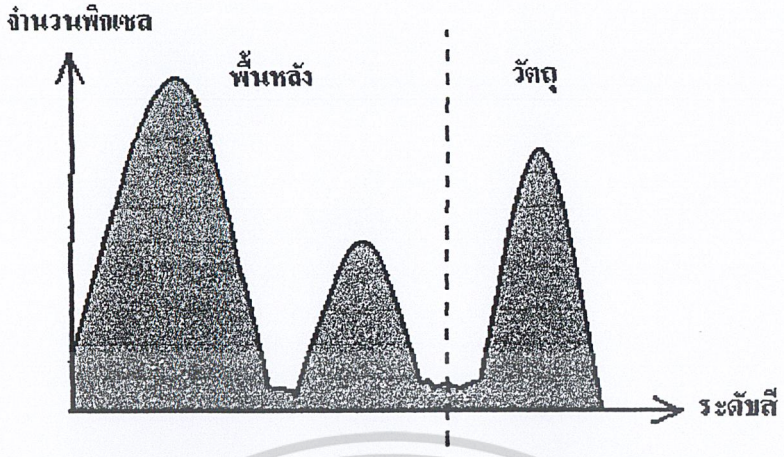


รูปที่ 4.3 ฮิตโตแกรมของภาพที่มีระดับสีของพื้นหลัง และ ระดับสีของแถบสว่างอยู่ในช่วงเดียวกัน

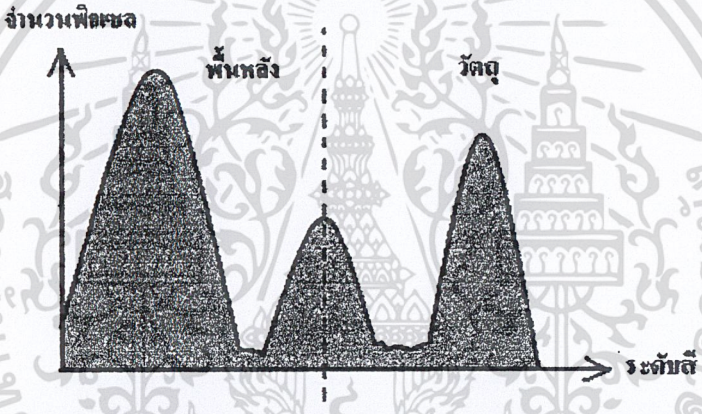


รูปที่ 4.4 ฮิตโตแกรมของภาพที่มีระดับสีของพื้นหลังอยู่ในช่วงเดียวกัน แต่ระดับสีของแถบสว่างหลายช่วง

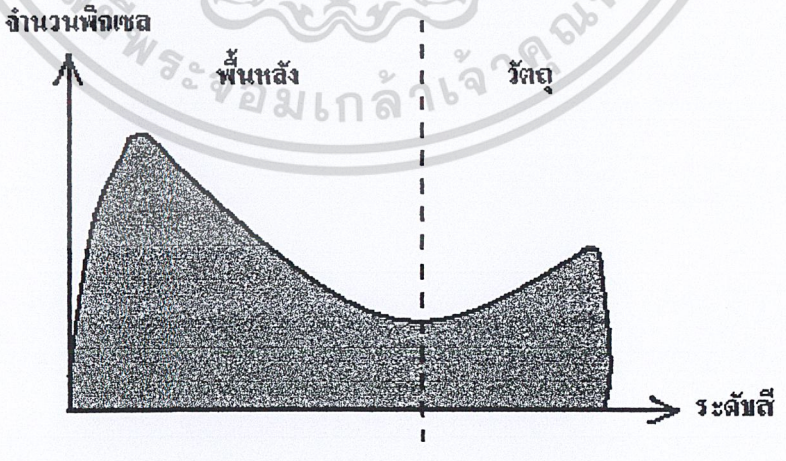
เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า ไม่ว่ากรณีใดๆ ทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ดัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้



รูปที่ 4.5 ฮิตโตแกรมของภาพที่มีระดับสีของพื้นหลังหลายช่วง แต่ระดับสีของแถบสว่างอยู่ในช่วงเดียวกัน



รูปที่ 4.6 ฮิตโตแกรมของภาพที่มีระดับสีของพื้นหลัง และระดับสีของแถบสว่างหลายช่วง



รูปที่ 4.6 ฮิตโตแกรมของภาพที่มีระดับสีของพื้นหลัง และระดับสีของแถบดีเอ็นเอกลมกลืนกัน

โดยภาพในแต่ละลักษณะ (แยกตามลักษณะของฮิสโตแกรมที่ต่างกัน) ก็จะเกิดปัญหาในลักษณะที่ที่ไม่เหมือนกัน เนื่องจากการหาค่าเทรสโฮลด์ได้ถูกต้องเพียงไหนขึ้นกับลักษณะของฮิสโตแกรม โดยเราสามารถจำแนกปัญหาที่เกิดขึ้นในภาพแต่ละลักษณะได้ดังนี้

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า ไม่ว่ากรณีใดๆ ทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ดัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

ลักษณะรูปภาพ	ปัญหาที่พบ
ภาพที่มีระดับสีของพื้นหลัง และระดับสีของแถบสว่างอยู่ในช่วงเดียวกัน (รูป 4.3)	ลักษณะภาพแบบนี้ไม่พบปัญหา และผลลัพธ์ออกมาค่อนข้างจะถูกต้อง
ภาพที่มีระดับสีของพื้นหลังอยู่ในช่วงเดียวกัน แต่ระดับสีของแถบสว่างมีหลายระดับ (รูป 4.4)	ภาพในลักษณะนี้จะมีความถูกต้องลดน้อยลงมาหน่อย เนื่องจากแถบสว่างมีทั้งที่สว่างมาก และสว่างน้อย เมื่อนำมาหาค่าเทรสโฮลด์จะทำให้ค่าเทรสโฮลด์ค่อนข้างสูง ซึ่งบางครั้งหากสูงเกินกว่าแถบสว่างบางแถบก็จะทำให้แถบหายไปได้ หากแถบหายก็ทำให้การหาคอลัมน์ และ แถวมีโอกาสผิดพลาดได้
ภาพที่มีระดับสีของพื้นหลังหลายระดับ แต่ระดับสีของแถบสว่างอยู่ในช่วงเดียวกัน (รูป 4.5)	ภาพในลักษณะนี้พื้นหลังจะมีค่าสีที่แตกต่างกันมาก เมื่อเราหาแถว และคอลัมน์เพื่อแบ่งรูปออกเป็นเซลล์เล็ก ๆ ได้แล้ว พอเรามาทำไบนาริเซชั่นในแต่ละเซลล์ ถ้าเซลล์ไหนไม่มีแถบสว่างมันก็จะแยกเอาพื้นหลังที่สว่างกว่าออกมาเป็นวัตถุแทน ซึ่งค่าก็จะผิดพลาด
ภาพที่มีระดับสีของพื้นหลัง และระดับสีของแถบสว่างหลายช่วง และกลมกลืนกัน (รูป 4.6 และ 4.7)	เนื่องจากค่าสีของทั้ง 2 วัตถุเหลื่อมล้ำกัน ถ้าระดับสีของพื้นหลังบางส่วนมากกว่าแถบสว่างบางแถบ ทำให้ค่าที่ถูกแสดงออกมาคืนค่าพื้นหลัง หรือถ้ากำหนดค่าเทรสโฮลด์ให้มากเพื่อไม่ให้พื้นหลังออกมา แถบดีเอ็นเอก็จะหายเพิ่มขึ้น

ตาราง 4-1 แสดงการลักษณะภาพที่นำมาใช้ และปัญหาที่พบ

ดังนั้นขั้นตอนการในการแยกแถบดีเอ็นเอออกจากพื้นหลังนั้นจะต้องมีขั้นตอนที่ซับซ้อนมากขึ้น เพื่อที่จะให้ความผิดพลาดต่าง ๆ ที่ได้กล่าวมาแล้วข้างต้นลดน้อยลง หรือ หมดไป

โดยเราได้แบ่งขั้นตอนการ ในการแยกแถบดีเอ็นเอออกจากพื้นหลังเป็นขั้นตอนย่อย ๆ ดังนี้

- การแยกแถบดีเอ็นเอออกเป็นคอลัมน์
- การหาแถวและนำแถวที่ได้มาหาแถบดีเอ็นเอภายในแถว
- การเปรียบเทียบแถบดีเอ็นเอ และการเชื่อมแถบดีเอ็นเอในแต่ละแถว
- การประมวลผลแถบดีเอ็นเอ และการบันทึกแถบดีเอ็นเอ

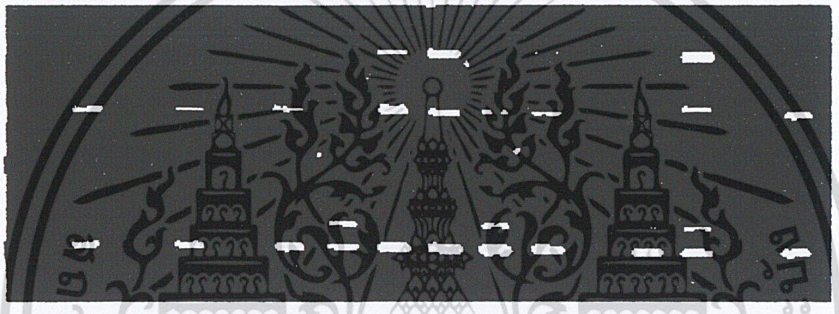
4.1 การแยกแถบดีเอ็นเอออกเป็นคอลัมน์

การทำงานในขั้นตอนนี้เป็นการคำนวณเพื่อให้ได้คอลัมน์ของแถบดีเอ็นเอ ขั้นตอนนี้จะเป็นจุดเริ่มต้นของการทำงาน โดยจะต้องทำการแปลงภาพจากระดับของสีเทา 256 ระดับให้เหลือเพียง 2 ระดับเสียก่อน คือ ขาวกับดำ สำหรับการหาค่าเทรสโฮลด์ในขั้นตอนนี้เราใช้วิธีการหาความชันของระดับความเข้มของภาพเพียงวิธีเดียวก็พอ เนื่องจากในขั้นตอนนี้ต้องการแค่เพียงหาช่วงในแต่ละคอลัมน์เท่านั้น

เอกสารนี้มีลิขสิทธิ์ ห้ามนำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า ไม่ว่ากรณีใดๆ ทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ดัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

โดยเราจะทำการหาค่าเทรสโฮลด์ด้วยวิธีการหาความชันของระดับความเข้มของภาพกับทั้งภาพ โดยจะกำหนดมมติฐานไว้ว่า ถ้าค่าเฉลี่ยเกรเดียนที่หาได้มีค่าน้อยกว่า 10 (ความแตกต่างของค่าความสว่างเฉลี่ยน้อยกว่า 10) จะถือว่าเป็นวัตถุประเภทเดียวกัน ในขั้นนี้ค่าเทรสโฮลด์แบบไอเทอเรทีฟยังไม่ได้นำมาใช้ เพราะว่าเราต้องการแยกแถบดีเอ็นเอออกจากพื้นหลังโดยกำจัดพื้นหลังที่มีค่าใกล้เคียงกับแถบดีเอ็นเอออกไป ถ้าเป็นการหาค่าเทรสโฮลด์แบบไอเทอเรทีฟซึ่งค่อนข้างจะแม่นยำจะทำให้เกิดความผิดพลาดมาก เพราะค่าจากพื้นหลังบางส่วนจะถูกแสดงขึ้นมาด้วย จากนั้นนำค่าเทรสโฮลด์ที่ได้นั้นไปแยกส่วนที่เป็นวัตถุกับส่วนที่เป็นพื้นหลังออกจากกัน ซึ่งเราไม่ได้ทำการเปลี่ยนแปลงกับภาพ แต่ทำเพียงเก็บข้อมูลไว้ เพื่อสามารถนำมาผ่านขั้นตอนอื่นได้ จากนั้นก็นำข้อมูลที่เก็บไว้มาสแกนหาวัตถุในแนวคอลัมน์

จากรูปที่ 4.1 หากเรานำมาผ่านขั้นตอนการแปลงภาพเป็น 2 ระดับด้วยวิธีที่กล่าวมา เราจะได้รูปขาว-ดำออกมาในลักษณะดังนี้



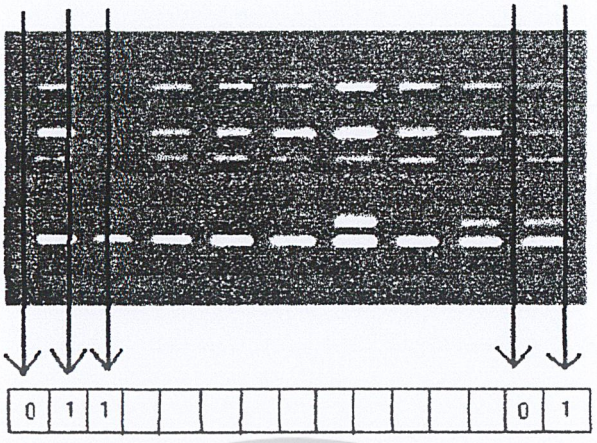
รูปที่ 4.8 ภาพแถบดีเอ็นเอที่ผ่านขั้นตอนการแยกพื้นหลังออกจากวัตถุ โดยวิธีการหาความชันของระดับความเข้มของภาพ

จากรูปจะเห็นได้ว่า เราไม่สามารถจับวัตถุบางส่วนได้ เพราะว่าค่าความสว่างของแถบบางแถบมีค่าน้อยกว่าค่าความสว่างของพื้นหลัง และบางส่วนที่ไม่ใช่แถบดีเอ็นเอที่มีค่าความสว่างอยู่ในช่วงของวัตถุทำให้เกิดความผิดพลาด ดังนั้นเราจึงไม่ควรใช้ค่าเทรสโฮลด์ค่าเดียวกับภาพทั้งภาพได้ เพราะผลที่ได้จะไม่ถูกต้อง ดังที่กล่าวไว้ในบทที่ 3 เราจะทำการแบ่งรูปออกเป็นส่วน ๆ เพื่อหาค่าเทรสโฮลด์ที่เหมาะสมกับแต่และส่วน แต่แบ่งยังไงก็คงจะไม่ถูกต้องซะทีเดียวเพียงแต่ลดความผิดพลาดให้น้อยลงกว่าทำทั้งภาพ เพราะค่าเทรสโฮลด์ที่ได้เกิดจากการคิดโดยเทียบกับพื้นหลัง และ แถบสว่างที่อยู่บริเวณใกล้กันเท่านั้น บริเวณที่อยู่ไกลออกไปไม่มีส่วนในการคำนวณ

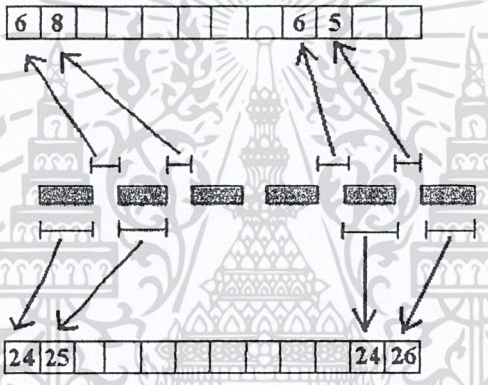
ในขั้นตอนถัดไปเราจะทำการหาคอลัมน์ของแถบดีเอ็นเอ โดยการสแกนพิกเซลหาวัตถุในแนวดิ่ง โดยจะสแกนจากขอบด้ายซ้ายของภาพจนไปสุดขอบด้วนขวาของภาพ ซึ่งจะทำให้เราทราบถึงความกว้างของแถบสว่าง และระยะห่างระหว่างคอลัมน์ ในการสแกนพิกเซลนั้นรูปที่นำมาสแกนพิกเซลต้องผ่านการทำให้เหลือสีเพียง 2 ระดับเสียก่อน คือ 0 กับ 1 เท่านั้น โดย 0 คือพื้นหลัง และ 1 คือแถบสว่าง เมื่อทำการสแกนหากเจอ 1 ก็เก็บค่าเป็น 1 แต่หากไม่เจอ 1 เลยก็จะกำหนดค่าเป็น 0 ดังรูป 4.9

พอได้ข้อมูลจากขั้นตอนที่ผ่านมาแล้วก็มาทำการหาระยะห่างระหว่างคอลัมน์โดยการนับจำนวนของเลข 0 ที่อยู่ติดกัน และความยาวของแถบสว่างโดยการนับจำนวนของเลข 1 ที่อยู่ติดกันแล้วทำการบันทึกไว้ ค่าแถบสว่างที่ได้นี้จะมีระยะห่างทั้งที่เท่ากัน และไม่เท่ากัน ดังรูป 4.10

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า ไม่ว่ากรณีใดๆ ทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ดัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้



รูปที่ 4.9 การสแกนหาวัตถุในแนวดิ่ง



รูปที่ 4.10 ขั้นตอนการเก็บค่าความยาวของแถบสว่าง และค่าระห่างระหว่างคอลัมน์

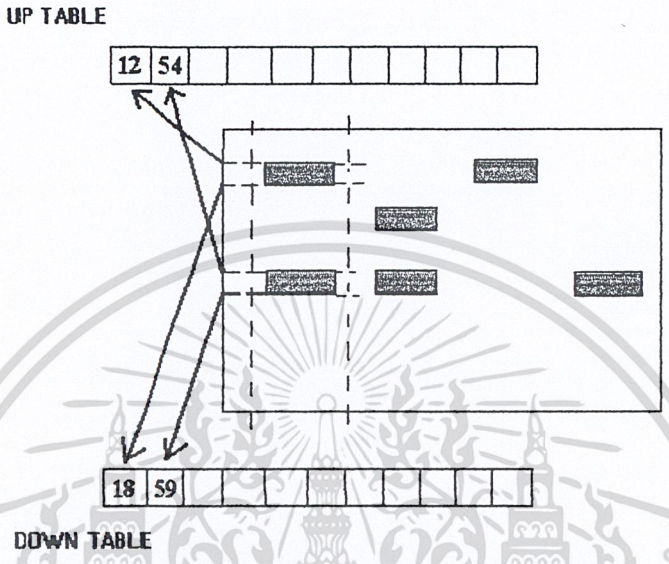
ดังนั้นจึงต้องทำการเลือกค่าความยาวของแถบสว่าง และค่าระยะห่างระหว่างแถบที่เหมาะสม โดยการหาค่ามัธยฐาน (Median) ของระยะห่างระหว่างคอลัมน์ และแถบสว่างที่ได้เหล่านี้เพื่อใช้แทนส่วนที่ผิดพลาด สำหรับส่วนที่ไม่ผิดพลาดก็ให้ใช้ค่าเดิมที่หาได้ ส่วนที่ผิดพลาดในที่นี้ก็เช่น การได้ขนาดคอลัมน์ที่ใหญ่เกินไป หรือเล็กเกินไป การสร้างคอลัมน์ที่ไม่ถูกต้อง เป็นต้น เมื่อเราได้ค่ามัธยฐานแล้วก็สามารถนำค่านี้มาแก้ไขเฉพาะส่วนที่ผิดพลาดให้ถูกต้องได้

4.2 การหาแถวและนำแถวที่ได้มาหาแถบดีเอ็นเอภายในแถว

เมื่อเราได้คอลัมน์แล้ว การคำนวณในขั้นต่อไปก็คือทำการแปลงภาพใหม่ โดยใช้การหาค่าเทรสโฮลด์ทั้ง 2 วิธีเลย คือ วิธีการหาความชันของระดับความเข้มของภาพ และ การหาแบบไอเทอเรทีฟ แต่จะคำนวณแยกเป็นคอลัมน์ ๆ ไป ดังนั้นค่าเทรสโฮลด์ที่ได้ในขั้นตอนนี้จะมีความถูกต้องมากกว่าครั้งแรก เพราะว่าในครั้งแรกเรายังไม่รู้ว่าแถบดีเอ็นเออยู่ประมาณช่วงไหนไหน การหาแบบสุ่มทำให้ค่าที่ได้ย่อมมีความถูกต้องน้อย แต่ถ้าเราเจาะจงลงไปในบริเวณที่ๆมีแต่วัตถุ จะสามารถลดปัญหาที่เกิดขึ้นจากความสว่าง

เอกสารนี้สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า ไม่ว่ากรณีใดๆ ทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ดัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

ที่แตกต่างกันของแถบดีเอ็นเอ และ พื้นหลังได้ เมื่อได้ค่าเทรสโฮลด์แบบไอเทอเรทีฟ แล้วก็นำค่านี้มาเทียบกับค่าเทรสโฮลด์ที่หาได้จากวิธีการหาความชันของระดับความเข้มของภาพที่คำนวณได้จากคอลัมน์เดียวกัน การใช้ค่าเทรสโฮลด์ทั้ง 2 ตัวช่วยทำให้การหาค่าเทรสโฮลด์มีความถูกต้องมากขึ้น เมื่อแปลงรูปเรียบร้อยแล้วก็มาสู่ขั้นตอนการหาแถว

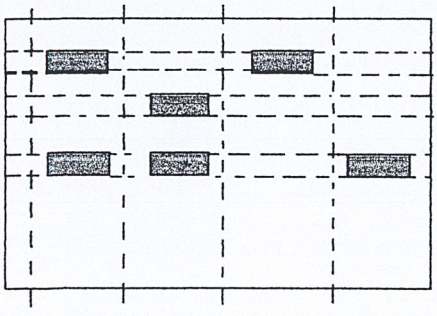


รูปที่ 4.11 การบันทึกขอบบน และขอบล่างของแถบดีเอ็นเอ

โดยการหาแถวเราจะทำการหาแยกแต่ละคอลัมน์ แล้วทำการบันทึกข้อมูลว่ามีแถบสว่างปรากฏอยู่ตำแหน่งไหนบ้าง โดยมีตาราง 2 ตารางในการอ้างอิงตำแหน่ง ตารางบนเก็บค่าด้านบนของแถบดีเอ็นเอ ส่วนตารางล่างจะเก็บค่าด้านล่างของแถบดีเอ็นเอ ดังรูป 4.11 ซึ่งการเก็บค่าจะเก็บโดยให้ห่างจากวัตถุจริง 1 จุดภาพเพื่อไว้ใช้ในการแยกแถบดีเอ็นเอครั้งสุดท้าย

4.3 การเปรียบเทียบแถบดีเอ็นเอ และการเชื่อมแถบดีเอ็นเอในแต่ละแถว

เนื่องข้อมูลแถวที่ได้จากขั้นตอนที่แล้วเป็นข้อมูลแถวที่แยกกันในแต่ละคอลัมน์ แต่การนำไปใช้จริงต้องเป็นแถวของทั้งรูป ดังนั้นเราจะต้องทำการเชื่อมข้อมูลของแต่ละคอลัมน์เสียก่อน โดยการเทียบแถบดีเอ็นเอที่พบในแต่ละคอลัมน์ด้วยกัน ดังรูป 4.12



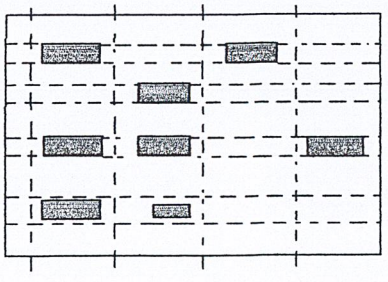
รูปที่ 4.12 การเปรียบเทียบแถบดีเอ็นเอ และการเชื่อมแถบดีเอ็นเอในแต่ละแถว

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า ไม่ว่ากรณีใดๆ ทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ดัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

ในขั้นตอนนี้เราจะทำการเปรียบเทียบแถวที่ได้ในแต่ละคอลัมน์ว่าเหมือนกันหรือต่างกันอย่างไร โดยการเปรียบเทียบจะเปรียบเทียบกับคอลัมน์ที่อยู่ข้างๆ กัน โดยให้เริ่มจากซ้ายไปขวา หากคอลัมน์ด้านขวามีแถบดีเอ็นเอที่แตกต่างออกไปจากที่ได้เก็บมา (ไม่ทับกันกับแถบที่มีอยู่เดิม) ก็ทำการเก็บข้อมูลเพิ่มไปอีกตำแหน่ง เมื่อทำจนครบทุกคอลัมน์ คอลัมน์สุดท้ายก็จะได้แถวทั้งหมดที่มีก่อน หลังจากนั้นก็วนกลับมาที่เดิมในทางกลับกัน คือ จากขวาไปซ้าย เพื่อให้ทุกคอลัมน์มีข้อมูลแถวที่ครบหมด สาเหตุที่เราไม่สามารถใช้ตารางเก็บแถวเพียงตารางเดียวกับทุกคอลัมน์ได้ เนื่องจากแถวของแถบดีเอ็นเออาจเอียงได้ แถบสว่างที่อยู่แถวเดียวกันแต่อยู่คนละคอลัมน์อาจมีตำแหน่งไม่เหมือนกันซะทีเดียวแต่จะซ้อนทับกัน จึงต้องใช้ตารางเก็บแถวแยกกันแต่ละคอลัมน์ วิธีนี้เสมือนสร้างแนวของแถบดีเอ็นเอ ซึ่งขั้นตอนนี้มุ่งเน้นให้ครอบคลุมแถบดีเอ็นเอทั้งหมดที่เป็นไปได้ เพื่อที่จะหาพื้นที่ที่เล็กที่สุดซึ่งมีแถบสว่างปรากฏอยู่เพียงแถบเดียว แล้วนำพื้นที่ดังกล่าวไปทำการหาแถบดีเอ็นเอครั้งสุดท้ายจะทำให้ได้ข้อมูลครบทุกแถบสว่าง

4.4 การประมวลผลแถบดีเอ็นเอ และการบันทึกแถบดีเอ็นเอ

ขั้นตอนนี้เป็นการนำค่าตำแหน่งคอลัมน์ และ แถวที่ได้มาใช้ในการระบุถึงช่วงที่น่าจะมีแถบสว่างแต่ละแถบปรากฏอยู่ เมื่อเราได้ค่าช่วงตำแหน่งของแถบดีเอ็นเอแต่ละชิ้นแล้วซึ่งจะขอเรียกว่าเซลล์ เราก็จะทำการคำนวณหาแถบดีเอ็นเอเฉพาะในเซลล์เล็ก ๆ นี้ โดยหาค่าเทรสโฮลด์ในแต่ละเซลล์เล็ก ๆ นี้ แล้วแปลงรูปให้เป็น 2 ระดับเพื่อแยกแถบสว่างออกจากพื้นหลังด้วยค่าเทรสโฮลด์จากวิธีไอเทอเรทีฟ การแปลงภาพให้เป็น 2 ระดับในขั้นตอนนี้ค่อนข้างที่จะให้ค่าที่ถูกต้องมากที่สุด เพราะว่าเราสามารถลดพื้นที่ให้เหลือครอบคลุมแค่แถบดีเอ็นเอเพียงแถบเดียวซึ่งแสดงว่าจะไม่มีสิ่งรบกวนจากทั้งแถบสว่างใกล้เคียง หรือจากพื้นหลังที่มีไกลออกไป แต่ก็ยังสามารถเกิดข้อผิดพลาดได้ หากรูปมีค่าความสว่างของพื้นหลังค่อนข้างแตกต่างกันหลายระดับ พอมาทำไบนาริเซชั่นภายในเซลล์ ถ้าเซลล์นั้นไม่มีวัตถุอยู่ มันก็จะทำการแบ่งแยกเอาพื้นหลังที่สว่างกว่าออกมาเป็นวัตถุแทน ซึ่งทำให้เกิดความผิดพลาด ดังนั้นจึงต้องหาค่าเทรสโฮลด์ด้วยวิธีอีกวิธีหนึ่ง โดยหากค่าไหนมีค่ามากกว่ากันก็ให้ใช้ค่านั้น เพราะการหาด้วยวิธีการหาความชันของระดับความเข้มของภาพจะลดปัญหาตรงนี้ได้ โดยหากเซลล์ไหนที่ทำการคำนวณไม่มีแถบสว่างปรากฏอยู่ มีแต่พื้นหลังอย่างเดียวก็จะทำให้ค่าความแตกต่างเฉลี่ยของภาพในเซลล์นี้มีค่าค่อนข้างน้อย เราก็ทำการตั้งค่าๆหนึ่งเอาไว้เป็นตัวเทียบ หากว่าค่าความแตกต่างเฉลี่ยของภาพในเซลล์มันน้อยเกินกว่าค่าที่เราตั้งไว้ก็จะถือว่าพิกเซลที่อยู่ในโซนนี้ไม่มีความแตกต่างกัน ทำให้พื้นหลังที่สว่างกว่าไม่ออกมาเป็นวัตถุ ทำให้เราได้ภาพขาว – ดำที่เกิดความผิดพลาดน้อยกว่าการหาค่าเทรสโฮลด์วิธีเดียวและใช้กับทั้งภาพ



1	0	1	0
0	1	0	0
1	1	0	1
1	9	0	0

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า ไม่ว่ากรณีใดๆ ทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ดัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

รูปที่ 4.13 การบันทึกข้อมูลของแถบดีเอ็นเอ

สำหรับการบันทึกแถบดีเอ็นเอจะบันทึกในลักษณะของไฟล์เอ็กเซล คือ เก็บเป็นตารางที่แสดงถึงการมีหรือไม่มีแถบสว่างปรากฏอยู่ แต่เนื่องจากวัตถุที่ปรากฏออกมาอาจจะไม่ใช่แถบสว่างในกรณีที่ภาพมีสิ่งรบกวน หรือ อาจจะใช่แต่มีขนาดเล็กเกินไปเกินกว่าจะยอมรับได้ เราจึงได้กำหนดให้มีค่าอีกค่าหนึ่งที่บอกถึงเหตุการณ์ในลักษณะนี้ โดยค่าที่กำหนดให้แต่ละเหตุการณ์มีดังนี้

- 0 หมายถึง บริเวณนั้นไม่มีแถบดีเอ็นเอ
- 1 หมายถึง บริเวณนั้นมีแถบดีเอ็นเอ
- 9 หมายถึง บริเวณนั้นมีความสว่าง แต่ไม่สามารถสรุปได้ว่าเป็นวัตถุ หรือพื้นหลัง

เกณฑ์ในการพิจารณาว่ามีแถบดีเอ็นเอปรากฏ หรือ ไม่ปรากฏ หรือ สรุปไม่ได้ เราจะพิจารณาจากจำนวนจุดสว่างที่ปรากฏอยู่ในกรอบที่กำหนด โดย

- 0 มีจุดภาพที่เป็นวัตถุน้อยกว่า 5 % ของจุดภาพทั้งหมดในขอบเขต
- 1 มีจุดภาพที่เป็นวัตถุมากกว่า 10 % ของจุดภาพทั้งหมดในขอบเขต
- 9 มีจุดภาพที่เป็นวัตถุมากกว่า 5 % แต่น้อยกว่า 10 % ของจุดภาพทั้งหมดในขอบเขต

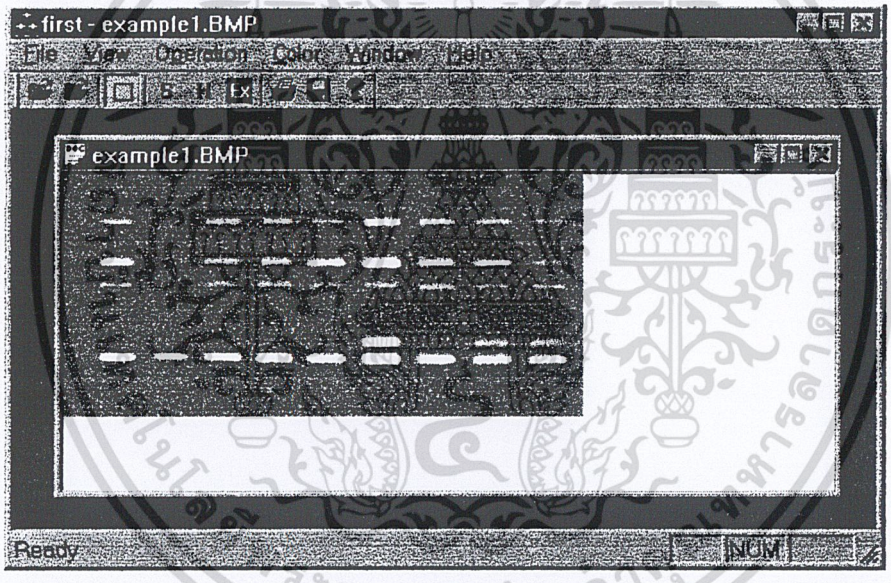
เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า ไม่ว่ากรณีใดๆ ทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ดัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

บทที่ 5

การทดลองและผลการทดลอง

ในบทนี้จะเป็นการกล่าวถึงการทดลอง และ ผลการทดลองที่ได้ โดยจะแสดงให้เห็นแยกเป็นขั้นตอน ๆ ไป รวมทั้งยังแสดงให้เห็นถึงปัญหาที่เกิดขึ้นในแต่ละขั้นตอน และ หลักการในการแก้ไขพัฒนาอัลกอลิธึมต่าง ๆ ให้เหมาะสมกับการนำมาใช้ในการวิเคราะห์ และ แยกแถบดีเอ็นเอ

ลำดับของการทดลองจะเริ่มตั้งแต่ นำภาพที่ได้จากการทดลองในห้องแล็บซึ่งมีลักษณะภาพเป็นระดับของสีเทา ที่มีความเข้มของจุดภาพ 256 ระดับ มาเข้าสู่ขั้นตอนของการประมวลผลภาพ โดยสามารถเลือกได้ว่าจะทำทีละภาพ หรือ เพื่อความรวดเร็วอาจสั่งให้โปรแกรมทำการคำนวณภาพทั้งโฟล์ดเดอร์เลยก็ได้



รูปที่ 5.1 ลักษณะของโปรแกรม

เมื่อรันโปรแกรมขึ้นมาผู้ใช้ก็จะต้องทำการเลือกไฟล์ภาพที่จะคำนวณเสียก่อน ซึ่งวิธีการคำนวณก็มี 2 วิธี ดังที่ได้กล่าวไว้แล้ว หากต้องการคำนวณทีละภาพก็เลือกที่แท็บ FILE แล้วเลือก OPEN หรือกดเลือกเมนู ที่อยู่ทางซ้าย(มีสีเหลือง) หรือ กด Ctrl + O ถ้าเลือกวิธีนี้ผู้ใช้สามารถใช้ทูลต่าง ๆ ที่มีได้ดังนี้

- เลือกพื้นที่ในรูปที่จะคำนวณ
- ทำการกำจัดสัญญาณรบกวนบนภาพ หรือเลือกแท็บ Operation แล้วเลือก Smoothing หรือ กด Ctrl + M
- ทำการปรับความคมชัดให้กับภาพ หรือเลือกแท็บ Operation แล้วเลือก Histogram Equalization หรือ กด Ctrl + H

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า ไม่ว่ากรณีใดๆ ทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ดัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

หลังจากนั้นผู้ใช้ก็ต้องสั่งให้โปรแกรมทำการคำนวณโดยเลือกเมนู หรือเลือกแท็บ Operation แล้วเลือก Execute หรือ กด Ctrl + E

หากต้องการความรวดเร็ว ในกรณีมีรูปภาพมากมายก็สามารถเลือกให้โปรแกรมทำการคำนวณไฟล์ทีละโฟลด์เดอร์เลยก็ได้ โดยการเลือกที่แท็บ FILE แล้วเลือก OPEN LIST หรือกดเลือกเมนู ที่อยู่ทางขวา(มีสีชมพู) หรือ กด Ctrl + L ถ้าผู้ใช้เลือกวิธีนี้ผู้ใช้จะไม่สามารถใช้ทูลต่าง ๆ ที่มีในโปรแกรมได้เลย เพราะโปรแกรมจะทำงานเองทุกอย่างอัตโนมัติ ดังนั้นภาพที่ใช้ควรจะต้องดีในระดับหนึ่ง

เมื่อเลือกวิธีการในการประมวลผลแล้วก็จะมาเข้าสู่ขั้นตอนในการทำงานของโปรแกรมซึ่งประกอบไปด้วยขั้นตอนดังไปนี้

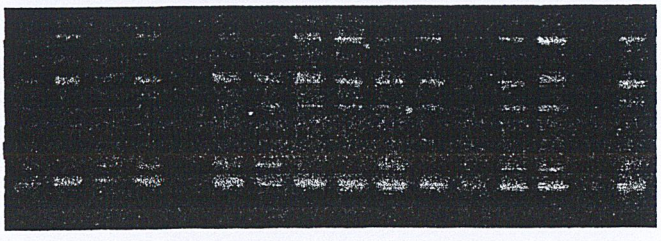
- การแยกแถบดีเอ็นเอออกเป็นคอลัมน์
- การหาแถวและนำแถวที่ได้มาหาแถบดีเอ็นเอภายในแถว
- การเปรียบเทียบแถบดีเอ็นเอ และการเชื่อมแถบดีเอ็นเอในแต่ละแถว
- การประมวลผลแถบดีเอ็นเอ และการบันทึกแถบดีเอ็นเอ

5.1 ผลของการแยกแถบดีเอ็นเอออกเป็นคอลัมน์

การแยกแถบดีเอ็นเอออกเป็นคอลัมน์นั้นจะต้องผ่านขั้นตอนดังนี้

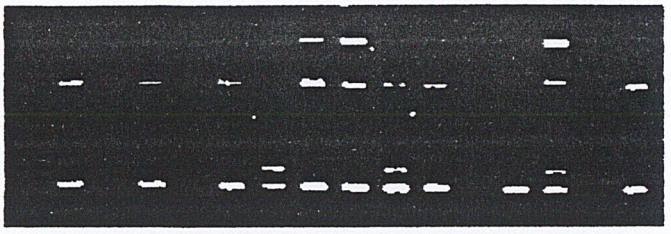
- การหาค่าเทรสโฮลด์ด้วยวิธีการหาความชันของระดับความเข้มของภาพ และ การทำไบนาริเซชั่น
- การสแกนพิกเซลในแนวดิ่งเพื่อหาระยะห่างระหว่างแถบดีเอ็นเอ และขนาดความกว้างของแถบดีเอ็นเอ
- การปรับปรุงขนาดของแต่ละคอลัมน์ ในกรณีที่มีความผิดพลาดเกิดขึ้น

เมื่อหาค่าเทรสโฮลด์ด้วยวิธีการหาความชันของระดับความเข้มของภาพได้แล้ว ก็มาเข้าสู่การแปลงภาพให้เป็น 2 ระดับ โดยขอบเขตของการหาค่าเทรสโฮลด์ และการแปลงภาพจะไม่ทำกับภาพทั้งภาพ แต่จะแบ่งทำเป็นส่วนเล็กเพื่อลดความผิดพลาด โดยการแยกครั้งนี้ต้องการให้ภาพที่ได้มีความชัดเจน และจะกำจัดส่วนที่เป็นพื้นหลังที่มีค่าพอๆกับแถบดีเอนเอ เพราะว่าค่าพวกนี้เมื่อถูกแสดงออกมาแล้วจะทำให้ขั้นตอนการหาคอลัมน์ได้รับผลกระทบ แต่จะไม่เน้นเรื่องของความถูกต้อง เพราะว่าค่าที่ได้ออกมานำมาใช้แค่หาคอลัมน์ของแถบดีเอ็นเอเท่านั้น ไม่จำเป็นต้องมีข้อมูลที่มาก แต่ต้องสามารถเห็นแถบดีเอ็นเอที่ชัดเจน ตัวอย่างภาพที่นำมาทดลอง และผลการทดลองที่ได้ ดังรูป 5.2 และ 5.3



รูปที่ 5.2 ภาพดีเอ็นเอที่นำมาทดลอง

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า ไม่ว่ากรณีใดๆ ทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ดัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้



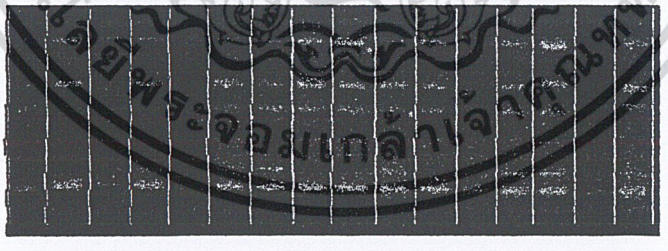
รูปที่ 5.3 ภาพแถบดีเอ็นเอที่ผ่านกระบวนการไบนาริเซชั่น

ในขั้นตอนถัดไปจะทำการหาคอลัมน์ของแถบดีเอ็นเอ โดยใช้วิธีสแกนพิกเซลในแนวดิ่งเพื่อหาความยาวของแถบดีเอ็นเอ และหาระยะระหว่างคอลัมน์ของแถบดีเอ็นเอ

ปัญหาที่เกิดขึ้น ในการหาค่าความยาวของแถบดีเอ็นเอ และระยะห่างระหว่างคอลัมน์นั้น บางครั้งภาพที่นำมาใช้ทดลองเมื่อผ่านการทำไบนาริเซชั่นแล้ว แถบสว่างบางแถบอาจจะกว้างมาก หรือ กว้างน้อยเกินไปทำให้เวลาเรานำเอามาหาค่ามัธยฐานจะทำให้ค่าที่ได้ผิดพลาด เพราะการหาค่ามัธยฐานจะต้องนำค่าทั้งหมดมาเรียงตามลำดับแล้วเลือกค่าที่อยู่ตรงกลาง และถ้าค่ามัธยฐานที่ได้ผิดพลาดการกำหนดคอลัมน์ก็จะผิดพลาดไปหมด

วิธีแก้ไข ในการหาค่ามัธยฐานเราได้กำหนดค่าของขนาดของวัตถุที่จะนำมาใช้ในการหาค่ามัธยฐานว่าจะต้องอยู่ระหว่าง 10 - 30 พิกเซล ทำให้ได้ค่ากลางที่ความเหมาะสมมากขึ้น

จากนั้นทำการตรวจสอบความผิดพลาด โดยจะตรวจสอบระยะห่างระหว่างคอลัมน์ และขนาดของแถบดีเอ็นเอ โดยหากค่าไหนมีความแตกต่างกับค่ามัธยฐานที่หาได้มากก็ให้ใช้ค่ามัธยฐานแทนที่เหลือก็ใช้ค่าเดิมไป ผลการทดลองที่ได้เป็นดังรูปที่ 5.4



รูปที่ 5.4 ผลการหาคอลัมน์ของแถบดีเอ็นเอ

5.2 ผลของการหาแถว และ นำแถวที่ได้มาหาแถบดีเอ็นเอภายในแถว

ในขั้นนี้ก็จะนำเอาคอลัมน์ที่ได้มาทำการหาแถบดีเอ็นเอ โดยจะทำการแยกแถบดีเอ็นเอกับพื้นหลังในแต่ละคอลัมน์ ซึ่งจะใช้การหาค่าเทรสโฮลด์ 2 วิธีในการคำนวณ เหตุผลที่ต้องใช้ค่าเทรสโฮลด์จาก 2 วิธีนั้นเพราะว่าเราต้องการค่าที่มีความถูกต้องมาก การหาค่าเทรสโฮลด์แต่ละวิธีมีจุดอ่อน และจุดแข็งไม่เหมือนกัน โดยจะเอาทั้ง 2 ค่าเปรียบเทียบกันค่าไหนสูงกว่าก็จะใช้ค่านั้น จากนั้นก็ทำการหาตำแหน่งเพราะค่าที่ต่ำจะทำให้พื้นหลังมีสิทธิออกมาเป็นวัตถุได้มากกว่า

เอกสารนี้สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า ไม่ว่ากรณีใดๆ ทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ดัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

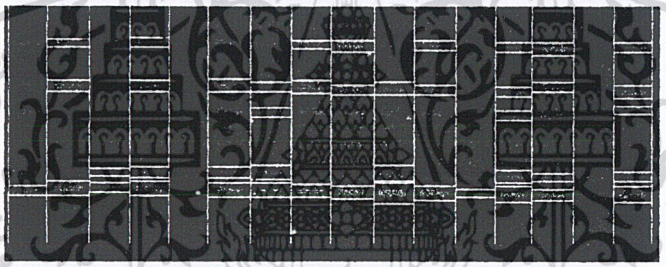
ปัญหาที่เกิดขึ้น

เราไม่สามารถกำหนดค่าเทรสโฮลด์ให้เหมาะสมในแต่ละคอลัมน์ได้ เพราะว่าในคอลัมน์เดียวกันความสว่างของแถบดีเอ็นเอแต่ละอันไม่เท่ากัน ดังนั้นเราไม่สามารถใช้ค่าเทรสโฮลด์เดียวกันทั้งคอลัมน์ได้

วิธีแก้ไข

ทำการแบ่งคอลัมน์ออกเป็นส่วนเล็ก ๆ เพื่อลดความแตกต่างระหว่างแถบดีเอ็นเอ แล้วทำการหาค่าเทรสโฮลด์แยกกันในแต่ละส่วน

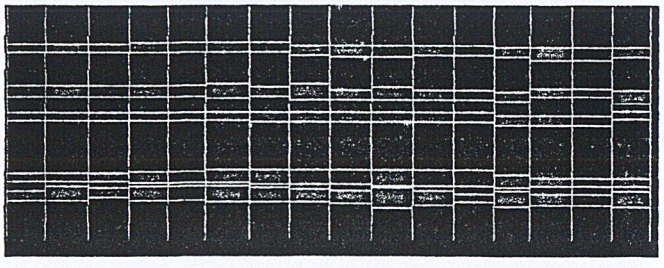
ทำไมต้องใช้การหาค่าเทรสโฮลด์ 2 วิธี เหตุผลคือ ในการหาค่าเทรสโฮลด์แบบไอเทอเรทีฟนั้นจะได้ค่าเทรสโฮลด์ที่ค่อนข้างเที่ยงตรงในการแบ่งวัตถุออกจากพื้นหลัง แต่ในการใช้วิธีนี้จะมีจุดอ่อนอยู่ ก็คือในคอลัมน์ที่ไม่มีแถบสว่างปรากฏอยู่ การหาค่าเทรสโฮลด์ด้วยวิธีนี้จะได้ค่าเทรสโฮลด์ที่อยู่ระหว่าง พื้นหลังที่มีความสว่างน้อย กับพื้นหลังที่มีความสว่างมาก ทำให้พื้นหลังที่มีความสว่างมากนั้นถูกแสดงออกมาเป็นส่วนของวัตถุไปทั้ง ๆที่ผลที่ถูกต้องควรจะไม่มีวัตถุแสดงออกมาเลย ดังนั้นจึงต้องเอาค่าเทรสโฮลด์ที่หาด้วยวิธีการหาความชันของระดับความเข้มของภาพเข้ามาช่วย ขั้นตอนถัดไปก็ทำการหาแถบดีเอ็นเอในแต่ละคอลัมน์ และเก็บค่าด้านบน และ ด้านล่างของแถบดีเอ็นเอของแต่ละคอลัมน์ผลที่ได้ ดังรูปที่ 5.5



รูปที่ 5.5 ผลการนำ แถวที่ได้มาหาแถบดีเอ็นเอภายในแถว

5.3 ผลการเปรียบเทียบแถบดีเอ็นเอ และการเชื่อมแถบดีเอ็นเอในแต่ละแถว

เมื่อได้ตำแหน่งของแถบดีเอ็นเอ ก็จะเอาตำแหน่งของแถบดีเอ็นเอในแต่ละคอลัมน์มาเปรียบเทียบกับตำแหน่งดีเอ็นเอในคอลัมน์ข้างๆ เพราะในขั้นตอนที่ผ่านมานั้นค่าที่ได้ยังมีความผิดพลาดอยู่มาก จึงต้องทำการหาตำแหน่งของแถบดีเอ็นเอจากคอลัมน์ที่อยู่ติดกันเพื่อให้ได้ข้อมูลที่ถูกต้องมากขึ้น ผลการเปรียบเทียบแถบดีเอ็นเอ และการเชื่อมแถบดีเอ็นเอ ดังรูปที่ 5.6



รูปที่ 5.6 ผลการเปรียบเทียบแถบดีเอ็นเอ และการเชื่อมแถบดีเอ็นเอ

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า ไม่ว่ากรณีใดๆ ทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ดัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

ปัญหาที่เกิดขึ้น

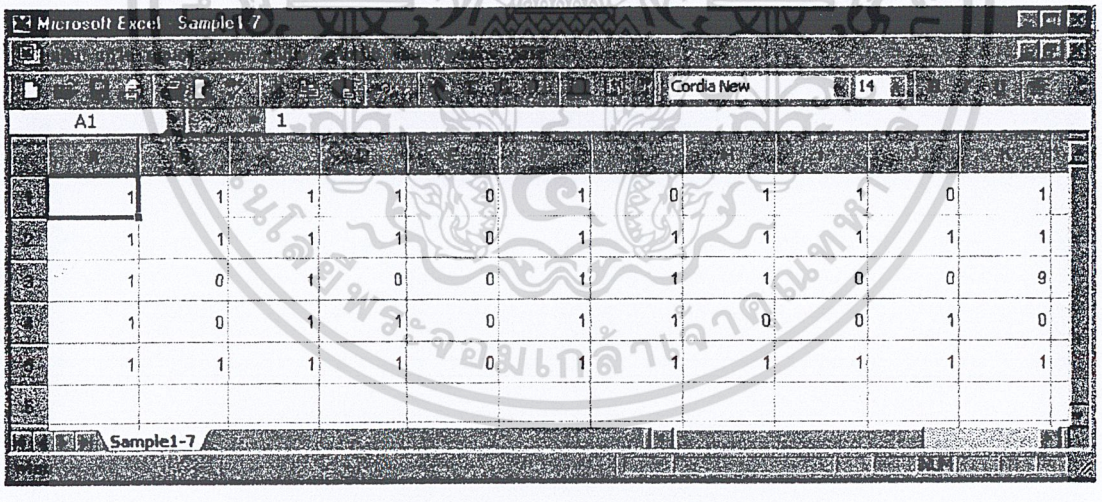
ปัญหาที่เกิดขึ้นในขั้นตอนนี้ คือ การที่ภาพแถบดีเอ็นเอในแต่ละคอลัมน์ไม่อยู่ในแนวเดียวกันกับแถบดีเอ็นเอของคอลัมน์ข้าง ๆ ทำให้ไม่สามารถบอกได้ว่าแถบไหนอยู่ในแถวเดียวกันแน่ ดังรูปที่ 5.4 แต่ละแถบดีเอ็นเอในแนวราบมีขนาดไม่เท่ากัน ทำให้เกิดความผิดพลาดได้

วิธีแก้ไข

จากปัญหาที่กล่าวไว้ด้านบนเราทำการแก้ไขโดยกำหนดว่าหากวัตถุไหนมีความเหลื่อมล้ำกันกับวัตถุที่อยู่คอลัมน์ข้าง ๆ กันให้ถือเป็นวัตถุที่อยู่ในแถวเดียวกัน ถ้าเกิดไม่เหลื่อมล้ำกันก็จะถือว่าไม่ใช่แถวเดียวกัน ทำให้สามารถจัดการกับแถวที่เอียงได้

5.4 การประมวลผลแถบดีเอ็นเอ และการบันทึกแถบดีเอ็นเอ

ในการประมวลผลแถบดีเอ็นเอ เราจะนำค่าตำแหน่งคอลัมน์ และ แถวที่ได้มาทำการแบ่งภาพออกเป็นเซลล์เล็ก ๆที่น่าจะมีแถบสว่างแต่ละแถบปรากฏอยู่ เมื่อเราได้ค่าช่วงตำแหน่งของแถบดีเอ็นเอแต่ละชิ้นแล้ว เราก็จะทำการคำนวณหาแถบดีเอ็นเอเฉพาะในพื้นที่เล็ก ๆ นี้ เพื่อลดความผิดพลาด ทำให้เราได้ภาพขาว - ดำที่มีลักษณะใกล้เคียงกับรูปจริงมากที่สุด หลังจากนั้นก็ทำการตรวจสอบหาแถบสว่างในแต่ละเซลล์เล็ก ๆ และบันทึกข้อมูล โดยทำการบันทึกเป็นไฟล์เอ็กเซล และกำหนดชื่อไฟล์ให้เป็นชื่อเดียวกันกับไฟล์รูปภาพ ดังรูปที่ 5.7



1	1	1	1	0	1	0	1	1	0	1
1	1	1	1	0	1	1	1	1	1	1
1	0	1	0	0	1	1	1	0	0	9
1	0	1	1	0	1	1	0	0	1	0
1	1	1	1	0	1	1	1	1	1	1

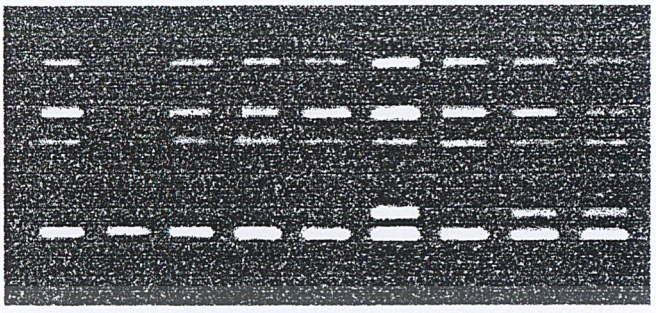
รูปที่ 5.7 การบันทึกแถบดีเอ็นเอ ลงบน ไมโครซอฟท์ Excel

5.5 เปรียบเทียบรูปแถบดีเอ็นเอที่ได้จากการทดลองในแต่ละขั้นตอนตามลำดับ

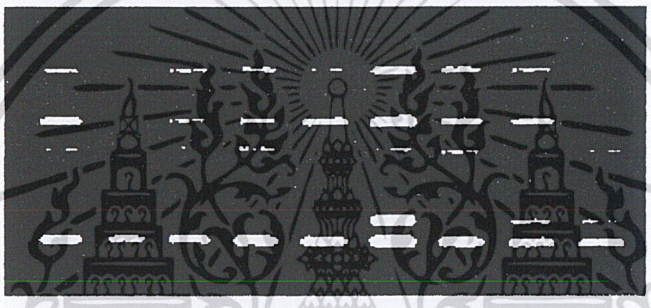
ในหัวข้อนี้จะเป็นการนำเสนอผลการทดลองของรูปที่มีลักษณะต่าง ๆ กัน โดยจะแสดงให้เห็นผลที่ออกมาในแต่ละขั้นตอน รวมทั้งแสดงให้เห็นถึงเปอร์เซ็นต์ของความถูกต้องที่เกิดขึ้น และ เหตุผลที่ทำให้เปอร์เซนต์ของรูปออกมาค่านั้น ซึ่งคงจะไม่ได้แยกเป็นประเภท ๆ ดังที่ได้กล่าวเอาไว้ เพราะโดยส่วนใหญ่แล้ว รูป ๆ หนึ่งมักจะมีหลายลักษณะรวมกันอยู่ ดังนั้นจะแสดงให้เห็นเพียง 3 ภาพที่มีลักษณะแตกต่างกันไปคนละแบบ

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า ไม่ว่ากรณีใดๆ ทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ดัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

5.5.1 ภาพที่มีพื้นหลัง และ วัตถุอยู่ในช่วงเดียวกัน

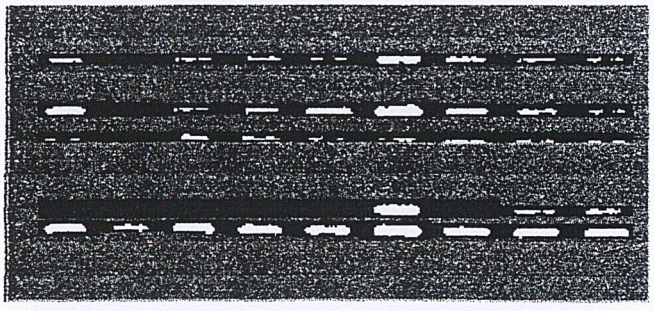


รูปที่ 5.8 ภาพที่มีพื้นหลัง และ วัตถุอยู่ในช่วงเดียวกัน



รูปที่ 5.9 ผลของรูปที่ 5.8 หลังผ่านการทำไบนาริเซชั่นที่ใช้ที่ใช้ค่าเทรสโฮลด์เดียวทั้งรูป

รูปที่ 5.10 ผลของรูปที่ 5.8 หลังผ่านการทำไบนาริเซชั่นที่ใช้ที่ใช้ค่าเทรสโฮลด์ในแต่ละคอลัมน์



รูปที่ 5.11 ผลของรูปที่ 5.8 หลังผ่านการทำไบนาริเซชั่นที่ใช้ที่ใช้ค่าเทรสโฮลด์ในแต่ละเซลล์

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า ไม่ว่ากรณีใดๆ ทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ดัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

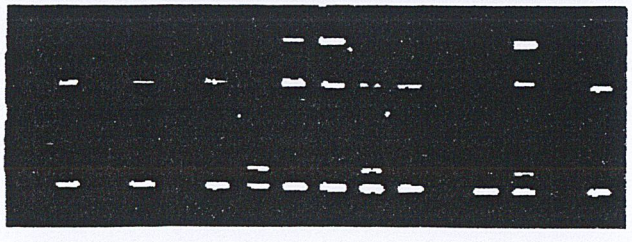
ขั้นตอน	ผลที่ได้เมื่อเทียบกับภาพจริง	คิดเป็นร้อยละ
การใช้ค่าเทรสโฮลด์ค่าเดียวกันทั้งภาพ	36/45	80.00
การใช้ค่าเทรสโฮลด์ในแต่ละพื้นที่ย่อยในคอลัมน์	39/45	86.67
การใช้ค่าเทรสโฮลด์ในแต่ละเซลล์	43/45	95.56

ตาราง 5-1 แสดงความแตกต่างระหว่างผลลัพธ์ที่ได้จากการทำงานแต่ละขั้นตอนของรูป 5.8

เหตุผลที่ทำให้ผลลัพธ์ที่ออกมาไม่ถูกต้อง 100 % ทั้งที่เป็นรูปที่จัดว่าค่อนข้างดีมาก และแถบสว่างก็ออกครบทุกตำแหน่ง แต่เนื่องจากว่าโปรแกรมได้ทำการตั้งค่าจำนวนพิกเซลต่ำสุดของจุดสว่างที่จะแสดงว่าในมีแถบสว่างปรากฏในเซลล์ เพราะโดยทั่วไปรูปดีเอ็นเอมักจะมีคุณภาพไม่ค่อยดี มีจุดเลอะเทอะมากมายค่านี้ก็จะเอาไว้ลดความผิดที่เกิดจากจุดเหล่านี้ ดังนั้นก็เหมือนกับต้องยอมรับไปโดยปริยายว่าแถบสว่างไหนที่ปรากฏออกมาน้อยเกินไปก็ไม่ควรจะออกผลลัพธ์เป็น 1 แต่จะให้ออกเป็น 9 แทนซึ่งแสดงถึงข้อมูลที่สรุปไม่ได้ และเมื่อสังเกตดูที่รูปจะเห็นเลยว่าแถบสว่างที่ปรากฏนั้นมีความหนา บาง ไม่เท่ากัน อันที่ค่อนข้างบางก็จะออกน้อย เลยทำให้ผลลัพธ์ของภาพนี้ไม่ถูกต้อง 100% แต่ก็ไม่ผิดซะทีเดียวเพราะมันออกเป็นเลข 9 เพื่อแสดงให้ผู้ใช้กลับไปตรวจสอบดูอีกที

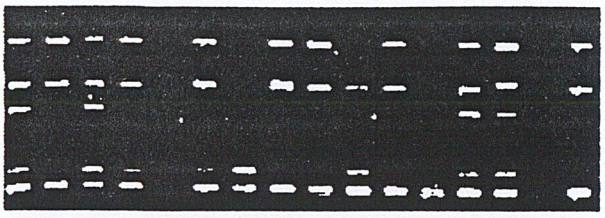
5.5.2 ภาพที่มีพื้นหลัง และ แถบสว่างหลายระดับ

รูปที่ 5.12 ภาพที่มีพื้นหลัง และ วัตถุอยู่ในช่วงเดียวกัน

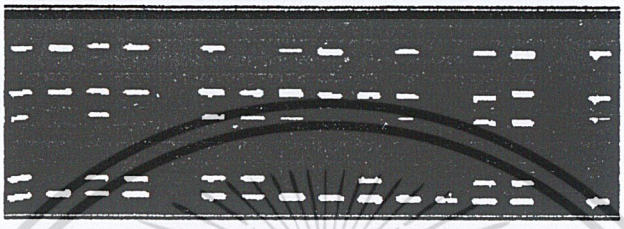


รูปที่ 5.13 ผลของรูปที่ 5.12 หลังผ่านการทำไบนาริเซชั่นที่ใช้ที่ใช้ค่าเทรสโฮลด์เดียวทั้งรูป

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า ไม่ว่ากรณีใดๆ ทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ดัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้



รูปที่ 5.14 ผลของรูปที่ 5.12 หลังผ่านการทำไบนาริเซชั่นที่ใช้ที่ใช้ค่าในแต่ละคอลัมน์



รูปที่ 5.15 ผลของรูปที่ 5.12 หลังผ่านการทำไบนาริเซชั่นที่ใช้ที่ใช้ค่าเทรสโฮลด์ในแต่ละเซลล์

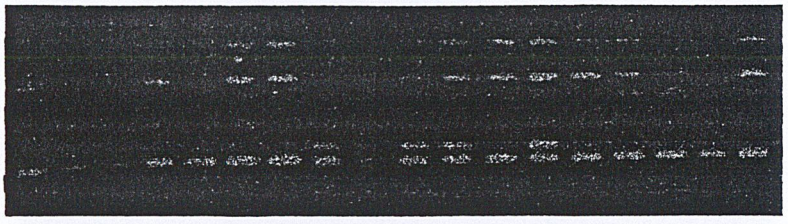
ขั้นตอน	ผลที่ได้เมื่อเทียบกับภาพจริง	คิดเป็นร้อยละ
การใช้ค่าเทรสโฮลด์ค่าเดียวกันทั้งภาพ	43/96	44.79
การใช้ค่าเทรสโฮลด์ในแต่ละพื้นที่ย่อยในคอลัมน์	59/96	61.45
การใช้ค่าเทรสโฮลด์ในแต่ละเซลล์	75/96	78.12

ตาราง 5-2 แสดงความแตกต่างระหว่างผลลัพธ์ที่ได้จากการทำงานแต่ละขั้นตอนของรูป 5.12

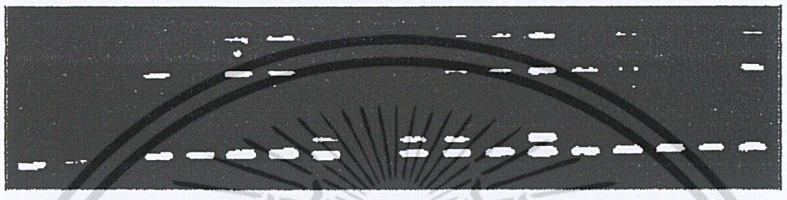
เหตุผลที่ทำให้ผลลัพธ์ที่ออกมาของภาพนี้ไม่ถูกต้อง 100 % เนื่องจากว่าภาพนี้มีลักษณะที่ไม่ดีคือค่าสีของพื้นหลัง และ แถบสว่างมีหลายระดับ ดังที่ได้กล่าวเอาไว้แล้ว หากค่าสีของวัตถุมีหลายระดับทำให้ขั้นตอนในการทำไบนาริเซชั่นครั้งแรกจะหาแถบสว่างที่อ่อนกว่าไม่เจอ เนื่องจากแถบสว่างที่สว่างกว่าดึงให้ค่าเทรสโฮลด์สูง สูงจนบางทีเลยค่าสีของแถบสว่างที่อ่อนกว่าไป แถบที่อ่อนเลยถูกแยกไปเป็นส่วนของพื้นหลังแทน และที่โชคร้ายไปกว่านั้นก็คือ สังเกตที่แถวที่ 4 แถบสว่างในแถวนี้อ่อนเท่ากันหมดเลย และแถบสว่างที่อยู่บริเวณอื่นสว่างกว่ามาก ค่าเทรสโฮลด์เลยออกมาสูง ทำให้แถบสว่างในแถวนี้หาย เมื่อแถบสว่างในแถวนี้ไม่มีปรากฏออกมาเลย การค้นหาแถวก็ย่อมไม่เจอด้วย ทำให้ผลลัพธ์ที่ออกมาหายไป1 แถว เปอร์เซนต์ผิดพลาดเลยค่อนข้างเยอะ ทั้งที่แถวที่เหลือออกดีมาก สำหรับพื้นหลังที่มีค่าสีหลายระดับนั้นไม่เป็นปัญหาเพราะระดับต่างกันไม่มากไปกว่าค่าที่เราตั้งไว้ และจุดเลอะเทอะที่ออกมาก็มีรูปร่างเล็กจึงไม่เกิดปัญหา

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า ไม่ว่ากรณีใดๆ ทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ดัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

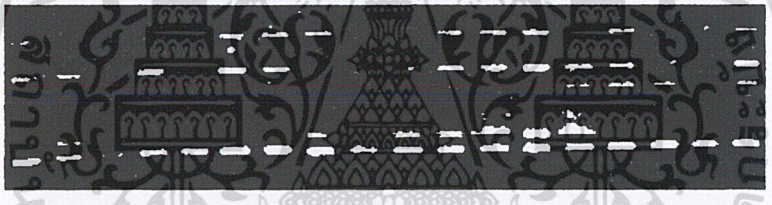
5.5.3 ภาพที่มีลักษณะเอียง



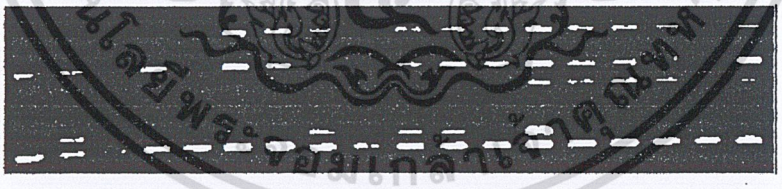
รูปที่ 5.16 แสดงรูปที่เกิดการเอียง และมีความแตกต่างระหว่างพื้นหลัง และแถบสว่างหลายช่วง



รูปที่ 5.17 ผลของรูปที่ 5.16 หลังผ่านการทำไบนาริเซชั่นที่ใช้ที่ใช้ค่าเทรสโฮลด์เดียวทั้งรูป



รูปที่ 5.18 ผลของรูปที่ 5.16 หลังผ่านการทำไบนาริเซชั่นที่ใช้ค่าเทรสโฮลด์ในแต่ละคอลัมน์



รูปที่ 5.19 ผลของรูปที่ 5.16 หลังผ่านการทำไบนาริเซชั่นที่ใช้ค่าเทรสโฮลด์ในแต่ละเซลล์

ขั้นตอน	ผลที่ได้เมื่อเทียบกับภาพจริง	คิดเป็นร้อยละ
การใช้ค่าเทรสโฮลด์ค่าเดียวกันทั้งภาพ	53/90	58.88
การใช้ค่าเทรสโฮลด์ในแต่ละพื้นที่ย่อยในคอลัมน์	65/90	72.22
การใช้ค่าเทรสโฮลด์ในแต่ละเซลล์	76/90	84.44

ตาราง 5-3 แสดงความแตกต่างระหว่างผลลัพธ์ที่ได้จากการทำงานแต่ละขั้นตอนของรูป 5.16

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า ไม่ว่ากรณีใดๆ ทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ดัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

ปัญหาของตัวอย่างนี้ที่สำคัญ คือ ภาพที่เอียงทำให้ในการเทียบตำแหน่งของแถบดีเอ็นเอระหว่างคอลัมน์นั้นเกิดความผิดพลาดได้ แต่เนื่องจากเราใช้ตารางเก็บแถวแยกกันในแต่ละคอลัมน์ ดังนั้นการเทียบว่าแถบสว่างใดอยู่แถวเดียวกันก็เทียบจากการซ้อนทับกันตำแหน่ง หากทับกันก็ถือเป็นแถวเดียวกัน โดยการเทียบจะเทียบกันเฉพาะคอลัมน์ที่อยู่ข้าง ๆ กันไม่เทียบข้ามคอลัมน์ เพราะการเอียงถ้ายิ่งอยู่ไกลกันการซ้อนทับจะยิ่งน้อย จนอาจไม่ทับกันเลยก็ได้ทั้งที่อยู่แถวเดียวกัน และอีกปัญหาหนึ่ง คือการที่ค่าพื้นหลังและแถบดีเอ็นเอมีความสว่างหลายระดับ แต่ปัญหานี้ได้กล่าวไปเมื่อหัวข้อที่แล้วแล้ว จึงไม่ขอกล่าวอีก และจากภาพตัวอย่างที่ทดลอง ภาพเอียงไม่ค่อยมาก ยังมีการซ้อนทับกันอยู่ของแถว จึงไม่เกิดปัญหามากเท่าไร

5.6 สรุปเปอร์เซ็นต์ของผลการทดลองจากการทดลองหลาย ๆ ครั้ง

ลำดับภาพ	การใช้ค่าเทรสโฮลด์ค่าเดียวกันทั้งภาพ คิดเป็นร้อยละ	การใช้ค่าเทรสโฮลด์ในแต่ละพื้นที่ย่อยในคอลัมน์ คิดเป็นร้อยละ	การใช้ค่าเทรสโฮลด์ในแต่ละเซลล์ คิดเป็นร้อยละ
1	80.00	86.67	95.56
2	45.48	73.55	85.21
3	40.63	76.56	84.37
4	50.11	66.71	71.11
5	54.54	69.70	75.75

ตาราง 5-4 แสดงเปอร์เซ็นต์ของผลการทดลองจากการทดลองหลาย ๆ ครั้ง

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า ไม่ว่ากรณีใดๆ ทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ดัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

บทที่ 6
สรุปผลการทดลอง

โครงงานนี้ได้ทำการพัฒนาซอฟแวร์ต้นแบบซึ่งเป็นเครื่องมือสำหรับบันทึกแถบดีเอ็นเอ โดยมีขั้นตอนการทำงาน เริ่มจากอ่านข้อมูลภาพแถบดีเอ็นเอ นำมาวิเคราะห์ตามขั้นตอนที่ได้กล่าวมาแล้ว โดยโครงงานนี้จะเน้นการแยกแถบดีเอ็นเอออกจากพื้นหลัง เพราะว่าภาพที่นำมาคำนวณนั้น เป็นภาพที่มีความแตกต่างระหว่างแถบดีเอ็นเอ กับพื้นหลังค่อนข้างน้อย ทำให้เกิดความผิดพลาดขึ้นได้ โครงงานนี้ได้พัฒนาการทำงานเพื่อให้ได้มาซึ่งความถูกต้องมากที่สุด

6.1 ผลสรุปจากการทดลอง

จากการทดลองสามารถสรุปผลได้คือ ภาพที่นำมาหากเป็นภาพที่มีคุณภาพค่อนข้างดีจะได้ค่าที่ถูกต้องมากที่สุด

ปัญหาของโครงงานนี้สามารถจำแนกออกเป็น 2 ข้อหลัก ๆ คือ

1. ไม่สามารถหาค่าเทรสโฮลด์ที่จะนำมาแยกแถบดีเอ็นเอได้ครบทั้งหมด เพราะว่ารูปแต่ละรูปมีลักษณะแตกต่างกัน และเหมาะสมกับวิธีในการหาค่าเทรสโฮลด์ที่แตกต่างกัน ทำให้ในการแยกแถบดีเอ็นเอออกจากวัตถุนั้นเกิดปัญหามาก ถ้าเราใช้วิธีการหาค่าเทรสโฮลด์ที่เหมาะสมกับรูปที่มีคุณภาพดีก็จะใช้ไม่ได้ค่อยดีกับรูปที่มีคุณภาพไม่ดี และถ้าใช้วิธีการหาค่าเทรสโฮลด์ที่เหมาะสมกับรูปที่มีคุณภาพไม่ดีก็จะใช้ได้ไม่ค่อยดีกับรูปที่มีคุณภาพดี และที่สำคัญรูปที่ได้จากห้องแล็บเป็นรูปที่มีคุณภาพไม่ดี ถึงไม่ดีมาก เนื่องจากค่าสีของพิกเซลที่เป็นแถบสว่างเหมือนกันแต่มีค่าแตกต่างกันหลายค่า พื้นหลังก็เช่นกันมีค่าสีแตกต่างกันหลายค่าจนหาค่าเทรสโฮลด์ที่เหมาะสมได้ค่อนข้างยาก หากแถวใดแถวหนึ่งมีแถบสว่างปรากฏอยู่เพียงแถบเดียวและค่าเทรสโฮลด์ที่หาได้ทำให้แถบสว่างนี้หายไป แถวนี้ก็จะหายไปด้วยทำให้ข้อมูลผิดพลาดไป

2. ภาพเอียง ซึ่งถ้าหากเอียงไม่มากนักยังพอมีความเหลื่อมล้ำกันอยู่ก็จะไม่เป็นปัญหา แต่ถ้าเอียงมากจนไม่มีส่วนเหลื่อมล้ำกันก็จะทำให้เกิดแถวเพิ่มอีก 1 แถว เวลาบันทึกค่าก็จะเกิดความผิดพลาด

ในโครงงานนี้ได้นำเอาเทคนิคต่างๆมาใช้ในการแก้ปัญหาที่เกิดขึ้น ทำให้ได้ผลที่ดีขึ้นแต่ปัญหาก็ยังไม่สามารถขจัดได้หมด การเลือกภาพมาใช้นั้นควรเลือกภาพที่มีคุณภาพค่อนข้างดี เพื่อได้ผลลัพธ์ที่ถูกต้องมากที่สุด

6.2 ลักษณะของภาพที่นำมาทดลอง

สรุปแล้วเราสามารถแยกภาพที่นำมาทำการทดลองออกได้เป็น 4 ลักษณะ คือ

1. ภาพที่มีระดับสีของพื้นหลัง และ ระดับสีของแถบสว่างอยู่ในช่วงเดียวกัน หากภาพอินพุตที่เข้าโปรแกรมมีลักษณะนี้ เอาท์พุตที่ออกมาจะค่อนข้างถูกต้องมาก เนื่องจากปัญหาหลักของความผิดพลาดอยู่ที่การหาค่าเทรสโฮลด์ที่เหมาะสมในการทำไบนาริเซชั่น แต่ภาพในลักษณะนี้จะสามารถหาค่าเทรสโฮลด์ได้ถูกต้อง คือกึ่งกลางระหว่างพื้นหลัง กับ วัตถุพอดี เมื่อค่าเทรสโฮลด์เหมาะสมก็ทำให้การทำไบนาริ

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนลิขสิทธิ์ ห้ามมิให้ผู้ใดนำไปใช้ประโยชน์ในการค้า ไม่ว่ากรณีใดๆ ทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ดัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

เซชั่นค่อนข้างสมบูรณ์ การบันทึกข้อมูลก็จะถูกต้อง แต่แถบสว่างที่ปรากฏไม่ควรมีจำนวนน้อยเกินไปหรือบางเกินไป เพราะจะทำให้ข้อมูลสรุปไม่ได้กลายเป็นออกผลลัพธ์เป็น 9 ไป

2. ภาพที่มีระดับสีของพื้นหลังอยู่ในช่วงเดียวกัน แต่ระดับสีของแถบสว่างมีหลายระดับ ภาพในลักษณะนี้จะมีความถูกต้องลดน้อยลงมาหน่อย เนื่องจากแถบสว่างมีทั้งที่สว่างมาก และสว่างน้อย เมื่อนำมาหาค่าเทรสโฮลด์จะทำให้ค่าเทรสโฮลด์ค่อนข้างสูง ซึ่งบางครั้งหากสูงเกินกว่าแถบสว่างบางแถบก็จะทำให้แถบหายไปได้ หากแถบหายก็ทำให้การหาคอลัมน์ และ แถวมีโอกาสผิดพลาดได้

3. ภาพที่มีระดับสีของพื้นหลังหลายระดับ แต่ระดับสีของแถบสว่างอยู่ในช่วงเดียวกัน ภาพในลักษณะนี้ก็ทำให้เกิดความผิดพลาดได้มากเช่นกัน เนื่องจากพื้นหลังมีค่าสีที่แตกต่างกันมากหลายระดับเมื่อเราหาแถว และคอลัมน์เพื่อแบ่งรูปออกเป็นเซลล์เล็ก ๆ ได้แล้ว พอเรามาทำไบนาริเซชั่นในแต่ละเซลล์หากพื้นหลังในเซลล์มันแตกต่างกันมากกว่าค่าความแตกต่างเฉลี่ยที่เราได้ตั้งเอาไว้ โปรแกรมก็จะเข้าใจว่าในเซลล์นี้มีแถบสว่างปรากฏอยู่ทำให้มันแยกเอาพื้นหลังที่สว่างกว่าออกมาเป็นวัตถุแทน ซึ่งค่าก็จะผิดพลาด

4. ภาพที่มีระดับสีของพื้นหลัง และระดับสีของแถบสว่างหลายช่วง และกลมกลืนกัน เนื่องจากค่าสีของทั้ง 2 วัตถุเหลื่อมล้ำกัน ถ้าระดับสีของพื้นหลังบางส่วนมากกว่าแถบสว่างบางแถบ ทำให้ค่าที่ถูกแสดงออกมาคือค่าพื้นหลัง หรือถ้ากำหนดค่าเทรสโฮลด์ให้มากเพื่อไม่ให้พื้นหลังออกมา แถบดีเอ็นเอก็จะหายเพิ่มขึ้น

เมื่อนำผลการทดลองของรูปแต่ละลักษณะมาพิจารณา เราสามารถจะแสดงถึงเปอร์เซ็นต์ของความถูกต้องได้ดังนี้

ลักษณะภาพแถบดีเอ็นเอ	ความถูกต้องที่ได้
ภาพที่มีระดับสีของพื้นหลังอยู่ในช่วงเดียวกัน และระดับสีของแถบสว่างอยู่ในช่วงเดียวกัน	95% ขึ้นไป
ภาพที่มีระดับสีของพื้นหลังอยู่ในช่วงเดียวกัน แต่ระดับสีของแถบสว่างมีหลายระดับ	75% ขึ้นไป
ภาพที่มีระดับสีของพื้นหลังหลายระดับ แต่ระดับสีของแถบสว่างอยู่ในช่วงเดียวกัน	70% ขึ้นไป
ภาพที่มีระดับสีของพื้นหลัง และระดับสีของแถบสว่างหลายช่วง และกลมกลืนกัน	70% ขึ้นไป

ตาราง 6-1 แสดงลักษณะแถบดีเอ็นเอ กับความถูกต้องที่ได้

6.3 แสดงการเปรียบเทียบวิธีในการหาค่าเทรสโฮลด์

ในการทำงานของโปรแกรมได้มีวิธีในการหาค่าเทรสโฮลด์อยู่ 2 วิธี และทั้งสองวิธีนี้ก็มีข้อดี และข้อด้อยแตกต่างกัน ต่อไปนี้จะเป็นการแสดงให้เห็นถึงข้อดี และ ข้อด้อยของแต่ละวิธี

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า ไม่ว่ากรณีใดๆ ทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ดัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

6.3.1 การหาค่าเทรสโฮลด์แบบไอเทอเรทีฟ

ข้อดี การหาค่าเทรสโฮลด์แบบไอเทอเรทีฟเป็นการหาค่าเทรสโฮลด์ที่มีความเที่ยงตรงค่อนข้างมาก เหมาะกับภาพที่มีความแตกต่างเพียงระดับเดียว คือระดับสีของพื้นหลัง และ ระดับสีของวัตถุแตกต่างกันอย่างชัดเจน ไม่เหลื่อมล้ำกัน หรือมีหลายระดับ ค่าเทรสโฮลด์ที่ได้จากวิธีนี้จะแบ่งแยกขอบเขตตรงตำแหน่งที่เป็นกึ่งกลางของทั้ง 2 ขอบเขตจริง ๆ เลย

ข้อเสีย ไม่สามารถแยกภาพที่มีความแตกต่างหลายระดับได้ และในการหาแต่ละครั้งจะได้ค่าที่เป็นกลางเท่านั้น ถ้าโซนนั้นไม่มีวัตถุอยู่ มันก็จะทำการแบ่งแยกเอาพื้นหลังที่สว่างกว่าออกมาเป็นวัตถุแทน ซึ่งทำให้เกิดความผิดพลาดได้

หมายเหตุ เราสามารถแยกหลายระดับได้โดยการ ให้ทำซ้ำอีกครั้งหนึ่ง จากครั้งแรกจะแยกพื้นหลังกับวัตถุ และ ครั้งถัดมาจะแยกวัตถุที่มีความเข้มน้อยมากับวัตถุที่มีความเข้มมาก

6.3.2การหาค่าเทรสโฮลด์ด้วยวิธีการหาความชันของระดับความเข้มของภาพ

ข้อดี สามารถกำจัดข้อด้อยที่เกิดจากการหาค่าเทรสโฮลด์ด้วยวิธีไอเทอเรทีฟ โดยหากโซนที่ทำการคำนวณไม่มีแถบสว่างปรากฏอยู่ มีแต่พื้นหลังอย่างเดียวก็จะทำให้ค่าความแตกต่างเฉลี่ยของภาพในโซนนี้มีค่าค่อนข้างน้อย เราก็ทำการตั้งค่า ๆหนึ่งเอาไว้เป็นตัวเทียบ หากว่าค่าความแตกต่างเฉลี่ยของภาพในโซนมันน้อยเกินกว่าค่าที่เราตั้งไว้ก็จะถือว่าพิกเซลที่อยู่ในโซนนี้ไม่มีความแตกต่างกัน ทำให้พื้นหลังที่สว่างกว่าไม่ออกมาเป็นวัตถุ จะได้ภาพที่ค่อนข้างถูกต้อง

ข้อเสีย ต้องกำหนดความแตกต่างเฉลี่ยไว้เป็นค่าคงที่ค่าหนึ่งเพื่อเอาไว้เช็คว่าโซนไหนน่าจะมีแถบสว่าง และโซนไหนไม่น่าจะมี โดยเราหามาจากการทดลองหลาย ๆ ครั้งแล้วเลือกค่าที่โซนที่มีแถบสว่างปรากฏจะมีค่าความแตกต่างเฉลี่ยมากกว่าค่านี้เสมอ แต่หากนำภาพใดภาพหนึ่งที่แตกต่างไปจากภาพที่ได้ทำการทดลองมาทดลอง เช่น ค่าพื้นหลังมีความแตกต่างกันมากกว่านี้ก็จะทำให้ค่าเฉลี่ยของความแตกต่างมากกว่าค่าที่เราได้กำหนดไว้ ทำให้เกิดความผิดพลาดได้

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า ไม่ว่ากรณีใดๆ ทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ดัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

ภาคผนวก

DIB Format

Device-independent bitmaps (DIBs) เป็นภาพกราฟฟิกที่สามารนำไปแสดงผลบนอุปกรณ์แสดงผลที่ต่างกันได้เนื่องจากจะมีตารางสีสำหรับใช้ในการแสดงผลเก็บไว้ ซึ่งไฟล์ประเภทบิทแมพก็เป็น DIBs เช่นกัน ภาพ DIB นี้จะประกอบด้วยโครงสร้างหลายประเภทดังนี้

โครงสร้างของ BITMAPFILEHEADER

```
{       WORD bfType;
        DWORD bfSize;
        WORD bfReserved1;
        WORD bfReserved2;
        DWORD bfOffBits;
} BITMAPFILEHEADER;
```

สามารถอธิบายสมาชิกต่างๆของโครงสร้างนี้ได้ดังตารางที่ 1

ตัวแปร	คำอธิบาย
bfType	ระบุประเภทของไฟล์ โดยมีค่าเป็น ASCII คือ BM (4D42 ฐานสิบหก)
bfSize	ขนาดของไฟล์ในหน่วยไบต์
bfReserve1	มีค่าเป็น 0 เสมอ
bfReserve2	มีค่าเป็น 0 เสมอ
bfOffBit	จำนวนไบต์ตั้งแต่เริ่มต้นไฟล์จนถึง bitmap data

ตารางที่1 แสดงสมาชิกต่างๆของ BITMAPFILEHEADER

โครงสร้างของ BITMAPINFO

เป็นส่วนที่อยู่ถัดจาก BITMAPINFOHEADER ซึ่งมีการกำหนดโดย Windows ดังนี้

```
typedet struct tagBITMAPINFO
{
        BITMAPINFOHEADER bmiHeader;
        RGBQUAD bmiColors[1];
} BITMAPINFO;
```

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า ไม่ว่ากรณีใดๆ ทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ดัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

ซึ่งจะเห็นได้ว่าโครงสร้างนี้ประกอบด้วย header ซึ่งเป็น BITMAPINFOHEADER และตารางสีซึ่งมีโครงสร้างเป็น RGBQUAD

โครงสร้างของ BITMAPINFOHEADER

จะมีการระบุโดย windows เช่นกัน โดยมีโครงสร้างดังนี้

```
Typedef struct tagBITMAPINFOHEADER
{
        DWORD biSize;
        DWORD biWidth;
        DWORD biHeight;
        WORD biplanes;
        WORD biBitCount;
        DWORD biCompression;
        DWORD biSizeImage;
        DWORD biXPelsPerMeter;
        DWORD biYPelsPerMeter;
        DWORD biClrUsed;
        DWORD biClrImportant;
} BITMAPINFOHEDER;
```

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า ไม่ว่ากรณีใดๆ ทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ดัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

สามารถอธิบายสมาชิกต่างๆของโครงสร้างนี้ได้ดังตารางที่ 2

ตัวแปร	คำอธิบาย
biSize;	เก็บขนาดของโครงสร้าง BITMAPINFOHEADER ซึ่งจะมีขนาดเท่ากับ 40 ไบต์
biWidth;	ความกว้างของภาพในหน่วยพิกเซล
biHeight;	ความยาวของภาพในหน่วยพิกเซล
biplanes;	มีค่าเป็น 1 เสมอ
biBitCount;	จำนวนบิทต่อพิกเซลของภาพ
biCompression;	ประเภทของการบีบอัดข้อมูลที่ใช้ในภาพ 0 =ไม่มีการบีบอัดข้อมูล,1=REL-8 compression,2=REL-4 compression
biSizeImage;	ขนาดของภาพในหน่วยไบต์ จะใช้เมื่อมีการบีบอัดข้อมูลเท่านั้น
biXPelsPerMeter;	จำนวนพิกเซลในแนวนอนต่อเมตรของอุปกรณ์แสดงผล มักจะมีค่าเป็น 0 เสมอ
biYPelsPerMeter;	จำนวนพิกเซลในแนวตั้งต่อเมตรของอุปกรณ์แสดงผล มักจะมีค่าเป็น 0 เสมอ
BiClrUsed;	จำนวนสีทั้งหมดในภาพ
biClrImportant;	จำนวนของสีที่สำคัญมักมีค่าเป็น 0 เสมอ

ตารางที่ 2 แสดงสมาชิกต่างๆ ของ BITMAPINFOHEADER

โครงสร้างของ RGBQUAD

RGBQUAD เป็นข้อมูลสุดท้ายที่ถูกระบุโดย Windows โดยมีโครงสร้างดังนี้

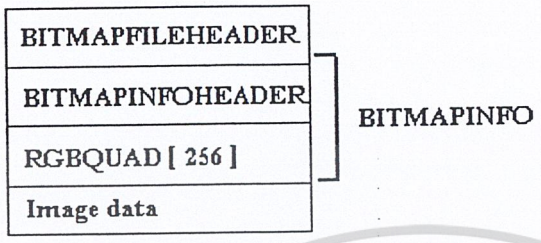
```
Typrdef struct tagRGBQUAD
{
    BYTE rgbBule;
    BYTE rgbGreen;
    BYTE rgbRed;
    BYTE rgbReserved;
}RGBQUAD;
```

โครงสร้างนี้จะระบุถึงความเข้มของสีแดง,เขียว และน้ำเงิน แต่ละสีในภาพจะแสดงโดยโครงสร้างของ RGBQUAD นั้นคือ ภาพ 16 สี (4 บิท) จะมีตารางสีซึ่งประกอบด้วย 16 RGBQUAD structures

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า ไม่ว่ากรณีใดๆ ทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ดัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

ในขณะที่ภาพ 256 สี (8 บิท) จะมีตารางสีซึ่งประกอบด้วย 256 RGBQUAD structures –ภาพที่นอกจาก 24 บิท ขึ้นไปจะไม่มีตารางสี

สรุป Layout ของ DIB file



เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า ไม่ว่ากรณีใดๆ ทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ดัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

บรรณานุกรม

Mike Blaszczak.

Professional MFC Visual C++ 5,Wrox Press Ltd. 1997

Theo Pavlidis.

Algorithms for Graphics and Image Processing. Bell Laboratories 1982

M. Sonka, and V.Hlavac, R Boyle

Image Processing, Analysis, and Machine Vision

PWS Publishing, 1999 (Chapter 1 - 5)

RC. Conzalez and RC. Woods

Digital Image Processing

Addition Wesley, 1992 (Chapter 4 , 7)

รศ.ดร พรรณี ฐิตากิชิต

หลักพันธุศาสตร์ (Principles of Genetics) โครงการตำรา ภาควิชาชีววิทยาประยุกต์ คณะวิทยาศาสตร์สถาบันเทคโนโลยีพระจอมเกล้าเจ้าคุณทหารลาดกระบัง หน้า 39 - 48

ดร.สมวงษ์ ตระกูลรุ่ง และ ดร.อภิชาติ วรรณวิจิตร

เอกสารประกอบการสัมมนาทางวิชาการ เรื่อง พันธุกรรมพืชและการพัฒนาพันธุ์พืช โดยสมาคมปรับปรุงพันธุ์ และขยายพันธุ์พืชแห่งประเทศไทย กรมวิชาการเกษตร กระทรวงเกษตร และสหกรณ์ หน้า 10 – 19

เชาวน์ ชิโนรักษ์ และ พรรณี ชิโนรักษ์

ชีววิทยา 1 หน้า 76 – 84

ณัฐกร ตั้งสุภกิจวงศ์ และ อดิศักดิ์ ศรีสุริยสวัสดิ์

การตรวจสอบลายนิ้วมือ ปริญญานิพนธ์ คณะวิศวกรรมศาสตร์ สถาบันเทคโนโลยีพระจอมเกล้าเจ้าคุณทหารลาดกระบัง

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า ไม่ว่ากรณีใดๆ ทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ดัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

เกษมสันต์ คูภานุมาต

การจัดคาริโอไทป์ของโครโมโซมอัตโนมัติด้วยวิธีประมวลผลภาพ คณะวิทยาศาสตร์ สถาบันเทคโนโลยีพระจอมเกล้าเจ้าคุณทหารลาดกระบัง

วรวุฒิ เที่ยงธรรม และ รุ่งโรจน์ วนพฤกษาศิลป์

เรียนลัด visual C++ 6.0

สถาบันส่งเสริมการสอนวิทยาศาสตร์และเทคโนโลยี

หนังสือเรียนวิชาชีววิทยา ว 045 หน้า 1 - 60

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า ไม่ว่ากรณีใดๆ ทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ดัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้