

ระบบแยกสายพันธุ์ปรสิตมาลาเรียอัตโนมัติบนแผ่นฟิล์มโลหิตชนิดหนา  
โดยใช้ซอฟต์แวร์เวกเตอร์แมชชีน

AUTOMATED CLASSIFICATION OF MALARIA PARASITE SPECIES  
ON THICK BLOOD FILM USING SUPPORT VECTOR MACHINE



วิทยานิพนธ์นี้เป็นส่วนหนึ่งของการศึกษาตามหลักสูตรปริญญาวิศวกรรมศาสตรมหาบัณฑิต

สาขาวิชาวิศวกรรมโทรคมนาคม

คณะวิศวกรรมศาสตร์

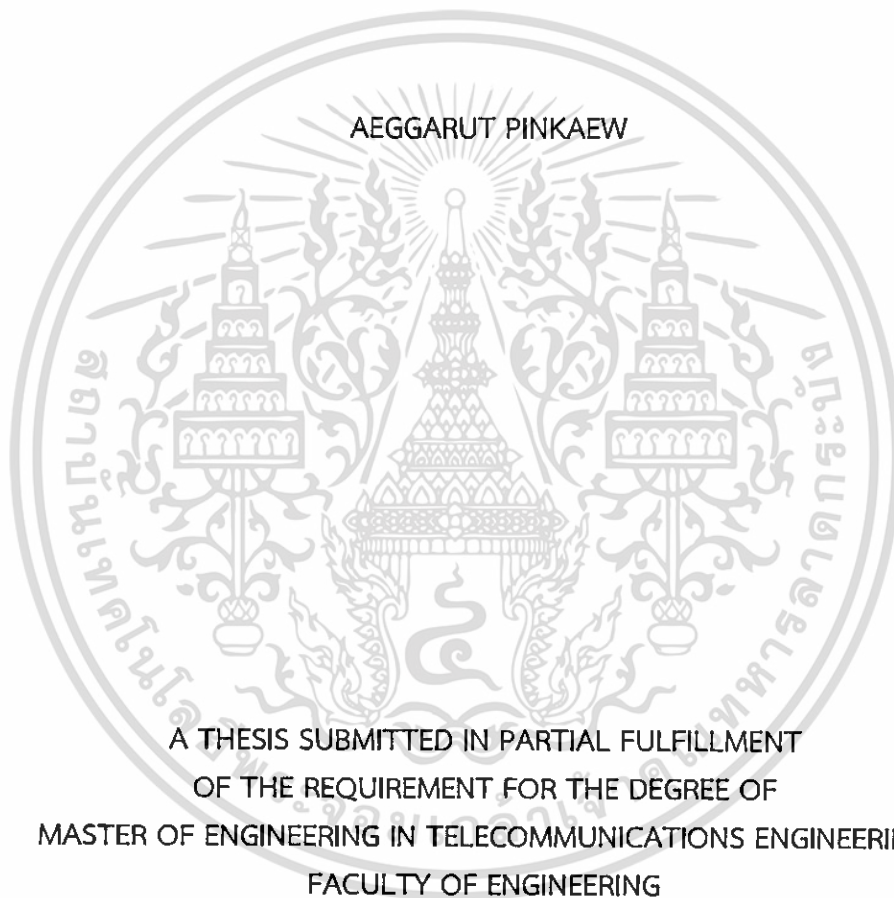
สถาบันเทคโนโลยีพระจอมเกล้าเจ้าคุณทหารลาดกระบัง

พ.ศ.2559

KMITL-2016-EN-M-010-018

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า  
ไม่ว่ากรณีใดๆ ทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ดัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

AUTOMATED CLASSIFICATION OF MALARIA PARASITE SPECIES  
ON THICK BLOOD FILM USING SUPPORT VECTOR MACHINE



AEGGARUT PINKAEW

A THESIS SUBMITTED IN PARTIAL FULFILLMENT  
OF THE REQUIREMENT FOR THE DEGREE OF  
MASTER OF ENGINEERING IN TELECOMMUNICATIONS ENGINEERING  
FACULTY OF ENGINEERING

KING MONGKUT'S INSTITUTE OF TECHNOLOGY LADKRABANG

2016

KMITL-2016-EN-M-010-018

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า  
ไม่ว่ากรณีใดๆ ทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ตัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้



**COPYRIGHT 2016**

**FACULTY OF ENGINEERING**

**KING MONGKUT'S INSTITUTE OF TECHNOLOGY LADKRABANG**

เอกสารนี้เป็นเอกสารทสงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น เมื่ออนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า  
ไม่ว่ากรณีใดๆ ทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ดัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

**คณะวิศวกรรมศาสตร์**  
**สถาบันเทคโนโลยีพระจอมเกล้าเจ้าคุณทหารลาดกระบัง**  
**ใบรับรองวิทยานิพนธ์**

**หัวข้อวิทยานิพนธ์** ระบบแยกสายพันธุ์ปรสิตมาลาเรียอัตโนมัติบนแผ่นฟิล์มโลหิตชนิดหนาโดยใช้  
 ซัพพอร์ตเวกเตอร์แมชชีน

**Thesis Title** Automated Classification of Malaria Parasite Species on Thick Blood Film  
 using Support Vector Machine

**นักศึกษา** นายเอกรัช งามแก้ว

**รหัสประจำตัว** 56601258

**ปริญญา** วิศวกรรมศาสตรมหาบัณฑิต

**สาขาวิชา** วิศวกรรมโทรคมนาคม

**อาจารย์ที่ปรึกษาวิทยานิพนธ์** ผศ.ดร.ตุลยา ลิมปิติ

**หมายเลขวิทยานิพนธ์** 56601258

คณะกรรมการสอบวิทยานิพนธ์		ลายมือชื่อ
ผศ.ดร.ณัฐกานต์	พทุธรักษ์	
รศ.ดร.สุวิพล	สิทธิชัชภาค	
ศ.ดร.ประยุทธ์	อัครเออุตมาลี	
ผศ.ดร.พิชญ	สุพรรณกุล	
ผศ.ดร.ตุลยา	ลิมปิติ	

วัน / เดือน / ปี ที่สอบ วันอังคารที่ 16 กุมภาพันธ์ พ.ศ. 2559 เวลา 10.00-12.00 น.  
 สถานที่สอบ ณ อาคาร A ชั้น 5 ห้องประชุม 3

สถาบันเทคโนโลยีพระจอมเกล้าเจ้าคุณทหารลาดกระบัง  
 KING MONGKUT'S INSTITUTE OF TECHNOLOGY LADKRABANG

คณะวิศวกรรมศาสตร์ รับรองแล้ว

  
 (รองศาสตราจารย์ ดร. คมสัน มาลีสี)

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่สามารถนำออกเผยแพร่โดยไม่ขออนุญาต  
 คณะบดี คณะวิศวกรรมศาสตร์  
 ไม่ว่าจะกรณีใดๆ ทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ตัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างถึงที่มาของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้  
 วันที่ 16 กุมภาพันธ์ พ.ศ. 2559

หัวข้อวิทยานิพนธ์	ระบบแยกสายพันธุ์ปรสิตมาลาเรียอัตโนมัติบนแผ่นฟิล์มโลหิต
นักศึกษา	ชนิตนา โดยใช้ซอฟต์แวร์แมชชีน
รหัสประจำตัว	นายเอกรัฐ ปิ่นแก้ว
ปริญญา	56601258
สาขาวิชา	วิศวกรรมศาสตรมหาบัณฑิต
พ.ศ.	วิศวกรรมโทรคมนาคม
อาจารย์ที่ปรึกษาวิทยานิพนธ์	2559
	ผศ.ดร.ตุลยา ลิมปิติ

### บทคัดย่อ

มาลาเรียเป็นปัญหาสำคัญระดับโลก ซึ่งต้องการการวินิจฉัยที่รวดเร็วและมีประสิทธิภาพในการตรวจจับและจำแนกประเภทของการติดเชื้อ วิธีการวินิจฉัยเชืบบนแผ่นฟิล์มโลหิตหนาโดยกล้องจุลทรรศน์เป็นหนึ่งในวิธีมาตรฐานที่เป็นที่ยอมรับในการวินิจฉัยมาลาเรีย แต่เป็นวิธีที่กินเวลานานและต้องกระทำโดยเจ้าหน้าที่ผู้เชี่ยวชาญเท่านั้น ในวิทยานิพนธ์นี้เทคนิคการประมวลผลภาพเพื่อช่วยในการวินิจฉัยชนิดของปรสิตมาลาเรียบนภาพถ่ายแผ่นฟิล์มโลหิตหนาได้ถูกพัฒนาขึ้น กระบวนการทางมอร์โฟโลยีและการเทรซโซลต์อัตโนมัติถูกใช้กับองค์ประกอบภาพสององค์ประกอบจากระบบสี HSI เพื่อระบุตำแหน่งโครมาตินของปรสิตมาลาเรียสายพันธุ์ *Plasmodium falciparum* และ *Plasmodium vivax* บนภาพ หลังจากระบุตำแหน่งของโครมาตินแล้ว อัลกอริธึมจะแบ่งภาพแผ่นฟิล์มโลหิตหนาออกเป็นภาพย่อยจำนวนมาก โดยแต่ละภาพย่อยจะมีโครมาตินที่กึ่งกลางรูปค่าคุณลักษณะทางสถิติจากภาพย่อยเหล่านี้ ถูกดึงออกมาใช้ผ่านการฉายลงบนปริภูมิย่อยที่ใช้อธิบายคุณลักษณะของเชื้อมาลาเรียทั้งสองสายพันธุ์ จากนั้นซอฟต์แวร์แมชชีนจะใช้คุณลักษณะเหล่านี้ในการจำแนกสายพันธุ์มาลาเรีย จากการทดสอบพบว่าระบบมีค่าผิดพลาดในการฝึกที่ยอมรับได้ โดยค่าความถูกต้องในการจำแนกสายพันธุ์ภาพชุดทดสอบมีค่าเท่ากับ 87% สำหรับสายพันธุ์ *Plasmodium falciparum* และ 79% สำหรับสายพันธุ์ *Plasmodium vivax*

Thesis Title	Automated Classification of Malaria Parasite Species on Thick Blood Film Using Support Vector Machine
Student	Mister Aeggarut Pinkaew
Student ID.	56601258
Degree	Master of Engineering
Program	Telecommunications Engineering
Year	2016
Thesis Advisor	Asst. Prof. Dr.Tulaya Limpiti

## ABSTRACT

Malaria is a serious global health problem. It requires fast and effective diagnosis for detecting and classifying the type of infection. Microscopic examination of thick blood films is one of the current standards for malaria diagnosis. However, inspecting a thick blood film is time-consuming and requires experienced technicians. In this research, an automated image processing algorithm to aid the diagnosis of malaria on thick blood films has been developed. Morphological and automatic threshold selection techniques are applied on two color components from the HSI color model to identify chromatins of *P. falciparum* and *P. vivax* malaria species on the thick blood film images. After identifying the position of chromatins, the algorithm splits the image into small sub-images, each with a chromatin in the center. The statistical features are extracted from these small images. The features are then projected onto a subspace representing image characteristics from both species. The projected features are used by the support vector machine for classification. It is found that algorithm has acceptable training error and can classify test images with good accuracy. The classification accuracies of test images are 87% and 79% for *P. falciparum* and *P. vivax*, respectively.

# กิตติกรรมประกาศ

วิทยานิพนธ์ฉบับนี้สำเร็จได้ด้วยความกรุณาจากอาจารย์ที่ปรึกษา ผศ.ดร.ตุลยา ลิมปิติ และ ผศ.อัศรพล ตริรัตน์ ที่ให้ความช่วยเหลือให้คำชี้แนะช่วยแก้ปัญหาตลอดจนให้ความรู้และประสบการณ์ที่ดีแก่ข้าพเจ้า

ขอขอบพระคุณคณาจารย์สาขาวิชาวิศวกรรมโทรคมนาคมทุกท่าน ที่คอยให้คำชี้แนะและสั่งสอนในทุกๆ ระดับชั้นการศึกษา

ขอขอบพระคุณ ดร.อภิชาติ อินทรพานิชย์ และดร.เสาวลักษณ์ แก้วกำเนิด จากศูนย์เทคโนโลยีอิเล็กทรอนิกส์และคอมพิวเตอร์แห่งชาติ ที่ให้ความอนุเคราะห์ข้อมูลภาพแผ่นฟิล์มโลหิตชนิดหนา ตลอดจนคำแนะนำในการวิจัย

สำหรับคุณงามความดีอันใดที่เกิดจากวิทยานิพนธ์ฉบับนี้ ข้าพเจ้าขอมอบให้กับบิดามารดา ซึ่งเป็นที่รักและเคารพยิ่ง ตลอดจนครูอาจารย์ที่เคารพทุกท่านที่ได้ประสิทธิ์ประสาทวิชาความรู้และถ่ายทอดประสบการณ์ที่ดีให้แก่ข้าพเจ้า

เอกรัฐ ปิ่นแก้ว



# สารบัญ

	หน้า
บทคัดย่อภาษาไทย.....	I
บทคัดย่อภาษาอังกฤษ.....	II
กิตติกรรมประกาศ.....	III
สารบัญ.....	IV
สารบัญตาราง.....	VI
สารบัญรูป.....	VII
บทที่ 1 บทนำ.....	1
1.1 ที่มาและความสำคัญของปัญหา.....	1
1.2 วัตถุประสงค์ของการศึกษา.....	2
1.3 ขอบเขตของวิทยานิพนธ์.....	3
บทที่ 2 โรคมาลาเรีย.....	4
2.1 โรคมาลาเรีย.....	4
2.2 การตรวจวินิจฉัยโรคมาลาเรีย.....	5
2.3 การวิเคราะห์มาลาเรียด้วยวิธีการประมวลผลภาพ.....	6
บทที่ 3 ทฤษฎีที่ใช้ในวิทยานิพนธ์.....	10
3.1 พื้นฐานรูปภาพ.....	10
3.2 หลักการประมวลผลภาพเบื้องต้น.....	16
3.3 การคำนวณค่าสถิติของภาพ.....	31
3.4 ทฤษฎีการแยกองค์ประกอบเชิงเดี่ยว.....	38
3.5 การจำแนกคลาสข้อมูล.....	39
บทที่ 4 การประมวลผลภาพเบื้องต้นเพื่อตรวจจับโครมาติน.....	45
4.1 ข้อมูลและระเบียบวิธี.....	45
4.2 การพัฒนาอัลกอริธึม.....	46
4.3 การพัฒนาอัลกอริธึมสำหรับตรวจจับโครมาตินวิธีที่ 1.....	47
4.4 การพัฒนาอัลกอริธึมสำหรับตรวจจับโครมาตินวิธีที่ 2.....	51
บทที่ 5 การเลือกคุณลักษณะของภาพ.....	64
5.1 พารามิเตอร์ที่เลือกใช้.....	64
5.2 การสร้างเบสิส.....	66

## สารบัญ (ต่อ)

	หน้า
บทที่ 6 การจำแนกสายพันธุ์ปรสิตมาลาเรีย.....	73
6.1 การจำแนกสายพันธุ์มาลาเรียโดยใช้ตัวจำแนกแบบเบย์ส์.....	73
6.2 การจำแนกสายพันธุ์มาลาเรียโดยใช้ซอฟต์แวร์เวกเตอร์แมชชีน.....	76
บทที่ 7 สรุปผลการวิจัยและข้อเสนอแนะ.....	91
7.1 สรุปผลการวิจัย.....	91
7.2 ข้อเสนอแนะ.....	91
7.3 ทิศทางการวิจัยในอนาคต.....	92
เอกสารอ้างอิง.....	93
ภาคผนวก.....	95
ก. MATLAB source code สำหรับเทคนิคการจำแนกสายพันธุ์มาลาเรีย.....	96
ข. ผลงานวิจัยที่ได้รับการตีพิมพ์.....	101
ประวัติผู้เขียน.....	113

# สารบัญตาราง

ตารางที่	หน้า
2.1 ความถูกต้องในการตรวจจับโครมาตินและการจำแนกสายพันธุ์มาลาเรียจากวิธีที่ต่างกัน.....	9
5.1 ค่าสถิติของภาพย่อยคำนวณรวมกันทั้ง 4 องค์ประกอบสี.....	66
6.1 ความถูกต้องในการจำแนกสายพันธุ์ของตัวจำแนกแบบเบย์ส์.....	74
6.2 เปอร์เซ็นต์ความถูกต้องสูงสุดในการจำแนกสายพันธุ์เทียบกับจำนวนคอลัมน์ของเบสิสที่เลือกใช้.....	85
6.3 ความถูกต้องในการจำแนกสายพันธุ์มาลาเรียในภาพชุดทดสอบของตัวจำแนกซีฟพอร์ตเวกเตอร์แมชชีน.....	86
6.4 ความถูกต้องของระบบ.....	86
6.5 ความสามารถของระบบในการระบุสายพันธุ์เมื่อเพิ่มคลาส.....	89
6.6 ความสามารถของระบบในการจำแนกสายพันธุ์เมื่อเพิ่มคลาส.....	89
6.7 ความสามารถของระบบในการจำแนกสายพันธุ์ก่อนและหลังการเพิ่มคลาส.....	90



# สารบัญรูป

รูปที่	หน้า
1.1 ภาพตัวอย่างเชื้อ <i>P. falciparum</i> และ <i>P. vivax</i> .....	2
2.1 ภาพตัวอย่างแผ่นฟิล์มโลหิตบางและหนา.....	7
2.2 ภาพตัวอย่างเชื้อ <i>P. falciparum</i> และ <i>P. vivax</i> .....	8
3.1 ภาพไบนารี.....	10
3.2 ภาพสีเทา.....	11
3.3 โมเดลสี RGB.....	12
3.4 ตัวอย่างภาพในระบบสี RGB.....	12
3.5 ภาพจากระบบสี RGB ต้นฉบับและในองค์ประกอบสีเขียว แดง น้ำเงิน.....	12
3.6 โมเดลสี HSV.....	14
3.7 ภาพจากระบบสี RGB ต้นฉบับและในองค์ประกอบ Hue Saturation Value.....	14
3.8 โมเดลสี HSI.....	15
3.9 ภาพจากระบบสี RGB ต้นฉบับและในองค์ประกอบ Hue Saturation Intensity.....	15
3.10 ภาพและฮิสโทแกรมในองค์ประกอบสีเขียว.....	16
3.11 ภาพไบนารีจากค่าเทรชโวลต์ที่ต่างกัน.....	17
3.12 ฮิสโทแกรมขององค์ประกอบ Intensity และค่าเทรชโวลต์จากวิธีของ Gonzalez and Woods.....	18
3.13 ภาพองค์ประกอบ Intensity ก่อนและหลังการเทรชโวลต์ด้วยวิธีของ Gonzalez and Woods.....	18
3.14 ฮิสโทแกรมขององค์ประกอบ Hue และค่าเทรชโวลต์จากวิธีของ Otsu.....	20
3.15 ภาพองค์ประกอบ Hue ก่อนและหลังเทรชโวลต์ด้วยวิธีของ Otsu.....	20
3.16 ภาพที่มีฮิสโทแกรมแบบสองกลุ่มก่อนและหลังเทรชโวลต์.....	21
3.17 ภาพที่มีฮิสโทแกรมไม่เป็นแบบสองกลุ่มก่อนและหลังเทรชโวลต์.....	21
3.18 ตัวอย่างภาพไบนารีเมื่อผ่านกระบวนการขยายภาพ.....	23
3.19 ตัวอย่างภาพไบนารีเมื่อผ่านกระบวนการเซาะภาพ.....	24
3.20 ตัวอย่างภาพไบนารีเมื่อผ่านกระบวนการเปิดภาพ.....	25
3.21 ตัวอย่างภาพไบนารีก่อนผ่านกระบวนการเติมเต็มบริเวณ.....	26
3.22 ตัวอย่างภาพไบนารีระหว่างผ่านกระบวนการเติมเต็มบริเวณ.....	27
3.23 ตัวอย่างภาพไบนารีหลังผ่านกระบวนการเติมเต็มบริเวณ.....	28
3.24 ตัวอย่างภาพไบนารีก่อนผ่านกระบวนการกำจัดวัตถุบริเวณขอบภาพ.....	29
3.25 ตัวอย่างภาพไบนารีระหว่างผ่านกระบวนการกำจัดวัตถุบริเวณขอบภาพ.....	30
3.26 ตัวอย่างภาพไบนารีหลังผ่านกระบวนการกำจัดวัตถุบริเวณขอบภาพ.....	30
3.27 ภาพโทนมืดและค่าเฉลี่ย.....	31
3.28 ภาพโทนสว่างและค่าเฉลี่ย.....	32
3.29 ภาพที่มีความเข้มสีเกาะกลุ่มและค่าส่วนเบี่ยงเบนมาตรฐาน.....	33
3.30 ภาพที่มีความเข้มสีกระจายและค่าส่วนเบี่ยงเบนมาตรฐาน.....	33

## สารบัญญรูป (ต่อ)

รูปที่	หน้า
3.31 ภาพที่มีความเข้มสีเกาะกลุ่มและค่าความโด่ง.....	34
3.32 ภาพที่มีความเข้มสีกระจายและค่าความโด่ง.....	34
3.33 ภาพโทนมืดและค่าความเบ้.....	35
3.34 ภาพโทนสว่างและค่าความเบ้.....	36
3.35 ภาพที่มีความเข้มสีกระจายและค่าเอนโทรปี.....	37
3.36 ภาพที่มีความเข้มสีเพียง 2 ค่าและค่าเอนโทรปี.....	37
3.37 ภาพตัวอย่างที่ถูกใช้ในการจำแนกคลาส.....	39
3.38 ภาพปฏิภูมิของคุณลักษณะและเส้นตัดสีนใจ.....	40
3.39 โมเดลระบบซัพพอร์ตเวกเตอร์แมชชีน.....	41
3.40 โครงสร้างการทำงานของตัวจำแนกแบบเบย์ส์.....	43
4.1 ลักษณะปรสิติของมาลาเรียทั้งสองสายพันธุ์.....	46
4.2 ผังงานการพัฒนาอัลกอริธึม.....	47
4.3 ภาพแผ่นฟิล์มโลหิตหนาในระบบสี RGB.....	48
4.4 ภาพก่อนและหลังการกำจัดพื้นหลัง.....	48
4.5 ภาพสีเทาและภาพไบนารี.....	49
4.6 ภาพหลังจากผ่านกระบวนการคอมพลิเมนต์.....	49
4.7 ภาพก่อนและหลังกำจัดเม็ดเลือดขาว.....	50
4.8 ภาพที่ย้อมสีสม่ำเสมอก่อนและหลังกระบวนการเซาะภาพ.....	50
4.9 ภาพที่ย้อมสีไม่สม่ำเสมอก่อนและหลังกระบวนการเซาะภาพ.....	51
4.10 ภาพแผ่นฟิล์มโลหิตหนาในระบบสี RGB.....	52
4.11 ภาพแผ่นฟิล์มโลหิตหนาในระบบสี HSI.....	52
4.12 ฮิสโทแกรมขององค์ประกอบ Intensity.....	54
4.13 ภาพก่อนและหลังการเทรสโซลต์ด้วยวิธีการเทรสโซลต์แบบค่าโกลบอล.....	54
4.14 ภาพก่อนและหลังการแปลงไบนารี.....	55
4.15 ภาพก่อนและหลังการเติมเต็มบริเวณ.....	55
4.16 ภาพก่อนและหลังการขยาย.....	55
4.17 ภาพก่อนและหลังการกำจัดเม็ดเลือดขาว.....	56
4.18 ภาพก่อนและหลังการเซาะภาพ.....	57
4.19 ภาพที่ย้อมสีสม่ำเสมอก่อนและหลังกระบวนการเซาะภาพ.....	57
4.20 ภาพที่ย้อมสีไม่สม่ำเสมอก่อนและหลังกระบวนการเซาะภาพ.....	57
4.21 องค์ประกอบ Hue และภาพโทนสีเหลือง.....	58
4.22 ฮิสโทแกรมขององค์ประกอบ Hue.....	59
4.23 ฮิสโทแกรมขององค์ประกอบ Hue และค่าเทรสโซลต์.....	59
4.24 ภาพองค์ประกอบ Hue ก่อนและหลังเทรสโซลต์.....	60
4.25 ภาพองค์ประกอบ Hue หลังแปลงไบนารีและหลังผ่านการคอมพลิเมนต์.....	60
4.26 ภาพองค์ประกอบ Hue หลังผ่านกระบวนการคอมพลิเมนต์และหลังกำจัดเม็ดเลือดขาว.....	60

## สารบัญรูป (ต่อ)

รูปที่	หน้า
4.27 ภาพองค์ประกอบ Hue หลังกำจัดเม็ดเลือดขาวและมาส์คของโครมาติน.....	61
4.28 ผนังงานของขั้นตอนการประมวลผลภาพเพื่อตัดแยกภาพย่อย.....	62
4.29 ตัวอย่างผลลัพธ์ภาพย่อยที่ได้จากการประมวลผลเบื้องต้น.....	63
5.1 ภาพในองค์ประกอบสี RGB.....	65
5.2 ภาพในองค์ประกอบสี HSI.....	65
5.3 ภาพในองค์ประกอบสี HSV.....	65
5.4 เมตริกซ์คุณลักษณะหลังการฉายลงบนปริภูมิ 3 มิติด้วยเบสิสจากวิธีที่ 1.....	68
5.5 เมตริกซ์คุณลักษณะหลังการฉายลงบนปริภูมิ 3 มิติด้วยเบสิสจากวิธีที่ 2.....	70
5.6 เมตริกซ์คุณลักษณะหลังการฉายลงบนปริภูมิ 3 มิติด้วยเบสิสจากวิธีที่ 3.....	72
6.1 เพอร์เซ็นต์ความถูกต้องของตัวจำแนกแบบเบสิสซึ่งเป็นฟังก์ชันของ จำนวนคอลัมน์ของเบสิส.....	75
6.2 เพอร์เซ็นต์ความถูกต้องของตัวจำแนกแบบเบสิสซึ่งเป็นฟังก์ชันของ จำนวนคอลัมน์ของเบสิส.....	76
6.3 เพอร์เซ็นต์ความถูกต้องของการจำแนกด้วยเคอร์เนลเชิงเส้นโดยใช้เบสิสวิธีที่ 2.....	77
6.4 เพอร์เซ็นต์ความถูกต้องของการจำแนกด้วยเคอร์เนลเชิงเส้นโดยใช้เบสิสวิธีที่ 3.....	78
6.5 เพอร์เซ็นต์ความถูกต้องของการจำแนกด้วยเคอร์เนลฟังก์ชันฐานรัศมี โดยใช้เบสิสวิธีที่ 2.....	79
6.6 เพอร์เซ็นต์ความถูกต้องของการจำแนกด้วยเคอร์เนลฟังก์ชันฐานรัศมีโดยใช้เบสิสวิธีที่ 3 เมื่อใช้ $l=1$ .....	80
6.7 เพอร์เซ็นต์ความถูกต้องของการจำแนกด้วยเคอร์เนลฟังก์ชันฐานรัศมีโดยใช้เบสิสวิธีที่ 3 เมื่อใช้ $l=2$ .....	80
6.8 เพอร์เซ็นต์ความถูกต้องของการจำแนกด้วยเคอร์เนลฟังก์ชันฐานรัศมีโดยใช้เบสิสวิธีที่ 3 เมื่อใช้ $l=3$ .....	81
6.9 เพอร์เซ็นต์ความถูกต้องของการจำแนกด้วยเคอร์เนลฟังก์ชันฐานรัศมีโดยใช้เบสิสวิธีที่ 3 เมื่อใช้ $l=4$ .....	81
6.10 เพอร์เซ็นต์ความถูกต้องของการจำแนกด้วยเคอร์เนลฟังก์ชันฐานรัศมีโดยใช้เบสิสวิธีที่ 3 เมื่อใช้ $l=5$ .....	82
6.11 เพอร์เซ็นต์ความถูกต้องของการจำแนกด้วยเคอร์เนลฟังก์ชันฐานรัศมีโดยใช้เบสิสวิธีที่ 3 เมื่อใช้ $l=6$ .....	82
6.12 เพอร์เซ็นต์ความถูกต้องของการจำแนกด้วยเคอร์เนลฟังก์ชันฐานรัศมีโดยใช้เบสิสวิธีที่ 3 เมื่อใช้ $l=7$ .....	83
6.13 เพอร์เซ็นต์ความถูกต้องของการจำแนกด้วยเคอร์เนลฟังก์ชันฐานรัศมีโดยใช้เบสิสวิธีที่ 3 เมื่อใช้ $l=8$ .....	83
6.14 เพอร์เซ็นต์ความถูกต้องของการจำแนกด้วยเคอร์เนลฟังก์ชันฐานรัศมีโดยใช้เบสิสวิธีที่ 3 เมื่อใช้ $l=9$ .....	84

## สารบัญญรูป (ต่อ)

รูปที่	หน้า
6.15 เปอร์เซนต์ความถูกต้องของการจำแนกด้วยคอร์เนลฟังก์ชันฐานรัศมีโดยใช้เบสิสวิธีที่ 3 เมื่อใช้ $l=10$ .....	84
6.16 ค่าเอกฐานของเบสิส.....	87
6.17 ผังงานการพัฒนาอัลกอริธึมเมื่อเพิ่มคลาส.....	88

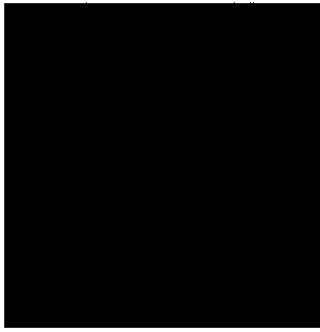


# บทที่ 1

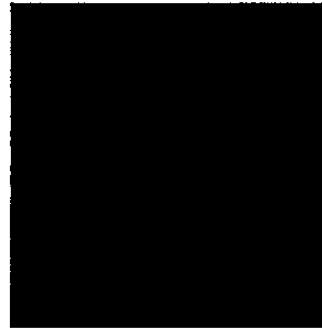
## บทนำ

### 1.1 ที่มาและความสำคัญของปัญหา

มาลาเรียนับเป็นหนึ่งในปัญหาที่สำคัญในระดับโลก โดยในปี 2013 องค์การอนามัยโลกได้ประกาศว่าประชากรโลก 3.3 พันล้านคนเสี่ยงต่อเชื้อมาลาเรีย โดยในจำนวนนี้มี 200 ล้านคนที่ติดเชื้อและเสียชีวิต 600,000 คน โดยสาเหตุของการติดเชื้อมาลาเรียนั้นเกิดมาจากการที่เชื้อพลาสโมเดียม (*Plasmodium*) จากยุง เมื่อยุงได้กัดมนุษย์เชืื่อนี้จะแพร่เข้าสู่กระแสเลือดเข้าไปเจริญเติบโตภายในเซลล์ตับของมนุษย์ อาการของโรคจะแสดงออกมาเมื่อเชืื่อนั้นเจริญเติบโตเต็มที่แล้ว โดยผู้ป่วยจะเกิดอาการไข้หรือไข้หนาวสั่นซึ่งอาจมีอาการอื่นๆ ร่วมด้วยเช่นปวดศีรษะ คลื่นไส้ อาเจียน ปวดท้อง ท้องเสีย โดยพื้นที่ๆ มีการพบการระบาดของเชื้อมาลาเรียนั้นจะเป็นประเทศในแถบร้อนชื้น เช่นในประเทศแถบแอฟริกา, ฟิลิปปินส์, อินโดนีเซียและประเทศไทย โดยเชื้อมาลาเรียที่พบว่ามี การแพร่เชื้อเข้าสู่มนุษย์นั้นมีอยู่ 4 สายพันธุ์ได้แก่ *Plasmodium falciparum*, *Plasmodium vivax*, *Plasmodium malariae* และ *Plasmodium ovale* โดยในประเทศไทยนั้นพบว่าการระบาดของเชื้ออยู่ 2 สายพันธุ์เป็นหลักคือ *Plasmodium (P.) falciparum* และ *Plasmodium (P.) vivax* โดยผู้ป่วยที่ติดเชื้อมาลาเรียจากสายพันธุ์ที่ต่างกันต้องการยาที่ต่างกันในการรักษา ดังนั้นจึงจำเป็นที่จะต้องตรวจหาสายพันธุ์มาลาเรียของผู้ป่วยก่อนที่จะทำการรักษา การตรวจหาเชื้อมาลาเรียนั้นสามารถทำได้หลายวิธีเช่น การตรวจหาแอนติเจนในเลือด การตรวจหาแอนติบอดี การตรวจหาสารพันธุกรรมของเชื้อมาลาเรีย โดยวิธีที่นิยมในการตรวจวินิจฉัยสายพันธุ์มาลาเรียที่สุดคือการตรวจผ่านแผ่นฟิล์มโลหิตผ่านกล้องจุลทรรศน์ชนิดแสง การตรวจโดยใช้แผ่นฟิล์มโลหิตนั้นสามารถใช้แผ่นฟิล์มได้ 2 ชนิดคือแผ่นฟิล์มโลหิตบางและแผ่นฟิล์มโลหิตหนา โดยการตรวจวินิจฉัยโดยใช้แผ่นฟิล์มโลหิตหนานั้นเจ้าหน้าที่ที่ผ่านการฝึกฝนมาแล้วจะใช้เวลาประมาณ 15-20 นาทีในการวินิจฉัยสายพันธุ์มาลาเรียโดยการตรวจหาโครมาติน (Chromatin) และพิจารณารูปร่างไซโทพลาสซึม (Cytoplasm) ที่อยู่รอบๆ โครมาติน ในการระบุสายพันธุ์ของมาลาเรีย โดยรูปร่างของไซโทพลาสซึมของเชื้อสายพันธุ์ *P. falciparum* และ *P. vivax* จะมีลักษณะที่ต่างกันดังตัวอย่างในรูปที่ 1.1 โดยผลการวินิจฉัยนั้นขึ้นอยู่กับประสบการณ์ของเจ้าหน้าที่และความเหนื่อยล้าจากการทำงานอาจทำให้ผลการวินิจฉัยผิดพลาดได้ ดังนั้นในช่วงที่มีการระบาดของโรคมมาลาเรียการตรวจวินิจฉัยสายพันธุ์มาลาเรียโดยใช้มนุษย์นั้นอาจจะช้าเกินไปและอาจได้ผลตรวจที่ไม่แม่นยำ ซึ่งส่งผลถึงการให้ยารักษาไม่ตรงตามสายพันธุ์ของมาลาเรีย



(ก)



(ข)

รูปที่ 1.1 ภาพตัวอย่างเชื่อบนแผ่นฟิล์มโลหิตหนา (ก) *P. falciparum* และ (ข) *P. vivax*

จากสาเหตุข้างต้น จึงมีการพัฒนาเทคนิคการประมวลผลภาพที่ได้จากกล้องจุลทรรศน์เพื่อช่วยเหลือเจ้าหน้าที่ในการตรวจหาเชื่อบนแผ่นฟิล์มโลหิตหนา อย่างไรก็ตามเทคนิคการประมวลผลภาพที่ถูกพัฒนาขึ้นเพื่อใช้ในการวินิจฉัยโรคมาลาเรียบนแผ่นฟิล์มโลหิตบางเป็นส่วนใหญ่นี้ เนื่องจากภาพที่ได้จากแผ่นฟิล์มโลหิตบางนั้นมีรายละเอียดของปรสิตที่ชัดเจนกว่าภาพจากแผ่นฟิล์มโลหิตหนา แต่มีค่าใช้จ่ายสูงและใช้เวลานานกว่าในการตรวจวินิจฉัย ดังนั้นแผ่นฟิล์มโลหิตหนาจึงถูกใช้เป็นหลักในการวินิจฉัยตามศูนย์ตรวจทั่วไปในประเทศไทย

## 1.2 วัตถุประสงค์ของการศึกษา

วิทยานิพนธ์นี้มีจุดประสงค์เพื่อช่วยเหลือเจ้าหน้าที่ในการระบุสายพันธุ์มาเลเรียทดแทนการตรวจสอบด้วยสายตา ในงานวิทยานิพนธ์นี้ได้นำเสนอระบบประมวลผลภาพอัตโนมัติซึ่งสามารถตรวจหาโครมาตินบนแผ่นฟิล์มโลหิตหนาซึ่งเป็นวิธีที่นิยมใช้ในทางปฏิบัติ และสามารถแยกสายพันธุ์มาลาเรียได้อัตโนมัติ โดยระบบนี้สามารถจำแนกเชื่อบนแผ่นฟิล์มโลหิตหนาของสายพันธุ์ *P. falciparum* และ *P. vivax* ซึ่งทั้งสองสายพันธุ์เป็นสายพันธุ์ที่พบการระบาดมากที่สุดในประเทศไทย โดยมีวัตถุประสงค์ย่อยดังนี้

- 1) ศึกษาการวินิจฉัยสายพันธุ์มาลาเรียบนแผ่นฟิล์มโลหิตชนิดหนา
- 2) พัฒนาอัลกอริธึมตรวจจับตำแหน่งโครมาตินบนภาพแผ่นฟิล์มโลหิตหนา
- 3) เลือกลักษณะ (feature) ของภาพเพื่อใช้ในการจำแนกเชื่อบนแผ่นฟิล์มโลหิตหนา
- 4) ศึกษาระบบซอฟต์แวร์เวกเตอร์แมชชีน เพื่อนำไปประยุกต์ใช้ในการสร้างระบบจำแนกสายพันธุ์มาลาเรีย
- 5) พัฒนาระบบการประมวลผลภาพเพื่อใช้ในการจำแนกเชื่อบนแผ่นฟิล์มโลหิตชนิด *P. falciparum* และ *P. vivax*

### 1.3 ขอบเขตของวิทยานิพนธ์

วิทยานิพนธ์ฉบับนี้ทำการพัฒนาระบบการประมวลผลภาพอัตโนมัติเพื่อใช้ในการตรวจจับโครมาตินซึ่งเป็นนิวเคลียสของเชื้อมาลาเรียซึ่งอยู่ในภาพแผ่นฟิล์มโลหิตหนา และศึกษาความแตกต่างของคุณลักษณะเด่นของภาพมาลาเรียจากภาพมาลาเรียทั้งสองสายพันธุ์ที่ใช้ในการวิจัย เพื่อสร้างระบบจำแนกสายพันธุ์มาลาเรียอัตโนมัติ โดยที่มาและวัตถุประสงค์ของงานวิจัยได้ถูกอธิบายไว้ในบทที่ 1 เนื้อหาในบทที่ 2 เป็นการอธิบายเกี่ยวกับโครมาลาเรีย เนื้อหาในบทที่ 3 เป็นการอธิบายถึงพื้นฐานของระบบการประมวลผลภาพ, ทฤษฎีการแยกองค์ประกอบเชิงเดี่ยว และทฤษฎีการจำแนกด้วยระบบซัพพอร์ตเวกเตอร์แมชชีน บทที่ 4 เป็นการอธิบายการประมวลผลภาพเบื้องต้นเพื่อตรวจจับโครมาติน การกำจัดเซลล์เม็ดเลือดขาว และการกำจัดสิ่งแปลกปลอมออกจากมาส์คของโครมาตินที่ถูกพัฒนาขึ้น รายละเอียดการดึงคุณลักษณะจากภาพแผ่นฟิล์มโลหิตพารามิเตอร์ที่เลือกใช้ องค์ประกอบสีที่เลือกใช้ และการลดจำนวนคุณลักษณะโดยใช้ทฤษฎีการแยกองค์ประกอบเชิงเดี่ยวได้ถูกอธิบายไว้ในบทที่ 5 บทที่ 6 กล่าวถึงระบบจำแนกเชื้อมาลาเรียโดยใช้ซัพพอร์ตเวกเตอร์แมชชีน โดยอธิบายการฝึกระบบและผลการทดสอบระบบกับภาพเชื้อมาลาเรียทั้งสองสายพันธุ์ ส่วนสุดท้ายคือการสรุปผลการวิจัยและข้อเสนอแนะจะอยู่ในบทที่ 7

## บทที่ 2

# โรคมาลาเรีย

### 2.1 โรคมาลาเรีย

โรคมาลาเรีย (Malaria) อาจรู้จักกันในชื่ออื่น เช่น ไข้ป่า ไข้จับสั่น ไข้ป่าง ไข้ร้อนเย็น หรือ ไข้ตอกสั๊ก เป็นต้น โรคมาลาเรียมีขอบเขตการแพร่กระจายอย่างกว้างขวางในเขตร้อนและเขตอบอุ่นทั่วโลก อาการของมาลาเรียจะไม่มีลักษณะจำเพาะ เช่น ปวดศีรษะ ปวดเมื่อย แน่นท้อง คลื่นไส้ อาเจียน ไอ มาลาเรียมีสาเหตุมาจากเชื้อปรสิตสปอโรซัวในจิ้นสพลาสโมเดียมซึ่งก่อโรคมาลาเรียในคนและสัตว์ เชื้อพลาสโมเดียมนั้นมีมากกว่า 4 ชนิดแต่มีเพียง 4 สายพันธุ์ที่สามารถก่อโรคในมนุษย์ได้แก่ *P. falciparum*, *P. vivax*, *P. ovale* และ *P. malariae* เชื้อ *P. falciparum* เป็นสายพันธุ์ที่รุนแรงและอันตรายมากที่สุด ผู้ป่วยที่ติดเชื้อนี้มักเกิดภาวะแทรกซ้อนเช่น ภาวะน้ำตาลในเลือดต่ำ ภาวะเสียชีวิตจากปอดบวม น้ำ อากาศของโรคคือ ผู้ป่วยจะมีอาการไข้ ปวดเมื่อยตามตัว คลื่นไส้ แต่สำหรับสายพันธุ์ *P. vivax* จะเป็นสายพันธุ์ที่ไม่รุนแรง มีลักษณะอาการคล้าย *P. falciparum* แต่มักพบว่ามีอาการหนาวสั่นบ่อยมากกว่า ผู้ป่วยที่ติดเชื้อนี้มักจะไม่มีเสียชีวิต แต่จะกลับมาเป็นโรคซ้ำอีก โดยเชื้อปรสิตนี้จะมียุงก้นปล่องเพศเมียเป็นพาหะ ซึ่งยุงได้รับเชื้อนี้จากการไปกัดคนที่มีเชื้อระยะติดต่อมาก่อน ยุงเพศเมียมีปากที่เป็นท่อแหลมสำหรับดูดเลือดจากมนุษย์เพื่อนำโปรตีนไปสร้างไข่ ออกหาเหยื่อเวลากลางคืนโดยใช้ปากที่มีลักษณะเป็นท่อเจาะผิวหนังเพื่อดูดกินเลือด กระบวนการนี้ตามปกติจะดำเนินไปโดยเหยื่อไม่รู้ตัว เนื่องจากยุงจะปล่อยน้ำลายออกมาเพื่อทำหน้าที่เป็นยาชาทำให้เหยื่อที่ถูกกัดไม่รู้สึกรู้เจ็บ ซึ่งน้ำลายนี้เองที่มีเชื้อสปอโรซัว (sporozoites) อาศัยอยู่โดยสปอโรซัวมีลักษณะเรียวยาวคล้ายกระสวย เมื่อเชื้อนี้เข้าสู่กระแสโลหิตจะเข้าไปฝังตัวอยู่ในเซลล์ตับและเปลี่ยนรูปร่างเป็นกลมรี และโตขึ้นจะมีการแบ่งนิวเคลียสเป็นหลายๆ ก้อนระยะนี้เรียกว่าชิซอนต์ (schizonts) ต่อมาเมื่อเจริญเต็มที่ก็จะแบ่งตัวได้จำนวนหลายตัวเรียกว่าระยะเมโรซัว (merozoites) เมโรซัวนี้ จะแพร่เข้าสู่เม็ดเลือดแดงต่อไป โดยกระบวนการเจริญในตับใช้เวลาประมาณ 5 ถึง 16 วัน เมโรซัวจากเซลล์ตับจะเข้าไปในเม็ดเลือดแดงผ่านระบบโลหิต เมื่อเข้าไปในเซลล์เม็ดเลือดแดงแล้วจะเจริญเติบโตและมีรูปร่างเปลี่ยนไปเป็นรูปร่างวงแหวนจึงเรียกว่าระยะวงแหวน (Ring form) เมื่อเจริญเติบโตเต็มที่จะเป็นระยะชิซอนต์ โดยที่ระยะนี้จะมีการแบ่งตัวเพื่อสร้างเมโรซัว โดยเมโรซัวที่ถูกสร้างจะเข้าสู่กระแสโลหิตแล้วเข้าไปในเม็ดเลือดแดงใหม่ต่อไปเจริญเติบโตอีกครั้งเป็นวงจรซ้ำๆ โดยที่เมโรซัวบางตัวที่ไม่เข้าสู่กระบวนการแบ่งตัวจะกลายเป็นระยะแกมีโตไซต์ (gametocytes) ซึ่งมีเพศผู้เรียกว่าไมโครแกมีโตไซต์ (microgametocytes) และเพศเมียเรียกว่าแมโครแกมีโตไซต์ (macrogametocytes) ระยะวงแหวนเป็นระยะของเชื้อที่ถูกใช้ใน

งานวิทยานิพนธ์นี้ โดยมาลาเรียแต่ละสายพันธุ์นั้นมีความรุนแรงที่ต่างกันและยังต้องการการรักษาที่ต่างกัน เช่นสายพันธุ์ *P. falciparum* จะใช้ยา artemisin-combination therapy แต่ *P. vivax* จะใช้ตัวยา chloroquine ดังนั้นจึงมีความจำเป็นที่จะต้องมีการพัฒนาการวินิจฉัยสายพันธุ์มาลาเรียให้รวดเร็วและแม่นยำ จากรายงานขององค์การอนามัยโลกปี 2014 ระบุว่าคนไข้ในทวีปแอฟริกาจำนวนมากไม่ได้รับการวินิจฉัยโรคมาลาเรียโดยมีเพียงแค่ 62% ของผู้ต้องสงสัยว่าป่วยเป็นมาลาเรียได้รับการตรวจวินิจฉัย และ 90% ของผู้เสียชีวิตจากมาลาเรียก็เกิดในทวีปแอฟริกา โดยจำนวนผู้เสียชีวิตทั่วโลก 78% เป็นเด็กที่อายุต่ำกว่า 5 ขวบ โดยวิธีตรวจวินิจฉัยมาลาเรียโดยใช้กล้องจุลทรรศน์เป็นวิธีมาตรฐานที่ถูกใช้กับผู้ป่วยมากกว่า 197 ล้านคนทั่วโลก

## 2.2 การตรวจวินิจฉัยโรคมาลาเรีย

การตรวจวินิจฉัยมาลาเรียสามารถทำได้หลายวิธีเช่น

### 2.2.1 การตรวจหาเชื้อมาลาเรียในเลือดโดยใช้กล้องจุลทรรศน์

การตรวจโดยวิธีนี้สามารถแยกได้สองวิธีคือ

#### 1) การใช้แผ่นฟิล์มโลหิตหนา

ตรวจโดยการหยดเลือดของผู้ป่วยลงบนแผ่นสไลด์ 1 หยด แล้วเกลี่ยเลือดให้มีขนาด 1 ซม. คูณ 1 ซม. ย้อมแผ่นฟิล์มด้วยวิธี Giemsa แล้วนับจำนวนเชื้อมาลาเรียต่อจำนวนเม็ดเลือดขาว 200 เม็ด ข้อดีของการตรวจโดยใช้กล้องจุลทรรศน์คือ ตรวจโดยผู้เชี่ยวชาญ มีความไวสูงโดยวิธีนี้จะใช้เวลาประมาณ 30 นาที สามารถตรวจหาเชื้อได้แม้มีเชื้อปริมาณน้อยเพียง 40 ตัวต่อเลือด 1 ไมโครลิตร และสามารถจำแนกได้ว่าเป็นสายพันธุ์อะไร ข้อจำกัดของการตรวจโดยใช้กล้องจุลทรรศน์คือ การตรวจต้องใช้เวลาานโดยเฉพาะในกรณีที่มีจำนวนเชื้อมาลาเรียในเลือดน้อย

#### 2) การใช้แผ่นฟิล์มโลหิตบาง

ตรวจโดยการหยดเลือดของผู้ป่วยลงบนแผ่นสไลด์ แล้วเกลี่ยเป็นฟิล์มบางๆ แล้วย้อมสีด้วยวิธี Giemsa แล้วนับจำนวนเม็ดเลือดแดงที่ติดเชื้อมาลาเรีย คิดเป็นร้อยละของเม็ดเลือดแดงที่ไม่ติดเชื้อมาลาเรีย ข้อดีของวิธีนี้คือสามารถแยกชนิดสายพันธุ์มาลาเรียได้ง่ายกว่าวิธีแผ่นฟิล์มโลหิตหนา แต่มีข้อเสียคือใช้เวลาในการเตรียมสไลด์และตรวจนานกว่า

### 2.2.2 การตรวจหาแอนติเจนของเชื้อมาลาเรียในเลือด

การตรวจโดยการหาแอนติเจนของเชื้อมาลาเรียในเลือด แอนติบอดีที่ใช้ต้องเป็นแอนติบอดีที่มีความจำเพาะต่อแอนติเจนของเชื้อมาลาเรียที่พบได้ในทุกสายพันธุ์ วิธีการตรวจหาแอนติเจนได้ถูกพัฒนาหลายวิธีโดยอาศัยหลักการที่สำคัญคือการทำปฏิกิริยาระหว่างแอนติเจนที่ต้องการตรวจกับแอนติบอดีจำเพาะที่ได้เตรียมขึ้นมา โดยวิธีที่ถูกใช้มีหลายวิธีเช่น วิธีการวัดปฏิกิริยาของแอนติเจน

และแอนติบอดีโดยใช้สารกัมมันตรังสี หรือวิธีการวัดปฏิกิริยาของแอนติเจนและแอนติบอดีโดยใช้ เอนไซม์เป็นต้น

### 2.2.3 การตรวจหาแอนติบอดีต่อเชื้อมาลาเรียในซีรัม

ภายหลังจากได้รับการติดเชื้อมาลาเรียร่างกายของผู้ป่วยจะสร้างแอนติบอดีต่อเชื้อมาลาเรีย ซึ่งสามารถตรวจพบได้ภายในเวลาประมาณ 3 วัน ระดับของแอนติบอดีจะเพิ่มขึ้นจนถึงจุดสูงสุด และลดลงจนเหลือแอนติบอดีระดับต่ำๆ แต่ยังสามารถตรวจพบได้ วิธีนี้ถูกใช้เพื่อประมาณจำนวนผู้ป่วย และเฝ้าระวังการติดเชื้อมาลาเรีย และยังใช้ในการตรวจคัดกรองเลือดที่ถูกบริจาค หลักการตรวจก็ คล้ายกับวิธีการตรวจหาแอนติเจน แตกต่างกันที่เป็นการตรวจหาแอนติบอดีแทน

### 2.2.4 การตรวจหาสารพันธุกรรมของเชื้อมาลาเรีย

เป็นวิธีที่ใช้จำแนกเชื้อมาลาเรียว่าเป็นสายพันธุ์ *P. falciparum* หรือ *P. vivax* ซึ่งตรวจโดยใช้ดีเอ็นเอ (DNA) หรืออาร์เอ็นเอ (RNA) ซึ่งสามารถเตรียมได้จากสายดีเอ็นเอหรืออาร์เอ็นเอที่จำเพาะกับเชื้อมาลาเรีย *P. falciparum* หรือ *P. vivax* โดยการโคลนนิ่ง (Cloning) และการหาลำดับเบส (Sequencing) แล้วนำสารพันธุกรรมดีเอ็นเอหรืออาร์เอ็นเอดังกล่าวมาเป็นตัวหา (Probe)

### 2.2.5 การตรวจหาเชื้อมาลาเรียโดยใช้วิธี Quantitative buffy coat analysis

ตรวจโดยการเจาะเลือดผู้ป่วยใส่ในหลอด microhematocrit ซึ่งภายในหลอดถูกเคลือบด้วย สี acridine orange และสารกันเลือดแข็ง เลือดถูกผสมกับสีโดยการหมุนหลอดไปมาและนำไปปั่น เพื่อให้ส่วนประกอบของเลือดแยกออกจากกัน เชื้อมาลาเรียจะติดสีและมองเห็นโดยใช้กล้องจุลทรรศน์ชนิดแสง

โดยการตรวจวินิจฉัยสายพันธุ์มาลาเรียด้วยการใช้กล้องจุลทรรศน์นั้นเป็นวิธีมาตรฐานในการวินิจฉัยโรค เป็นวิธีที่ง่ายและประหยัด ความถูกต้องและแม่นยำของการวินิจฉัยขึ้นอยู่กับปริมาณของเชื้อ สีที่ใช้และเทคนิคการย้อม โดยเฉพาะความเชี่ยวชาญของเจ้าหน้าที่ผู้ตรวจ โดยในช่วงที่มีการแพร่ระบาดของมาลาเรียอย่างหนักอาจทำให้ผลของการตรวจผิดพลาดจึงได้มีการพัฒนาระบบตรวจวินิจฉัยมาลาเรียด้วยวิธีการประมวลผลภาพอัตโนมัติในวิทยานิพนธ์นี้

## 2.3 การวิเคราะห์มาลาเรียด้วยวิธีการประมวลผลภาพ

การพัฒนาระบบการประมวลผลภาพและระบบคัดแยกสายพันธุ์มาลาเรียอัตโนมัติ มีทั้งงานวิจัยที่เลือกใช้แผ่นฟิล์มโลหิตบางและแผ่นฟิล์มโลหิตหนา รูปที่ 2.1 แสดงตัวอย่างของภาพแผ่นฟิล์มโลหิตบางและหนา โดยในแผ่นฟิล์มโลหิตบางนั้นจะสามารถมองเห็นเม็ดเลือดแดงได้อย่างชัดเจน สามารถสังเกตเห็นได้ว่าเซลล์ของเชื้อมาลาเรียนั้นเข้าไปอาศัยอยู่ในเซลล์เม็ดเลือดแดง ใน *P. falciparum* ระยะวงแหวนบางครั้งอาจพบจุดสีแดงอมม่วงขนาดใหญ่เรียกว่า Maurer's dots และใน *P. vivax* มักจะพบจุดสีชมพูขนาดเล็กจำนวนมากเรียกว่า Schuffner's dots แต่ใน

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า ไม่ว่าจะกรณีใดๆ ทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ตัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

แผ่นฟิล์มโลหิตหนานั้นจะไม่สามารถมองเห็นเซลล์เม็ดแดงแต่อาจพบเศษของเม็ดเลือดแดงอยู่รอบๆ เชื้อมาลาเรีย ใน *P. falciparum* ลักษณะของไซโทพลาสซึมอาจพบว่าวงแหวนมีลักษณะขาดไม่สมบูรณ์ ขนาดของเซลล์มาลาเรียและเซลล์เม็ดเลือดขาวจะมีขนาดเล็กกว่าแผ่นฟิล์มโลหิตบาง

โดยสาเหตุที่งานวิจัยส่วนใหญ่เลือกที่จะใช้ภาพแผ่นฟิล์มโลหิตบางในงานวิจัยเนื่องจากภาพชนิดนี้สามารถมองเห็นเซลล์เม็ดเลือดแดง เชื้อมาลาเรีย รูปร่างของไซโทพลาสซึมได้อย่างชัดเจน ซึ่งทำให้สามารถใช้คุณสมบัติเหล่านี้ในการแยกเชื้อได้ง่ายกว่า แต่ในการวินิจฉัยในทางการแพทย์จะนิยมใช้แผ่นฟิล์มโลหิตชนิดหนาเนื่องจากมีค่าใช้จ่ายที่ถูกและใช้เวลาในการวินิจฉัยน้อยกว่ามาก ดังนั้นในวิทยานิพนธ์นี้จึงใช้ภาพถ่ายจากแผ่นฟิล์มโลหิตชนิดหนาในการวิจัย โดยเลือกใช้ภาพจากเชื้อ *P. falciparum* และ *P. vivax* ซึ่งเป็น 2 สายพันธุ์ที่พบว่ามีภาวะระบาดมากในประเทศไทย โดยเจาะจงที่ระยะเริ่มต้นของเชื้อคือระยะวงแหวน (ring form) ในการวิจัย โดยในระยะนี้รูปร่างของไซโทพลาสซึมระหว่าง 2 สายพันธุ์จะมีความแตกต่างกัน โดยที่สายพันธุ์ *P. falciparum* จะปรากฏรูปร่างของไซโทพลาสซึมเป็นลักษณะวงแหวน หรือเสี้ยววงแหวน แต่สายพันธุ์ *P. vivax* จะมีไซโทพลาสซึมที่มีลักษณะรูปร่างที่แน่นอน เมื่อเจ้าหน้าที่ทำการคัดแยกสายพันธุ์มาลาเรียโดยใช้กล้องจุลทรรศน์จะใช้ความแตกต่างของรูปร่างไซโทพลาสซึมดังกล่าวในการระบุสายพันธุ์มาลาเรียรูปที่ 2.2 แสดงตัวอย่างของเชื้อมาลาเรียจากทั้ง 2 สายพันธุ์



รูปที่ 2.1 ภาพตัวอย่าง (ก) แผ่นฟิล์มโลหิตบาง (ข) แผ่นฟิล์มโลหิตหนา



(ก)



(ข)

รูปที่ 2.2 ภาพตัวอย่างเชื้อ (ก) *P. falciparum* (ข) *P. vivax* บนแผ่นฟิล์มโลหิตหนา

งานวิจัยส่วนมากจะใช้แผ่นฟิล์มโลหิตหนาในการตรวจจับการติดเชื้อมาลาเรีย (detection) เท่านั้นและใช้แผ่นฟิล์มโลหิตบางในการจำแนกสายพันธุ์ของเชื้อ ในงานวิจัยที่ใช้แผ่นฟิล์มโลหิตบางจะใช้ข้อได้เปรียบที่สามารถมองเห็นเซลล์เม็ดเลือดแดงในการวิจัย เช่น [1] ตรวจจับโครมาตินโดยใช้วิธีการขยายภาพ (Dilation) และการเซาะภาพ (Erosion) โดยใช้หน่วยโครงสร้าง (Element Structure) ที่ขนาดสัมพันธ์กับขนาดของเซลล์เม็ดเลือดแดง ซึ่งใช้ข้อเท็จจริงที่ว่าโครมาตินจะอาศัยอยู่ในเซลล์เม็ดเลือดแดงเท่านั้น หรือ [2] ตรวจจับโครมาตินโดยใช้การเทรชโซลด์หลายระดับ (Multiple thresholding) เนื่องจากพบว่าภายในเซลล์เม็ดเลือดแดงที่ติดเชื้อมีพื้นที่ที่มีความเข้มสีต่างกันสามส่วน ในการคัดแยกเชื้อมาลาเรียนั้นแผ่นฟิล์มโลหิตบางสามารถเลือกใช้คุณลักษณะของภาพที่มีคุณภาพมากมาใช้ในการคัดแยกเช่น [3] ระบุเซลล์ที่ติดเชื้อโดยใช้คุณลักษณะของภาพเช่น เฟสของภาพ ความเบ้ (Skewness) ความโค้ง (Kurtosis) และพลังงาน (Energy) ร่วมกับการใช้โครงข่ายประสาท (Neural network) และซัพพอร์ตเวกเตอร์แมชชีน (Support Vector Machine: SVM) โดยผลลัพธ์ที่ได้นั้น ซัพพอร์ตเวกเตอร์แมชชีนนี้นั้นมีความแม่นยำมากกว่าการใช้โครงข่ายประสาท 20 % [4] จำแนกระยะของเชื้อมาลาเรียในแผ่นฟิล์มโลหิตชนิดบางโดยใช้ สีของปรสิต ขนาดของปรสิต และค่าทางสถิติร่วมกับซัพพอร์ตเวกเตอร์แมชชีน โดยเฉพาะจงเฉพาะมาลาเรียเพียงสายพันธุ์ *P. vivax* เท่านั้น [5] จำแนกสายพันธุ์มาลาเรียในแผ่นฟิล์มโลหิตบางโดยใช้คุณลักษณะทางเรขาคณิตเช่นความกลมของนิวเคลียส และคุณสมบัติทางลวดลาย (texture features) เช่นพลังงาน ถูกเลือกเป็นคุณลักษณะโดยใช้การวิเคราะห์องค์ประกอบหลัก (Principal Component Analysis: PCA) โดยผลลัพธ์ในการคัดแยกสายพันธุ์นั้นขึ้นอยู่กับ การเลือกคุณลักษณะของชุดฝึก

นอกจากนี้ยังมีงานวิจัยที่ใช้แผ่นฟิล์มโลหิตหนาในการวิจัยเช่น [6] ตรวจจับปรสิตมาลาเรียโดยใช้การแยกปรสิตออกจากพื้นหลังภาพโดยใช้องค์ประกอบสี Hue และ Saturation จากระบบสี HSV และระบุปรสิตโดยใช้เลข Euler โดยงานวิจัยนี้เฉพาะจงเฉพาะสายพันธุ์ *P. vivax* เท่านั้น [7] แยกสายพันธุ์มาลาเรียโดยใช้ความต่างของขนาดโครมาตินระหว่างสองสายพันธุ์ โดยมีความถูกต้องของการจำแนกเชื้อที่ 90% สำหรับ *P. falciparum* และ 75% สำหรับ *P. vivax* [8] แยกสายพันธุ์มาลาเรียโดยใช้

ค่าทางสถิติเช่น ค่าเฉลี่ย ส่วนเบี่ยงเบนมาตรฐาน ความเบ้ ความโด่ง และเอนโทรปี (entropy) เป็นคุณลักษณะและใช้การโปรแกรมพันธุกรรม (Genetic programming) ในการจำแนกสายพันธุ์ ตารางที่ 2.1 แสดงผลลัพธ์การตรวจจำแนกสายพันธุ์ด้วยวิธีจากงานวิจัยต่างๆ

ตารางที่ 2.1 ความถูกต้องในการตรวจจำแนกสายพันธุ์และการจำแนกสายพันธุ์มาลาเรียจากวิธีที่ต่างกัน

ผู้วิจัย	ชนิดแผ่นฟิล์ม	จุดประสงค์งานวิจัย	เปอร์เซ็นต์ความถูกต้อง
S. Kareem [1]	ชนิดบาง	ตรวจจำแนกสายพันธุ์	N/A
D. Anggraini [2]	ชนิดบาง	ตรวจจำแนกสายพันธุ์	N/A
A. Shruti [3]	ชนิดบาง	ตรวจจำแนกสายพันธุ์	98.25% สำหรับ SVM 78.53% สำหรับ Neural Network
S.S. Savakare [4]	ชนิดบาง	จำแนกระยะเชื้อ	96.42% สำหรับ <i>P. falciparum</i>
M.I. Razzak [5]	ชนิดบาง	จำแนกสายพันธุ์	94.6% สำหรับ <i>P. falciparum</i> และ 92.3 % สำหรับ <i>P. vivax</i>
K. Chakraborty [6]	ชนิดหนา	ตรวจจำแนกสายพันธุ์	94.5% สำหรับ <i>P. vivax</i>
S. Kaewkamnerd [7]	ชนิดหนา	จำแนกสายพันธุ์	90% สำหรับ <i>P. falciparum</i> และ 75 % สำหรับ <i>P. vivax</i>
I. Ketut [8]	ชนิดหนา	จำแนกสายพันธุ์	87.5% สำหรับ <i>P. falciparum</i> และ 78.33 % สำหรับ <i>P. vivax</i>

## บทที่ 3

# ทฤษฎีที่ใช้ในวิทยานิพนธ์

### 3.1 พื้นฐานรูปภาพ

#### 3.1.1 ภาพขาวดำ

รูปภาพสามารถแสดงในรูปแบบของฟังก์ชัน 2 มิติ  $f(x,y)$  โดยที่  $x$  และ  $y$  คือพิกัด และ  $f$  คือแอมพลิจูดของ คู่พิกัด  $(x,y)$  ซึ่งก็คือความเข้มสีของภาพที่จุดนั้น ภาพขาวดำหรือภาพไบนารี (binary image) เป็นภาพดิจิทัลที่สามารถมีค่าความเข้มสีที่เป็นไปได้เพียงแค่สองค่าในแต่ละพิกเซล คือบิต 0 สำหรับสีดำและบิต 1 สำหรับสีขาว โดยภาพไบนารีมักถูกใช้ในการประมวลผลภาพดิจิทัลซึ่งมักถูกใช้เป็นมาสก์หรือผลลัพธ์ของกระบวนการต่างๆ เช่นการแบ่งส่วนภาพ (Segmentation) รูปที่ 3.1 แสดงตัวอย่างของรูปไบนารีซึ่งสีขาวมักถูกใช้แทนวัตถุด้านหน้าและสีดำแทนพื้นหลัง

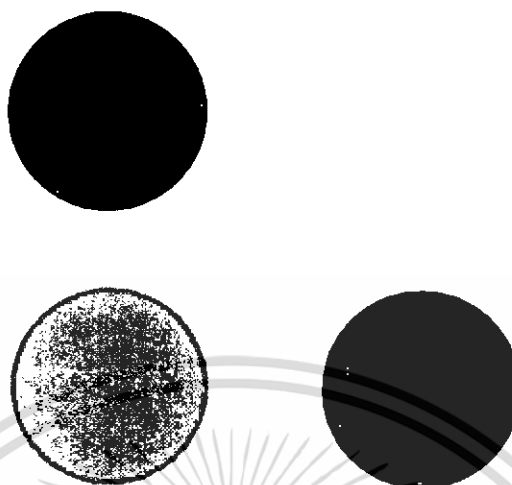


รูปที่ 3.1 ภาพไบนารี

#### 3.1.2 ภาพสีเทา

ภาพสีเทา (Grayscale image) เป็นภาพซึ่งประกอบด้วยเฉดสีเทาหลายระดับตั้งแต่สีดำที่ค่าระดับความเข้มต่ำที่สุดจนถึงสีขาวที่ค่าระดับความเข้มสูงสุด ภาพสีเทานั้นต่างจากภาพไบนารีเนื่องจากภาพไบนารีสามารถมีเพียงได้แค่สองสีคือขาวกับดำแต่ภาพสีเทานั้นสามารถมีความเข้มเฉดสีได้หลายระดับ โดยภาพสีเทาที่อยู่ในคลาสข้อมูล double จะมีค่าความเข้มสีอยู่ในช่วง 0-1 และคลาส uint8 และ uint16 จะมีค่าความเข้มสีอยู่ในช่วง 0-255 และ 0-65355 ตามลำดับ เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า ไม่ว่าจะกรณีใดๆ ทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ดัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

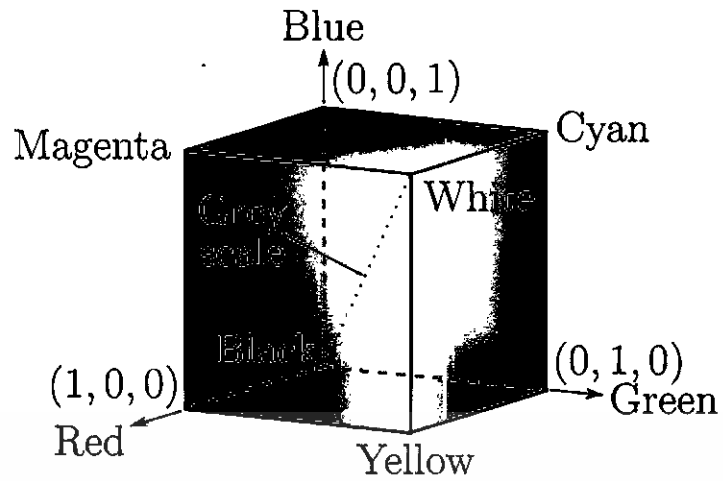
รูปที่ 3.2 เป็นตัวอย่างของภาพสีเทาซึ่งภายในภาพประกอบด้วยสีเทาหลายระดับ



รูปที่ 3.2 ภาพสีเทา

### 3.1.3 ระบบสี RGB

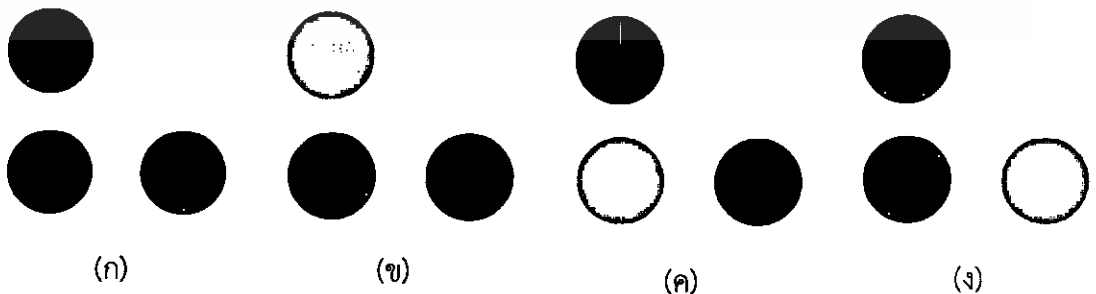
ภาพสีนั้นเกิดจากการรวมกันของภาพสีเทา 2 มิติหลายองค์ประกอบรวมกันเช่น ภาพในระบบสี RGB เกิดจากการรวมกันขององค์ประกอบสีแดง เขียว และน้ำเงิน (Red Green Blue) จำนวนของบิตที่ถูกใช้ในการแสดงค่าพิกเซลนั้นจะกำหนดค่า bit depth ของภาพ RGB เช่น แต่ละองค์ประกอบสีของภาพเป็น 8 บิต ดังนั้นภาพนั้นจะเป็นแบบ 24 bits depth (ซึ่งโดยทั่วไปแล้วจำนวนบิตในแต่ละองค์ประกอบสีจะเท่ากัน) ในกรณีนี้ภาพนี้จะสามารถมีสีได้  $(2^8)^3$  หรือเท่ากับ 16,777,216 สี รูปที่ 3.3 แสดงโมเดลสี RGB ซึ่งประกอบด้วยองค์ประกอบสี Red Green Blue รูปที่ 3.4 แสดงตัวอย่างของภาพในระบบสี RGB ซึ่งหนึ่งพิกเซลของภาพเกิดจากการรวมกันของความเข้มสีจาก 3 องค์ประกอบ รูปที่ 3.5 แสดงภาพในระบบสี RGB ซึ่งถูกแยกเป็น 3 องค์ประกอบ



รูปที่ 3.3 โมเดลสี RGB [9]



รูปที่ 3.4 ตัวอย่างภาพในระบบสี RGB



รูปที่ 3.5 (ก) ภาพจากระบบสี RGB ดันฉบับ (ข) ภาพในองค์ประกอบสีแดง (ค) ภาพในองค์ประกอบสีเขียว (ง) ภาพในองค์ประกอบสีน้ำเงิน

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า ไม่ว่าจะกรณีใดๆ ทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ดัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

### 3.1.4 ระบบสี HSV

ระบบสี HSV เป็นระบบสีที่ใกล้เคียงกับการที่มนุษย์บรรยายอารมณ์ของสี ประกอบด้วย องค์ประกอบ 3 อย่างคือ Hue Saturation และ Value โดยในระบบสีของศิลปิน Hue Saturation Value จะใกล้เคียงกับ Tint Shade และ Tone ตามลำดับ ซึ่งการแปลงจากระบบสี RGB เป็นระบบสี HSV สามารถทำได้ดังสมการที่ (3.1) – (3.8) รูปที่ 3.6 แสดงโมเดลสีระบบ HSV ซึ่งองค์ประกอบ Hue ก็คือมุมรอบวงกลมจะเก็บรายละเอียดของสี เช่น ที่มุม 0 องศาจะเป็นสีแดง องค์ประกอบ saturation จะเก็บความอิ่มตัวของสี และ Value จะเก็บความเข้มของสีเช่น ที่  $V=0$  จะแทนความเข้มที่มืด และที่  $V=1$  จะแทนความเข้มที่สว่าง โดยรูปที่ 3.7 แสดงภาพในระบบสี HSV หลังจากถูกแปลงจากระบบสี RGB

$$C_{\max} = \max(R, G, B) \quad (3.1)$$

$$C_{\min} = \min(R, G, B) \quad (3.2)$$

$$H = \left[ \frac{G - B}{C_{\max} - C_{\min}} \right] / 6 ; C_{\max} = R \quad (3.3)$$

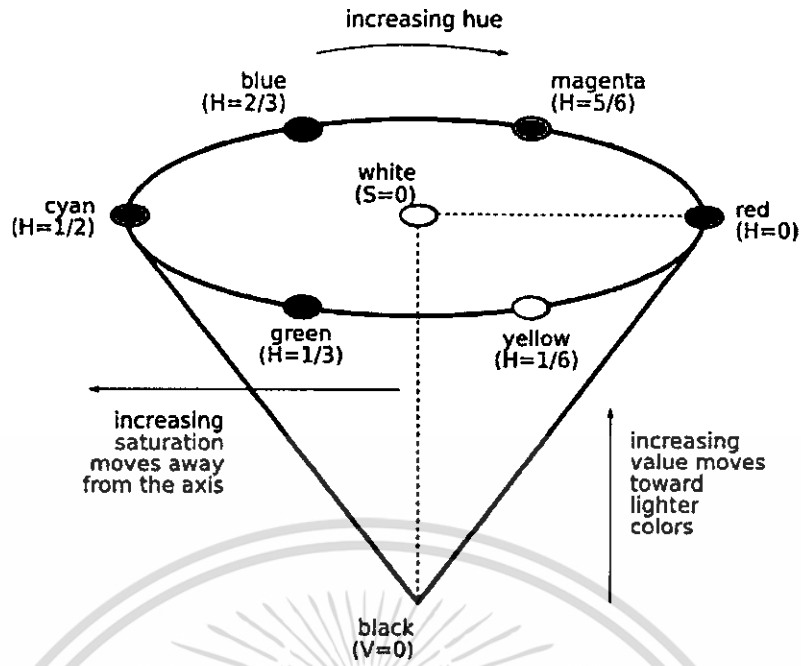
$$H = \left[ \frac{B - R}{C_{\max} - C_{\min}} + 2 \right] / 6 ; C_{\max} = G \quad (3.4)$$

$$H = \left[ \frac{R - G}{C_{\max} - C_{\min}} + 4 \right] / 6 ; C_{\max} = B \quad (3.5)$$

$$S = 0 ; C_{\max} = 0 \quad (3.6)$$

$$S = \left[ \frac{C_{\max} - C_{\min}}{C_{\max}} \right] ; C_{\max} \neq 0 \quad (3.7)$$

$$V = C_{\max} \quad (3.8)$$



รูปที่ 3.6 โมเดลสี HSV [10]



รูปที่ 3.7 (ก) ภาพจากระบบสี RGB ดั้งเดิม (ข) ภาพในองค์ประกอบ Hue (ค) ภาพในองค์ประกอบ Saturation (ง) ภาพในองค์ประกอบ Value

### 3.1.5 ระบบสี HSI

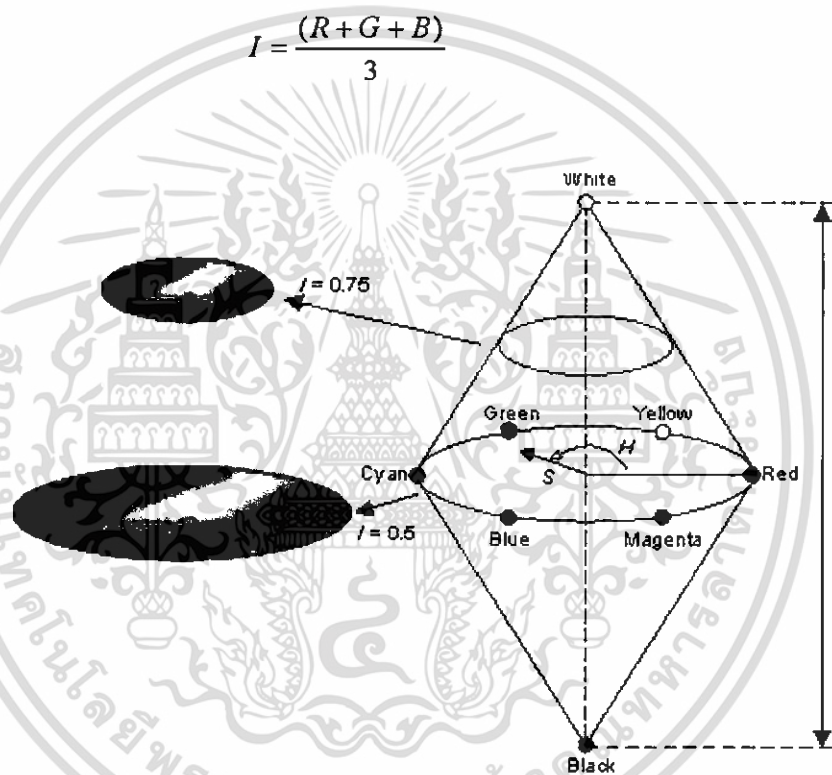
ระบบสี HSI เป็นระบบสีซึ่งใกล้เคียงกับระบบการมองของมนุษย์และเหมาะสมในการประมวลผลมากกว่าระบบสี RGB โดยระบบสี HSI ประกอบด้วย 3 องค์ประกอบคือ Hue ซึ่งเก็บรายละเอียดองค์ประกอบสีบริสุทธิ์ของภาพ Saturation เป็นองค์ประกอบที่แสดงว่าสีบริสุทธิ์นั้นถูกเจือด้วยแสงขาวมากน้อยแค่ไหน และ Intensity คือความเข้มของภาพหรือระดับสีเทา ดังแสดงในรูปที่ 3.8 ซึ่งการแปลงจากระบบสี RGB เป็นระบบสี HSI สามารถทำได้ดังสมการที่ (3.9) – (3.12) รูปที่ 3.9 แสดงภาพในระบบสี HSI หลังจากถูกแปลงจากระบบสี RGB

$$H = \cos^{-1} \left[ \frac{\frac{1}{2}[(R-G)+(R-B)]}{[(R-G)^2 + (R-B) + (G-B)]^{1/2}} \right] ; B \leq G \quad (3.9)$$

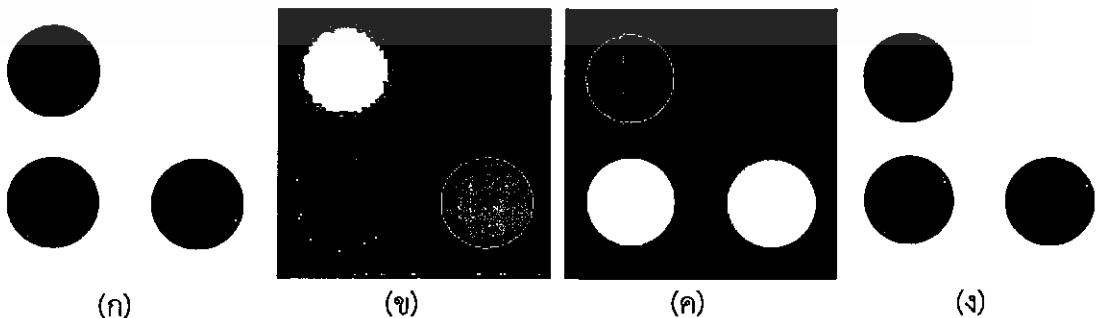
$$H = 360 - \cos^{-1} \left[ \frac{\frac{1}{2}[(R-G)+(R-B)]}{[(R-G)^2 + (R-B) + (G-B)]^{1/2}} \right] ; B > G \quad (3.10)$$

$$S = 1 - \frac{3}{(R+G+B)} [\min(R+G+B)] \quad (3.11)$$

$$I = \frac{(R+G+B)}{3} \quad (3.12)$$



รูปที่ 3.8 โมเดลสี HSI [11]



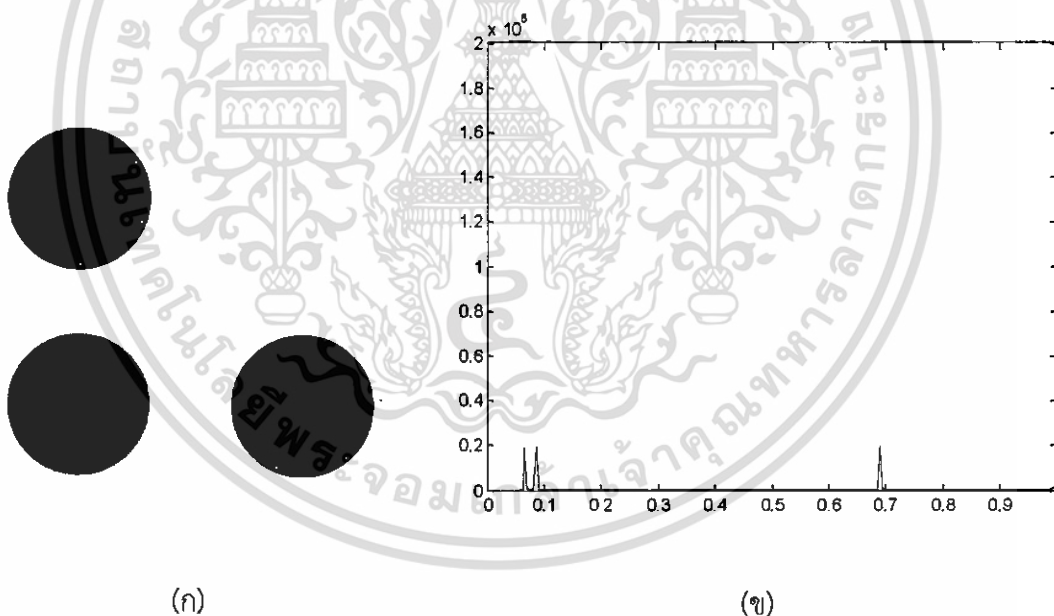
รูปที่ 3.9 (ก) ภาพจากระบบสี RGB ต้นฉบับ (ข) ภาพในองค์ประกอบ Hue  
(ค) ภาพในองค์ประกอบ Saturation (ง) ภาพในองค์ประกอบ Intensity

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า  
ไม่ว่ากรณีใดๆ ทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ตัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

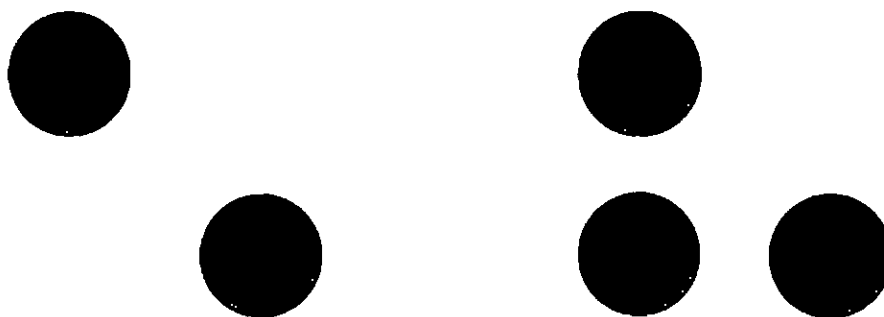
## 3.2 หลักการประมวลผลภาพเบื้องต้น

### 3.2.1 การเทรชโพลด์ด้วยค่าคงที่ (Thresholding)

การเทรชโพลด์เป็นหนึ่งในวิธีการแยกวัตถุออกจากพื้นหลังของภาพ ตัวอย่างเช่น รูปที่ 3.10(ก) โดยในภาพนี้มีวงกลม 3 วงปรากฏอยู่ซึ่งบริเวณเหล่านี้จะมีความเข้มมากกว่าพื้นหลังของภาพอย่างชัดเจนเป็นภาพในองค์ประกอบสีเขียวของภาพต้นฉบับในรูปที่ 3.9(ก) ภาพในองค์ประกอบสีเขียวในระบบ RGB มีฮิสโทแกรม ดังรูปที่ 3.10(ข) ในกรณีนี้ฮิสโทแกรมของภาพจะแบ่งเป็น 2 ส่วน เมื่อต้องการแยกวงกลมออกจากพื้นหลังของภาพสามารถใช้วิธีการเทรชโพลด์ฮิสโทแกรมของภาพ โดยการกำหนดค่าเทรชโพลด์ที่เหมาะสม โดยการเทรชโพลด์จะเปลี่ยนพิกเซลของภาพที่มีค่ามากกว่าหรือเท่ากับค่าเทรชโพลด์เป็นสีขาวหรือบิต 1 และพิกเซลที่มีค่าต่ำกว่าค่าเทรชโพลด์จะถูกเปลี่ยนเป็นสีดำหรือบิต 0 รูปที่ 3.11 แสดงตัวอย่างของภาพไบนารีซึ่งได้จากการเทรชโพลด์ด้วยค่า 0.4 และ 0.8 ตามลำดับ โดยการใช้ค่าเทรชโพลด์เป็นค่าคงที่ค่าเดียวกันทั้งภาพนั้นเรียกว่า Global thresholding



รูปที่ 3.10 (ก) ภาพในองค์ประกอบสีเขียว (ข) ฮิสโทแกรมในองค์ประกอบสีเขียว



(ก)

(ข)

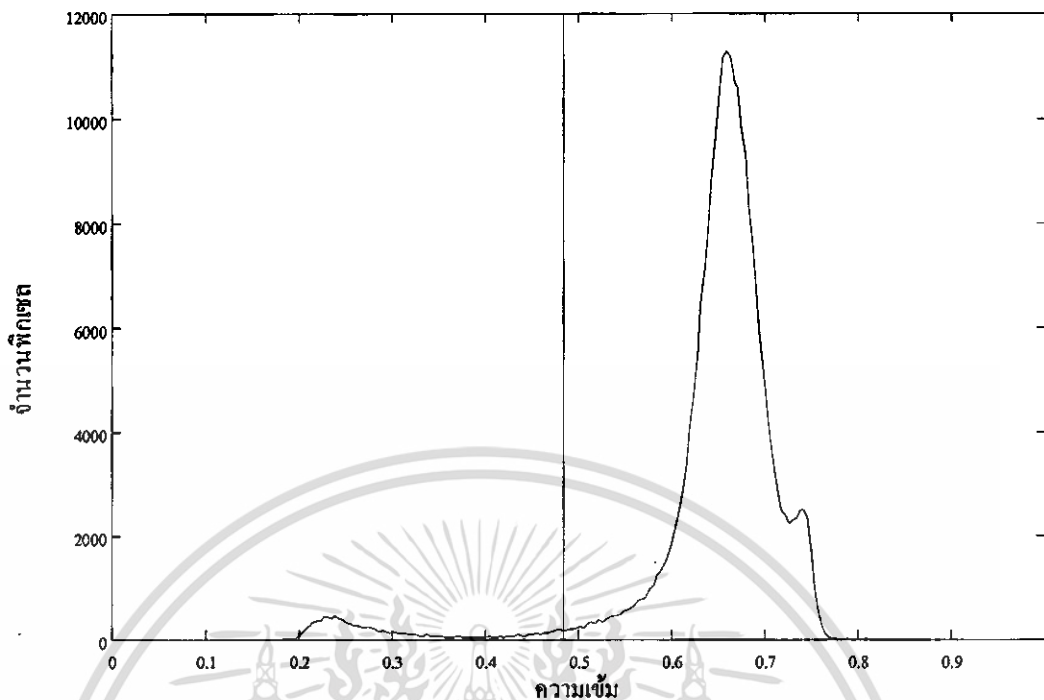
รูปที่ 3.11 (ก) ภาพไบนารีจากค่าเทรชโฮลด์ที่ 0.4 (ข) ภาพไบนารีจากค่าเทรชโฮลด์ที่ 0.8

### 3.2.1.1 การคำนวณค่าเทรชโฮลด์แบบ Global thresholding โดยใช้วิธีของ Gonzalez and Woods [12]

1. กำหนดค่าเทรชโฮลด์เริ่มต้น  $T$  ให้เท่ากับค่ากึ่งกลางระหว่างความเข้มสีสูงสุดกับความเข้มสีต่ำสุด
2. ตัดแบ่งภาพโดยใช้ค่า  $T$  โดยผลลัพธ์นั้นจะแบ่งพื้นที่ออกเป็น 2 กลุ่ม คือ กลุ่มที่มีค่าความเข้มสีมากกว่าหรือเท่ากับค่าเทรชโฮลด์:  $G_1$  และอีกกลุ่มซึ่งมีค่าความเข้มสีต่ำกว่าค่าเทรชโฮลด์:  $G_2$
3. คำนวณค่าความเข้มสีเฉลี่ยของทั้งสองกลุ่ม โดยกลุ่ม  $G_1$  จะได้ความเข้มสี  $\mu_1$  กลุ่ม  $G_2$  จะได้ความเข้มสี  $\mu_2$
4. คำนวณค่าเทรชโฮลด์ค่าใหม่  $T_{new} = (\mu_1 + \mu_2)/2$

วนซ้ำขั้นตอน 2-4 จนกว่าความแตกต่างระหว่าง  $T$  กับ  $T_{new}$  จะต่ำกว่าค่าพารามิเตอร์ที่เรากำหนดไว้

โดยค่าเทรชโฮลด์แบบ Global thresholding ที่ได้จากวิธีของ Gonzalez and Woods นั้นเหมาะสมกับภาพที่มีฮิสโทแกรมแบบสองกลุ่ม (bi-mode) เช่นในรูปที่ 3.12 ซึ่งค่าเทรชโฮลด์ (เส้นสีแดง) จะแบ่งทั้งสองกลุ่มออกจากกันอย่างชัดเจน โดยรูปที่ 3.13 แสดงรูปในองค์ประกอบ Intensity จากระบบโมเดลสี HSI ก่อนและหลังการเทรชโฮลด์ กำหนดให้พิกเซลพื้นหลังของภาพที่มีค่าความเข้มสีมากกว่าค่าเทรชโฮลด์มีค่าเป็น 0 หรือสีดำ



รูปที่ 3.12 ฮิสโทแกรมขององค์ประกอบ Intensity และค่าเทรโซลต์จากวิธีของ Gonzalez and Woods (เส้นสีแดง)



รูปที่ 3.13 (ก) ภาพก่อนการเทรโซลต์ (ข) ภาพหลังการเทรโซลต์ด้วยวิธีของ Gonzalez and Woods

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า ไม่ว่าจะกรณีใดๆ ทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ตัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

### 3.2.1.2 การคำนวณค่าเทรชโวลต์แบบ Global thresholding โดยใช้วิธีของ Otsu

วิธีของ Otsu [13] เป็นวิธีหาค่าเทรชโวลต์ซึ่งมีสมมุติฐานว่าภาพนั้นประกอบด้วย 2 คลาสคือส่วนของวัตถุพื้นหน้า (foreground) และอีกส่วนคือพื้นหลัง (background) โดยค่าเทรชโวลต์ที่ได้จากวิธีนี้จะเป็นค่าเทรชโวลต์ที่ทำให้ค่าความแตกต่างระหว่างสองคลาสมีค่ามากที่สุด การคำนวณในวิธีนี้เริ่มต้นโดย

1. คำนวณฟังก์ชันความหนาแน่นของความน่าจะเป็นแบบดิสครีตของฮิสโทแกรมจากสมการที่ (3.13)

$$P_r(r_q) = \frac{n_q}{n} \quad q = 0, 1, \dots, L-1 \quad (3.13)$$

โดยที่  $n$  คือจำนวนพิกเซลของทั้งรูป  $n_q$  คือจำนวนพิกเซลที่มีความเข้มสีเท่ากับ  $r_q$  และ  $L$  คือจำนวนความเข้มสีทั้งหมดที่เป็นไปได้ของรูป

จากนั้นจะเลือกค่าเทรชโวลต์  $k$  ที่ให้ค่าความต่างระหว่างสองคลาส  $Q_B^2$  สูงที่สุด โดย  $Q_B^2$  คำนวณได้จากสมการที่ (3.14)

$$Q_B^2 = \omega_0(\mu_0 - \mu_T)^2 + \omega_1(\mu_1 - \mu_T)^2 \quad (3.14)$$

โดยที่  $\omega_0, \omega_1, \mu_0, \mu_1, \mu_T$  สามารถคำนวณได้จากสมการที่ (3.15)-(3.19)

$$\omega_0 = \sum_{q=0}^{k-1} P_q(r_q) \quad (3.15)$$

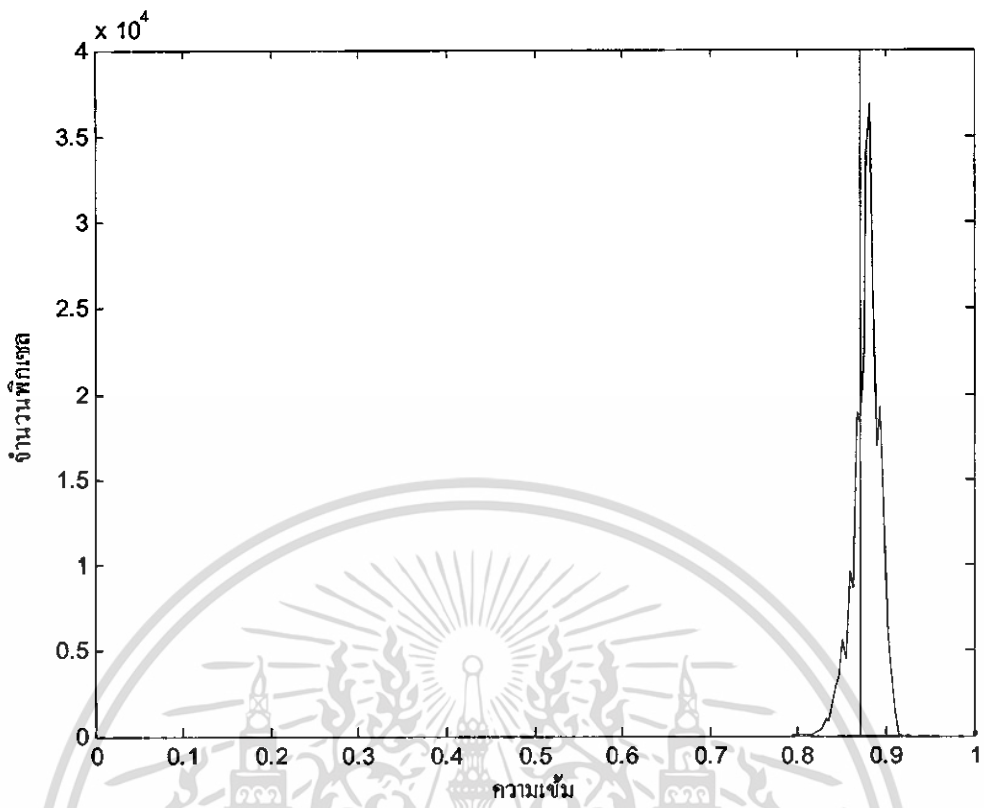
$$\omega_1 = \sum_{q=k}^{L-1} P_q(r_q) \quad (3.16)$$

$$\mu_0 = \sum_{q=0}^{k-1} qP_q(r_q) / \omega_0 \quad (3.17)$$

$$\mu_1 = \sum_{q=k}^{L-1} qP_q(r_q) / \omega_1 \quad (3.18)$$

$$\mu_T = \sum_{q=0}^{L-1} qP_q(r_q) \quad (3.19)$$

โดยค่า Global threshold ที่ได้จากวิธีของ Otsu นั้นเหมาะสมกับภาพที่ฮิสโทแกรมไม่ได้แบ่งเป็นสองกลุ่มอย่างชัดเจน เช่นในรูปที่ 3.14 ซึ่งค่าเทรชโวลต์ (เส้นสีแดง) จะแบ่งสองคลาสของภาพออกจากกัน โดยรูปที่ 3.15 แสดงภาพในองค์ประกอบ Hue จากระบบโมเดลสี HSI ก่อนและหลังเทรชโวลต์ โดยขั้นตอนนี้กำหนดให้พิกเซลพื้นหลังของภาพที่มีค่าความเข้มสีมากกว่าค่าเทรชโวลต์มีค่าเป็น 0 หรือสีดำเพื่อให้สามารถแยกพื้นหลังของภาพได้สะดวก



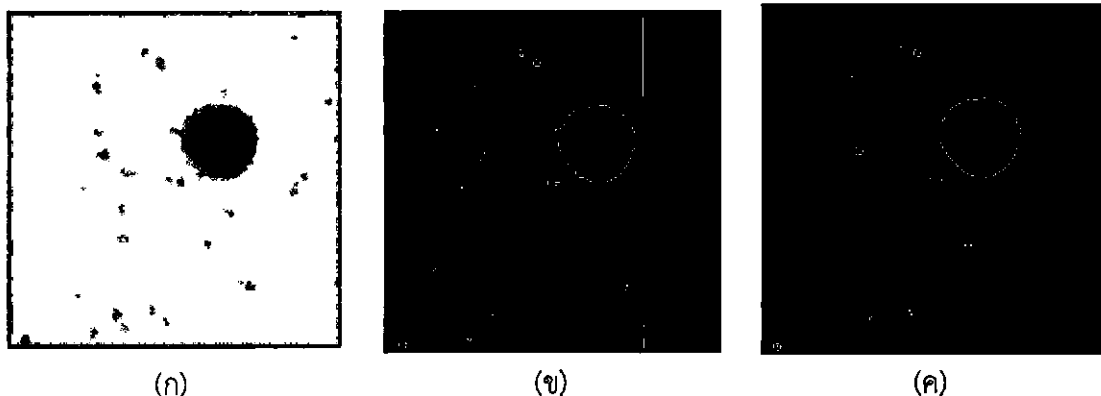
รูปที่ 3.14 ฮิสโทแกรมขององค์ประกอบ Hue และค่าเทรสโชลด์จากวิธีของ Otsu



รูปที่ 3.15 (ก) ภาพองค์ประกอบ Hue ก่อนการเทรสโชลด์ด้วยวิธีการของ Otsu  
(ข) ภาพองค์ประกอบ Hue หลังการเทรสโชลด์ด้วยวิธีการของ Otsu

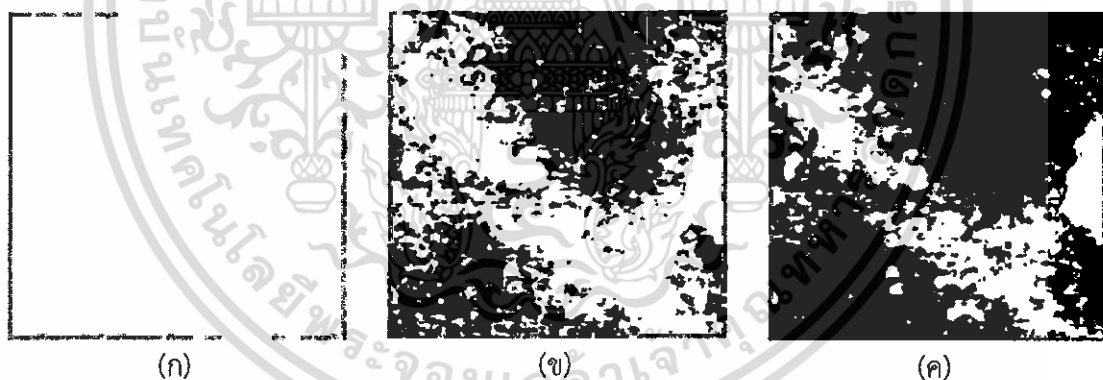
รูปที่ 3.16(ก) แสดงภาพในองค์ประกอบสี Intensity ซึ่งมีฮิสโทแกรมแบบสองกลุ่ม (bi-mode) โดยรูปที่ 3.16 (ข-ค) คือภาพที่ผ่านกระบวนการเทรสโชลด์แบบ Global thresholding ด้วยวิธีของ Gonzalez and woods และวิธีของ Otsu ตามลำดับ ซึ่งผลลัพธ์ที่ได้ออกมาใกล้เคียงกันคือวัตถุถูกแยกออกจากพื้นหลังโดยที่ไม่มีสิ่งเจือปน

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า ไม่ว่าจะกรณีใดๆ ทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ตัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้



รูปที่ 3.16 ภาพที่มีฮิสโทแกรมแบบสองกลุ่ม (bi-mode) (ก) ก่อนการเทรชโซลต์ (ข) หลังการเทรชโซลต์ด้วยวิธีการของ Gonzalez and woods (ค) หลังการเทรชโซลต์ด้วยวิธีการของ Otsu

รูปที่ 3.17(ก) แสดงภาพในองค์ประกอบสี Intensity ซึ่งมีฮิสโทแกรมแบบไม่เป็นสองกลุ่ม โดยรูปที่ 3.16 (ข-ค) คือภาพที่ผ่านกระบวนการเทรชโซลต์ด้วยวิธีของ Gonzalez and woods และวิธีของ Otsu ตามลำดับ ซึ่งผลลัพธ์ที่ได้ออกมาแตกต่างกัน โดยภาพที่ได้จากวิธีของ Gonzalez and woods มีสิ่งเจือปนมากกว่าภาพที่ได้จากวิธีของ Otsu ดังนั้นภาพที่ไม่ได้มีฮิสโทแกรมแบบสองกลุ่ม จึงควรใช้การเทรชโซลต์ด้วยวิธีของ Otsu



รูปที่ 3.17 ภาพที่มีฮิสโทแกรมแบบไม่เป็นสองกลุ่ม (ก) ก่อนการเทรชโซลต์ (ข) หลังการเทรชโซลต์ด้วยวิธีการของ Gonzalez and woods (ค) หลังการเทรชโซลต์ด้วยวิธีการของ Otsu

### 3.2.2 การขยายวัตถุ (Dilation)

ก่อนที่จะอธิบายกระบวนการขยายวัตถุผู้วิจัยจะอธิบายความหมายของคำว่ามอร์โฟโลยี (Morphology) [14] เพื่อให้ผู้อ่านมีความเข้าใจเกี่ยวกับการประมวลผลภาพที่เกี่ยวข้องกับรูปร่างของวัตถุในภาพ มอร์โฟโลยีนั้นถูกอธิบายโดยใช้ทฤษฎีของเซต ซึ่งเซตในทางมอร์โฟโลยีคือรูปร่างของวัตถุในภาพ สำหรับภาพไบนารีนั้นเซตจะเป็นสมาชิกของสเปซ 2 มิติ ( $Z^2$ ) โดยที่แต่ละสมาชิกของเซตคือเวกเตอร์ 2 มิติซึ่งเป็นพิกัด  $(x,y)$  ของพิกเซลสีขาวซึ่งเป็นบิต 1 ในภาพ โดยกระบวนการต่างๆ ของมอร์โฟโลยีที่ถูกใช้ในวิทยานิพนธ์นี้มีคำจำกัดความดังนี้

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า ไม่ว่าจะกรณีใดๆ ทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ดัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

กำหนดให้ A และ B เป็นเซตในสเปซ 2 มิติ ( $Z^2$ ) ซึ่งมีองค์ประกอบ  $(a_1, a_2)$  และ  $(b_1, b_2)$  ตามลำดับ การเคลื่อนย้าย (Translation) ของ A ด้วยระยะ  $x=(x_1, x_2)$  สามารถเขียนในทางคณิตศาสตร์ได้ดังสมการ (3.20)

$$(A)_x = \{c / c = a + x, \quad a \in A\} \quad (3.20)$$

การสะท้อน (Reflection) ของ A เขียนในทางคณิตศาสตร์ได้ดังสมการที่ (3.21)

$$A = \{x / x = -a, \quad a \in A\} \quad (3.21)$$

คอมพลิเมนต์ (Complement) ของ B เขียนในทางคณิตศาสตร์ได้ดังสมการที่ (3.22)

$$B^c = \{x / x \notin B\} \quad (3.22)$$

กระบวนการขยายวัตถุเป็นกระบวนการสำหรับทำให้วัตถุมีขนาดใหญ่ขึ้น โดยลักษณะและขอบเขตของบริเวณที่ถูกขยายจะถูกกำหนดโดยหน่วยโครงสร้าง (Structuring element) ซึ่งสามารถกำหนดได้หลายขนาดและหลายรูปร่างเช่น ขนมเปียกปูน (Diamond) จาน (Disk) เส้นตรง (Line) แปดเหลี่ยม (Octagon) สี่เหลี่ยมผืนผ้า (Rectangular) และสี่เหลี่ยมจัตุรัส (Square) โดยรูปที่ 3.18(ก) แสดงตัวอย่างของภาพไบนารีที่มีวัตถุรูปทรงสี่เหลี่ยมผืนผ้า (บริเวณสีส้ม) และรูปที่ 3.18(ข) แสดงตัวอย่างของหน่วยโครงสร้างซึ่งมีลักษณะเป็นเส้นตรงเอียงยาว 5 พิกเซล รูปที่ 3.18(ค) แสดงขั้นตอนการทำงานของกระบวนการขยายซึ่งจะเริ่มต้นที่สมาชิกแรกของภาพไบนารีไปจนถึงสมาชิกสุดท้าย รูปที่ 3.18(ง) แสดงผลลัพธ์ของกระบวนการขยายซึ่งภาพไบนารีมีขนาดใหญ่ขึ้นซึ่งบริเวณที่เป็นสีส้มคือภาพไบนารีเดิมและบริเวณสีเขียวคือส่วนที่เพิ่มขึ้นมาจากกระบวนการขยาย ซึ่งจะเห็นว่ารูปร่างและขนาดของหน่วยโครงสร้างมีผลต่อผลลัพธ์ของกระบวนการขยาย

โดยสามารถอธิบายกระบวนการขยายในทางคณิตศาสตร์ได้จากสมการที่ (3.23) โดยที่ A คือภาพไบนารี และ B คือหน่วยโครงสร้าง

$$A \oplus B = \{z(B) \cap A \neq \emptyset\} \quad (3.23)$$

สามารถอธิบายได้ว่า ผลลัพธ์การขยาย A ด้วย B คือเซตของระยะที่ x เคลื่อนที่ทั้งหมดโดยที่ A และ B มีการซ้อนทับกันอย่างน้อยหนึ่งสมาชิกที่ไม่เป็นศูนย์

สามารถอธิบายได้อีกนัยหนึ่งว่า การขยายคือการเคลื่อนย้ายจุดกำเนิดของหน่วยโครงสร้างผ่านบริเวณของภาพไบนารีและตรวจสอบว่าบริเวณไหนของภาพไบนารีที่จุดกำเนิดหน่วยโครงสร้างซ้อนทับกับพื้นหน้าของภาพ (พิกเซลที่มีค่าเป็นบิต 1) โดยในภาพผลลัพธ์นั้น ตำแหน่งที่มีค่าเป็นพิกเซลเป็นบิต 1 คือบริเวณที่จุดกำเนิดของหน่วยโครงสร้างซ้อนทับกับพื้นหน้าของภาพไบนารีอย่างน้อย 1 พิกเซล

0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
0	1	1	1	1	1	1	1	1	0
0	1	1	1	1	1	1	1	1	0
0	1	1	1	1	1	1	1	1	0
0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
0	0	0	0	0	0	0	0	0	0

(ก)

0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
0	0	0	0	0	0	1	0	0	0
0	0	0	0	0	1	0	0	0	0
0	0	0	1	0	0	0	0	0	0
0	0	1	0	0	0	0	0	0	0
0	1	0	0	0	0	0	0	0	0
0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
0	0	0	0	0	0	0	0	0	0

(ข)

0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0
0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
0	0	0	1	1	1	1	1	1	1	1	1	0	0	0
0	0	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	0	0	0
0	1	0	1	1	1	1	1	1	1	1	1	0	0	0
0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0

(ค)

0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
0	0	0	0	0	1	1	1	1	1	1	1	1	1	0
0	0	0	0	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	0
0	0	0	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	0
0	0	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	0	0
0	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	0	0	0
0	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	0	0	0
0	1	1	1	1	1	1	1	1	0	0	0	0	0	0
0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0

(ง)

รูปที่ 3.18 (ก) ตัวอย่างภาพไบนารี (ข) ตัวอย่างหน่วยโครงสร้าง (ค) กระบวนการขยายที่สมาชิกแรก (ง) ผลลัพธ์ของกระบวนการขยาย

### 3.2.3 การเซาะภาพ (Erosion)

การเซาะภาพคือกระบวนการทำให้วัตถุในรูปไบนารีบางลงหรือเล็กลง เช่นเดียวกับกระบวนการขยาย ลักษณะและขอบเขตของบริเวณที่ถูกย่อลงจะถูกกำหนดโดยหน่วยโครงสร้าง โดยรูปที่ 3.19(ก) แสดงตัวอย่างของรูปไบนารีที่มีวัตถุรูปทรงสี่เหลี่ยมผืนผ้า (บริเวณสีส้ม) และรูปที่ 3.19(ข) แสดงตัวอย่างของหน่วยโครงสร้างซึ่งมีลักษณะเป็นเส้นตรงยาว 3 พิกเซล รูปที่ 3.19(ค) แสดงขั้นตอนการทำงานของกระบวนการเซาะภาพซึ่งจะเริ่มต้นที่สมาชิกแรกของภาพไบนารีไปจนถึงสมาชิกสุดท้าย รูปที่ 3.19(ง) แสดงผลลัพธ์ของกระบวนการเซาะภาพ ซึ่งจะเห็นว่ารูปร่างและขนาดของหน่วยโครงสร้างมีผลต่อผลลัพธ์ของกระบวนการเซาะภาพเช่นเดียวกับกระบวนการขยายภาพ

กระบวนการเซาะภาพสามารถอธิบายในทางคณิตศาสตร์ได้จากสมการที่ (3.24) โดยที่ A คือภาพไบนารี และ B คือหน่วยโครงสร้าง

$$A \ominus B = \{z | (B)_z \cap A^c \neq \emptyset\} \quad (3.24)$$

สามารถอธิบายได้ว่า ผลลัพธ์การเซาะ A ด้วย B คือเซตของจุด X ทุกจุดที่ซึ่งการเคลื่อนย้าย B ด้วยระยะ X อยู่ภายใน A สามารถอธิบายอีกนัยหนึ่งว่า การเซาะภาพคือการเคลื่อนย้ายจุดกำเนิดของหน่วยโครงสร้างผ่านบริเวณของภาพไบนารีและตรวจสอบว่าบริเวณไหนของภาพไบนารีที่หน่วยโครงสร้างซ้อนทับพอดีกับพื้นหน้าของรูปภาพ โดยในภาพผลลัพธ์นั้น ตำแหน่งที่มีค่าพิกเซลเป็นบิต 1 คือตำแหน่งที่ทุกสมาชิกของหน่วยโครงสร้างซ้อนทับพอดีกับพื้นหน้าของภาพไม่มีบริเวณที่เหลื่อมล้ำออกมา

0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
0	1	1	1	1	1	1	1	1	0
0	1	1	1	1	1	1	1	1	0
0	1	1	1	1	1	1	1	1	0
0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
0	0	0	0	0	0	0	0	0	0

(ก)

0	0	0	0	0
0	0	0	0	0
0	0	0	0	0
0	0	1	0	0
0	0	1	0	0
0	0	1	0	0
0	0	0	0	0
0	0	0	0	0
0	0	0	0	0

(ข)

0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
0	1	0	0	0	0	0	0	0	0
0	1	1	1	1	1	1	1	1	0
0	1	1	1	1	1	1	1	1	0
0	1	1	1	1	1	1	1	1	0
0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
0	0	0	0	0	0	0	0	0	0

(ค)

0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
0	1	1	1	1	1	1	1	1	0
0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
0	0	0	0	0	0	0	0	0	0

(ง)

**รูปที่ 3.19** (ก) ตัวอย่างภาพไบนารี (ข) ตัวอย่างหน่วยโครงสร้าง (ค) กระบวนการเซาะภาพที่สมาชิกแรก (ง) ผลลัพธ์ของกระบวนการเซาะภาพ

### 3.2.4 การเปิดภาพ (Opening)

การเปิดภาพคือกระบวนการที่ใช้ในการกำจัดวัตถุขนาดเล็กออกจากภาพไบนารีโดยใช้วิธีการเซาะภาพและตามด้วยขยายภาพอีกครั้งโดยใช้หน่วยโครงสร้างเดียวกัน โดยรูปที่ 3.20 แสดงตัวอย่างของกระบวนการเปิดภาพโดยภาพด้านซ้ายคือภาพไบนารีซึ่งประกอบด้วยวัตถุทรงกลมและเส้นตรง ขนาดบางจำนวนมาก หากต้องการจะกำจัดเส้นตรงออกจากภาพสามารถเลือกใช้หน่วยโครงสร้างทรงกลมที่มีขนาดใหญ่กว่าความหนาของเส้นตรงแต่เล็กกว่าวัตถุทรงกลม ทำให้รูปผลลัพธ์นั้นเส้นตรงจำนวนมากถูกกำจัดออกไปเหลือแต่เพียงวัตถุทรงกลมเท่านั้น กระบวนการเปิดภาพสามารถเขียนในรูปสมการทางคณิตศาสตร์ได้ดังสมการที่ (3.25)

$$A \circ B = (A \ominus B) \oplus B \quad (3.25)$$



(ก)



(ข)

รูปที่ 3.20 (ก) ภาพไบนารีต้นฉบับ (ข) ภาพไบนารีหลังจากผ่านกระบวนการเปิดภาพ

### 3.2.5 การเติมเต็มบริเวณ (Hole filling)

กระบวนการเติมเต็มบริเวณ (Hole filling) ในภาพไบนารีนั้นจะต้องใช้กระบวนการฟื้นฟูมอร์โฟโลยี (Morphological reconstruction) ซึ่งเป็นกระบวนการแปลงมอร์โฟโลยี (Morphological transformation) โดยกระบวนการนี้จะต้องกำหนดพารามิเตอร์เหล่านี้ให้เหมาะสมซึ่งประกอบด้วย

- 1) มาร์คซึ่งควบคุมการแปลง (Transformation)
- 2) มาร์คเกอร์ซึ่งเป็นจุดเริ่มต้นการแปลง
- 3) หน่วยโครงสร้าง

โดยรูปไบนารีตัวอย่าง:  $f(x,y)$  ที่มีช่องว่างภายในนั้นถูกแสดงในรูปที่ 3.21(ก)

สำหรับกระบวนการเติมเต็มบริเวณนั้นจะต้องกำหนดมาร์คและมาร์คเกอร์ดังนี้

มาสก์:  $g$  เป็นภาพเนกะทีฟของภาพไบนารีซึ่งแสดงในรูปที่ 3.21(ข)

มาร์คเกอร์:  $f_m$  เป็นบิต 0 ทั้งหมดยกเว้นบริเวณขอบของภาพซึ่งมีค่าเป็น  $1-f(x,y)$  ดังแสดงในรูปที่ 3.22(ก)

หน่วยโครงสร้าง:  $B$  มีรูปร่างดังแสดงในรูปที่ 3.22(ข)

เมื่อกำหนดแล้วจึงเริ่มกระบวนการฟื้นฟูมอร์โฟโลยี ซึ่งต้องทำซ้ำดังขั้นตอนด้านล่าง

1. กำหนด  $h_1$  ให้เป็นมาร์คเกอร์  $f_m$
2. คำนวณ  $h_{k+1} = (h_k \oplus B) \cap g$

ทำซ้ำข้อ 2 ไปเรื่อยจนกระทั่ง  $h_{k+1} = h_k$  จึงหยุด (ดูรูปที่ 3.22 และ 3.23 ประกอบ)

จากรูปที่ 3.23(ก) และ (ข) จะเห็นว่า  $h_4 = h_3$  ซึ่งตรงกับข้อกำหนด  $h_{k+1} = h_k$  จึงนำ  $h_4$  มาผ่านกระบวนการคอมพลิเมนต์ ได้รูปผลลัพธ์ซึ่งถูกแสดงในรูปที่ 3.23(ค) ซึ่งจะเห็นว่าช่องว่างภายในรูปไบนารีได้ถูกเติมแล้ว

0	0	0	0	0	0	0	0
0	0	1	1	0	0	0	0
0	1	0	0	1	0	0	0
0	1	0	0	1	0	0	0
0	0	1	0	1	0	0	0
0	0	1	0	1	0	0	0
0	1	0	0	0	1	0	0
0	1	0	0	0	1	0	0
0	1	1	1	1	0	0	0
0	0	0	0	0	0	0	0

(ก)

1	1	1	1	1	1	1	1
1	1	0	0	1	1	1	1
1	0	1	1	0	1	1	1
1	0	1	1	0	1	1	1
1	1	0	1	0	1	1	1
1	1	0	1	0	1	1	1
1	0	1	1	1	0	1	1
1	0	1	1	1	0	1	1
1	0	0	0	0	1	1	1
1	1	1	1	1	1	1	1

(ข)

รูปที่ 3.21 (ก) รูปไบนารีต้นฉบับ (ข) มาสก์

1	1	1	1	1	1	1	1
1	0	0	0	0	0	0	1
1	0	0	0	0	0	0	1
1	0	0	0	0	0	0	1
1	0	0	0	0	0	0	1
1	0	0	0	0	0	0	1
1	0	0	0	0	0	0	1
1	0	0	0	0	0	0	1
1	0	0	0	0	0	0	1
1	1	1	1	1	1	1	1

(ก)

0	1	0
1	1	1
0	1	0

(ข)

1	1	1	1	1	1	1	1
1	0	0	0	0	0	0	1
1	0	0	0	0	0	0	1
1	0	0	0	0	0	0	1
1	0	0	0	0	0	0	1
1	0	0	0	0	0	0	1
1	0	0	0	0	0	0	1
1	0	0	0	0	0	0	1
1	0	0	0	0	0	0	1
1	0	0	0	0	0	0	1
1	1	1	1	1	1	1	1

(ค)

1	1	1	1	1	1	1	1
1	1	0	0	1	1	1	1
1	0	0	0	0	0	1	1
1	0	0	0	0	0	1	1
1	1	0	0	0	0	1	1
1	1	0	0	0	0	1	1
1	0	0	0	0	0	1	1
1	0	0	0	0	0	1	1
1	0	0	0	0	1	1	1
1	0	0	0	0	1	1	1
1	1	1	1	1	1	1	1

(ง)

รูปที่ 3.22 (ก) มาร์คเกอร์ (ข) หน่วยโครงสร้าง (ค)  $h_1$  (ง)  $h_2$

1	1	1	1	1	1	1	1
1	1	0	0	1	1	1	1
1	0	0	0	0	1	1	1
1	0	0	0	0	1	1	1
1	1	0	0	0	1	1	1
1	1	0	0	0	1	1	1
1	0	0	0	0	0	1	1
1	0	0	0	0	0	1	1
1	0	0	0	0	1	1	1
1	1	1	1	1	1	1	1

(ก)

1	1	1	1	1	1	1	1
1	1	0	0	1	1	1	1
1	0	0	0	0	1	1	1
1	0	0	0	0	1	1	1
1	1	0	0	0	1	1	1
1	1	0	0	0	1	1	1
1	0	0	0	0	0	1	1
1	0	0	0	0	0	1	1
1	0	0	0	0	1	1	1
1	1	1	1	1	1	1	1

(ข)

0	0	0	0	0	0	0	0
0	0	1	1	0	0	0	0
0	1	1	1	1	0	0	0
0	1	1	1	1	0	0	0
0	0	1	1	1	0	0	0
0	0	1	1	1	0	0	0
0	1	1	1	1	1	0	0
0	1	1	1	1	1	0	0
0	1	1	1	1	0	0	0
0	0	0	0	0	0	0	0

(ค)

รูปที่ 3.23 (ก)  $h_3$  (ข)  $h_4$  (ค) รูปไบนารีหลังจากถูกเติมเต็มบริเวณ

### 3.2.6 การกำจัดวัตถุบริเวณขอบภาพ (Clearing border objects)

กระบวนการกำจัดวัตถุบริเวณขอบภาพในภาพไบนารีนั้นจะต้องใช้กระบวนการฟื้นฟูมอร์โฟโลยีเช่นเดียวกับกระบวนการเติมเต็มบริเวณ

โดยรูปไบนารีตัวอย่าง:  $f(x,y)$  ที่มีวัตถุบริเวณขอบของภาพนั้นถูกแสดงในรูปที่ 3.24(ก)

สำหรับกระบวนการกำจัดวัตถุบริเวณขอบภาพนั้นจะต้องกำหนดมาส์คและมาร์คเกอร์ดังนี้

มาส์ค:  $g$  คือภาพไบนารีต้นฉบับซึ่งแสดงในรูปที่ 3.24(ข)

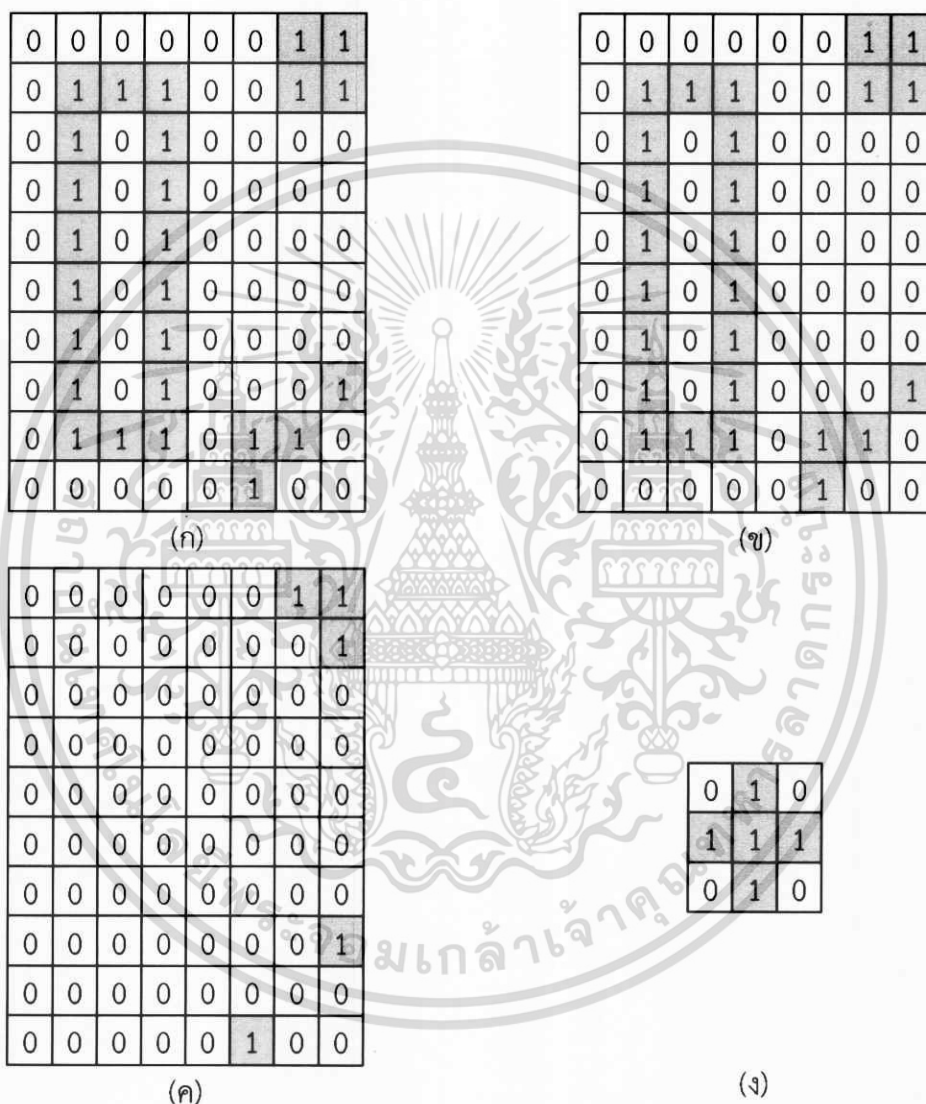
มาร์คเกอร์:  $f_m$  เป็นบิต 0 ทั้งหมดยกเว้นบริเวณขอบของภาพซึ่งมีค่าเป็น  $f(x,y)$  ถูกแสดงในรูปที่ 3.24(ค)

หน่วยโครงสร้าง: B นั้นมีรูปร่างดังแสดงในรูปที่ 3.24(ง)

เมื่อกำหนดแล้วจึงเริ่มกระบวนการฟื้นฟูมอร์โฟโลยี

จากรูปที่ 3.25(ค) และ (ง) จะเห็นว่า  $h_4 = h_3$  ซึ่งตรงกับข้อกำหนด  $h_{k+1} = h_k$

จึงนำ  $f(x,y)-h_4$  ได้รูปผลลัพธ์ซึ่งถูกแสดงในรูปที่ 3.26 ซึ่งจะเห็นว่าวัตถุที่ขอบของภาพได้ถูกกำจัดแล้ว



รูปที่ 3.24 (ก) รูปไบนารีต้นฉบับ (ข) มาส์ค (ค) มาร์คเกอร์ (ง) หน่วยโครงสร้าง

0	0	0	0	0	0	0	1	1
0	0	0	0	0	0	0	0	1
0	0	0	0	0	0	0	0	0
0	0	0	0	0	0	0	0	0
0	0	0	0	0	0	0	0	0
0	0	0	0	0	0	0	0	0
0	0	0	0	0	0	0	0	0
0	0	0	0	0	0	0	0	0
0	0	0	0	0	0	0	0	1
0	0	0	0	0	0	0	0	0
0	0	0	0	0	0	1	0	0

(ก)

0	0	0	0	0	0	0	1	1
0	0	0	0	0	0	0	1	1
0	0	0	0	0	0	0	0	0
0	0	0	0	0	0	0	0	0
0	0	0	0	0	0	0	0	0
0	0	0	0	0	0	0	0	0
0	0	0	0	0	0	0	0	0
0	0	0	0	0	0	0	0	0
0	0	0	0	0	0	0	0	1
0	0	0	0	0	0	1	0	0
0	0	0	0	0	0	1	0	0

(ข)

0	0	0	0	0	0	0	1	1
0	0	0	0	0	0	0	1	1
0	0	0	0	0	0	0	0	0
0	0	0	0	0	0	0	0	0
0	0	0	0	0	0	0	0	0
0	0	0	0	0	0	0	0	0
0	0	0	0	0	0	0	0	0
0	0	0	0	0	0	0	0	1
0	0	0	0	0	0	1	1	0
0	0	0	0	0	1	0	0	0

(ค)

0	0	0	0	0	0	0	1	1
0	0	0	0	0	0	0	1	1
0	0	0	0	0	0	0	0	0
0	0	0	0	0	0	0	0	0
0	0	0	0	0	0	0	0	0
0	0	0	0	0	0	0	0	0
0	0	0	0	0	0	0	0	0
0	0	0	0	0	0	0	0	0
0	0	0	0	0	0	0	0	1
0	0	0	0	0	0	1	1	0
0	0	0	0	0	1	0	0	0

(ง)

รูปที่ 3.25 (ก)  $h_1$  (ข)  $h_2$  (ค)  $h_3$  (ง)  $h_4$

0	0	0	0	0	0	0	0
0	1	1	1	0	0	0	0
0	1	0	1	0	0	0	0
0	1	0	1	0	0	0	0
0	1	0	1	0	0	0	0
0	1	0	1	0	0	0	0
0	1	0	1	0	0	0	0
0	1	0	1	0	0	0	0
0	1	1	1	0	0	0	0
0	0	0	0	0	0	0	0

รูปที่ 3.26 รูปไบนารีหลังกำจัดวัตถุบริเวณขอบภาพ

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า ไม่ว่ากรณีใดๆ ทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ดัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

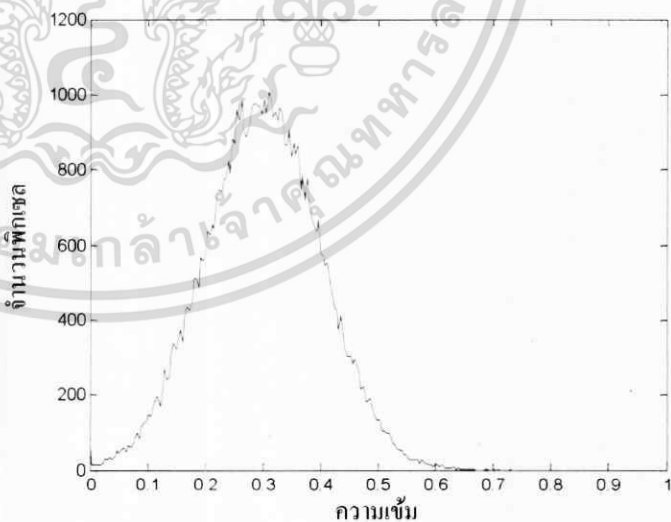
### 3.3 การคำนวณค่าทางสถิติของภาพ

ในงานวิทยานิพนธ์นี้ได้ใช้ค่าทางสถิติของภาพ 5 แบบได้แก่ ค่าเฉลี่ย ( $\mu$ ) ส่วนเบี่ยงเบนมาตรฐาน ( $\sigma$ ) ความเบ้ ( $K$ ) ความโด่ง ( $\gamma$ ) และเอนโทรปี ( $E$ ) ในการจำแนกสายพันธุ์มาลาเรียซึ่งคำนวณแยกกันจากองค์ประกอบ 4 องค์ประกอบสี โดยแต่ละองค์ประกอบสีสามารถคำนวณค่าสถิติเหล่านี้ได้ดังรายละเอียดในหัวข้อย่อยถัดไป

#### 3.3.1 ค่าเฉลี่ย (Mean)

ค่าเฉลี่ยนั้นเป็นค่าที่แสดงว่าความเข้มสีส่วนใหญ่ของภาพนั้นอยู่ที่ค่าความเข้มเท่าไร โดยแต่ละองค์ประกอบสีสามารถคำนวณค่าเฉลี่ยได้จากสมการที่ (3.26) โดยที่  $x_i$  คือค่าพิกเซลที่  $i$  ของรูป และ  $n$  คือจำนวนพิกเซลทั้งหมดของรูป โดยระบบภาพสีเทานั้นสีโทนสว่างจะมีค่าความเข้มสูง สีโทนมืดจะมีค่าความเข้มต่ำ ตัวอย่างรูปที่ 3.27(ก) เป็นภาพโทนมืดจะมีค่าเฉลี่ยความเข้มสีเท่ากับ 0.3 ซึ่งฮิสโทแกรมของภาพนี้ซึ่งถูกแสดงในรูปที่ 3.27(ข) แสดงให้เห็นว่าค่าความเข้มส่วนใหญ่อยู่ที่ช่วงความเข้มเท่ากับ 0.3 แตกต่างจากรูปที่ 3.28(ก) ซึ่งเป็นภาพโทนสว่างจะมีค่าเฉลี่ยความเข้มสีเท่ากับ 0.7 ซึ่งฮิสโทแกรมของภาพนี้ซึ่งถูกแสดงในรูปที่ 3.28(ข) แสดงให้เห็นว่าค่าความเข้มส่วนใหญ่อยู่ที่ช่วงความเข้มเท่ากับ 0.7

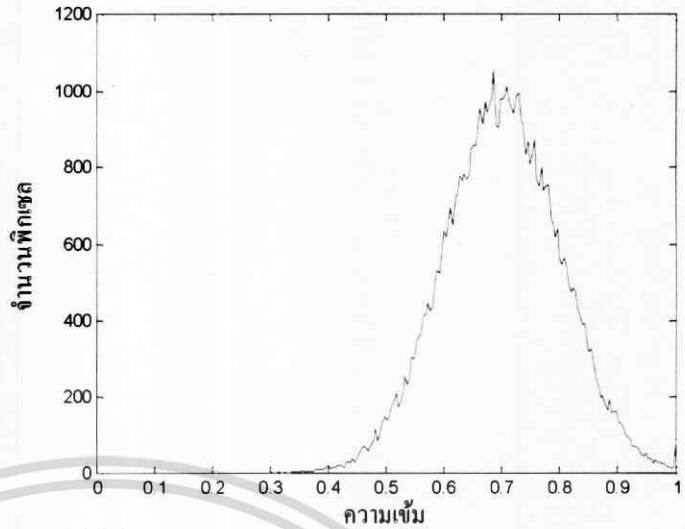
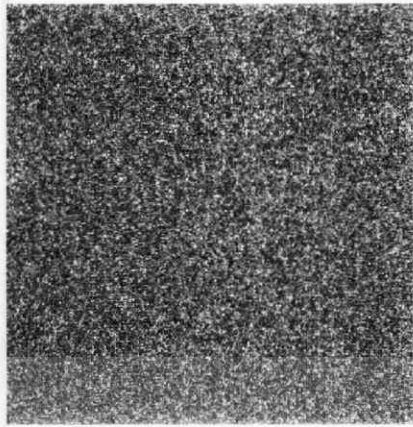
$$\mu(Z) = \frac{1}{n} \sum_{i=1}^n x_i \quad (3.26)$$



(ก)

(ข)

รูปที่ 3.27 (ก) ภาพโทนมืด (ข) ฮิสโทแกรมของภาพโทนมืด



(ก)

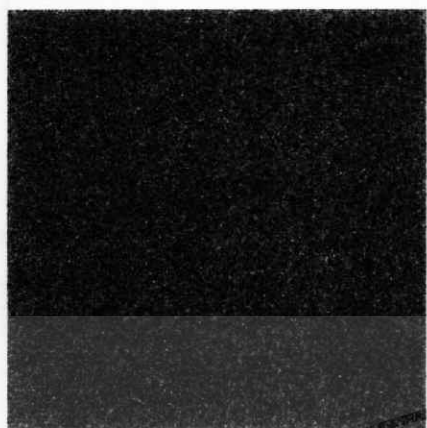
(ข)

รูปที่ 3.28 (ก) ภาพโทนสว่าง (ข) ฮิสโทแกรมของภาพโทนสว่าง

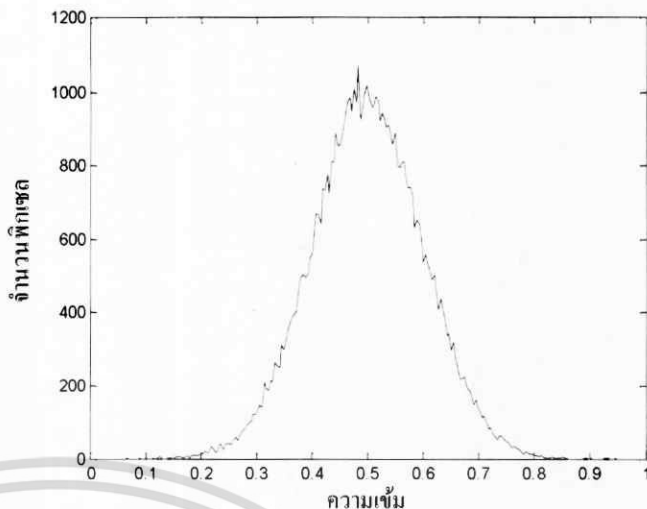
### 3.3.2 ส่วนเบี่ยงเบนมาตรฐาน (Standard deviation)

ส่วนเบี่ยงเบนมาตรฐานนั้นเป็นค่าที่แสดงว่าความเข้มสีของภาพมีการกระจายจากค่าเฉลี่ยมากน้อยแค่ไหน คำนวณได้ตามสมการที่ (3.27) ตัวอย่างรูปที่ 3.29(ก) เป็นภาพที่ประกอบไปด้วยความเข้มสีหลายระดับที่กระจายตัวในช่วงแคบๆ จะมีค่าส่วนเบี่ยงเบนความเข้มสีเท่ากับ 0.1 ซึ่งฮิสโทแกรมของภาพนี้ซึ่งถูกแสดงในรูปที่ 3.29(ข) แสดงให้เห็นว่าค่าความเข้มส่วนใหญ่จะอยู่ในช่วงความเข้มใกล้เคียงกัน แตกต่างจากรูปที่ 3.30(ก) เป็นภาพที่ประกอบไปด้วยความเข้มสีหลายระดับที่กระจายตัวในช่วงกว้างๆ จะมีค่าส่วนเบี่ยงเบนความเข้มสีเท่ากับ 0.2 ซึ่งฮิสโทแกรมของภาพนี้ซึ่งถูกแสดงในรูปที่ 3.30(ข) แสดงให้เห็นว่าค่าความเข้มสีกระจายห่างกันมากกว่า

$$\sigma(Z) = \left( \frac{1}{n} \sum_{i=1}^n (x_i - \mu)^2 \right)^{1/2} \quad (3.27)$$

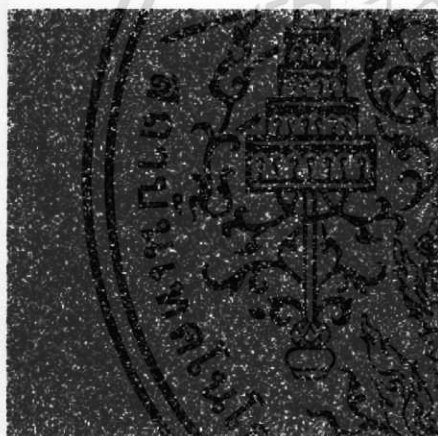


(ก)

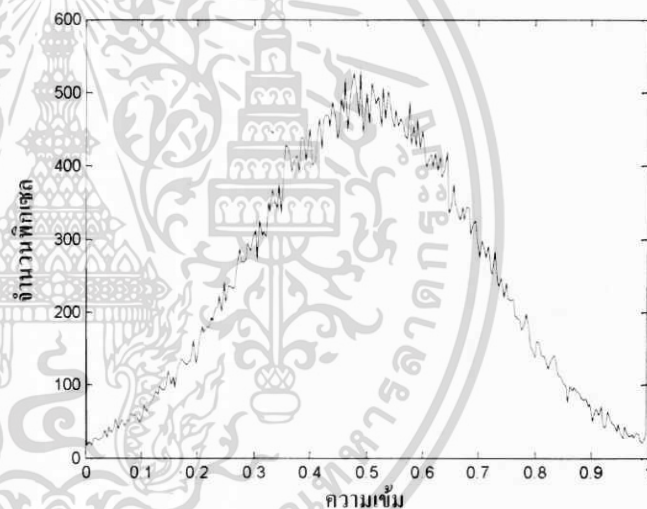


(ข)

รูปที่ 3.29 (ก) ภาพที่มีความเข้มสีเกาะกลุ่ม (ข) ฮิสโทแกรมของภาพที่มีความเข้มสีเกาะกลุ่ม



(ก)



(ข)

รูปที่ 3.30 (ก) ภาพที่มีความเข้มสีกระจาย (ข) ฮิสโทแกรมของภาพที่มีความเข้มสีกระจาย

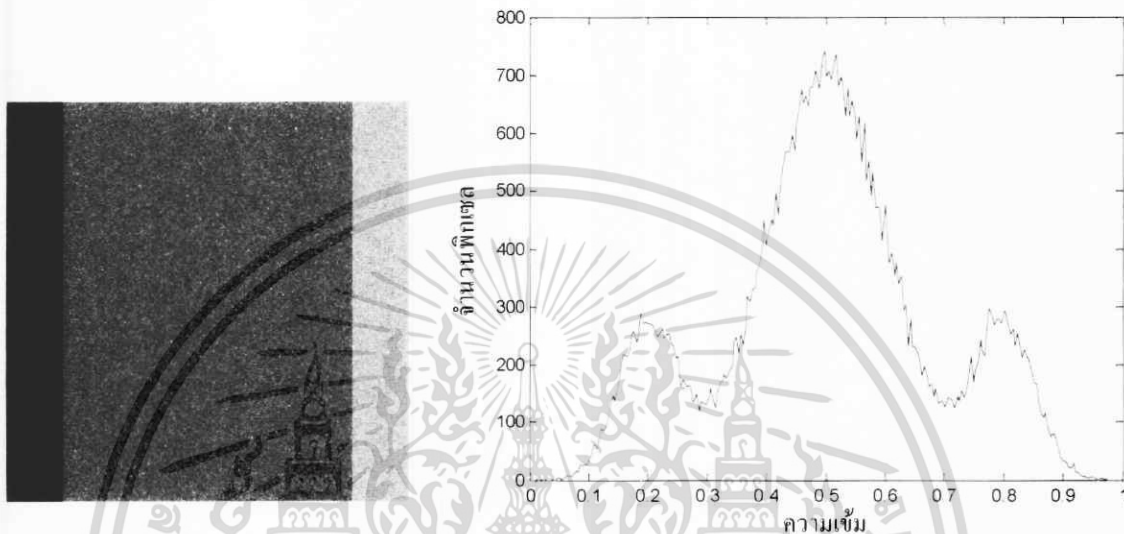
### 3.3.3 ความโด่ง (Kurtosis)

ค่าความโด่งเป็นค่าที่บอกว่ายิสโทแกรมของภาพมีความโด่งมากหรือน้อย คำนวณได้ตามสมการที่ (3.28) ตัวอย่างเช่นรูปที่ 3.31(ก) ภาพประกอบไปด้วยความเข้มสี 3 ส่วนโดยแต่ละส่วนมีความเข้มสีกระจายกัน โดยส่วนกลางของภาพนั้นมีพื้นที่กว้างมากที่สุดซึ่งที่ความเข้มสีช่วงนี้จะเป็นค่าเฉลี่ยของภาพนี้ ดังนั้นจากฮิสโทแกรมของภาพนี้ซึ่งถูกแสดงในรูปที่ 3.31(ข) จะสังเกตว่าช่วงความเข้มสีเฉลี่ยจะมีความโด่งมากกว่าความเข้มอื่น โดยรูปที่ 3.31(ก) มีค่าความโด่งเท่ากับ 2.6 ส่วนในรูปที่ 3.32(ก) ภาพประกอบไปด้วยความเข้มสี 3 ส่วนขนาดพื้นที่ที่เท่าๆ กัน ดังนั้นฮิสโทแกรมของภาพ

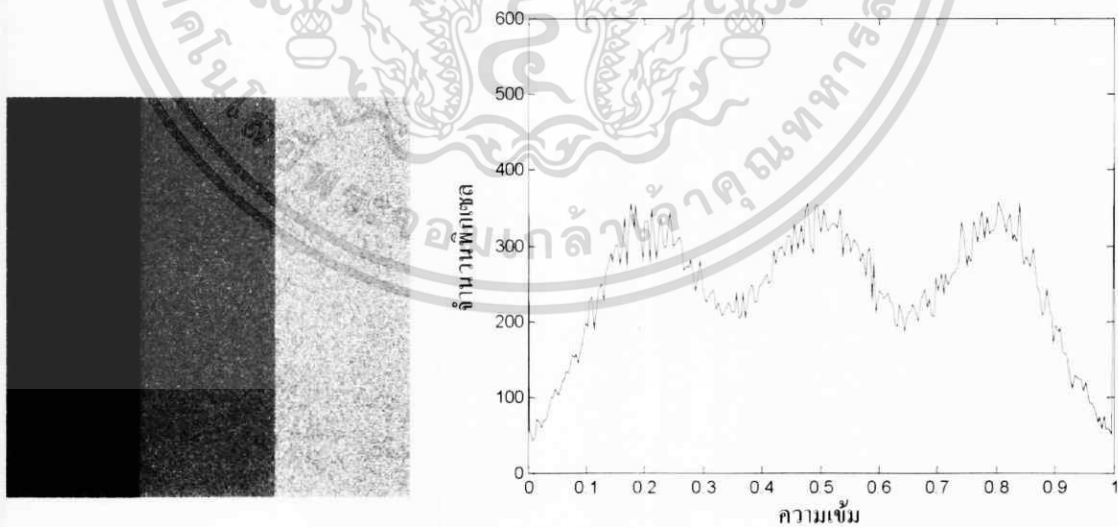
เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้าไม่ว่ากรณีใดๆ ทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ดัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

นี้ซึ่งถูกแสดงในรูปที่ 3.32(ข) มีการกระจายความเข้มสีของทั้งสามพื้นที่ซึ่งมีความโด่งของฮิสโทแกรมเท่าๆ กัน โดยรูปที่ 3.32(ก) มีค่าความโด่งเท่ากับ 1.9 ซึ่งน้อยกว่ารูปที่ 3.31(ก)

$$K(Z) = \frac{\frac{1}{n} \sum_{i=1}^n (x_i - \mu)^4}{\sigma(Z)^4} \tag{3.28}$$



รูปที่ 3.31 (ก) ภาพที่มีความเข้มสีเกาะกลุ่ม (ข) ฮิสโทแกรมของภาพที่มีความเข้มสีเกาะกลุ่ม

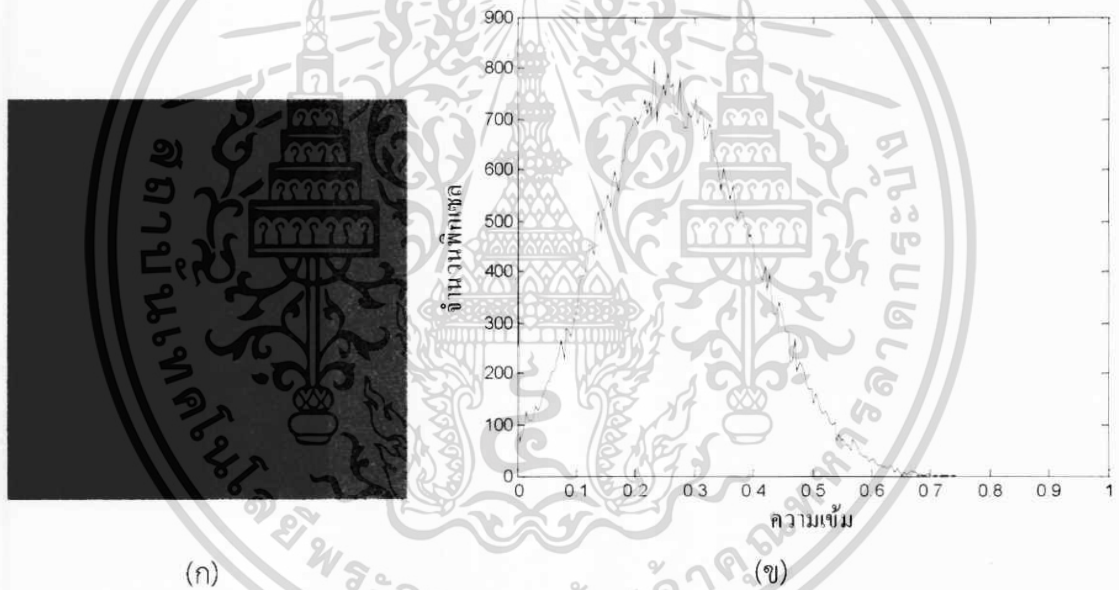


รูปที่ 3.32 (ก) ภาพที่มีความเข้มสีกระจาย (ข) ฮิสโทแกรมของภาพที่มีความเข้มสีกระจาย

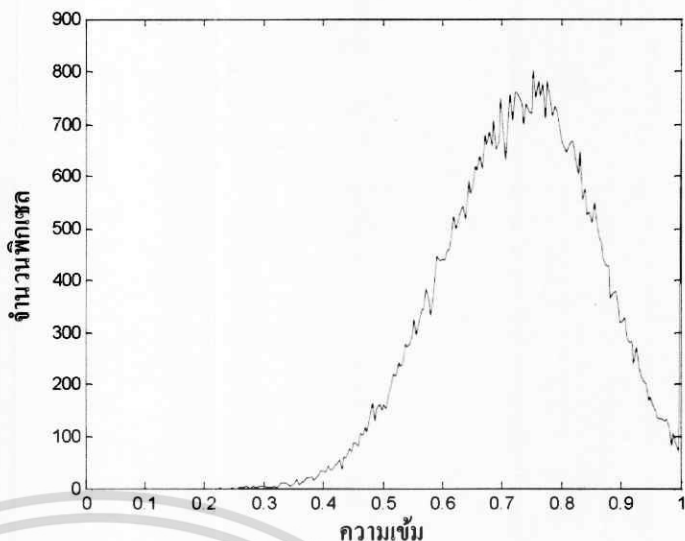
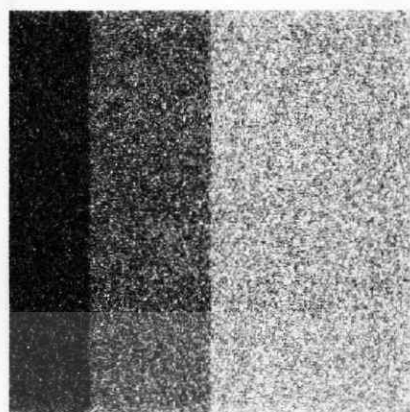
### 3.3.4 ความเบ้ (Skewness)

ค่าความเบ้เป็นค่าที่บอกความเบ้ของฮิสโทแกรมว่ามีการแจกแจงแบบไหน ดังสมการที่ (3.29) ถ้าฮิสโทแกรมเป็นลักษณะแบบเบ้ขวา ค่าความเบ้จะเป็นค่าที่มากกว่าศูนย์และภาพจะอยู่ในโทนมืด แต่ถ้าฮิสโทแกรมเป็นลักษณะแบบเบ้ซ้าย ค่าความเบ้จะน้อยกว่าศูนย์และภาพจะอยู่ในโทนสว่าง ตัวอย่างดังรูปที่ 3.33(ก) ภาพโทนมืดจะมีฮิสโทแกรมซึ่งแสดงในรูปที่ 3.33(ข) ฮิสโทแกรมจะมีลักษณะเบ้ขวา ซึ่งรูปที่ 3.33(ก) มีค่าความเบ้เท่ากับ 0.12 ต่างจากรูปที่ 3.34(ก) ภาพโทนสว่างซึ่งมีฮิสโทแกรมดังแสดงในรูปที่ 3.33(ข) ฮิสโทแกรมจะมีลักษณะเบ้ซ้าย ซึ่งรูปที่ 3.34(ข) มีค่าความเบ้เท่ากับ -0.12

$$\gamma(Z) = \frac{\frac{1}{n} \sum_{i=1}^n (x_i - \mu)^3}{\sigma(Z)^{3/2}} \quad (3.29)$$



รูปที่ 3.33 (ก) ภาพโทนมืด (ข) ฮิสโทแกรมของภาพโทนมืด



(ก)

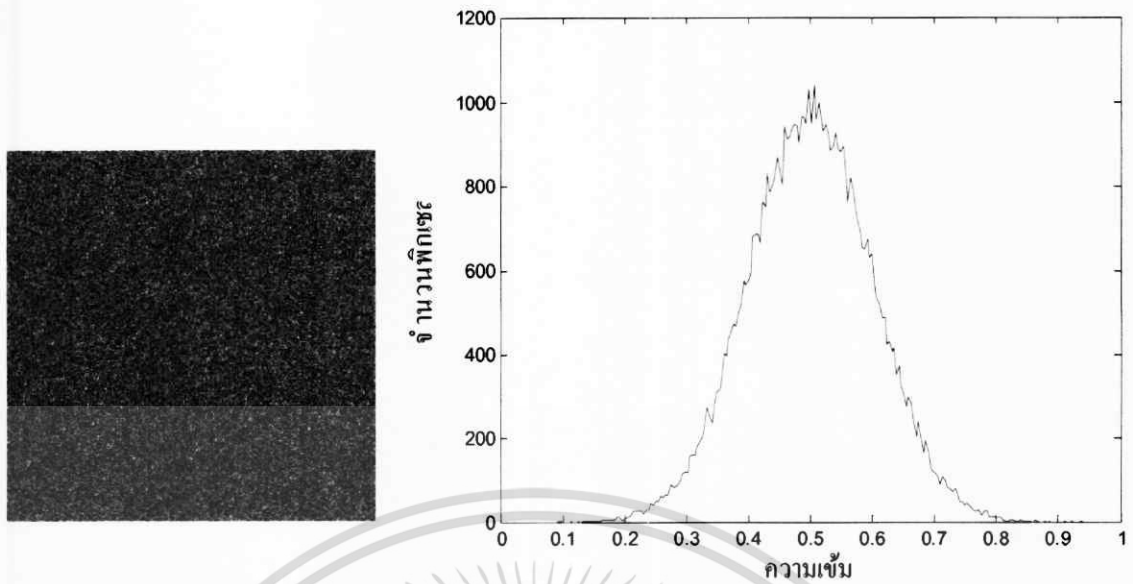
(ข)

รูปที่ 3.34 (ก) ภาพโทนสว่าง (ข) ฮิสโทแกรมของภาพโทนสว่าง

### 3.3.5 เอนโทรปี (Entropy)

ค่าเอนโทรปีเป็นค่าที่บอกว่าภาพนั้นมีการใช้ความเข้มสีครบทุกความเข้มสีมากน้อยแค่ไหน ดังสมการที่ (3.30)  $P_i$  คือการกระจายของค่าพิกเซล ถ้าภาพมีการใช้สีไม่กี่สีค่าเอนโทรปีจะมีค่าน้อย แต่ถ้าภาพมีใช้สีที่หลากหลายค่าเอนโทรปีจะมีค่ามาก ตัวอย่างเช่นรูปที่ 3.35(ก) ภาพมีการใช้ความเข้มสีต่างๆ กัน ดังฮิสโทแกรมถูกแสดงในรูปที่ 3.35(ข) ซึ่งรูปที่ 3.35(ก) มีค่าเอนโทรปีเท่ากับ 6.7 ต่างจากรูปที่ 3.36(ก) เป็นภาพที่มีการใช้ค่าความเข้มสีเพียงแค่ 2 ค่าซึ่งฮิสโทแกรมถูกแสดงในรูปที่ 3.36(ข) ซึ่งรูปที่ 3.36(ก) มีค่าเอนโทรปีเท่ากับ 1

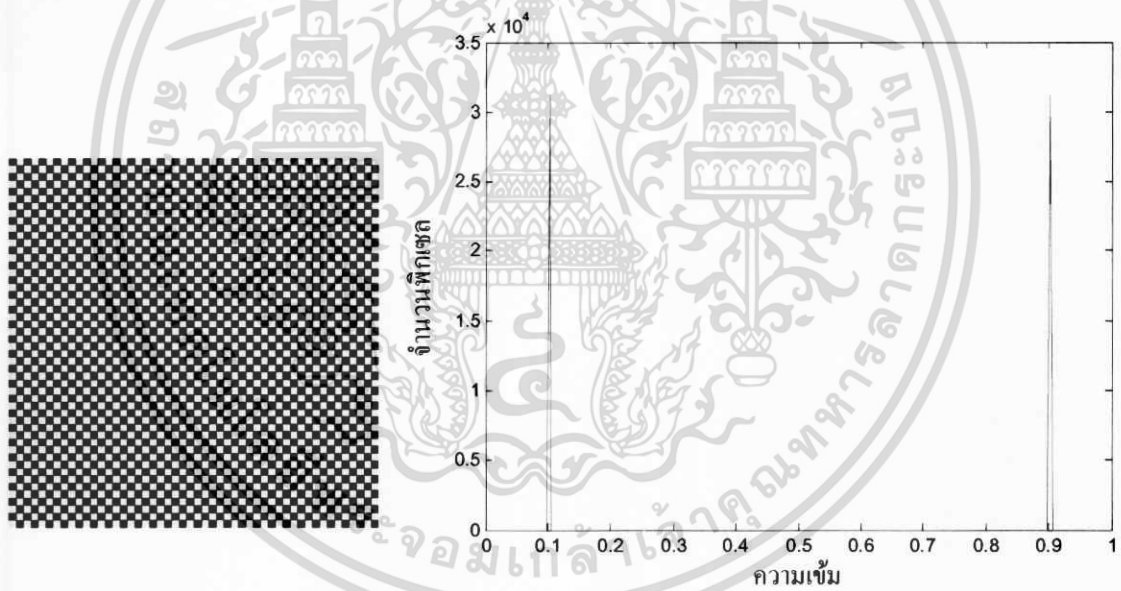
$$E(Z) = -\sum_i P_i \log_2 P_i \quad (3.30)$$



(ก)

(ข)

รูปที่ 3.35 (ก) ภาพที่มีความเข้มสีกระจาย (ข) ฮิสโทแกรมของภาพที่มีความเข้มสีกระจาย



(ก)

(ข)

รูปที่ 3.36 (ก) ภาพที่มีความเข้มสีเพียง 2 ค่า (ข) ฮิสโทแกรมของภาพที่มีความเข้มสีเพียง 2 ค่า

นอกจากค่าทางสถิติที่ได้อธิบายไปแล้ว ยังมีการใช้ค่าทางสถิติอื่นในการจำแนกสายพันธุ์มาลาเรียเช่น สีของโครมาติน ขนาดของโครมาตินเทียบกับเซลล์เม็ดเลือดขาว ช่วงความเข้มสี เลข Euler รวมถึงพลังงานของภาพ เป็นต้น แต่ไม่ถูกนำมาใช้ในวิทยานิพนธ์นี้

### 3.4 ทฤษฎีการแยกองค์ประกอบเชิงเดี่ยว (Singular Value Decomposition: SVD)

ทฤษฎีการแยกองค์ประกอบเชิงเดี่ยวเป็นทฤษฎีที่อธิบายว่าเมตริกซ์ใดๆ เช่นเมตริกซ์  $A$  สามารถแยกองค์ประกอบได้เป็น 3 เมตริกซ์ ประกอบด้วยเมตริกซ์  $U$   $S$  และ  $V$  ดังสมการที่ (3.31)

$$A=USV^T \quad (3.31)$$

โดยเมตริกซ์  $U$  และ  $V$  เป็นเมตริกซ์เชิงตั้งฉาก (Orthogonal matrix) เรียกว่า left singular matrix และ right singular matrix ตามลำดับ โดยเมตริกซ์  $U$  และ  $V$  สามารถคำนวณจากการหา eigenvectors ของเมตริกซ์  $AA^T$  และ  $A^T A$  ตามลำดับ

$S$  เป็นเมตริกซ์ทแยงมุม (diagonal matrix) เรียกว่า singular value matrix โดยแต่ละค่าในเมตริกซ์นี้เรียกว่าค่าเอกฐาน (Singular values) มีค่าเท่ากับค่ารากที่สองของค่า eigenvalues ของเมตริกซ์  $AA^T$  เรียงจากค่ามากไปน้อย

เมตริกซ์  $U$  เป็นเมตริกซ์ซึ่งเก็บข้อมูลที่สำคัญของเมตริกซ์  $A$  โดยลำดับความสำคัญของข้อมูลของเมตริกซ์  $U$  จะเรียงจากมากไปน้อยตามแนวคอลัมน์ โดยข้อมูลในคอลัมน์แรกนั้นจะสำคัญที่สุดและข้อมูลในคอลัมน์สุดท้ายจะสำคัญน้อยที่สุด โดยความสำคัญของข้อมูลแต่ละคอลัมน์ของเมตริกซ์  $U$  สัมพันธ์กับค่าเอกฐาน เช่นค่าเอกฐานค่าแรกคิดเป็น 80% ของพลังงานรวมของค่าเอกฐานทั้งหมด ดังนั้นเมตริกซ์  $U$  คอลัมน์แรกจะครอบคลุมความแปรปรวนคิดเป็น 80% ของความแปรปรวนรวมทั้งหมดของข้อมูลในเมตริกซ์  $A$

โดยเมตริกซ์  $V$  จะเก็บข้อมูลของเมตริกซ์  $A$  เช่นกันโดยจะเรียงลำดับความสำคัญของข้อมูลในแนวแถวเรียงจากมากไปน้อย และความสำคัญของข้อมูลในแต่ละแถวก็อ้างอิงจากค่าเอกฐานเช่นกัน

วิธีการคำนวณหาเมตริกซ์  $U$   $S$   $V$  จากเมตริกซ์  $A$

1. คำนวณหาเมตริกซ์  $S$  จากการหาค่า eigenvalue ของเมตริกซ์  $AA^T$  โดยใช้สมการที่ (3.32)

$$\det(AA^T - \lambda I) = 0 \quad (3.32)$$

โดยค่าที่คำนวณได้จะเป็นค่า eigenvalues ซึ่งเมื่อคิดเป็นค่ารากที่สอง และเรียงจากค่ามากไปน้อยแล้วจะได้ค่าเอกฐาน ซึ่งค่าเอกฐานนี้ก็คือสมาชิกแต่ละตัวในเมตริกซ์  $S$

2. คำนวณหาเมตริกซ์  $U$  จากการหา eigenvectors ของเมตริกซ์  $AA^T$  โดยใช้สมการที่ (3.33) โดยคำนวณจากค่า eigenvalues ซึ่งคำนวณได้จากข้อที่ 1. โดยคำนวณโดยใช้ค่า eigenvalue ซึ่งมีค่ามากที่สุดก่อน

$$AA^T \bar{x} = \lambda \bar{x} \quad (3.33)$$

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้าไม่ว่ากรณีใดๆ ทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ดัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

นำค่า eigenvectors ที่คำนวณได้แปลงเป็นเวกเตอร์ตั้งฉากปรกติ (Orthonormal vector) โดยเวกเตอร์ที่คำนวณได้คือข้อมูลในแต่ละคอลัมน์ของเมทริกซ์  $U$

3. คำนวณหาเมทริกซ์  $V$  จากการหา eigenvectors ของเมทริกซ์  $A^T A$  โดยใช้สมการที่ (3.34) ซึ่งทำเหมือนข้อที่ 2.

$$A^T A \bar{x} = \lambda \bar{x} \quad (3.34)$$

### 3.5 การจำแนกคลาสข้อมูลแบบไบนารี

การจำแนกข้อมูลมีจุดมุ่งหมายเพื่อจำแนกวัตถุให้อยู่ในรูปของคลาสหรือประเภทที่แตกต่างกันสองคลาส โดยวัตถุในที่นี้อาจหมายถึงภาพหรือสัญญาณ เช่นสมมุติให้รูปที่ 3.37(ก) เป็นภาพของเซลล์ดีซึ่งกำหนดให้เป็นคลาส A และรูปที่ 3.37(ข) เป็นภาพของเซลล์ร้ายซึ่งกำหนดให้เป็นคลาส B

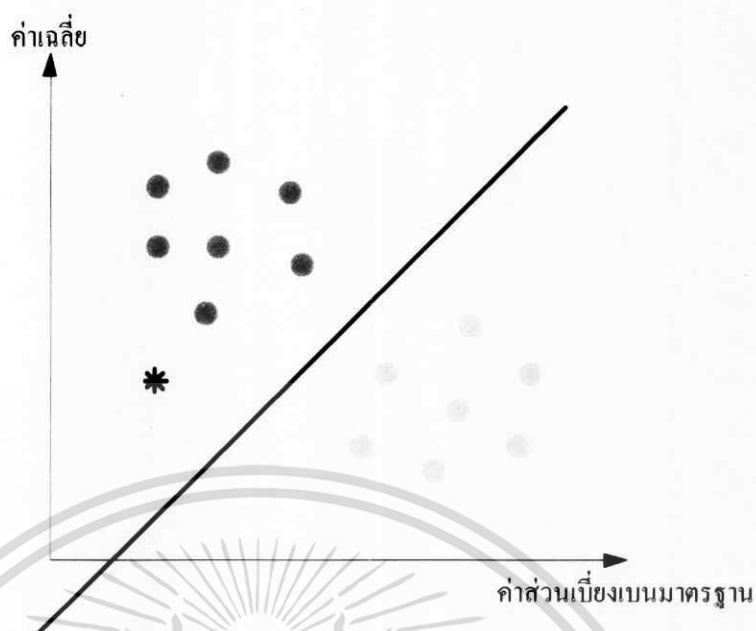


(ก)

(ข)

รูปที่ 3.37 (ก) ภาพเซลล์ดี (ข) ภาพเซลล์ร้าย

ทั้ง 2 ภาพสามารถมองเห็นความแตกต่างได้ด้วยตาเปล่า การที่จะจำแนก 2 คลาสนี้ ขั้นตอนแรกนั้นจะต้องหาข้อมูลที่มีคุณลักษณะที่สามารถแยกแยะความแตกต่างระหว่าง 2 คลาสได้ เช่นรูปที่ 3.38 เป็นกราฟที่พล็อตระหว่างค่าเฉลี่ยความเข้มสีของภาพเทียบกับค่าส่วนเบี่ยงเบนมาตรฐาน จะเห็นได้ว่าข้อมูลของทั้ง 2 คลาสกระจายตัวแยกออกจากกันอย่างชัดเจน โดยข้อมูลคลาส A ถูกแทนด้วยวงกลมสีดำ ข้อมูลคลาส B ถูกแทนด้วยวงกลมสีขาว



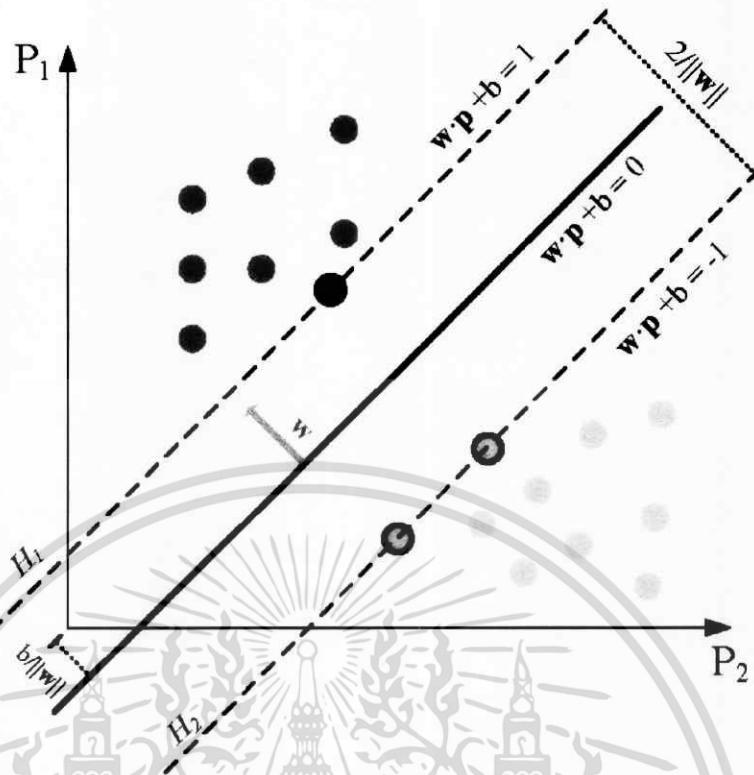
รูปที่ 3.38 ปริภูมิของคุณลักษณะและเส้นตัดสลิใจ

ดังนั้นการลากเส้นตรงเพื่อแบ่งพื้นที่ออกเป็น 2 ส่วนจึงเป็นวิธีที่เหมาะสมในการแยก 2 คลาสนี้ออกจากกัน สมมุติว่ามีข้อมูลใหม่เข้ามาและเมื่อวัดค่าเฉลี่ยและค่าส่วนเบี่ยงเบนมาตรฐานและพล็อตข้อมูลลงในปริภูมิเดิม ข้อมูลที่เข้ามาใหม่อยู่ในตำแหน่งที่ถูกแสดงด้วยสัญลักษณ์ \* ดังนั้นสามารถตัดสินใจได้ว่าข้อมูลชุดใหม่เป็นข้อมูลที่อยู่ในคลาส A

จากตัวอย่างข้างต้นข้อมูลที่ใช้สำหรับการจำแนกคลาสของข้อมูลคือ ค่าเฉลี่ยและค่าส่วนเบี่ยงเบนมาตรฐาน ซึ่งจะเรียกข้อมูลนี้ว่าเป็นคุณลักษณะ (Feature) โดยเมื่อคุณลักษณะจำนวน  $l$  ตัวอยู่รวมกันในรูปเวกเตอร์  $x = [x_1, x_2, \dots, x_l]^T$  จะเรียกเวกเตอร์นี้ว่าเวกเตอร์คุณลักษณะ (Feature vector) และเส้นตรงในรูปที่ 3.38 จะเรียกว่าเส้นตัดสลิใจ (Decision line) ตัวจำแนก (Classifier) มีหน้าที่แบ่งปริภูมิคุณลักษณะ (Feature space) เป็นพื้นที่ของคลาส A และ B โดยใช้เส้นตัดสลิใจ (ซึ่งอาจไม่เป็นเส้นตรงก็ได้) ซึ่งถ้ามีเวกเตอร์คุณลักษณะที่ไม่ทราบคลาสเข้ามาและตกอยู่ในพื้นที่ของคลาสใดตัวจำแนกจะตัดสินใจว่าข้อมูลนี้อยู่ในคลาสนั้นๆ

### 3.5.1 ซัพพอร์ตเวกเตอร์แมชชีน

ซัพพอร์ตเวกเตอร์แมชชีน (Support vector machine) เป็นระบบที่ใช้จำแนกคลาสของข้อมูลแบบไบนารีโดยใช้ไฮเปอร์เพลนซึ่งสร้างโดยใช้ข้อมูลชุดฝึก โดยเวกเตอร์คุณลักษณะของทั้ง 2 คลาสต้องกระจายตัวแยกกันอย่างชัดเจนดังแสดงในรูปที่ 3.39



รูปที่ 3.39 โมเดลระบบซัพพอร์ตเวกเตอร์แมกซิมัม

รูปที่ 3.39 แสดงตัวอย่างระบบซัพพอร์ตเวกเตอร์แมกซิมัม ซึ่งประกอบด้วย

1. ข้อมูลชุดฝึกของทั้ง 2 คลาส (ถูกแทนด้วยสัญลักษณ์วงกลมสีดำและสีขาว)
2. ซัพพอร์ตเวกเตอร์ คือข้อมูลชุดฝึกซึ่งถูกล้อมรอบด้วยวงกลมสีดำและวางตัวอยู่ในแนวไฮเปอร์เพลน  $H_1$  และ  $H_2$
3. ไฮเปอร์เพลนซึ่งถูกสร้างโดยใช้สมการที่ (3.35)

$$(w \cdot p_i) + b = 0, w \in \mathbb{R}^N, b \in \mathbb{R} \quad (3.35)$$

โดยที่  $p_i$  คือเวกเตอร์คุณลักษณะของข้อมูลชุดฝึกซึ่งถูกฉายลงในปริภูมิซึ่งถูกแผ่โดยใช้เบสิสเวกเตอร์ ซึ่งเป็นปริภูมิเดียวกันกับปริภูมิที่ไฮเปอร์เพลนอยู่

โดยที่  $p_i \in \mathbb{R}^N, i=1, \dots, k$  ที่สอดคล้องกับตัวกำหนดคลาส  $y_i \in \{1, -1\}$

และ  $W$  คือเวกเตอร์ซึ่งตั้งฉากกับไฮเปอร์เพลน

โดยไฮเปอร์เพลนนั้นจะอยู่กึ่งกลางระหว่างข้อมูลทั้ง 2 คลาส ซึ่งไฮเปอร์เพลนนั้นถูกสร้างโดยใช้ซัพพอร์ตเวกเตอร์ซึ่งเป็นข้อมูลชุดฝึกที่วางตัวอยู่ในแนวเวกเตอร์  $H_1$  และ  $H_2$  โดยซัพพอร์ตเวกเตอร์แมกซิมัมจะเลือกไฮเปอร์เพลนที่ดีที่สุดในการจำแนกคลาสของข้อมูล โดยไฮเปอร์เพลนที่ดีที่สุดนั้นต้องเป็นไฮเปอร์เพลนที่ทำให้ค่าขอบ (Margin) ซึ่งมีค่าเท่ากับ  $2/\|w\|$

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้าไม่ว่ากรณีใดๆ ทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ดัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

มีค่ามากที่สุด และต้องให้ข้อมูลที่ถูกลายลงปริภูมิกระจายตัวอยู่เหนือเวกเตอร์  $H_1$  หรืออยู่ด้านล่าง  $H_2$  เท่านั้นซึ่งกำหนดโดยสมการที่ (3.36)

$$y_i(w \bullet p_i + b) - 1 \geq 0 \quad (3.36)$$

โดยการที่จะทำให้ค่าขอบมีค่ามากที่สุดนั้นต้องใช้สมการที่ (3.37-3.38)

$$w = \sum_i \alpha_i y_i p_i \quad (3.37)$$

$$\sum_i \alpha_i y_i = 0 \quad (3.38)$$

โดยที่  $\alpha_i, i = 1, \dots, k$  คือตัวคูณลากรางจ์ (Lagrange multipliers)

และ  $p_i$  คือซัพพอร์ตเวกเตอร์ที่  $\alpha_i > 0$

เมื่อสร้างไฮเปอร์เพลนเสร็จแล้ว ข้อมูลชุดทดสอบจะถูกฉายลงมาในปริภูมิเดียวกับข้อมูลชุดฝึก และซัพพอร์ตเวกเตอร์แมชชีนจะจำแนกคลาสของข้อมูลชุดทดสอบโดยใช้สมการที่ (3.39)

$$f(p) = \text{sign}((w \bullet p) + b) \quad (3.39)$$

โดยที่  $p$  คือข้อมูลชุดทดสอบที่ถูกลายลงมา โดยถ้าค่าผลลัพธ์ที่ได้จากสมการที่ (3.39) เป็นค่าที่มากกว่าศูนย์ข้อมูลนั้นจะอยู่ในคลาสแรก แต่ถ้าค่าที่ได้น้อยกว่าศูนย์แสดงว่าข้อมูลนั้นอยู่ในคลาสที่สอง

ในกรณีที่ไม่สามารถจำแนกคลาสของข้อมูลได้ ข้อมูลชุดทดสอบจะถูกฉายลงในปริภูมิซึ่งมีมิติที่สูงกว่า ซึ่งสามารถจำแนกคลาสของข้อมูลได้ โดยการฉายนั้นจะกระทำผ่านเคอร์เนล โดยในวิทยานิพนธ์นี้เลือกใช้ 2 เคอร์เนลประกอบด้วย

1. เคอร์เนลฟังก์ชันฐานรัศมี (Radial basis kernel function (RBF) kernel)

$$\Phi(q, q') = \exp\left(-\frac{\|q - q'\|^2}{2\sigma^2}\right) \quad (3.40)$$

2. เคอร์เนลเชิงเส้น (Linear kernel)

$$\Phi(q, q') = q^T q' \quad (3.41)$$

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า ไม่ว่าจะกรณีใดๆ ทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ดัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

โดยเมื่อข้อมูลถูกฉายโดยใช้คอร์เนลแล้ว จะใช้สมการที่ (3.42) ในการจำแนกคลาสของข้อมูลชุดทดสอบ

$$f(p) = \text{sign}(\Phi(w \bullet p) + b) \quad (3.42)$$

### 3.5.2 ตัวจำแนกแบบเบย์ส์

การจำแนกข้อมูล 2 คลาส ซึ่งรูปแบบของข้อมูลนั้นสามารถแสดงได้โดยใช้เวกเตอร์คุณลักษณะ  $x$  เราสามารถใช้ทฤษฎีการตัดสินใจของเบย์ส์จำแนกคลาสของข้อมูลได้จากค่าความน่าจะเป็นหลัง (Posteriori probabilities) ซึ่งคำนวณได้จากสมการที่ (3.43)

$$P(w_i | x) = \frac{P(x | w_i) P(w_i)}{P(x)}, \quad i = 1, 2 \quad (3.43)$$

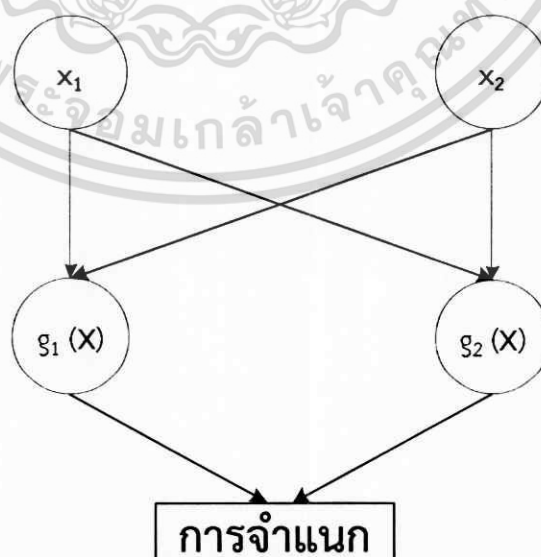
$$P(x) = \sum_1^2 P(x | w_i) P(w_i) \quad (3.44)$$

โดยที่  $P(w_i)$  คือความน่าจะเป็นก่อน (Priori probabilities)

$P(x|w_i)$  คือฟังก์ชันความน่าจะเป็น (Likelihood function) ของ  $w_i$  เทียบกับ  $x$

โดยข้อมูลจะถูกตัดสินว่าเป็นคลาส  $w_1$  ถ้าค่า  $P(w_1|x) > P(w_2|x)$  และเป็นคลาส  $w_2$  ถ้าค่า  $P(w_1|x) < P(w_2|x)$

ในกรณีที่ข้อมูลมีฟังก์ชันความหนาแน่นของความน่าจะเป็นแบบปกติ (Normal density) เราสามารถจำแนกคลาสของข้อมูลได้จากฟังก์ชันดิสคริมิแนนต์ (Discriminant function)  $g_i(x)$ ,  $i=1, 2$  โดยตัวจำแนกเบย์ส์จะทำการคำนวณฟังก์ชันดิสคริมิแนนต์  $g_i(x)$  ของข้อมูลแต่ละคลาส



รูปที่ 3.40 โครงสร้างการทำงานของตัวจำแนกแบบเบย์ส์

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้าไม่ว่ากรณีใดๆ ทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ดัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

โดยในการคำนวณฟังก์ชันดิสคริมิแนนต์สำหรับฟังก์ชันความหนาแน่นของความน่าจะเป็นแบบปรกติ ซึ่งค่าเมตริกซ์ความแปรปรวนร่วมเกี่ยว (Covariance matrices) เป็นค่าใดๆ นั้นสามารถคำนวณได้จากสมการที่ (3.45-3.50)

$$g_i(X) = x^T W_i x + w_i^T x + w_{i0} \quad (3.45)$$

$$W_i = -\frac{1}{2} \Sigma_i^{-1} \quad (3.46)$$

$$w_i = \Sigma_i^{-1} \mu_i \quad (3.47)$$

$$w_{i0} = -\frac{1}{2} \mu_i^T \Sigma_i^{-1} \mu_i - \frac{1}{2} \ln |\Sigma_i| + \ln P(w_i) \quad (3.48)$$

$$\mu_i = \frac{1}{N} \sum_{i=1}^N P_i \quad (3.49)$$

$$\Sigma_i = \frac{1}{N} \left[ \sum_{i=1}^N (P_i - \mu_i)(P_i - \mu_i)^T \right] \quad (3.50)$$

โดยที่  $P_i$  คือข้อมูลชุดฝึก  $N$  คือจำนวนสมาชิกของ  $P_i$  และ  $P(w_i)$  คือค่าความน่าจะเป็นก่อนของแต่ละคลาส โดยตัวจำแนกเบย์ส์จะตัดสินใจว่าชุดข้อมูล  $X$  อยู่ในคลาส  $w_i$  ถ้าเป็นไปตามสมการที่ (3.51)

$$g_i(X) > g_j(X) \quad \text{สำหรับทุก } j \neq i \quad (3.51)$$

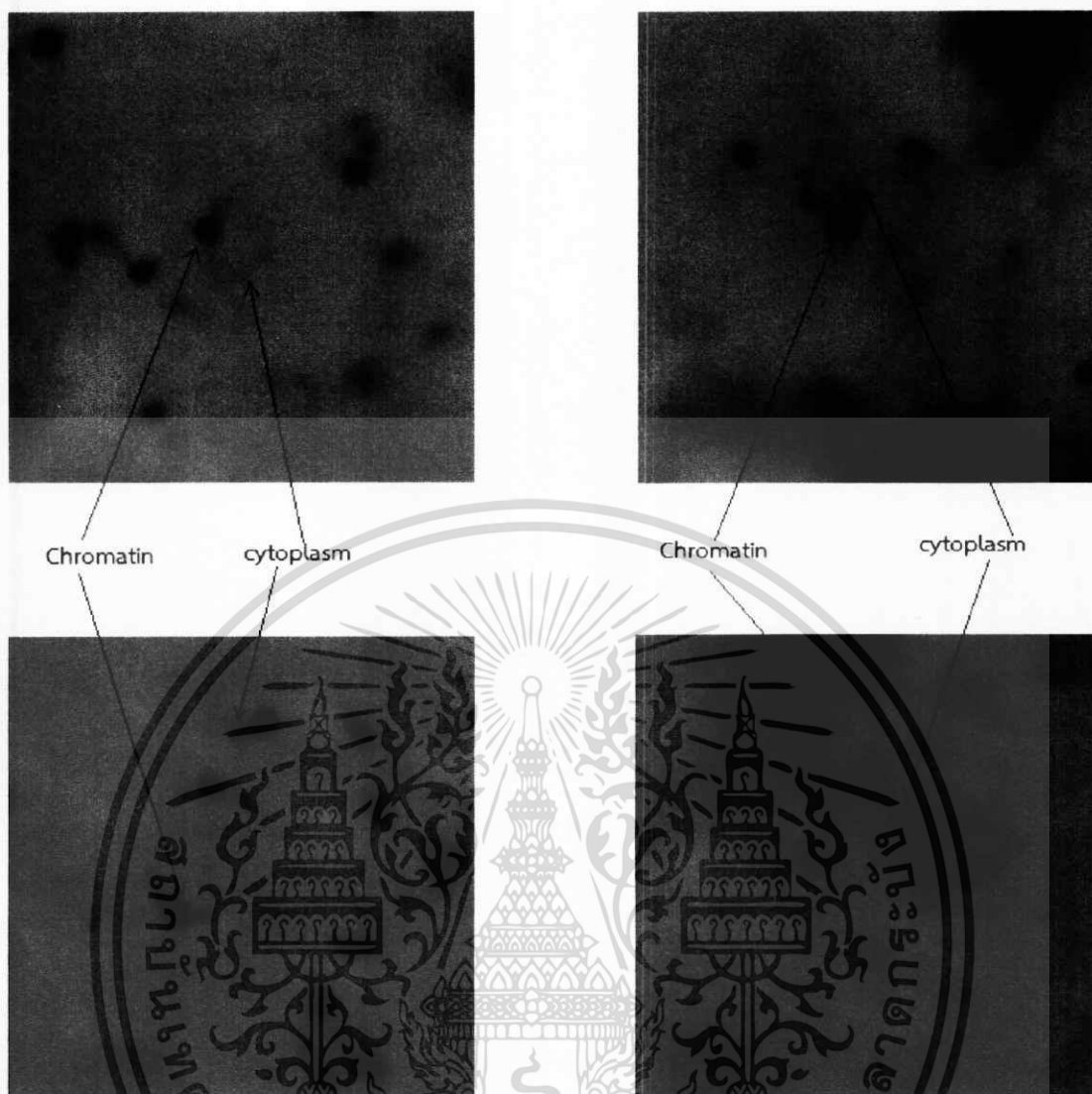
โดยที่  $j$  และ  $i$  คือคลาสของข้อมูล

## บทที่ 4

# การประมวลผลภาพเบื้องต้นเพื่อตรวจจับโครมาติน

### 4.1 ข้อมูลและระเบียบวิธี

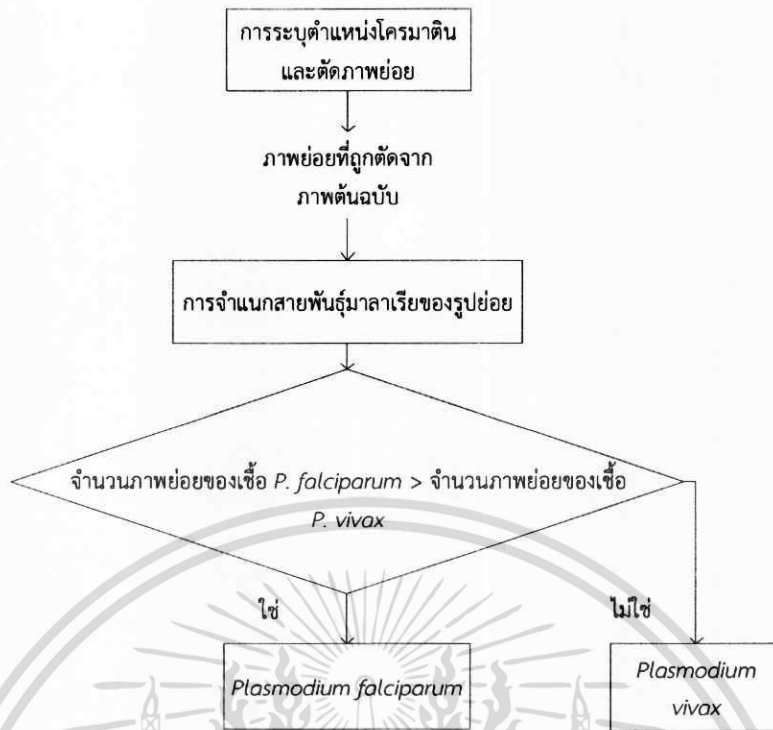
งานวิจัยนี้ได้รับภาพถ่ายแผ่นฟิล์มโลหิตชนิดหนาของเชื้อมาลาเรียจากห้องปฏิบัติการวิจัยการประมวลผลสัญญาณชีวการแพทย์ NECTEC ซึ่งใช้กล้องจุลทรรศน์ชนิดแสงที่มีกำลังขยาย 1,000 เท่า และถ่ายภาพด้วยกล้อง CCD ที่ต่อกับกล้องจุลทรรศน์ โดยภาพส่วนใหญ่เป็นเชื้อชนิด *P. falciparum* เนื่องจากมีการระบาดมากในแอฟริกาใต้และไทย แต่รูปตัวอย่างของเชื้อชนิด *P. vivax* ได้ถูกใช้ในการวิจัยด้วย โดยกระบวนการก่อนที่จะได้มาเป็นรูปภาพดิจิทัลนั้น แผ่นฟิล์มโลหิตชนิดหนาแต่ละสไลด์จะถูกย้อมสีด้วยวิธี Quick Giemsa ซึ่งคล้ายกับการย้อมสีปรกติ (Conventional Giemsa) แต่ไวกว่าสไลด์ทุกแผ่นถูกตรวจสอบและระบุสายพันธุ์ของเชื้อมาลาเรียมาแล้วโดยผู้เชี่ยวชาญ โดยเชื้อมาลาเรียที่ใช้ในงานวิจัยนี้จะใช้เชื้อมาลาเรียในระยะ Trophozoites ซึ่งเป็นระยะเริ่มต้นของเชื้อมาลาเรีย โดยในระยะนี้เชื้อมาลาเรียสายพันธุ์ *P. falciparum* และสายพันธุ์ *P. vivax* จะมีลักษณะของเชื้อปรสิตที่แตกต่างกันดังแสดงในรูปที่ 4.1 ซึ่งเป็นภาพปรสิตของมาลาเรียในภาพถ่ายแผ่นฟิล์มโลหิตแบบหนา ด้านซ้ายเป็นภาพของเชื้อชนิด *P. falciparum* ซึ่งมีรูปร่างลักษณะคล้ายวงแหวน โดยส่วนที่เป็นหัววงแหวนที่มีสีม่วงแดงคือโครมาติน และส่วนที่เป็นวงเหมือนรีนอนแหวนคือไซโทพลาสซึม แต่ในบางครั้งอาจจะมีลักษณะเป็นเสี้ยวไม่ครบวงแหวนเช่นรูปด้านซ้ายล่างซึ่งสามารถพบได้เช่นกัน ส่วนภาพด้านขวาคือเชื้อชนิด *P. vivax* ซึ่งส่วนที่มีสีม่วงแดงคือโครมาติน และมีไซโทพลาสซึมอยู่รอบๆ ในลักษณะที่รูปร่างที่แน่นอน โดยคุณสมบัติรูปร่างของไซโทพลาสซึม น่าจะสามารถนำไปใช้ในการวินิจฉัยแยกสายพันธุ์มาลาเรียได้



รูปที่ 4.1 ลักษณะปรสิตของมาลาเรียชนิด *P. falciparum* (ซ้าย) และ *P. vivax* (ขวา)

#### 4.2. การพัฒนาอัลกอริธึม

อัลกอริธึมในการประมวลผลภาพแบบอัตโนมัติถูกออกแบบให้วินิจฉัยโรคมาลาเรียในวิธีที่เหมือนกับการตรวจสอบผ่านกล้องจุลทรรศน์ด้วยเจ้าหน้าที่ โดยขั้นตอนคือ ระบบจะค้นหาและระบุตำแหน่งของโครมาตินและไซโทพลาสซึมของปรสิตมาลาเรียที่ปรากฏในกล้องจุลทรรศน์บนแผ่นฟิล์ม เมื่อตรวจพบโครมาตินโปรแกรมจะทำการตัดภาพออกเป็นส่วนย่อยๆ ในแต่ละภาพย่อยมีโครมาตินตรงกึ่งกลางหนึ่งจุด จากนั้นคำนวณหาคุณลักษณะของแต่ละภาพย่อยที่ใช้ในการจำแนกเชื้อมาลาเรียในขั้นตอนถัดไป รูปที่ 4.2 แสดงผังงานการพัฒนาอัลกอริธึม โดยรายละเอียดของแต่ละขั้นตอนของอัลกอริธึมจะถูกอธิบายในหัวข้อต่อไป ของบทที่ 4-6



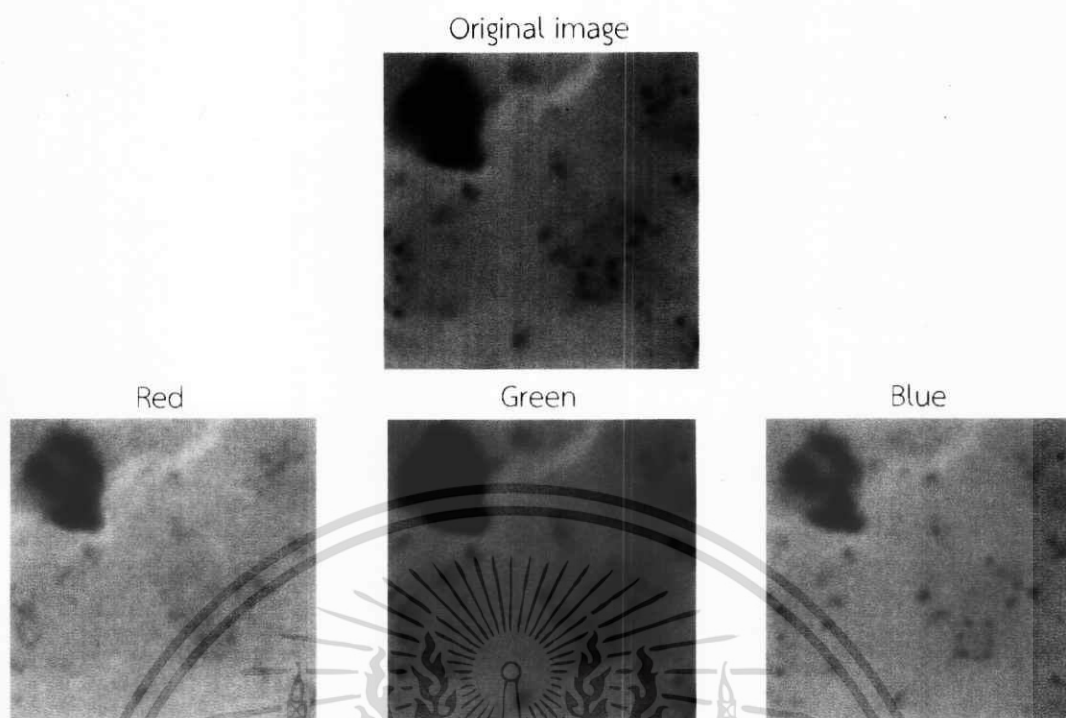
รูปที่ 4.2 ผังงานการพัฒนาอัลกอริธึม

#### 4.3 การพัฒนาอัลกอริธึมสำหรับตรวจจับโครมาตินวิธีที่ 1

การออกแบบอัลกอริธึมในวิธีที่ 1 นั้นจะเลือกใช้องค์ประกอบสี RGB ซึ่งเป็นองค์ประกอบสีของภาพ JPEG ที่ใช้ในการวิจัย โดยขั้นตอนในวิธีที่ 1 ประกอบด้วย 3 ขั้นตอนคือ การเลือกใช้องค์ประกอบสี การกำจัดพื้นหลังของภาพ และ การกำจัดเม็ดเลือดขาวในภาพ

##### 4.3.1 การเลือกใช้องค์ประกอบสี

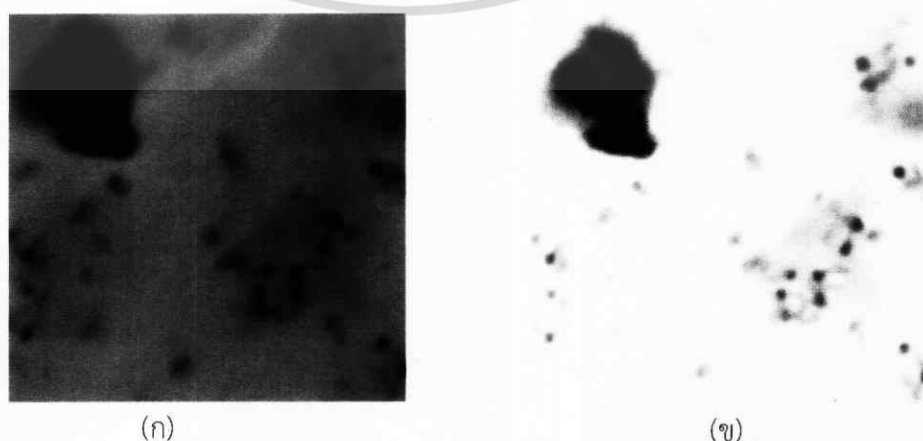
การพัฒนาอัลกอริธึมสำหรับการระบุตำแหน่งโครมาตินในวิธีแบบที่ 1 นั้นจะเลือกใช้องค์ประกอบสีเขียวจากระบบสี RGB ซึ่งภาพถ่ายดิจิทัลที่ได้รับจาก NECTEC จะเป็นไฟล์ JPEG ซึ่งอยู่ในระบบโมเดลสี RGB ซึ่งประกอบด้วยองค์ประกอบสีเขียว แดง น้ำเงิน ดังแสดงในรูปที่ 4.3 ซึ่งจะเห็นว่าในองค์ประกอบสีเขียวนั้น สามารถมองเห็นโครมาตินและเซลล์เม็ดเลือดขาวได้อย่างชัดเจนกว่าองค์ประกอบสีอื่น ผู้วิจัยจึงเลือกใช้องค์ประกอบเพียงขององค์ประกอบสีเขียวในการระบุตำแหน่งโครมาติน



รูปที่ 4.3 ภาพแผนฟิล์มโลหิตหนาในระบบสี RGB

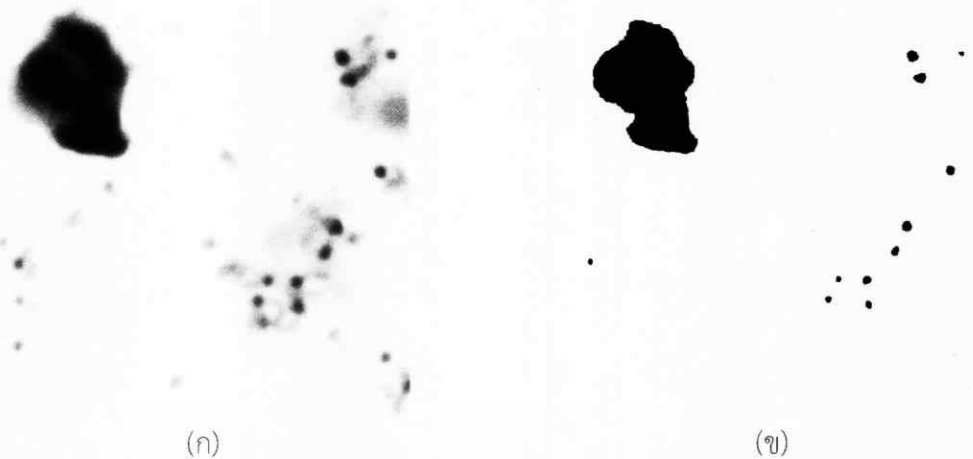
#### 4.3.2 การกำจัดพื้นหลังของภาพ

ภาพในองค์ประกอบสีเขียวนี้อาจถูกกำจัดพื้นหลังออกไปโดยใช้วิธีการเพิ่มความสว่างของภาพ ซึ่งในที่นี้ใช้วิธีการบวกภาพในองค์ประกอบสีเขียวก่อนเข้าด้วยกัน โดยรูปที่ 4.4(ก) คือภาพในองค์ประกอบสีเขียว และ 4.4(ข) คือภาพในองค์ประกอบสีเขียวหลังจากถูกกำจัดพื้นหลัง หลังจากนั้นภาพจะถูกแปลงเป็นภาพไบนารีด้วยค่าเทรชโฮลด์คงที่ที่ 0.5 ดังแสดงในรูปที่ 4.5 ซึ่งรูปที่ 4.5(ก) คือภาพก่อนที่จะถูกแปลงและ 4.5(ข) คือภาพหลังจากถูกแปลงเป็นภาพแบบไบนารี หลังจากนั้นภาพจะถูกคอมพลิเมนต์เพื่อให้ตำแหน่งของโครมาตินเป็นบิต 1 หรือสีขาว โดยรูปที่ 4.6(ก) แสดงรูปไบนารีก่อนที่จะถูกคอมพลิเมนต์และ 4.6(ข) แสดงรูปหลังจากทำการทำคอมพลิเมนต์แล้ว



รูปที่ 4.4 (ก) ภาพก่อนการกำจัดพื้นหลัง (ข) ภาพหลังการกำจัดพื้นหลัง

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า ไม่ว่ากรณีใดๆ ทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ดัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้



(ก)

(ข)

รูปที่ 4.5 (ก) ภาพสีเทา (ข) ภาพไบนารี



(ก)

(ข)

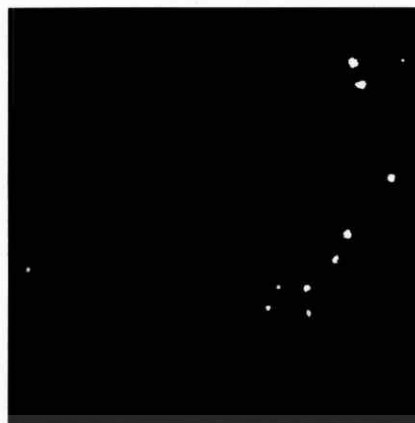
รูปที่ 4.6 (ก) ภาพองค์ประกอบ Green หลังจากแปลงเป็นไบนารี  
(ข) หลังผ่านกระบวนการคอมพลิเมนต์

#### 4.3.3 การกำจัดเม็ดเลือดขาว

จุดประสงค์ของกระบวนการนี้คือการกำจัดเม็ดเลือดขาวออกจากภาพ เนื่องจากเม็ดเลือดขาวไม่ได้เป็นองค์ประกอบของเซลล์ที่ใช้ในการแยกสายพันธุ์มาลาเรียและยังเป็นส่วนที่มีรายละเอียดคล้ายโครมาตินทั้งความเข้มและสี จึงควรถูกกำจัดออกไปเพื่อให้การประมวลผลง่ายขึ้น โดยอัลกอริธึมจะทำการกรองเม็ดเลือดขาวออกจากภาพโดยใช้การกรองขนาด เนื่องจากเม็ดเลือดขาวมีขนาดที่แตกต่างกับโครมาตินอย่างชัดเจน สำหรับโครมาตินจะมีขนาดประมาณ 10-8,000 พิกเซล ส่วนเม็ดเลือดขาวจะมีขนาด 8,000 พิกเซลขึ้นไป ในวิทยานิพนธ์นี้จะกรองวัตถุที่มีขนาดเกิน 8,000 พิกเซลออกจากภาพโดยใช้วิธีการเปิดภาพ โดยรูปที่ 4.7 แสดงภาพไบนารีก่อนและหลังการกำจัดเม็ดเลือดขาว



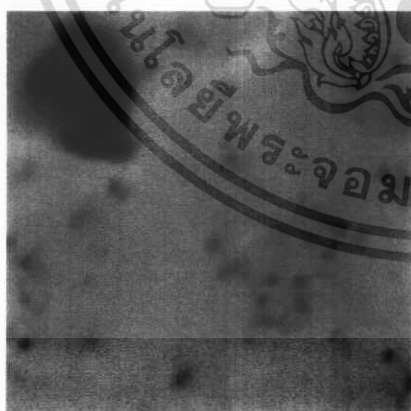
(ก)



(ข)

รูปที่ 4.7 (ก) ภาพก่อนการกำจัดเม็ดเลือดขาว (ข) หลังการกำจัดเม็ดเลือดขาว

ปัญหาที่พบในขั้นตอนนี้คือฟิล์มแต่ละแผ่นผ่านการย้อมสีที่คุณภาพต่างกันซึ่งส่งผลต่อผลลัพธ์ของโครมาตินที่เหลืออยู่ในภาพ ตัวอย่างของภาพจากฟิล์มที่มีการย้อมสีดีแสดงในรูปที่ 4.8 จะเห็นว่าวัตถุมีโอกาสที่จะเป็นโครมาตินสูงและมีสิ่งแปลกปลอมค่อนข้างน้อย เนื่องจากภาพนี้ผ่านกระบวนการย้อมสีฟิล์มได้สม่ำเสมอทั้งภาพ แต่ในกรณีที่มีการย้อมสีที่ไม่สม่ำเสมอภาพที่ได้จะมีสิ่งแปลกปลอมภายในภาพจำนวนมาก ซึ่งอาจจะเป็นบริเวณพื้นหลังของภาพและยังไม่สามารถตรวจจับโครมาตินบางตำแหน่งได้อีก เช่นรูปที่ 4.9 จะเห็นว่าเนื่องจากภาพที่ใช้ในการวิจัยนั้นผ่านกระบวนการย้อมสีซึ่งผลลัพธ์แต่ละครั้งนั้นให้ผลลัพธ์ที่ต่างกัน และนอกจากนี้การตรวจจับโครมาตินจากองค์ประกอบสีเขียวเพียงองค์ประกอบเดียวให้ผลลัพธ์การตรวจจับโครมาตินที่มีค่าความถูกต้องต่ำ ดังนั้นการตรวจจับโครมาตินโดยการเทรซโซลด์ด้วยค่าคงที่ในวิธีที่ 1 นี้จึงยังไม่เหมาะสม



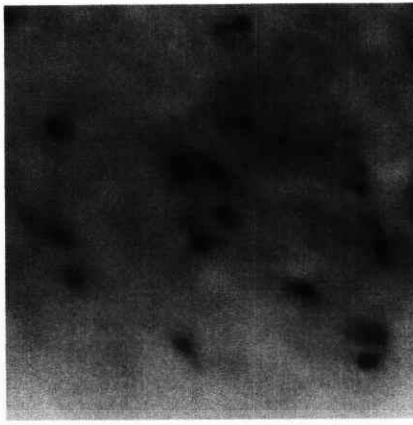
(ก)



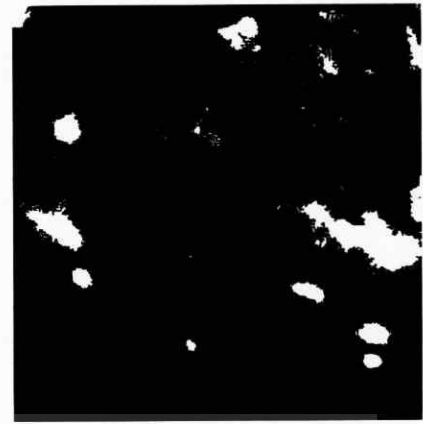
(ข)

รูปที่ 4.8 (ก) ภาพที่ย้อมสีสม่ำเสมอก่อนกระบวนการเปิดภาพ  
(ข) หลังจากกระบวนการเปิดภาพ

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า ไม่ว่าจะกรณีใดๆ ทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ดัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้



(ก)



(ข)

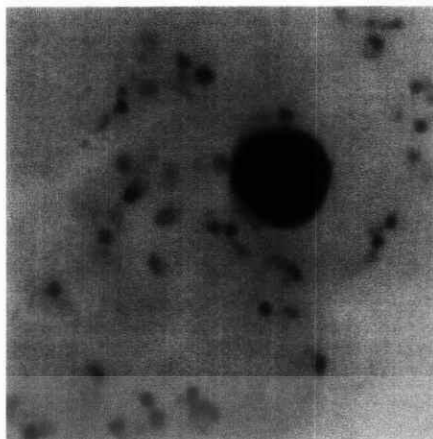
รูปที่ 4.9 (ก) ภาพที่ย้อมสีไม่สม่ำเสมอก่อนกระบวนการเปิดภาพ  
(ข) หลังจากกระบวนการเปิดภาพ

#### 4.4 การพัฒนาอัลกอริธึมสำหรับตรวจจับโครมาตินวิธีที่ 2

การออกแบบอัลกอริธึมเพื่อตรวจจับโครมาตินวิธีที่ 2 ได้ทำการปรับปรุงเพื่อแก้ปัญหาที่พบจากวิธีที่ 1 ซึ่งประกอบด้วย 3 ขั้นตอนคือ กระบวนการเปลี่ยนโมเดลสี, กระบวนการกำจัดเม็ดเลือดขาวในภาพ และ กระบวนการระบุตำแหน่งของโครมาติน ก่อนที่จะนำไปสู่กระบวนการตัดแบ่งภาพต่อไป

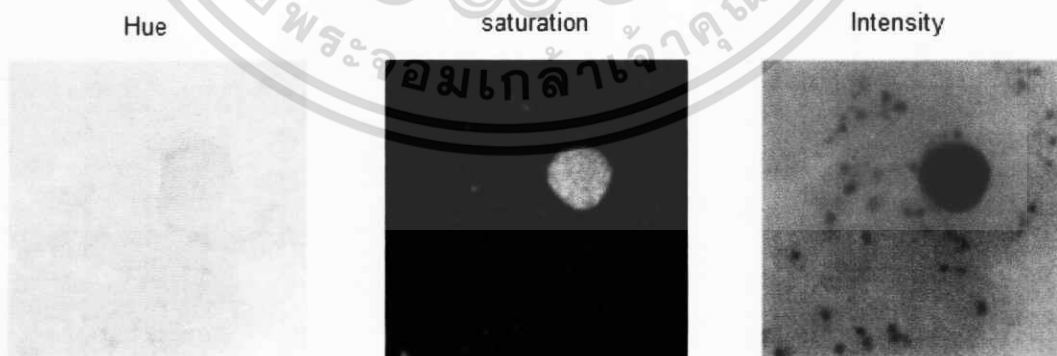
##### 4.4.1 กระบวนการเปลี่ยนโมเดลสี

ภาพถ่ายดิจิทัลที่ได้รับจาก NECTEC จะเป็นไฟล์ JPEG ขนาด  $4,752 \times 3,168$  พิกเซล โดยรูปนั้นจะอยู่ในระบบโมเดลสี RGB ดังตัวอย่างในรูปที่ 4.10 วิทยานิพนธ์นี้เลือกเปลี่ยนระบบสีเป็นระบบ HSI ซึ่งใกล้เคียงกับระบบการมองของมนุษย์และเหมาะสมในการประมวลผลมากกว่าระบบสี RGB โดยระบบสี HSI ประกอบด้วย 3 องค์ประกอบคือ Hue ซึ่งเก็บรายละเอียดองค์ประกอบสีบริสุทธิ์ของภาพ Saturation เป็นองค์ประกอบที่แสดงว่าสีบริสุทธิ์นั้นถูกเจือด้วยแสงขาวมากน้อยแค่ไหน และ Intensity คือความเข้มของภาพหรือระดับ grayscale นั้นเอง ซึ่งการแปลงจากระบบสี RGB เป็นระบบสี HSI สามารถทำได้ดังสมการที่ (3.9) – (3.12)



รูปที่ 4.10 ภาพแผ่นฟิล์มโลหิตหนาในระบบสี RGB

โดยเมื่อระบบสีอยู่ในรูปแบบ HSI แล้วแต่ละองค์ประกอบสีจะมีรายละเอียดดังรูปที่ 4.11 ซึ่งในขั้นตอนต่อไปเราจะใช้องค์ประกอบ Hue และ Intensity ในการประมวลผลภาพ เนื่องจากองค์ประกอบ Hue เก็บรายละเอียดสีของภาพซึ่งโครมาตินและไซโทพลาสซึมมีสีที่แตกต่างจากพื้นหลังของภาพ และองค์ประกอบ Intensity ซึ่งสามารถเห็นโครมาตินและไซโทพลาสซึมได้อย่างชัดเจน

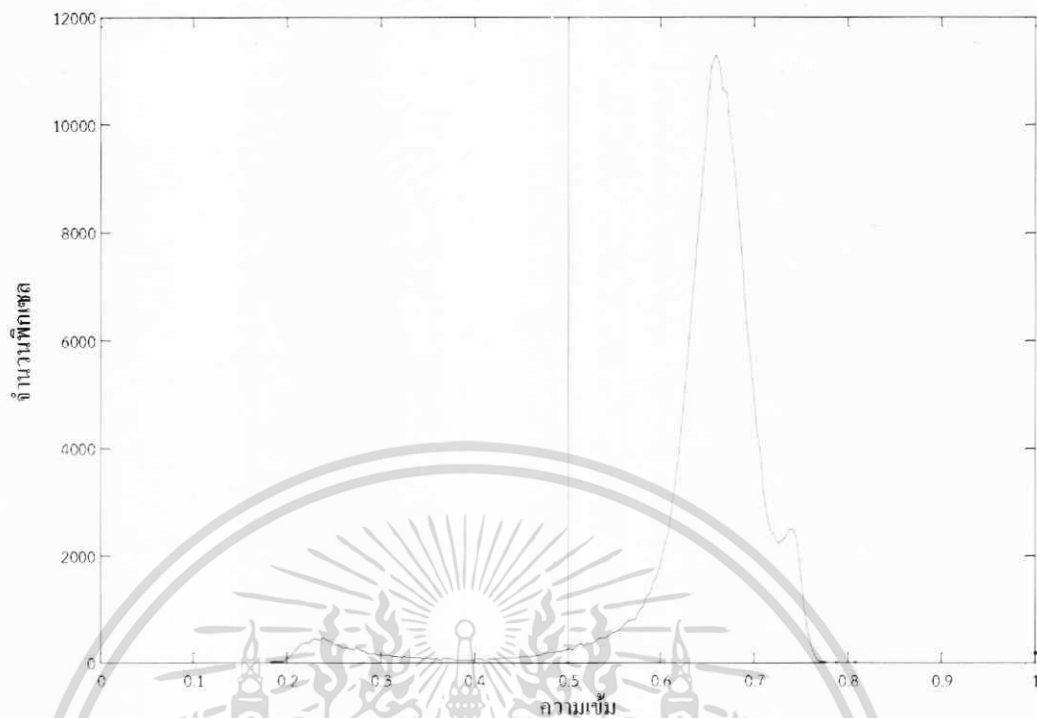


รูปที่ 4.11 ภาพแผ่นฟิล์มโลหิตหนาในรูปที่ 4.10 หลังจากแปลงให้อยู่ในระบบสี HSI

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า ไม่ว่าจะกรณีใดๆ ทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ดัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

#### 4.4.2 กระบวนการกำจัดเม็ดเลือดขาว

เริ่มต้นจะใช้องค์ประกอบ Intensity ซึ่งมีฮิสโทแกรมอยู่ในลักษณะสองกลุ่ม ดังแสดงในรูปที่ 4.12 กลุ่มแรกด้านซ้ายมือนั้นคือความเข้มของเม็ดเลือดขาวและโครมาติน และกลุ่มที่สองด้านขวามือคือความเข้มของพื้นหลังของภาพ การประมวลผลเริ่มจากการแยกเม็ดเลือดขาวและโครมาตินออกจากพื้นหลังโดยการ เทรสโซลด์ฟิกเชลที่อยู่ในกลุ่มทั้งสองออกจากกัน แต่เนื่องจากผลจากการย้อมสีทำให้ระดับความเข้มของภาพแต่ละภาพไม่เท่ากัน จึงไม่สามารถเทรสโซลด์ด้วยค่าคงที่ จึงต้องเลือกใช้วิธีหาค่าเทรสโซลด์อัตโนมัติ โดยงานวิจัยนี้ใช้ Global thresholding ด้วยวิธีของ Gonzalez และ Woods [12] เนื่องจากวิธีนี้เหมาะสมกับภาพที่ฮิสโทแกรมมีลักษณะสองกลุ่ม โดยค่าเทรสโซลด์ที่คำนวณได้เท่ากับ 0.5 จะแสดงดังรูปที่ 4.12 จากนั้นอัลกอริธึมจะทำการเปลี่ยนพื้นที่ของภาพที่มีค่าความเข้มมากกว่าค่าเทรสโซลด์ให้เป็นสีดำดังรูปที่ 4.13 โดยรูปที่ 4.13(ก) คือภาพในองค์ประกอบ Intensity ก่อนทำการเทรสโซลด์และรูปที่ 4.13(ข) คือภาพองค์ประกอบ Intensity หลังการเทรสโซลด์ โดยบริเวณที่ไม่ได้ถูกเปลี่ยนเป็นสีดำคือบริเวณที่อาจจะเป็นโครมาตินและเม็ดเลือดขาว จากนั้นภาพที่ได้จะถูกเปลี่ยนเป็นภาพไบนารีเพื่อให้ง่ายต่อการคำนวณดังรูปที่ 4.14 โดยรูปที่ 4.14(ก) คือภาพในระบบสีเทาและรูปที่ 4.14(ข) คือภาพไบนารี โดยเมื่อแปลงเป็นภาพไบนารีแล้วภาพที่ได้บริเวณเม็ดเลือดขาวจะมีช่องว่างภายในจึงต้องนำไปผ่านกระบวนการเติมเต็มบริเวณ เพื่อเติมบริเวณภายในให้เป็นสีขาวเหมือนขอบด้านนอกเพื่อใช้ในกระบวนการกำจัดเม็ดเลือดขาว ดังรูปที่ 4.15 โดยรูปที่ 4.15(ก) คือภาพก่อนการเติมเต็มบริเวณ และรูปที่ 4.15(ข) คือหลังจากผ่านกระบวนการเติมเต็มบริเวณ พื้นที่บริเวณที่ใกล้เม็ดเลือดขาวมากๆ ซึ่งอาจจะเป็นโครมาตินจะถูกรวมกับพื้นที่ที่เป็นเม็ดเลือดขาว โดยผ่านกระบวนการขยาย ซึ่งจะทำให้ขอบของวัตถุมีขนาดใหญ่ขึ้น ซึ่งวิทยานิพนธ์นี้จะใช้โครงสร้างแบบจวนกลมขนาด 5 พิกเซลเพื่อกำจัดโครมาตินที่อยู่ติดกับเม็ดเลือดขาวมากเกินไปเพราะไม่สะดวกในการวิเคราะห์ไฮโทพลาสซึมของปรสิต รูปที่ 4.16(ก) คือภาพก่อนที่จะผ่านกระบวนการขยายและรูปที่ 4.16(ข) คือภาพหลังจากผ่านกระบวนการขยายแล้ว ซึ่งจะเห็นว่าวัตถุแต่ละชิ้นนั้นมีขนาดใหญ่ขึ้นและพื้นที่ใกล้เม็ดเลือดขาวจะถูกรวมเป็นส่วนหนึ่งของเม็ดเลือดขาว หลังจากนั้นอัลกอริธึมจะทำการกรองเม็ดเลือดขาวออกจากภาพโดยใช้การกรองวัตถุที่มีขนาดเกิน 8,000 พิกเซลออกจากภาพโดยใช้วิธีการเปิดภาพ



รูปที่ 4.12 ฮิสโทแกรมขององค์ประกอบ Intensity และค่าเทรสิซอลด์ (เส้นสีแดง)

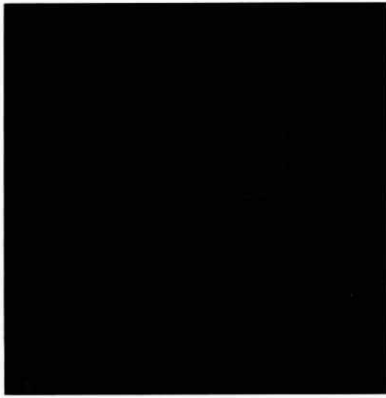


(ก)

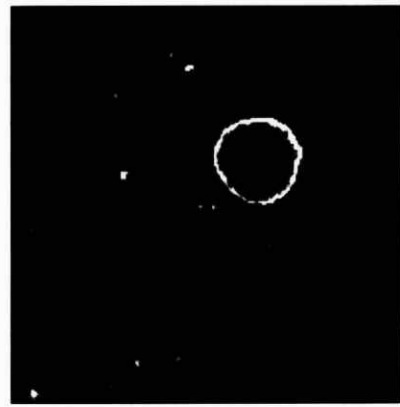
(ข)

รูปที่ 4.13 ภาพ (ก) ก่อน และ (ข) หลังการเทรสิซอลด์แบบค่าโกลบอล

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า  
ไม่ว่ากรณีใดๆ ทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ดัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้



(ก)



(ข)

รูปที่ 4.14 ภาพ (ก) ก่อน และ (ข) หลังการแปลงไบนารี

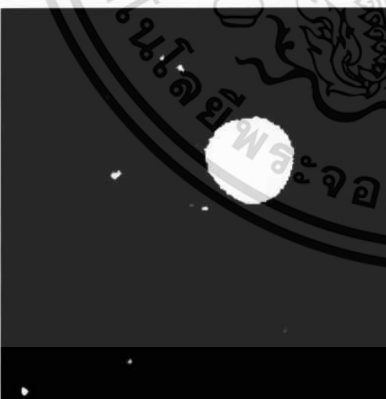


(ก)

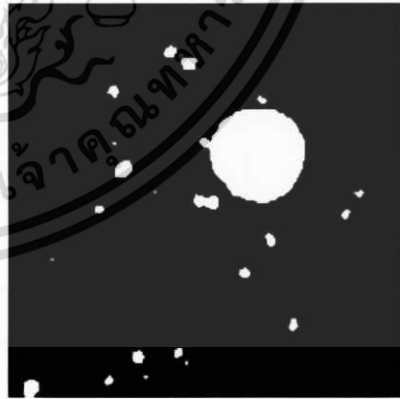


(ข)

รูปที่ 4.15 ภาพ (ก) ก่อน และ (ข) หลังกระบวนการเติมเต็มบริเวณ



(ก)



(ข)

รูปที่ 4.16 ภาพ (ก) ก่อน และ (ข) หลังกระบวนการขยาย

#### 4.4.3 กระบวนการระบุตำแหน่งโครมาติน

รูปที่ 4.17 แสดงภาพก่อนและหลังจากผ่านกระบวนการกำจัดเม็ดเลือดขาว จะเห็นว่าบริเวณที่เป็นเม็ดเลือดขาวจะไม่ปรากฏในภาพอีก แต่ว่าขนาดของวัตถุที่เหลืออยู่ซึ่งอาจจะเป็นโครมาตินจะมีขนาดที่ใหญ่กว่าขนาดที่แท้จริงเนื่องจากผ่านกระบวนการขยายมาก่อนหน้านี้ จึงต้องทำให้แต่ละวัตถุมีขนาดเท่าเดิมด้วยกระบวนการเซาะภาพโดยจะใช้โครงสร้างแบบจานกลมขนาด 5 พิกเซล ซึ่งเป็นโครงสร้างเดียวกับที่ใช้ในกระบวนการขยายเพื่อให้แต่ละวัตถุมีขนาดและรูปร่างสัดส่วนใกล้เคียงกับของเดิมก่อนผ่านกระบวนการขยายมากที่สุด



(ก)

(ข)

รูปที่ 4.17 ภาพ (ก) ก่อน และ (ข) หลังการกำจัดเม็ดเลือดขาว

รูปที่ 4.18 แสดงภาพตัวอย่างหลังจากผ่านกระบวนการเซาะภาพแล้ว ปัญหาที่พบในขั้นตอนนี้คือฟิล์มแต่ละแผ่นผ่านการย้อมสีที่คุณภาพต่างกันซึ่งส่งผลต่อผลลัพธ์ของโครมาตินที่เหลืออยู่ในภาพ ตัวอย่างของภาพจากฟิล์มที่มีการย้อมสีดีแสดงในรูปที่ 4.19 จะเห็นว่าวัตถุมีโอกาสที่จะเป็นโครมาตินสูงและมีสิ่งแปลกปลอมน้อยมากเนื่องจากภาพนี้ผ่านกระบวนการย้อมสีฟิล์มได้สม่ำเสมอทั้งภาพ แต่ในกรณีที่มีการย้อมสีที่ไม่ดีภาพที่ได้จะมีสิ่งแปลกปลอมภายในภาพจำนวนมาก เช่นรูปที่ 4.20 ซึ่งภาพต้นฉบับมีสีพื้นหลังที่ไม่สม่ำเสมอ

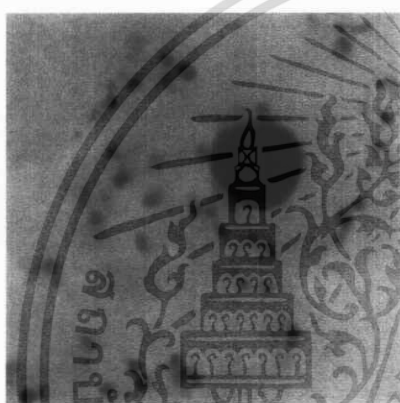


(ก)



(ข)

รูปที่ 4.18 ภาพ (ก) ก่อน และ (ข) หลังผ่านกระบวนการเซาะภาพ

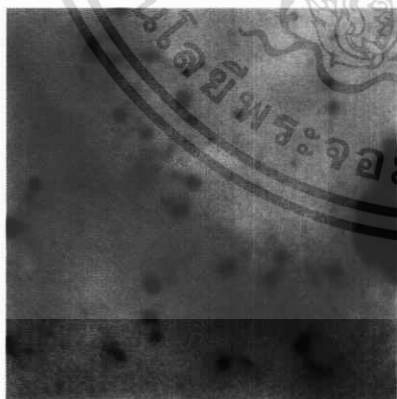


(ก)



(ข)

รูปที่ 4.19 (ก) ภาพที่ย้อมสีสม่ำเสมอก่อนกระบวนการเซาะภาพ (ข) หลังจากกระบวนการเซาะภาพ



(ก)

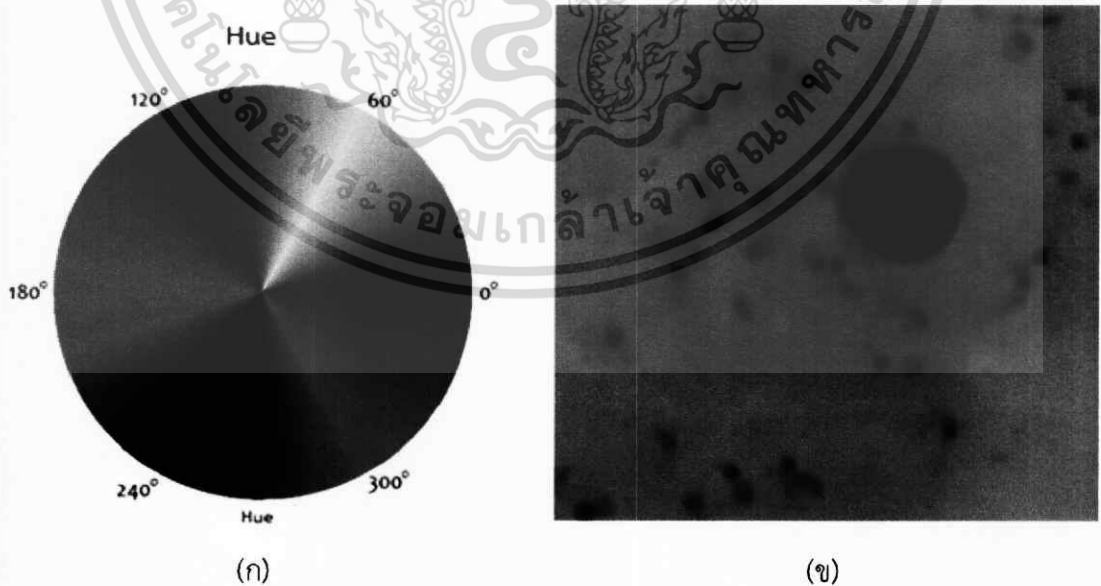


(ข)

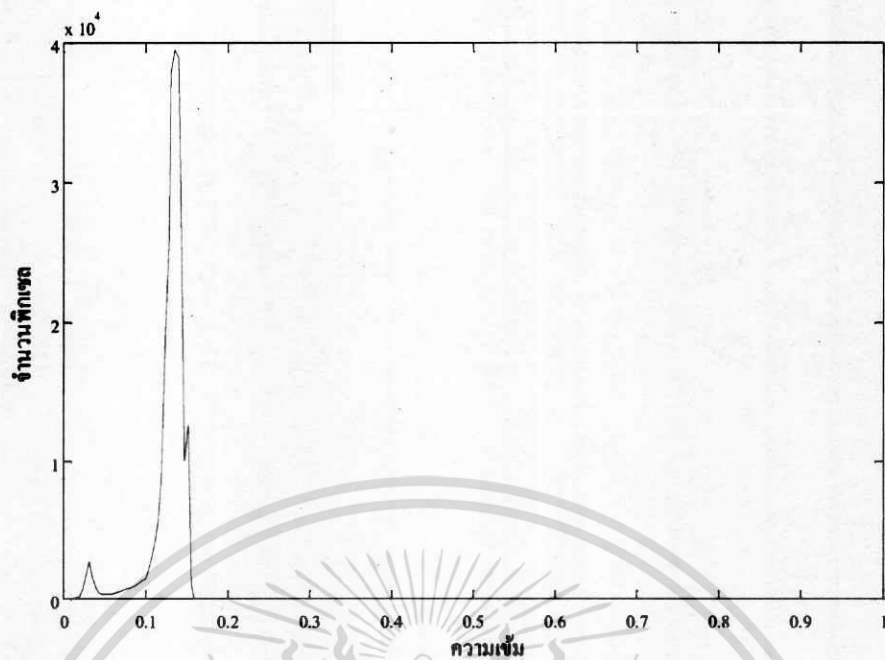
รูปที่ 4.20 (ก) ภาพที่ย้อมสีไม่สม่ำเสมอก่อนกระบวนการเซาะภาพ  
(ข) หลังจากกระบวนการเซาะภาพ

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า  
ไม่ว่ากรณีใดๆ ทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ดัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

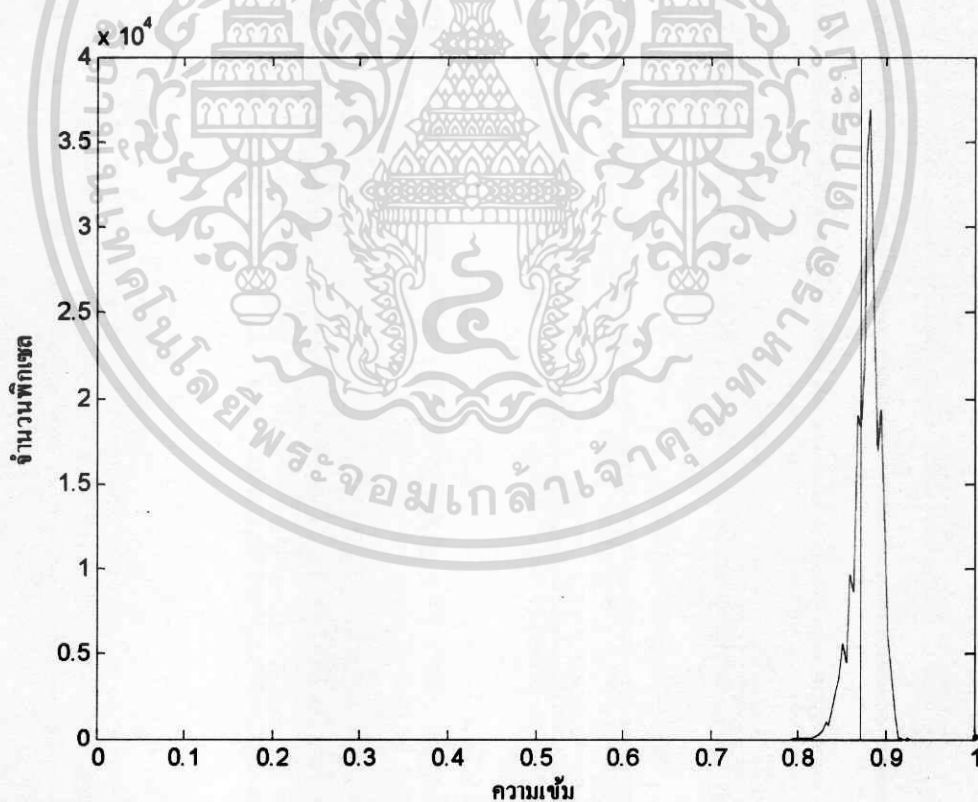
การแก้ปัญหาดังกล่าว จะใช้องค์ประกอบอื่นของโมเดลสี HSI ในการกำจัดสิ่งแปลกปลอมเหล่านี้ ออกไป โดยกระบวนการกำจัดสิ่งแปลกปลอมนี้ต้องใช้กับภาพที่มีจำนวนเซลล์เม็ดเลือดขาวจำนวนมากเท่านั้น โดยจะเลือกใช้อัตราประกอบ Hue ซึ่งเก็บข้อมูลสีของรูปภาพ ตัวอย่างเช่นรูปที่ 4.21(ข) มีโทนสีเหลืองเป็นส่วนใหญ่ องค์ประกอบ Hue จะอยู่ในช่วง 60 องศา ดังรูปที่ 4.21(ก) ดังนั้นฮิสโทแกรมขององค์ประกอบ Hue ดังรูปที่ 4.22 จะมีค่าสูงสุดที่ 0.16 (โดยคำนวณจาก  $60^\circ / 360^\circ = 0.16$ ) โดยปกติแล้วโครมาตินมักมีสีม่วงแดงหรืออยู่ในช่วง 300-360 องศาในองค์ประกอบ Hue แต่เนื่องจากการย้อมสีทำให้ภาพแต่ละภาพนั้นมีโทนสีต่างกัน ดังนั้นการจะใช้ค่าเทรโซลด์คงที่ในการแยกโครมาตินในองค์ประกอบ Hue จึงไม่สามารถทำได้ จึงต้องใช้วิธีหาค่าเทรโซลด์อัตโนมัติ โดยจะเลือกใช้วิธีการของ Otsu [13] ในการหาค่าเทรโซลด์ เนื่องจากฮิสโทแกรมขององค์ประกอบ Hue ไม่ได้มีลักษณะเป็นสองกลุ่ม จึงไม่เหมาะสมที่จะใช้วิธีของ Gonzalez and Woods รูปที่ 4.23 แสดงฮิสโทแกรมขององค์ประกอบ Hue และค่าเทรโซลด์ที่ได้จากวิธีการของ Otsu สำหรับภาพต้นฉบับในรูปที่ 4.20(ก) และรูปที่ 4.24 แสดงภาพในองค์ประกอบ Hue ก่อนและหลังการเทรโซลด์โดยกำหนดให้บริเวณพิกเซลที่มีค่ามากกว่าค่าเทรโซลด์มีค่าเป็น 1 (สีขาว) โดยหลังจากผ่านการเทรโซลด์แล้ว อัลกอริธึมจะแปลงภาพเป็นภาพไบนารีและทำการคอมพลิเมนต์รูปภาพเพื่อให้ง่ายต่อการจัดการดังแสดงในรูปที่ 4.25 จะเห็นว่ายังมีส่วนที่เป็นเม็ดเลือดขาวอยู่ในภาพ อัลกอริธึมจะใช้มาสก์ที่ได้จากองค์ประกอบ Intensity มาช่วยกำจัดเม็ดเลือดขาวในภาพองค์ประกอบ Hue ออกไปดังแสดงในรูปที่ 4.26 และกำจัดวัตถุซึ่งอยู่บริเวณขอบของภาพออกไปเนื่องจากยากต่อการวิเคราะห์



รูปที่ 4.21 (ก) องค์ประกอบ Hue และ (ข) ภาพโทนสีเหลือง



รูปที่ 4.22 ฮิสโทแกรมองค์ประกอบ Hue ของภาพโทนสีเหลืองจากรูปที่ 4.21

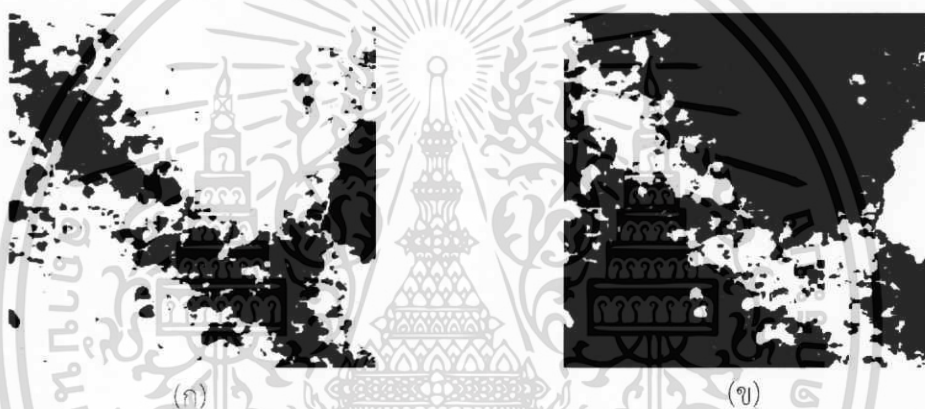


รูปที่ 4.23 ฮิสโทแกรมขององค์ประกอบ Hue และค่าเทรสโพลด์ของ Otsu

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า  
ไม่ว่ากรณีใดๆ ทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ดัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้



รูปที่ 4.24 ภาพองค์ประกอบ Hue (ก) ก่อนและ (ข) หลังการเทรสโฮลด์ด้วยวิธีการของ Otsu



รูปที่ 4.25 ภาพองค์ประกอบ Hue (ก) หลังจากแปลงเป็นไบนารี  
(ข) หลังผ่านกระบวนการคอมพลิเมนต์



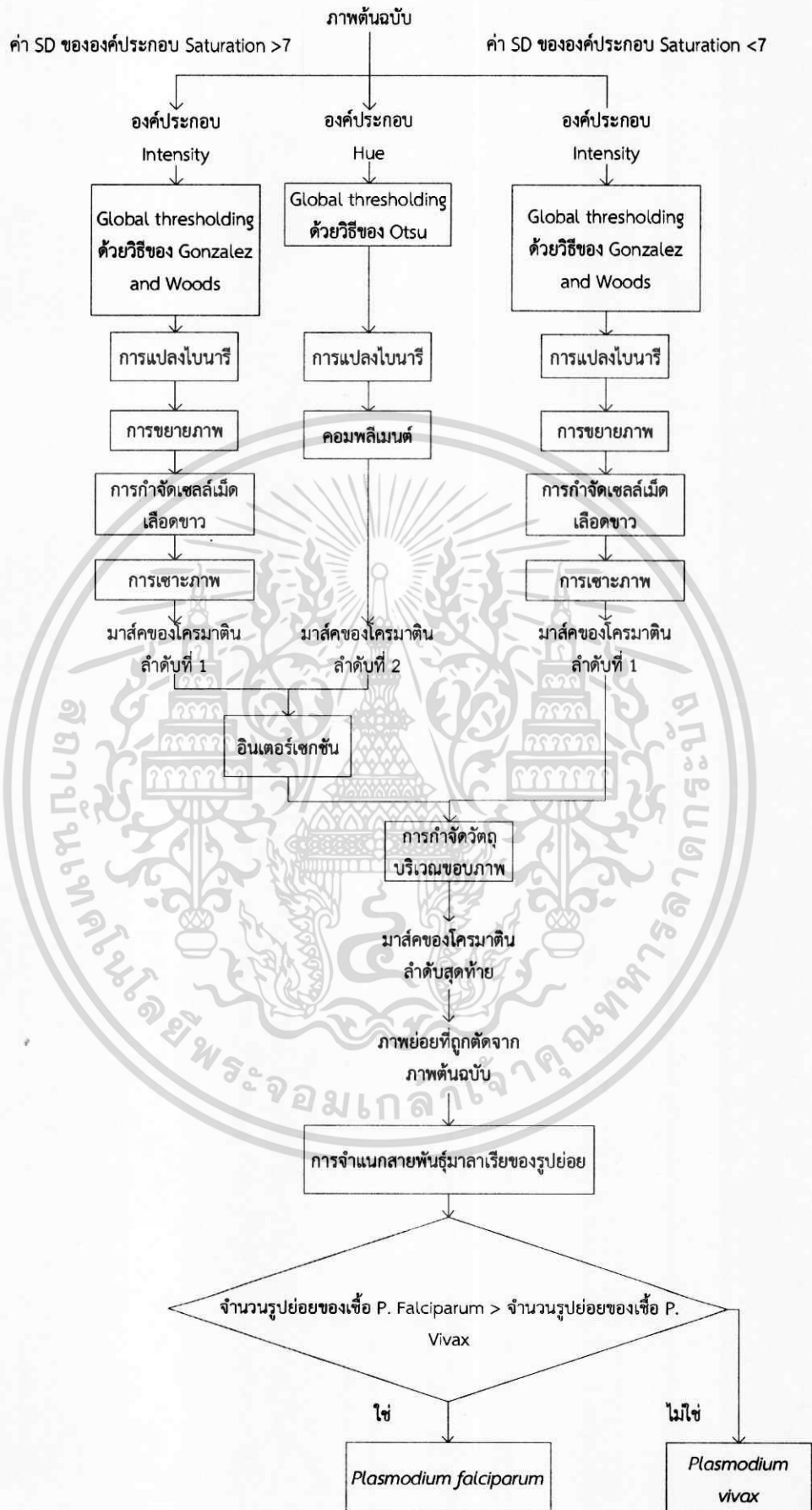
รูปที่ 4.26 ภาพองค์ประกอบ Hue (ก) หลังผ่านกระบวนการคอมพลิเมนต์  
(ข) หลังใช้มาสก์ขององค์ประกอบ Intensity กำจัดเม็ดเลือดขาว

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า  
ไม่ว่ากรณีใดๆ ทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ตัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

รูปที่ 4.27(ข) หลังจากกำจัดวัตถุบริเวณขอบภาพออกไปแล้วคือมาสค์ของโครมาติน โดยตำแหน่งที่เป็นสีขาวคือบริเวณที่อาจจะเป็นโครมาติน ระบบจะใช้ตำแหน่งเหล่านี้ในการตัดภาพต้นฉบับออกเป็นภาพย่อยขนาด 140X140 พิกเซล โดยตำแหน่งกึ่งกลางของภาพคือตำแหน่งสีขาว แต่ละจุดในมาสค์ของโครมาติน กระบวนการประมวลผลภาพเบื้องต้นเพื่อตรวจจับโครมาตินและตัดแยกภาพย่อยสามารถสรุปเป็นผังงานได้ดังรูปที่ 4.28 ตัวอย่างผลลัพธ์แสดงดังรูปที่ 4.29 แต่ละภาพย่อยประกอบด้วยโครมาตินและไซโทพลาสซึม แต่ละภาพย่อยจะถูกนำไปคำนวณค่าทางสถิติเพื่อใช้เป็นคุณลักษณะในการคัดแยกสายพันธุ์มาลาเรียของภาพต่อไป

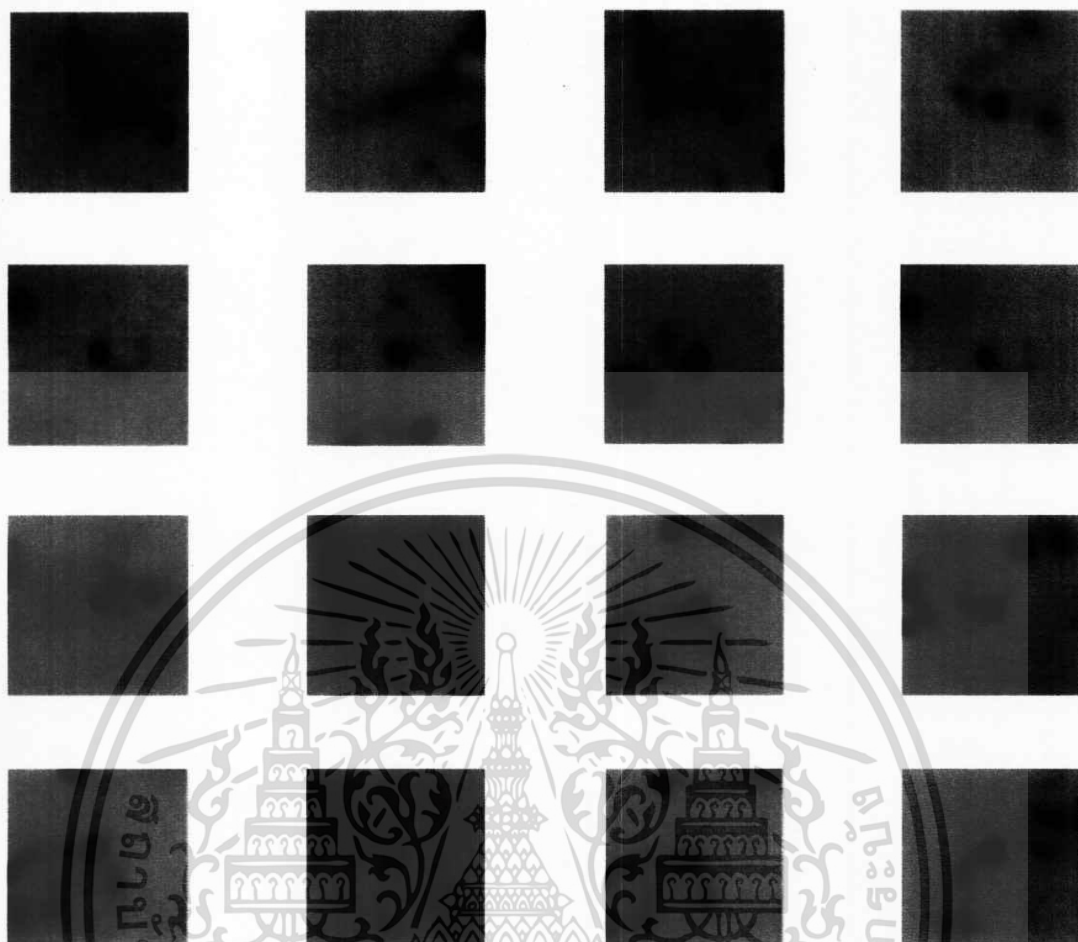


รูปที่ 4.27 (ก) ภาพหลังใช้มาสค์ขององค์ประกอบ Intensity กำจัดเม็ดเลือดขาว  
(ข) มาสค์ของโครมาติน



รูปที่ 4.28 ผังงานของขั้นตอนการระบุตำแหน่งโครมาตินและตัดแยกภาพย่อย

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า ไม่ว่ากรณีใดๆ ทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ดัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้



รูปที่ 4.29 ตัวอย่างผลลัพธ์ภาพย่อยที่ได้จากการประมวลผลเบื้องต้น

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า ไม่ว่าจะกรณีใดๆ ทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ดัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

## บทที่ 5

# การเลือกคุณลักษณะของภาพ

### 5.1 พารามิเตอร์ที่เลือกใช้

เมื่อภาพต้นฉบับได้ถูกแบ่งเป็นภาพย่อยขนาดเล็ก โดยที่แต่ละภาพประกอบด้วยโครมาตินและไซโทพลาสซึมแล้ว แต่ละภาพย่อยนั้นจะถูกคำนวณคุณลักษณะของภาพออกมาโดยใช้ค่าทางสถิติ 5 ค่าได้แก่ ค่าเฉลี่ย ( $\mu$ ) ส่วนเบี่ยงเบนมาตรฐาน ( $\sigma$ ) ความเบ้ ( $K$ ) ความโด่ง ( $\gamma$ ) และเอนโทรปี ( $E$ ) โดยจะคำนวณจากองค์ประกอบสี 4 องค์ประกอบได้แก่ เขียว ( $G$ ), Intensity ( $I$ ), Saturation ( $S$ ) และ Value ( $V$ ) โดยสามารถคำนวณได้จากสมการที่ (5.1)-(5.5)

$$\mu(Z) = \frac{1}{n} \sum_{i=1}^n x_i \quad (5.1)$$

$$\sigma(Z) = \left( \frac{1}{n} \sum_{i=1}^n (x_i - \mu)^2 \right)^{1/2} \quad (5.2)$$

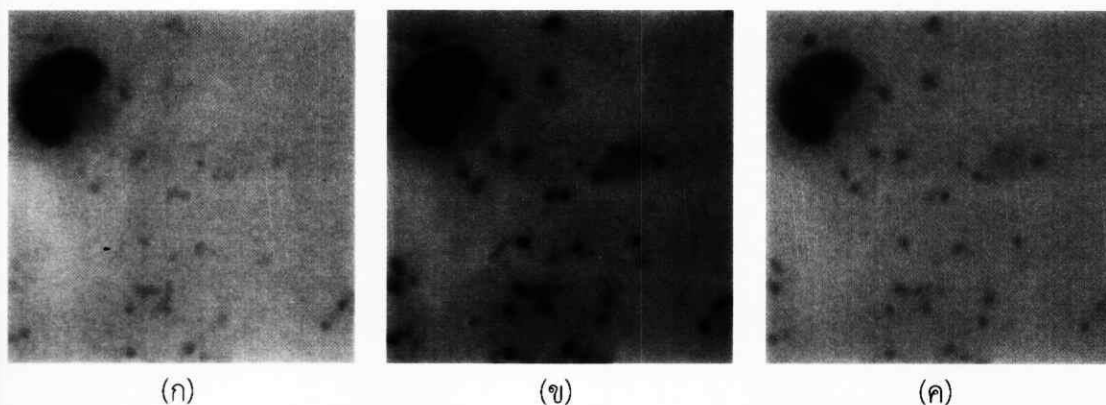
$$K(Z) = \frac{\frac{1}{n} \sum_{i=1}^n (x_i - \mu)^4}{\sigma(Z)^4} \quad (5.3)$$

$$\gamma(Z) = \frac{\frac{1}{n} \sum_{i=1}^n (x_i - \mu)^3}{\sigma(Z)^{3/2}} \quad (5.4)$$

$$E(Z) = - \sum_i P_i \log_2 P_i \quad (5.5)$$

โดยที่  $x_i$  คือค่าพิกเซลที่  $i$  ของภาพ,  $n$  คือจำนวนพิกเซลทั้งหมดของภาพ,  $P_i$  คือการกระจายของค่าพิกเซล และ  $Z$  คือภาพย่อยแต่ละองค์ประกอบสีหนึ่งๆ โดยความหมายของค่าสถิติเหล่านี้ได้ถูกอธิบายไว้ในบทที่ 3

สาเหตุที่เลือก 4 องค์ประกอบสีนี้มาคำนวณคุณลักษณะของภาพเนื่องจากทั้ง 4 องค์ประกอบนั้นเก็บข้อมูลรายละเอียดของโครมาตินและไซโทพลาสซึมของภาพได้ชัดเจนที่สุดเมื่อเทียบกับองค์ประกอบสีอื่น รูปที่ 5.1 แสดงภาพจากโมเดลสี RGB ซึ่งจะเห็นว่ารูปจากองค์ประกอบสีเขียว (รูปที่ 5.1(ข)) สามารถมองเห็นโครมาตินและไซโทพลาสซึมได้อย่างชัดเจนมากกว่าองค์ประกอบสีอื่น ดังนั้นองค์ประกอบสีเขียวจึงถูกเลือกนำมาใช้คำนวณ รูปที่ 5.2 แสดงรูปจากโมเดลสี HSI ซึ่งจะเห็นว่ารูปจากองค์ประกอบ Saturation (รูปที่ 5.2(ข)) และองค์ประกอบ Intensity (รูปที่ 5.2(ค)) สามารถมองเห็นโครมาตินและไซโทพลาสซึมได้อย่างชัดเจน เช่นเดียวกับรูปจากองค์ประกอบ Value (รูปที่ 5.3(ค)) ของโมเดลสี HSV ภาพในองค์ประกอบสีเหล่านี้จึงถูกเลือกมาใช้



รูปที่ 5.1 (ก) องค์ประกอบสีแดง (ข) องค์ประกอบสีเขียว (ค) องค์ประกอบสีน้ำเงิน จากโมเดลสี RGB



รูปที่ 5.2 (ก) องค์ประกอบ Hue (ข) องค์ประกอบ Saturation (ค) องค์ประกอบ Intensity จากโมเดลสี HSI



รูปที่ 5.3 (ก) องค์ประกอบ Hue (ข) องค์ประกอบ Saturation (ค) องค์ประกอบ Value จากโมเดลสี HSV

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า ไม่ว่าจะกรณีใดๆ ทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ดัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

ค่าเฉลี่ย  $\mu$  และค่าความแปรปรวน  $\sigma^2$  ของค่าสถิติทั้ง 5 ค่าคำนวณรวมทั้ง 4 องค์กรประกอบสีนั้นถูกแสดงในตารางที่ 5.1 จากตารางจะเห็นว่าสายพันธุ์มาลาเรียทั้ง 2 สายพันธุ์มีค่าทางสถิติที่แตกต่างกันอย่างชัดเจนสามารถนำค่าสถิติเหล่านี้มาใช้ในการจำแนกสายพันธุ์ได้ เช่น ค่าเฉลี่ยของความโด่ง ค่าความแปรปรวนของความโด่ง ค่าความแปรปรวนของความเบ้ เป็นต้น

ตารางที่ 5.1 ค่าสถิติของภาพย่อยคำนวณรวมกันทั้ง 4 องค์กรประกอบสี

		สายพันธุ์มาลาเรีย	
		<i>P. falciparum</i>	<i>P. vivax</i>
ค่าเฉลี่ย	$\mu$	0.5248	0.5514
	$\sigma^2$	0.0695	0.0434
ส่วนเบี่ยงเบนมาตรฐาน	$\mu$	0.0453	0.0513
	$\sigma^2$	0.0001	0.0004
ความโด่ง	$\mu$	23.2021	4.7575
	$\sigma^2$	141.8208	3.9440
ความเบ้	$\mu$	-1.0070	-0.4180
	$\sigma^2$	16.3394	0.8046
เอนโทรปี	$\mu$	4.9407	5.5695
	$\sigma^2$	0.1100	0.4212

เมื่อคำนวณค่าทางสถิติเสร็จแล้ว คุณลักษณะของภาพจะถูกจัดอยู่ในรูปเวกเตอร์ดังแสดงในสมการที่ (5.6)

$$f(Z)=[\mu(Z); \sigma^2(Z); K(Z); \gamma(Z); E(Z)] \quad (5.6)$$

โดยที่  $f(Z)$  นั้นคือเวกเตอร์คุณลักษณะที่คำนวณจาก องค์กรประกอบสีหนึ่งๆ มีขนาด  $5 \times 1$  ดังนั้นเมื่อรวมทั้ง 4 องค์กรประกอบสีแล้วจะอยู่ในรูปของเวกเตอร์ขนาด  $20 \times 1$  ดังสมการที่ (5.7)

$$x(i)=[f(G); f(I); f(S); f(V)] \quad (5.7)$$

โดยที่  $x(i)$  คือเวกเตอร์คุณลักษณะ (Feature vector) สำหรับรูปย่อยที่  $i$

## 5.2 การสร้างเบสิส (Basis construction)

การใช้คุณลักษณะจำนวนมากเกินไปอาจทำให้ระบบประมวลผลช้า รวมถึงคุณลักษณะบางตัวอาจไม่มีประโยชน์ในการคัดแยกสายพันธุ์เท่ากับคุณลักษณะอื่นๆ ดังนั้นในวิทยานิพนธ์นี้จะไม่ใช้คุณลักษณะที่ได้จากสมการที่ (5.7) โดยตรง แต่จะลดจำนวนคุณลักษณะลงให้เหลือเฉพาะเอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้าไม่ว่ากรณีใดๆ ทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ดัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

คุณลักษณะที่สำคัญด้วยวิธีการฉาย (projection) เวกเตอร์คุณลักษณะลงไปยังมิติที่มีขนาดเล็กกว่า ผ่านเบสิสเมตริกซ์ (Basis matrix) ที่เหมาะสม

เบสิสเมตริกซ์จะถูกสร้างจากภาพแผ่นฟิล์มโลหิตหนาของเชื้อ *P. falciparum* จำนวน 10 ภาพ (40 ภาพย่อย) และเชื้อ *P. vivax* จำนวน 15 ภาพ (25 ภาพย่อย) โดยภาพที่ใช้ฝึกเหล่านี้ถูกคัดเลือกจากภาพจำนวนมากโดยผู้วิจัย โดยภาพที่เลือกมานี้สามารถแสดงคุณลักษณะของมาลาเรียทั้งสองสายพันธุ์ได้ดีที่สุด

กำหนดให้  $X_f$  เป็นเมตริกซ์ของเวกเตอร์คุณลักษณะจากเชื้อมาลาเรียสายพันธุ์ *P. falciparum* และ  $X_v$  จากเชื้อสายพันธุ์ *P. vivax* โดย  $X_f = [x_f(1) \ x_f(2) \ \dots \ x_f(n_f)]$  และ  $X_v = [x_v(1) \ x_v(2) \ \dots \ x_v(n_v)]$  ในที่นี้  $n_f = 40$  และ  $n_v = 25$  ดังนั้น  $X_f$  มีขนาด  $20 \times 40$  และ  $X_v$  มีขนาด  $20 \times 25$

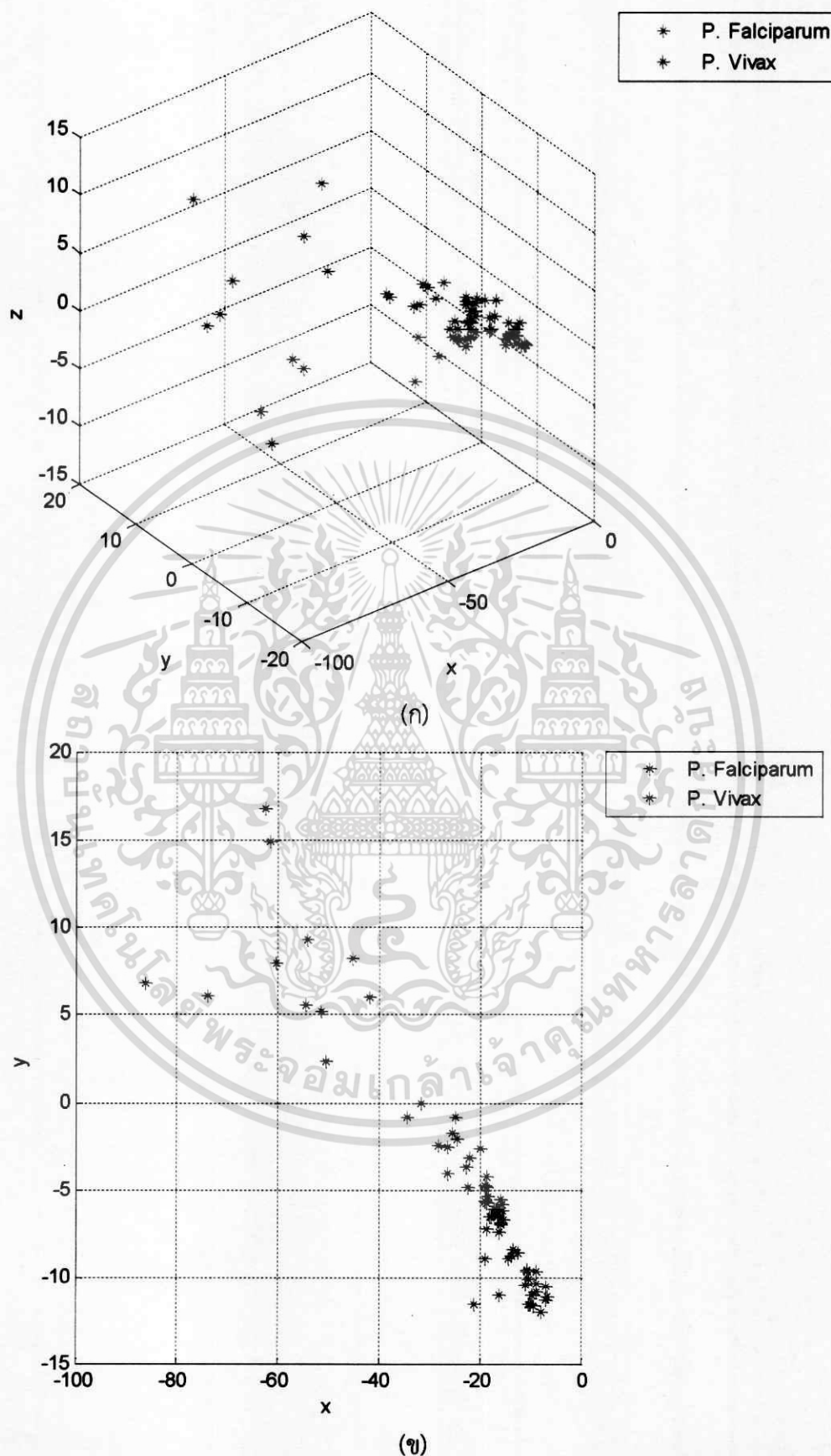
### 5.2.1 การสร้างเบสิสวิธีที่ 1

เมตริกซ์  $X_f$  และ  $X_v$  ถูกแยกองค์ประกอบด้วยวิธีการแยกองค์ประกอบเชิงเดี่ยว ดังสมการที่ (5.8)-(5.9)

$$X_f = U_f S_f V_f^T \quad (5.8)$$

$$X_v = U_v S_v V_v^T \quad (5.9)$$

เราเลือก 3 คอลัมน์แรกของ  $U_f$  และ  $U_v$  เป็นเบสิสเมตริกซ์ จากนั้นข้อมูล  $X_f$  จะถูกฉายลงบนปริภูมิ (space) ที่แผ่ (span) ด้วย  $U_f$  ซึ่งเป็นปริภูมิ 3 มิติเท่านั้น เช่นเดียวกัน ข้อมูล  $X_v$  จะถูกฉายลงบนปริภูมิ ที่แผ่ด้วย  $U_v$  รูปที่ 5.4 แสดงข้อมูลที่ถูกฉายไปบนปริภูมิ  $U_f$  และ  $U_v$  เราจะเห็นว่าจุดข้อมูลของเชื้อทั้งสองสายพันธุ์ อยู่ในตำแหน่งที่แยกออกจากกันค่อนข้างชัดเจน อย่างไรก็ตามในการคัดแยกเชื้อนั้นจะต้องใช้เบสิสเมตริกซ์เพียงเมตริกซ์เดียว เนื่องจากสายพันธุ์ของเชื้อในภาพเป็นสิ่งที่เราไม่ทราบล่วงหน้า ดังนั้นผู้วิจัยจึงพัฒนาวิธีสร้างเบสิสวิธีที่ 2 เพื่อใช้ในการคัดแยกสายพันธุ์



รูปที่ 5.4 (ก) คุณลักษณะหลังการฉายลงบนปริภูมิ 3 มิติด้วยเบสิสจากวิธีที่ 1 (ข) ตำแหน่งข้อมูลเมื่อมองใน (มุมมอง) ระนาบ x-y

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้าไม่ว่ากรณีใดๆ ทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ตัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

## 5.2.2 การสร้างเบสิสวิธีที่ 2

สำหรับวิธีนี้จะสร้างเมตริกซ์คุณลักษณะใหม่  $X_{\text{both}}$  จากเมตริกซ์คุณลักษณะเดิมทั้งสองเมตริกซ์  $X_f$  และ  $X_v$  ดังสมการที่ (5.10)

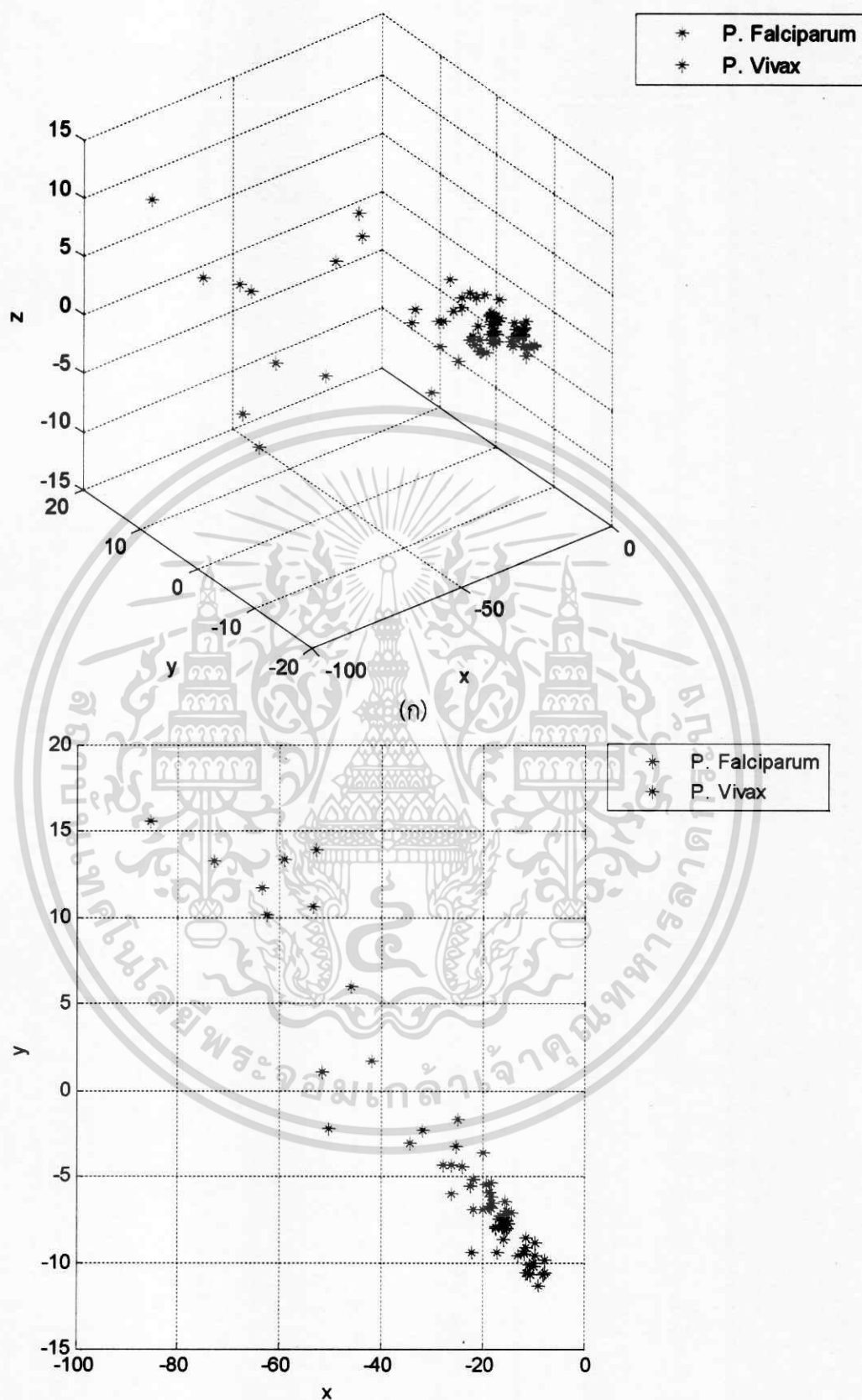
$$X_{\text{both}} = [X_f, X_v] \quad (5.10)$$

หลังจากนั้น  $X_{\text{both}}$  ถูกแยกองค์ประกอบโดยใช้การแยกองค์ประกอบเชิงเดี่ยวดังสมการที่ (5.11)

$$X_{\text{both}} = U_{\text{both}} S_{\text{both}} V_{\text{both}}^T \quad (5.11)$$

โดยที่  $U_{\text{both}}$  คือ left singular matrix ,  $V_{\text{both}}$  คือ right singular matrix และ  $S_{\text{both}}$  คือเมตริกซ์ทแยงมุมซึ่งบรรจุ ค่าเอกฐาน เราเลือก 3 คอลัมน์แรกของ  $U_{\text{both}}$  ซึ่งครอบคลุม 90% ของความแปรปรวนทั้งหมดของเมตริกซ์  $X_{\text{both}}$  มาใช้เป็นเบสิสเมตริกซ์ โดยเมตริกซ์คุณลักษณะ  $X_f$  และ  $X_v$  หลังการฉายลงบนปริภูมิซึ่งแผ่ด้วย  $U_{\text{both}}$  ถูกแสดงใน รูปที่ 5.5 เนื่องจากการใช้เบสิสจากวิธีที่ 2 นี้ให้ผลลัพธ์การคัดแยกสายพันธุ์ที่ต่ำ ดังผลการทดลองในบทที่ 6 ผู้วิจัยจึงพัฒนาวิธีการสร้างเบสิสวิธีที่ 3 ขึ้นเพื่อปรับปรุงประสิทธิภาพการคัดแยกสายพันธุ์ให้ดียิ่งขึ้น





(ข)

รูปที่ 5.5 (ก) คุณลักษณะหลังการฉายลงบนปริภูมิ 3 มิติด้วยเบสิสจากวิธีที่ 2 (ข) ตำแหน่งข้อมูลเมื่อมองใน (มุมมอง) ระนาบ  $x$ - $y$

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า ไม่ว่ากรณีใดๆ ทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ดัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

### 5.2.3 การสร้างเบสิสวิธีที่ 3

สำหรับวิธีนี้ เมตริกซ์คุณลักษณะ  $X_f$  และ  $X_v$  ถูกแยกองค์ประกอบโดยใช้การแยกองค์ประกอบเชิงเตียวดังสมการที่ (5.12)-(5.13)

$$X_f = U_f S_f V_f^T \quad (5.12)$$

$$X_v = U_v S_v V_v^T \quad (5.13)$$

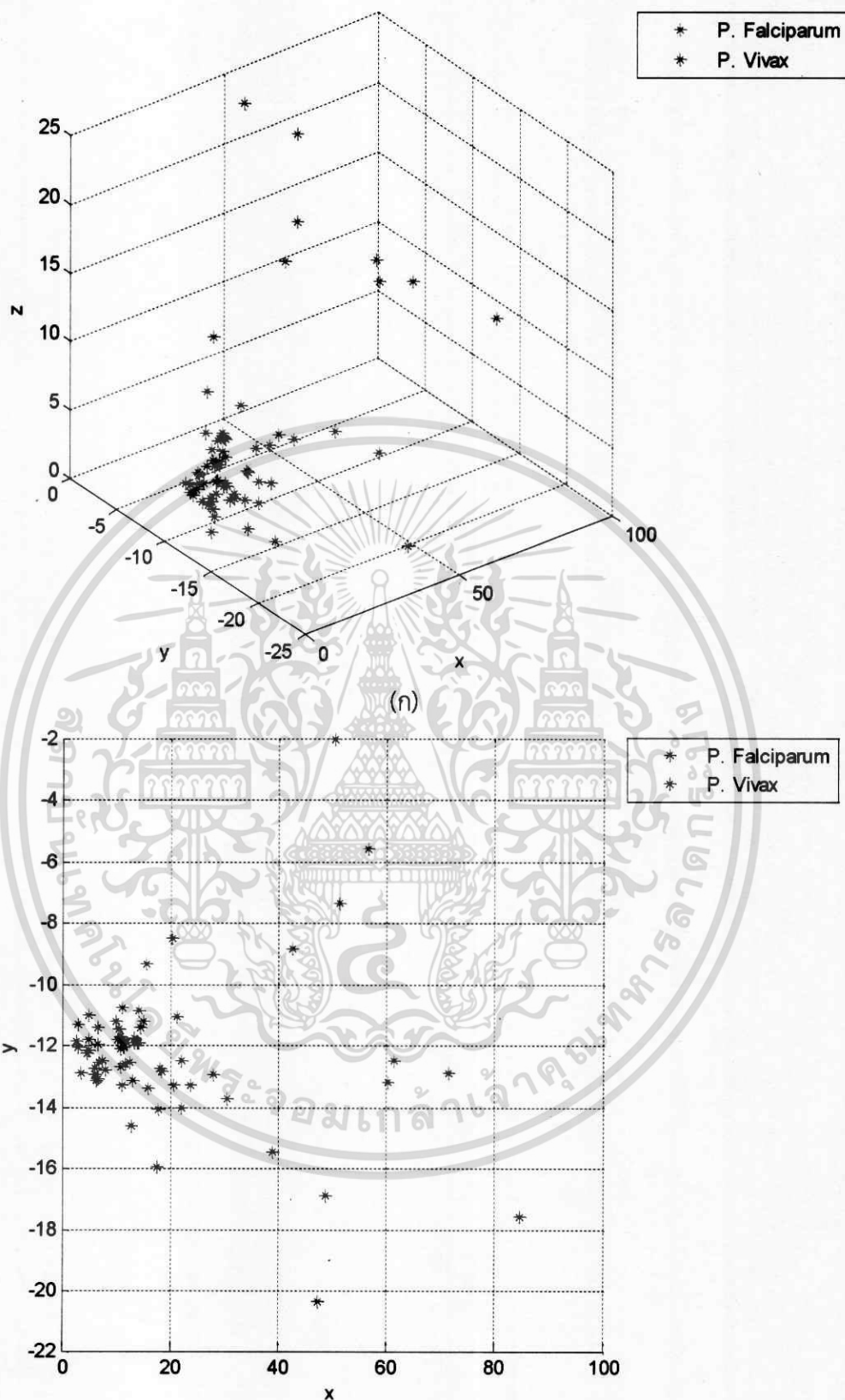
จากนั้นนำเอาบางคอลัมน์ของ left singular matrix  $U_f$  และ  $U_v$  มาจัดอยู่ในรูปใหม่ดังสมการที่ (5.14)

$$\tilde{U} = [\tilde{U}_f, \tilde{U}_v] \quad (5.14)$$

โดยที่  $\tilde{U}_f$  คือ 8 คอลัมน์แรกของ  $U_f$  และ  $\tilde{U}_v$  คือ 7 คอลัมน์แรกของ  $U_v$  โดยจำนวนคอลัมน์ที่เลือกมาใช้สอดคล้องกับค่าเอกฐานซึ่งครอบคลุม 99% ของความแปรปรวนทั้งหมดของแต่ละเมตริกซ์ จากนั้นเมตริกซ์  $\tilde{U}$  จะถูกแยกองค์ประกอบอีกครั้งดังสมการที่ (5.15)

$$\tilde{U} = USV^T \quad (5.15)$$

หลังจากนั้นเวกเตอร์คุณลักษณะจะถูกฉายลงปริภูมิซึ่งถูกแผ่โดยคอลัมน์ของ  $U$  รูปที่ 5.6 แสดงตัวอย่างจุดข้อมูลหลังการฉายลงบนปริภูมิที่แผ่โดย 3 คอลัมน์แรกของ  $U$  จะเห็นได้ว่าข้อมูลแต่ละสายพันธุ์ค่อนข้างเกาะกลุ่มกัน และเชื้อทั้งสองสายพันธุ์อยู่ในตำแหน่งที่ห่างกันสามารถทำการจำแนกออกจากกันได้



(ข)

รูปที่ 5.6 (ก) คุณลักษณะหลังการฉายลงบนปริภูมิ 3 มิติด้วยเบสิสจากวิธีที่ 3 (ข) ตำแหน่งข้อมูลเมื่อมองใน (มุมมอง) ระนาบ x-y

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้าไม่ว่ากรณีใดๆ ทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ดัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

## บทที่ 6

# การจำแนกสายพันธุ์ปรสิตมาลาเรีย

### 6.1 การจำแนกสายพันธุ์มาลาเรียโดยใช้ตัวจำแนกแบบเบย์ส์

#### 6.1.1 การคำนวณฟังก์ชันดิสক্রิมิแนนต์

เมตริกซ์คุณลักษณะ  $X_f$  และ  $X_v$  ที่ได้อธิบายในบทที่ 5 นั้นถูกใช้เพื่อคำนวณฟังก์ชันดิสক্রิมิแนนต์ของมาลาเรียทั้ง 2 สายพันธุ์ โดยจะถูกฉายลงบนปริภูมิที่แผ่โดย  $U_i$  ดังสมการที่ (6.1)-(6.2)

$$P_f = U_i^T X_f \quad (6.1)$$

$$P_v = U_i^T X_v \quad (6.2)$$

โดยถ้าเลือกใช้เบสิสวิธีที่ 2  $U_i$  คือเมตริกซ์  $U_{\text{both}}$  จากสมการที่ (5.11) โดยใช้เพียง 3 คอลัมน์แรกเท่านั้น แต่ถ้าเลือกใช้เบสิสวิธีที่ 3  $U_i$  คือเมตริกซ์ที่ถูกตัดมาจากเมตริกซ์  $U$  จากสมการที่ (5.15) โดยใช้เพียง  $i$  คอลัมน์แรกของ  $U$

จุดข้อมูล  $P_f$  จะถูกใช้เพื่อคำนวณหา  $\mu_{pf}$ ,  $\sum_{pf}$ ,  $W_{pf}$ ,  $w_{pf}$  และ  $w_{pf0}$  โดยใช้สมการที่ (6.3)-(6.7) ซึ่งพารามิเตอร์ทั้ง 5 ค่านี้ถูกใช้เพื่อคำนวณฟังก์ชันดิสক্রิมิแนนต์  $g_{pf}(P_f)$  ของปรสิตสายพันธุ์ *P. falciparum* โดยใช้สมการที่ (6.8) โดยที่ตัวแปร  $x$  คือคอลัมน์ของ  $P_f$  และจุดข้อมูล  $P_v$  จะถูกใช้เพื่อคำนวณค่าของ  $\mu_{pv}$ ,  $\sum_{pv}$ ,  $W_{pv}$ ,  $w_{pv}$  และ  $w_{pv0}$  โดยใช้สมการที่ (6.9)-(6.13) ค่ารวมฟังก์ชันดิสক্রิมิแนนต์  $g_{pv}(P_v)$  ของสายพันธุ์ *P. vivax* โดยใช้สมการที่ (6.14) โดยที่ตัวแปร  $x$  คือคอลัมน์ของ  $P_v$  ในที่นี้กำหนดให้ความน่าจะเป็นก่อน (Prior probability)  $P(w_{pf})$ ,  $P(w_{pv})$  ของทั้ง 2 สายพันธุ์เป็น 0.5 เท่ากัน

$$\mu_{pf} = \frac{1}{N} \sum_{i=1}^N P_{fi} \quad (6.3)$$

$$\sum_{pf} = \frac{1}{N} \left[ \sum_{i=1}^N (P_{fi} - \mu_{pf})(P_{fi} - \mu_{pf})^T \right] \quad (6.4)$$

$$W_{pf} = -\frac{1}{2} \sum_{pf}^{-1} \quad (6.5)$$

$$w_{pf} = \sum_{pf}^{-1} \mu_{pf} \quad (6.6)$$

$$w_{pf0} = -\frac{1}{2} \mu_{pf}^T \sum_{pf}^{-1} \mu_{pf} - \frac{1}{2} \ln |\sum_{pf}| + \ln P(w_{pf}) \quad (6.7)$$

$$g_{pf}(X) = x^T W_{pf} x + w_{pf}^T x + w_{pf0} \quad (6.8)$$

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้าไม่ว่ากรณีใดๆ ทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ดัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

$$\mu_{pv} = \frac{1}{N} \sum_{i=1}^N P_v \quad (6.9)$$

$$\Sigma_{pv} = \frac{1}{N} \left[ \sum_{i=1}^N (P_v - \mu_{pv})(P_v - \mu_{pv})^T \right] \quad (6.10)$$

$$W_{pv} = -\frac{1}{2} \Sigma_{pv}^{-1} \quad (6.11)$$

$$w_{pv} = \Sigma_{pv}^{-1} \mu_{pv} \quad (6.12)$$

$$w_{pv0} = -\frac{1}{2} \mu_{pv}^T \Sigma_{pv}^{-1} \mu_{pv} - \frac{1}{2} \ln |\Sigma_{pv}| + \ln P(w_{pv}) \quad (6.13)$$

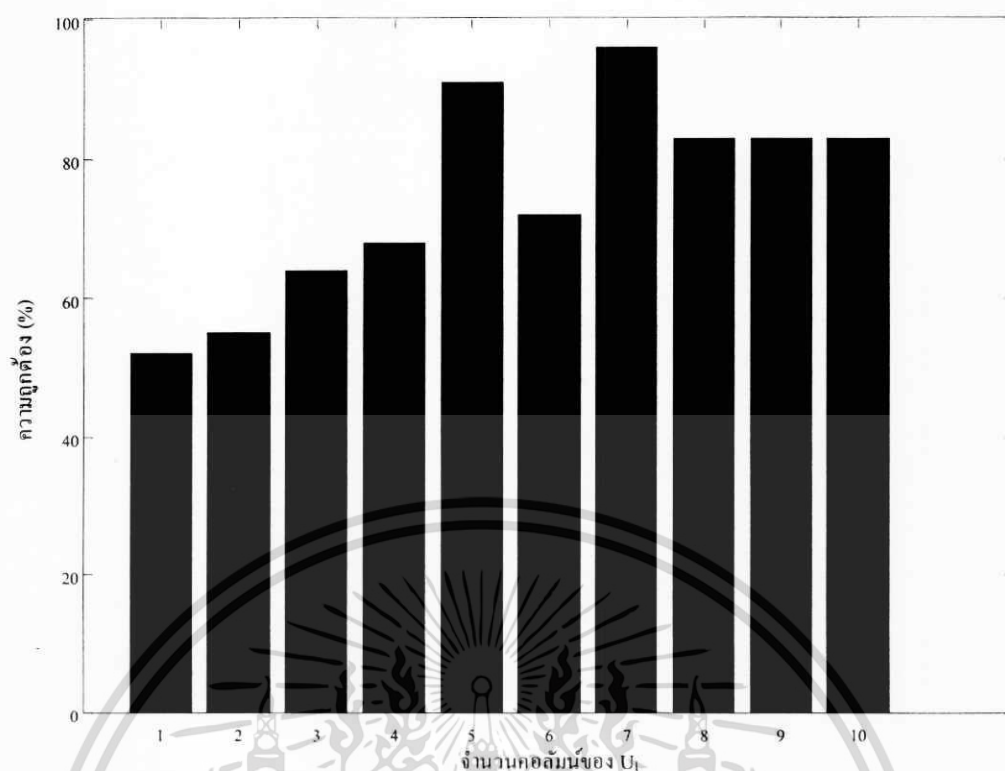
$$g_{pv}(X) = x^T W_{pv} x + w_{pv}^T x + w_{pv0} \quad (6.14)$$

### 6.1.2 การจำแนกสายพันธุ์ของภาพชุดฝึก

ตารางที่ 6.1 แสดงผลการจำแนกสายพันธุ์ของตัวจำแนกแบบเบย์ส์กับภาพชุดฝึกจำนวน 25 ภาพโดยใช้เบสิสจากวิธีที่ 2 และ 3 พบว่าการจำแนกข้อมูลโดยใช้เบสิสวิธีที่ 3 นั้นมีความถูกต้องในการจำแนกที่สูงกว่า โดยเปอร์เซ็นต์ความถูกต้องในการจำแนกสายพันธุ์ของตัวจำแนกแบบเบย์ส์กับเบสิสวิธีที่ 3 นั้นขึ้นอยู่กับจำนวนคอลัมน์ของ  $U_i$  ที่เลือกใช้ โดยตัวจำแนกแบบเบย์ส์สามารถจำแนกได้ถูกต้องมากที่สุด 96% (24 รูปจาก 25 รูป) เมื่อใช้  $l=7$  รูปที่ 6.1 แสดงเปอร์เซ็นต์ความถูกต้องของการจำแนกสายพันธุ์ของภาพชุดฝึกเมื่อใช้ค่า  $l$  ต่างกัน

ตารางที่ 6.1 ความถูกต้องในการจำแนกสายพันธุ์มาลาเรียของตัวจำแนกแบบเบย์ส์

	ความถูกต้องในการจำแนกสายพันธุ์		
	<i>P. falciparum</i>	<i>P. Vivax</i>	รวม
เบสิสวิธีที่ 2	3/10 ภาพ = 30%	15/15 ภาพ = 100%	18/25 ภาพ = 72%
เบสิสวิธีที่ 3	10/10 ภาพ = 100%	14/15 ภาพ = 93.3%	24/25 ภาพ = 96%

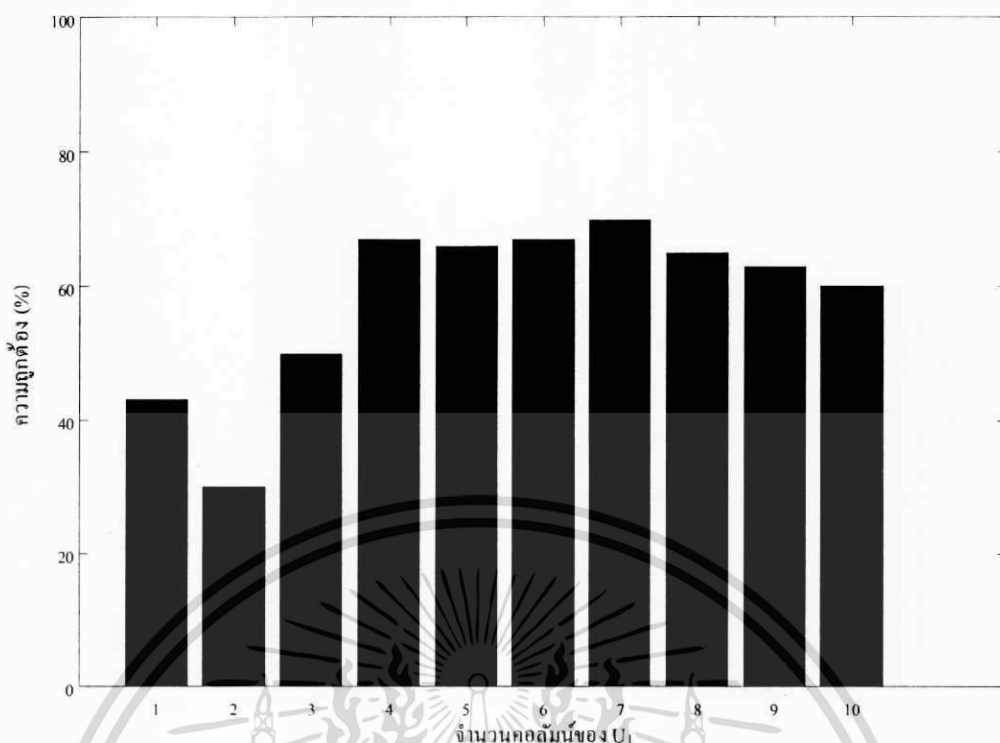


รูปที่ 6.1 เปอร์เซนต์ความถูกต้องของตัวจำแนกแบบเบย์ส์กับภาพชุดฝึกซึ่งเป็นฟังก์ชันของจำนวนคอลัมน์ของ  $U_i$

### 6.1.3 การจำแนกสายพันธุ์ของภาพชุดทดสอบ

สำหรับภาพชุดทดสอบมีจำนวนทั้งหมด 103 ภาพ เป็นภาพสายพันธุ์ *P. falciparum* ทั้งหมด 56 ภาพ และสายพันธุ์ *P. vivax* 47 ภาพ โดยภาพชุดนี้ไม่ได้ถูกใช้ในการคำนวณหาฟังก์ชันดิสคริมิแนนต์

จากตารางที่ 6.1 แสดงให้เห็นว่าเบสิสวิธีที่ 3 มีความถูกต้องในการจำแนกที่มากกว่าวิธีที่ 2 ผู้วิจัยจึงเลือกใช้เบสิสวิธีที่ 3 ในการจำแนกภาพชุดทดสอบ ความถูกต้องในการจำแนกสายพันธุ์ของตัวจำแนกแบบเบย์ส์นั้นขึ้นอยู่กับจำนวนคอลัมน์ของ  $U_i$  ที่เลือกใช้ดังผลการทดลองในรูปที่ 6.2 ซึ่งสังเกตได้ว่าจำนวนคอลัมน์ ( $l$ ) ที่แตกต่างกันให้ผลลัพธ์การจำแนกสายพันธุ์ที่แตกต่างกันโดยจากรูปจะเห็นว่าตัวจำแนกแบบเบย์ส์นั้นสามารถจำแนกสายพันธุ์มาลาเรียได้ถูกต้องสูงที่สุด 71% (73 รูปจาก 103 รูป) เมื่อใช้  $l=7$  เช่นเดียวกัน



รูปที่ 6.2 เปอร์เซนต์ความถูกต้องของตัวจำแนกแบบเบสิคกับภาพชุดทดสอบซึ่งเป็นฟังก์ชันของจำนวนคอลัมน์ของ  $U_i$

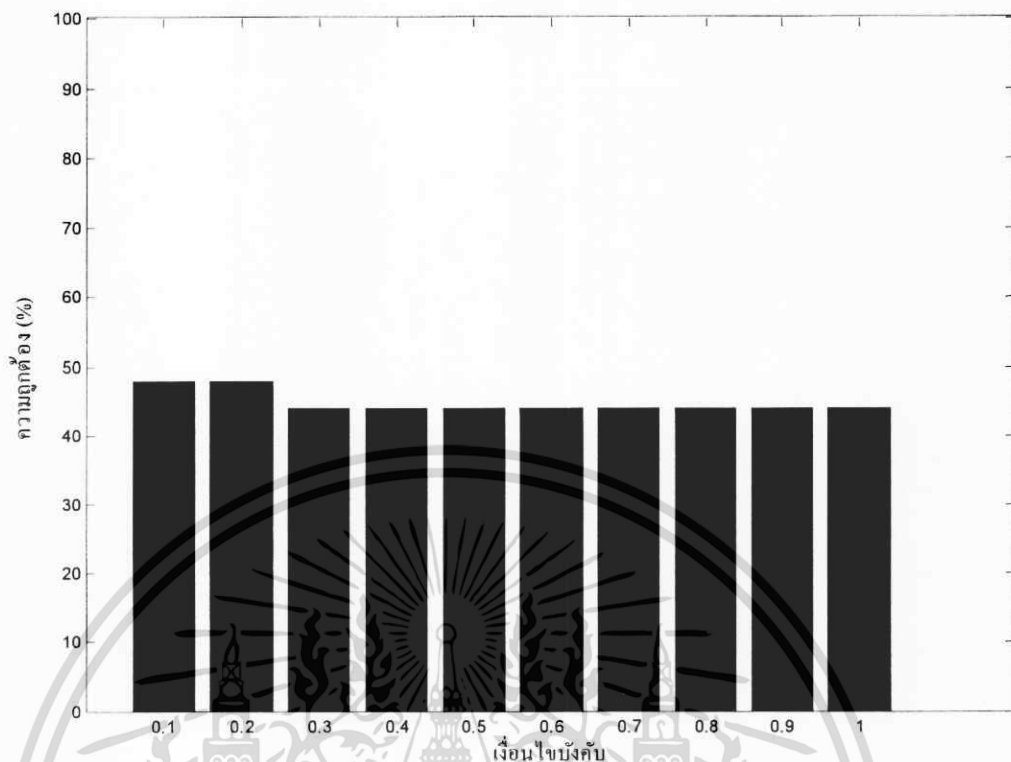
## 6.2 การจำแนกสายพันธุ์มาลาเรียโดยใช้ซัพพอร์ตเวกเตอร์แมชชีน

### 6.2.1 การฝึกตัวจำแนกโดยใช้เคอร์เนลเชิงเส้น

เมตริกซ์คุณลักษณะ  $X_f$  และ  $X_v$  ที่ได้อธิบายในบทที่ 5 นั้นถูกใช้เพื่อฝึกตัวจำแนกซัพพอร์ตเวกเตอร์แมชชีน เมตริกซ์คุณลักษณะจะถูกโปรเจกต์ลงในปริภูมิที่แผ่โดย  $U_i$  ดังสมการที่ (6.1)-(6.2) โดยถ้าเลือกใช้เบสิสวิธีที่ 2  $U_i$  คือเมตริกซ์  $U_{both}$  จากสมการที่ (5.11) โดยใช้เพียง 3 คอลัมน์แรกเท่านั้น แต่ถ้าเลือกใช้เบสิสวิธีที่ 3  $U_i$  คือเมตริกซ์ที่ถูกตัดมาจากเมตริกซ์  $U$  จากสมการที่ (5.15) โดยใช้เพียง  $l$  คอลัมน์แรกของ  $U$  เมตริกซ์  $P_f$  และ  $P_v$  ที่ถูกฉายจะถูกป้อนเข้าระบบซัพพอร์ตเวกเตอร์แมชชีนพร้อมกับป้ายบอกคลาส (Class label) ที่เหมาะสม

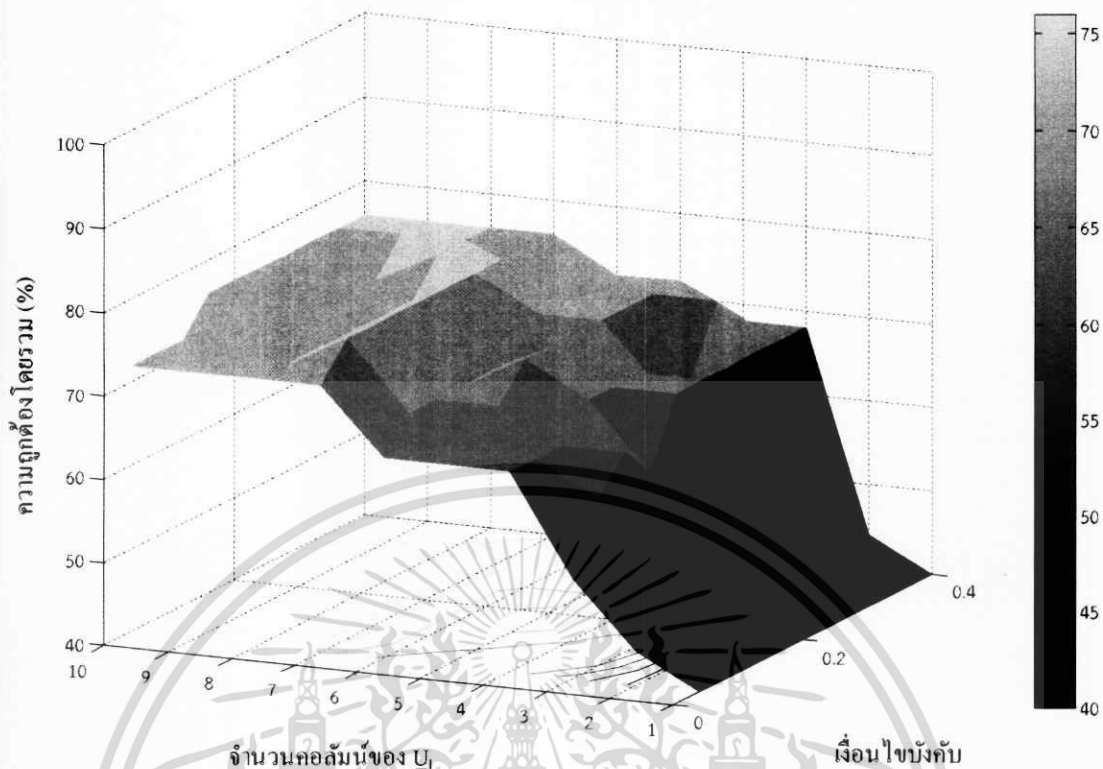
รูปที่ 6.3 แสดงผลการจำแนกสายพันธุ์ด้วยซัพพอร์ตเวกเตอร์แมชชีนโดยใช้เบสิสจากวิธีที่ 2 กับภาพชุดฝึกจำนวน 25 ภาพ พบว่าการจำแนกโดยใช้เบสิสวิธีที่ 2 นั้นให้ค่าความถูกต้องในการจำแนกสายพันธุ์ที่ต่ำโดยสามารถจำแนกสายพันธุ์ได้สูงสุดเพียง 48 % เท่านั้น โดยความถูกต้องในการจำแนกสายพันธุ์นั้นขึ้นอยู่กับเงื่อนไขบังคับ (Box constraint:  $C$ ) ซึ่งกำหนดปริมาณการจำแนกผิดพลาด (misclassification rate) ที่ยอมรับได้ซึ่งเป็นเพียงพารามิเตอร์เดียวของเคอร์เนลเชิงเส้นที่สามารถปรับค่าได้ ในที่นี้ได้ทดลองเปลี่ยนค่าเงื่อนไขบังคับในช่วง 0.1-1 พบว่าเปอร์เซนต์ความถูกต้องสูงสุดอยู่ที่ค่าเงื่อนไขบังคับในช่วง 0.1-0.2 และความถูกต้องลดลงและคงตัวในช่วงค่าเงื่อนไขบังคับ 0.3-1

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้าไม่ว่ากรณีใดๆ ทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ตัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้



รูปที่ 6.3 เปรียบเทียบความถูกต้องของการจำแนกด้วยคอร์เนลเชิงเส้นโดยใช้เบสิสวิธีที่ 2 เมื่อเปลี่ยนค่าเงื่อนไขบังคับ

รูปที่ 6.4 แสดงผลการจำแนกสายพันธุ์ด้วยซัพพอร์ตเวกเตอร์แมชชีนโดยใช้เบสิสวิธีที่ 3 กับภาพชุดฝึกจำนวน 25 ภาพ พบว่าการจำแนกสายพันธุ์โดยใช้เบสิสวิธีที่ 3 นั้นความถูกต้องในการจำแนกขึ้นอยู่กับเงื่อนไขบังคับ (Box constraint) และจำนวนคอลัมน์ ( $l$ ) ของเบสิสที่ใช้ โดยสามารถจำแนกสายพันธุ์ได้สูงสุดเพียง 76% เท่านั้น

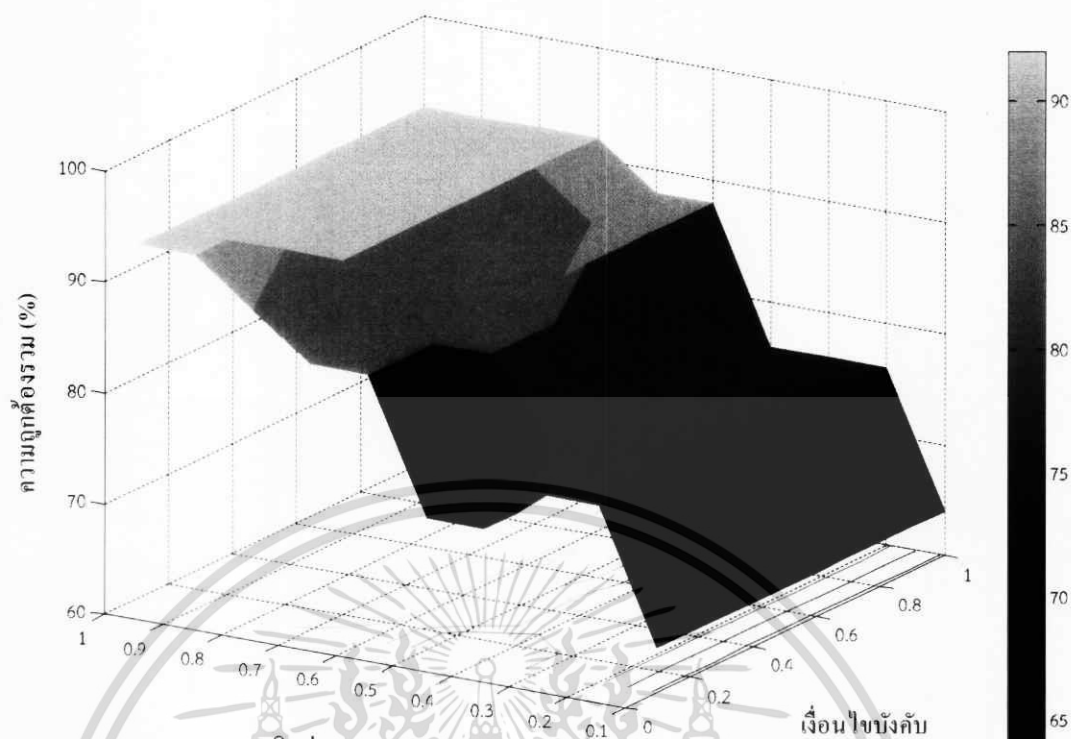


รูปที่ 6.4 เปรอ์เซ็นต์ความถูกต้องของการจำแนกด้วยเคอร์เนลเชิงเส้นโดยใช้เบสิสวิธีที่ 3 เมื่อเปลี่ยนเงื่อนไขบังคับและจำนวนคอลัมน์ของ  $U_i$

### 6.2.2 การฝึกตัวจำแนกโดยใช้เคอร์เนลฟังก์ชันฐานรัศมี (Radial basis function)

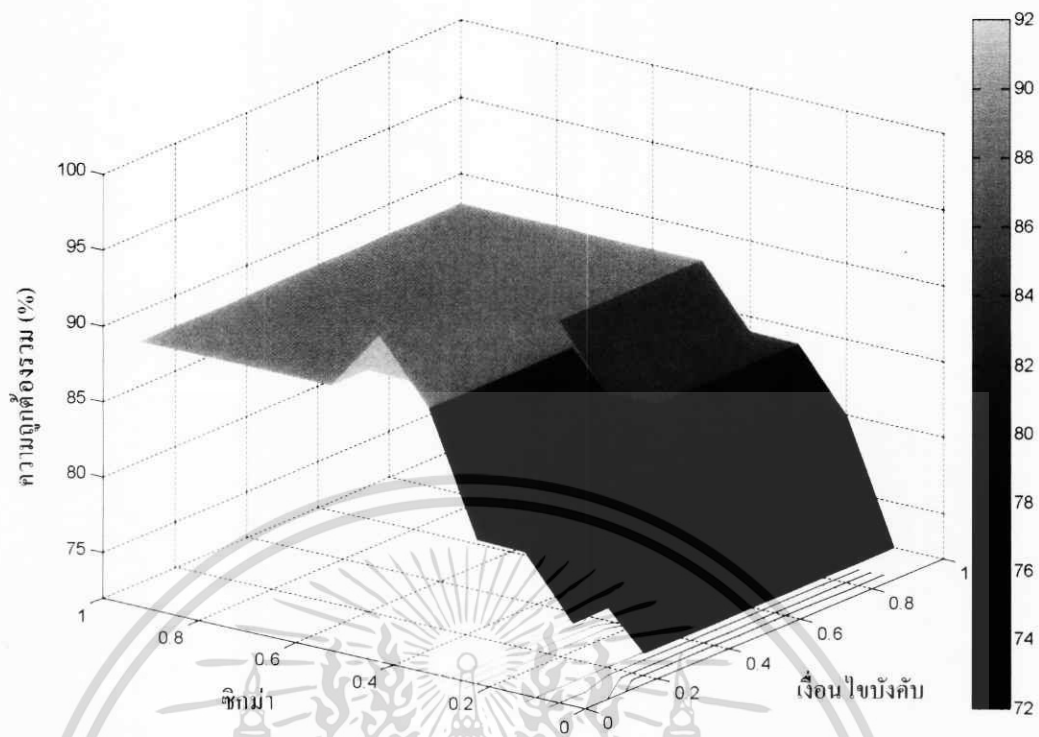
เช่นเดียวกับเคอร์เนลเชิงเส้น เมตริกซ์คุณลักษณะ  $X_r$  และ  $X_v$  ถูกใช้เพื่อฝึกตัวจำแนกซัพพอร์ตเวกเตอร์แมชชีน โดยจะถูกโปรเจกต์ลงในปริภูมิที่แผ่โดย  $U_i$  และเช่นเดียวกันเมตริกซ์  $P_r$  และ  $P_v$  ที่ถูกฉายจะถูกป้อนเข้าระบบซัพพอร์ตเวกเตอร์แมชชีนพร้อมกับป้ายบอกคลาส (Class label) ที่เหมาะสม

รูปที่ 6.5 แสดงผลการจำแนกสายพันธุ์ด้วยซัพพอร์ตเวกเตอร์แมชชีนโดยใช้เบสิสจากวิธีที่ 2 กับภาพชุดฝึกจำนวน 25 ภาพ พบว่าการโดยใช้เบสิสวิธีที่ 2 นั้นให้ความถูกต้องในการจำแนกสายพันธุ์สูงสุดที่ 92 % โดยความถูกต้องในการจำแนกสายพันธุ์นั้นขึ้นอยู่กับเงื่อนไขบังคับ (Box constraint: C) และค่าซิกมา ( $\sigma$ ) ซึ่งเป็นพารามิเตอร์สองตัวของเคอร์เนลฟังก์ชันฐานรัศมีที่สามารถปรับค่าได้ ในที่นี่ได้ทดลองเปลี่ยนค่าเงื่อนไขบังคับในช่วง 0.1-1 และค่าซิกมาในช่วง 0.1-1

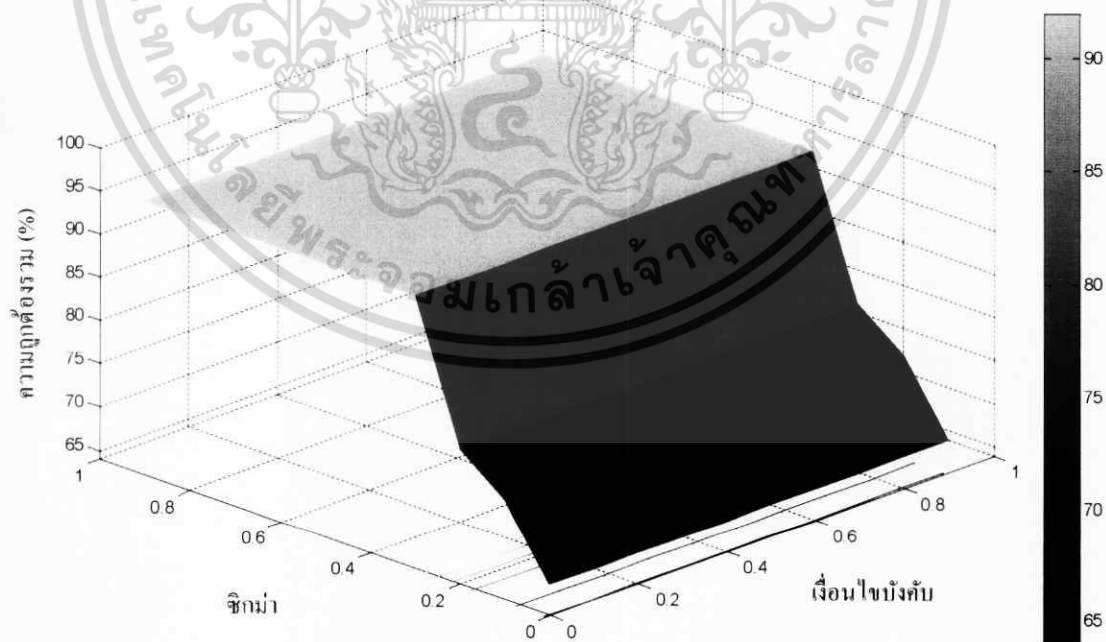


รูปที่ 6.5 เปรียบเทียบความถูกต้องของการจำแนกด้วยคอร์เนลฟังก์ชันฐานรัศมีโดยใช้เบสิสวิธีที่ 2 เมื่อเปลี่ยนค่าพารามิเตอร์

รูปที่ (6.6)-(6.15) แสดงผลการจำแนกสายพันธุ์ด้วยซัพพอร์ตเวกเตอร์แมชชีนโดยใช้เบสิสวิธีที่ 3 กับภาพชุดฝึกจำนวน 25 ภาพ พบว่าการใช้เบสิสวิธีที่ 3 นั้นความถูกต้องในการจำแนกสายพันธุ์ขึ้นอยู่กับ 3 ปัจจัยได้แก่ เงื่อนไขบังคับ (Box constraint:  $C$ ) ค่าซิกมา ( $\sigma$ ) ซึ่งกำหนดความกว้างของระนาบการตัดสินใจแบบเกาส์เซียน (Gaussian decision plane) และจำนวนคอลัมน์ ( $L$ ) ของเบสิส

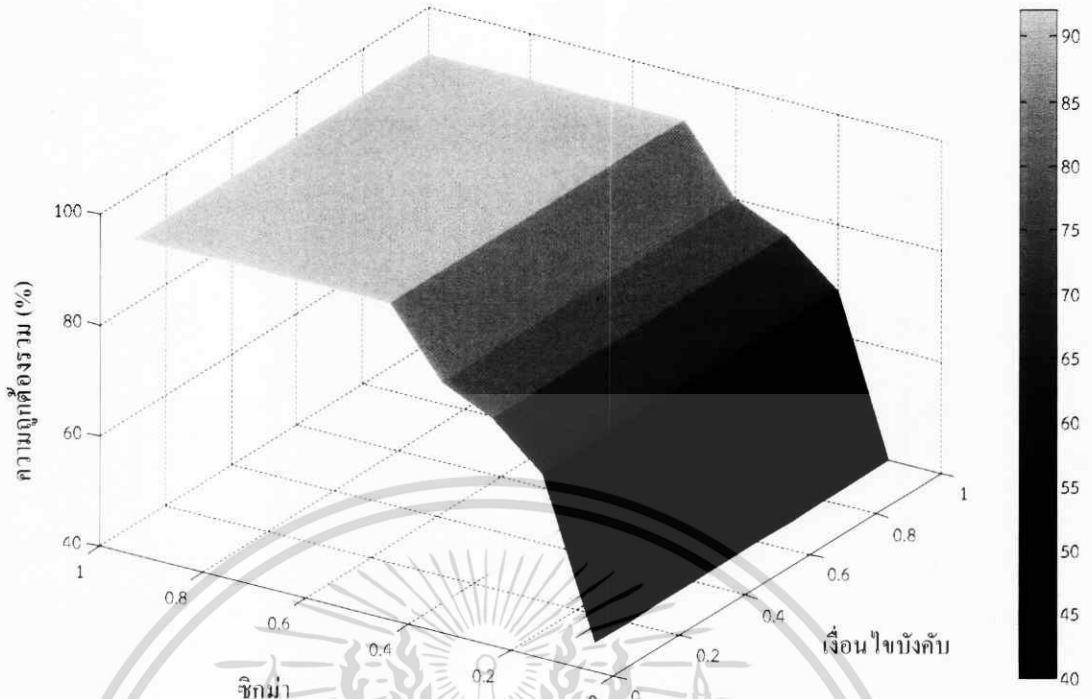


รูปที่ 6.6 เปอร์เซนต์ความถูกต้องของการจำแนกด้วยคอร์เนลฟังก์ชันฐานรัศมีโดยใช้เบสิสวิธีที่ 3 เมื่อใช้  $l=1$

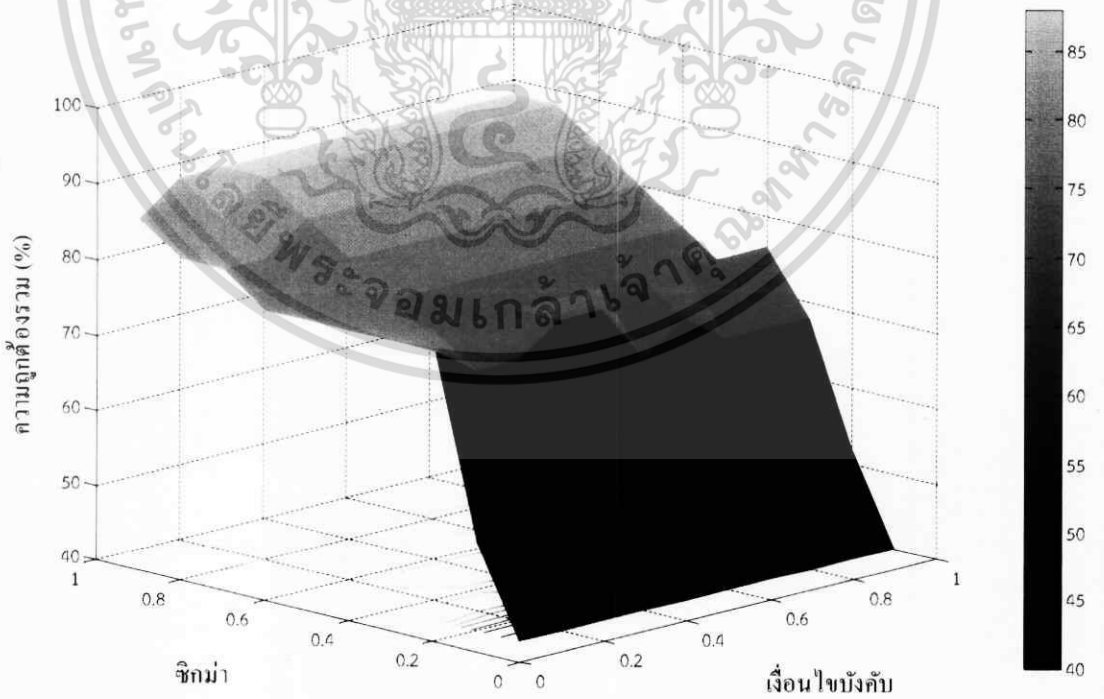


รูปที่ 6.7 เปอร์เซนต์ความถูกต้องของการจำแนกด้วยคอร์เนลฟังก์ชันฐานรัศมีโดยใช้เบสิสวิธีที่ 3 เมื่อใช้  $l=2$

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า ไม่ว่ากรณีใดๆ ทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ดัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

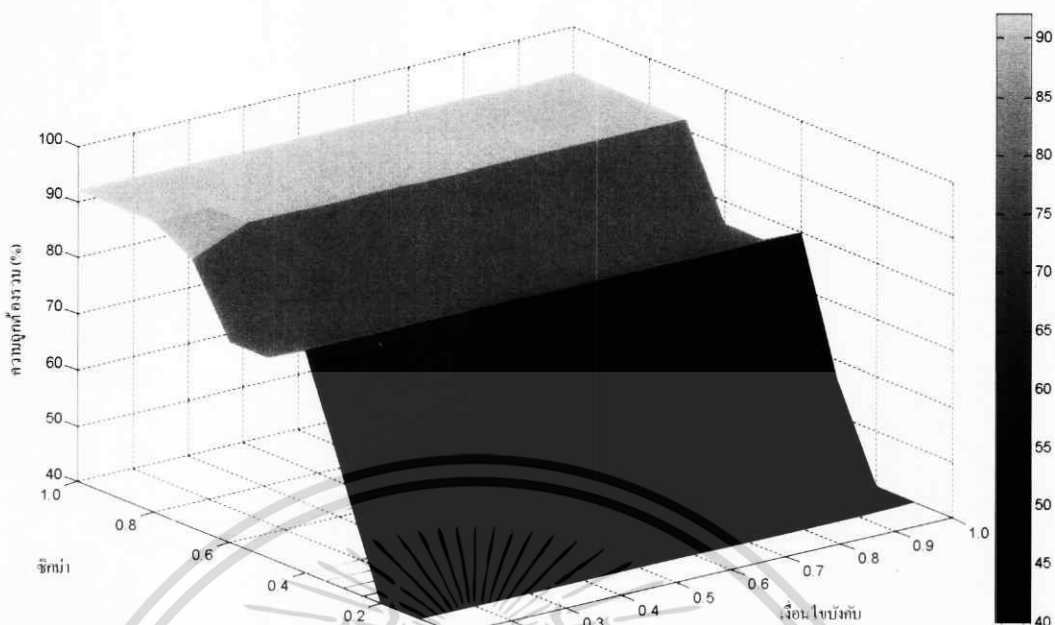


รูปที่ 6.8 เปอร์เซนต์ความถูกต้องของการจำแนกด้วยคอร์เนลฟังก์ชันฐานรัศมีโดยใช้เบสิสวิธีที่ 3 เมื่อใช้  $l=3$

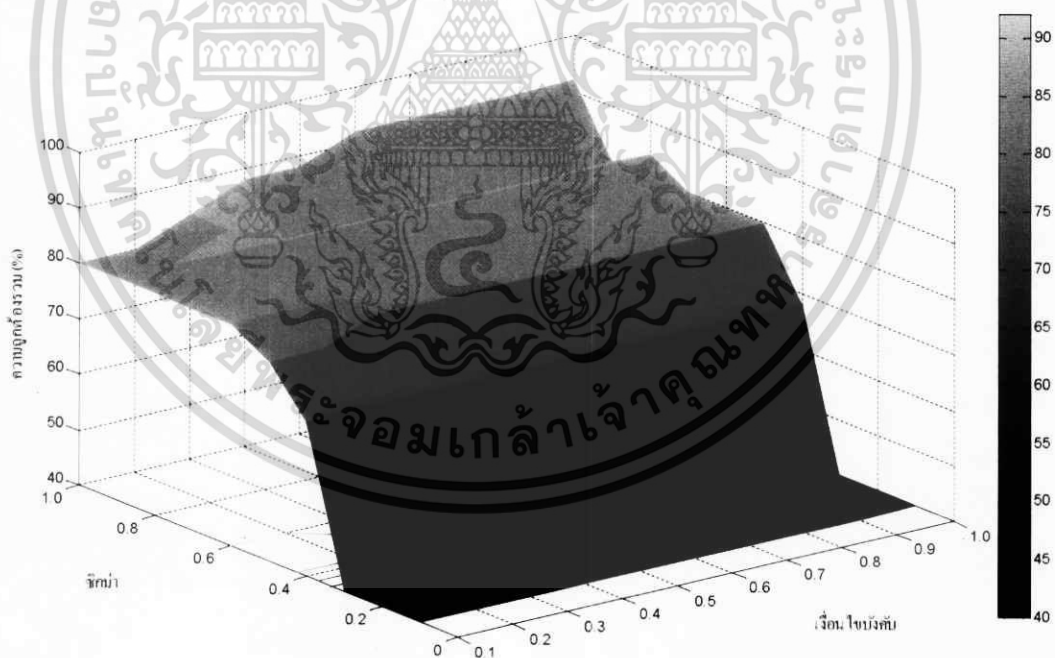


รูปที่ 6.9 เปอร์เซนต์ความถูกต้องของการจำแนกด้วยคอร์เนลฟังก์ชันฐานรัศมีโดยใช้เบสิสวิธีที่ 3 เมื่อใช้  $l=4$

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า ไม่ว่าจะกรณีใดๆ ทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ดัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

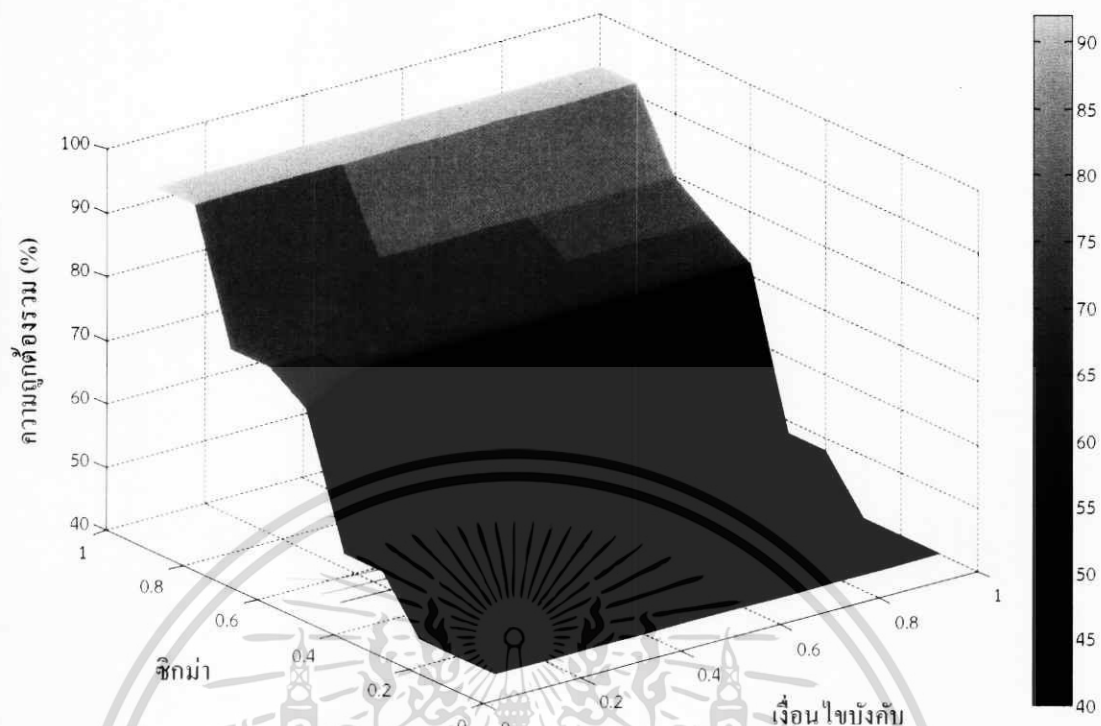


รูปที่ 6.10 เปอร์เซนต์ความถูกต้องของการจำแนกด้วยคอร์เนลฟังก์ชันฐานรัศมีโดยใช้เบสิสวิธีที่ 3 เมื่อใช้  $l=5$

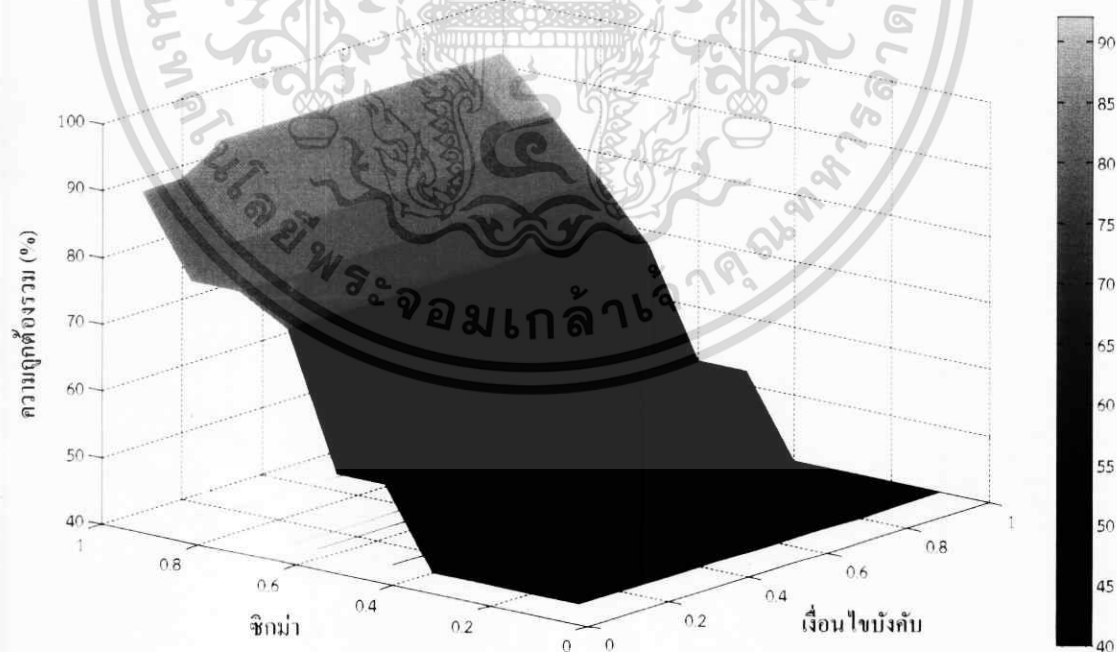


รูปที่ 6.11 เปอร์เซนต์ความถูกต้องของการจำแนกด้วยคอร์เนลฟังก์ชันฐานรัศมีโดยใช้เบสิสวิธีที่ 3 เมื่อใช้  $l=6$

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า ไม่ว่าจะกรณีใดๆ ทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ดัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

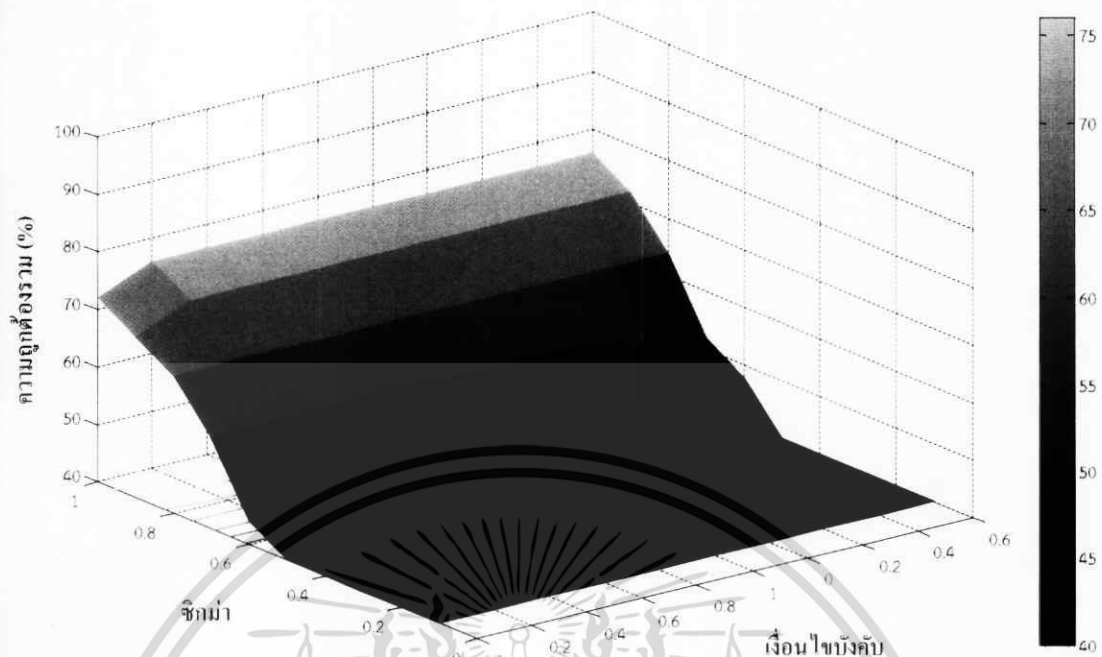


รูปที่ 6.12 เปรี่เซ็นต์ความถูกต้องของการจำแนกด้วยคอร์เนลฟังก์ชันฐานรัศมีโดยใช้เบสิสวิธีที่ 3 เมื่อใช้  $l=7$

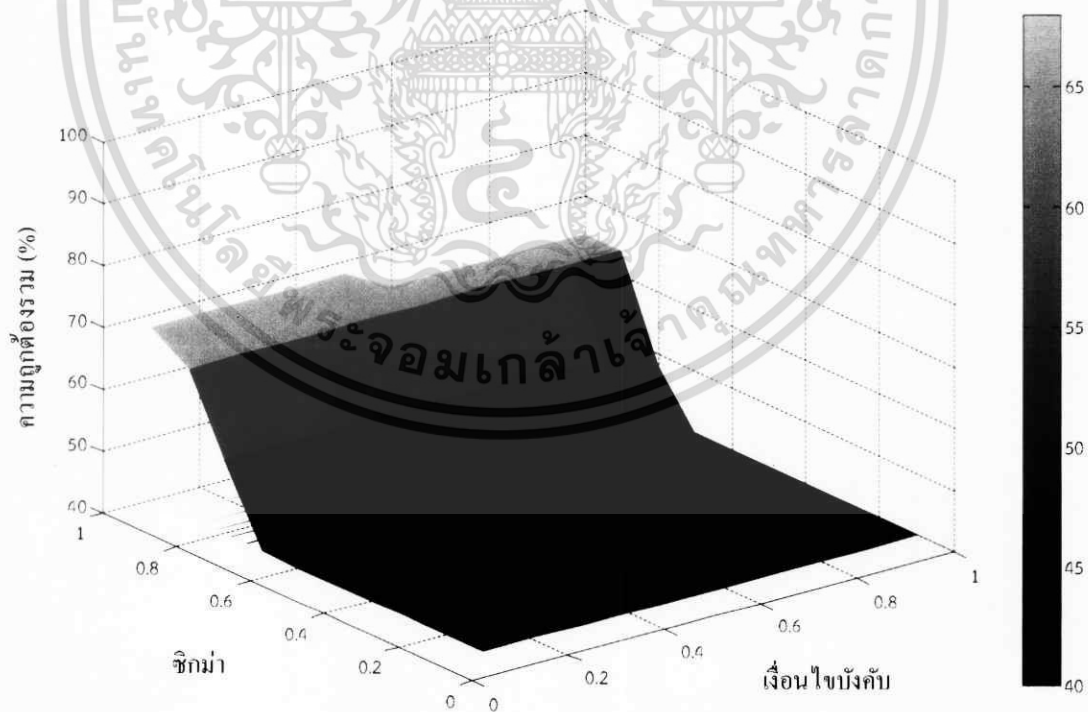


รูปที่ 6.13 เปรี่เซ็นต์ความถูกต้องของการจำแนกด้วยคอร์เนลฟังก์ชันฐานรัศมีโดยใช้เบสิสวิธีที่ 3 เมื่อใช้  $l=8$

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า ไม่ว่ากรณีใดๆ ทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ตัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้



รูปที่ 6.14 เปอร์เซนต์ความถูกต้องของการจำแนกด้วยคอร์เนลฟังก์ชันฐานรัศมีโดยใช้เบสิสวิธีที่ 3 เมื่อใช้  $l=9$



รูปที่ 6.15 เปอร์เซนต์ความถูกต้องของการจำแนกด้วยคอร์เนลฟังก์ชันฐานรัศมีโดยใช้เบสิสวิธีที่ 3 เมื่อใช้  $l=10$

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า ไม่ว่าจะกรณีใดๆ ทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ดัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

**ตารางที่ 6.2** เปอร์เซนต์ความถูกต้องสูงสุดในการจำแนกสายพันธุ์เทียบกับจำนวนคอลัมน์ของเบสิสที่เลือกใช้

จำนวนคอลัมน์ของเบสิส	เปอร์เซนต์ความถูกต้องในการจำแนกสายพันธุ์
1	88
2	92
3	92
4	88
5	92
6	92
7	92
8	92
9	76
10	68

พบว่าการใช้เคอร์เนลฟังก์ชันฐานรัศมี (RBF) ให้ผลการจำแนกสายพันธุ์ภาพชุดฝึกที่ดีกว่าการใช้เคอร์เนลเชิงเส้นค่อนข้างมาก โดยมีผลการจำแนกสายพันธุ์ที่ดีที่สุดคือ 92% เมื่อใช้จำนวนคอลัมน์ของเบสิสวิธีที่ 3 เท่ากับ 2, 3, 5, 6, 7 และ 8 คอลัมน์

### 6.2.3 การทดสอบระบบการจำแนกด้วยซอฟต์แวร์แมชชีน

เพื่อทดสอบระบบการคัดแยกสายพันธุ์ผู้วิจัยได้ใช้ภาพสายพันธุ์ *P. falciparum* จำนวน 56 ภาพและสายพันธุ์ *P. vivax* จำนวน 47 ภาพรวม 103 ภาพเป็นชุดทดสอบ โดยภาพเหล่านี้ไม่ถูกใช้ในชุดฝึก

เมื่อใช้เบสิสวิธีที่ 3 และเคอร์เนลฟังก์ชันฐานรัศมี โดยใช้ค่าเงื่อนไขบังคับและซิกมาที่ดีที่สุด (พิจารณาจากรูปที่ 6.7, 6.8, 6.10, 6.11, 6.12 และ 6.13) ในการจำแนกภาพชุดทดสอบด้วยซอฟต์แวร์แมชชีน จะได้ผลการจำแนกดังแสดงในตารางที่ 6.3

ตารางที่ 6.3 ความถูกต้องในการจำแนกสายพันธุ์มาลาเรียในภาพชุดทดสอบของตัวจำแนก  
ซอฟต์แวร์เวกเตอร์แมชชีน

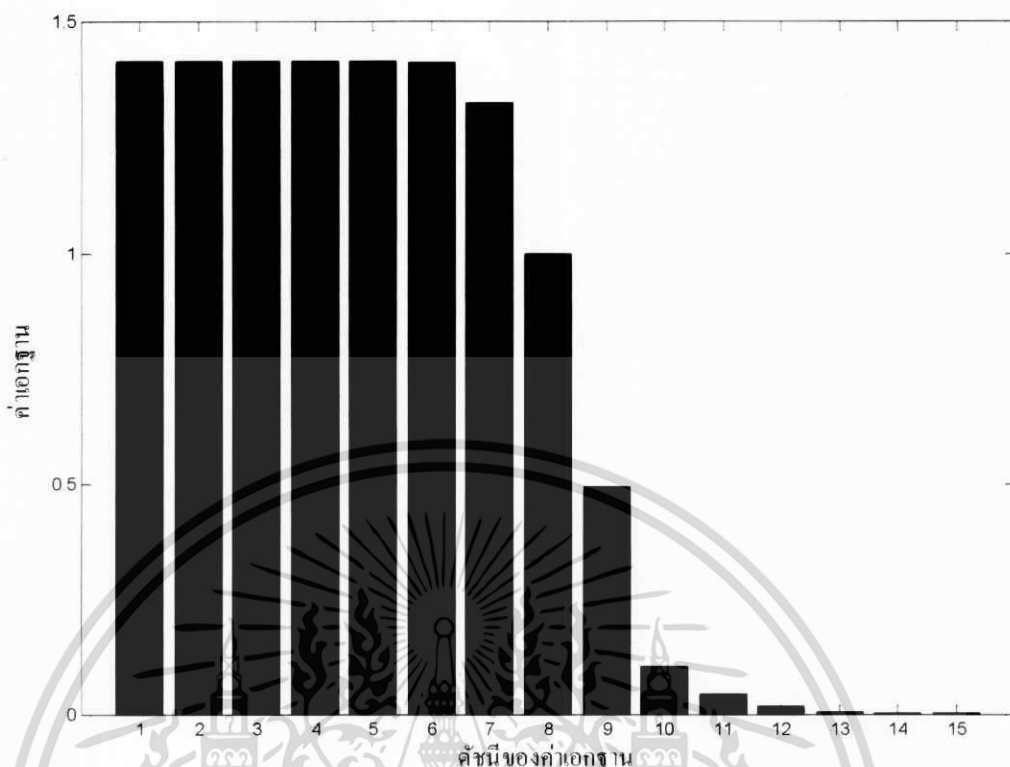
วิธีสร้างเบสิส	l	เงื่อนไขบังคับ	ซิกม่า	ความถูกต้องรวม (%)
3	2	1	1	60
3	3	0.8	1	62
3	5	0.7	0.8	54
3	6	0.8	1	83
3	7	0.8	1	54
3	8	0.8	1	71

จากตารางที่ 6.3 จะเห็นว่าที่  $l=6$  มีความถูกต้องในการจำแนกภาพชุดทดสอบสูงที่สุดคือ 83% โดยมีค่าเงื่อนไขบังคับเท่ากับ 1 และซิกม่าเท่ากับ 0.8 ดังนั้นผู้วิจัยจึงเลือกใช้ค่าพารามิเตอร์เหล่านี้สำหรับอัลกอริธึมสุดท้าย และสามารถสรุปความสามารถในการจำแนกสายพันธุ์ปรสิตมาลาเรียของอัลกอริธึมที่พัฒนาขึ้นได้ในตารางที่ 6.4 ผลการทดสอบแสดงให้เห็นว่าสำหรับภาพชุดฝึกระบบมีเปอร์เซ็นต์ความถูกต้อง 90% สำหรับการจำแนกเชื้อสายพันธุ์ *P. falciparum* และ 93.33% สำหรับเชื้อ *P. vivax* และมีความถูกต้องสำหรับภาพชุดทดสอบ 85.71% สำหรับ *P. falciparum* และ 78.72% สำหรับ *P. vivax* คิดเป็นเปอร์เซ็นต์ความถูกต้องรวมในการจำแนกทั้งสองสายพันธุ์เท่ากับ 92% และ 82.52% สำหรับภาพชุดฝึกและชุดทดสอบตามลำดับ

ตารางที่ 6.4 ความถูกต้องของระบบ

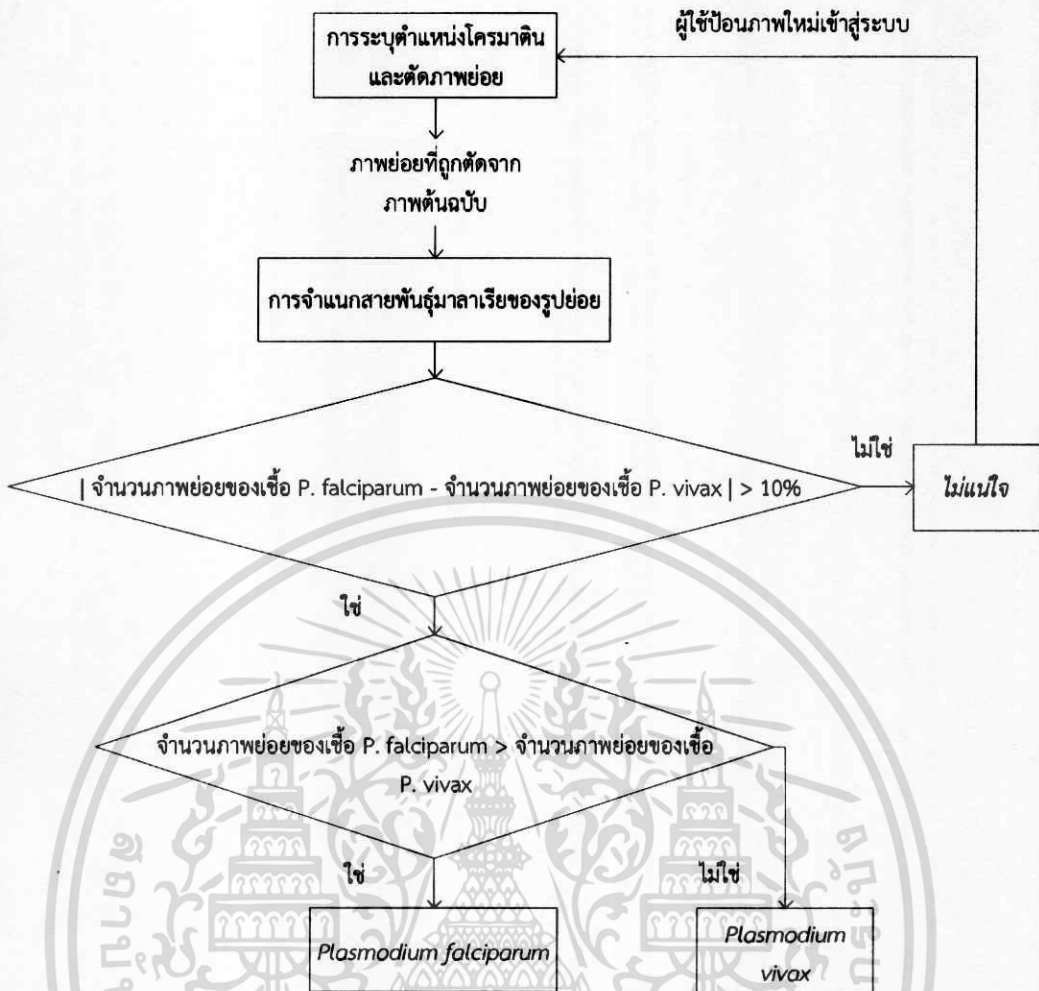
		เปอร์เซ็นต์ความถูกต้องในการจำแนก
ภาพชุดฝึก	<i>P. falciparum</i>	9/10 ภาพ = 90%
	<i>P. vivax</i>	14/15 ภาพ = 93.33%
	รวม	23/25 ภาพ = 92%
ภาพชุดทดสอบ	<i>P. falciparum</i>	48/56 ภาพ = 85.71%
	<i>P. vivax</i>	37/47 ภาพ = 78.72%
	รวม	85/103 ภาพ = 82.52%

นอกจากนี้เมื่อพิจารณาค่าเอกฐานของ  $\bar{U}$  (สมาชิกบนเส้นทแยงมุมของ  $S$ ) ในรูปที่ 6.16 พบว่าค่าเอกฐาน 6 ค่าแรกนั้นเป็นส่วนที่เด่นที่สุด ครอบคลุม 73.95% ของความแปรปรวนทั้งหมดและน้ำหนักของค่าเอกฐานเริ่มต่ำลงที่ค่าเอกฐานลำดับที่ 7 ซึ่งเป็นอีกข้อพิสูจน์หนึ่งซึ่งแสดงให้เห็นว่าการเลือก  $\bar{U}_6$  เป็นเบสิสนั้นสมเหตุสมผล

รูปที่ 6.16 ค่าเอกฐานของ  $U$ 

#### 6.2.4 การจำแนกสายพันธุ์โดยการเพิ่มคลาส “ไม่แน่ใจ”

จากตารางที่ 6.4 ซึ่งแสดงผลลัพธ์การจำแนกสายพันธุ์โดยใช้เพียงแค่ 2 คลาสตามจำนวนสายพันธุ์ของมาลาเรียที่ใช้ในงานวิจัย พบว่าผลลัพธ์การจำแนกสายพันธุ์ทั้งสองสายพันธุ์มีค่าที่สูงอยู่ในเกณฑ์ที่ยอมรับได้เมื่อเทียบกับงานวิจัยอื่นดังแสดงในตารางที่ 2.1 แต่ผู้วิจัยต้องการพัฒนาให้ระบบสามารถจำแนกสายพันธุ์ได้ถูกต้องมากยิ่งขึ้น จึงกำหนดให้มีคลาสเพิ่มเติมอีกหนึ่งคลาสนอกเหนือจากคลาสของทั้งสองสายพันธุ์คือคลาส “ไม่แน่ใจ” ซึ่งเป็นคลาสที่จำนวนภาพย่อยของสองสายพันธุ์ที่ถูกตัดสินโดยอัลกอริธึมจากภาพต้นฉบับเดียวกันมีค่าต่างกันไม่มาก ทำให้การตัดสินใจด้วยกฎหมู่มาก (majority rule) เพื่อเลือกสายพันธุ์ของภาพใหญ่ต้นฉบับไม่ชัดเจน รูปที่ 6.17 แสดงแผนผังของอัลกอริธึมเมื่อเพิ่มคลาสไม่แน่ใจ โดยระบบจะร้องขอภาพใหม่จากผู้ใช้หากไม่สามารถตัดสินสายพันธุ์ได้



รูปที่ 6.17 ผังงานการพัฒนาอัลกอริทึมเมื่อเพิ่มคลาส

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า ไม่ว่าจะกรณีใดๆ ทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ดัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

ตารางที่ 6.5 ความสามารถของระบบในการระบุสายพันธุ์เมื่อเพิ่มคลาส “ไม่แน่ใจ”

		เปอร์เซ็นต์การระบุสายพันธุ์			
		ผลต่างของจำนวนภาพย่อยสองสายพันธุ์			
		5%	10%	15%	20%
ภาพชุดฝึก	<i>P. falciparum</i>	9/10 ภาพ = 90%	9/10 ภาพ = 90%	9/10 ภาพ = 90%	8/10 ภาพ = 80%
	<i>P. vivax</i>	15/15 ภาพ = 100%	14/15 ภาพ = 93.33%	13/15 ภาพ = 86.67%	13/15 ภาพ = 86.67%
	รวม	24/25 ภาพ = 96%	23/25 ภาพ = 92%	22/25 ภาพ = 88%	21/25 ภาพ = 84%
ภาพชุดทดสอบ	<i>P. falciparum</i>	54/56 ภาพ = 96.43%	53/56 ภาพ = 94.64%	47/56 ภาพ = 83.92%	46/56 ภาพ = 82.14 %
	<i>P. vivax</i>	46/47 ภาพ = 97.87%	45/47 ภาพ = 95.74%	39/47 ภาพ = 82.97%	39/47 ภาพ = 82.97%
	รวม	100/103 ภาพ = 97.08%	98/103 ภาพ = 95.14%	86/103 ภาพ = 83.49%	85/103 ภาพ = 82.52%

ตารางที่ 6.6 ความสามารถของระบบในการจำแนกสายพันธุ์เมื่อเพิ่มคลาส “ไม่แน่ใจ”

		เปอร์เซ็นต์ความถูกต้องในการจำแนกสายพันธุ์			
		ผลต่างของจำนวนภาพย่อยสองสายพันธุ์			
		5%	10%	15%	20%
ภาพชุดฝึก	<i>P. falciparum</i>	9/9 ภาพ =100%	9/9 ภาพ =100%	9/9 ภาพ =100%	8/8 ภาพ = 100%
	<i>P. vivax</i>	14/15 ภาพ = 93.33%	13/14 ภาพ = 92.85%	12/13 ภาพ = 92.3%	12/13 ภาพ = 92.3%
	รวม	23/24 ภาพ = 95.83%	22/23 ภาพ = 95.65%	21/22 ภาพ = 95.45%	20/21 ภาพ = 95.23%
ภาพชุดทดสอบ	<i>P. falciparum</i>	46/54 ภาพ = 85.18%	46/53 ภาพ = 86.79%	41/47 ภาพ = 87.23%	41/46 ภาพ = 89.13%
	<i>P. vivax</i>	36/46 ภาพ = 78.26%	35/45 ภาพ = 77.77%	29/39 ภาพ = 74.35%	29/39 ภาพ = 74.35%
	รวม	82/100 ภาพ = 82%	81/98 ภาพ = 82.65%	70/86 ภาพ = 81.39%	70/85 ภาพ = 82.35%

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า  
ไม่ว่ากรณีใดๆ ทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ดัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

ตารางที่ 6.5 แสดงผลลัพธ์การตัดสินใจระบุสายพันธุ์โดยเปลี่ยนแปลงเปอร์เซ็นต์ผลต่างของจำนวนภาพย่อย พบว่าเมื่อเพิ่มเปอร์เซ็นต์ผลต่างจะทำให้ความสามารถในการระบุสายพันธุ์ของระบบมีค่าลดลง (ไม่สามารถระบุสายพันธุ์ได้หากภาพอยู่ในคลาส "ไม่แน่ใจ") โดยมีค่าต่ำกว่า 90% เมื่อใช้เปอร์เซ็นต์ผลต่างที่ 15% และ 20% และเมื่อพิจารณาความสามารถในการจำแนกสายพันธุ์เฉพาะภาพที่สามารถระบุสายพันธุ์ได้ ซึ่งแสดงในตารางที่ 6.6 พบว่าค่าความถูกต้องรวมในการจำแนกสายพันธุ์มีค่าสูงที่สุดที่เปอร์เซ็นต์ผลต่างของจำนวนภาพย่อยเท่ากับ 10% ดังนั้นผู้วิจัยจึงเลือกใช้ช่วงเปอร์เซ็นต์ผลต่างของจำนวนภาพย่อยที่ 10%

ตารางที่ 6.7 ความสามารถของระบบในการจำแนกสายพันธุ์ก่อนและหลังการเพิ่มคลาส "ไม่แน่ใจ"

		เปอร์เซ็นต์ความถูกต้องในการจำแนกสายพันธุ์	
		ก่อนเพิ่มคลาส	หลังเพิ่มคลาส
ภาพชุดฝึก	<i>P. falciparum</i>	9/10 ภาพ = 90%	9/9 ภาพ = 100%
	<i>P. vivax</i>	14/15 ภาพ = 93.33%	13/14 ภาพ = 92.85%
	รวม	23/25 ภาพ = 92%	22/23 ภาพ = 95.65%
ภาพชุดทดสอบ	<i>P. falciparum</i>	48/56 ภาพ = 85.71%	46/53 ภาพ = 86.79%
	<i>P. vivax</i>	37/47 ภาพ = 78.72%	35/45 ภาพ = 77.77%
	รวม	85/103 ภาพ = 82.52%	82/100 ภาพ = 82.65%

เมื่อพิจารณาค่าความถูกต้องในการจำแนกสายพันธุ์โดยรวมก่อนเพิ่มคลาสและหลังเพิ่มคลาส ดังแสดงในตารางที่ 6.7 พบว่าหลังจากเพิ่มคลาสระบบสามารถจำแนกสายพันธุ์ได้ถูกต้องมากขึ้น 3.65% สำหรับรูปชุดฝึก และ 0.13% สำหรับรูปชุดทดสอบ ซึ่งจะเห็นว่าเมื่อเพิ่มคลาส "ไม่แน่ใจ" ระบบสามารถเพิ่มความสามารถการจำแนกสายพันธุ์ของระบบได้เพียงเล็กน้อยเท่านั้น ผู้วิจัยจึงมีความเห็นว่าไม่ควรเพิ่มคลาส "ไม่แน่ใจ" ในอัลกอริธึมของงานวิจัยนี้ เพราะไม่ได้ทำให้อัลกอริธึมสามารถจำแนกสายพันธุ์ได้ถูกต้องเพิ่มขึ้นอย่างมีนัยสำคัญ

## สรุปผลการวิจัยและข้อเสนอแนะ

### 7.1 สรุปผลการวิจัย

วิทยานิพนธ์นี้ทำการศึกษาลักษณะความสัมพันธ์ระหว่างคุณลักษณะของภาพและสายพันธุ์ของมาลาเรีย พัฒนาเทคนิคการประมวลผลภาพเพื่อตรวจจับโครมาตินของปรสิตมาลาเรียรวมถึงระบบจำแนกสายพันธุ์ปรสิตมาลาเรียอัตโนมัติโดยใช้ภาพแผ่นฟิล์มโลหิตชนิดหนา

ผู้วิจัยได้ใช้เทคนิคการประมวลผลภาพเพื่อทำการตรวจจับโครมาตินของปรสิตมาลาเรียในภาพที่มีพื้นหลังไม่สม่ำเสมอ โดยการใช้อ็องค์ประกอบสี 2 ชนิดคืออ็องค์ประกอบ Hue และ Intensity ของระบบสี HSI ร่วมกับเทคนิคการประมวลผลภาพเช่น การเทรส์โซลด์แบบ Global thresholding โดยใช้วิธีของ Gonzalez and Woods และวิธีของ Otsu การขยายภาพ การเซาะภาพ การเปิดภาพ การเติมเต็มบริเวณ การกำจัดวัตถุบริเวณขอบภาพ ในการแยกโครมาตินออกจากพื้นหลังของภาพเพื่อทำการตัดแบ่งภาพต้นฉบับออกเป็นภาพย่อยเพื่อความรวดเร็วในการประมวลผล จากนั้นได้คำนวณค่าทางสถิติของภาพแผ่นฟิล์มโลหิตหนาของสายพันธุ์มาลาเรียทั้งสองชนิด พบว่าภาพทั้งสองสายพันธุ์มีค่าทางสถิติที่ต่างกันอย่างเห็นได้ชัดเหมาะสำหรับการใช้เป็นคุณลักษณะเพื่อจำแนกสายพันธุ์ แต่เนื่องจากคุณลักษณะของภาพที่ถูกเลือกใช้มีจำนวนมากทำให้ข้อมูลมีขนาดใหญ่ ผู้วิจัยจึงเลือกใช้วิธีการแยกอ็องค์ประกอบเชิงเดี่ยวในการลดขนาดข้อมูลโดยที่ข้อมูลยังคงคุณลักษณะที่สำคัญของภาพ

ผู้วิจัยได้ศึกษาวิธีการจำแนกข้อมูล 2 วิธีเปรียบเทียบกันได้แก่ การจำแนกแบบเบย์ส์และซัพพอร์ตเวกเตอร์แมชชีน และพบว่าวิธีการจำแนกโดยใช้ซัพพอร์ตเวกเตอร์แมชชีนให้ความถูกต้องที่สูงกว่าวิธีการจำแนกแบบเบย์ส์ สำหรับอัลกอริธึมสุดท้าย ได้ใช้ซัพพอร์ตเวกเตอร์แมชชีนร่วมกับเคอร์เนลฟังก์ชันฐานรัศมี โดยทำการปรับค่าพารามิเตอร์ 3 ค่าได้แก่ ค่าเงื่อนไขบังคับ ค่าซิกมา และจำนวนคอสม์นของเบสิส เพื่อให้ได้ผลลัพธ์การจำแนกที่ดีที่สุด ผลการทดสอบอัลกอริธึมกับภาพชุดทดสอบ พบว่าสามารถจำแนกเชื้อสายพันธุ์ *P. falciparum* ได้ถูกต้อง 85.71 % และสายพันธุ์ *P. vivax* ได้ถูกต้อง 78.72%

### 7.2 ข้อเสนอแนะ

ในงานวิจัยพบว่ายังมีความผิดพลาดในการจำแนกสายพันธุ์มาลาเรียในการอาศัยเพียงค่าทางสถิติของภาพ เนื่องจากภาพที่ใช้ในการวิจัยบางภาพมีเชื้อที่มีลักษณะทางกายภาพและคุณลักษณะทางสถิติที่ใกล้เคียงกับเชื้ออีกชนิดทำให้ผลลัพธ์การจำแนกผิดพลาด ดังนั้นหากมีการพัฒนาเทคนิคการประมวลผลภาพที่สามารถบ่งบอกลักษณะทางกายภาพของไซโทพลาสซึมได้อาจทำให้การจำแนกสายพันธุ์มีความแม่นยำมากขึ้น เช่นการใช้ภาพ 3 มิติจากการถ่ายด้วยกล้องจุลทรรศน์ที่ความลึกหลายระดับ รวมถึงการใช้ค่าทางสถิติชนิดอื่นในการจำแนกสายพันธุ์ด้วย

นอกจากนี้ในส่วนของภาพที่ใช้ในการวิจัย ถ้ามีปริมาณมากจะทำให้มีข้อมูลทางสถิติเพิ่มมากขึ้น ก็จะสามารถสร้างระบบการจำแนกสายพันธุ์ที่มีความแม่นยำเพิ่มมากขึ้น

### 7.3 ทิศทางการวิจัยในอนาคต

ในงานวิจัยนี้เลือกใช้มาลาเรียเพียง 2 สายพันธุ์ที่พบการระบาดมากที่สุดในประเทศไทย แต่จากข้อมูลปัจจุบันพบว่ามีสายพันธุ์อื่นที่แพร่ระบาดในพื้นที่บริเวณภาคใต้ของไทยได้แก่สายพันธุ์ *Plasmodium malaria* นอกจากนี้มาลาเรียยังมีระยะการเจริญเติบโตของเชื้อซึ่งในแต่ละระยะมีลักษณะของปรสิตที่แตกต่างกัน ดังนั้นการพัฒนาให้ระบบสามารถจำแนกมาลาเรียสายพันธุ์อื่นรวมถึงจำแนกระยะของเชื้อได้จะทำให้ระบบมีความสมบูรณ์มากขึ้น



## เอกสารอ้างอิง

- [1] S. Kareem, R.C. Morling and I. Kale, "A novel method to count the red blood cells in thin blood films, " *Proceedings of IEEE Int. Symp. Circuits and Systems*, 2011, pp. 1021-1024.
- [2] D.Anggraini, et. al., "Automated status identification of microscopic images obtained from malaria thin blood smears using Bayes decision: a study case in *plasmodium falciparum*, " *Proceedings of Int. Conf. Advanced Computer Science and Information System (ICACSIS)*, 2011, pp. 347-352.
- [3] A. Shruti et al., "Automatic identification of malaria parasites using image processing," *International Journal of Emerging Engineering Research and Technology*, vol. 2, no. 4, 2014, pp. 107-112.
- [4] S.S. Savakare, S.P. Narote, "Automatic system for classification of Erythrocytes infected," *Proceedings of the 2nd International Conference on Communication, Computing & Security (ICCCS-2012)*, 2012, pp. 405-410.
- [5] M.J. Razzak, "Automatic detection and classification of malarial parasite," *International Journal of Biometrics and Bioinformatics*, vol. 9, no. 1, 2015, pp. 1-12.
- [6] K. Chakraborty, A. Chattopadhyayb, A. Chakrabarti, T. Acharyad and AK. Dasguptae, "A combined algorithm for malaria detection from thick smear blood slides," *J Health Med Inform*, vol. 6, no. 179, 2015. doi: 10.4172/2157-7420.1000179.
- [7] S. Kaewkamnerd, C. Uthaiyibull, A. Intarapanich, M. Pannarat and S. chaotheing, "An automatic device for detection and classification of malaria parasite species in thick blood film, " *BMC Bioinformatics*, 2013, S18 (Suppl 17).
- [8] I. Ketut Eddy Purnama, F. Zakiyah Rahmuntu and M. Hery Purnomo, "Malaria parasite identification on thick blood film using genetic programming, " *Proceedings of International Conference on Instrumentation, Communication, Information Technology and Biomedical Engineering (ICICI-BME)*, 2013, pp. 194-198.

## เอกสารอ้างอิง (ต่อ)

- [9] University of Basel., “Digital Image Fundamentals Introduction to Signal and Image Processing.”[Online] Available: <https://miac.unibas.ch/SIP/02-Fundamentals-media/figs/rgb-colourcube.png>. 2015.
- [10] New Mexico Tech Computer Center, “Introduction to color theory.”[Online] Available: <http://infohost.nmt.edu/tcc/help/pubs/colortheory/img/cone.png>. 2012.
- [11] Virtual Satellite Image Processing and Analysis Laboratory Indian Institute of Technology Bombay, “Motivation for Color Transforms.”[Online] Available: [http://vlabs.iitb.ac.in/csre/siplabs/theory10\\_files/image006.jpg](http://vlabs.iitb.ac.in/csre/siplabs/theory10_files/image006.jpg). 2015.
- [12] R.C. Gonzalez, R.E. Woods, Digital Image Processing, 2nd ed. Prentice Hall, New Jersey, 2002.
- [13] Otsu N., “A threshold selection method from gray level histograms, ” IEEE Trans Syst Man Cybern SMC, vol. 9, no. 1, 1979, pp. 62-66.
- [14] ชูชาติ ปิณฑวิรุจน์, การประมวลผลภาพดิจิทัลขั้นสูงด้วย MATLAB, พิมพ์ครั้งที่ 1. แผนกตำราและสื่อการสอนคณะวิศวกรรมศาสตร์สถาบันเทคโนโลยีพระจอมเกล้าเจ้าคุณทหารลาดกระบัง.



เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า  
ไม่ว่ากรณีใดๆ ทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ดัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

## ภาคผนวก ก.

MATLAB source code สำหรับอัลกอริธึมจำแนกสายพันธุ์มาลาเรียอัตโนมัติ



เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า  
ไม่ว่ากรณีใดๆ ทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ดัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

```

%% ----- Import data (Testing Image) -----
testing_image=imread('pf1.jpg');
normalized_testing_image=im2double(testing_image);

%% ----- Decomposing RGB color model -----
r=normalized_testing_image(:,:,1); % Red component
g=normalized_testing_image(:,:,2); % Green component
b=normalized_testing_image(:,:,3); % Blue component

%% ----- Converting into HSI color model -----
-----
H_component=acos((0.5*((r-g)+(r-b))./((sqrt((r-g).^2+(r-
b).*(g-b)))+eps)));
H_component(b>g)=2*pi-H_component(b>g);
H_component=H_component/(2*pi);
S_component=1-3.*(min(min(r,g),b))./(r+g+b+eps));
std_of_s=std(reshape(S_component,[1,[]]));
I_component=((r+g+b)/(3));

%% ----- Calculating Treshold value: T stated in
Gonzalez and wood
T=0.5*(double(min(I_component(:))+double(max(I_component(:)))
));
done=false;
while ~done
    g=I_component>=T;
    Tnext=0.5*(mean(I_component(g))+mean(I_component(~g)));
    G1= mean(I_component(g));
    G2=mean(I_component(~g));
    done=abs(T-Tnext)<0.5;
    T=Tnext;
end

I_component(I_component>=T)=0; % tresholding
I_component=im2bw(I_component,0.3); %converting into binary
image
I_component = imfill(I_component,'holes'); %filling holes
se = strel('disk',5); % creating structure element
I_component= imdilate(I_component,se); % dilating binary image
I_component = imfill(I_component,'holes'); %hole file
I_component = xor(bwareaopen(I_component,10),
bwareaopen(I_component,8000)); % removing White Blood Cells
I_component = imerode(I_component,se); % eroding binary image

%% ----- estimating number of White Blood Cells
if(std_of_s<0.08) % there are few White Blood cells

    Chromatin_mask = imclearborder(I_component); %removing
border objects

```

```

else          % there are plenty of White Blood cells

Otsu_treshold=graythresh(H_component); % calculating Otsu's
threshold value

H_component(H_component>=Otsu_treshold)=1; % thresholding
H_component=im2bw(H_component,0.9); %converting into binary
image
H_component=imcomplement(H_component); %negation
H_component(I_component==0)=0; %intersection between two
masks
Chromatin_mask = imclearborder(H_component); %removing border
objects
end

[nLow,nCol]=size(Chromatin_mask); %size of image
[labeledImage numberOfSpots] = bwlabel(Chromatin_mask);
testing_feature_set=zeros(1,20);

for numb=1:numberOfSpots
[r, c] = find(labeledImage==numb);   %%% [r,c] are pixel
coordinates of this chromatin

%%locate center of this chromatin
center_row=(min(r)+max(r))/2;
center_column=(min(c)+max(c))/2;

if center_row<=70
starting_row=1;
else
starting_row=center_row-70;
end

if center_column<=70
starting_column=1;
else
starting_column=center_column-70;
end

if starting_row+140>nLow
ywidth=nLow-starting_row;
else
ywidth=140;
end
if starting_column+140>nLow
xwidth=nCol-starting_column;
else
xwidth=140;
end
%% divide image into sub-small images
sub_image = imcrop(testing_image,[starting_column
starting_row xwidth ywidth]);

```

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า  
ไม่ว่ากรณีใดๆ ทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ดัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

```

%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%generating feature

hsv = rgb2hsv(sub_image);
V=hsv(:,:,3);
normalized_sub_image=im2double(sub_image);
r=normalized_sub_image(:,:,1);
g=normalized_sub_image(:,:,2);
b=normalized_sub_image(:,:,3);
S=1-3.*(min(min(r,g),b))./(r+g+b+eps);
I=((r+g+b)/(3));

%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%%reshape
g= reshape(g,[1],[1]);
I= reshape(I,[1],[1]);
S= reshape(S,[1],[1]);
V= reshape(V,[1],[1]);

testing_feature_set(numb,:)=[mean(g) std(g) kurtosis(g)
skewness(g) entropy(g) mean(I) std(I) kurtosis(I) skewness(I)
entropy(I) mean(S) std(S) kurtosis(S) skewness(S) entropy(S)
mean(V) std(V) kurtosis(V) skewness(V) entropy(V)];

end

%% ----- training SVM

load('Training_set.mat') %%loading training set

[Uf,s1,v1]=svd(Xpf_training_set'); %% decomposing Pf feature
set
[Uv,s2,v2]=svd(Xpv_training_set'); %% decomposing Pv feature
set
s1=diag(s1.^2);
s2=diag(s2.^2);
df=find((cumsum(s1)/max(cumsum(s1)))>=0.99);
dv=find((cumsum(s2)/max(cumsum(s2)))>=0.99);
Usum=[Uf(:,1:df(1)),Uv(:,1:dv(1))];
[Uall,Sall,Vall]=svd(Usum);

Uall=Uall(:,1:6); %%<--- choosing only first six columns of
Uall
Wf=Uall'*Xpf_training_set'; % projecting Pf feature set onto
basis matrix
Wv=Uall'*Xpv_training_set'; % projecting Pv feature set onto
basis matrix
xdata=[Wf';Wv'];
group={'Pf','Pf','Pf','Pf','Pf','Pf','Pf','Pf','Pf','Pf','Pf',
'Pf','Pf','Pf','Pf','Pf','Pf','Pf','Pf','Pf','Pf','Pf','Pf',
'Pf','Pf','Pf','Pf','Pf','Pf','Pf','Pf','Pf','Pf','Pf',
'Pf','Pf','Pf','Pf','Pv','Pv','Pv','Pv','Pv','Pv','Pv','Pv',
'Pv','Pv','Pv','Pv','Pv','Pv','Pv','Pv','Pv','Pv','Pv','Pv',
'Pv','Pv','Pv','Pv'};

```

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า  
ไม่ว่ากรณีใดๆ ทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ดัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

```

group=group';

svmStruct =
svmtrain(xdata,group,'showplot','false','kernel_function','rbf
','boxconstraint',0.8,'rbf_sigma',1); %% training SVM
classifier

X_testing=Uall'*testing_feature_set';
species = svmclassify(svmStruct,X_testing'); % classifying
each sub-small images

[a b c] = unique(species);
d = hist(c,length(a));
%%% d(1)= number of Pf's sub-small images
%%% d(2)= number of Pv's sub-small images

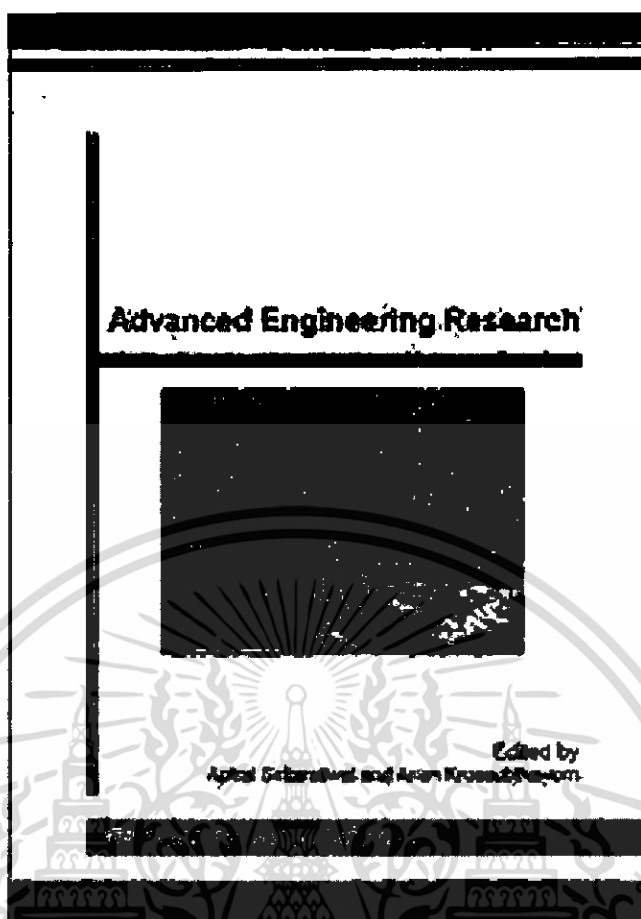
if(d(1)>d(2))
    disp('algorithm concludes that this testing image belong
to P. Falciparum species')
elseif(d(1)==d(2))
    disp('algorithm concludes that this testing image
belong to P. Falciparum species')
else
    disp('algorithm concludes that this testing image
belong to P. Vivax species')
end

```

ภาคผนวก ข.  
ผลงานวิจัยที่ได้รับการตีพิมพ์



เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า  
ไม่ว่ากรณีใดๆ ทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ดัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้



เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า  
ไม่ว่ากรณีใดๆ ทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ดัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

## Chromatin detection in malaria thick blood film using automated image processing

Aeggarut Pinkaew<sup>1,a</sup>, Tulaya Limpiti,<sup>2,b\*</sup> and Akraphon Trirat<sup>3,c</sup>

<sup>1,2,3</sup> Faculty of Engineering, King Mongkut's Institute of Technology Ladkrabang,  
Bangkok 10520, Thailand

<sup>a</sup>s6601258@kmitl.ac.th, <sup>b</sup>kltulaya@kmitl.ac.th, <sup>c</sup>akraphon@telecom.kmitl.ac.th

**Keywords:** chromatin, image processing, malaria, thick blood film, thresholding

**Abstract.** Malaria is a serious global health problem and rapid, accurate diagnosis is required to control the disease. An image processing algorithm to aid the diagnosis of malaria on thick blood films is developed. Morphological and automatic threshold selection techniques are applied on two color components from the HSI color model to identify chromatins of *P. Falciparum* and *P. Vivax* malaria species on the images. Chromatins are positively identified with good sensitivities for both species. After identifying the position of chromatins, the algorithm splits the image into small sub-images, each with a chromatin in the center. These small images can subsequently be used by technician to classify malaria species more conveniently.

### Introduction

Malaria is a serious global health problem. In 2012, 3.4 billion people are at risk of malaria. Among those, 207 millions are infected, with 627,000 deaths [1]. The most commonly used method for diagnosis of malaria is by visually inspecting blood films through a light microscope. A thick blood film requires between 15-20 minutes for a trained technician to locate the parasites from their chromatin dots and classify their species, e.g., based on the shape of the observed cytoplasm, so that proper medication can be administered. However, if the patient is not seriously infected, locating chromatins under the microscope can be cumbersome. During an outbreak, rapid, accurate diagnosis is required to control the disease and manual inspection may be too slow.

Most of the existing image processing techniques for detecting chromatins have done so with thin blood films. This has a higher resolution of the parasites, but is expensive and requires long hours to process. So, it is not typically used in the field. Using the fact that chromatins only lie inside red blood cells, dilation and erosion methods with structural element size related to infected red blood cells are utilized in [2]. A technique in [3] detects chromatins using multiple thresholding after observing three different intensity areas within the infected cells. Nevertheless, these techniques are not applicable to images from thick blood films, on which the red blood cells are not observable. Elter [4] detects chromatins in thick blood films using close and open operations. The method has the sensitivity of 0.97, but is specific only to *P. Falciparum* species.

The work in this paper aims to aid the technicians in examining the thick blood films. Instead of searching through the entire slide by eye, we propose an image processing algorithm that locates the chromatins automatically. The algorithm can detect chromatins of *P. Falciparum* and *P. Vivax*, the two most common malaria species found in Thailand. The algorithm produces smaller images, each with a chromatin in the center, as its output to be subsequently used by technicians for classification.

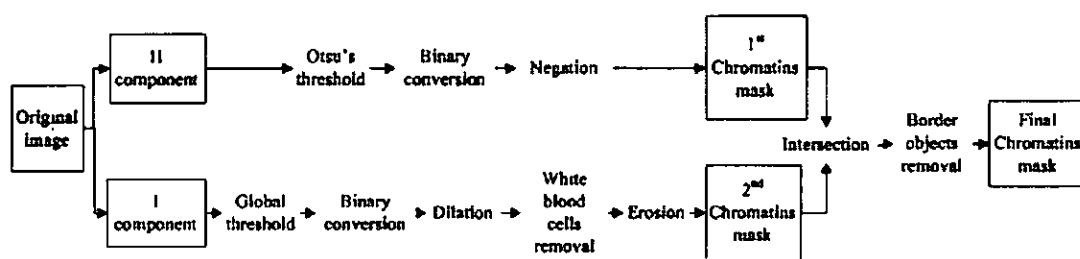


Fig. 1. Flowchart of the proposed algorithm.

## Methods

The flowchart of our proposed algorithm is depicted in Fig. 1. Image of thick blood films stained using the quick Giemsa method is acquired using a charge-coupled device camera connected to a light microscope. The original image in RGB color model is converted to HSI color model. An example of the original image and its HSI components are shown in Fig. 2. We first work with the I component of the image to separate chromatins and white blood cells from the background. The staining process used for enhancing malaria cell visibility results in images with different color intensity. Hence, instead of choosing a constant threshold we opt for an automatic thresholding using the Global Threshold method [5]. This is suitable because the histogram of the I-component image is bi-mode, as depicted in Fig. 3. The vertical line is the selected threshold. The first mode of the histogram represents the white blood cells and chromatins, whereas the second mode represents the background.

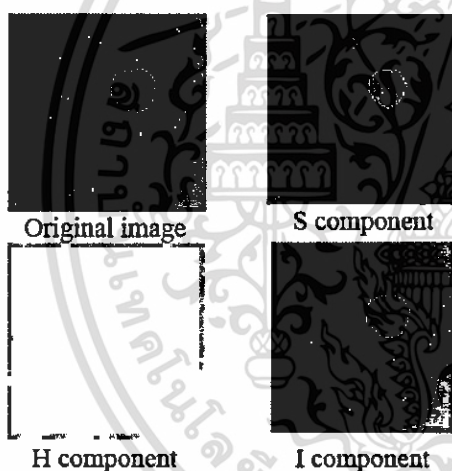


Fig. 2. Original image and its HSI components.

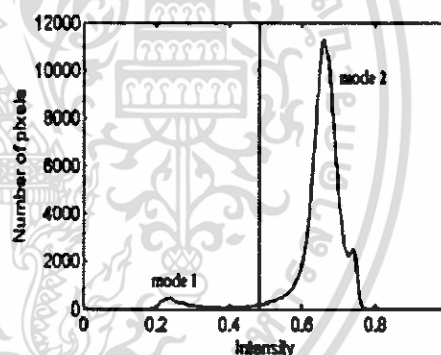


Fig. 3. Histogram of the I component.

After thresholding the image is converted to binary for ease of calculation. The binary image is then dilated to merge nearby artifacts to the white blood cells. This process also enlarges the chromatins slightly. The chromatins have radii between 6-7 pixels and the white blood cells have the radii between 50-102 pixels. This size difference is used to remove the white blood cells. Erosion process is subsequently used to reduce chromatin size to their original size. Both dilation and erosion processes use disk shape with a 5-pixel radius as the structure element. These steps yield the first chromatin mask. Fig. 4 depicts the images obtained in each aforementioned step.

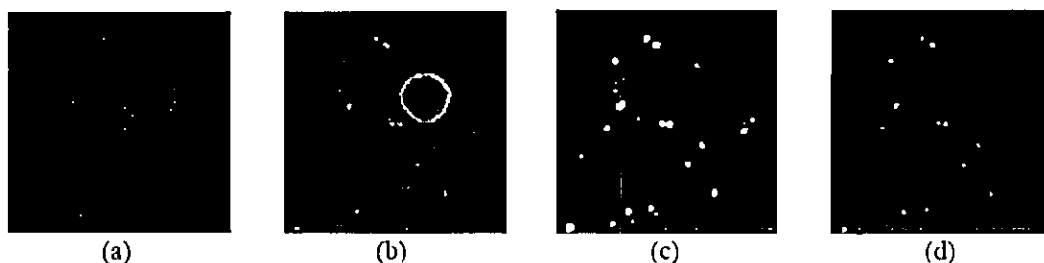
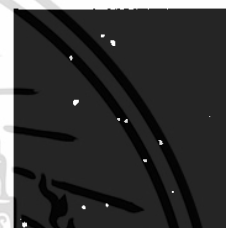


Fig. 4. I component images (a) after global thresholding, (b) after binary conversion, and (c) after dilation and white blood cell removal. (d) First chromatin mask.

It is observed that the chromatin mask from the I component still has many artifacts. A second mask from the H component of the original image is constructed to reduce these. The H component stores color information of the image. The areas of chromatins are red and magenta, which span 240-360 degrees in the H component. Otsu's automatic threshold selection [6] is used to identify areas that may contain chromatins. The image after thresholding (Fig. 5a) is converted to binary and negated to produce a second mask shown in Fig. 5b. The two masks are intersected to form the final chromatin mask in Fig. 6 that has smaller number of artifacts.



(a)



(b)

Fig. 5. H component images (a) after Otsu's thresholding, (b) Second chromatin mask.

Fig. 6. Final chromatin mask.

Finally the original image is divided into small images of size 140x140 pixels, whose centers are chromatin positions obtained from the final mask. Example of the resulting sub-images is illustrated in Fig. 7. The technician can inspect these images faster and more conveniently.

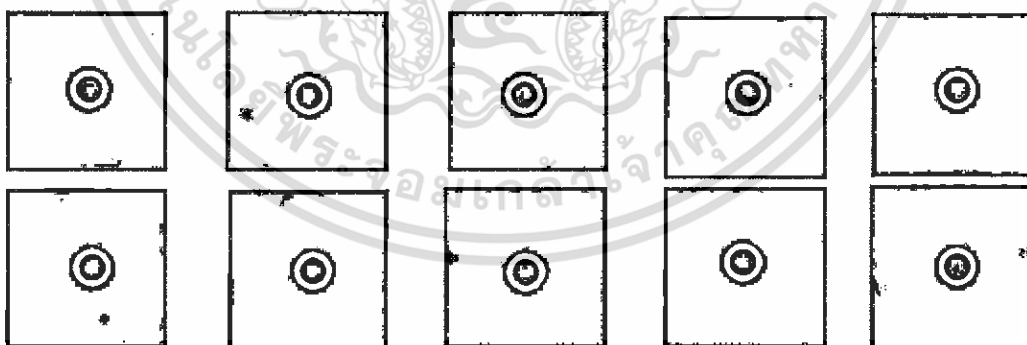


Fig. 7. Example outputs of the algorithm.

## Results

Thirty 500 pixels x 500 pixels images of *P. Falciparum* species containing 398 chromatins, and ten images of *P. Vivax* species with 20 chromatins are used to test our algorithm. Its ability to detect chromatins is measured by the sensitivity and false discovery rate (FDR), as given by

$$\text{Sensitivity} = \frac{\text{True Positive}}{\text{True Positive} + \text{False Negative}} \quad (1)$$

$$\text{FDR} = \frac{\text{False Positive}}{\text{True Positive} + \text{False Positive}} \quad (2)$$

The sensitivity value measures the proportion of existing chromatins detected by our algorithm. The FDR indicates how much type I error is incurred from all detections. The algorithm has sensitivity of 0.79 for *P. Falciparum* and 0.95 for *P. Vivax*. The FDRs are 0.27 and 0.86 for *P. Falciparum* and *P. Vivax*, respectively.

## Conclusion and future work

We have proposed an automatic image processing algorithm that can help human experts detect chromatins on thick blood films. The algorithm has good sensitivities for both *P. Falciparum* and *P. Vivax*. Note that in practice the malaria species on the thick blood film is unknown, so an algorithm that works for multiple species is advantageous. A slight drawback is that the algorithm has high FDRs especially for *P. Vivax*, which means it would produce more images than necessary. However, this is still acceptable since the method has high sensitivities. The focus of malaria diagnosis is more on successfully locating sufficient number of chromatins for the technician to further classify its species. Our future work is to use the cytoplasm around the chromatin to automatically classify between *P. Falciparum* and *P. Vivax* species.

## Acknowledgement

The authors thank Dr. Apichart Intarapanich from Biomedical Signal Processing Laboratory, NECTEC, Thailand, for the thick blood smear images used in this paper.

## Reference

- [1] Information on [http://www.who.int/malaria/media/world\\_malaria\\_report\\_2013/en/](http://www.who.int/malaria/media/world_malaria_report_2013/en/).
- [2] S. Kareem, R.C. Morling and I. Kale, A novel method to count the red blood cells in thin blood films. 2011 IEEE Int. Symp. Circuits and Systems. (2011) 1021-1024.
- [3] D. Anggraini. et. al., Automated status identification of microscopic images obtained from malaria thin blood smears using Bayes decision: A study case in *Plasmodium Falciparum*. 2011 Int. Conf. Advanced Computer Science and Information System (ICACSIS). (2011) 347 - 352.
- [4] M. Elter, H. Erik and Z. Thorsten, Detection of malaria parasites in thick blood films. 2011 Annual Int. Conf. Engineering in Medicine and Biology Society (EMBC). (2011) 5140-5144.
- [5] R.C. Gonzalez, R.E. Woods, Digital Image Processing, 2 ed., Prentice Hall, New Jersey, 2002.
- [6] N. Otsu, A threshold selection method from gray-level histograms, IEEE Trans. Systems, man,

**BME iCON 2015**  
November 25-27, 2015  
Pattaya, Thailand

**PROGRAM  
AND  
ABSTRACTS**  
**The 8th Biomedical Engineering  
International Conference**

IEEE CATALOG NUMBERS (USB): CFP1558R-USB  
ISBN: 978-1-4673-9157-3

IEEE  
Advancing Technology  
for Humanity

IEEJ

DNA

PANGSIT GROUP PCL

KMITL

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า  
ไม่ว่ากรณีใดๆ ทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ดัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

# Automated classification of malaria parasite species on thick blood film using support vector machine

Aggarut Pinkaew, Tulaya Limpiti, and Akraphon Trirat

Faculty of Engineering, King Mongkut's Institute of Technology Ladkrabang, Bangkok 10520, Thailand  
Email: s6601258@kmitl.ac.th, kltulaya@kmitl.ac.th, akraphon@telecom.kmitl.ac.th

**Abstract**—Malaria is a serious global health problem. It requires fast and effective diagnosis for detecting and classifying the type of infection. Proper treatment should be administered in a timely fashion to prevent an outbreak. Microscopic examination of thick blood films is one of the current standards for malaria diagnosis. However, inspecting a thick blood film is time-consuming and requires experienced technicians. Hence, for developing countries where most cases of malaria occur but microscopy expertise may not be available, a computerized system to aid such diagnosis is desirable. In this paper, an automated classification system operating on digitized images of thick blood film has been developed to classify between *Plasmodium falciparum* and *Plasmodium vivax* malaria parasite species. The system is fully automated. It is fast and can be handled by non-experts. We calculate five statistical features—mean, standard deviation, kurtosis, skewness and entropy—from four color channels (green, intensity, saturation, and value) of these images. The features are then projected onto a subspace representing image characteristics from both species. The projected features are used by the support vector machine for classification. It is found that the algorithm has acceptable training error and can classify test images with good accuracy.

## I. INTRODUCTION

Malaria is a frightening global health problem. In 2013, 3.3 billions people in 97 countries are at risk of malaria. Almost two millions cases of malaria have been reported globally, leading to approximately 600,000 deaths [1]. The current gold standard for malaria diagnosis is the microscopic examination of blood films [2]. Inspecting a thick blood film is time-consuming and requires experienced technicians. Interpretation is even more difficult when the patient has low level of parasitemia. On the other hand, a thin blood film has a higher resolution of parasites, but it is also more expensive and analysis requires long laboratory hours to process.

Various methods exist for detection and classification of malaria. Usually, thick films have better sensitivity for malaria detection. For example, Kaewkamnerd et al. [3] detects and classifies between *Plasmodium (P.) falciparum* and *Plasmodium (P.) vivax* from layers of thick film images at different depths of field by thresholding the estimated chromatin size. In [4], six classes of *P. falciparum* and *P. vivax* parasites at different life stages are classified using genetic programming. Other methods [5], [6] explore morphological-based, color-based, or wavelet-based features for *P. vivax* detection. In contrast, the thin film provides more specificity and is often used for multi-class classifications. Supervised algorithms such

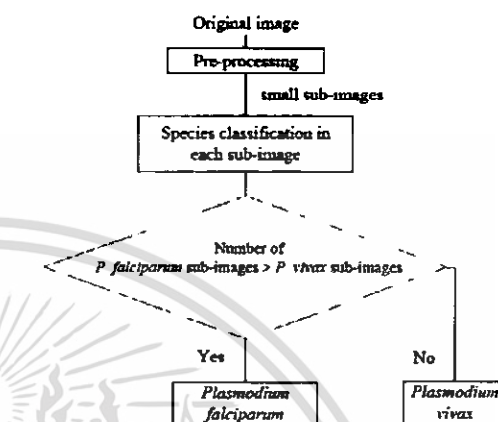


Fig. 1. Flowchart of the proposed system.

as neural network and support vector machine are popular, e.g., [7], [8].

In developing countries where most cases of malaria occur, microscopy expertise may not be available in all areas. Cost-effectiveness is also a major concern. This paper develops an automated system for classifying malaria parasite species using digitized images of thick blood film. It is desirable that the algorithm is cost-effective and computationally efficient. For the scope of this work we do not concern ourselves with detecting the infection of malaria parasites. We focus on the problem of classifying between the two most prevalent malaria species—*P. falciparum* and *P. vivax*—from infected blood smear images, so that proper drug treatment can be administered.

## II. METHODS

The proposed system for automated classification of malaria species operates according to the flowchart in Fig. 1. A charge-coupled device camera connected to a light microscope captures an image of thick blood film stained with the quick Giemsa method. The thick blood film image goes through pre-processing, feature extraction, mapping to basis space, and finally classification stages. Pre-processing is performed to remove white blood cells and identify locations of parasite chromatins. Subsequently, the image is segmented into small

sub-images, each having one chromatin in the center. The statistical features of the sub-images are extracted and transformed using a basis matrix. Next, each sub-image undergoes the classification process using a support vector machine to choose between *P. falciparum* and *P. vivax* parasite species. After all sub-images have been classified, the system uses a majority rule to decide the species of the original image.

#### A. Pre-processing

We adopt the pre-processing steps in Pinkaew et al. [9] to generate the sub-images of size 140-by-140 pixels with slight modifications. The input RGB image is converted to the HSI color model to create the mask which identifies locations of the chromatins. If there are a large number of white blood cells in the image, both Intensity (I) component and Hue (H) component are utilized. On the other hand, if there exists only a small number of white blood cells, only the chromatin mask from the I component is generated. Figure 2 illustrates an example of output sub-images from the pre-processing step for *P. falciparum* and *P. vivax* species. It is observed that their cytoplasms are of different shapes. Usually, *P. falciparum*'s cytoplasm has a thin, connected ring or crescent shape, whereas the cytoplasm of *P. vivax* is more amoeboid.

#### B. Feature extraction

The morphological variability between *P. falciparum* and *P. vivax* parasites should manifest in the statistics of the sub-images. Because of the lysis of red blood cells in thick blood films, we cannot use any characteristics of the infected red blood cells as our features. After extensive investigation, we choose to work with four color components of the sub-image, namely the green (G) channel of the RGB color model, the I component of the HSI color model, and the saturation (S) and value (V) components of the HSV color model. For each color component, five statistical measures similar to those used in [4], [8]—the mean ( $\bar{\mu}$ ), standard deviation ( $\sigma$ ), kurtosis ( $K$ ), skewness ( $\gamma$ ), and entropy ( $E$ )—are calculated using (1)–(5), respectively.

$$\bar{\mu}(Z) = \frac{1}{M} \sum_{m=1}^M x_m \quad (1)$$

$$\sigma(Z) = \sqrt{\frac{1}{M} \sum_{m=1}^M (x_m - \bar{\mu})^2} \quad (2)$$

$$K(Z) = \frac{\frac{1}{M} \sum_{m=1}^M (x_m - \bar{\mu})^4}{\sigma^4} \quad (3)$$

$$\gamma(Z) = \frac{\frac{1}{M} \sum_{m=1}^M (x_m - \bar{\mu})^3}{\sigma^3} \quad (4)$$

$$E(Z) = - \sum_i P_i^k \log_2 P_i^k \quad (5)$$

where  $x_m$  is the  $m$ th pixel in a sub-image.  $M$  is the total number of pixels (for our sub-image  $M = 19600$ ).  $P_i^k$  is the distribution of pixel values, and  $Z$  is the name of image color component. Kurtosis measures how sharp or flat the pixel



Fig. 2. Example of output sub-images from the pre-processing step for *P. falciparum* (left) and *P. vivax* (right).

TABLE I  
STATISTICS OF IMAGE FEATURES ACROSS FOUR COLOR COMPONENTS.

		Malaria species	
		<i>P. Falciparum</i>	<i>P. Vivax</i>
Mean	$\mu$	0.5248	0.5514
	$\sigma^2$	0.0695	0.0434
Standard deviation	$\mu$	0.0453	0.0513
	$\sigma^2$	0.0001	0.0004
Kurtosis	$\mu$	23.2021	4.7575
	$\sigma^2$	141.8208	3.9440
Skewness	$\mu$	-1.0070	-0.4180
	$\sigma^2$	16.3994	0.8046
Entropy	$\mu$	4.9407	5.5695
	$\sigma^2$	0.1100	0.4212

value distribution is relative to normal distribution. Skewness measures the asymmetry of the sub-image histogram around the sample mean. Lastly, entropy is used to characterize the amount of details or information within the sub-image. The means  $\mu$  and variances  $\sigma^2$  of these five statistical measures across four color components are given in Table I.

We form the component feature vector,

$$f(Z) = [\bar{\mu}(Z); \sigma(Z); K(Z); \gamma(Z); E(Z)] \quad (6)$$

and construct our final feature vector  $x_i$  for image  $i$  as,

$$x_i = [f(G); f(I); f(S); f(V)]. \quad (7)$$

#### C. Basis construction

If we work with too many features, the system suffers from the curse of dimensionality. Beside being computationally expensive, some of the selected features may not be as useful as the others. Therefore, we do not use the feature vector from (7) directly. Instead, we first reduce the dimension of our feature vectors by projecting them onto a low-dimensional space with maximum variations between transformed feature point. This way, classification can be performed more efficiently.

We select a basis construction set from 10 thick blood film images of *P. falciparum* and 15 images of *P. vivax*. Overall, the data set include 40 *P. falciparum* sub-images and 25 *P. vivax* sub-images. These training images are manually selected from a large pool of available images. They best represent the characteristics of images from each malaria species.

Two 20-by- $k$  feature matrices  $X = [x_1, x_2, \dots, x_k]$  are generated by concatenating the feature vectors of sub-images

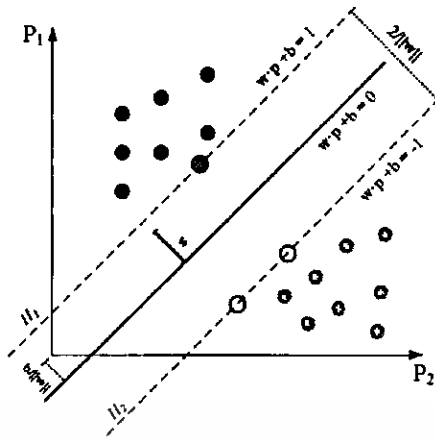


Fig. 3. Concept of the support vector machine.

from the basis construction set. For *P. falciparum* feature matrix,  $X_f$ ,  $k = 40$ . For *P. vivax* feature matrix  $X_v$ ,  $k = 25$ . Next, we decompose  $X_f$  and  $X_v$  using the singular value decomposition,

$$X_f = U_f S_f V_f^T \quad (8)$$

$$X_v = U_v S_v V_v^T \quad (9)$$

The  $U$ 's are the left singular value matrices;  $V$ 's are the right singular value matrices, and  $S$ 's are diagonal matrices containing the singular values. Superscript  $(\cdot)^T$  denotes matrix transpose. We then form the matrix

$$\tilde{U} = [\tilde{U}_f, \tilde{U}_v] \quad (10)$$

where  $\tilde{U}_f$  contains the first eight columns of  $U_f$  and  $\tilde{U}_v$  contains the first seven columns of  $U_v$ . These columns of the left singular matrices corresponds to the dominant singular values that make up 99% of total variance of each matrix. Finally, another singular value decomposition is taken to obtain

$$\tilde{U} = USV^T \quad (11)$$

We then project the feature vectors onto the space spanned by the basis vectors in  $U$ .

Given a training set of projected data  $p_i \in \mathbb{R}^N$ ,  $i = 1, \dots, k$  with corresponding class labels  $y_i \in \{-1, 1\}$ , a support vector machine (SVM) for classifying between two classes of separable data is constructed by finding an optimal hyperplane,

$$(w \cdot p) + b = 0, \quad w \in \mathbb{R}^N, \quad b \in \mathbb{R} \quad (12)$$

which has the largest margin of separation between the two classes [10]. Vector  $w$  is normal to the hyperplane (see Fig. 3). Suppose all training samples satisfy the inequalities.

$$y_i(w \cdot p_i + b) - 1 \geq 0, \quad \forall i. \quad (13)$$

The solution to this constrained optimization problem can be obtained as [11]

$$w = \sum_i \alpha_i y_i p_i \quad (14)$$

$$\sum_i \alpha_i y_i = 0 \quad (15)$$

where  $\alpha_i$ ,  $i = 1, \dots, k$ , are Lagrange multipliers. The support vectors are the  $p_i$ 's for which  $\alpha_i > 0$ ; they lie on the hyperplanes  $H_1$  and  $H_2$  in Fig. 3. The classifier's decision function for a new data point  $p$  is

$$f(p) = \text{sign}((w \cdot p) + b). \quad (16)$$

For a non-separable case, the data are projected to a higher dimension where they are separable using hyperplanes. The projection is via the use of a kernel  $\Phi$ , and the final classifier becomes,

$$f(p) = \text{sign}(\Phi(w, p) + b) \quad (17)$$

where  $\Phi$  is the kernel of choice for each classification problem. In this paper we investigate the SVM with two kernels:

- 1) Radial basis function (RBF) kernel:

$$\Phi(q, q') = \exp\left\{-\frac{\|q - q'\|^2}{2\sigma^2}\right\}.$$

- 2) Linear kernel:

$$\Phi(q, q') = q^T q'.$$

### III. RESULTS

#### A. Training the SVM

The same feature matrices  $X_f$  and  $X_v$  described in Section II-C are also used to train our SVM classifier. To prepare the training data, we project the feature matrices onto the subspace spanned by the bases.

$$P_f = U_l^T X_f \quad (18)$$

$$P_v = U_l^T X_v \quad (19)$$

where  $U_l$  is the truncated  $U$  from (11) containing only the first  $l$  columns. These transformed feature vectors, along with their appropriate labels, are subsequently fed into the SVM classifier.

The classification accuracy of our SVM classifier on the training data as a function of the number of columns in  $U_l$  observed that for different value of  $l$ , the classifier has different performances for each species. Because we want the classifier to perform well on both *P. falciparum* and *P. vivax* using the same basis matrix, there is a trade-off for the ability to classify both species correctly and the overall performance. For example, if we choose  $l = 5$  and RBF kernel, the accuracy for *P. vivax* is 100%, but that for *P. falciparum* would be under 20%, and vice versa for  $l = 10$ . So, we only consider the total accuracy (black bars in Fig. 4). The highest total accuracy is achieved using  $l = 6$  with RBF kernel. Choosing  $U_6$  as the final basis matrix for our algorithm, the classification accuracy

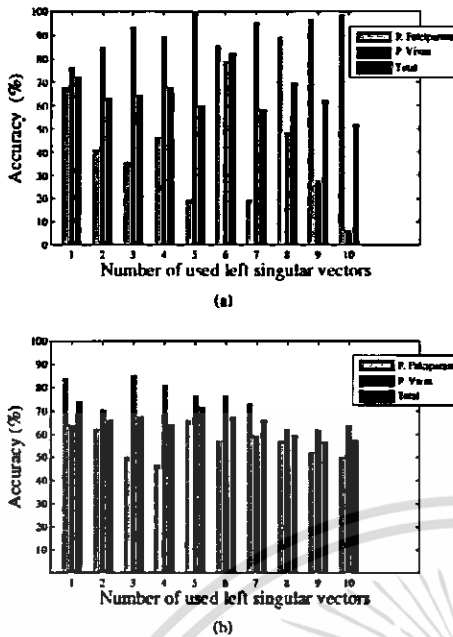


Fig. 4. Percent accuracy of our SVM classifier on the training data as a function of the number of columns of  $U_L$ . (a) with RBF kernel. (b) with linear kernel.

on the training image set is 90% for *P. falciparum* and 93.33% for *P. vivax*, as shown in Table II.

The singular values of  $\hat{U}$ , i.e., the diagonal elements of  $S$ , are depicted in Fig. 5. We observe that the first six singular values are the most dominant; they account for 73.95% of the total variance. The weight of the singular value starts to drop at the seventh singular value. This is agreeable with the classification results and is another rationale for selecting  $U_6$ .

#### B. Classification results on test images

To investigate the performance of our classifier we use 56 images of *P. falciparum* and 47 images of *P. vivax* as our testing image set. This set of new images does not contain any of the images used for training the SVM classifier. We implement the SVM classifier with RBF kernel in Matlab. The tunable kernel parameters are  $\sigma^2$  and  $C$ . The variable  $\sigma^2$  defines the width of the Gaussian decision plane. The box constraint  $C$  controls the amount of misclassification that we allow. They have been optimized and we use  $\sigma^2 = 1$  and  $C = 0.8$ .

The classification result is reported in Table II. The system has an accuracy of 85.71% and 78.72% for *P. falciparum* and *P. vivax*, respectively.

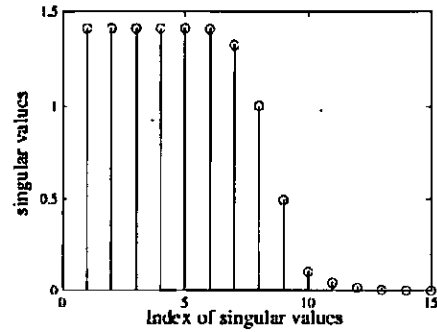


Fig. 5. The singular values of  $\hat{U}$ .

TABLE II  
ACCURACY OF OUR PROPOSED SYSTEM.

	Classification accuracy	
	<i>P. Falciparum</i>	<i>P. Vivax</i>
Training image set	9/10 images = 90%	14/15 images = 93.33%
Testing image set	48/56 images = 85.71%	37/47 images = 78.72%

#### IV. CONCLUSION

We have proposed an automated algorithm that can classify two malaria parasite species, *P. falciparum* and *P. vivax*, from the digitized image of infected thick blood film. We use a training data set to construct a basis matrix, whose span represents possible image characteristics from both malaria species. After the image is pre-processed and divided, the extracted statistical features from each sub-image are then mapped into a space spanned by our bases. The SVM classifier identifies the species on all sub-images using the projected features, before tallying the results and determining the species on the original input image. The system is fully automated, so it is fast and can be handled by non-experts. As there is no accepted single standard method used by all investigators for malaria species classification, we do not compare our algorithm to any method in particular. Rather, we use an extensive set of test images with known labels given by trained technician. It is found that the algorithm has good classification accuracy for both *P. falciparum* and *P. vivax*.

#### ACKNOWLEDGMENT

The authors thank Dr. Apichart Intarapanich from Biomedical Signal Processing Laboratory, NECTEC, Thailand, for his insightful discussions on the malaria classification problem and expert analysis of thick blood smear images used in this paper.

#### REFERENCES

- [1] WHO, "World malaria report 2014," Tech. Rep., World Health Organization, 2014.
- [2] A. Moody, "Rapid diagnostic tests for malaria parasite," *Clinical microbiology reviews*, vol. 15, pp. 66–78, 2002.

- [3] S. Kaewkannerd, C. Uthairibull, A. Intarapanich, M. Panorat, S. Chaotching, and S. Tongtima, "An automatic device for detection and classification of malaria parasite species in thick blood film," *BMC Bioinformatics*, vol. 13, pp. S18, 2012.
- [4] L. Ketut Hddy Purnama, F. Zakiyah Rahusasta, and M. Hery Purnomo, "Malaria parasite identification on thick blood film using genetic programming," in *Proceedings of the 3rd International Conference on Instrumentation, Communications, Information Technology, and Biomedical Engineering (ICICI-BME)*, Bandung, Indonesia, Nov 2013, pp. 194–198.
- [5] K. Chakrabortya, A. Chattopadhyay, A. Chakrabarti, T. Acharyad, and A.K. Dasguptae, "A combined algorithm for malaria detection from thick smear blood slides," *Journal of Health and Medical Informatics*, vol. 6, pp. 179, 2015.
- [6] L. Yunda, A. Alarcón, and J. Millán, "Automated image analysis method for *p. vivax* malaria parasite detection in thick film blood images," *Revista S&T*, vol. 10, pp. 9–25, 2011.
- [7] S.S. Savkare and S.P. Narote, "Automatic system for classification of erythrocytes infected with malaria and identification of parasite's life stage," *Procedia Technology*, vol. 6, pp. 405–410, 2012.
- [8] S. Annaldas, S.S. Shirgan, and V.R. Marathe, "Automatic identification of malaria parasites using image processing," *International Journal of Emerging Engineering Research and Technology*, vol. 2, pp. 107–112, 2014.
- [9] A. Pinkaew, T. Limpiti, and A. Tirat, "Chromatin detection in malaria thick blood film using automated image processing," *Applied Mechanics and Materials*, vol. 781, pp. 616–619, 2015.
- [10] M.A. Hearst, "Support vector machines," *IEEE Intelligent Systems*, vol. 13, pp. 18–28, 1998.
- [11] C. J.C. Burges, "A tutorial on support vector machines for pattern recognition," *Data Mining and Knowledge Discovery*, vol. 2, pp. 121–167, 1998.



เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า  
ไม่ว่ากรณีใดๆ ทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ตัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

## ประวัติผู้เขียน

ชื่อ-นามสกุล นายเอกรัฐ ปิ่นแก้ว  
 วัน เดือน ปีเกิด 3 ธันวาคม พ.ศ. 2533  
 ที่อยู่ 70/3 หมู่ 7 เขตลาดกระบัง แขวงลาดกระบัง กรุงเทพฯ 10520  
 ประวัติการศึกษา 2555 วิศวกรรมศาสตรบัณฑิต สาขาวิชาวิศวกรรมโทรคมนาคม  
 สถาบันเทคโนโลยีพระจอมเกล้าเจ้าคุณทหารลาดกระบัง

### บทความที่ได้รับการตีพิมพ์

1. A. Pinkaew, T. Limpiti and A. Trirat, "Chromatin detection in malaria thick blood film using automated image processing," Applied Mechanics and Materials , vol. 781, pp. 616-619, 2015.
2. A. Pinkaew, T. Limpiti and A. Trirat, "Automated classification of malaria parasite species on thick blood film using support vector machine," Proceedings of the 8th Biomedical Engineering International Conference (BMEiCON), Chonburi, Thailand. 25-27 November 2015.