



รายงานการวิจัยฉบับสมบูรณ์

การจัดกลุ่มเซลล์ด้วยวิธีการประมวลผลภาพ

Automatic Classification of Bacteria Cell by Image Processing Method

นางสาวตรีศุคนธ์ ศรีบุพชาติสกุล

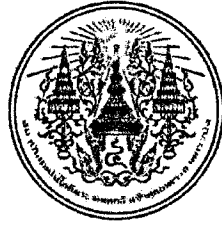
ได้รับทุนสนับสนุนงานวิจัยจากเงินกองทุนวิจัยสถาบันเทคโนโลยีพระจอมเกล้าเจ้าคุณทหาร

ลาดกระบัง ประจำปีงบประมาณ 2561

คณะวิศวกรรมศาสตร์

สถาบันเทคโนโลยีพระจอมเกล้าเจ้าคุณทหารลาดกระบัง

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า
ไม่ว่ากรณีใดๆ ทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ดัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้



รายงานการวิจัยฉบับสมบูรณ์

การจัดกลุ่มเซลล์ด้วยวิธีการประมวลผลภาพ

Automatic Classification of Bacteria Cell by Image Processing Method

นางสาวตรีศุคนธ์ ตรีบุพชาติสกุล

ได้รับทุนสนับสนุนงานวิจัยจากเงินกองทุนวิจัยสถาบันเทคโนโลยีพระจอมเกล้าเจ้าคุณทหาร

ลาดกระบัง ประจำปีงบประมาณ 2561

คณะวิศวกรรมศาสตร์

สถาบันเทคโนโลยีพระจอมเกล้าเจ้าคุณทหารลาดกระบัง

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า
ไม่ว่ากรณีใดๆ ทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ดัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

ชื่อโครงการ (ภาษาไทย) การจัดกลุ่มชนิดเซลล์แบคทีเรียด้วยวิธีการประมวลผลภาพ
แหล่งเงิน เงินกองทุนวิจัยสถาบันเทคโนโลยีพระจอมเกล้าเจ้าคุณทหารลาดกระบัง
ประจำปีงบประมาณ 2561 จำนวนเงินที่ได้รับการสนับสนุน 100,000 บาท
ระยะเวลาทำการวิจัย 1 ปี 2 เดือน ตั้งแต่ 1 มิถุนายน 2561 ถึง 31 กรกฎาคม 2562
หัวหน้าโครงการ นางสาวตรีสุคนธ์ ตรีบุษชาติสกุล หน่วยงานต้นสังกัด ภาควิชาวิศวกรรมชีวการแพทย์ คณะ
วิศวกรรมศาสตร์ สถาบันเทคโนโลยีพระจอมเกล้าเจ้าคุณทหารลาดกระบัง

บทคัดย่อ

การจัดกลุ่มและระบุชนิดของแบคทีเรียและยีสต์ช่วยให้แพทย์สามารถวินิจฉัยโรค และรักษาผู้ป่วยได้อย่างถูกต้อง รวมทั้งสามารถช่วยเพิ่มคุณภาพของผลิตภัณฑ์หรือป้องกันความเสียหายที่เกิดจากเชื้อแบคทีเรียและยีสต์ให้โทษได้อีกด้วย ปัจจุบันการจัดกลุ่มและการระบุชนิดของจุลินทรีย์ทำได้โดยอาศัยความสามารถในการเจริญของจุลินทรีย์ละปฏิบัติการชีวเคมีที่มีความจำเพาะของจุลินทรีย์แต่ละชนิด ซึ่งต้องอาศัยระยะเวลาอันทั้งในการเพาะเชื้อ การทดสอบปฏิบัติการเคมีที่เกิดจากกระบวนการเมตาบอลิซึม ความไวต่อยาปฏิชีวนะ ฯลฯ อีกทั้งการจัดกลุ่มและระบุชนิดของแบคทีเรียและยีสต์ในห้องปฏิบัติการต้องอาศัยความรู้ความสามารถและประสบการณ์ของผู้ปฏิบัติงาน ซึ่งอาจเกิดความผิดพลาด และส่งผลกระทบต่อการวินิจฉัยโรคและวิธีการรักษาของแพทย์ หรือส่งผลกระทบต่อหน่วยงานหรือองค์กรที่จำเป็นต้องใช้ผลการระบุชนิดของแบคทีเรียหรือยีสต์นั้น ดังนั้น งานวิจัยนี้จึงเสนอวิธีการแก้ปัญหาในการแยกชนิดกลุ่มของแบคทีเรียและยีสต์ โดยอาศัยหลักในการประมวลผลภาพโดย Python programming and the Keras API with TensorFlow Machine Learning framework ซึ่งศึกษาความแตกต่างของรูปทรงโดยให้คอมพิวเตอร์เรียนรู้และจดจำรูปทรงของแบคทีเรียและยีสต์ทั้งหมด 7 ชนิด จากผลการวิจัยพบว่า คอมพิวเตอร์สามารถเรียนรู้ที่จะระบุชนิดของแบคทีเรียและยีสต์ได้ โดยมีความถูกต้องของการระบุชนิดของแบคทีเรียและยีสต์ที่ความแม่นยำ (accuracy) สูงสุด 100%

คำสำคัญ : การระบุชนิดแบคทีเรีย, การจัดกลุ่มภาพ, การประมวลผลภาพ, การเรียนรู้เชิงลึก

Research Title: Automatic Classification of Bacteria Cell by Image Processing Method

Researcher: Dr. Treesukon Treebupachatsakul

Faculty: Engineering Department: Biomedical Engineering

ABSTRACT

An automizing process for bacteria and yeast recognition becomes attractive to reduce the analyzing time and increase the accuracy of diagnostic process. This research study possibility to use image classification and deep learning method for classify genera of bacteria and yeast. We propose the implementation method of bacteria recognition system using Python programming and the Keras API with TensorFlow Machine Learning framework. The experimental results compare the deep learning methodology for accuracy in bacteria and yeast recognition standard resolution image use case. Computer has been trained with total 7 genus of bacteria and yeast. The implementation results have confirmed that bacteria and yeast images from microscope are able to recognize, which the accuracy reaches 100%. The results indicate classification of bacteria are able to automatically predict using machine learning by image classification and deep learning method. Proposed method can be applied the high-resolution datasets till standard resolution datasets for prediction bacteria type.

Keywords : Bacteria recognition, Image processing, Deep learning, Image classification

กิตติกรรมประกาศ

ขอขอบคุณคณะวิทยาศาสตร์และเทคโนโลยี สถาบันเทคโนโลยีปทุมวัน ที่อนุญาตให้นักวิจัยเข้าใช้เครื่องมือและห้องปฏิบัติการทางเคมี และขอขอบคุณ ดร. สุวิทย์ ภูมิฤทธิกุล ที่ให้คำแนะนำเกี่ยวกับการเขียนโปรแกรม Python รวมทั้งวิธีการประมวลผลภาพโดยใช้ Image processing และ Machine learning การวิจัยครั้งนี้ได้รับทุนสนับสนุนการวิจัยจากสถาบันเทคโนโลยีพระจอมเกล้าเจ้าคุณทหารลาดกระบัง จากแหล่งทุนเงินกองทุนวิจัยสถาบันเทคโนโลยีพระจอมเกล้าเจ้าคุณทหารลาดกระบัง ประจำปีงบประมาณ พ.ศ. 2561

คณะวิจัย นางสาวตรีศุคนธ์ ตรีบุษชาติสกุล



สารบัญ

	หน้า
บทคัดย่อภาษาไทย.....	I
บทคัดย่อภาษาอังกฤษ.....	II
กิตติกรรมประกาศ.....	III
สารบัญ.....	IV
สารบัญตาราง.....	VI
สารบัญภาพ.....	VII
บทที่ 1 บทนำ.....	1
1.1 ความเป็นมาและความสำคัญของปัญหา.....	1
1.2 วัตถุประสงค์ของการวิจัย.....	1
1.3 ขอบเขตของการวิจัย.....	2
1.4 วิธีดำเนินการวิจัย.....	2
1.5 ประโยชน์ที่คาดว่าจะได้รับ.....	2
บทที่ 2 ทฤษฎีและงานวิจัยที่เกี่ยวข้อง.....	3
2.1 แนวคิด ทฤษฎีที่เกี่ยวข้อง.....	3
2.2 งานวิจัยที่เกี่ยวข้อง.....	9
บทที่ 3 วิธีดำเนินการวิจัย.....	12
3.1 วิธีดำเนินการวิจัย.....	12
3.2 แผนการดำเนินงานวิจัย.....	12
3.3 อุปกรณ์ที่ใช้ในการวิจัย.....	13
3.4 อาหารเลี้ยงเชื้อสำหรับจุลินทรีย์แต่ละชนิด.....	14
3.5 การเพาะเลี้ยงเชื้อจุลินทรีย์และการถ่ายภาพเซลล์.....	15
3.6 การประมวลผลภาพ.....	16
บทที่ 4 ผลการวิจัย.....	17
4.1 ผลการเก็บข้อมูลภาพถ่ายเซลล์แบคทีเรียและยีสต์.....	17
4.2 ผลการประมวลผลภาพเซลล์แบคทีเรียและยีสต์.....	20

สารบัญ (ต่อ)

	หน้า
บทที่ 5 สรุปผลการวิจัยและข้อเสนอแนะ.....	37
5.1 สรุปผลการวิจัย.....	37
5.2 ข้อเสนอแนะ.....	37
บทที่ 6 สรุปผลผลิตงานวิจัย.....	38
6.1 รายชื่อและรายละเอียดผลผลิตงานวิจัยที่ผลิตได้.....	38
เอกสารอ้างอิง.....	39
ภาคผนวก.....	41
ภาคผนวก ก เอกสารการนำเสนอผลงาน.....	41
ภาคผนวก ข สรุปค่าใช้จ่ายการดำเนินโครงการวิจัย.....	42
ประวัตินักวิจัย.....	43

สารบัญตาราง

ตารางที่	หน้า
3.1 แผนงานวิจัย.....	12



สารบัญภาพ

ภาพที่	หน้า
2.1 แสดงรูปแบบของเซลล์ประสาท (neuron Model).....	6
2.2 แสดงสถาปัตยกรรมของ Feedforward network.....	7
2.3 แสดงสถาปัตยกรรมของ Feedback network.....	7
2.4 Single-layer perceptron แบบ Threshold Function.....	8
2.5 แสดง Single-layer perceptron แบบ Sigmoid Function.....	8
2.6 แสดงโครงสร้างของ Perceptrons.....	9
4.1 <i>Candida albicans</i>	17
4.2 <i>Micrococcus</i> spp.....	17
4.3 <i>Staphylococcus aureus</i>	18
4.4 <i>Streptococcus thermophilus</i>	18
4.5 <i>Lactobacillus casei</i>	18
4.6 <i>Lactobacillus delbrueckii</i>	19
4.7 <i>Escherichia coli</i>	19
4.8 โปรแกรมภาษา Python ที่ใช้เป็นคำสั่งในการเทรนคอมพิวเตอร์.....	20
4.9 โปรแกรมภาษา Python ที่ใช้เป็นคำสั่งในการทดสอบคอมพิวเตอร์.....	21
4.10 ผลการเทรนโดยใช้ภาพความละเอียดสูง (high-resolution).....	22
4.11 ผลการเทรนโดยใช้ภาพความละเอียดมาตรฐาน (standard-resolution).....	22
4.12 ผลการทำนายชนิดของจุลินทรีย์จากภาพตัวอย่างของ <i>Staphylococcus aureus</i>	23
4.13 ผลการทำนายชนิดของจุลินทรีย์จากภาพตัวอย่างของ <i>Lactobacillus delbrueckii</i>	23
4.14 ผลการเทรนคอมพิวเตอร์โดยใช้ข้อมูลภาพของ <i>S. aureus</i> , <i>L. delbrueckii</i> , <i>L. casei</i>	24
4.15 ผลการทำนายจากการเทรนข้อมูลภาพจุลินทรีย์ 3 ชนิด โดยใช้ภาพตัวอย่างของ <i>L. delbrueckii</i>	25
4.16 ผลการทำนายจากการเทรนข้อมูลภาพจุลินทรีย์ 3 ชนิด โดยใช้ภาพตัวอย่างของ <i>L. casei</i>	25
4.17 ผลการเทรนคอมพิวเตอร์โดยใช้ข้อมูลภาพของ <i>S. aureus</i> , <i>L. delbrueckii</i> , <i>Micrococcus</i> spp.....	26
4.18 ผลการทำนายจากการเทรนข้อมูลภาพจุลินทรีย์ 3 ชนิด โดยใช้ภาพตัวอย่างของ <i>L. delbrueckii</i>	26
4.19 ผลการทำนายจากการเทรนข้อมูลภาพจุลินทรีย์ 3 ชนิด โดยใช้ภาพตัวอย่างของ <i>S. aureus</i>	27
4.20 ผลการทำนายจากการเทรนข้อมูลภาพจุลินทรีย์ 3 ชนิด โดยใช้ภาพตัวอย่างของ <i>Micrococcus</i> spp.....	27

VII

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า
ไม่ว่ากรณีใดๆ ทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ดัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

สารบัญญภาพ (ต่อ)

ภาพที่	หน้า
4.21 ผลการเทรนคอมพิวเตอร์โดยใช้ข้อมูลภาพของ <i>S. aureus</i> , <i>L. delbrueckii</i> , <i>Candida albicans</i>	28
4.22 ผลการทำนายจากการเทรนข้อมูลภาพจุลทรรศน์ 3 ชนิด โดยใช้ภาพตัวอย่างของ <i>L. delbrueckii</i>	28
4.23 ผลการทำนายจากการเทรนข้อมูลภาพจุลทรรศน์ 3 ชนิด โดยใช้ภาพตัวอย่างของ <i>S. aureus</i>	29
4.24 ผลการทำนายจากการเทรนข้อมูลภาพจุลทรรศน์ 3 ชนิด โดยใช้ภาพตัวอย่างของ <i>Candida albicans</i>	29
4.25 ผลการเทรนคอมพิวเตอร์โดยใช้ข้อมูลภาพของ <i>S. aureus</i> , <i>L. delbrueckii</i> , <i>E. coli</i>	30
4.26 ผลการทำนายจากการเทรนข้อมูลภาพจุลทรรศน์ 3 ชนิด โดยใช้ภาพตัวอย่างของ <i>L. delbrueckii</i>	30
4.27 ผลการทำนายจากการเทรนข้อมูลภาพจุลทรรศน์ 3 ชนิด โดยใช้ภาพตัวอย่างของ <i>S. aureus</i>	31
4.28 ผลการทำนายจากการเทรนข้อมูลภาพจุลทรรศน์ 3 ชนิด โดยใช้ภาพตัวอย่างของ <i>E. coli</i>	31
4.29 ผลการเทรนคอมพิวเตอร์โดยใช้ข้อมูลภาพของ <i>S. aureus</i> , <i>L. delbrueckii</i> , <i>S. thermophilus</i>	32
4.30 ผลการทำนายจากการเทรนข้อมูลภาพจุลทรรศน์ 3 ชนิด โดยใช้ภาพตัวอย่างของ <i>L. delbrueckii</i>	32
4.31 ผลการทำนายจากการเทรนข้อมูลภาพจุลทรรศน์ 3 ชนิด โดยใช้ภาพตัวอย่างของ <i>S. aureus</i>	33
4.32 ผลการทำนายจากการเทรนข้อมูลภาพจุลทรรศน์ 3 ชนิด โดยใช้ภาพตัวอย่างของ <i>S. thermophilus</i>	33
4.33 ผลการเทรนคอมพิวเตอร์โดยใช้ข้อมูลภาพของ <i>S. aureus</i> , <i>L. delbrueckii</i> , <i>Micrococcus spp.</i> , <i>Candida albicans</i>	34
4.34 ผลการทำนายจากการเทรนข้อมูลภาพจุลทรรศน์ 4 ชนิด โดยใช้ภาพตัวอย่างของ <i>L. delbrueckii</i>	35
4.35 ผลการทำนายจากการเทรนข้อมูลภาพจุลทรรศน์ 4 ชนิด โดยใช้ภาพตัวอย่างของ <i>S. aureus</i>	35
4.36 ผลการทำนายจากการเทรนข้อมูลภาพจุลทรรศน์ 4 ชนิด โดยใช้ภาพตัวอย่างของ <i>Micrococcus spp.</i>	36
4.37 ผลการทำนายจากการเทรนข้อมูลภาพจุลทรรศน์ 4 ชนิด โดยใช้ภาพตัวอย่างของ <i>Candida albicans</i>	36

VIII

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า
ไม่ว่ากรณีใดๆ ทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ดัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

บทที่ 1

บทนำ

1.1 ความเป็นมาและความสำคัญของปัญหา

การจัดกลุ่มและระบุชนิดของจุลินทรีย์ไม่เพียงแต่มีความสำคัญในด้านการวินิจฉัยโรคและวิธีการรักษาของแพทย์ แต่ยังมีประโยชน์กับกลุ่มโรงงานอุตสาหกรรม โดยเฉพาะอุตสาหกรรมอาหาร เนื่องจากแบคทีเรียและยีสต์หลายชนิดถูกใช้ในการถนอมและแปรรูปอาหาร และบางชนิดทำให้เกิดการเน่าเสีย ซึ่งสร้างความเสียหายให้กับผลิตภัณฑ์ของโรงงาน ดังนั้น การจัดกลุ่มและระบุชนิดของแบคทีเรียและยีสต์ช่วยให้แพทย์สามารถวินิจฉัยโรค และรักษาผู้ป่วยได้อย่างถูกต้อง รวมทั้งสามารถช่วยเพิ่มคุณภาพของผลิตภัณฑ์หรือป้องกันความเสียหายที่เกิดจากเชื้อแบคทีเรียหรือยีสต์ที่ให้โทษได้อีกด้วย ปัจจุบันการจัดกลุ่มและการระบุชนิดของแบคทีเรียและยีสต์ทำได้โดยอาศัยความสามารถในการเจริญและปฏิกิริยาชีวเคมีที่มีความจำเพาะของจุลินทรีย์แต่ละชนิด ซึ่งต้องอาศัยระยะเวลาทั้งในการเพาะเชื้อ การทดสอบปฏิกิริยาเคมีที่เกิดจากกระบวนการเมตาบอลิซึม ความไวต่อยาปฏิชีวนะ ฯลฯ อีกทั้งการจัดกลุ่มและระบุชนิดของแบคทีเรียในห้องปฏิบัติการต้องอาศัยความรู้ความสามารถและประสบการณ์ของผู้ปฏิบัติงาน ซึ่งอาจเกิดความผิดพลาด และส่งผลกระทบต่อ การวินิจฉัยโรคและวิธีการรักษาของแพทย์ หรือส่งผลกระทบต่อหน่วยงานหรือองค์กรที่จำเป็นต้องใช้ผลการระบุชนิดของจุลินทรีย์นั้น ดังนั้น งานวิจัยนี้จึงเสนอวิธีการแก้ปัญหาในการแยกชนิดกลุ่มของแบคทีเรียและยีสต์ โดยอาศัยหลักในการประมวลผลภาพซึ่งจะศึกษาความแตกต่างของรูปร่าง โดยให้คอมพิวเตอร์เรียนรู้และจดจำรูปร่างของแบคทีเรียและยีสต์ โดยจะสามารถแยกแยะกลุ่มของชนิดของแบคทีเรียและยีสต์ด้วยภาพถ่ายจากกล้องจุลทรรศน์ในระดับกำลังขยาย 1000 เท่า

1.2 วัตถุประสงค์ของการวิจัย

1. เพื่อจัดกลุ่มชนิดของเซลล์แบคทีเรียและยีสต์ได้อย่างอัตโนมัติ
2. เพื่อศึกษาความเป็นไปได้ในการจัดกลุ่มแบคทีเรียและยีสต์โดยใช้วิธีการประมวลผลภาพ (Image processing method)
3. เพื่อพิสูจน์ algorithm ที่ใช้ในการประมวลผลภาพเซลล์แบคทีเรียและยีสต์ นำไปสู่การแยกแยะชนิดของแบคทีเรียอย่างอัตโนมัติโดยหลักการ machine learning
4. เก็บข้อมูลพื้นฐานทางด้าน morphology ของแบคทีเรียและยีสต์แต่ละชนิด เพื่อนำไปต่อยอดงานวิจัยในอนาคต ทั้งทางด้านการสร้าง application แสดงผลในการระบุชื่อและชนิดแบคทีเรียบนหน้าจอคอมพิวเตอร์ และการวัดสมรรถภาพของบุคลากรในห้องปฏิบัติการจุลชีวคลินิก

1.3 ขอบเขตของการวิจัย

การศึกษารูปร่างและชนิดของแบคทีเรียที่ใช้ในการวิจัย ซึ่งประกอบด้วยแบคทีเรียแกรมบวก แกรมลบ ที่มีรูปร่างกลม แท่ง และมีการจัดเรียงตัวของเซลล์ทั้งแบบเซลล์เดี่ยว เป็นเส้น เป็นกลุ่ม ในงานวิจัยจะศึกษาและพัฒนาอัลกอริทึมโดยใช้โปรแกรมภาษา python ที่จะสอนให้คอมพิวเตอร์เรียนรู้และจดจำลักษณะเด่นของแบคทีเรียและยีสต์แต่ละชนิด เช่น สีของเซลล์ ลักษณะรูปร่าง ขนาด การจัดเรียงตัว ซึ่งจะแสดงผลออกมาเป็นเปอร์เซ็นต์ความถูกต้องของการประมวลผลว่าเป็นแบคทีเรียหรือยีสต์ชนิดไหน โดยจะกำหนดให้เปอร์เซ็นต์ความถูกต้องอย่างน้อย 80% ในกลุ่มตัวอย่างชนิดของการศึกษาอย่างน้อย 3 ชนิดจากทั้งหมด 7 ของแบคทีเรียและยีสต์

1.4 วิธีดำเนินการวิจัย

1. คัดเลือกสายพันธุ์จุลินทรีย์ที่รูปร่างและการจัดเรียงตัวของเซลล์แบคทีเรียและยีสต์ที่แตกต่างกัน รวมทั้งชนิดของแกรมบวกและแกรมลบของแบคทีเรีย ทั้งหมด 7 ชนิด
2. เพาะเลี้ยงจุลทรรศน์แต่ละชนิดโดยใช้อาหารเลี้ยงที่สนับสนุนการเจริญและบ่มเพาะที่อุณหภูมิที่เหมาะสม
3. เก็บภาพเซลล์ของแบคทีเรียและยีสต์ผ่านกล้องจุลทรรศน์อย่างน้อยชนิดละ 100 ภาพ
4. ประมวลผลภาพโดยใช้ Python programming and the Keras API with TensorFlow Machine Learning framework
5. วิเคราะห์ผลการทดลอง แก้ไขและปรับปรุงการทดลองให้ดียิ่งขึ้น

1.5 ประโยชน์ที่คาดว่าจะได้รับ

จากการศึกษาวิจัยนี้ ประโยชน์ที่คาดว่าจะได้รับ คือ แนวทางการใช้วิธีการประมวลผลภาพและลักษณะการทดสอบอัลกอริทึมต้นแบบที่มีความสามารถในการสื่อสารให้คอมพิวเตอร์สามารถจัดกลุ่มชนิดของจุลินทรีย์ งานวิจัยนี้จะช่วยพิสูจน์ให้เห็นว่าความรู้ทางด้านวิธีการประมวลผลภาพ (Image processing) และหลักการเรียนรู้ของเครื่องคอมพิวเตอร์ (Machine learning) รวมทั้งเป็นการพิสูจน์ว่าอัลกอริทึมที่ใช้สามารถนำมาปรับใช้ในการประมวลผลภาพและระบุชนิดของภาพคอมพิวเตอร์ ซึ่งผลการทดลองสามารถนำมาประยุกต์ใช้ในห้องปฏิบัติการทางจุลชีววิทยา หรือห้องปฏิบัติการทางการแพทย์ เพื่อให้การวินิจฉัยโรคหรือการระบุชนิดของแบคทีเรียมีความถูกต้อง แม่นยำมากยิ่งขึ้น ยิ่งไปกว่านั้น ข้อมูลและผลการทดลองที่ได้จากงานวิจัยจะส่งผลให้ความรู้ทางวิทยาศาสตร์ โดยเฉพาะทางด้านจุลชีววิทยาและเทคโนโลยีทางด้าน Software เกิดความก้าวหน้าและได้รับการเผยแพร่มากยิ่งขึ้น

บทที่ 2

แนวคิด ทฤษฎีและงานวิจัยที่เกี่ยวข้อง

2.1 แนวคิด ทฤษฎีที่เกี่ยวข้อง

จุลินทรีย์ประเภทแบคทีเรียและยีสต์จัดว่าเป็นสิ่งมีชีวิตเซลล์เดียวที่มีมากมายหลายสายพันธุ์ มีทั้งชนิดที่มีประโยชน์และมีโทษต่อมนุษย์ แบคทีเรียแต่ละชนิดมีรูปร่าง ขนาดและลักษณะการจัดเรียงตัวของเซลล์ไม่เหมือนกัน การจัดจำแนกชนิดของแบคทีเรีย (Identification) ในปัจจุบันเริ่มจากการจัดกลุ่ม (Classification) แบคทีเรีย ตามหลักการของการติดสีแกรมและลักษณะรูปร่างของแบคทีเรีย ซึ่งสามารถจัดได้เป็น 4 กลุ่มใหญ่ ๆ คือ กลุ่มแกรมบวกรูปร่างกลม กลุ่มแกรมลบรูปร่างกลม กลุ่มแกรมบวกรูปร่างแท่ง และกลุ่มแกรมลบรูปร่างแท่ง และจึงจำแนกชนิดของแบคทีเรียในแต่ละกลุ่มตามความสามารถในการเจริญของแบคทีเรียในอาหารเลี้ยงเชื้อ ปฏิกริยาชีวเคมีที่มีความจำเพาะของแบคทีเรียแต่ละชนิด การทดสอบความไวต่อยาปฏิชีวนะ ความสามารถในการทนเกลือ NaCl ที่ระดับความเข้มข้นต่าง ๆ [1] การตรวจสอบชนิดของแบคทีเรียในเบื้องต้นสามารถตรวจดูโดยตรงด้วยกล้องจุลทรรศน์ เช่น การดูสด ดูเซลล์ที่ผ่านการย้อมสีแกรม [2] การตรวจสอบโดยตรงนี้เป็นประโยชน์อย่างมากโดยเฉพาะในสถานะวิกฤตของผู้ป่วย เช่น โรคเชื้อหุ้มสมองอักเสบ โดยผลการดูกล้องสามารถใช้เป็นแนวทางในการรักษาไปได้ก่อนที่จะได้ผลเพาะเชื้อ โดยแต่อย่างไรก็ตามการระบุชนิดของแบคทีเรียโดยการตรวจดูด้วยกล้องจุลทรรศน์ต้องอาศัยความสามารถและประสบการณ์ของบุคลากรในห้องปฏิบัติการทดลอง ดังนั้น ในโครงการวิจัยนี้จึงมีแนวคิดเพื่อช่วยเพิ่มประสิทธิภาพความแม่นยำในการจัดกลุ่มชนิดของแบคทีเรียของบุคลากรในห้องปฏิบัติการทดลอง อีกทั้งยังช่วยลดระยะเวลาในการวิเคราะห์และระบุชนิดของแบคทีเรีย โดยอาศัยทฤษฎีการประมวลผลภาพ (Image Processing) เข้ามาช่วยในการจัดกลุ่มและระบุชนิดของแบคทีเรีย

ในส่วนของงานวิจัยนี้จะใช้ขบวนการของการประมวลผลภาพ (Image Processing) และหลักการของการเรียนรู้ของเครื่อง (Machine Learning) เพื่อที่จะสอนให้คอมพิวเตอร์เรียนรู้การแบ่งกลุ่มของแบคทีเรียและยีสต์ โดยขบวนการของงานวิจัยชิ้นนี้จะใช้หลักการทั่วไปของหลักการประมวลผลภาพ โดยเบื้องต้นจะใช้วิธีการกำจัดสัญญาณรบกวนของภาพ การจำแนกคุณลักษณะของภาพ การหาขอบภาพโดยใช้ Canny Edge Detection การรู้จำวัตถุโดยใช้ทฤษฎีโครงข่ายประสาทเทียม (Neural network) เพื่อทดลองใช้ว่าจะสามารถแบ่งและจัดกลุ่มของแบคทีเรียได้ความถูกต้องมากน้อยเพียงใด และอาจจะลองทดสอบอัลกอริทึมอื่นๆเพื่อเปรียบเทียบและหาอัลกอริทึมที่ดีที่สุดมาปรับใช้และใช้วิธีการ การจำแนกคุณลักษณะ (Feature extraction) เพิ่มเติมเพื่อปรับปรุงความแม่นยำในการรู้จำชนิดแบคทีเรียของเครื่องคอมพิวเตอร์ ซึ่งในส่วนของทฤษฎีที่เกี่ยวข้องนี้จะขอกกล่าวถึงส่วนการจำแนกคุณลักษณะและทฤษฎีโครงข่ายประสาทเทียม

1. การจำแนกคุณลักษณะ (Feature extraction) คือ กระบวนการในการแยกลักษณะต่างๆ ออกจากภาพนั้นเป็นขั้นตอนที่สำคัญที่จะนำไปสู่การดึงข้อมูลออกมาจากภาพ ดังนั้นการพิจารณาในแต่ละลักษณะที่เป็นไปได้จึงมีความแตกต่างกันออกไปดังนี้

1.1 สี (Color) เป็นลักษณะที่ใช้กันอย่างแพร่หลายมากที่สุดเนื่องจากสามารถทำได้ง่ายและมีความแน่นอนในระดับหนึ่ง

บทความพื้นฐานจะกล่าวถึงการพิจารณาสีและขอบเขตการพิจารณา [3] การเขียนแผนภูมิสี (Color Histogram) เป็นเทคนิคที่ได้รับความนิยมในการแทนลักษณะของสี เทคนิคนี้ใช้หลักของสถิติในการอธิบายคุณสมบัติของสี

1.2 รูปร่าง (Shape) แบ่งออกเป็น 2 ประเภทคือ เส้นขอบ (Boundary-based) และบริเวณ (Region-based) เส้นขอบ จะพิจารณาเฉพาะเส้นล้อมรอบวัตถุ ส่วนบริเวณจะพิจารณาพื้นที่ทั้งหมดที่อยู่ในเส้นล้อมรอบวัตถุ คุณลักษณะของรูปร่างที่ต้องการจะต้องไม่ขึ้นกับการเปลี่ยนตำแหน่ง การหมุน และการเปลี่ยนขนาด วิธีหนึ่งที่มีคุณสมบัตินี้คือ anglogram [4] เป็นเทคนิคที่พัฒนามาจากวิธีการทำสามเหลี่ยมที่ชื่อว่า Delauney triangulation

1.3 พื้นผิว (Texture) เป็นรูปแบบการเรียงตัวของสี เป็นวิธีที่ดีในการแยกประเภทของรูปภาพ แต่ข้อเสียคือไม่สามารถอธิบายเป็นคำพูดที่ใช้อธิบายรูปภาพได้ เทคนิคต่างๆ ได้ออกเป็น 3 ประเภท คือ ความน่าจะเป็นกับสถิติ (Probabilistic/Statistical), แดปสี (Spectral) และ โครงสร้าง (Structural)

1.4 การทำดัชนีพื้นที่ของสี (Spatial Color Indexing) ในแต่ละวัตถุในรูปภาพจะมีบริเวณเป็นของตัวเอง วิธีนี้จะกำหนดดัชนีให้กับบริเวณของวัตถุต่างๆ ในรูปภาพ ในระยะแรกมีโปรแกรมที่ติดต่อผู้ใช้ที่สามารถกำหนดขอบเขตของวัตถุเพื่อใช้ในการค้นหาได้ ต่อมาได้มีการปรับปรุงโดยการรวมลักษณะทั้งสีและรูปร่างเข้าด้วยกัน

วิธีแยกลักษณะของรูปภาพได้อย่างถูกต้องหรืออัตโนมัติเป็นเรื่องที่ต้องค้นคว้าอีกพอสมควร เนื่องจากรูปภาพมีความแตกต่างกันมากในหลายเรื่องเช่น มุมมอง สถานการณ์และการแปรรูป เป็นต้น มีบางวิธีที่ลดความยากของปัญหาต่างๆ เหล่านี้ โดยการประมาณขอบเขตที่สนใจ ประสิทธิภาพการค้นหาข้อมูลที่พิจารณาจากค่าความแม่นยำ (Precision) และค่าในการเรียกกลับ (Recall) [5] สามารถทำได้ดีโดยกำหนดเพียงสีบริเวณในรูปภาพ เทคนิคชื่อว่า color-set back projection ใช้ในการแยกบริเวณของสี เพื่อให้มีประสิทธิภาพในการคำนวณเทคนิคนี้จะกำหนดดัชนีไปยังคุณสมบัติของแต่ละบริเวณ (ขนาด ตำแหน่ง กลุ่มของสี)

1.5 การแทนลักษณะของรูปภาพด้วยวิธีการกระจายพื้นที่ของสี (Spatial Distribution of Color Information) โดยพิจารณาขอบเขตของวัตถุเป็นวิธีการที่ดี แต่มีหลายวิธีจะกำหนดบริเวณไว้แน่นอนเพราะเป็นทางเลือกที่ง่ายกว่าและผลลัพธ์ตรงความต้องการ ใน [6] แบ่งบริเวณออกเป็นห้าส่วนย่อยที่เหลื่อมกัน

ระบบที่มีชื่อว่า Color-WISE แบ่งรูปออกเป็น 8*8 ไม่เหลื่อมกัน แต่ละบริเวณกำกับด้วยสีหลักของโทนสี (hue) และค่าความสดใส (saturation)

นอกจากการกำหนดบริเวณที่แน่นอนในการแทนลักษณะของรูปด้วยวิธีการกระจายพื้นที่ของสี เทคนิค ที่ชื่อว่า Histogram Refinement [7] ใช้การพิจารณาความสัมพันธ์ระหว่างจุดในภาพ ใน [8] อธิบาย การทำดัชนีของภาพด้วยวิธี color correlogram วิธีการ คือ จะสร้างตารางที่เก็บคู่ของสี ตำแหน่งใด ๆ ที่ k จะมี ข้อมูลคู่สี (i, j) ที่บอกความน่าจะเป็นว่าตำแหน่งที่ k จาก สี i จะเป็นสี

1.6 การเชื่อมความสัมพันธ์ระหว่างรูปภาพกับความหมาย มีวิธีการคือ แยกลักษณะของรูปภาพและ หาความสัมพันธ์ จากนั้นจะกำหนดความหมายให้กับความสัมพันธ์ที่ได้ หลายวิธีจะใช้คนในการกำกับ ความหมาย ปัญหาที่พบ คือ ต้องใช้กำลังงานเป็นจำนวนมากเนื่องจากจำนวนข้อมูลเพิ่มขึ้นอย่างรวดเร็ว การ เชื่อมความหมายให้กับวัตถุสามารถทำได้โดยนำข้อมูลรูปภาพที่ได้ใส่ในชนิดของวัตถุ (Class object) ด้วย เทคนิคการค้นหาภาพวัตถุที่มีรูปร่างไม่แน่นอน (Hough Transform) เป็นเทคนิคการค้นหาโดยดูจากรูปร่าง ของวัตถุในรูปภาพ มักจะใช้กับภาพที่ประกอบด้วยวัตถุบางอย่างที่มีรูปทรง เช่น ภาพปลา ภาพผลส้ม เป็นต้น ซึ่งการค้นหาจะต้องทำการพิจารณาโครงสร้างของภาพวัตถุต้นแบบเปรียบเทียบกับวัตถุปลายทาง ถ้าพบว่าวัตถุ ต้นแบบกับวัตถุปลายทางมีรูปร่างคล้ายคลึงกัน ก็จะสามารถสรุปได้ว่ามีวัตถุที่ต้องการอยู่ในรูปภาพนั้น Hough Transform เป็นวิธีการ ใช้ในการจดจำวัตถุในรูปแบบต่างๆ เช่น เส้น วงกลม วงรี โดยสมการที่ใช้ใน การหาเส้นตรง (Straight Line Hough Transform) คือ $x\cos\theta + y\sin\theta = r$ เมื่อ r คือ ระยะจากจุดศูนย์กลางถึง เส้นตรง และ θ คือมุมระหว่าง r กับแนวแกน x เมื่อกำหนดจุดของค่า r และ θ สำหรับทุกๆ ค่า x และ y ที่ เป็นไปได้ แล้วจะได้เป็นภาพในรูปของฮัฟสเปซ (Hough Space) โดยในฮัฟสเปซ จะสามารถระบุค่าที่เป็น ค่าสูงสุด (Local Maxima) ที่มีอยู่ได้ ซึ่งจุดนั้นจะเป็นจุดที่เส้นตรงอยู่นั่นเอง หากต้องการหาเส้นโค้ง (Circular Hough Transform) สามารถค้นหารูปที่มีลักษณะเป็นวงกลม โดยใช้สมการ $(x-cx)^2+(y-cy)^2=r^2$

Ballard 1980 : 111 – 122 [9] ได้พัฒนาเทคนิค Hough Transform ให้สามารถค้นหาวัตถุที่มีรูปร่างไม่แน่นอน (arbitrary shape) ได้โดยเทคนิคดังกล่าวเรียกว่า Generalized Hough Transform จะใช้เมื่อรูปร่างของ วัตถุนั้น ไม่สามารถหาได้ด้วยสมการทางคณิตศาสตร์ ดังนั้นแทนที่จะใช้สมการเส้นโค้ง แต่จะใช้ลักษณะของ การเก็บคุณสมบัติของรูปร่างวัตถุไว้ใน ตารางค่า เรียกว่า Look-up Table หรือ R-Table ซึ่งจะเก็บรายละเอียด ของวัตถุ โดยประกอบด้วย ส่วนสำคัญ คือ ค่ารัศมี และค่าความสัมพันธ์ที่เกิดขึ้น ซึ่งมีวิธีการ 2 ขั้นตอนคือ

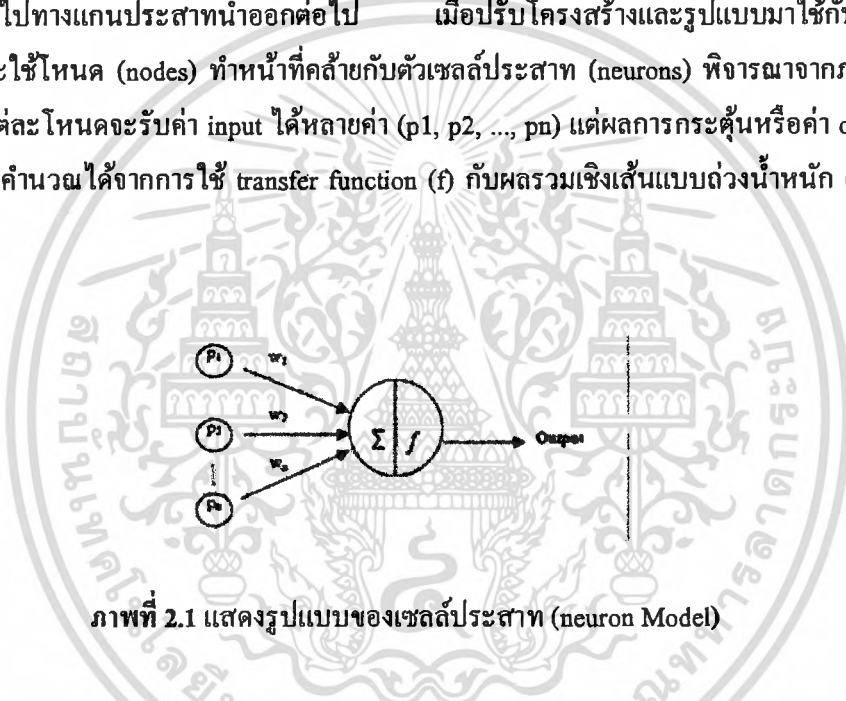
1) ขั้นตอนการเรียนรู้ (Learning) คือ การเก็บข้อมูลของวัตถุที่ต้องการค้นหาจากภาพ โดยจะนำ ข้อมูลของภาพที่ได้เก็บไว้ในรูปค่าความสัมพันธ์ในตาราง R

2) ขั้นตอนการค้นหา (Detect) คือ การหาตำแหน่งที่อยู่ของข้อมูลที่ได้จากการเรียนรู้ในอีกภาพหนึ่ง ซึ่งอาจจะมีวัตถุที่เหมือนกับต้นแบบซึ่งได้จากการเรียนรู้มากกว่า 1 วัตถุในรูปภาพนั้น จากเทคนิคดังกล่าวยัง

สามารถใช้หาภาพต้นแบบที่แปรผัน ในรูปแบบของการขยายขนาด (Scale) และการหมุนของภาพ (Rotation) ได้

2. เครือข่ายประสาทเทียม (Neural network)

เป็นการจำลองการทำงานบางส่วนของสมองมนุษย์ ซึ่งประกอบด้วยเซลล์ประสาท (neuron) เป็นจำนวนมาก โดยในแต่ละเซลล์จะประกอบด้วยนิวเคลียส (nucleus) ตัวเซลล์ (cell body) โยประสาทนำเข้า (dendrite) แกนประสาทนำออก (axon) โดยโยประสาทนำเข้าจะมีหน้าที่รับสัญญาณไฟฟ้าเคมีซึ่งส่งมาจากเซลล์ประสาทที่อยู่ใกล้เคียง เมื่อสัญญาณไฟฟ้าเคมีที่ได้รับเข้ามาเกินค่าค่าหนึ่ง เซลล์ประสาทจะถูกกระตุ้นและส่งสัญญาณไปทางแกนประสาทนำออกต่อไป เมื่อปรับโครงสร้างและรูปแบบมาใช้กับเครือข่ายโยประสาทเทียมจะใช้โหนด (nodes) ทำหน้าที่คล้ายกับตัวเซลล์ประสาท (neurons) พิจารณาจากภาพประกอบ เซลล์ประสาทแต่ละโหนดจะรับค่า input ได้หลายค่า (p_1, p_2, \dots, p_n) แต่ผลการกระตุ้นหรือค่า output ที่ได้มีเพียงหนึ่งค่า ซึ่งคำนวณได้จากการใช้ transfer function (f) กับผลรวมเชิงเส้นแบบถ่วงน้ำหนัก (w_1, w_2, \dots, w_n) ของ input



ภาพที่ 2.1 แสดงรูปแบบของเซลล์ประสาท (neuron Model)

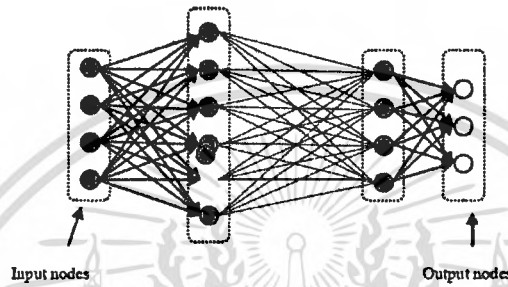
รูปแบบการเรียนรู้ของระบบเครือข่ายประสาท มี 2 ลักษณะ ได้แก่

1) การเรียนรู้แบบมีผู้สอน (Supervised learning) เครือข่ายประสาทจะได้รับการฝึกด้วยกลุ่มฝึกที่ประกอบด้วยข้อมูล input และค่า output ที่ต้องการ การปรับค่าน้ำหนักและ bias นั้น จะกระทำเพื่อให้ค่า output ที่ได้มีความใกล้เคียงหรือตรงกับ output ที่ต้องการมากที่สุด ตัวอย่างเครือข่ายประสาท ที่ใช้วิธีการเรียนรู้แบบนี้ ได้แก่ back-propagation และ multilayer perceptron เป็นต้น

2) การเรียนรู้แบบไม่มีผู้สอน (Unsupervised learning) การเรียนรู้เพื่อปรับค่าน้ำหนักและค่า bias จะตอบสนองต่อข้อมูล input เท่านั้นโดยไม่ได้ใช้ค่า output ร่วมด้วยในการฝึก วิธีการเรียนรู้แบบนี้จะใช้การจัดแบ่งกลุ่มโดยพิจารณาตามรูปแบบของ input ตัวอย่างเครือข่ายประสาทที่ใช้วิธีการเรียนรู้แบบนี้ ได้แก่ counter propagation และ Kohonen network เป็นต้น

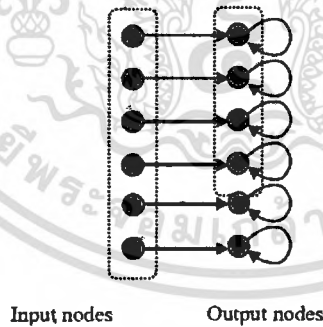
สถาปัตยกรรมเครือข่าย แบ่งเป็น 4 แบบ คือ Feedforward network, Feedback network, Network Layer และ Perceptrons

1) Feedforward network คือ ข้อมูลที่ประมวลผลในวงจรข่ายจะถูกส่งไปในทิศทางเดียวจาก Input nodes ส่งต่อมาเรื่อยๆ จนถึง output nodes โดยไม่มีการย้อนกลับของข้อมูล หรือแม้แต่ Nodes ใน layer เดียวกันก็ไม่มีการเชื่อมต่อกัน



ภาพที่ 2.2 แสดงสถาปัตยกรรมของ Feedforward network

2) Feedback network ข้อมูลที่ประมวลผลในวงจรข่าย จะมีการป้อนกลับเข้าไปยังวงจรข่ายหลายๆ ครั้ง จนกระทั่งได้คำตอบออกมาเรียกว่า Recurrent network



ภาพที่ 2.3 แสดงสถาปัตยกรรมของ Feedback network

3) Network Layer

พื้นฐานสามัญที่สำคัญของ Artificial Neural Network ประกอบไปด้วย 3 ส่วน หรือ 3 layer ได้แก่ ชั้นของ input units ที่ถูกเชื่อมต่อกับชั้นของ hidden units ซึ่งเชื่อมต่อกับชั้นของ output units

- การทำงานของ input unit จะทำหน้าที่แทนส่วนของข้อมูลดิบ ที่จะถูกป้อนเข้าสู่เครือข่าย

- การทำงานของแต่ละ hidden units จะถูกกำหนด โดยการทำงานของ input units และค่าน้ำหนักบนความสัมพันธ์ระหว่าง input units และ hidden units

- พฤติกรรมการทำงานของ output units จะขึ้นอยู่กับการทำงานของ hidden units และค่าน้ำหนักระหว่าง hidden units และ output units

ประเภทของเครือข่ายนี้เป็นที่น่าสนใจเพราะเราสามารถกำหนดการแทนค่าให้แก่ input units ได้อย่างอิสระ ค่าน้ำหนักระหว่าง input units และ hidden units จะถูกกำหนดเมื่อ hidden unit กำลังทำงานจะนั้นเวลาที่แก้ไขค่าน้ำหนัก hidden units จะสามารถเลือกว่าอะไรคือค่าที่เราแทนเข้ามา

Architecture of Layer สามารถจำแนกสถาปัตยกรรมของชั้น (layer) ออกเป็น 2 ประเภท คือ

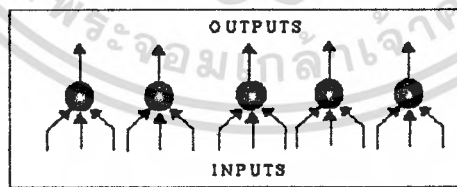
(1) Single-layer perceptron เครือข่ายประสาทที่ประกอบด้วยชั้นเพียงชั้นเดียว จำนวน input nodes ขึ้นอยู่กับจำนวน components ของ input data และ Activation function ขึ้นอยู่กับลักษณะข้อมูลของ output เช่น ถ้า output ที่ต้องการเป็น “ใช่” หรือ “ไม่ใช่” เราจะต้องใช้ Threshold function

$$f(x) = \begin{cases} 1 & \text{if } x \geq T \\ 0 & \text{if } x < T \end{cases}$$

T=Threshold level

ภาพที่ 2.4 Single-layer perceptron แบบ Threshold Function

หรือถ้า output เป็นค่าตัวเลขที่ต่อเนื่อง เราต้องใช้ continuous function เช่น Sigmoid function



ภาพที่ 2.5 แสดง Single-layer perceptron แบบ Sigmoid Function

(2) Multi-layer perceptron เครือข่ายประสาทจะประกอบด้วยหลายชั้น โดยในแต่ละชั้นจะประกอบด้วยโหนด (nodes) หรือเปรียบได้กับตัวเซลล์ประสาท (neurons) ค่าน้ำหนักของเส้นที่เชื่อมต่อระหว่างโหนดของแต่ละชั้น(เมทริก W), ค่า bias vector (b) และค่า output vector (a) โดย m เป็นตัวเลขบอก

ลำดับชั้นกำกับไว้ด้านบน เมื่อ p เป็น input vector การคำนวณค่าเอาต์พุตสำหรับเครือข่ายประสาทที่มี M ชั้นจะเป็นดังนี้

$$A_{m+1} = f_{m+1}(W_{m+1} a_m + b_{m+1})$$

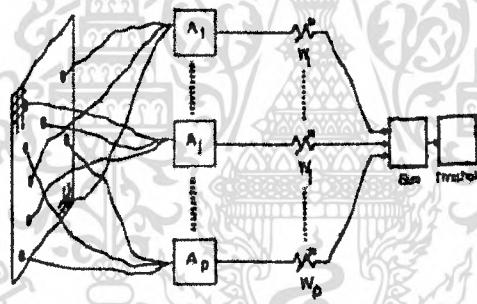
เมื่อ $m = 0, 2, \dots, M-1$

$$a_0 = p$$

$$a = a_m$$

และ f เป็น transfer function

4) Perceptrons เป็น MCP model (neuron with weighted inputs) พร้อมกับส่วนต่อเติม จากรูปในส่วน A_1, A_2, A_j, A_p เรียกว่า association units การทำงานเพื่อคัดเลือกสิ่งที่แตกต่างออกมาจากรูปภาพที่รับเข้าไป โดย perceptrons สามารถคัดลอกความคิดพื้นฐานภายในของสัตว์เลี้ยงลูกด้วยนม หลัก ๆ แล้วจะใช้ในรูปแบบ recognition และสามารถขยายให้มีความสามารถสูงกวานี้



ภาพที่ 2.6 แสดง โครงสร้างของ Perceptrons

2.2 งานวิจัยที่เกี่ยวข้อง

Bartosz Zielinski, et al, 2017 [10] ศึกษาการระบุชนิดของแบคทีเรียโดยใช้วิธีการ Deep Convolutional Neural Networks เพื่อให้ได้ข้อบ่งชี้ทางภาพในการระบุชนิดของแบคทีเรีย การระบุชนิดของแบคทีเรียแบบอัตโนมัติ โดยใช้ computer-aided method นี้ช่วยลดเวลาการจัดกลุ่มเชื้อแบคทีเรีย และลดความเสี่ยงในการวินิจฉัยระบุชนิดของแบคทีเรียที่ผิดพลาดเนื่องจากเซลล์แบคทีเรียหลายชนิดมีรูปร่างที่เหมือนกัน ในงานวิจัยนี้ใช้ตัวอย่างภาพของแบคทีเรีย 33 ชนิดที่มีสายพันธุ์และ species ที่แตกต่างกัน โดยมี dataset ของภาพแบคทีเรีย (Digital Image of Bacterial Species : DIBaS) ทั้งหมด 660 ภาพที่ใช้ในการประมวลผลในงานวิจัย จากงานวิจัยนี้พบว่า ผลการทดสอบการรู้จำของคอมพิวเตอร์มีค่าความถูกต้องถึง $97.24 \pm 1.07\%$ ยิ่ง

ไปกว่านั้นพบว่าวิธีการนี้สามารถใช้ได้กับภาพที่มีขนาดเพิ่มขึ้น 3 เท่า โดยความถูกต้องจะลดลงในลักษณะ เป็นเชิงเส้นกับขนาดของภาพ ส่วนงานที่จะทำต่อไปในอนาคตจะเน้นไปทางด้าน DIBaS แลพการค้นหาวิธี แยกแยะข้อมูลสีของภาพ ซึ่งช่วยพัฒนาและเพิ่มความรู้ต้องการรู้จำของคอมพิวเตอร์

Kitack Lim, et al., 2013 [11] ศึกษาการจำแนกรูปแบบเซลล์โดยอัตโนมัติและวิเคราะห์ ลักษณะพื้นฐาน ของเซลล์สำหรับวิศวกรรมเนื้อเยื่อด้วยวิธีการประมวลผลภาพ (Image processing method) เพื่อพิสูจน์อัลกอริ ทึมใหม่ของการเปลี่ยนความเข้มแสงของรูปภาพจาก microscope เพื่อใช้ในการวิเคราะห์ภาพ ได้อย่างมี ประสิทธิภาพ ภาพของเซลล์ที่ได้จากกล้องจุลทรรศน์มีความสว่างที่บริเวณกลางภาพมากกว่าบริเวณ ขอบภาพเนื่องจากตำแหน่งของแหล่งกำเนิดแสง ซึ่งส่งผลกระทบต่อการนับจำนวนเซลล์ หรือการเรียนรู้ รูปแบบของคอมพิวเตอร์ ดังนั้นเพื่อแก้ปัญหา งานวิจัยนี้จึงทดลองหาตำแหน่งความสว่างตำแหน่งกลางภาพ โดยให้ค่าน้ำหนักของแสงลดลงจากกึ่งกลางภาพ จากการทดลองพบว่า ภาพจากกล้องจุลทรรศน์ที่ผ่านการ ปรับความเข้มแสงมีความชัดเจนกว่าการไม่ชดเชยหรือปรับความเข้มแสง และจากการจัดกลุ่มของเซลล์หลาย ชนิดในตัวอย่างพบว่า ค่าสัดส่วนของ hBMSCs และ HeLa cells คือ 95% และ 92% ตามลำดับ แสดงให้เห็น ว่า การใช้อัลกอริทึมใหม่ในการปรับเปลี่ยนความเข้มแสงสามารถควบคุมการเรียนรู้จดจำเพื่อจำแนกรูปแบบ เซลล์และการนับจำนวนเซลล์ของคอมพิวเตอร์ ได้ดียิ่งขึ้น

Lior Shamir, et al., 2010 [12] เนื่องจากในปัจจุบันความแพร่หลายของระบบการประมวลผลภาพแบบอัตโนมัติมีมากขึ้น ซึ่งต้องใช้ฐานข้อมูล datasets ของภาพจากกล้องจุลทรรศน์จำนวนมาก อย่างไรก็ตามระบบ ที่ใช้ในการประมวลผลภาพยังมีข้อจำกัด ในการใช้ประมวลผลภาพที่มีความหลากหลายอย่างมาก ระบบ วิเคราะห์ภาพอัตโนมัติมักจะถูกสร้างขึ้นให้เหมาะสมกับกล้องจุลทรรศน์แต่ละชนิด มีวิธีการ การทดลอง การ ตรวจสอบ หรือแม้กระทั่งชนิดของเซลล์ที่แตกต่างกัน ซึ่งการกำหนดความแตกต่างเหล่านี้ทำให้เกิดข้อจำกัด ในการประยุกต์ใช้วิธีการประมวลผล ดังนั้นกลยุทธ์หนึ่งที่เกี่ยวข้องกับข้อจำกัดเหล่านี้คือรูปแบบการเรียนรู้และจดจำ ซึ่งถูกพัฒนาขึ้นเพื่อควบคุม และเพิ่มการประสิทธิภาพประยุกต์ใช้กับหลักการทางชีววิทยา กลยุทธ์นี้ขึ้นกับ การสอนให้คอมพิวเตอร์รู้และจดจำรูปแบบของภาพมากกว่าการพัฒนาอัลกอริทึมหรือการกำหนดตัวแปร ของการประมวลผลภาพ ดังนั้นในบทความวิจัยนี้จึงเขียนขึ้นเพื่อรวมสรุปภาพรวมของเทคโนโลยีที่อยู่ เบื้องหลังรูปแบบการเรียนรู้และจดจำและการใช้คอมพิวเตอร์กับการมองภาพทางด้านชีววิทยาและชีว การแพทย์ ซึ่งบทความวิจัยนี้ได้เสนอ software ที่เป็นประโยชน์ในการใช้งานสำหรับนักชีววิทยา และแนะนำ วิธีการทดลองที่ช่วยให้เทคนิคการวิเคราะห์ภาพ โดยการเรียนรู้จำของคอมพิวเตอร์มีประสิทธิภาพสูงสุด

P.S. Hiremath, et al., 2010 [13] พัฒนาเครื่องมือที่ใช้ในการจัดกลุ่มและระบุชนิดของเซลล์แบบที่เรียกได้ อย่างอัตโนมัติ โดยอาศัยลักษณะการเจริญเติบโตในระยะต่าง ๆ ของแบคทีเรียแต่ละชนิด โดยใช้ภาพจาก Digital microscope และลักษณะโครงสร้างเรขาคณิตของเซลล์ในระยะปกติ ระยะกำลังโต และระยะแบ่ง

เชลล์ ในงานวิจัยนี้ใช้ 3C classifier, k-NN classifier, Neural Network classifier และ Fuzzy classifier ผลการทดลองที่ได้จากการประมวลผลแบบอัตโนมัติจะถูกนำไปเปรียบเทียบกับการจัดกลุ่มและระบุชนิดของแบคทีเรียโดยผู้เชี่ยวชาญทางด้านจุลชีววิทยา ซึ่งพบว่าวิธีการจัดกลุ่มแบบอัตโนมัติมีค่าใช้จ่ายในการทดลองน้อยกว่าและได้ผลลัพธ์การจัดกลุ่มที่ระดับ 93% - 96% โดย k-NN classifier, 95% - 100% โดย Neural network classifier และ 98% - 100% โดย fuzzy classifier



บทที่ 3

วิธีดำเนินงานวิจัย

3.1 วิธีดำเนินการวิจัย

3.1.1 เตรียมอาหารเลี้ยงเชื้อที่เหมาะสมกับแบคทีเรียและยีสต์แต่ละชนิด และถ่ายเชื้อแบคทีเรียและยีสต์ในอาหารเพาะเลี้ยงใหม่ทุก 1 เดือน หรือทุกครั้งที่ต้องการถ่ายสภาพเซลล์แบคทีเรีย เพื่อควบคุมผลการทดลองภาพถ่ายเซลล์แบคทีเรียให้มีอายุเท่ากันในทุกชนิด

3.1.2 ย้อมสี Gram staining โดยเปลี่ยนความหนาแน่นของเซลล์ในตัวอย่าง และตรวจสอบลักษณะ morphology ของแบคทีเรียแต่ละชนิด

3.1.3 การเก็บข้อมูลภาพถ่ายเซลล์แบคทีเรียและยีสต์แต่ละชนิด เช่น ลักษณะรูปร่างเซลล์ภายใต้กล้องจุลทรรศน์ที่กำลังขยาย 1000 เท่า อย่างน้อย 100 ภาพต่อชนิด

3.1.4 ออกแบบ algorithm ที่มีประสิทธิภาพ เพื่อให้คอมพิวเตอร์ใช้ในการเรียนรู้ จดจำ และวิเคราะห์แยกแยะลักษณะเด่นของเซลล์แบคทีเรียแต่ละชนิด

3.1.5 ประมวลผลภาพถ่ายเซลล์แบคทีเรียและยีสต์ โดยใช้โปรแกรม Python and the Keras API with TensorFlow Machine Learning framework ในการประมวลผล algorithm เพื่อให้คอมพิวเตอร์เรียนรู้และจดจำลักษณะของเซลล์

3.1.6 วิเคราะห์ผลการประมวลผล โดยกำหนดให้เปอร์เซ็นต์ความถูกต้อง (accuracy) ต้องมากกว่า 80%

3.1.7 แก้ไขและปรับปรุงให้ดียิ่งขึ้น

3.2 แผนการดำเนินงานวิจัย

ตารางที่ 3.1 แผนงานวิจัย

กิจกรรม	เดือน														ผู้รับผิดชอบ		
	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14			
1. เตรียมข้อมูลภาพถ่ายของเซลล์แต่ละชนิดให้ได้มากที่สุด โดยอย่างน้อย 100 ภาพต่อ																	ตรีสุคนธ์

- 3.4 อุปกรณ์เครื่องแก้ว ปีกเกอร์ ขวดรูปชมพู่ กระจกบอควง ขวดเก็บเชื้อตัวอย่าง หลอดหยดสาร หลอดทดลอง Graduated Pipette ฯลฯ
- 3.5 กล้องจุลทรรศน์
- 3.6 อุปกรณ์สำหรับกล้องจุลทรรศน์ ได้แก่ กระจกสไลด์ counting chamber กระจกปิดสไลด์
- 3.7 ตู้บ่มเชื้อ
- 3.8 อุปกรณ์สำหรับการทดลอง ได้แก่ ตัวดูดสาร อุปกรณ์ชั่งสาร อุปกรณ์คนสารละลาย Parafilm
- 3.9 สารเคมี ได้แก่ Ethyl alcohol 70%, Gram stain solution

3.4 อาหารเลี้ยงเชื้อสำหรับจุลทรีย์แต่ละชนิด

3.4.1 Nutrient Agar (สำหรับ *Micrococcus* spp., *Staphylococcus aureus*, *Escherichia coli*)

ประกอบด้วย

- 0.5% Peptone
- 0.3% Yeast Extract
- 0.5% NaCl
- 1.5% Agar

3.4.2 MRS agar (สำหรับ *Lactobacillus casei*, *Lactobacillus delbrueckii*)

ประกอบด้วย

- 1.0% Proteose peptone
- 1.0% Beef extract
- 0.5% Yeast extract
- 2.0% Dextrose (glucose)
- 0.1% Polysorbate 80 (Tween 80)
- 0.2% Triammonium citrate C₆H₁₇N₃O₇
- 0.5% Sodium acetate .3H₂O
- 0.01% Magnesium sulphate
- 0.005% Manganese sulphate
- 0.2% Dipotassium hydrogen phosphate
- 1.5% Agar

3.4.3 YPD agar (สำหรับ *Candida albicans*)

ประกอบด้วย

0.3% Yeast Extract

0.5% Peptone

1% Glucose

1.5% Agar

3.4.4 Blood base agar (สำหรับ *Streptococcus thermophilus*)

ประกอบด้วย

1.0% Peptone

1.0% Tryptone

0.5% Sodium chloride

1.5% Agar

3.5 การเพาะเลี้ยงเชื้อจุลินทรีย์และการถ่ายภาพเซลล์

จุลินทรีย์ที่ใช้ในการทดลองเลี้ยงในอาหารเพาะเลี้ยงที่ช่วยสนับสนุนการเจริญ ตามรายละเอียดข้างต้น โดย *Candida albicans* TISTR 554, *Micrococcus* spp. TISTR 1404 เพาะเลี้ยงที่อุณหภูมิ 30°C 24 ชั่วโมง และ *Staphylococcus aureus* TISTR 746, *Streptococcus thermophilus* TISTR 894, *Lactobacillus casei* TISTR 1463, *Lactobacillus delbrueckii* TISTR 1339, *Escherchia coli* TISTR 527 เพาะเลี้ยงที่อุณหภูมิ 37°C 24 ชั่วโมง สำหรับการถ่ายภาพเซลล์ จุลินทรีย์แต่ละชนิดถูกย้อมสีด้วยวิธี Gram staining โดยแบคทีเรียแกรมบวก จะติดสีม่วง และแบคทีเรียแกรมลบจะติดสีแดง และนำไปส่องด้วยกล้องจุลทรรศน์ Optika B-292 โดยใช้กำลังขยาย 1000 เท่าผ่าน oil immersion กล้องจุลทรรศน์ต่อด้วยกล้อง Optikam B3 เพื่อใช้ในการเก็บข้อมูลภาพถ่ายผ่านคอมพิวเตอร์

วิธีการย้อมสี Gram staining มีดังนี้

1. ล้างทำความสะอาดกระจกสไลด์ และเช็ดให้แห้ง
2. เกลี่ยเชื้อ (smear) บนสไลด์ให้กระจายเป็นฟิล์มบางๆ ไม่ให้หนาแน่นมากเกินไปและปล่อยให้แห้งในอากาศ (air dry)
3. ตรึงเชื้อ (fix) ให้ติดแน่นกับสไลด์ เพื่อไม่ให้หลุดออกขณะย้อมสี ทำได้โดยการผ่านสไลด์ที่เคลี่ยเชืบบนเปลวไฟอย่างรวดเร็ว 2-3 ครั้ง
4. หยดสีคริสตัลไวโอเล็ต (crystal violet) บนรอยเคลี่ยของเชื้อให้ท่วม ทิ้งไว้ 1 นาที แล้วเทสีทิ้ง

5. หยดสารละลายไอโอดีน (Iodine) บนรอยเกลี่ยของเชื้อ ทิ้งไว้ 1 นาที เทสารละลายที่
สารละลายไอโอดีนทำหน้าที่เป็นมอร์แดนต์ (mordant) ช่วยให้เซลล์ติดสีย้อมได้ดีขึ้น

6. ล้างสีออก (decolorize) ด้วย 95% เอทิลแอลกอฮอล์ ทิ้งไว้ประมาณ 15 วินาที แล้วล้างน้ำ
สะอาดเพื่อหยุดปฏิกิริยาการล้างสี

7. หยดสีซาฟรานิน (safranin O) บนรอยเกลี่ย ทิ้งไว้ประมาณ 15-30 วินาที ล้างน้ำและซับให้
แห้ง

8. ปิดด้วยกระจกสไลด์

9. ตรวจสอบเซลล์ด้วยกล้องจุลทรรศน์

3.6 การประมวลผลภาพ

Deep learning คือ Machine learning ชนิดหนึ่งที่ใช้หลักการของ deep layered structure Artificial Neural Network (ANN) ในงานวิจัยนี้ใช้โปรแกรม Python ในการสื่อสารกับคอมพิวเตอร์และ Keras API with TensorsFlow Machine Learning framework ในการเทรนคอมพิวเตอร์ให้เรียนรู้ในการแยกและระบุชนิดภาพของจุลินทรีย์ทั้งหมดชนิดละอย่างน้อย 100 ภาพ แต่ละชุดข้อมูลภาพถูกแยกให้คอมพิวเตอร์เทรนและทดสอบความถูกต้องที่ 80% และ 20% ตามลำดับ

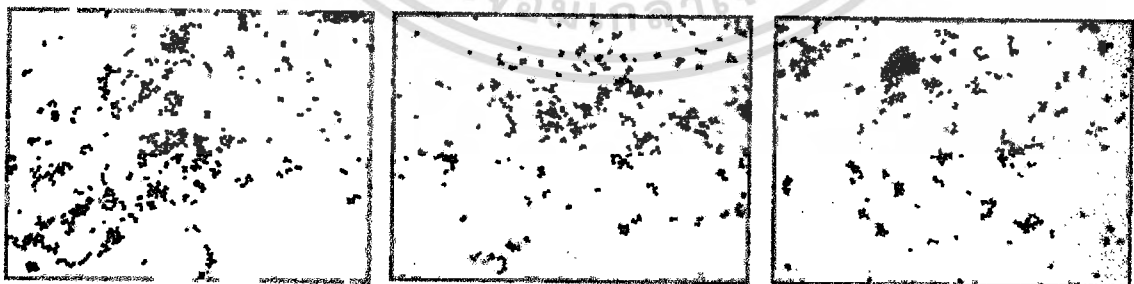
บทที่ 4 ผลการวิจัย

4.1 ผลการเก็บข้อมูลภาพถ่ายเซลล์แบคทีเรียและยีสต์

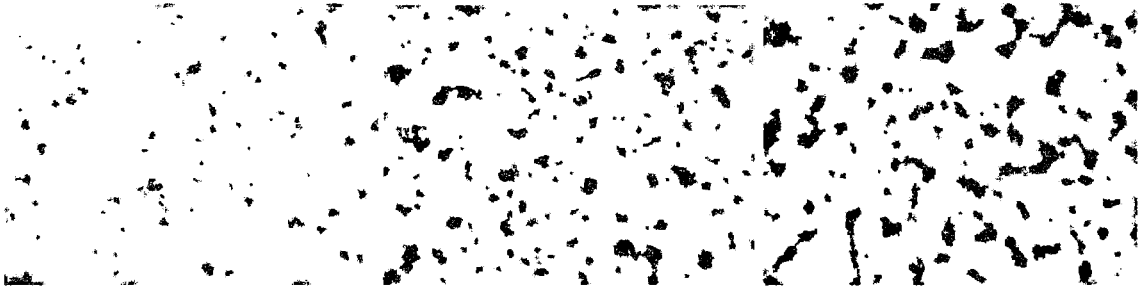
จุลินทรีย์แต่ละชนิดถูกย้อมสีด้วย Gram staining โดย แกรมบวกได้แก่ *Candida albicans*, *Micrococcus* spp., *Staphylococcus aureus*, *Streptococcus thermophilus*, *Lactobacillus casei*, *Lactobacillus delbrueckii* และแกรมลบได้แก่ *Escherichia coli* ภาพเซลล์จุลินทรีย์ส่องผ่านกล้องจุลทรรศน์ ถูกถ่ายด้วยกล้องดิจิทัลที่เชื่อมต่อกับกล้องจุลทรรศน์ โดยถ่ายภาพจุลินทรีย์ไม่น้อยกว่า 100 ภาพของแต่ละชนิด ข้อมูลภาพถูกบันทึกด้วยไฟล์ TIF ดังตัวอย่างภาพถ่ายของเซลล์จุลินทรีย์แต่ละชนิดดังภาพต่อไปนี้



ภาพที่ 4.1 *Candida albicans*



ภาพที่ 4.2 *Micrococcus* spp.



ภาพที่ 4.3 *Staphylococcus aureus*



ภาพที่ 4.4 *Streptococcus thermophilus*

ภาพที่ 4.5 *Lactobacillus casei*



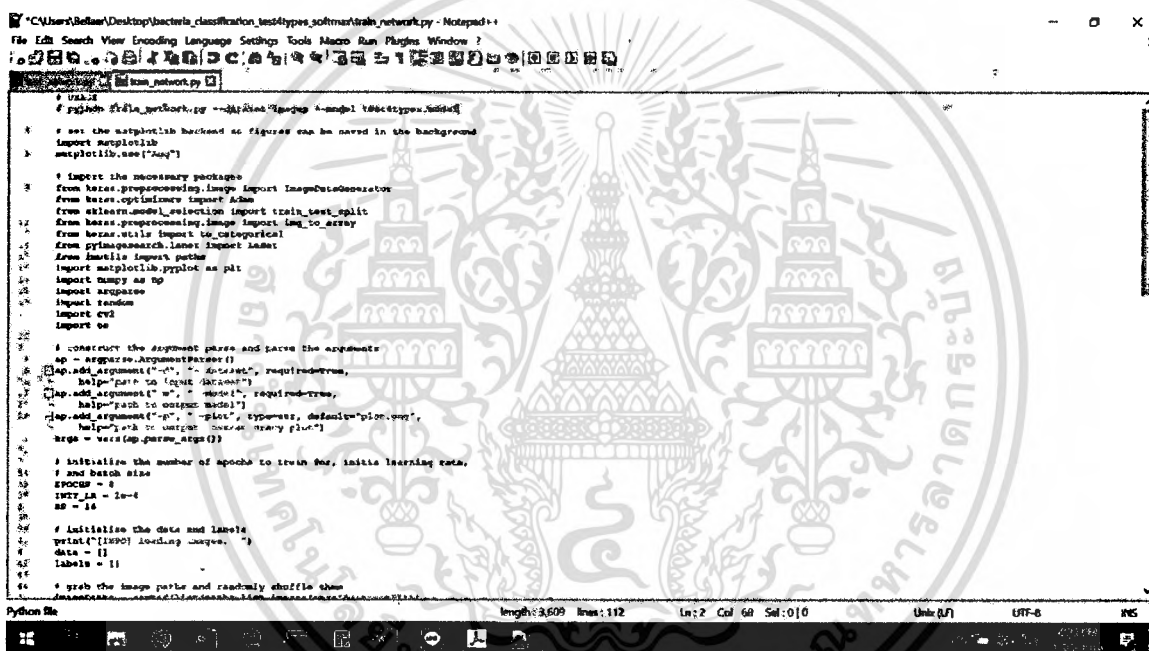
ภาพที่ 4.6 *Lactobacillus delbrueckii*



ภาพที่ 4.7 *Escherichia coli*

4.2 ผลการประมวลผลภาพเซลล์แบคทีเรียและยีสต์

โปรแกรมภาษาที่ใช้ในการสื่อสารกับคอมพิวเตอร์ในงานวิจัยนี้ใช้โปรแกรม Python ซึ่งเขียนคำสั่งให้คอมพิวเตอร์เรียนรู้ข้อมูลภาพของเชื้อจุลินทรีย์แต่ละชนิด โดยประมวลผลผ่านโปรแกรม Anaconda prompt และ Keras API with TensorFlow Machine Learning framework ในการเทรนคอมพิวเตอร์ให้เรียนรู้ในการแยกแยะระบุชนิดภาพของจุลินทรีย์ทั้งหมดชนิดละอย่างน้อย 100 ภาพ แต่ละชุดข้อมูลภาพถูกแยกให้คอมพิวเตอร์เทรนและทดสอบความถูกต้องที่ 80% และ 20% ตามลำดับ โดยให้คอมพิวเตอร์เรียนรู้หรือเทรนทั้งหมด 10 ครั้งในแต่ละชุดข้อมูลภาพ ดังแสดงในภาพโปรแกรมภาษา Python ดังนี้



```
#!/usr/bin/env python
# -*- coding: utf-8 -*-
# see the matplotlib backend so figures can be saved in the background
import matplotlib
matplotlib.use("Agg")

# import the necessary packages
from keras.preprocessing.image import ImageDataGenerator
from keras.optimizers import Adam
from sklearn.model_selection import train_test_split
from keras.preprocessing.image import img_to_array
from keras.utils import to_categorical
from pyimagesearch.layer import Layer
from imutils import paths
import matplotlib.pyplot as plt
import numpy as np
import argparse
import random
import cv2
import os

# construct the argument parser and parse the arguments
ap = argparse.ArgumentParser()
ap.add_argument("-d", "--dataset", required=True,
                help="path to input dataset")
ap.add_argument("-o", "--output", required=True,
                help="path to output model")
ap.add_argument("-e", "--epochs", type=int, default="10000",
                help="number of epochs to train for")
args = vars(ap.parse_args())

# initialize the number of epochs to train for, initial learning rate,
# and batch size
EPOCHS = 10
INIT_LR = 1e-4
BS = 16

# initialize the data and labels
print("[INFO] loading images...")
data = []
labels = []

# grab the image paths and randomly shuffle them
```

ภาพที่ 4.8 โปรแกรมภาษา Python ที่ใช้เป็นคำสั่งในการเทรนคอมพิวเตอร์

```

C:\Users\Bellant\Desktop\bacteria_classification_test\types_software\test_network.py - Notepad++
File Edit Search View Encoding Language Settings Tools Macro Run Plugins Window ?
test_network.py [x]
# USAGE
# python test_network.py --model test/types/model --image examples/santa_01.jpg

# Import the necessary packages
from keras.preprocessing.image import img_to_array
from keras.models import load_model
import numpy as np
import argparse
import cv2

# Construct the argument parser and parse the arguments
ap = argparse.ArgumentParser()
ap.add_argument("-m", "--model", required=True,
                help="path to trained model name")
ap.add_argument("-i", "--image", required=True,
                help="path to input image")
args = vars(ap.parse_args())

# Load the image
image = cv2.imread(args["image"])
orig = image.copy()

# Pre-process the image for classification
image = cv2.resize(image, (250, 250))
image = image.astype("float") / 255.0
image = img_to_array(image)
image = np.expand_dims(image, axis=0)

# Load the trained convolutional neural network
print("[INFO] loading network...")
model = load_model(args["model"])

# Classify the input image
(cat, dog, duck, pig) = model.predict(image) [0]
print(cat)
print(dog)
print(duck)
print(pig)

# Build the label
if dog > (cat > (duck > (pig > 0))):

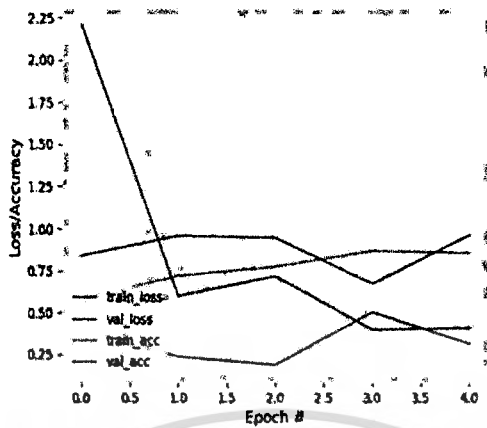
```

ภาพที่ 4.9 โปรแกรมภาษา Python ที่ใช้เป็นคำสั่งในการทดสอบคอมพิวเตอร์

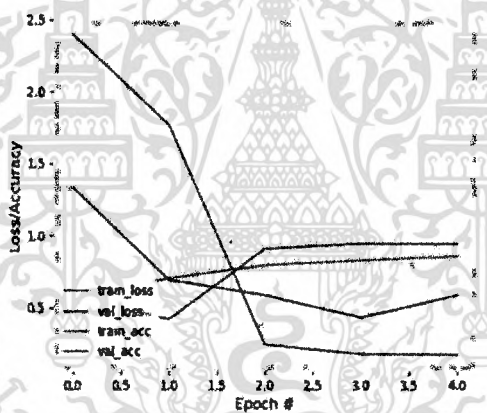
การเทรนชุดข้อมูลภาพของคอมพิวเตอร์ แบ่งออกเป็นการเทรนที่ละ 2, 3 และ 4 ชนิดของชุดข้อมูลภาพเซลล์จุลินทรีย์ โดยผลการเทรนในแต่ละครั้งจะแสดงเป็นกราฟ training loss และ accuracy สำหรับผลการทดสอบ แสดงผลเป็นเปอร์เซ็นต์ความเป็นไปได้ของการระบุชนิดจุลินทรีย์ของภาพตัวอย่างที่กำหนด

4.2.1 ผลการเทรนคอมพิวเตอร์ด้วยชุดภาพถ่ายจุลินทรีย์ 2 ชนิด

การเทรนแบบที่เรีย 2 ชนิด คือ *Staphylococcus aureus* และ *Lactobacillus delbrueckii* จากผลการทดลองพบว่า กระบวนการในการเรียนรู้เชิงลึก (deep learning methodology) ของคอมพิวเตอร์ สามารถใช้ระบุภาพจุลินทรีย์ที่มีความละเอียดสูง (high-resolution) (B. Zielinski, et al., 2017) และความละเอียดมาตรฐาน (standard-resolution) ของภาพที่ได้จากกล้องจุลทรรศน์ทั่วไปซึ่งใช้ในงานวิจัยนี้ ดังแสดงในภาพที่ 4.10 ผลการเทรนโดยใช้ภาพความละเอียดสูง (high-resolution) และภาพที่ 4.11 ผลการเทรนโดยใช้ภาพความละเอียดมาตรฐาน (standard-resolution) โดยจำนวนการเทรนทั้งหมด 4 ครั้ง (Epoch = 4) พบว่าผลของ validation accuracy มีค่าสูงขึ้นเข้าใกล้ 100% ความถูกต้องที่การเทรนครั้งที่ 4

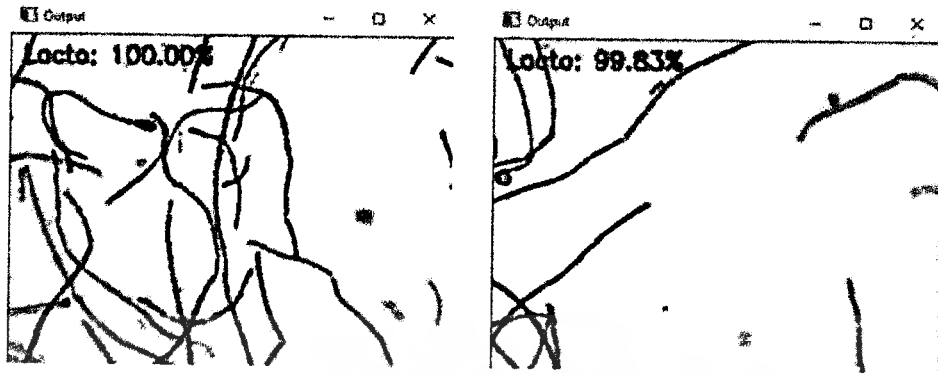


ภาพที่ 4.10 ผลการเทรนโดยใช้ภาพความละเอียดสูง (high-resolution)

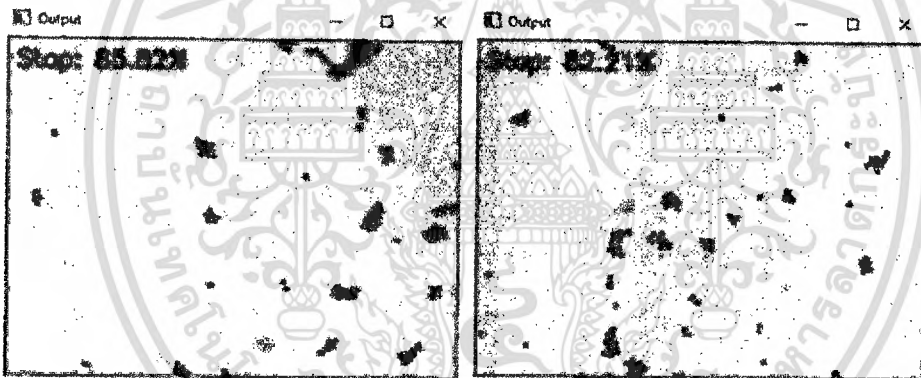


ภาพที่ 4.11 ผลการเทรนโดยใช้ภาพความละเอียดมาตรฐาน (standard-resolution)

ผลการทดสอบความถูกต้องของการเทรนด้วยการสุ่มตัวอย่างภาพถ่ายของจุลินทรีย์ *Staphylococcus aureus* และ *Lactobacillus delbrueckii* พบว่า คอมพิวเตอร์สามารถระบุชนิดจุลินทรีย์ของภาพตัวอย่าง ได้สูงสุด 100% ความถูกต้องแม่นยำ (accuracy) สำหรับ *Lactobacillus delbrueckii* และ 85.82% ความถูกต้องแม่นยำสำหรับ *Staphylococcus aureus* ดังแสดงในภาพที่ 4.12 และ 4.13



ภาพที่ 4.12 ผลการทำนายชนิดของจุลินทรีย์จากภาพตัวอย่างของ *Staphylococcus aureus*



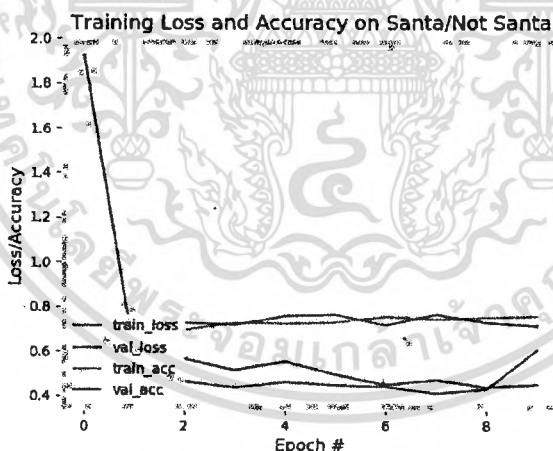
ภาพที่ 4.13 ผลการทำนายชนิดของจุลินทรีย์จากภาพตัวอย่างของ *Lactobacillus delbrueckii*

4.2.2 ผลการเทรนคอมพิวเตอรืด้วยชุดภาพถ่ายจุลินทรีย์ 3 ชนิด

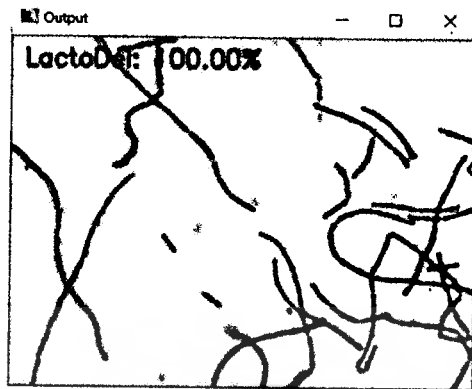
การเทรนจุลินทรีย์ครั้ง 3 ชนิด โดยใช้คำสั่งให้คอมพิวเตอรืเทรนครั้งละ 10 รอบ (Epoch = 10) เพื่อศึกษาความเป็นไปได้ในการทำนายชนิดของจุลินทรีย์จากภาพตัวอย่างของแต่ละชนิด เมื่อจำนวนชุดข้อมูลเพิ่มมากขึ้น ในการทดลองจะเลือกชนิดของจุลินทรีย์ในการเทรนแต่ละครั้งดังนี้

4.2.2.1 *Staphylococcus aureus*, *Lactobacillus delbrueckii*, *Lactobacillus casei*

ผลการเทรนคอมพิวเตอรืด้วยชุดภาพของจุลินทรีย์ 3 ชนิดนี้ แสดงดังภาพที่ 4.14 พบว่า ค่า validation accuracy ของการเทรนสูงสุดอยู่ที่ 76.20% จากรอบการเทรนข้อมูลครั้งที่ 8 (Epoch = 8) และจากผลการทดสอบการทำนายชนิดของจุลินทรีย์จากภาพตัวอย่างที่กำหนดพบว่า คอมพิวเตอรืสามารถระบุชนิดของ *L. delbrueckii* ได้ 100% accuracy ดังภาพที่ 4.15 แต่กรณีภาพตัวอย่างของ *L. casei* คอมพิวเตอรืทำนายเป็น *L. delbrueckii* ที่ 48.05% accuracy ดังภาพที่ 4.16 ยังคงมีความผิดพลาดในการระบุชนิดของแบคทีเรียอยู่ ซึ่งสังเกตจากภาพจะพบว่าการจัดเรียงตัวของเซลล์ *L. casei* มีลักษณะเป็นเส้น ซึ่งมีความคล้ายคลึงกับ *L. delbrueckii* จึงอาจส่งผลให้คอมพิวเตอรืเกิดความผิดพลาดในการทำนายชนิดของ *L. casei* อีกทั้งอาจเกิดจากคุณภาพของภาพที่ใช้คือความละเอียดมาตรฐาน มีความคมชัดของภาพยังไม่เพียงพอ ส่งผลให้คอมพิวเตอรืทำนายและระบุชนิดของภาพตัวอย่างผิดพลาด



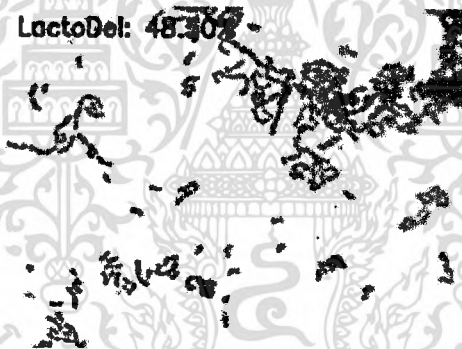
ภาพที่ 4.14 ผลการเทรนคอมพิวเตอรืโดยใช้ข้อมูลภาพของ *S. aureus*, *L. delbrueckii*, *L. casei*



ภาพที่ 4.15 ผลการทำนายจากการเทรนข้อมูลภาพจุลินทรีย์ 3 ชนิด โดยใช้ภาพตัวอย่างของ

Lactobacillus delbrueckii

LactoDel: 48.30%



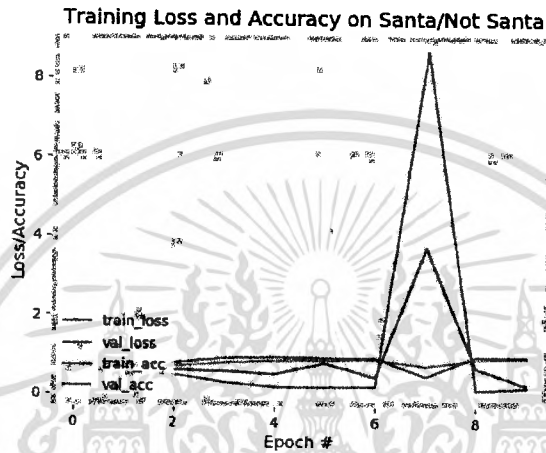
ภาพที่ 4.16 ผลการทำนายจากการเทรนข้อมูลภาพจุลินทรีย์ 3 ชนิด โดยใช้ภาพตัวอย่างของ

Lactobacillus casei

4.2.2.2 *Staphylococcus aureus*, *Lactobacillus delbrueckii*, *Micrococcus* spp.

ผลการเทรนคอมพิวเตอร์ด้วยชุดภาพของจุลินทรีย์ 3 ชนิดนี้ แสดงดังภาพที่ 4.17 พบว่า ค่า validation accuracy ของการเทรนสูงสุดอยู่ที่ 96.85% จากรอบการเทรนข้อมูลครั้งที่ 9 (Epoch = 9) และจากผลการทดสอบการทำนายชนิดของจุลินทรีย์จากภาพตัวอย่างที่กำหนดพบว่า คอมพิวเตอร์สามารถระบุชนิดของ *L. delbrueckii* ได้ 99.54% accuracy ดังภาพที่ 4.18 ระบุภาพของ *S. aureus* ได้ถูกต้องที่ 73.23%

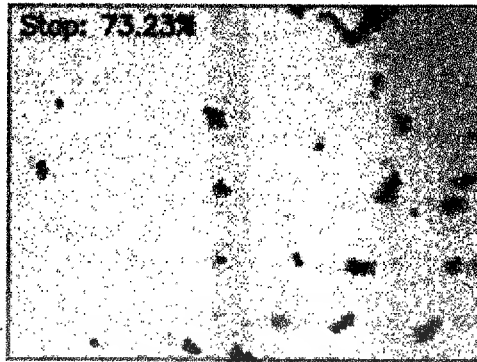
accuracy ดังภาพที่ 4.19 และ 91.03% accuracy จากการระบุชนิดภาพของ *Micrococcus* spp. ดังภาพที่ 4.20 ซึ่งคอมพิวเตอร์สามารถทำนายชนิดของแบคทีเรียจากภาพตัวอย่างได้ถูกต้องทุกภาพ จากการวิเคราะห์ผลการทดลองพบว่า เนื่องจากข้อมูลภาพที่ใช้ในการเทรนมีความคมชัด จึงส่งผลให้ประสิทธิภาพในการเทรนของคอมพิวเตอร์มีเพิ่มมากขึ้น



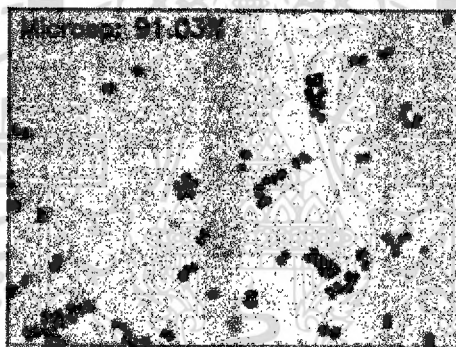
ภาพที่ 4.17 ผลการเทรนคอมพิวเตอร์โดยใช้ข้อมูลภาพของ *S. aureus*, *L. delbrueckii*, *Micrococcus* spp.



ภาพที่ 4.18 ผลการทำนายจากการเทรนข้อมูลภาพจุลินทรีย์ 3 ชนิด โดยใช้ภาพตัวอย่างของ *Lactobacillus delbrueckii*



ภาพที่ 4.19 ผลการทำนายจากการเทรนข้อมูลภาพจุลินทรีย์ 3 ชนิด โดยใช้ภาพตัวอย่างของ
Staphylococcus aureus

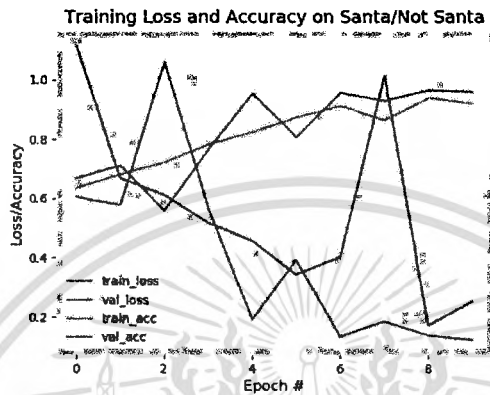


ภาพที่ 4.20 ผลการทำนายจากการเทรนข้อมูลภาพจุลินทรีย์ 3 ชนิด โดยใช้ภาพตัวอย่างของ
Micrococcus spp.

4.2.2.3 *Staphylococcus aureus*, *Lactobacillus delbrueckii*, *Candida albicans*

ผลการเทรนคอมพิวเตอร์ด้วยชุดภาพของจุลินทรีย์ 3 ชนิดนี้ แสดงดังภาพที่ 4.21 พบว่า ค่า validation accuracy ของการเทรนมีค่าเพิ่มขึ้นเรื่อยๆ ตามจำนวนรอบการเทรน และพบว่าสูงสุดอยู่ที่ 96.40% จากรอบการเทรนข้อมูลครั้งที่ 9 (Epoch = 9) และจากผลการทดสอบการทำนายชนิดของจุลินทรีย์ จากภาพตัวอย่างที่กำหนดพบว่า คอมพิวเตอร์สามารถระบุชนิดของ *L. delbrueckii* ได้ 100% accuracy ดังภาพที่ 4.22 ระบุภาพของ *S. aureus* ได้ถูกต้องที่ 81.61% accuracy ดังภาพที่ 4.23 และ 99.93% accuracy จากการ

ระบุชนิดภาพของ *Candica albicans* ดังภาพที่ 4.24 ซึ่งคอมพิวเตอร์สามารถทำนายชนิดของแบคทีเรียและยีสต์จากภาพตัวอย่าง ได้ถูกต้องทุกภาพ จากการวิเคราะห์ผลการทดลองพบว่า เนื่องจากข้อมูลภาพที่ใช้ในการเทรนมีความคมชัด จึงส่งผลให้ประสิทธิภาพในการเทรนของคอมพิวเตอร์มีเพิ่มมากขึ้น



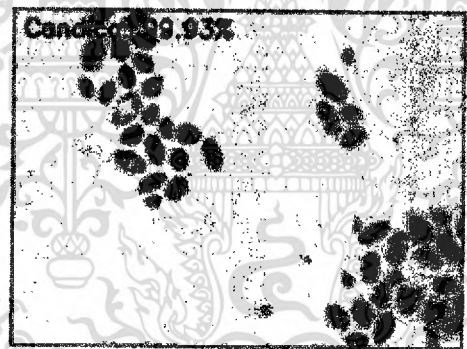
ภาพที่ 4.21 ผลการเทรนคอมพิวเตอร์โดยใช้ข้อมูลภาพของ *S. aureus*, *L. delbrueckii*, *Candica albicans*



ภาพที่ 4.22 ผลการทำนายจากการเทรนข้อมูลภาพจุลินทรีย์ 3 ชนิด โดยใช้ภาพตัวอย่างของ *Lactobacillus delbrueckii*



ภาพที่ 4.23 ผลการทำนายจากการเทรนข้อมูลภาพจุลินทรีย์ 3 ชนิด โดยใช้ภาพตัวอย่างของ *Staphylococcus aureus*

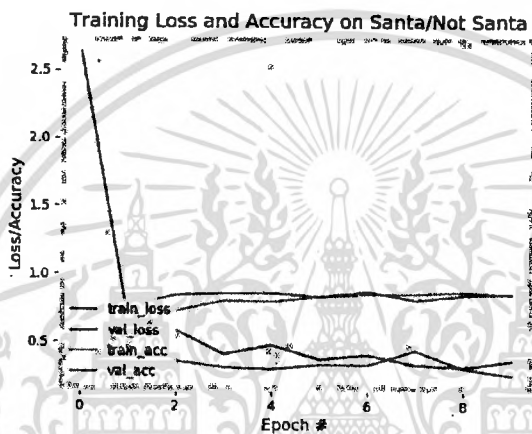


ภาพที่ 4.24 ผลการทำนายจากการเทรนข้อมูลภาพจุลินทรีย์ 3 ชนิด โดยใช้ภาพตัวอย่างของ *Candida albicans*

4.2.2.4 *Staphylococcus aureus*, *Lactobacillus delbrueckii*, *Escherichia coli*

ผลการเทรนคอมพิวเตอร์ด้วยชุดภาพของจุลินทรีย์ 3 ชนิดนี้ แสดงดังภาพที่ 4.25 พบว่า ค่า validation accuracy ของการเทรนมีค่าเพิ่มขึ้นเรื่อยๆ ตามจำนวนรอบการเทรน และพบว่าสูงสุดอยู่ที่ 86.89% จากรอบการเทรนข้อมูลครั้งที่ 7 (Epoch = 7) และจากผลการทดสอบการทำนายชนิดของจุลินทรีย์ จากภาพตัวอย่างที่กำหนดพบว่า คอมพิวเตอร์สามารถระบุชนิดของ *L. delbrueckii* ได้ 100% accuracy ดังภาพ

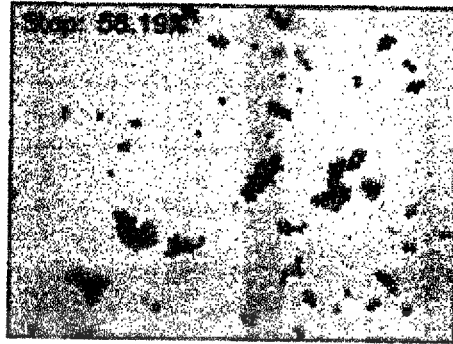
ที่ 4.26 ระบุภาพของ *S. aureus* ใ้ถูกต้องที่ 58.19% accuracy ดังภาพที่ 4.27 และ 62.58% accuracy จากการระบุชนิดภาพของ *E. coli* ดังภาพที่ 4.28 พบว่ายังคงมีความผิดพลาดในการระบุชนิดของแบคทีเรีย *E. coli* อยู่ ซึ่งสังเกตจากผลการประมวลภาพตัวอย่างของ *E. coli* คอมพิวเตอร์ระบุเป็น *S. aureus* โดยเมื่อพิจารณาจากภาพเซลล์ *E. coli* จะพบว่าคุณภาพความคมชัดของภาพอาจยังไม่เพียงพอ ส่งผลให้เกิดความผิดพลาดในการทำนายและระบุชนิดของภาพตัวอย่าง



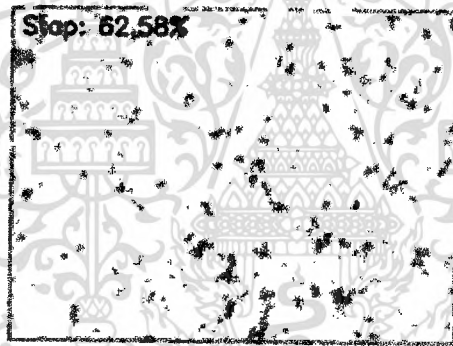
ภาพที่ 4.25 ผลการเทรนคอมพิวเตอร์ โดยใช้ข้อมูลภาพของ *S. aureus*, *L. delbrueckii*, *E. coli*



ภาพที่ 4.26 ผลการทำนายจากการเทรนข้อมูลภาพจุลินทรีย์ 3 ชนิด โดยใช้ภาพตัวอย่างของ *Lactobacillus delbrueckii*



ภาพที่ 4.27 ผลการทำนายจากการเทรนข้อมูลภาพจุลินทรีย์ 3 ชนิด โดยใช้ภาพตัวอย่างของ
Staphylococcus aureus

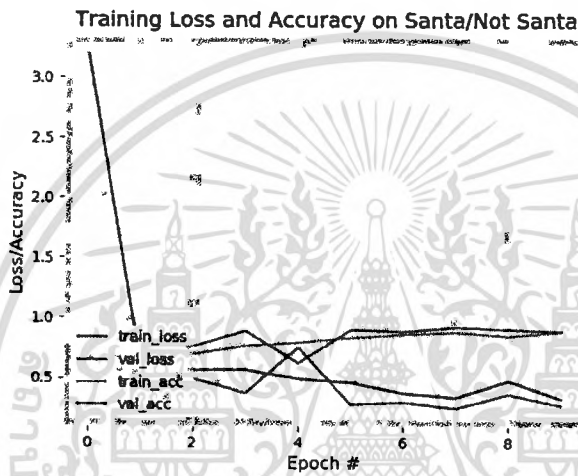


ภาพที่ 4.28 ผลการทำนายจากการเทรนข้อมูลภาพจุลินทรีย์ 3 ชนิด โดยใช้ภาพตัวอย่างของ
Escherichia coli

4.2.2.5 *Staphylococcus aureus*, *Lactobacillus delbrueckii*, *Streptococcus thermophilus*

ผลการเทรนคอมพิวเตอร์ด้วยชุดภาพของจุลินทรีย์ 3 ชนิดนี้ แสดงดังภาพที่ 4.29 พบว่า ค่า validation accuracy ของการเทรนมีค่าเพิ่มขึ้นเรื่อยๆ ตามจำนวนรอบการเทรน และพบว่าสูงสุดอยู่ที่ 92.24% จากรอบการเทรนข้อมูลครั้งที่ 8 (Epoch = 8) และจากผลการทดสอบการทำนายชนิดของจุลินทรีย์ จากภาพตัวอย่างที่กำหนดพบว่า คอมพิวเตอร์สามารถระบุชนิดของ *L. delbrueckii* ได้ 100% accuracy ดังภาพที่ 4.30 ระบุภาพของ *S. aureus* ที่ 38.12% accuracy แต่คอมพิวเตอร์ทำนายว่าเป็น *L. delbrueckii* ดังภาพที่

4.31 และ 96.44% accuracy จากการระบุชนิดภาพของ *S. thermophilus* ดังภาพที่ 4.32 ซึ่งคอมพิวเตอร์ทำนายว่าเป็น *L. delbrueckii* เช่นเดียวกัน แสดงให้เห็นว่าการใช้คำสั่งเพื่อเทรนคอมพิวเตอร์ยังมีข้อจำกัด ส่งผลให้เกิดความผิดพลาดในการระบุชนิดของแบคทีเรียอยู่ โดยสังเกตจากภาพเซลล์ของ *S. thermophilus* จะพบว่า มีลักษณะเซลล์เป็นทรงกลม และการจัดเรียงตัวของเซลล์มีลักษณะเป็นเส้น ซึ่งมีความคล้ายคลึงกับ *L. delbrueckii* จึงอาจส่งผลให้คอมพิวเตอร์เกิดความผิดพลาดในการทำนายชนิดของ *S. thermophilus* ได้



ภาพที่ 4.29 ผลการเทรนคอมพิวเตอร์โดยใช้ข้อมูลภาพของ *S. aureus*, *L. delbrueckii*, *S. thermophilus*



ภาพที่ 4.30 ผลการทำนายจากการเทรนข้อมูลภาพจุลทรรศน์ 3 ชนิด โดยใช้ภาพตัวอย่างของ *Lactobacillus delbrueckii*



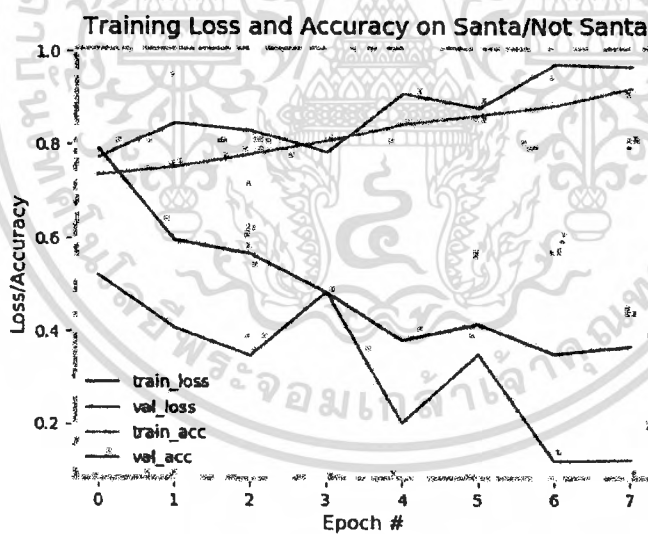
ภาพที่ 4.31 ผลการทำนายจากการเทรนข้อมูลภาพจุลทรรศน์ 3 ชนิด โดยใช้ภาพตัวอย่างของ *Staphylococcus aureus*



ภาพที่ 4.32 ผลการทำนายจากการเทรนข้อมูลภาพจุลทรรศน์ 3 ชนิด โดยใช้ภาพตัวอย่างของ *Streptococcus thermophilus*

4.2.3 ผลการเทรนคอมพิวเทอร์ด้วยชุดภาพถ่ายจุลินทรีย์ 4 ชนิด

จากผลการเทรนของคอมพิวเทอร์ด้วยชุดข้อมูลภาพของจุลินทรีย์ครั้งละ 3 ชนิดข้างต้น พบว่าคอมพิวเทอร์สามารถทำนายและระบุภาพของ *Lactobacillus delbrueckii*, *Staphylococcus aureus*, *Micrococcus* spp และ *Candida albicans* ได้ถูกต้องแม่นยำที่สุดเมื่อเทียบกับอีก 3 ชนิดที่เหลือ นั่นคือ *Lactobacillus casei*, *Escherichia coli* และ *Streptococcus thermophilus* ดังนั้นผู้วิจัยจึงเทรนคอมพิวเทอร์ด้วยชุดข้อมูลภาพของจุลินทรีย์ 4 ชนิดข้างต้นที่คอมพิวเทอร์สามารถทำนายและระบุชนิดได้ถูกต้องแม่นยำที่สุด โดยใช้ชุดคำสั่งเดียวกัน และจำนวนการเทรน 8 ครั้ง (Epoch = 8) พบว่าค่า validation accuracy ของมีค่าเพิ่มขึ้นเรื่อยๆ ตามจำนวนรอบการเทรน และพบว่าสูงสุดอยู่ที่ 97.19% จากรอบการเทรนข้อมูลครั้งที่ 7 (Epoch = 7) ดังภาพที่ 4.33 และจากผลการทดสอบการทำนายชนิดของจุลินทรีย์จากภาพตัวอย่างที่กำหนด พบว่า คอมพิวเทอร์สามารถระบุชนิดของ *L. delbrueckii* ได้ 100% accuracy ดังภาพที่ 4.34 ระบุภาพของ *S. aureus* ได้ถูกต้องที่ 63.72% accuracy ดังภาพที่ 4.35 ระบุภาพของ *Micrococcus* spp. ได้ถูกต้อง 100% accuracy ดังภาพที่ 4.36 และระบุภาพของ *Candida albicans* ได้ถูกต้อง 98.90% accuracy ดังภาพที่ 4.37



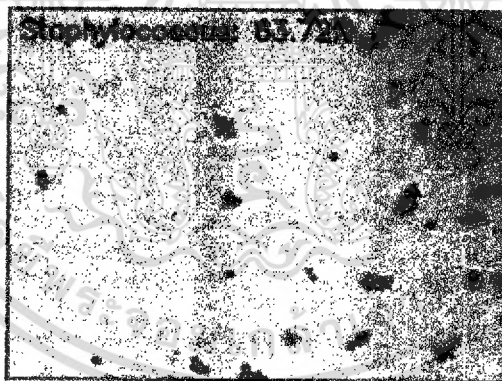
ภาพที่ 4.33 ผลการเทรนคอมพิวเทอร์ โดยใช้ข้อมูลภาพของ *S. aureus*, *L. delbrueckii*, *Micrococcus* spp., *Candida albicans*

LactobacillusDel: 100.00%



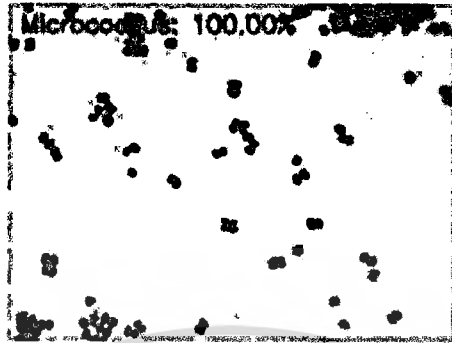
ภาพที่ 4.34 ผลการทำนายจากการเทรนข้อมูลภาพจุลทรรศน์ 4 ชนิด โดยใช้ภาพตัวอย่างของ

Lactobacillus delbrueckii



ภาพที่ 4.35 ผลการทำนายจากการเทรนข้อมูลภาพจุลทรรศน์ 4 ชนิด โดยใช้ภาพตัวอย่างของ

Staphylococcus aureus



ภาพที่ 4.36 ผลการทำนายจากการเทรนข้อมูลภาพจุลทรรศน์ 4 ชนิด โดยใช้ภาพตัวอย่างของ
Micrococcus spp.



ภาพที่ 4.37 ผลการทำนายจากการเทรนข้อมูลภาพจุลทรรศน์ 4 ชนิด โดยใช้ภาพตัวอย่างของ
Candida albicans

บทที่ 5

สรุปผลการวิจัยและข้อเสนอแนะ

5.1 สรุปผลการวิจัย

จากผลการเทรนคอมพิวเตอร์ด้วยชุดคำสั่งภาษา Python ร่วมกับ The Keras API with TensorFlow Machine Learning framework เพื่อศึกษาความเป็นไปได้ในการทำนายและระบุชนิดภาพของจุลินทรีย์ของคอมพิวเตอร์จากการใช้ข้อมูลภาพของเชื้อจุลินทรีย์ทั้งหมด 7 ชนิด พบว่าคอมพิวเตอร์สามารถเรียนรู้และทำนายชนิดของเชื้อจุลินทรีย์ได้อย่างถูกต้องทั้งหมด 4 ชนิด โดยจุลินทรีย์แต่ละชนิดมีลักษณะรูปร่าง ขนาด และการจัดเรียงแตกต่างกันอย่างชัดเจน นั่นคือ *L. delbrueckii* มีลักษณะเซลล์รูปท่อน การจัดเรียงตัวเป็นเส้น *S. aureus* มีลักษณะเซลล์รูปรางกลม การจัดเรียงตัวเป็นลักษณะเกาะกลุ่มกันคล้ายพวงอุ้ง *Micrococcus* spp. มีลักษณะเซลล์รูปรางกลม การจัดเรียงตัวแบบกลุ่มสี่เซลล์เรียงกัน (tetrad) และ *Candida albicans* จัดอยู่ในประเภทยีสต์ ซึ่งมีเซลล์ขนาดใหญ่กว่าแบคทีเรีย และมีลักษณะเป็นเซลล์แยกโคคโคเดี่ยว เนื่องจากการแบ่งตัวแบบ budding ค่า validation accuracy ของการเรียนรู้ของคอมพิวเตอร์จากการใช้ชุดข้อมูลภาพของจุลินทรีย์ทั้ง 3 และ 4 ชนิดในการเทรนแต่ละครั้งมีแนวโน้มเพื่อสูงขึ้นตามจำนวนรอบของการเทรน (Epoch) โดยพบว่าคอมพิวเตอร์สามารถเรียนรู้ได้ดีที่สุดหรือค่า validation accuracy มีค่ามากกว่า 80% ที่รอบการเทรนที่ 7-9 จากการเทรน 10 ครั้ง (Epoch = 10) อีกทั้งจากผลการทดสอบความสามารถในการทำนายและระบุชนิดของเชื้อจุลินทรีย์จากภาพตัวอย่าง พบว่าคอมพิวเตอร์สามารถแสดงผลจากการทำนายและระบุชนิดของเชื้อจุลินทรีย์ทั้ง 4 ประเภทข้างต้นได้อย่างถูกต้องแม่นยำ โดยมีค่า accuracy มากกว่า 80%

5.2 ข้อเสนอแนะ

อย่างไรก็ตาม จากการทดสอบผลการเทรนของคอมพิวเตอร์ด้วยภาพตัวอย่างเชื้อจุลินทรีย์พบว่าคอมพิวเตอร์ยังไม่สามารถระบุชนิดของเชื้อจุลินทรีย์อีก 3 ชนิด คือ *Lactobacillus casei*, *Streptococcus thermophilus* และ *Escherichia coli* ได้อย่างถูกต้อง ซึ่งสาเหตุอาจเกิดจากชุดข้อมูลภาพที่ใช้ในการเทรนของเชื้อจุลินทรีย์ทั้ง 3 ชนิดนี้ มีความละเอียด คมชัด ไม่มากพอที่จะทำให้คอมพิวเตอร์สามารถเรียนรู้ลักษณะของเซลล์และการจัดเรียงตัวที่ชัดเจน ดังนั้น จึงควรเก็บข้อมูลภาพเซลล์ให้มีจำนวนมากขึ้น รวมทั้งควรเปลี่ยนเลนส์กล้องจุลทรรศน์ที่ใช้ให้มีกำลังขยายที่สูงขึ้น โดยเฉพาะเลนส์วัตถุ

บทที่ 6
สรุปผลผลิตงานวิจัย

6.1 รายชื่อและรายละเอียดผลผลิตงานวิจัยที่ผลิตได้

The 34th International Technical Conference on Circuits/Systems, Computers and Communications (ITC-CSCC), Republic of Korea, June 23-26, 2019 สำหรับหลักฐานการเข้าร่วมนำเสนอผลงาน ประกอบด้วย Program schedule และ Paper แสดงอยู่ในภาคผนวก ก



เอกสารอ้างอิง

- [1] ผศ. ดร. นันทรี ชัยชนะวงศาโรจน์, การตรวจวินิจฉัยทางห้องปฏิบัติการจุลชีววิทยาคลินิก, พิมพ์ครั้งที่ 2 2560, โรงพิมพ์แห่งจุฬาลงกรณ์มหาวิทยาลัย
- [2] คณาจารย์ภาควิชาชีวเคมี คณะวิทยาศาสตร์ จุฬาลงกรณ์มหาวิทยาลัย, ตำราปฏิบัติการชีวเคมีเบื้องต้น, พิมพ์ครั้งที่ 6 2556, โรงพิมพ์แห่งจุฬาลงกรณ์มหาวิทยาลัย
- [3] Smeulders, A. W., Worring, M., Santini, S., Gupta, A., and Jain, R. Content-based image retrieval at the end of the early years. *IEEE Trans. Pattern Analysis and Machine Intelligence*, 2000, 22, 12, 1349–1380.
- [4] Tao, Y. and Grosky, W.I. "Delaunay Triangulation for Image Object Indexing: A Novel Method for Shape Representation" in *Proceedings of IS&T/SPIE's Symposium on Storage and Retrieval for Image and Video Databases VII*, 1999, pp. 631-642.
- [5] Written, I. H., T. C. Bell, H. Emberson, S. Inglis, and A. Moffat. Textual image compression: Two-stage lossy/lossless encoding of textual images, *Proc. IEEE*, 1994, 82(6):878-888.
- [6] Stricker, M., Dinmai, A. Color Indexing with Weak Spatial Constraints, *Pros. of the SPIE*, 1996, 2670:29-40.
- [7] Greg Pass and Ramin Zabih. Histogram refinement for content-based image retrieval. In *IEEE Workshop on application of computer vision*, 1996, pp. 96-102.
- [8] Huang, J., et al. Image indexing using color correlogram, *CVPR*, 1997, 762-768.
- [9] D. H. Ballard. Generalizing the hough transform to detect arbitrary shapes. *Pattern Recognition*, 1980, 13(2). pp. 111-122.
- [10] Bartosz Zielinski, Anna Plichta, et al., Deep learning approach to bacterial colony classification, *Plos one*, 2017; 12(9).
- [11] Kitaek Lim, Soo Hyun Park, et al., Cell image processing methods for automatic cell pattern recognition and morphological analysis of mesenchymal stem cells – An algorithm for cell classification and adaptive brightness correction, *J. of Biosystems Eng*, 2013; 38(1):55-63.
- [12] Lior Shamir, John D. Delaney, et al., Pattern recognition software and techniques for biological image analysis, *Plos computational biology*, 2010; 6(11).

[13] P.S. Hiremath, Parashuram Bannigidad, Automatic identification and classification of Bacilli bacterial cell growth phases, IJCA Special Issue on “Recent Trends in Image processing and Pattern Recognition”, 2010



ภาคผนวก

ภาคผนวก ก

เอกสารการนำเสนอผลงาน

- Program schedule ของการนำเสนอผลงานวิจัยใน International Conference ITC-CSCC ครั้งที่ 34
- เอกสารที่ได้รับการตีพิมพ์เผยแพร่ (Paper) ในงาน International Conference ITC-CSCC ครั้งที่ 34



ITC-CSCC 2019

The 34th International Technical Conference on Circuits/
Systems, Computers and Communications

June 23 - 26, 2019 / Jeju Shinhwa World, Republic of Korea

Welcome to ITC-CSCC

The 34th International Technical Conference on Circuits/Systems, Computers and Communications (ITC-CSCC 2019) will be held on June 23-26 at Jeju Shinhwa World, Republic of Korea.

Topics

The conference is open to researchers from all regions of the world. Participation from Asia Pacific region is particularly encouraged. Proposals for special sessions are welcome. Papers with original works in all aspects of Circuits/Systems, Computers and Communications are invited. Topics include, but not limited to, the followings:

• Circuits & Systems

- Computer Aided Design
- Analog Circuits
- Data Converters
- Semiconductor Devices & Technology
- Sensors & Interfaces

- Power Electronics
- RF Circuits & Wireless Systems
- Bio Medical Electronics
- Digital Circuits

- Intelligent Transportation Systems & Technology
- Digital Architecture and System
- Neural Networks
- Verification & Testing

• Computers

- Artificial Intelligence
- Internet Technology & Applications
- Multimedia Service & Technology
- Face Detection & Recognition
- Watermarking

- Image Processing
- Computer Systems & Applications
- Computer Vision
- Security

- Biocomputing
- Motion Analysis
- Object Extraction

• Communications

- Antenna & Wave Propagation
- Audio / Speech Signal Processing
- Circuits & Components for Communications
- IP Networks & QoS
- Ubiquitous Networks
- Visual Communications

- Network Management & Design
- Optical Communications & Components
- Radar / Remote Sensing
- Communication Signal Processing
- Multimedia Communications
- Future Internet Architectures

- MIMO & Space-Time Codes
- UWB - Mobile & Wireless Communications

PROCEEDINGS

All registered participants are provided with conference proceedings. The authors (or their institute) are requested to pay the publication charge when their paper is accepted. Authors of the accepted papers are encouraged to submit full-length manuscripts to IJEE Journal of Semiconductor Technology and Science, IBCE Transactions on Fundamentals of Electronics, Communications and Computer Sciences or ECTI Transactions on Computer and Information Technology. Papers passed through the standard editing procedures of the IJEE JSTS, IEICE Transactions on Fundamentals or ECTI-CIT will be published in regular issues.

SUBMISSION OF PAPERS

Prospective authors are invited to submit original papers (1~4 pages) of either MS Word or PDF format written in English. Paper submission procedures are available at www.itc-csc2019.org

AUTHOR'S SCHEDULE

- Submission of Paper : March 22, 2019
- Notification of Acceptance : April 19, 2019
- Submission of Final Paper : May 10, 2019

Hosted by

The Institute of Electronics and Information Engineers (IEIE), Korea
The Institute of Electronics, Information and Communication Engineers (IEICE), Japan
The Electrical Engineering/Electronics, Computer, Telecommunications and Information Association (ECTI), Thailand

Contact Point

- E-mail : inter@theiee.org
- Phone : +82-2-553-0255(Ext. 4)
- www.itc-csc2019.org



Time Table

Sunday, June 23, 2019

15:00-17:00	Registration
18:00-19:30	Welcome Reception (LANDING BALLROOM - C)

Monday, June 24, 2019

Room	HALLA Room A	HALLA Room B	HALLA Room C	Yeongsil Room	Eorimok Room	Poster Session (Lobby)
Time						
08:30-16:00	Registration					
09:00-10:15	SS-01 Standardization of Technologies for Semiconductor Devices	OS-01 Artificial Intelligence I	OS-02 Circuits & Components for Communications / Optical Communications & Components	OS-03 Computer Systems & Applications I	OS-04 Security I	
10:15-10:30	Coffee Break					
10:30-10:50	Opening Ceremony (LANDING BALLROOM A+B)					
10:50-11:35	Plenary Talk 1 (LANDING BALLROOM A+B)					
11:35-12:20	Plenary Talk 2 (LANDING BALLROOM A+B)					
12:20-14:00	Lunch (LANDING BALLROOM - C)					
14:00-15:30	Tutorial 1	OS-05 Artificial Intelligence II	OS-06 Analog Circuits I	OS-07 Computer Systems & Applications II	OS-08 Security II	Poster Session 1
15:30-15:50	Coffee Break					
15:50-17:20	Tutorial 2	OS-09 Image Processing / Image Coding & Analysis I	OS-10 Analog Circuits II	OS-11 Computer Systems & Applications III	SS-02 Emerging Technologies in IoT	Poster Session 2

Tuesday, June 25, 2019

Room	HALLA Room A	HALLA Room B	HALLA Room C	Yeongsil Room	Eorimok Room	Poster Session (Lobby)
Time						
09:00-16:00	Registration					
10:00-12:00	OS-12 Artificial Intelligence III	OS-13 Intelligent Transportation Systems & Technology / Linear, Nonlinear Systems	OS-14 Modern Control / Neural Networks	OS-15 Recent Researches in IoT, Ad-hoc, Sensor Networks	OS-16 Power Electronics & Circuits / Semiconductor Devices & Technology I	Poster Session 3
12:00-13:30	Lunch (LANDING BALLROOM - C)					
13:30-15:00	Tutorial 3	OS-17 Audio and Speech Signal Processing	OS-18 Communication Signal Processing I	OS-19 Computer Vision I	OS-20 Power Electronics & Circuits / Semiconductor Devices & Technology II	Poster Session 4
15:00-15:20	Coffee Break					
15:20-17:00	OS-21 Artificial Intelligence IV	OS-22 Advanced System Analysis & Evaluation	OS-23 Communication Signal Processing II	OS-24 Computer Vision II	OS-25 Emerging Issues on Circuits & Devices	Poster Session 5
18:00-	Banquet (LANDING BALLROOM)					

- Multi-Input-Multi-Output Interface Video Retrieval Method 175
 Shun Mitsui and Shigeo Wada
Tokyo Denki University, Japan
- State and Transition Estimation of Traffic Light Motion Picture 179
 Arika Watanabe and Shigeo Wada
Tokyo Denki University, Japan
- High-Accuracy Distance and Gaze Estimation Method Using Facial Images 183
 Yuta Akimoto and Shigeo Wada
Tokyo Denki University, Japan
- Improvement of Cross Component Prediction by Multiple Liner Prediction for HEVC 187
 Fumiya Kitawaki¹, Tian Song¹, Takafumi Katayama¹, Xiantao Jiang², and Takashi Shimamoto¹
¹The University of Tokushima, Japan, ²Shanghai Maritime University, China
- Ultra-High Resolution Video Distributed Transcoding System Using Memory-based High-speed Data Distribution Method 191
 Jingang Huh, Yong-Hwan Kim, and Jinwoo Jeong
Korea Electronics Technology Institute (KETI), Korea
- Bacteria Classification using Image Processing and Deep learning 195
 Treesukon Treebupachatsakul¹ and Suvit Poomrittigul²
¹King Mongkut's Institute of Technology Ladkrabang, Thailand, ²Pathumwan Institute of Technology, Thailand

- A Design of Small Area Vernier Based TDC with 10 ps resolution for Phase Difference Detection in ADPLL Application 199
 Muhammad Basim, Khuram Shehzad, Arash Hejazi, Deeksha Verma, Muhammad Asif, Qurat ul Ain, Imran Ali, and Kang-Yoon Lee
Sungkyunkwan University, Korea
- A 2nd Order Discrete-Time Sigma-Delta ADC with Configurable Decimation for Sensor Applications 201
 Khuram Shehzad, Deeksha Verma, Muhammad Riaz Ur Rehman, Muhammad Basim, Sung- Jin Kim, and Kang-Yoon Lee
Sungkyunkwan University, Korea

Bacteria Classification using Image Processing and Deep learning

Treesukon Treebupachatsakul¹, Suvit Poomrittigul²

¹ Department of Biomedical Engineering, King Mongkut's Institute of Technology
Ladkrabang, Thailand

² Department of Software Engineering and Information System, Pathumwan Institute of
Technology, Thailand

E-mail:¹ treesukon.tr@kmitl.ac.th, ² suvit@pit.ac.th

Abstract

An automizing process for bacteria recognition becomes attractive to reduce the analyzing time and increase the accuracy of diagnostic process. This research study possibility to use image classification and deep learning method for classify genera of bacteria. We propose the implementation method of bacteria recognition system using Python programming and the Keras API with TensorFlow Machine Learning framework. The implementation results have confirmed that bacteria images from microscope are able to recognize the genus of bacterium. The experimental results compare the deep learning methodology for accuracy in bacteria recognition standard resolution image use case. Proposed method can be applied the high-resolution datasets till standard resolution datasets for prediction bacteria type. However, this first study is limited to only two genera of bacteria.

Keywords: Bacteria recognition, Image processing, Deep learning, Image classification

1. Introduction

The recognition of various genera and species of bacteria is useful diagnostic process. The classic techniques of bacteria recognition mainly use biological techniques such as gram staining and identify from contained specific metabolism of bacteria. This classical recognition of bacteria species is based on comparative analysis of the obtained samples with referential ones (American Bank ATCC; <https://www.lgcstandards-atcc.org>). Consequently, these methods are time-consuming process and require an expert knowledge and experience of worker. Therefore, automatizing the process of bacteria recognition is attractive to reduce the analyzing time and increase the accuracy of worker [1, 2]. The most important features of bacteria that can be recognized on the images is the color of gram stained and the shape of its cell.

The purpose of this research is to study possibility to use image classification and deep learning method for classify bacteria species by distinguish two basic shapes of long-rod and spherical. For this report, we researched to find the methodology to use deep learning to classify the standard resolution bacteria image for further research in mobile application or tablet use case.

2. Method

2.1 Bacteria cultivation and photomicrography

Two species of bacteria were used in this research, *Staphylococcus aureus* TISTR 746 and *Lactobacillus delbrueckii* TISTR 1339. *S. aureus* TISTR 476 was cultivated in nutrient agar (NA) (0.5% peptone, 0.3% yeast extract, 0.5% NaCl, 1.5% agar) for 24 h at 30°C. While *L. delbrueckii* TISTR 1339 was cultivated in MRS agar (Himedia) for 24 h at 37°C. The cultivated *S. aureus* and *L. delbrueckii* were stained by Gram's method. The digital images of gram stained bacteria were taken with Optika B-292 Biological Microscope equipped with an Optikam B3, Italy. They were evaluated using a 100 times objective under oil-immersion. We prepare own dataset Digital images of both bacteria.

2.2 Deep Learning with Python Programming

Deep learning is a type of Machine Learning using deep layered structure Artificial Neural Network (ANN). In this paper, we propose deep learning methodology for bacteria images classification using Python programming included Keras API with TensorFlow Machine Learning framework. This paper implemented the LeNet Convolutional Neural Network (CNN) architecture using Python [3].

2.3 Training and Test Datasets

Two type of *S. aureus* dataset and *L. delbrueckii*, each has more than 400 sample images. Each dataset has been separated the training datasets and test datasets by percentage of 80 and 20, consequently.

2.4 Research Methodology

The aim of this study was to develop a system that can immediately and automatically identify and classify bacteria image in standard resolution for mobile and tablet use cases. To first observation, we try to use and prepare own datasets of bacteria in standard resolution for studying possibility to using deep learning for classify the bacteria images with practical LeNet CNN method.

3. Experimental results

Experimental results have shown that deep learning methodology can use to classification high-resolution bacteria images by existing research [4] and standard resolution bacteria images which prepare by authors as shown in Figure 1 and Figure 2

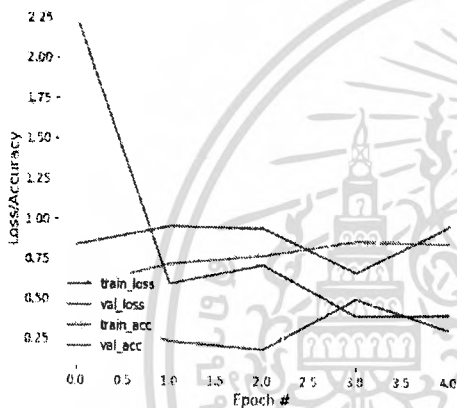


Figure 1 Training Loss and Accuracy existing research datasets

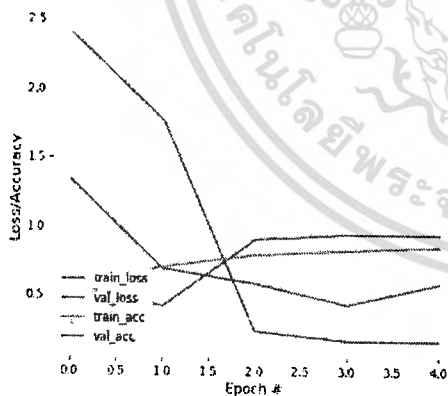
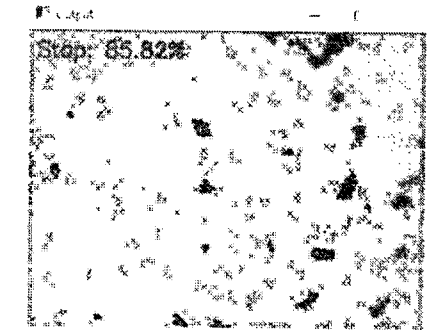
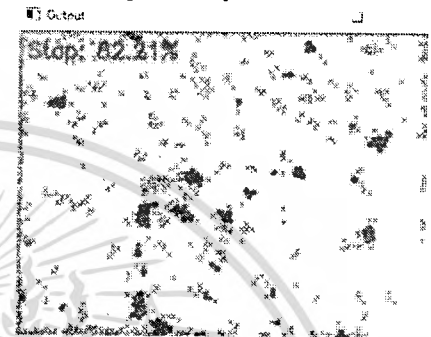


Figure 2 Training Loss and Accuracy own datasets

Figures 1 and 2, the results confirmed that the standard resolution bacteria images which prepare by authors could be used for training by supervised learning method with LeNET method.



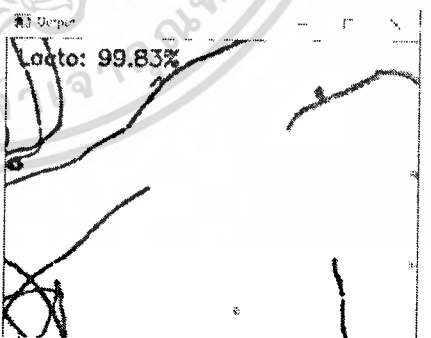
(a) *Staphylococcus* Correct Prediction with probability 85.82%



(b) *Staphylococcus* Correct Prediction with probability 82.21%



(c) *Lactobacillus* Correct Prediction with probability 100%



(d) *Lactobacillus* Correct Prediction with probability 99.83%

Figure 3 Experimental Results of bacteria detection output and the percentage of possibility bacteria prediction

Figure 3 (a) (b) (c) (d) show examples of bacteria detection output and the output can detect type of bacteria and inform the percentage of possibility bacteria prediction.

Figures 1-3, the results have confirmed that the training method Training accuracy and validation accuracy have reached more than 75 percent by more training times of 4 Epoch both of high-resolution and standard resolution bacteria image.

4. Comparison of Experimental Results and Discussion

Moreover, the trend of improvement for better accuracy could be investigated by implementing more numbers of Epoch and activation function variables choosing.

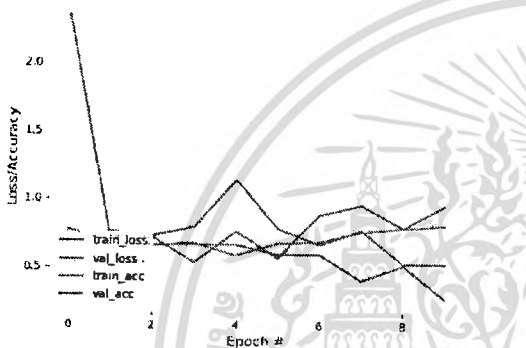


Figure 4 Training Loss and Accuracy in 10 Epochs with Sigmoid Activation Function

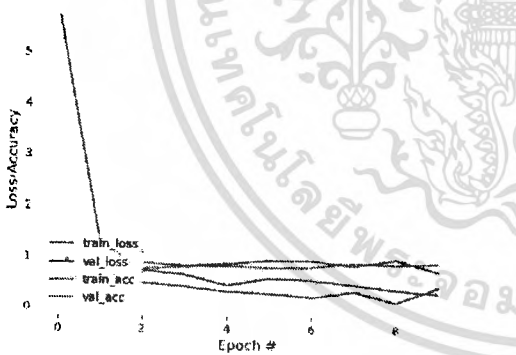


Figure 5 Training Loss and Accuracy in 10 Epochs with Softmax Activation Function

The results of Figures 4 and 5 confirmed that when applying more numbers of epochs, Training Loss and Accuracy would be better. Training Loss and Accuracy in 10 Epochs with Softmax Activation Function methodology is better than Sigmoid Activation Function, which reached 96% of validation accuracy.

5. Conclusion

The experimental results have confirmed that two species of bacteria in different cell shape, *Staphylococcus aureus* (spherical or round shaped) and *Lactobacillus delbrueckii* (long-rod shaped) are able to automatically predict using machine learning by image classification and deep learning method. The experimental results compare results using existing research dataset and own prepared dataset for accuracy in bacteria prediction use case. Training accuracy and validation accuracy has reached more than 75 percent by more training times of 4 Epochs both of high-resolution and standard resolution bacteria image.

Accordingly, this research also tries to modify LeNET methodology and observe the trend to make more training with greater number of Epochs. The results have confirmed that standard resolution bacteria images datasets could be improve more accuracy in future. It can be more apply another CNN methodology for comparison such as ResNET, AlexNET and etc.

However, this first study is limited to only two species of bacteria in different cell shape. We will propose more than two genera of bacteria and improve the accuracy for using with mobile and tablet use cases in future.

5. Acknowledgement

This research also was financial supported by KMITL Research and Innovation Service (KRIS).

References

- [1] K. Lim, S. Hyun Park, et al., Cell image processing methods for automatic cell pattern recognition and morphological analysis of mesenchymal stem cells – An algorithm for cell classification and adaptive brightness correction, *J. of Biosystems Eng*, 38(1), pp. 55-63 2013, February 2013.
- [2] L. Shamir, J. D. Delaney, et al., Pattern recognition software and techniques for biological image analysis, *Plos computational biology*, 6(11), November 2010.
- [3] Y. LeCun, L. Bottou, Y. Bengio, and P. Haffner. Gradient-based learning applied to document recognition. *Proceedings of the IEEE*, November 1998.
- [4] B. Zielinski, A. Plichta, et al., Deep learning approach to bacterial colony classification, *Plos one*, 12(9), September 2017.

ภาคผนวก

ภาคผนวก ข

สรุปค่าใช้จ่ายในการดำเนินโครงการวิจัย

- แบบรายงานการใช้จ่ายเงิน



แหล่งทุน: ทุนวิจัยเริ่มต้นสำหรับอาจารย์ใหม่ กองทุนวิจัยสถาบันเทคโนโลยีพระจอมเกล้าเจ้าคุณทหารลาดกระบัง
 ชื่อโครงการ : การจัดกลุ่มชนิดเซลล์แบคทีเรียด้วยวิธีการประมวลผลภาพ
 ชื่อหัวหน้าโครงการ: นางสาวตรีศุคนธ์ ตรีบุษชาติสกุล

ว/ด/ป	รายการ	เลขที่อ้างอิง	รายการรับ จ่าย			รายรับ	รายจ่าย					รวม รายจ่าย	
			รับ	จ่าย	คงเหลือ		ดอกเบี้ยรับ	งบบุคลากร	งบดำเนินงาน				งบลงทุน
									ค่าจ้างชั่วคราว	ค่าตอบแทน	ค่าใช้สอย		
1 มิ.ย. 61	งบประมาณที่ได้รับการอนุมัติ (ตามแผน)		100,000.00										
	จำนวนเงินที่ได้รับ (งวดที่ 1)		98,750.00										
	จำนวนเงินที่ได้รับ (งวดที่ 2)		1,250.00										
	จำนวนเงินที่ได้รับ (งวดที่ 3)												
	หัก ค่าใช้จ่าย (ครั้งที่ 1)												
	ค่าใช้จ่าย (ครั้งที่ 2)												
	ค่าใช้จ่าย (ครั้งที่ 3)												
	ค่าใช้จ่าย (ครั้งที่ 4)												
	งบประมาณคงเหลือ		100,000.00		100,000.00	0.00							
	รายละเอียดค่าใช้จ่าย												
ครั้งที่ 1		(เลขที่ใบเสร็จรับเงิน)											
	ครุภัณฑ์											75,000.00	75,000.00
27/8/2561	Lactobacillus selection broth	INV6102524										2,996.00	2,996.00
29/8/2561	Cuture media	QT2018080025										5,004.00	5,004.00
19/9/2561	ค่าสายพันธุ์จุลินทรีย์	TH6103920										3,902.00	3,902.00
29/9/2561	Anitech Plug H304 4 Way Brwon	01INS6109-11776										290.00	290.00
20/09/2561	อุปกรณ์ปฏิบัติการในห้องแลป เครื่องแก้ว	OSVS6109P01000710										119.00	119.00
30/10/2561	อุปกรณ์ปฏิบัติการในห้องแลป	OSVS6109P01001846										216.00	216.00
2/11/2561	ค่าสายพันธุ์จุลินทรีย์	TH6200380										3,902.00	3,902.00
7/11/2561	อุปกรณ์ปฏิบัติการในห้องแลป	S0000495795										371.00	371.00
12/11/2561	Culture media	INV2018110038										1,197.00	1,197.00
7/1/2562	อุปกรณ์ปฏิบัติการในห้องแลป	5049248762										108.00	108.00
7/1/2562	อุปกรณ์ปฏิบัติการในห้องแลป	7001191015648										139.00	139.00
11/1/2562	อุปกรณ์ปฏิบัติการในห้องแลป	OSVS6201P01000609										420.00	420.00
8/2/2562	เครื่องแก้ว	OSVS6202P02000574										145.00	145.00

แหล่งทุน: ทุนวิจัยเริ่มต้นสำหรับอาจารย์ใหม่ กองทุนวิจัยสถาบันเทคโนโลยีพระจอมเกล้าเจ้าคุณทหารลาดกระบัง
 ชื่อโครงการ : การจัดกลุ่มชนิดเซลล์แบบคทีเรียด้วยวิธีการประมวลผลภาพ
 ชื่อหัวหน้าโครงการ: นางสาวตรีศุคนธ์ ตรีบุษชาติสกุล

ว/ด/ป	รายการ	เลขที่อ้างอิง	รายการรับ - จ่าย			รายการรับ ตอกเบี้ยรับ	รายการจ่าย			รวม รายการจ่าย
			รับ	จ่าย	คงเหลือ		งบบุคลากร	งบดำเนินงาน	งบลงทุน	
8/2/2562	อุปกรณ์ปฏิบัติการในห้องแลป	5049251988								
20/2/2562	อุปกรณ์ปฏิบัติการในห้องแลป	CA2019020117						55.00		55.00
1/7/2562	อุปกรณ์ปฏิบัติการในห้องแลป	CA2019070008						520.00		520.00
7/8/2562	อุปกรณ์ปฏิบัติการในห้องแลป	IV1901010						626.00		626.00
	รวมครั้งที่ 1							4,288.77		4,288.77
								24,298.77	75,000.00	99,298.77

ลงชื่อหัวหน้าโครงการ *อ.ท.ศ.* วันที่ 13 ธ.ค. 62

หมายเหตุ: ให้แนบสำเนาสมุดบัญชีที่รับทุนมาพร้อมกับรายงานการเงินด้วยทุกครั้ง



ข้อมูลประวัติคณะผู้วิจัย

ประวัติส่วนตัว

ชื่อ-สกุล นางสาวตรีสุดนธ์ ศรีบุพชาติสกุล

ตำแหน่งปัจจุบัน อาจารย์

ประวัติการศึกษา

ชื่อปริญญา	สาขา	สถาบันที่จบ	ปีที่จบ
Doctor of Engineering	Integrated Bioscience and Technology	Nagaoka University of Technology, Japan	2015
Master of Engineering	Bioengineering	Nagaoka University of Technology, Japan	2011
Bachelor of Chemical Engineering	Chemical Engineering	Thammasat University, Thailand	2009

สาขาวิจัยที่มีความชำนาญพิเศษ (แตกต่างจากวุฒิการศึกษา)

การประยุกต์ใช้จุลินทรีย์และเอนไซม์ในการตรวจวิเคราะห์หรือปรับปรุงคุณภาพสิ่งแวดล้อม

รางวัลด้านวิชาการ/ด้านวิจัย/งานสร้างสรรค์ (ด้านศิลปะ หรืออื่นๆ) ที่ได้รับ

ปี พ.ศ.	ชื่อรางวัล	สถาบันที่ให้
2010	Best presentation award of the 4 th Thailand-Japan International Conference	The University of Tokyo

ทุนการศึกษาและทุนวิจัยที่เคยได้รับ

ปี พ.ศ.	ทุนการศึกษาและทุนวิจัย	สถาบันที่ให้
2010	Japan Student Services Organization (JASSO)	Japan Student Services Organization (JASSO)
2011-2015	Industry Academic and Government Cooperation Assistant in Nagaoka University of Technology	Nagaoka University of Technology

ผลงานวิจัย/งานสร้างสรรค์

ผลงานวิจัย/งานสร้างสรรค์ที่ตีพิมพ์เผยแพร่ (ระดับชาติและนานาชาติ)

1. Tracesukon Treebupachatsakul, Hikaru Nakazawa, Hideaki Shinbo, Hiroki Fujikawa, Asami Nagaiwa, Nobuhiro Ochiai, Takashi Kawaguchi, Mitsuru Nikaido, Kazuhide Totani, Koki Shioya, Yosuke Shida, Yasushi Morikawa, Wataru Ogasawara, Hirofumi Okada. Heterologously expressed *Aspergillus aculeatus* β -glucosidase in *Saccharomyces cerevisiae* is a cost-effective alternative to commercial supplementation of β -glucosidase in industrial ethanol production using *Trichoderma reesei* cellulases. J Biosci Bioeng. Received 18 December 2014, accepted 8 May 2015.
2. Treesukon Trcebupachatsakul, Koki Shioya, Hikaru Nakazawa, Takashi Kawaguchi, Yasushi Morikawa, Yosuke Shida, Wataru Ogasawara, Hirofumi Okada. Utilization of recombinant *Trichoderma reesei* expressing *Aspergillus aculeatus* β -glucosidase I (JN11) for a more economical production of ethanol from lignocellulosic biomass. J Biosci Bioeng. Received 13 February 2015, accepted 22 April 2015, published December 2015.

การเสนอผลงานวิชาการ

1. Treebupachatsakul, T., Okada H., Simultaneous saccharification and fermentation (SSF) by using *Trichoderma reesei* cellulases, The 24th Cellulase conference, Ibaraki prefecture, 2010
2. Treebupachatsakul, T., Okada H., Ethanol production of lignocellulosic biomass by *Trichoderma reesei* cellulase with the β -glucosidase expressed *Saccharomyces cerevisiae*, The 4th Thailand-Japan academic conference, the University of Tokyo, 2011
3. Treebupachatsakul, T., Okada H., Ethanol production of lignocellulosic biomass by *Trichoderma reesei* cellulase with the β -glucosidase expressed *Saccharomyces cerevisiae*, The 1st International GIGAKU Conference in Nagaoka, 2012
4. Treebupachatsakul, T., Okada H., The ethanol production of lignocellulosic biomass by *Trichoderma reesei* cellulose with *Saccharomyces cerevisiae* on SHF and SSF processes, The 2nd International GIGAKU Conference in Nagaoka, 2013
5. Treebupachatsakul, T., Okada H., Ethanol production by engineered *Saccharomyces cerevisiae* and *Trichoderma reesei* expressing β -glucosidase from converge-milling Japanese cedar, The 3rd International GIGAKU Conference in Nagaoka, 2014

6. Juhong, Aniwat, Treebupachatsakul, T., Pintavirooj, C., Smart eye-tracking system, IEEE 2018 International Workshop on Advanced Image Technology (IWAIT) - Chiang Mai, Thailand, 2018
7. Wanluk, N., Pintavirooj, C., Treebupachatsakul, T., Image Processing for X-ray Calibration Phantom, BMEiCON 2018, 11th Biomedical Engineering International Conference, Chaingmai, November 21-24, 2018.
8. P. Chanprakon, T. Sae-oung, P. Kannata-anan, T. Treebupachatsakul, and W. Piyawattanametha, An Ultra-violet sterilization robot for disinfection, The 5th International Conference on Engineering, Applied Sciences and Technology (ICEAST), Luang Prabang, Laos, July 2-5, 2019
9. T. Treebupachatsakul, S. Poomrittigul, Bacteria Classification using Image Processing and Deep learning, The 34th International Technical Conference on Circuits/Systems, Computers and Communications (ITC-CSCC), 2019



สำนักบริหารงานวิจัยและนวัตกรรมฯ
เลขที่ ๒๗๕ วันที่ 15/8/62
เวลา 15-๒๙ น.



บันทึกข้อความ

หน่วยงาน ภาควิชาวิศวกรรมชีวการแพทย์

ที่ - วันที่ 13 สิงหาคม 2562

เรื่อง ขอส่งรายงานวิจัยฉบับสมบูรณ์

เรียน ผู้ช่วยอธิการบดีฝ่ายวิจัย

ด้วยข้าพเจ้า นางสาวตรีสุคนธ์ ตรีบุปผชาติสกุล ภาควิชาวิศวกรรมชีวการแพทย์ สถาบันเทคโนโลยีพระจอมเกล้าเจ้าคุณทหารลาดกระบัง ได้รับการจัดสรรงบประมาณการวิจัย กองทุนวิจัยสถาบันเทคโนโลยีพระจอมเกล้าเจ้าคุณทหารลาดกระบัง ปีงบประมาณ 2561 เรื่อง การจัดกลุ่มชนิดเซลล์แบคทีเรียด้วยวิธีการประมวลผลภาพ โดยมีระยะเวลาการดำเนินการวิจัย ตั้งแต่วันที่ 1 มิถุนายน 2561 ถึง 31 สิงหาคม 2562

บัดนี้ข้าพเจ้าได้ดำเนินการวิจัยเสร็จสิ้นเป็นที่เรียบร้อยแล้วจึงขอส่งรายงานวิจัยฉบับสมบูรณ์ จำนวน 1 เล่ม พร้อมแผ่นบันทึกข้อมูล จำนวน 1 แผ่น ตามที่แนบมาทำยนี้

จึงเรียนมาเพื่อโปรดพิจารณา



(ดร. ตรีสุคนธ์ ตรีบุปผชาติสกุล)

หัวหน้าโครงการ



แบบรายงานผลผลิตโครงการวิจัย

สถาบันเทคโนโลยีพระจอมเกล้าเจ้าคุณทหารลาดกระบัง

สัญญาเลขที่ KREF186101

ชื่อโครงการ การจัดกลุ่มชนิดเซลล์แบบที่เรียด้วยวิธีการประมวลผลภาพ

(ภาษาไทย) นางสาวตรีสุคนธ์ ตรีบุปผชาติสกุล

(ภาษาอังกฤษ) Treesukon.Treebupachatsakul

หัวหน้าโครงการ นางสาวตรีสุคนธ์ ตรีบุปผชาติสกุล

หน่วยงานต้นสังกัด ภาควิชาวิศวกรรมชีวการแพทย์ คณะวิศวกรรมศาสตร์

งบประมาณการวิจัยที่ได้รับ 100,000 บาท ปีงบประมาณ 2561

แหล่งทุนที่ได้รับการจัดสรร

- เงินงบประมาณแผ่นดิน/งบบูรณาการวิจัยและนวัตกรรม
- เงินรายได้ (คณะ/วิทยาลัย/วิทยาเขต/สำนัก) กองทุนวิจัย สจล. อื่นๆ ระบุ

ความสอดคล้องกับกลุ่มวิจัยของ สจล.

- Biomedical Agriculture & Food Renewable Energy
- ICT Robotics & Automation ICT Smart City & IoT Battery & EV
- Creative Economy Materials Logistics

ผลสำเร็จที่ได้จากการวิจัย

ประเภทผลสำเร็จ	จำนวนผลสำเร็จ	รายละเอียด
<input type="checkbox"/> ต้นแบบผลิตภัณฑ์ <input type="checkbox"/> ระดับอุตสาหกรรม <input type="checkbox"/> ระดับกึ่งอุตสาหกรรม <input type="checkbox"/> ระดับภาคสนาม <input type="checkbox"/> ระดับห้องปฏิบัติการ <input type="checkbox"/> อื่นๆ		ให้รายละเอียดผลงาน
<input type="checkbox"/> ต้นแบบเทคโนโลยี <input type="checkbox"/> ระดับ <input type="checkbox"/> ระดับกึ่งอุตสาหกรรม <input type="checkbox"/> ระดับภาคสนาม <input type="checkbox"/> ระดับห้องปฏิบัติการ <input type="checkbox"/> อื่นๆ		ให้รายละเอียดผลงาน
<input type="checkbox"/> กระบวนการใหม่ <input type="checkbox"/> ระดับอุตสาหกรรม <input type="checkbox"/> ระดับกึ่งอุตสาหกรรม <input type="checkbox"/> ระดับภาคสนาม <input type="checkbox"/> ระดับห้องปฏิบัติการ <input type="checkbox"/> อื่นๆ		ให้รายละเอียดผลงาน

ผลการวิจัยที่ได้นี้จะนำไปใช้ในการเรียนการสอนเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า
 ใดๆ ทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ดัดแปลง เนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

ประเภทผลสำเร็จ	จำนวนผลสำเร็จ	รายละเอียด
<input type="checkbox"/> องค์ความรู้		ให้รายละเอียดผลงาน
<input type="checkbox"/> การใช้ประโยชน์เชิงพาณิชย์ <ul style="list-style-type: none"> <input type="checkbox"/> งานวิจัยนำไปสู่การพัฒนาสิ่งประดิษฐ์ <input type="checkbox"/> งานวิจัยนำไปสู่การพัฒนาผลิตภัณฑ์ซึ่งก่อให้เกิดรายได้ <input type="checkbox"/> งานวิจัยนำไปสู่การเพิ่มประสิทธิภาพการผลิต <input type="checkbox"/> การถ่ายทอดเทคโนโลยี <input type="checkbox"/> การฝึกอบรม <input type="checkbox"/> การสัมมนา <input type="checkbox"/> อื่นๆ 		ให้รายละเอียดผลงาน (มีหลักฐานเอกสารอ้างอิง)
<input type="checkbox"/> การใช้ประโยชน์เชิงสาธารณะ/สังคม/ชุมชน <ul style="list-style-type: none"> <input type="checkbox"/> งานวิจัยสร้างองค์ความรู้แก่สาธารณชนในเรื่องต่างๆ เช่น องค์ความรู้ด้านศิลปวัฒนธรรม สาธารณสุข การบริการจัดการสำหรับวิสาหกิจ (SME) ประชาธิปไตยภาคประชาชน วิถีชีวิตแบบเศรษฐกิจพอเพียง เป็นต้น <input type="checkbox"/> การนำองค์ความรู้ไปพัฒนาคุณภาพชีวิตของประชาชนให้ดีขึ้น <input type="checkbox"/> การถ่ายทอดเทคโนโลยี <input type="checkbox"/> การฝึกอบรม <input type="checkbox"/> การสัมมนา <input type="checkbox"/> อื่นๆ 		ให้รายละเอียดผลงาน (มีหลักฐานเอกสารอ้างอิง)
<input type="checkbox"/> การพัฒนากำลังคน <ul style="list-style-type: none"> <input type="checkbox"/> นักศึกษา ป.โท <input type="checkbox"/> นักศึกษา ป.เอก <input type="checkbox"/> นักวิจัยหลังปริญญาเอก <input type="checkbox"/> นักวิจัยภาคเอกชน/ภาคบริการและภาคสังคม 		ให้รายละเอียดผลงาน (มีหลักฐานเอกสารอ้างอิง)
<input type="checkbox"/> ทรัพย์สินทางปัญญา <ul style="list-style-type: none"> <input type="checkbox"/> สิทธิบัตร <input type="checkbox"/> อนุสิทธิบัตร <input type="checkbox"/> ลิขสิทธิ์ <input type="checkbox"/> เครื่องหมายทางการค้า <input type="checkbox"/> ความลับทางการค้า <input type="checkbox"/> พันธุ์พืช <input type="checkbox"/> อื่นๆ 		ให้รายละเอียดผลงาน (มีหลักฐานเอกสารอ้างอิง)

เป็นเอกสารที่ส่งมอบไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า

ไม่ว่ากรณีใดๆ ทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ดัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

ITC-CSCC 2019

The 34th International Technical Conference on Circuits/
Systems, Computers and Communications

June 23 - 26, 2019 / Jeju Shinhwa World, Republic of Korea

Welcome to ITC-CSCC

The 34th International Technical Conference on Circuits/Systems, Computers and Communications (ITC-CSCC 2019) will be held on June 23-26 at Jeju Shinhwa World, Republic of Korea.

Topics

The conference is open to researchers from all regions of the world. Participation from Asia Pacific region is particularly encouraged. Proposals for special sessions are welcome. Papers with original works in all aspects of Circuits/Systems, Computers and Communications are invited. Topics include, but not limited to, the followings:

• Circuits & Systems

- Computer Aided Design
- Analog Circuits
- Data Converters
- Semiconductor Devices & Technology
- Sensors & Interfaces
- Power Electronics
- RF Circuits & Wireless Systems
- Bio Medical Electronics
- Digital Circuits
- Intelligent Transportation Systems & Technology
- Digital Architecture and System
- Neural Networks
- Verification & Testing

• Computers

- Artificial Intelligence
- Internet Technology & Applications
- Multimedia Service & Technology
- Face Detection & Recognition
- Watermarking
- Image Processing
- Computer Systems & Applications
- Computer Vision
- Security
- Biocomputing
- Motion Analysis
- Object Extraction

• Communications

- Antenna & Wave Propagation
- Audio / Speech Signal Processing
- Circuits & Components for Communications
- IP Networks & QoS
- Ubiquitous Networks
- Visual Communications
- Network Management & Design
- Optical Communications & Components
- Radar / Remote Sensing
- Communication Signal Processing
- Multimedia Communications
- Future Internet Architectures
- MIMO & Space-Time Codes
- UWB - Mobile & Wireless Communications

PROCEEDINGS

All registered participants are provided with conference proceedings. The authors (or their institute) are requested to pay the publication charge when their paper is accepted. Authors of the accepted papers are encouraged to submit full-length manuscripts to IEIE Journal of Semiconductor Technology and Science, IEICE Transactions on Fundamentals of Electronics, Communications and Computer Sciences or ECTI Transactions on Computer and Information Technology. Papers passed through the standard editing procedures of the IEIE JSTS, IEICE Transactions on Fundamentals or ECTI-CIT will be published in regular issues.

SUBMISSION OF PAPERS

Prospective authors are invited to submit original papers (1-4 pages) of either MS Word or PDF format written in English. Paper submission procedures are available at www.itc-cscc2019.org

AUTHOR'S SCHEDULE

- Submission of Paper : March 22, 2019
- Notification of Acceptance : April 19, 2019
- Submission of Final Paper : May 10, 2019

Hosted by

- The Institute of Electronics and Information Engineers (IEIE), Korea
- The Institute of Electronics, Information and Communication Engineers (IEICE), Japan
- The Electrical Engineering/Electronics, Computer, Telecommunications and Information Association (ECTI), Thailand

Contact Point

- E-mail : inter@theiele.org
- Phone : +82-2-553-0255(Ext. 4)
- www.itc-cscc2019.org



ไม่ว่ากรณีใดๆ ทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ตัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำเป็เซ

Time Table

Sunday, June 23, 2019

15:00-17:00	Registration
18:00-19:30	Welcome Reception (LANDING BALLROOM - G)

Monday, June 24, 2019

Time	Room	HALLA Room A	HALLA Room B	HALLA Room C	Yeongsil Room	Eorimok Room	Poster Session (Lobby)
08:30-16:00	Registration						
09:00-10:15	SS-01 Standardization of Technologies for Semiconductor Devices	OS-01 Artificial Intelligence I	OS-02 Circuits & Components for Communications / Optical Communications & Components	OS-03 Computer Systems & Applications I	OS-04 Security I		
10:15-10:30	Coffee Break						
10:30-10:50	Opening Ceremony (LANDING BALLROOM A+B)						
10:50-11:35	Plenary Talk 1 (LANDING BALLROOM A+B)						
11:35-12:20	Plenary Talk 2 (LANDING BALLROOM A+B)						
12:20-14:00	Lunch (LANDING BALLROOM - G)						
14:00-15:30	Tutorial 1	OS-05 Artificial Intelligence II	OS-06 Analog Circuits I	OS-07 Computer Systems & Applications II	OS-08 Security II		Poster Session 1
15:30-15:50	Coffee Break						
15:50-17:20	Tutorial 2	OS-09 Image Processing / Image Coding & Analysis I	OS-10 Analog Circuits II	OS-11 Computer Systems & Applications III	OS-02 Emerging Technologies in IoT		Poster Session 2

Tuesday, June 25, 2019

Time	Room	HALLA Room A	HALLA Room B	HALLA Room C	Yeongsil Room	Eorimok Room	Poster Session (Lobby)
09:00-16:00	Registration						
10:00-12:00	OS-12 Artificial Intelligence III	OS-13 Intelligent Transportation Systems & Technology / Linear, Nonlinear Systems	OS-14 Modern Control / Neural Networks	OS-15 Recent Researches in IoT, Ad-hoc, Sensor Networks	OS-16 Power Electronics & Circuits / Semiconductor Devices & Technology I		Poster Session 3
12:00-13:30	Lunch (LANDING BALLROOM - G)						
13:30-15:00	Tutorial 3	OS-17 Audio and Speech Signal Processing	OS-18 Communication Signal Processing I	OS-19 Computer Vision I	OS-20 Power Electronics & Circuits / Semiconductor Devices & Technology II		Poster Session 4
15:00-15:20	Coffee Break						
15:20-17:00	OS-21 Artificial Intelligence IV	OS-22 Advanced System Analysis & Evaluation	OS-23 Communication Signal Processing II	OS-24 Computer Vision II	OS-25 Emerging Issues on Circuits & Devices		Poster Session 5
18:00-	Banquet (LANDING BALLROOM)						

05-09 Image Processing / Image Coding & Analysis

- Multi-Input-Multi-Output Interface Video Retrieval Method 175
 Shun Mitsui and Shigeo Wada
Tokyo Denki University Japan
- State and Transition Estimation of Traffic Light Motion Picture 179
 Arika Watanabe and Shigeo Wada
Tokyo Denki University, Japan
- High-Accuracy Distance and Gaze Estimation Method Using Facial Images 183
 Yuta Akimoto and Shigeo Wada
Tokyo Denki University, Japan
- Improvement of Cross Component Prediction by Multiple Liner Prediction for HEVC 187
 Fumiya Kitawaki¹, Tian Song¹, Takafumi Katayama¹, Xiantao Jiang², and Takashi Shimamoto¹
¹The University of Tokushima, Japan, ²Shanghai Maritime University, China
- Ultra-High Resolution Video Distributed Transcoding System Using Memory-based High-speed Data Distribution Method 191
 Jingang Huh, Yong-Hwan Kim, and Jinwoo Jeong
Korea Electronics Technology Institute (KETI), Korea
- Bacteria Classification using Image Processing and Deep learning 195
 Treetsukon Treebupachatsakul¹ and Suvit Poomrittigul²
¹King Mongkut's Institute of Technology Ladkrabang, Thailand, ²Pathumwan Institute of Technology, Thailand

05-10 Analog Circuits-I

- A Design of Small Area Vernier Based TDC with 10 ps resolution for Phase Difference Detection in ADPLL Application 199
 Muhammad Basim, Khuram Shehzad, Arash Hejazi, Deeksha Verma, Muhammad Asif, Qurat ul Ain, Imran Ali, and Kang-Yoon Lee
Sungkyunkwan University, Korea
- A 2nd Order Discrete-Time Sigma-Delta ADC with Configurable Decimation for Sensor Applications 201
 Khuram Shehzad, Deeksha Verma, Muhammad Riaz Ur Rehman, Muhammad Basim, Sung- Jin Kim, and Kang-Yoon Lee
Sungkyunkwan University, Korea

Bacteria Classification using Image Processing and Deep learning

Treesukon Treebupachatsakul¹, Suvit Poomrittigul²

¹ Department of Biomedical Engineering, King Mongkut's Institute of Technology
Ladkrabang, Thailand

² Department of Software Engineering and Information System, Pathumwan Institute of
Technology, Thailand

E-mail:¹ treesukon.tr@kmitl.ac.th, ² suvit@pit.ac.th

Abstract

An automizing process for bacteria recognition becomes attractive to reduce the analyzing time and increase the accuracy of diagnostic process. This research study possibility to use image classification and deep learning method for classify genera of bacteria. We propose the implementation method of bacteria recognition system using Python programming and the Keras API with TensorFlow Machine Learning framework. The implementation results have confirmed that bacteria images from microscope are able to recognize the genus of bacterium. The experimental results compare the deep learning methodology for accuracy in bacteria recognition standard resolution image use case. Proposed method can be applied the high-resolution datasets till standard resolution datasets for prediction bacteria type. However, this first study is limited to only two genera of bacteria.

Keywords: Bacteria recognition, Image processing, Deep learning, Image classification

1. Introduction

The recognition of various genera and species of bacteria is useful diagnostic process. The classic techniques of bacteria recognition mainly use biological techniques such as gram staining and identify from contained specific metabolism of bacteria. This classical recognition of bacteria species is based on comparative analysis of the obtained samples with referential ones (American Bank ATCC; <https://www.lgcstandards-atcc.org>). Consequently, these methods are time-consuming process and require an expert knowledge and experience of worker. Therefore, automatizing the process of bacteria recognition is attractive to reduce the analyzing time and increase the accuracy of worker [1, 2]. The most important features of bacteria that can be recognized on the images is the color of gram stained and the shape of its cell.

The purpose of this research is to study possibility to use image classification and deep learning method for classify bacteria species by distinguish two basic shapes of long-rod and spherical. For this report, we researched to find the methodology to use deep learning to classify the standard resolution bacteria image for further research in mobile application or tablet use case.

2. Method

2.1 Bacteria cultivation and photomicrography

Two species of bacteria were used in this research, *Staphylococcus aureus* TISTR 746 and *Lactobacillus delbrueckii* TISTR 1339. *S. aureus* TISTR 476 was cultivated in nutrient agar (NA) (0.5% peptone, 0.3% yeast extract, 0.5% NaCl, 1.5% agar) for 24 h at 30°C. While *L. delbrueckii* TISTR 1339 was cultivated in MRS agar (Himedia) for 24 h at 37°C. The cultivated *S. aureus* and *L. delbrueckii* were stained by Gram's method. The digital images of gram stained bacteria were taken with Optika B-292 Biological Microscope equipped with an Optikam B3, Italy. They were evaluated using a 100 times objective under oil-immersion. We prepare own dataset Digital images of both bacteria.

2.2 Deep Learning with Python Programming

Deep learning is a type of Machine Learning using deep layered structure Artificial Neural Network (ANN). In this paper, we propose deep learning methodology for bacteria images classification using Python programming included Keras API with TensorFlow Machine Learning framework. This paper implemented the LeNet Convolutional Neural Network (CNN) architecture using Python [3].

2.3 Training and Test Datasets

Two type of *S. aureus* dataset and *L. delbrueckii*, each has more than 400 sample images. Each dataset has been separated the training datasets and test datasets by percentage of 80 and 20, consequently.

2.4 Research Methodology

The aim of this study was to develop a system that can immediately and automatically identify and classify bacteria image in standard resolution for mobile and tablet use cases. To first observation, we try to use and prepare own datasets of bacteria in standard resolution for studying possibility to using deep learning for classify the bacteria images with practical LeNet CNN method.

3. Experimental results

Experimental results have shown that deep learning methodology can use to classification high-resolution bacteria images by existing research [4] and standard resolution bacteria images which prepare by authors as shown in Figure 1 and Figure 2

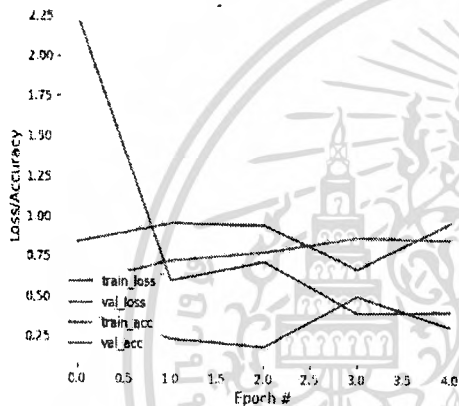


Figure 1 Training Loss and Accuracy existing research datasets

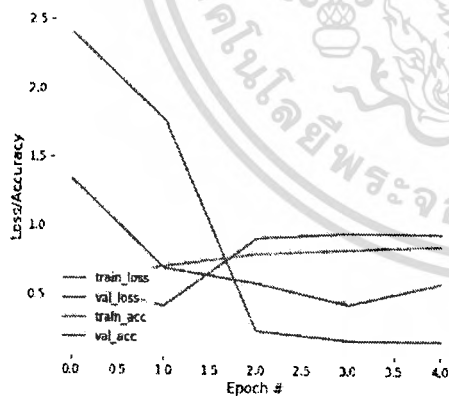
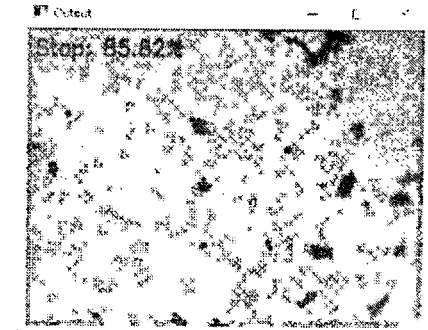
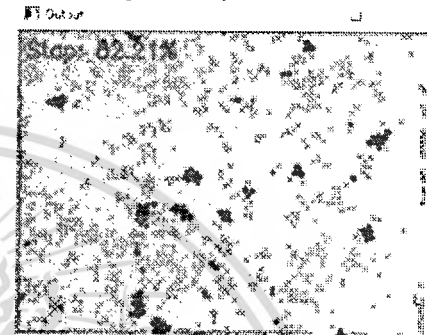


Figure 2 Training Loss and Accuracy own datasets

Figures 1 and 2, the results confirmed that the standard resolution bacteria images which prepare by authors could be used for training by supervised learning method with LeNET method.



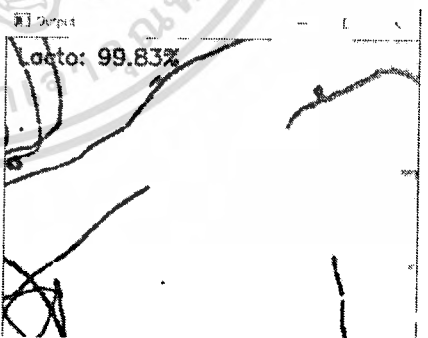
(a) *Staphylococcus* Correct Prediction with probability 85.82%



(b) *Staphylococcus* Correct Prediction with probability 82.21%



(c) *Lactobacillus* Correct Prediction with probability 100%



(d) *Lactobacillus* Correct Prediction with probability 99.83%

Figure 3 Experimental Results of bacteria detection output and the percentage of possibility bacteria prediction

Figure 3 (a) (b) (c) (d) show examples of bacteria detection output and the output can detect type of bacteria and inform the percentage of possibility bacteria prediction.

Figures 1-3, the results have confirmed that the training method Training accuracy and validation accuracy have reached more than 75 percent by more training times of 4 Epoch both of high-resolution and standard resolution bacteria image.

4. Comparison of Experimental Results and Discussion

Moreover, the trend of improvement for better accuracy could be investigated by implementing more numbers of Epoch and activation function variables choosing.

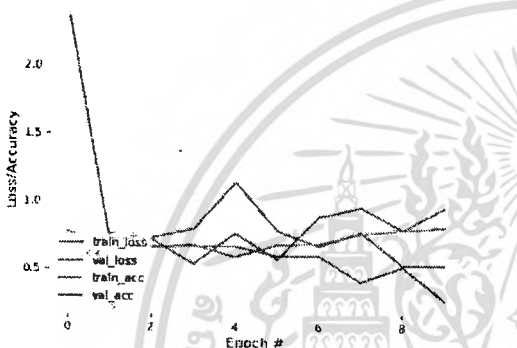


Figure 4 Training Loss and Accuracy in 10 Epochs with Sigmoid Activation Function

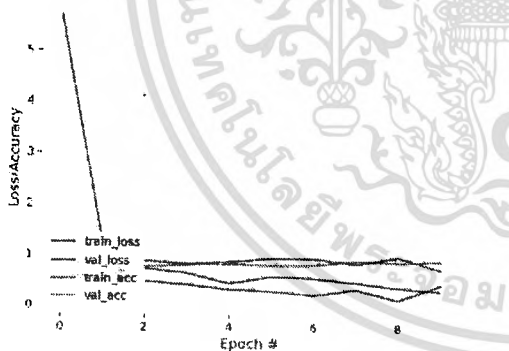


Figure 5 Training Loss and Accuracy in 10 Epochs with Softmax Activation Function

The results of Figures 4 and 5 confirmed that when applying more numbers of epochs, Training Loss and Accuracy would be better. Training Loss and Accuracy in 10 Epochs with Softmax Activation Function methodology is better than Sigmoid Activation Function, which reached 96% of validation accuracy.

5. Conclusion

The experimental results have confirmed that two species of bacteria in different cell shape, *Staphylococcus aureus* (spherical or round shaped) and *Lactobacillus delbrueckii* (long-rod shaped) are able to automatically predict using machine learning by image classification and deep learning method. The experimental results compare results using existing research dataset and own prepared dataset for accuracy in bacteria prediction use case. Training accuracy and validation accuracy have reached more than 75 percent by more training times of 4 Epochs both of high-resolution and standard resolution bacteria image.

Accordingly, this research also tries to modify LeNET methodology and observe the trend to make more training with greater number of Epochs. The results have confirmed that standard resolution bacteria images datasets could be improve more accuracy in future. It can be more apply another CNN methodology for comparison such as ResNET, AlexNET and etc.

However, this first study is limited to only two species of bacteria in different cell shape. We will propose more than two genera of bacteria and improve the accuracy for using with mobile and tablet use cases in future.

5. Acknowledgement

This research also was financial supported by KMITL Research and Innovation Service (KRIS).

References

- [1] K. Lim, S. Hyun Park, et al., Cell image processing methods for automatic cell pattern recognition and morphological analysis of mesenchymal stem cells – An algorithm for cell classification and adaptive brightness correction, *J. of Biosystems Eng*, 38(1), pp. 55-63 2013, February 2013.
- [2] L. Shamir, J. D. Delaney, et al., Pattern recognition software and techniques for biological image analysis, *Plos computational biology*, 6(11), November 2010.
- [3] Y. LeCun, L. Bottou, Y. Bengio, and P. Haffner. Gradient-based learning applied to document recognition. *Proceedings of the IEEE*, November 1998.
- [4] B. Zielinski, A. Plichta, et al., Deep learning approach to bacterial colony classification, *Plos one*, 12(9), September 2017.



แบบรายงานผลผลิตโครงการวิจัย

สถาบันเทคโนโลยีพระจอมเกล้าเจ้าคุณทหารลาดกระบัง

สัญญาเลขที่..... KREF186101.....

ชื่อโครงการ การจัดกลุ่มชนิดเซลล์แบบที่เรียด้วยวิธีการประมวลผลภาพ

(ภาษาไทย).....นางสาวตรีสุคนธ์ ตรีบุพชาติสกุล.....

(ภาษาอังกฤษ).....Treesukon Treebupachatsakul.....

หัวหน้าโครงการ.....นางสาวตรีสุคนธ์ ตรีบุพชาติสกุล.....

หน่วยงานต้นสังกัด.....ภาควิชาวิศวกรรมชีวการแพทย์ คณะวิศวกรรมศาสตร์.....

งบประมาณการวิจัยที่ได้รับ..... 100,000.....บาท ปีงบประมาณ..... 2561.....

แหล่งทุนที่ได้รับการจัดสรร

 เงินงบประมาณแผ่นดิน/งบบูรณาการวิจัยและนวัตกรรม เงินรายได้ (คณะ/วิทยาลัย/วิทยาเขต/สำนัก) กองทุนวิจัย สจล. อื่นๆ ระบุ

ความสอดคล้องกับกลุ่มวิจัยของ สจล.

 Biomedical Agriculture & Food Renewable Energy ICT Robotics & Automation ICT Smart City & IoT Battery & EV Creative Economy Materials Logistics

ผลสำเร็จที่ได้จากการวิจัย

ประเภทผลสำเร็จ	จำนวนผลสำเร็จ	รายละเอียด
<input type="checkbox"/> ต้นแบบผลิตภัณฑ์ <input type="checkbox"/> ระดับอุตสาหกรรม <input type="checkbox"/> ระดับกึ่งอุตสาหกรรม <input type="checkbox"/> ระดับภาคสนาม <input type="checkbox"/> ระดับห้องปฏิบัติการ <input type="checkbox"/> อื่นๆ		ให้รายละเอียดผลงาน
<input type="checkbox"/> ต้นแบบเทคโนโลยี <input type="checkbox"/> ระดับ <input type="checkbox"/> ระดับกึ่งอุตสาหกรรม <input type="checkbox"/> ระดับภาคสนาม <input type="checkbox"/> ระดับห้องปฏิบัติการ <input type="checkbox"/> อื่นๆ		ให้รายละเอียดผลงาน
<input type="checkbox"/> กระบวนการใหม่ <input type="checkbox"/> ระดับอุตสาหกรรม <input type="checkbox"/> ระดับกึ่งอุตสาหกรรม <input type="checkbox"/> ระดับภาคสนาม <input type="checkbox"/> ระดับห้องปฏิบัติการ <input type="checkbox"/> อื่นๆ		ให้รายละเอียดผลงาน

ขอสงวนสิทธิ์ในการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า
 ณีใดๆ ทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ดัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

ประเภทผลสำเร็จ	จำนวนผลสำเร็จ	รายละเอียด
<input type="checkbox"/> องค์กรความรู้		ให้รายละเอียดผลงาน
<input type="checkbox"/> การใช้ประโยชน์เชิงพาณิชย์ <ul style="list-style-type: none"> <input type="checkbox"/> งานวิจัยนำไปสู่การพัฒนาสิ่งประดิษฐ์ <input type="checkbox"/> งานวิจัยนำไปสู่การพัฒนาผลิตภัณฑ์ซึ่งก่อให้เกิดรายได้ <input type="checkbox"/> งานวิจัยนำไปสู่การเพิ่มประสิทธิภาพการผลิต <input type="checkbox"/> การถ่ายทอดเทคโนโลยี <input type="checkbox"/> การฝึกอบรม <input type="checkbox"/> การสัมมนา <input type="checkbox"/> อื่นๆ 		ให้รายละเอียดผลงาน (มีหลักฐานเอกสารอ้างอิง)
<input type="checkbox"/> การใช้ประโยชน์เชิงสาธารณะ/สังคม/ชุมชน <ul style="list-style-type: none"> <input type="checkbox"/> งานวิจัยสร้างองค์ความรู้แก่สาธารณชนในเรื่องต่างๆ เช่น องค์กรความรู้ด้านศิลปวัฒนธรรม สาธารณสุข การบริการจัดการสำหรับวิสาหกิจ (SME) ประชาธิปไตยภาคประชาชน วิถีชีวิตแบบเศรษฐกิจพอเพียง เป็นต้น <input type="checkbox"/> การนำองค์ความรู้ไปพัฒนาคุณภาพชีวิตของประชาชนให้ดีขึ้น <input type="checkbox"/> การถ่ายทอดเทคโนโลยี <input type="checkbox"/> การฝึกอบรม <input type="checkbox"/> การสัมมนา <input type="checkbox"/> อื่นๆ 		ให้รายละเอียดผลงาน (มีหลักฐานเอกสารอ้างอิง)
<input type="checkbox"/> การพัฒนากำลังคน <ul style="list-style-type: none"> <input type="checkbox"/> นักศึกษา ป.โท <input type="checkbox"/> นักศึกษา ป.เอก <input type="checkbox"/> นักวิจัยหลังปริญญาเอก <input type="checkbox"/> นักวิจัยภาคเอกชน/ภาคบริการและภาคสังคม 		ให้รายละเอียดผลงาน (มีหลักฐานเอกสารอ้างอิง)
<input type="checkbox"/> ทรัพย์สินทางปัญญา <ul style="list-style-type: none"> <input type="checkbox"/> สิทธิบัตร <input type="checkbox"/> อนุสิทธิบัตร <input type="checkbox"/> ลิขสิทธิ์ <input type="checkbox"/> เครื่องหมายทางการค้า <input type="checkbox"/> ความลับทางการค้า <input type="checkbox"/> พันธุ์พืช <input type="checkbox"/> อื่นๆ 		ให้รายละเอียดผลงาน (มีหลักฐานเอกสารอ้างอิง)

เอกสารที่ส่งงานไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า

ไม่ว่ากรณีใดๆ ทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ดัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

ประเภทผลสำเร็จ	จำนวนผลสำเร็จ	รายละเอียด
<input type="checkbox"/> บทความทางวิชาการ <input type="checkbox"/> วารสารระดับนานาชาติ <input type="checkbox"/> วารสารระดับชาติ		ให้รายละเอียดการเผยแพร่ ชื่อบทความ ฐานเผยแพร่ และระดับ คิวโวลล์
<input checked="" type="checkbox"/> การประชุม/สัมมนาระดับนานาชาติ <input type="checkbox"/> นำเสนอปากเปล่า <input type="checkbox"/> นำเสนอแบบโปสเตอร์	1	International Conference
<input type="checkbox"/> การประชุม/สัมมนาระดับชาติ <input type="checkbox"/> นำเสนอปากเปล่า <input type="checkbox"/> นำเสนอแบบโปสเตอร์		ให้รายละเอียดการเผยแพร่ ชื่อบทความ ฐานเผยแพร่ และระดับ คิวโวลล์ (ถ้ามี)

ลงชื่อ..... *WMS* หัวหน้าโครงการ
 (นางสาวตรีสุคนธ์ ตรีบุษชาติสกุล)
 วันที่..... 26 ธันวาคม 2561

ให้แนบเอกสารอ้างอิง/หลักฐานที่เกี่ยวข้อง ท้ายเอกสารการรายงาน



เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า
 ไม่ว่ากรณีใดๆ ทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ดัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

สัญญาเลขที่ KREF186101

โครงการ การจัดกลุ่มชนิดเซลล์แบคทีเรียด้วยวิธีการประมวลผลภาพ

รายงานความก้าวหน้าของโครงการในรอบ 6 เดือน

ชื่อโครงการ.....การจัดกลุ่มชนิดเซลล์แบคทีเรียด้วยวิธีการประมวลผลภาพ.....

ระยะเวลาโครงการ 1 ปี.....

ชื่อหัวหน้าโครงการวิจัยผู้รับทุน นางสาวตรีสุคนธ์ ตรีบุษชาติสกุล.....

รายงานในช่วงตั้งแต่วันที่.....1 มิถุนายน 2561.....ถึงวันที่ 30 พฤศจิกายน 61.....

การรายงานความก้าวหน้า

1. ตารางแสดงความก้าวหน้าของโครงการ ณ ช่วงรายงานเมื่อเทียบกับแผนการดำเนินงานทั้งโครงการ (การรายงานความก้าวหน้าอาจแสดงรายละเอียดของแต่ละเดือนหรือทุก 2 เดือน ก็ได้แล้วแต่พิจารณา)

รายละเอียดกิจกรรม	ความก้าวหน้าของโครงการ / เดือน												
	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	
1. การเตรียมงานวิจัย/การศึกษาเอกสาร	←→	←→											
2. กำหนดแผนการ/วิธีการดำเนินงาน	←→	←→											
3. ดำเนินงานวิจัย/เก็บข้อมูล			←→	←→	←→	←→	←→	←→	←→				
4. การวิเคราะห์ต่างๆ					←→	←→	←→	←→	←→	←→			
5. จัดทำรายงานและเผยแพร่											←→	←→	←→

←→ แผนงานทั้งโครงการที่วางไว้ ←--- ผลการดำเนินงานจนถึงปัจจุบัน

หมายเหตุ ข้อมูลรายละเอียดกิจกรรม แผนงาน/รูปแบบตาราง เปลี่ยนแปลง หรือปรับได้ตามความเหมาะสม

2. รายละเอียดทางวิชาการที่ได้รับจากการวิจัย

- ต้องแสดงรายละเอียดความก้าวหน้างานวิจัย โดยแสดงข้อมูลที่ชัดเจนและเข้าใจง่าย ซึ่งประกอบด้วย ข้อมูล เชิงวิทยาศาสตร์ กราฟ ตาราง หรือภาพประกอบ (ถ้ามี)

1. คัดเลือกสายพันธุ์แบคทีเรียที่มีความหลากหลายทางรูปทรง การจัดเรียงตัว และการแยกชนิด เบื้องต้นด้วยวิธีย้อมสี ทั้งหมด 7 สายพันธุ์ ประกอบด้วย *Escherichia coli*, *Micrococcus sp.*, *Candida albicans*, *Lactobacillus casei*, *Lactobacillus delbrueckii*, *Staphylococcus aureus*, *Streptococcus thermophilus*. แบคทีเรียทุกชนิดถูกเลี้ยงในอาหารสำหรับเพาะเลี้ยงที่เหมาะสมสำหรับแต่ละชนิด

2. การเก็บข้อมูลภาพถ่ายจากการย้อมสีแกรมและถ่ายภาพผ่านกล้องจุลทรรศน์ทั้งหมด 4 สายพันธุ์ สายพันธุ์ละอย่างน้อย 100 ภาพ

- ในกรณีที่มีความก้าวหน้า สามารถตีพิมพ์เผยแพร่ได้ อาจจะเขียนรายงานความก้าวหน้าในลักษณะของ "ร่าง" ต้นฉบับสำหรับตีพิมพ์ (manuscript) ก็ได้ หรือกรณีที่มีผลงานเผยแพร่แล้ว ให้แนบบทความความก้าวหน้าทางวิชาการของแผนงานวิจัย / โครงการวิจัย ระหว่างที่ทำการวิจัยที่เคยพิมพ์ในวารสารทางวิชาการแล้วด้วยจำนวน 1 ชุด.....
-
-

3. สรุปผลการดำเนินงาน

✓ เป็นไปตามแผน / ไม่เป็นตามแผน เนื่องจาก

.....ใช้เวลาในการเพาะเลี้ยงและเก็บข้อมูลภาพถ่ายแบคทีเรียเป็นไปตามแผน ซึ่งกำลังดำเนินการเก็บให้ครบทุกชนิด ตามระยะเวลาที่กำหนด.....

.....

.....

4. ความก้าวหน้าการดำเนินงานโครงการวิจัยที่ดำเนินการไปแล้ว คิดเป็นร้อยละ 50.....

5. รายละเอียดแผนงานที่จะดำเนินการต่อไป เก็บข้อมูลภาพถ่ายเพิ่มเติมให้ครบทุกชนิด และเริ่มวิเคราะห์ผลและ run โปรแกรมเพื่อผลลัพธ์และประสิทธิภาพในการระบุสายพันธุ์จากการเรียนรู้ของคอมพิวเตอร์.....

.....

.....

6. ปัญหา / อุปสรรค 1. แบคทีเรียจำนวน 3 ชนิด ไม่สามารถหาซื้อได้.....

..... 2. กล้องจุลทรรศน์มีระดับความคมชัดไม่เพียงพอที่จะทำให้ภาพถ่ายที่มีความละเอียดคมชัดเมื่อขยายขนาดของภาพ.....

.....

.....

7. ข้อเสนอแนะ / แนวทางแก้ปัญหา 1. ลดจำนวนแบคทีเรีย.....

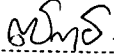
..... 2. เก็บข้อมูลภาพถ่ายเพิ่มเติม เพื่อให้โปรแกรมได้มีข้อมูลเพิ่มในการประมวลผล.....

.....

.....

9. กำหนดเวลาส่งรายงานผลการวิจัยฉบับสมบูรณ์ เดือน..... พฤษภาคม พ.ศ. 2562.....

10. ข้าพเจ้าขอรับรองว่าข้อความดังกล่าวไว้ในข้างต้นเป็นจริงทุกประการ

ลงนาม..... .....
(หัวหน้าโครงการวิจัยผู้รับทุน)

แหล่งทุน: ทุนวิจัยเริ่มต้นสำหรับอาจารย์ใหม่ กองทุนวิจัยสถาบันเทคโนโลยีพระจอมเกล้าเจ้าคุณทหารลาดกระบัง
 ชื่อโครงการ : การจัดกลุ่มชนิดเซลล์แบคทีเรียด้วยวิธีการประมวลผลภาพ
 ชื่อหัวหน้าโครงการ นางสาวตรีศุคนธ์ ตรีบุษชาติสกุล

ว/ด/ป	รายการ	เลขที่อ้างอิง	รายการรับ จ่าย			รายรับ	รายจ่าย					รวม รายจ่าย		
			รับ	จ่าย	คงเหลือ		ดอกเบี๋ยรับ	งบบุคลากร	งบดำเนินงาน				งบลงทุน	
									ค่าจ้างชั่วคราว	ค่าตอบแทน	ค่าใช้สอย			ค่าวัสดุ
1 มิ.ย. 61	งบประมาณที่ได้รับการอนุมัติ (ตามแผน)		100,000.00											
	จำนวนเงินที่ได้รับ (งวดที่ 1)		98,750.00											
	จำนวนเงินที่ได้รับ (งวดที่ 2)		1,250.00											
	จำนวนเงินที่ได้รับ (งวดที่ 3)													
	หัก ค่าใช้จ่าย (ครั้งที่ 1)													
	ค่าใช้จ่าย (ครั้งที่ 2)													
	ค่าใช้จ่าย (ครั้งที่ 3)													
	ค่าใช้จ่าย (ครั้งที่ 4)													
	งบประมาณคงเหลือ		100,000.00		100,000.00	0.00								
	รายละเอียดค่าใช้จ่าย													
ครั้งที่ 1		(เลขที่ใบเสร็จรับเงิน)												
	ครุภัณฑ์												75,000.00	75,000.00
27/8/2561	Lactobacillus selection broth	INV6102524											2,996.00	2,996.00
29/8/2561	Cuture media	QT2018080025											5,004.00	5,004.00
19/9/2561	คาสายพันจุลินทรีย์	TH6103920											3,902.00	3,902.00
29/9/2561	Anitech Plug H304 4 Way Brown	01INS6109-11776											290.00	290.00
20/09/2561	อุปกรณ์ปฏิบัติการในห้องแลป เครื่องแก้ว	OSVS6109P01000710											119.00	119.00
30/10/2561	อุปกรณ์ปฏิบัติการในห้องแลป	OSVS6109P01001846											216.00	216.00
2/11/2561	คาสายพันจุลินทรีย์	TH6200380											3,902.00	3,902.00
7/11/2561	อุปกรณ์ปฏิบัติการในห้องแลป	S0000495795											371.00	371.00
12/11/2561	Culture media	INV2018110038											1,197.00	1,197.00
	รวมครั้งที่ 1												17,997.00	17,997.00

ลงชื่อหัวหน้าโครงการ *อ.อ.ย*

วันที่ 26 ธ.ค. 61