

การปรับปรุงประสิทธิภาพของการจำแนกมะเร็งผิวหนังชนิดเมลาโนมาโดย
อาศัยสถาปัตยกรรมที่หลากหลายของโครงข่ายประสาทเทียมแบบคอนโวลูชัน

A PERFORMANCE IMPROVEMENT OF MELANOMA SKIN CANCER
CLASSIFICATION USING VARIANT ARCHITECTURES OF
CONVOLUTIONAL NEURAL NETWORK



การค้นคว้าอิสระนี้เป็นส่วนหนึ่งของการศึกษาตามหลักสูตร
ปริญญาวิทยาศาสตรมหาบัณฑิต สาขาวิชาวิทยาการข้อมูลและการวิเคราะห์
ศูนย์วิเคราะห์ข้อมูลดิจิทัลอัจฉริยะพระจอมเกล้าลาดกระบัง คณะวิทยาศาสตร์
สถาบันเทคโนโลยีพระจอมเกล้าเจ้าคุณทหารลาดกระบัง

2565

KMITL-2022-SC-M-017-108

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า
ไม่ว่ากรณีใดๆ ทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ดัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้



COPYRIGHT 2022

SCHOOL OF SCIENCE

KING MONGKUT'S INSTITUTE OF TECHNOLOGY LADKRABANG

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า
ไม่ว่ากรณีใดๆ ทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ดัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

หัวข้อการค้นคว้าอิสระ	การปรับปรุงประสิทธิภาพของการจำแนกมะเร็งผิวหนังชนิด เมลาโนมาโดยอาศัยสถาปัตยกรรมที่หลากหลายของโครงข่าย ประสาทเทียมแบบคอนโวลูชัน
ชื่อนักศึกษา	นายศุภณัฐ บุญสุภาพร
รหัสนักศึกษา	63605078
ปริญญา	วิทยาศาสตร์มหาบัณฑิต (วิทยาการข้อมูลและการวิเคราะห์) ศูนย์วิเคราะห์ข้อมูลดิจิทัลอัจฉริยะพระจอมเกล้าลาดกระบัง
พ.ศ.	2565
อาจารย์ที่ปรึกษา	ผู้ช่วยศาสตราจารย์ ดร.พรพิมล ชัยวุฒิศักดิ์

บทคัดย่อ

มะเร็งผิวหนังเมลาโนมา เป็นโรคมะเร็งผิวหนังที่พบได้น้อยแต่มีความรุนแรงมากกว่ามะเร็งผิวหนังชนิดอื่นๆ โดยมีจุดปรากฏบนผิวหนัง มีลักษณะคล้ายกับไฝและมีขนาดใหญ่ขึ้นอย่างรวดเร็ว หากตรวจพบตั้งแต่ในระยะแรกจะทำให้รักษาให้หายได้ แต่หากล่าช้าเซลล์มะเร็งอาจแพร่กระจายไปยังส่วนอื่น ๆ ของร่างกายจนทำให้ยากต่อการรักษาโรคมะเร็ง แนวทางการวินิจฉัย ได้แก่ การเก็บตัวอย่างชิ้นเนื้อด้วยวิธีการเจาะ การตัดชิ้นเนื้อบางส่วนไปตรวจ หรือ การตัดชิ้นเนื้อทั้งหมดไปตรวจ เป็นต้น อย่างไรก็ตามทฤษฎีปัญญาประดิษฐ์สามารถช่วยให้แพทย์วินิจฉัยเนื้องอกมะเร็งจากภาพถ่ายได้อย่างถูกต้องและรวดเร็วมากขึ้น ดังนั้นงานวิจัยนี้มีวัตถุประสงค์ในการสร้างโมเดลจำแนกเพื่อจำแนกผู้ป่วยโรคมะเร็งผิวหนังเมลาโนมาโดยอาศัยสถาปัตยกรรมที่หลากหลายของโครงข่ายประสาทเทียมแบบคอนโวลูชัน ได้แก่ โครงข่ายประสาทเชิงลึกแบบ Residual Network (ResNet) และโครงข่ายประสาทเชิงลึกแบบ Dense Network (DenseNet) โดยใช้ข้อมูลรูปภาพเนื้องอกและข้อมูลส่วนบุคคลเช่น เพศ อายุ จำนวน 37,648 ราย โดยเป็นเนื้องอกปกติ 32,542 ราย คิดเป็นร้อยละ 86.44 และเนื้องอกมะเร็ง 5,106 ราย คิดเป็นร้อยละ 13.56 ผลการศึกษาพบว่าโครงข่ายประสาทเชิงลึกแบบ Dense Network (DenseNet 121) สามารถจำแนกภาพเนื้องอกได้ถูกต้อง โดยค่าความแม่นยำเท่ากับ 0.973 คิดเป็นร้อยละ 97.3% และค่า F1-score เท่ากับ 0.983 คิดเป็นร้อยละ 98.30

คำสำคัญ : โครงข่ายประสาทเชิงลึกแบบ Dense Network, โครงข่ายประสาทเชิงลึกแบบ Residual Network, โครงข่ายประสาทเทียมแบบคอนโวลูชัน, มะเร็งผิวหนังเมลาโนมา

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า
ไม่ว่ากรณีใดๆ ทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ดัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

Independent Study Title	A Performance Improvement of Melanoma Skin Cancer Classification Using Variant Architectures of Convolutional Neural Network
Student Name	Mr.Supanat Boonsupaporn
Student ID	63605078
Degree	Master of Science (Data Science and Analytics) KMITL-Digital Analytics and Intelligence Center
Year	2022
Independent Study Advisor	Asst.Prof.Dr.Pornpimol Chaiwuttisak

Abstract

Melanoma known as a type of skin cancer is rare, but it is the most serious type of skin cancer. The first signs are unusual-looking spots appearing on the skin that resemble a mole and quickly grow in size. If the physician can detect it in the early stages, the patient can be cured in time. But if delayed, cancer cells may spread to other parts of the body, making it difficult to treat cancer. Diagnostic guidelines include collecting a biopsy sample by the puncture. Some biopsies are taken for examination, or the entire biopsy is taken for examination. However, Artificial Intelligence theory can help physicians diagnose malignant tumors from photographs. more accurately and quickly. Therefore, this research aims to build the classification model to classify Melanoma skin cancer based on various architectures of Convolutional Neural Networks, namely Residual Network (ResNet) and Dense Network (DenseNet) tumor image data and personal data such as gender and age was 37,648 patients, of which 32,542 tumors were normal: or accounting for 86.44 percent, and malignant tumors, 5,106, accounting for 13.56 percent. As a result, it was found that the DenseNet 121 was able to correctly classify tumor images. The accuracy was 0.973, accounting for 97.3%, and the F1-score was 0.983, accounting for 98.30%.

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า
ไม่ว่ากรณีใดๆ ทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ดัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

Keywords : Convolutional Neural Network, Dense Network (DenseNet) Deep neural network, Melanoma Skin Cancer, Residual Network (ResNet)



เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า
ไม่ว่ากรณีใดๆ ทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ดัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

กิตติกรรมประกาศ

การศึกษาวิจัยฉบับนี้สำเร็จลุล่วงได้ด้วยดีเนื่องจากได้รับความกรุณาอย่างสูงจากอาจารย์ผู้ช่วยศาสตราจารย์ ดร.พรพิมล ชัยวุฒิศักดิ์ ที่ให้คำปรึกษาในงานวิจัยและให้คำแนะนำ ตลอดจนปรับปรุงแก้ไขข้อบกพร่องต่างๆ รวมทั้งบุคคลที่ผู้ศึกษาค้นคว้าวิจัยนำมาอ้างอิงทางวิชาการตามที่ปรากฏในเอกสารอ้างอิงเพื่อให้งานศึกษาวิจัยฉบับนี้มีความสมบูรณ์มากที่สุด

ขอขอบคุณ อาจารย์ ผู้ช่วยศาสตราจารย์ ดร.วรางคณา กัมปาน และ ดร. ยุวดี กล่อมวิเศษผู้เป็นกรรมการสอบในงานวิจัยครั้งนี้ รวมทั้งคุณอาจารย์ทุกท่านที่เคยสั่งสมให้ความรู้มาตลอดการศึกษา ขอขอบคุณเจ้าหน้าที่ประจำหลักสูตรวิทยาการข้อมูลและการวิเคราะห์ทุกท่านที่คอยให้คำปรึกษา คอยช่วยเหลือในการศึกษาระดับปริญญาโท และขอขอบคุณเพื่อนๆ ทุกคนที่เคยช่วยเหลือไม่ว่าทางตรงหรือทางอ้อม

สุดท้ายนี้ขอขอบคุณบิดา มารดา และครอบครัวของข้าพเจ้าตลอดจนญาติพี่น้องผู้มีพระคุณทุกท่านที่คอยสนับสนุนช่วยเหลือให้คำปรึกษาในด้านต่างๆ และเป็นกำลังใจตลอดการศึกษา ทำให้ข้าพเจ้าสามารถทำงานวิจัยฉบับนี้ได้สำเร็จลุล่วง

นายศุภณัฐ บุญสุภาพร

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า
ไม่ว่ากรณีใดๆ ทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ดัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

สารบัญ

บทคัดย่อภาษาไทย	ก
บทคัดย่อภาษาอังกฤษ	ข
กิตติกรรมประกาศ	ง
สารบัญ	จ
สารบัญตาราง	ช
สารบัญรูป	ซ
บทที่ 1 บทนำ	1
1.1 ความสำคัญและที่มาของปัญหา	1
1.2 วัตถุประสงค์ของงานวิจัย	2
1.3 ขอบเขตของงานวิจัย	2
1.4 ขั้นตอนการดำเนินงาน	3
1.5 ประโยชน์ที่คาดว่าจะได้รับ	3
บทที่ 2 ทฤษฎีและงานวิจัยที่เกี่ยวข้อง	4
2.1 โรคมะเร็งผิวหนัง	4
2.1.1 สถานการณ์ของโรคมะเร็งของประชากรไทย	4
2.1.2 โรคมะเร็งผิวหนัง	4
2.1.3 ลักษณะของเซลล์มะเร็งผิวหนัง	5
2.1.4 ประเภทของมะเร็งผิวหนัง	6
2.1.4.1 โรคมะเร็งผิวหนังเมลาโนมา	6
2.1.4.2 โรคมะเร็งผิวหนังสควมัสเซลล์	7
2.1.4.3 โรคมะเร็งผิวหนังเบเซลเซลล์	7
2.1.5 สาเหตุของการเกิดโรคมะเร็งผิวหนัง	7
2.1.6 อาการและอาการแสดงของโรคมะเร็งผิวหนัง	8
2.1.7 การวินิจฉัยโรคและแนวทางการรักษาโรคมะเร็งผิวหนัง	8
2.2 การวิเคราะห์ความสัมพันธ์ระหว่างตัวแปร	9
2.2.1 การทดสอบไคสแควร์สำหรับข้อมูลจำแนกสองทาง	9
2.2.2 สหสัมพันธ์แบบพอยท์ไบซีเรียล	10
2.3 โครงข่ายประสาทเทียมคอนโวลูชัน (Convolutional Neural Networks: CNNs)	11
2.3.1 โครงข่ายประสาทเชิงลึกแบบ Residual Network (ResNet)	13

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า
ไม่ว่ากรณีใดๆ ทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ดัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

2.3.2	โครงข่ายประสาทเชิงลึกแบบ Dense Network (DenseNet)	15
2.3.3	โครงข่ายประสาทเชิงลึกแบบ Visual Geometry Group (VGG)	18
2.4	การวัดสมรรถภาพของโมเดล	19
2.5	งานวิจัยที่เกี่ยวข้อง	20
บทที่ 3	วิธีการดำเนินงานวิจัย	23
3.1	ข้อมูลและแหล่งที่มาของข้อมูล	24
3.2	การเตรียมความพร้อมของข้อมูล	25
3.2.1	ทำความสะอาดข้อมูล (Data cleaning)	25
3.2.2	ทำการแปลงข้อมูล (Data transform)	25
3.2.3	ทำการ Normalization Input data	26
3.2.4	ทำการวิเคราะห์ตัวแปรนำเข้าโมเดล	27
3.3	การสร้างโมเดลเพื่อการเปรียบเทียบโมเดลการเรียนรู้ถ่ายโอน	28
3.4	เครื่องมือที่ใช้ในการทดลอง	33
3.5	ระยะเวลาในการดำเนินงาน	34
3.5.1	ฮาร์ดแวร์	34
3.5.2	ซอฟต์แวร์	34
บทที่ 4	ผลการวิจัยและการอภิปรายผล	36
4.1	ผลการสำรวจข้อมูลเบื้องต้น	36
4.1.1	การวิเคราะห์ตัวแปรเบื้องต้น	36
4.1.2	การวิเคราะห์ตัวแปรนำเข้าประมวลผลโมเดล	41
4.2	ผลการทำงานของโมเดล	42
4.2.1	ผลการทำงานของโมเดลด้วย VGG16 ด้วยค่า Epochs 10	42
4.2.2	ผลการทำงานของโมเดลด้วย VGG16 ด้วยค่า Epochs 15	43
4.2.3	ผลการทำงานของโมเดลด้วย VGG16 ด้วยค่า Epochs 20	43
4.2.4	ผลการทำงานของโมเดลด้วย ResNet50 ด้วยค่า Epochs 10	44
4.2.5	ผลการทำงานของโมเดลด้วย ResNet50 ด้วยค่า Epochs 15	44
4.2.6	ผลการทำงานของโมเดลด้วย ResNet50 ด้วยค่า Epochs 20	45
4.2.7	ผลการทำงานของโมเดลด้วย DenseNet121 ด้วยค่า Epochs 10	45
4.2.8	ผลการทำงานของโมเดลด้วย DenseNet121 ด้วยค่า Epochs 15	46
4.2.9	ผลการทำงานของโมเดลด้วย DenseNet121 ด้วยค่า Epochs 20	46

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า
ไม่ว่ากรณีใดๆ ทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ดัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

4.3 การอภิปรายผล	47
บทที่ 5 สรุปผลการวิจัยและข้อเสนอแนะ	49
5.1 สรุปผลการวิจัย	49
5.2 ขอบเขตและข้อจำกัด	49
5.3 ปัญหาและอุปสรรค	50
5.4 ข้อเสนอแนะ	50
เอกสารอ้างอิง	51
ภาคผนวก	53
ประวัติผู้เขียน	58



เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า
ไม่ว่ากรณีใดๆ ทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ดัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

สารบัญตาราง

ตารางที่	หน้า
2.1 Confusion Matrix	19
3.1 ค่าพารามิเตอร์ที่กำหนดในการทำโมเดล	31
3.2 Python Library ที่ใช้ในงานวิจัย	34
4.1 สัดส่วนของลักษณะของเนื้องอกปกติและเนื้องอกมะเร็ง	36
4.2 สัดส่วนจำนวนร้อยละของแต่ละกลุ่มตัวอย่างจำแนกตามเพศของผู้ป่วย	36
4.3 สัดส่วนและร้อยละของกลุ่มตัวอย่างจำแนกตามช่วงอายุของผู้ป่วย	38
4.4 Confusion Matrix ของวิธี VGG16 ด้วยค่า Epochs เท่ากับ10	42
4.5 Confusion Matrix ของวิธี VGG16ด้วยค่า Epochs เท่ากับ15	43
4.6 Confusion Matrix ของวิธี VGG16ด้วยค่า Epochs เท่ากับ20	43
4.7 Confusion Matrix ของวิธี ResNet50 ด้วยค่า Epochs เท่ากับ10	44
4.8 Confusion Matrix ของวิธี ResNet50 ด้วยค่า Epochs เท่ากับ15	44
4.9 Confusion Matrix ของวิธี ResNet50 ด้วยค่า Epochs เท่ากับ20	45
4.10 Confusion Matrix ของวิธี DenseNet50 ด้วยค่า Epochs เท่ากับ10	45
4.11 Confusion Matrix ของวิธี DenseNet50 ด้วยค่า Epochs เท่ากับ15	46
4.12 Confusion Matrix ของวิธี DenseNet50 ด้วยค่า Epochs เท่ากับ20	46
4.13 เปรียบเทียบผลลัพธ์ในแต่ละโมเดล	46

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า
ไม่ว่ากรณีใดๆ ทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ดัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

สารบัญรูป

รูปที่	หน้า
2.1 จำนวนผู้ป่วยเป็นโรคมะเร็งรายใหม่และผู้เสียชีวิตในปี พ.ศ. 2564	4
2.2 ตัวอย่างภาพเซลล์มะเร็งผิวหนัง	6
2.3 ตัวอย่างโครงสร้างของโครงข่ายประสาทเทียมคอนโวลูชัน	12
2.4 ตัวอย่างโครงสร้างของโครงข่ายประสาทเทียมโดย (a) คือโครงข่ายประสาทเทียมแบบปกติ และ (b) คือโครงข่ายประสาทเทียมด้วยโมเดล ResNet Residual Blocks	14
2.5 โครงสร้างของ ResNet	15
2.6 โครงสร้างของ DenseNet	16
2.7 โครงสร้างของ DenseBlocks	17
2.8 โครงสร้างของ VGG16	18
3.1 ขั้นตอนวิธีการวิจัยการจำแนกผู้ป่วยโรคมะเร็งผิวหนังจากภาพถ่ายผิวหนัง	23
3.2 รูปผิวหนังของผู้ป่วยที่เป็นโรคมะเร็งผิวหนังชนิดเมลาโนมา	24
3.3 รูปผิวหนังของผู้ป่วยที่ไม่เป็นโรคมะเร็งผิวหนังชนิดเมลาโนมา	24
3.4 ตัวอย่างการปรับขนาดภาพขนาดใหญ่ให้ลดลงไปเป็นขนาด 50 KB	26
3.5 ตัวอย่างการปรับขนาดภาพขนาดเล็กให้ใหญ่ขึ้นเป็นขนาด 50 KB	26
3.6 แสดงการทำ Normalization Data ด้วยโปรแกรม Python	27
3.7 ผลลัพธ์ของ Chi-square test	27
3.8 ผลลัพธ์ของ Point Biserial	28
3.9 โครงสร้างโมเดลของโครงข่ายประสาทเทียมแบบคอนโวลูชัน (CNN)	28
3.10 การสร้างโมเดล ResNet50	29
3.11 การสร้างโมเดล DenseNet121	30
3.12 การสร้างโมเดล VGG16	31
3.13 ตัวอย่างการทำนายผล	30
3.14 แสดงผลลัพธ์การทำนายที่ได้จากโมเดล	33
4.1 กราฟแสดงข้อมูลจำนวนของคนผู้ป่วยแต่ละประเภท	37
4.2 จำนวนผู้ป่วยและผู้ที่ไม่ได้ป่วยเป็นโรคมะเร็งผิวหนังจำแนกตามเพศ	38
4.3 ฮิสโตแกรมของอายุจากกลุ่มตัวอย่าง	40
4.4 การแจกแจงช่วงอายุตามระหว่างผู้ที่ป่วยและไม่ป่วยเป็นโรคมะเร็งผิวหนังชนิดเมลาโนมา	40

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า
ไม่ว่ากรณีใดๆ ทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ดัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

4.5 Box-plot ของอายุจำแนกตามผลการวินิจฉัยโรคมะเร็งผิวหนังชนิดเมลาโนมา

41



เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า
ไม่ว่ากรณีใดๆ ทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ดัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

บทที่ 1

บทนำ

1.1 ความสำคัญและที่มาของปัญหา

โรคมะเร็ง เป็นโรคที่เกิดจากความผิดปกติของเซลล์ในอวัยวะต่างๆ ของร่างกาย โดยมีการเจริญเติบโตที่ผิดปกติ เป็นก้อนเนื้อที่ลุกลามบริเวณอวัยวะข้างเคียงและยังสามารถกระจายตัวไปยังบริเวณอื่นๆ ของร่างกายได้อีกด้วย โรคมะเร็งจึงเป็นภัยร้ายที่เป็นสาเหตุของการเสียชีวิต โดยจากสถิติของกระทรวงสาธารณสุขนั้น เปิดเผยว่า ในปี 2561 ประเทศไทยมีผู้ป่วยโรคมะเร็งรายใหม่เพิ่มขึ้นอย่างต่อเนื่องสูงถึง 139,206 แสคนต่อปี (คิดเป็น 381 คนต่อวัน) และมีผู้เสียชีวิต 84,073 คนต่อปี (คิดเป็น 230 คนต่อวัน) โดยโรคมะเร็งที่พบมาก 5 อันดับแรกในคนไทย ได้แก่ โรคมะเร็งตับและท่อน้ำดี มะเร็งเต้านม มะเร็งปอด มะเร็งลำไส้ใหญ่และทวารหนัก และมะเร็งปากมดลูก (สถาบันมะเร็งแห่งชาติ, 2561)

สำหรับโรคมะเร็งผิวหนัง เป็นมะเร็งอีกชนิดหนึ่งที่เกิดขึ้นได้ทั่วร่างกาย ถึงแม้ว่าจะพบได้ไม่บ่อยในไทยเมื่อเทียบกับทางยุโรป เนื่องมาจากที่คนไทยมีผิวคล้ำกว่าและมีสารเมลานิน ป้องกัน รังสีอัลตราไวโอเล็ตจากแสงอาทิตย์ได้ดีกว่า หากแต่ปัจจุบันพบโรคมะเร็งผิวหนังมากขึ้นจากปี 2564 มีจำนวน 132,000 ราย (โรงพยาบาลเปาโล, 2564) จากสภาวะแวดล้อมที่เปลี่ยนแปลงไป

มะเร็งผิวหนังชนิดเมลาโนมาเป็นชนิดที่พบได้น้อยแต่มีความรุนแรงมากและเป็นสาเหตุการเสียชีวิตถึงร้อยละ 75 ของผู้ป่วยโรคมะเร็งผิวหนังทั้งหมด โดยมะเร็งชนิดนี้จะพบได้ในเพศหญิงมากกว่าเพศชาย ส่วนใหญ่จะมีอายุอยู่ในช่วง 50-70 ปี และสามารถพบเจอในตำแหน่งใด ๆ ในร่างกายที่มีผิวหนังได้ ในเบื้องต้นระยะแรกจะเรียกว่า “ชนิดบาง” ซึ่งในการรักษาหายได้ด้วยการตัดออก ดังนั้นการวินิจฉัยในระยะแรกนั้นจึงมีประโยชน์อย่างมาก การวินิจฉัยเชื้อมะเร็งจากเซลล์ก้อนเนื้อส่วนใหญ่แล้วจะเกิดมะเร็งผิวหนังชนิดเมลาโนมาที่ขาในเพศหญิงและที่หลังในเพศชาย (โรงพยาบาลบำรุงราช, 2563)

โดยสาเหตุปัจจัยที่ก่อให้เกิดมะเร็งผิวหนังชนิดนี้ ได้แก่ แสงแดด สารเคมี กรรมพันธุ์ และภาวะภูมิคุ้มกันบกพร่อง เป็นต้น อาการของโรคมะเร็งผิวหนังที่พบได้บ่อย คือ การมีตุ่ม ก้อนเนื้อ หรือแผลเรื้อรังที่ผิวหนัง หรือไฝต่าง ๆ ที่โตเร็ว การรักษาโดยทั่วไปมักใช้การผ่าตัดผิวหนังออกไป

ซึ่งอาจจะมีการใช้การฉายแสงหรือเคมีบำบัดร่วมด้วย อย่างไรก็ตามการรักษาโรคมะเร็งผิวหนังที่ดี เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาค้นคว้าเท่านั้น เมื่อนำมาใช้ในเชิงพาณิชย์หรือการค้าไม่ว่ากรณีใดๆ ทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ดัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

ที่สุดคือการค้นพบตั้งแต่ระยะเริ่มแรก เมื่อมีข้อสงสัยด้านผิวหนังควรปรึกษาแพทย์ผิวหนังเพื่อรับการวินิจฉัยโดยเร็ว

ประชาชนสามารถปฏิบัติตนเพื่อป้องกันและลดความเสี่ยงต่อโรคมะเร็งได้จากการเปลี่ยนพฤติกรรมการใช้ชีวิต การรับประทานอาหารและหมั่นสังเกตอาการผิดปกติทางร่างกาย จะทำให้รู้ตัวได้ทันท่วงที เป็นที่ยอมรับกันว่าหากค้นพบในช่วงระยะแรก ๆ หรือระยะก่อนเป็นโรคมะเร็งจะทำให้มีโอกาสรักษาหายที่สูง อีกทั้งในปัจจุบันทางการแพทย์ได้มีความเจริญก้าวหน้ากว่าในอดีตเป็นอย่างมาก ทำให้มีการรักษาผู้ป่วยโรคมะเร็งได้หลากหลายวิธี ซึ่งทำให้ผู้ป่วยได้รับการรักษาที่เหมาะสมมากยิ่งขึ้น และทำให้โอกาสในการรักษาหายสูงขึ้นด้วยเช่นเดียวกัน

ดังนั้น การตรวจสอบวินิจฉัยของแพทย์นั้นจึงเป็นเรื่องสำคัญ การอาศัยเครื่องมือต่าง ๆ เป็นสิ่งช่วยให้การวินิจฉัยถูกต้องชัดเจนมากขึ้น การใช้โครงข่ายประสาทแบบคอนโวลูชัน (Convolutional Neural Network: CNN) เป็นทางเลือกที่จะช่วยให้ข้อมูลทางการแพทย์ เพื่อการวินิจฉัยที่รวดเร็ว ถูกต้องมากขึ้น (Shen, 2019) ได้ทำการวิจัยจำแนกผู้ป่วยโรคมะเร็งเต้านมจากภาพแมมโมแกรม (การเอกซเรย์เนื้อเยื่อเต้านมด้วยรังสีขนาดต่ำ) ด้วยวิธีโครงข่ายประสาทแบบคอนโวลูชัน (CNN) ให้ผลลัพธ์ค่าความถูกต้อง 96.8% ซึ่งการใช้โครงข่ายประสาทแบบคอนโวลูชัน (CNN) เป็นโครงข่ายประสาทเทียมหนึ่งในกลุ่ม Bio-Inspired โดยที่ CNN จะจำลองการมองเห็นของมนุษย์ที่มองพื้นที่เป็นพื้นที่ย่อย ๆ และนำกลุ่มของพื้นที่ย่อย ๆ มาผสานกัน เพื่อดูว่าสิ่งที่เห็นอยู่เป็นอะไรกันแน่ เป็นเครื่องมืออย่างหนึ่งที่สามารถนำมาใช้ในการคัดกรองภายในเนื้อเยื่อของผู้ป่วยเพื่อคัดแยกเนื้องอกชนิดต่าง ๆ ว่าเป็นโรคมะเร็งหรือไม่

1.2 วัตถุประสงค์ของงานวิจัย

1. เพื่อสร้างโมเดลการทำนายผลการคัดกรองมะเร็งเพื่อจำแนกผู้ป่วยโรคมะเร็งผิวหนังชนิดเมลาโนมา โดยโครงข่ายประสาทเชิงลึกแบบ Residual Network (ResNet) และโครงข่ายประสาทเชิงลึกแบบ Dense Network (DenseNet)
2. เพื่อเปรียบเทียบประสิทธิภาพของโมเดลโดยพิจารณาค่าความถูกต้อง (Accuracy) ค่าความแม่นยำ (Precision) ค่าวัดความถูกต้อง (Recall) และ ค่า F1-Score

1.3 ขอบเขตของงานวิจัย

1. กลุ่มตัวอย่างที่ใช้ในการศึกษาคือ ข้อมูลชุดวิทยุมิได้มาจากเว็บไซต์ Open Source <https://challenge2020.isic-archive.com/> ที่มีการรวบรวมข้อมูลต่างๆของผู้ป่วยโรคมะเร็งผิวหนัง

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนลิขสิทธิ์ไว้เพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า
ไม่ว่ากรณีใดๆ ทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ดัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

2. ตัวแปรที่เกี่ยวข้องได้แก่ เพศ อายุ ข้อมูลรูปภาพ และผลการวินิจฉัยโรคมะเร็งผิวหนัง เมลาโนมา

3. เครื่องมือที่ใช้ในการศึกษาครั้งนี้คือ โปรแกรมภาษาไพธอน (Python) version 6.3.0 และไลบรารีต่าง ๆ เช่น

- Torch ในการปรับชุดข้อมูล (Dataset) ให้อยู่ในรูปแบบอาร์เรย์ (Array) หรือ ตาราง (table)
- Seaborn ในการสร้างแผนภูมิต่างๆ
- Tensorflow สำหรับประมวลผลโมเดลโครงข่ายประสาทเทียม

1.4 ขั้นตอนการดำเนินงาน

1. รวบรวมและจัดเตรียมข้อมูล
2. วิเคราะห์ข้อมูลชนิดรูปภาพจากกล้องส่องบริเวณเนื้องอก ด้วยการวิเคราะห์โครงข่ายประสาทเทียมคอนโวลูชัน (Convolutional Neural Network: CNN) เพื่อจำแนกประเภทของผู้ป่วยที่เป็นมะเร็ง
3. ปรับแต่งค่าพารามิเตอร์จนกระทั่งโมเดลมีความเหมาะสมโดยการค่อยปรับและเปรียบเทียบผลลัพธ์ก่อนหลัง
4. เปรียบเทียบและประเมินโมเดลต่าง ๆ ด้วยค่าความแม่นยำ ค่าความถูกต้องจาก Confusion Matrix

1.5 ประโยชน์ที่คาดว่าจะได้รับ

1. สามารถใช้เป็นเครื่องมือประกอบการวินิจฉัยเบื้องต้นให้แก่แพทย์ในการจำแนกผู้ป่วยโรคมะเร็งผิวหนังชนิดเมลาโนมา
2. ช่วยลดขั้นตอนการตรวจสอบอาการในเบื้องต้น

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า ไม่ว่าจะกรณีใดๆ ทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ดัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

บทที่ 2

ทฤษฎีและงานวิจัยที่เกี่ยวข้อง

2.1 โรคมะเร็งผิวหนัง

2.1.1 สถานการณ์ของโรคมะเร็งของประชากรไทย

ในปีพ.ศ. 2563 โรคมะเร็งถือเป็นสาเหตุอันดับต้น ๆ ของการเสียชีวิตของประชากรทั่วโลกตั้งแต่อดีตจวบจนถึงปัจจุบัน และยังมีแนวโน้มเพิ่มสูงขึ้นเรื่อย ๆ อย่างต่อเนื่อง ทั้งนี้จากสถิติพบว่าโรคมะเร็งเป็นสาเหตุการเสียชีวิต โดยข้อมูลปีพ.ศ. 2563 จากสถาบันมะเร็งโลกมีผู้ป่วยมะเร็งรายใหม่ทั่วโลกประมาณ 19.3 ล้านคน และมีผู้เสียชีวิต จากโรคมะเร็งเกือบ 10 ล้านคน หรืออาจกล่าวได้ว่าการตายประมาณ 1 ใน 6 ของคนทั่วโลกมีสาเหตุมาจากโรคมะเร็ง (รายงานสุขภาพ, 2564) ซึ่งสามารถแบ่งจำนวนเป็นประเภทต่าง ๆ ของมะเร็งดังรูปที่ 2.1



รูปที่ 2.1 จำนวนผู้ป่วยเป็นโรคมะเร็งรายใหม่และผู้เสียชีวิตในปีพ.ศ. 2564

(รายงานสุขภาพคนไทย, 2564)

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า ไม่ว่าจะกรณีใดๆ ทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ดัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

มะเร็งผิวหนังเป็นโรคที่พบได้ไม่บ่อยนักในประเทศไทย เมื่อเทียบกับมะเร็งส่วนอื่น ๆ โดยจากสถิติปี พ.ศ. 2550 – 2553 พบว่ามีอัตราการเกิดมะเร็งผิวหนังในเพศชาย 3.5 ต่อประชากร 100,000 ราย และ เพศหญิง 3.3 ต่อประชากร 100,000 ราย ถึงแม้ว่ามีโอกาสเกิดที่ต่ำ แต่อาจมีอัตราถึงชีวิตได้ ซึ่งมะเร็งผิวหนังเป็นอีกชนิดหนึ่งที่สามารถรักษาให้หายขาดได้ หากตรวจและพบเจอความผิดปกติตั้งแต่ระยะแรก จะสามารถกำจัดเซลล์ที่ผิดปกติออกไปได้หมด (สมาคมแพทย์ผิวหนังแห่งประเทศไทย, 2556)

2.1.2 โรคมะเร็งผิวหนัง

มะเร็งผิวหนังคือเนื้อร้ายที่เกิดบนผิวหนังและเยื่อ เนื่องจากความผิดปกติของการเจริญเติบโต และการแบ่งเซลล์ของผิวหนังและเยื่อ (องค์การอนามัยโลก (WHO), 2020) พบว่าผู้ป่วยโรคมะเร็งผิวหนังยังมีจำนวนมากขึ้นเรื่อย ๆ โดยในแต่ละปีมีผู้ป่วยโรคมะเร็งผิวหนังชนิดที่ไม่ใช่เมลาโนมาประมาณ 2-3 ล้านรายทั่วโลก และมีผู้ป่วยโรคมะเร็งผิวหนังชนิดเมลาโนมาประมาณ 132,000 ราย อย่างไรก็ตามโรคมะเร็งผิวหนังเป็นโรคที่พบน้อยในประเทศไทย แต่หากเป็นโรคมะเร็งบางชนิดมีความรุนแรงที่มาก เช่น มะเร็งผิวหนังชนิดสแควมัสเซลล์ (Squamous Cell) เป็นสาเหตุบริเวณที่เป็นโรคมะเร็ง เลือดจะออกง่ายกว่าปกติและจะขยายตัวไปเรื่อย ๆ อีกหนึ่งชนิดคือมะเร็งผิวหนังชนิดเมลาโนมา (Melanoma) เนื้อร้ายที่เกิดขึ้นบนผิวหนังของมะเร็งชนิดนี้ เริ่มต้นจะมีลักษณะคล้ายกับไฟหรือขี้แมลงวัน แต่จะโตเร็ว ขอบเขตไม่เรียบและอาจมีสีไม่สม่ำเสมอ ทั้งนี้ที่บริเวณแผลอาจตกสะเก็ดหรือมีอาการเลือดออกด้วย (พบแพทย์, 2558)

2.1.3 ลักษณะของเซลล์มะเร็งผิวหนัง

ลักษณะพื้นฐานของเซลล์มะเร็งผิวหนังสามารถสรุปได้ต่อไปนี้

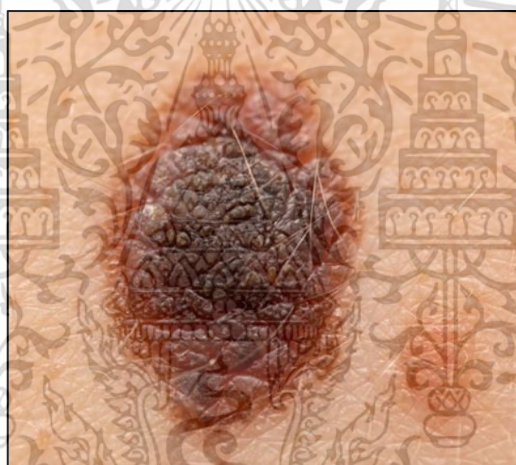
1. เซลล์มะเร็งจะมีการเจริญเติบโตที่ไม่สามารถควบคุมได้ ส่วนเซลล์ปกติมีการแบ่งตัวที่แน่นอนโดยอาศัยยีนและผลผลิตของยีน คือโปรตีนในการควบคุมการเข้าสู่ระยะต่าง ๆ ของการแบ่งตัว แต่เซลล์มะเร็งมีการเปลี่ยนแปลงของยีน ทำให้กลไกการควบคุมการแบ่งตัวของเซลล์ผิดปกติไป โดยเป็นการแบ่งตัวที่ไม่สามารถควบคุมได้

2. การแบ่งตัวของเซลล์มะเร็งจะมีการแบ่งตัวสูงและยากต่อการควบคุมตามปกติ ระดับการทำหน้าที่ของเซลล์จะแตกต่างกันออกไป การเกิดเซลล์มะเร็งจะเพิ่มเซลล์ที่มีความสามารถในการแบ่งตัวสูง ส่งผลให้เซลล์แบ่งตัวสูงมากจึงทำให้เซลล์มะเร็งมีการแบ่งตัวอย่างควบคุมไม่ได้

3. มีการกลายพันธุ์ที่ระดับยีน ทำให้เซลล์มะเร็งมีความทนต่อการขาดสารอาหาร ไวต่อการกระตุ้นการเจริญเติบโตและอัตราการแบ่งตัวสูง

4. การตายของเซลล์ปกติจะมีกระบวนการพื้นฐานในการกำหนดว่าเซลล์ใดจะ ถูกทำลายไปหรือตายไป เพื่อรักษาดุลของการเจริญเติบโตของเซลล์ให้อยู่ในสภาพคงที่ และควบคุมได้ แต่ความผิดปกติที่เกิดขึ้นกับเซลล์มะเร็ง ทำให้ไม่ตายและแบ่งตัวได้บ่อยครั้งกว่าเซลล์ปกติ

5. ความสามารถในการแพร่กระจาย เซลล์มะเร็งมีความสามารถในการแพร่กระจายไปยังอวัยวะที่อยู่ห่างไกลจากต้นกำเนิดของเซลล์มะเร็งได้



รูปที่ 2.2 ตัวอย่างภาพเซลล์มะเร็งผิวหนัง (นิตยสารชีวจิต, 2021)

2.1.4 ประเภทของมะเร็งผิวหนัง

2.1.4.1 โรคมะเร็งผิวหนังเมลาโนมา

มะเร็งผิวหนังเมลาโนมาเป็นมะเร็งผิวหนังชนิดร้ายแรงที่พัฒนาในเซลล์เมลาโนไซต์ที่ทำหน้าที่ในการสร้างเม็ดสีบนผิวหนัง มะเร็งชนิดนี้สามารถแพร่กระจายไปยังส่วนอื่นๆ ของร่างกายโดยเฉพาะในบริเวณจมูกและลำคอ สาเหตุของมะเร็งผิวหนังเมลาโนมายังไม่ชัดเจน อย่างไรก็ตามรังสีอัลตราไวโอเล็ต (UV) ถือเป็นปัจจัยที่อาจเพิ่มความเสี่ยงต่อการเป็นมะเร็งผิวหนังได้ (โรงพยาบาลเมตพาร์ค, 2020)

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า ไม่ว่าจะกรณีใดๆ ทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ดัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

โดยปกติแล้วมะเร็งผิวหนังชนิดเมลาโนมาพบได้น้อย แต่มีความรุนแรงมาก โดยเป็นสาเหตุการตายถึง 75% ของผู้ป่วยมะเร็งผิวหนังทั้งหมด (รังสิมา, 201) ซึ่งทั่วไปพบผู้ป่วยมะเร็งผิวหนังชนิดนี้ได้ถึงปีละ 160,000 รายทั่วโลก โดยส่วนใหญ่เป็นในประชากรผิวขาว

2.1.4.2 โรคมะเร็งผิวหนังสควมัสเซลล์

โรคมะเร็งผิวหนังพบในผู้ป่วยทั้งเพศชายและหญิงที่มีอายุมากกว่า 50 ปีขึ้นไป ระยะเริ่มจะเป็นก้อนขนาดเล็ก สีผิวปกติหรือแดงเล็กน้อย แฉก ขอบเขตไม่ชัดเจน ผิวมักจะขรุขระ และอาจมีขุยร่วมด้วย ต่อมารอยโรคจะกว้างออกและลึกลงไปเรื่อย ๆ จนผิวแตกออกเป็นแผล มีสะเก็ด เลือดออก และมีกลิ่นเหม็น มักพบบริเวณผิวหนังที่ถูกแสงแดดเป็นประจำ เช่น ใบหน้า หนังศีรษะ แขน และหน้าอก มะเร็งผิวหนังชนิดนี้จะมักมีขอบเขตไม่ชัดเจน มีผิวขรุขระ และมีขุย มักแตกออกเป็นแผล

2.1.4.3 โรคมะเร็งผิวหนังเบเซลเซลล์

โรคมะเร็งผิวหนังเบเซลเซลล์พบในผู้ป่วยทั้งเพศชายและหญิงที่มีอายุมากกว่า 50 ปีขึ้นไป ลักษณะเป็นตุ่มผิวเรียบ ขอบจะมนวาว บางครั้งขอบอาจมีขนาดเล็กเท่าเส้นด้าย และอาจมีหลอดเลือดฝอยเล็ก ๆ ที่ผิว ในคนไทยตุ่มมักมีสีดำหรือสีน้ำตาลปะปนเล็กน้อยแตกต่างกัน บางรายอาจมีแผลแตกตรงกลางรอยโรค ขยายกว้างออกช้า ๆ ตำแหน่งที่พบบ่อยที่สุดคือศีรษะและลำคอ โดยเฉพาะอย่างยิ่งที่จมูก ลักษณะเด่นของมะเร็งผิวหนังชนิดนี้มักมีสีน้ำตาลหรือดำ ล้อมรอบด้วยขอบมนวาว ยกและมันวาว

2.1.5 สาเหตุของการเกิดโรคมะเร็งผิวหนัง

สาเหตุของโรคมะเร็งผิวหนัง คือการกลายพันธุ์ของดีเอ็นเอภายในเซลล์ผิวหนัง ทำให้เกิดการเจริญเติบโตและการแบ่งตัวของเซลล์ที่ผิดปกติ ส่วนสาเหตุที่ทำให้เซลล์ผิวหนังเกิดความผิดปกตินั้น ส่วนใหญ่แล้วเกิดจากรังสีอัลตราไวโอเล็ตในแสงแดด หรือแสงสังเคราะห์ที่นิยมใช้ในเตียงอาบแดด เป็นต้น ทั้งนี้แสงแดดไม่ใช่สาเหตุเดียวที่ทำให้เกิดโรคมะเร็งเท่านั้น เพราะยังมีปัจจัยอื่น ๆ ที่ก่อให้เกิดมะเร็งได้อีกด้วย อาทิ การสัมผัสกับสารพิษอันตรายเป็นเวลานาน ๆ หรือระบบภูมิคุ้มกันที่อ่อนแอ โดยปัจจัยเสี่ยงของโรคมะเร็งผิวหนังมี ดังนี้ (พบแพทย์, 2558)

1. มีผิวขาวซีด เนื่องจากผิวหนังมีเม็ดสีน้อยกว่า

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น เมื่ออนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้าไม่ว่ากรณีใดๆ ทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ดัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

2. อยู่กลางแดดเป็นเวลานานจนเกินไป โดยไม่ใช้อุปกรณ์ป้องกันหรือทาครีมกันแดด
3. อาศัยอยู่ในแถบที่มีแสงแดดจัด หรืออยู่ในที่สูง
4. มีไฟหรือซีแมลงวันมากผิดปกติ
5. ในครอบครัวมีประวัติว่าเคยเป็นมะเร็งผิวหนัง หรือผู้ป่วยเคยเป็นมะเร็งผิวหนัง
6. มีภูมิคุ้มกันอ่อนแอ เป็นผู้ติดเชื้อ HIV
7. ได้รับรังสีที่เป็นอันตรายติดต่อกันนาน ๆ
8. มีประวัติการถูกสารเคมี เช่น สารหนู หรือสัมผัสกับสารเคมีเป็นเวลานาน ๆ

2.1.6 อาการและอาการแสดงของโรคมะเร็งผิวหนัง

โรคมะเร็งผิวหนังมีอาการที่เกิดขึ้นบริเวณผิวหนัง สามารถมองเห็นได้ด้วยตาเปล่า และสามารถเกิดได้ทั่วร่างกาย โดยเฉพาะบริเวณ แขน ขา มือ ใบหน้า หรือบริเวณที่ต้องถูกแสงแดดเป็นเวลานาน ๆ ทั้งนี้อาการของมะเร็งผิวหนังจะแตกต่างกันตามชนิดของมะเร็งผิวหนังดังนี้

- มะเร็งผิวหนังชนิดเมลาโนมา: เนื้อร้ายที่เกิดขึ้นบนผิวหนังของมะเร็งชนิดนี้ เริ่มต้นจะมีลักษณะคล้ายกับไฟหรือซีแมลงวัน แต่จะโตเร็ว ขอบเขตไม่เรียบและอาจมีสีไม่สม่ำเสมอ ทั้งนี้ที่บริเวณแผลอาจตกสะเก็ดหรือมีอาการเลือดออกด้วยเช่นกัน
- มะเร็งผิวหนังชนิดสควamousเซลล์ อาการของมะเร็งชนิดนี้จะเริ่มต้นจากตุ่มเนื้อสีชมพู หรือแดง และด้านบนอาจมีลักษณะเป็นขุย หรือตกสะเก็ด เมื่อสัมผัสบริเวณแผลจะรู้สึกแข็ง เลือดออกง่าย แผลจะค่อย ๆ ขยายขนาดไปเรื่อย ๆ และกลายเป็นแผลเรื้อรังในที่สุด
- มะเร็งผิวหนังชนิดเบซัลเซลล์ อาการที่เห็นได้ชัดคือจะมีตุ่มเนื้อสีชมพู แดง มีลักษณะผิวเรียบมัน และมักจะมีเส้นเลือดฝอยเล็ก ๆ กระจายอยู่บริเวณตุ่มเนื้อ บางครั้งก็มีลักษณะเป็นสะเก็ดหรือเป็นขุย ตุ่มเนื้อจากมะเร็งชนิดนี้จะโตช้า และจะโตไปเรื่อย ๆ จนอาจแผลแตกในที่สุด ทำให้มีเลือดออกและกลายเป็นแผลเรื้อรัง

2.1.7 การวินิจฉัยโรคและแนวทางการรักษาโรคมะเร็งผิวหนัง

แพทย์จะทำการวินิจฉัยจากภายนอกด้วยการสังเกตความผิดปกติของผิวหนังอีกครั้ง หากบริเวณที่ผิดปกตินั้นมีความน่าสงสัยว่าจะเป็นมะเร็ง แพทย์จะตัดชิ้นเนื้อนำตัวอย่างผิวหนังบริเวณที่ต้องสงสัยไปทำการตรวจด้วยวิธีทางพยาธิวิทยา ซึ่งเป็นวิธีที่มีความแม่นยำสูง ทั้งนี้ หากแพทย์พบว่า ตัวอย่างผิวหนังที่ตัดไปตรวจนั้นเป็นเนื้อร้าย แพทย์อาจส่งตรวจเอกซเรย์ เอกซเรย์คอมพิวเตอร์ หรือ เอกซสแกนเป็นเอกสารที่ส่งมอบไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า ไม่ว่าจะกรณีใดๆ ทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ดัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

ตรวจเลือดเพิ่มเติม เพื่อวิเคราะห์ว่ามะเร็งผิวหนังที่เป็นนั้นอยู่ในระยะใด ทั้งนี้ในการแบ่งระยะของโรคมะเร็งผิวหนังจะคล้ายคลึงกับมะเร็งชนิดอื่น ๆ ซึ่งจะมีการแบ่งออกเป็น 4 ระยะ โดยแพทย์จะทำการวิเคราะห์ขนาดของก้อนเนื้อมะเร็ง และตรวจวินิจฉัยว่ามะเร็งมีการแพร่กระจายไปยังต่อมน้ำเหลืองหรืออวัยวะอื่น ๆ หรือไม่ แล้วจึงจะระบุได้ว่าผู้ป่วยเป็นมะเร็งในระยะใด

การรักษามะเร็งผิวหนัง วิธีที่ดีที่สุดคือการผ่าตัดเอามะเร็งผิวหนังออกให้หมด ถ้ารอยโรคมะเร็งผิวหนังมีขนาดเล็กลงกว่า 2 เซนติเมตร อาจใช้วิธีการรักษาโดยการขูดออกพร้อมกับการจี้ด้วยไฟฟ้าหรือจี้ด้วยไนโตรเจนเหลว แต่ถ้ามะเร็งกระจายไปส่วนอื่นแล้วต้องใช้เคมีบำบัด บางครั้งอาจต้องใช้การฉายแสงร่วมด้วย เช่น มะเร็งแพร่กระจายไปยังกระดูกและสมอง การผ่าตัดมะเร็งผิวหนังออกให้หมดยังมีปัญหาเนื่องจากเราไม่สามารถรู้ขอบเขตการกระจายของมะเร็ง นายแพทย์ Frederic E Mohs จึงคิดค้นวิธีการผ่าตัดที่เรียกว่า Mohs Micrographic Surgery (MMS) ซึ่งจะช่วยผ่าตัดมะเร็งผิวหนังออกให้หมด ถึงแม้ขอบเขตของมะเร็งจะเห็นไม่ชัด และสูญเสียเนื้อเยื่อปกติบริเวณรอบ ๆ รอยโรคได้น้อยที่สุด การรักษาวิธีนี้ได้ผลดีคิดเป็นร้อยละ 90-95 (คณะแพทยศาสตร์ศิริราชพยาบาล, 2560)

2.2 การวิเคราะห์ความสัมพันธ์ระหว่างตัวแปร

ตัวแปร (Variable) หมายถึง คุณลักษณะหรือคุณสมบัติของสิ่งต่าง ๆ ที่สามารถแปรค่าได้ เช่น น้ำหนัก ส่วนสูง อายุ เพศ ผลสัมฤทธิ์ทางการเรียน ระดับสติปัญญา เชื่อชาติ เป็นต้น ในการวิจัยโดยทั่ว ๆ ไป มักจะแบ่งตัวแปรออกเป็น 2 ชนิด คือ ตัวแปรต้นและตัวแปรตาม (ปาจรี, 2549)

ความสัมพันธ์ระหว่างตัวแปร หมายถึง การพรรณนาเกี่ยวกับการปรากฏขึ้นพร้อมกันของตัวแปร โดยมี 2 ลักษณะ คือ 1. ความสัมพันธ์ทิศทางเดียวกัน เป็นความสัมพันธ์เมื่อค่าตัวแปรหนึ่งสูงขึ้น ตัวแปรอีกตัวหนึ่งก็จะมีค่าสูงตามกันไปด้วยหรือเรียกว่าความสัมพันธ์เชิงบวก 2. ความสัมพันธ์ทิศทางตรงกันข้าม เป็นความสัมพันธ์ในลักษณะเมื่อค่าตัวแปรหนึ่งเพิ่มขึ้นอีกตัวแปรหนึ่งจะลดลง หรือเรียกว่าความสัมพันธ์เชิงลบโดยเพื่อจะวิเคราะห์ตัวแปรต่าง ๆ สำหรับนำไปประมวลผลโมเดลนั้น ตัวแปรที่จะนำไปประมวลผลต้องมีความสัมพันธ์กับตัวแปรตามหรือในงานวิจัยนี้คือประเภทของผู้ป่วย

2.2.1 การทดสอบไคสแควร์สำหรับข้อมูลจำแนกสองทาง

การทดสอบไคสแควร์ (Chi-Square Test) สำหรับข้อมูลจำแนกสองทาง ((Two - Way Contingency Table)) เป็นการทดสอบเพื่อพิจารณาว่าตัวแปรสองตัวมีความสัมพันธ์กันหรือไม่ ดังนั้นจึงเรียกว่าการทดสอบความเป็นอิสระ (The Test for Independence) โดยข้อมูลที่นำมา

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า
ไม่ว่ากรณีใดๆ ทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ดัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

ทดสอบข้อมูลที่ได้อยู่ในระดับนามบัญญัติ (Nominal Scale) ซึ่งอาจเป็นจำนวนความถี่ สัดส่วน หรือร้อยละ โดยตัวแปรที่ 1 จะ แบ่งเป็น r กลุ่ม (แถว) และ ตัวแปรที่ 2 จะแบ่งเป็น c กลุ่ม (คอลัมน์) จะเรียกรายนี้ว่า ตารางการณั้จรขนาด r x c (r x c Contingency Table) โดยสมมติฐานทางสถิติ สามารถเขียนได้ดังนี้

H_0 : ตัวแปรที่ 1 ไม่มีความสัมพันธ์กับตัวแปรที่ 2

H_1 : ตัวแปรที่ 1 มีความสัมพันธ์กับตัวแปรที่ 2

ตัวสถิติทดสอบไคสแควร์สามารถคำนวณได้ดังสมการที่ 2.1

$$\chi^2 = \sum_{i=1}^r \sum_{j=1}^c \frac{(O_{ij} - E_{ij})^2}{E_{ij}} \quad (2.1)$$

โดย χ^2 แทน ไคสแควร์ที่องศาแห่งความเป็นอิสระ (df) = (r-1)(c-1)

O_{ij} แทน ความถี่ที่ได้จากสังเกตใน Cell (i,j)

E_{ij} แทน ความถี่คาดหวังใน Cell (i,j)

2.2.2 สหสัมพันธ์แบบพอยท์ไบซีเรียล

สหสัมพันธ์แบบพอยท์ไบซีเรียล (Point Biserial Correlation) เป็นวิธีที่ใช้วัดความสัมพันธ์ระหว่างตัวแปร โดยที่ตัวแปรหนึ่งเป็นตัวแปรต่อเนื่อง และอีกตัวแปรหนึ่งที่เป็นลักษณะระดับนามบัญญัติที่จำแนกเป็น 2 กลุ่ม โดยสมมติฐานทางสถิติ สามารถเขียนได้ดังนี้

H_0 : ตัวแปรที่ 1 ไม่มีความสัมพันธ์กับตัวแปรที่ 2 ($r = 0$)

H_1 : ตัวแปรที่ 1 มีความสัมพันธ์กับตัวแปรที่ 2 ($r \neq 0$)

ตัวสถิติทดสอบพอยท์ไบซีเรียลสามารถคำนวณได้ดังสมการที่ 2.2

$$r_{pb} = \frac{\bar{X}_p - \bar{X}_q}{S_t} \sqrt{pq} \quad (2.2)$$

โดย r_{pb} แทน ค่าสัมประสิทธิ์สหสัมพันธ์แบบพอยท์ไบซีเรียล

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า ไม่ว่าจะกรณีใดๆ ทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ดัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

\bar{X}_p	แทน ค่าเฉลี่ยของตัวแปรต่อเนื่อง ในกลุ่มลักษณะที่ 1
\bar{X}_q	แทน ค่าเฉลี่ยของตัวแปรต่อเนื่อง ในกลุ่มลักษณะที่ 2
p	แทน ค่าสัดส่วนของลักษณะที่ 1
q	แทน ค่าสัดส่วนของลักษณะที่ 2
S_i	แทน ส่วนเบี่ยงเบนมาตรฐานของข้อมูลต่อเนื่องทั้งหมด

2.3 โครงข่ายประสาทเทียมคอนโวลูชัน(Convolutional Neural Networks: CNNs)

โครงข่ายประสาทเทียมคอนโวลูชันเป็นสถาปัตยกรรมที่ถูกนำไปประยุกต์ใช้กันเป็นอย่างแพร่หลายในปัจจุบัน โดย CNN นั้นแตกต่างจากเทคนิคการเรียนรู้ของเครื่อง (Machine Learning Techniques) อื่น ๆ ตรงที่ ประการแรกคือ CNN มีความสามารถที่จะเป็นตัวจับลักษณะสำคัญของข้อมูล โดยแปลงข้อมูลดิบที่รับเข้ามาไปเป็นลักษณะสำคัญที่มีระดับสูงขึ้นไป โดยข้อมูลที่รับเข้ามาผ่านชั้นต่าง ๆ ทั้งชั้นคอนโวลูชัน (Convolutional Layer) ซึ่งจะช่วยจับลักษณะสำคัญจากข้อมูลที่รับเข้ามาแล้วส่งต่อไปให้ชั้นการรวม (Pooling Layer) ซึ่งจะทำการลดขนาดข้อมูลเพื่อเอาเฉพาะข้อมูลที่มีความสำคัญเอาไว้ และอาจจะปิดท้ายด้วยชั้นการเชื่อมโยงเต็มรูปแบบ (Fully Connected Layer) ซึ่งมักจะมีหลายชั้น เมื่อเปรียบเทียบกับ Feedforward Neural Network ทุกหน่วยของ Feedforward Neural Network นั้น จะเชื่อมกับทุกหน่วยที่อยู่ในชั้นก่อนหน้าและเชื่อมกับทุกหน่วยที่อยู่ในชั้นถัดไป ในขณะที่ CNN จะถูกจำกัดขอบเขตของส่วนที่จะรับข้อมูลเอาไว้ในชั้นคอนโวลูชัน ทำให้ใช้พารามิเตอร์สำหรับเรียนรู้น้อยกว่า ในแต่ละชั้นของ CNN คำนวณเข้าจะถูกผูกเข้ากับเมทริกซ์ค่าน้ำหนักที่เรียกว่าตัวกรอง (Filter) เพื่อที่จะให้สร้าง Feature Map ขึ้นมา เมทริกซ์ค่าน้ำหนักนี้จะเลื่อนเพื่อรับคำนวณเข้าไปเรื่อย ๆ โดยในการเลื่อนแต่ละครั้งจะมีการคำนวณผลคูณเชิงสเกลาร์ระหว่างคำนวณเข้า แล้วเมทริกซ์ค่าน้ำหนัก พิจารณาคำนวณเข้าหนึ่งมิติ $x = (x_i)_{i=0}^{N-1}$ จะได้ผลลัพธ์จากขั้นแรกของการทำคอนโวลูชัน โดยมีตัวกรอง w_h^1 สำหรับ $h = 1, \dots, M_1$ ออกมาเป็นสมการที่ 2.3

$$a^1(i, h) = (w_h^1 * x)(i) = \sum_{j=-\infty}^{\infty} w_h^1(j) x(i - j) \quad (2.3)$$

โดยมีเมทริกซ์ค่าน้ำหนักมีค่าเท่ากับหนึ่งด้วยและมีขนาดของตัวกรอง W และจะเหมือนกับ

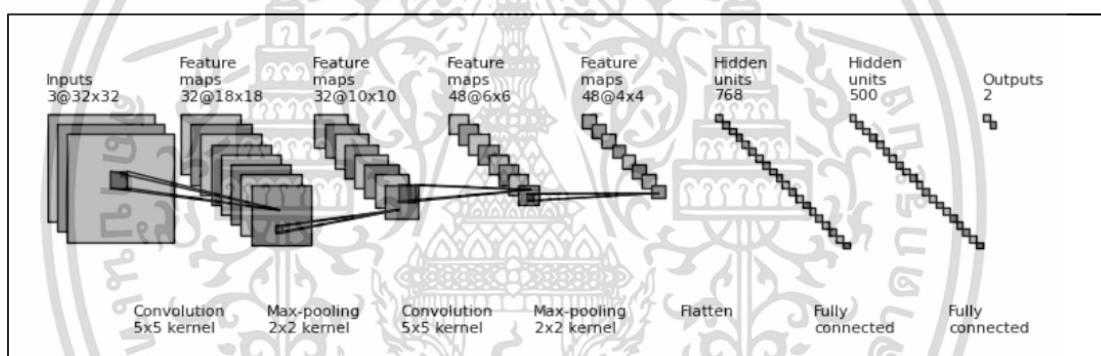
ค่าที่ได้ออกมาจะถูกส่งผ่านฟังก์ชันแบบไม่เป็นเชิงเส้น $h(\bullet)$ ซึ่งจะได้ $f^1 = h(a^1)$

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า ไม่ว่าจะกรณีใดๆ ทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ดัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

ในแต่ละชั้นย่อย ๆ ที่ $l=2, \dots, L$ จะรับค่านำเข้าจากผลลัพธ์ของชั้นก่อนหน้า $f^{l-1} \in \mathbb{R}^{1 \times N_{l-1} \times M_{l-1}}$ คือขนาดของผลลัพธ์ที่ $N_{l-1} = N_{l-2} - k + 1$ ค่านำเข้า f^{l-1} จะถูกผูกเข้ากับตัวกรอง $w_h^l \in \mathbb{R}^{1 \times N_{l-1} \times M_{l-1}}$ ทำให้ได้ Feature Map $a^l \in \mathbb{R}^{1 \times N_{l-1} \times M_{l-1}}$ ดังสมการที่ 2.4

$$a^l(i, h) = (w_h^l * f^{l-1})(i) = \sum_{j=-\infty}^{\infty} \sum_{m=1}^{M_{l-1}} w_h^l(j, m) f^{l-1}(i - j, m) \quad (2.4)$$

จากนั้นผลลัพธ์ที่ได้จะถูกส่งเข้าฟังก์ชันแบบไม่เป็นเชิงเส้นเพื่อให้ได้ $f^l = h(a^l)$ ในที่สุดผลลัพธ์ของโมเดลที่ได้จากชั้นสุดท้ายจะเป็นเมทริกซ์ f^L ซึ่งขนาดจะขึ้นกับขนาดของตัวกรองและจำนวนตัวกรองที่ใช้ในชั้นสุดท้าย โดยโมเดลจะเรียนรู้ด้วยการลดค่าความผิดพลาดระหว่างผลลัพธ์ของโมเดล f^L กับค่าผลลัพธ์แท้จริง



รูปที่ 2.3 ตัวอย่างโครงสร้างของโครงข่ายประสาทเทียมตื้นตอนไวลูชัน (Ding, 2018)

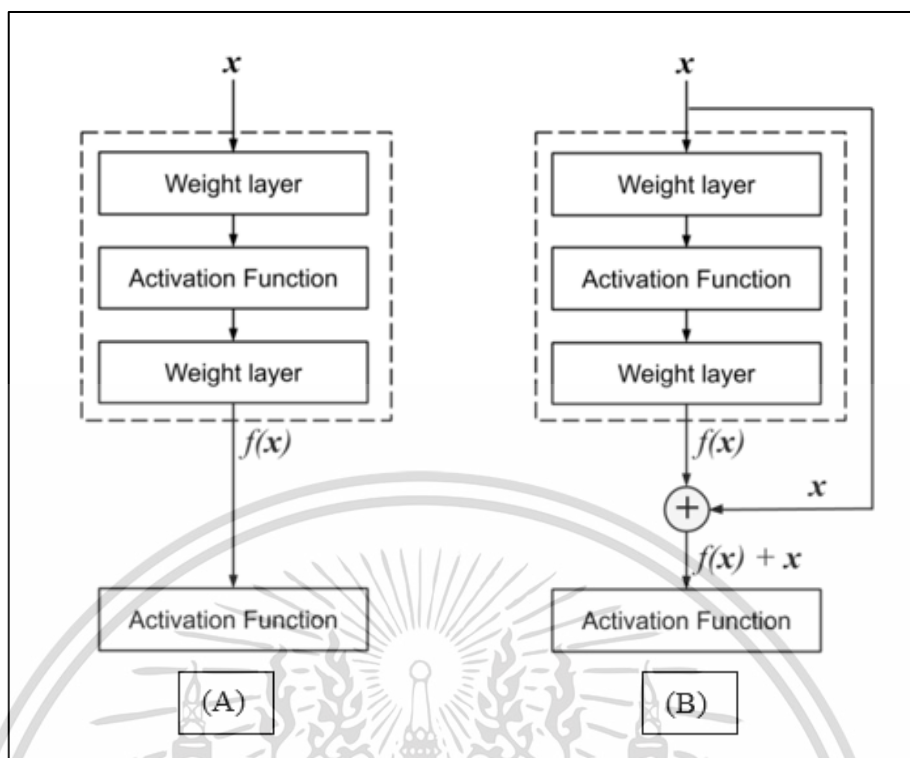
รูปที่ 2.3 แสดงขั้นตอนต่าง ๆ ของโครงข่ายประสาทเทียมตั้งแต่รับอินพุตทำ Convolution เพื่อสร้าง Feature Map สำหรับนำไปใช้กับอินพุต ถัดมาเป็นการทำ Pooling Layer เพื่อลดขนาดของเอาต์พุตที่ได้จากชั้นก่อนหน้าให้ลดลง แต่ยังคงคุณสมบัติของข้อมูลไว้ ต่อมาจะเป็น Flatten Layer ทำการแปลงข้อมูลเอาต์พุตที่มีหลายมิติให้เป็นมิติเดียวเพื่อเตรียมข้อมูลให้อยู่ในรูปแบบเป็นอินพุตของชั้นถัดไป คือ Fully Connected ข้อมูลจากทุก ๆ อินพุตจะเชื่อมต่อไปยังเอาต์พุตทุก ๆ Node โดยแต่ละการเชื่อมต่อจะคูณด้วยค่าน้ำหนัก (Weight) ที่ต่างกันและที่ทุก ๆ Node ของเอาต์พุตจะสามารถกำหนด Activation ที่เหมาะสมได้

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า ไม่ว่าจะกรณีใดๆ ทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ดัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

2.3.1 โครงข่ายประสาทเชิงลึกแบบ Residual Network (ResNet)

สถาปัตยกรรมเป็นตัวกำหนดโครงสร้างในแต่ละชั้นว่าจะมีการเชื่อมต่อกันอย่างไร หรือใช้ฟังก์ชันกระตุ้นแบบไหน ขนาดฟิลเตอร์เป็นเท่าไร โดยมีสถาปัตยกรรมหลาย ๆ ตัวที่มีชื่อเสียงและทำงานอย่างมีประสิทธิภาพ ณ ช่วงเวลาหนึ่ง เช่น AlexNet GoogLeNet และ VGG ตัวอย่างงานวิจัยของ จักรินทร์(2563) ได้ทำการศึกษาการแยกประเภทของภาพใบละดอกของรูปต้นไม้ต่างๆ ด้วยโครงข่ายประสาทเทียมแบบ AlexNet GoogLeNet เพื่อเปรียบเทียบประสิทธิภาพต่างๆ ของโมเดล เป็นต้น ดังนั้นสถาปัตยกรรมใหม่ ๆ ที่ถูกนำเสนอมีประสิทธิภาพดีขึ้นแต่มาพร้อมกับความลึกที่มากขึ้น กล่าวคือเพิ่มจำนวนชั้นและความซับซ้อนมากยิ่งขึ้น อย่างไรก็ตามมีงานวิจัยที่นำเสนอโดย (He et al., 2015) แสดงให้เห็นว่า เมื่อความลึกเพิ่มขึ้นถึงจุดหนึ่งประสิทธิภาพกลับไม่ได้ดีขึ้น หนึ่งในสาเหตุสำคัญก็คือการ Optimization เช่น ปัญหา Gradient Vanishing ส่งผลให้ค่าเกรเดียนต์สูญหาย เป็นต้น Residual Networks (ResNet) ซึ่งมีการออกแบบที่สำคัญที่ทำให้ได้ประสิทธิภาพดี ถึงแม้ว่าจะมีความลึกมากก็ตาม โดยได้นำเสนอเทคนิคที่เรียกว่า Skip Connection โดยโครงสร้างของ ResNet ซึ่งเป็นโครงสร้างที่ประกอบขึ้นจาก Residual Block ต่อกัน ResNet สามารถให้ประสิทธิภาพดี ถึงแม้จะมีความลึกมากขึ้นก็ตาม เช่น ResNet50, ResNet152 ที่มีความลึกถึง 50 และ 152 ชั้น ตามลำดับ

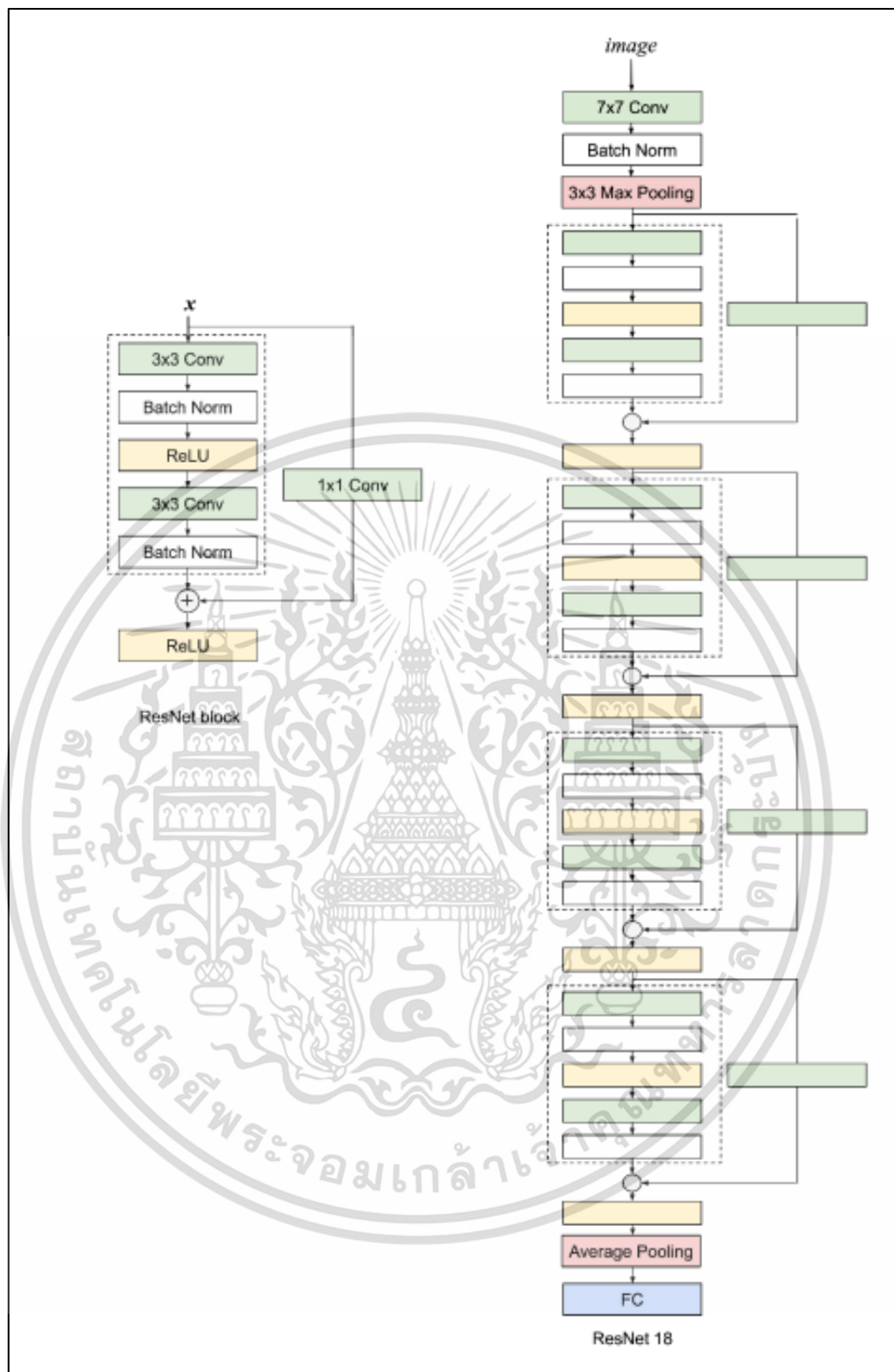
จากรูปที่ 2.4(a) เป็นตัวอย่างของโครงข่ายประสาทเทียมแบบปกติ และรูปที่ 2.3(b) โครงข่ายประสาทเทียมด้วยโมเดล ResNet Residual Blocks ใช้วิธีการทำ Skip Connection เป็นทางลัดเพื่อใช้ข้ามชั้นคอนโวลูชันในบางชั้น เนื่องจากการคอนโวลูชันในบางชั้นอาจไม่มีความจำเป็นค่าถ่วงน้ำหนัก สามารถให้เป็น 0 ได้ โดยที่ข้อมูลเข้าจะส่งผ่านไปชั้นถัดไปได้โดยไม่มีการสูญหาย ซึ่งโครงสร้างของ Residual Block หากเทียบกับแบบปกติที่ไม่มี Skip Connection เมื่อ X คือข้อมูลเข้า ข้อมูลเข้าจะผ่านการถ่วงน้ำหนัก $f(x)$ แล้วส่งต่อไปยังฟังก์ชันกระตุ้น แต่ในกรณีของ Residual Block ข้อมูลเข้าถ่วงน้ำหนักแล้วจะนำมารวมกับข้อมูลเข้าอีกที $f(x) + x$ ก่อนส่งไปฟังก์ชันกระตุ้น



รูปที่ 2.4 ตัวอย่างโครงสร้างของโครงข่ายประสาทเทียมโดย (a) คือโครงข่ายประสาทเทียมแบบปกติ และ (b) คือโครงข่ายประสาทเทียมด้วยโมเดล ResNet Residual Blocks (ณัฐวัตติ, 2020)

รูป 2.5 แสดงถึงโมเดล ResNet ซึ่งจะมีโครงสร้างที่ประกอบขึ้นจาก Residual Block ต่อกัน โดยที่ชั้นแรกของโครงข่ายจะใช้ฟิลเตอร์ขนาด 7×7 และให้เอาต์พุตเป็น 64 และกำหนด Stride เป็น 2 ตามด้วยการทำ Batch Normalization และการทำพูลลิ่งค่าสูงสุด (Max Pooling) ในขั้นต่อ ๆ ไปจะประกอบขึ้นจาก Residual Blocks มีโครงสร้างข้างในประกอบด้วยชั้นคอนโวลูชันที่ใช้ฟิลเตอร์ขนาด 3×3 , Batch Normalization และ ฟังก์ชันกระตุ้นเป็น Rectifier เชิงเส้น (ReLU) และในส่วนท้ายของโครงข่ายจะทำพูลลิ่งแบบค่าเฉลี่ย (Average Pooling) ก่อนจะเข้าสู่ขั้นตอนการจำแนก (Classification) ต่อไป

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า ไม่ว่าจะกรณีใดๆ ทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ดัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้



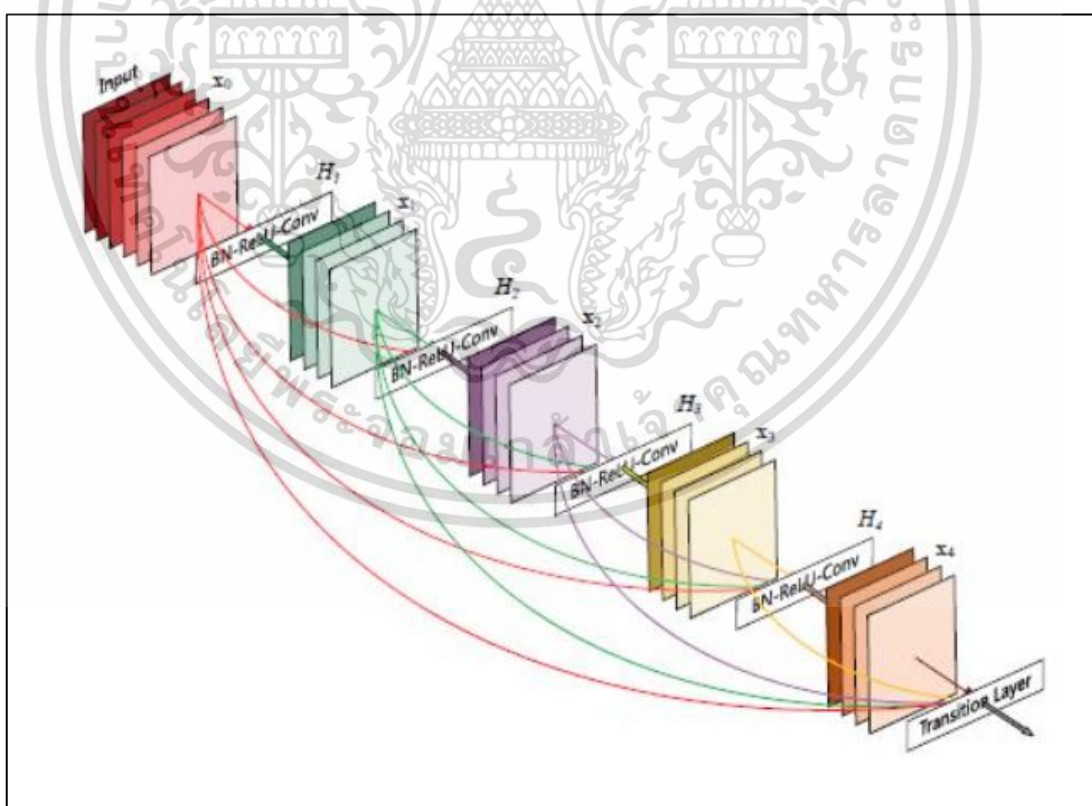
รูปที่ 2.5 โครงสร้างของ ResNet (ณัฐวดี, 2020)

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า
ไม่ว่ากรณีใดๆ ทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ดัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

2.3.2 โครงข่ายประสาทเชิงลึกแบบ Dense Network (DenseNet)

สำหรับ Convolutional Neural Network (CNN) แบบ Feed-Forward ตั้งแต่เริ่มแต่ละชั้น Convolutional ยกเว้นชั้นแรก (รับอินพุต) จะได้รับเอาต์พุตของเลเยอร์ Convolutional ก่อนหน้า และสร้างแผนที่คุณลักษณะเอาต์พุตที่ส่งต่อไปยังชั้นถัดไป ดังนั้นสำหรับแต่ละเลเยอร์ จึงมีการเชื่อมต่อโดยตรงและเชื่อมต่อระหว่างของแต่ละชั้นและชั้นถัดไป โดยจำนวน เลเยอร์ใน CNN จะเพิ่มขึ้นเมื่อชั้นลึกขึ้นทำให้เส้นทางของข้อมูลจากอินพุตไปยังเลเยอร์เอาต์พุตเพิ่มขึ้น อาจทำให้ข้อมูลบางอย่างหายไปหรือสูญหายได้ ซึ่งลดประสิทธิภาพของโครงข่ายประสาทเทียมได้

DenseNet สามารถแก้ไขปัญหานี้โดยการปรับเปลี่ยน CNN มาตรฐานและทำให้รูปแบบการเชื่อมต่อระหว่างเลเยอร์ง่ายขึ้นซึ่งประกอบไปด้วย 1. Connectivity 2. DenseBlocks 3. Growth Rate 4. Bottleneck Layers โดย DenseNet นั้นในแต่ละเลเยอร์จะเชื่อมต่อโดยตรงกับทุกเลเยอร์เรียกว่า Densely Connected Convolutional Network สำหรับเลเยอร์ที่มีการเชื่อมต่อโดยตรงที่ $L(L+1)/2$ โดยจะมีโครงสร้างดังรูปที่ 2.6



รูปที่ 2.6 โครงสร้างของ DenseNet (Huang, 2016)

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า ไม่ว่าจะกรณีใดๆ ทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ดัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

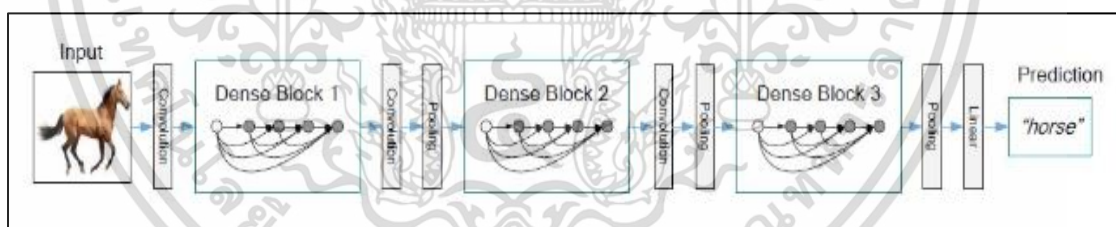
1) Connectivity

ในแต่ละเลเยอร์ Feature ของเลเยอร์ก่อนหน้าทั้งหมดจะไม่ถูกรวมเข้าด้วยกัน แต่จะเชื่อมเข้าด้วยกันและใช้เป็นอินพุต ดังนั้น DenseNets จึงต้องการพารามิเตอร์น้อยกว่า CNN แบบเดิม และทำให้สามารถใช้คุณลักษณะซ้ำได้ เนื่องจากการลดคุณลักษณะที่ซ้ำซ้อน ดังนั้น เลเยอร์ถัด ๆ ไปจะได้รับพีเจอร์แมปของเลเยอร์ก่อนหน้าทั้งหมด, x_0, \dots, x_{l-1} โดยที่

$$x_l = H_l([x_0, x_1, \dots, x_{l-1}])$$

2) DenseBlocks

ในการนำข้อมูลไปใช้ การต่อข้อมูลไม่สามารถทำได้หากขนาดของคุณลักษณะเปลี่ยนไป อย่างไรก็ตาม ส่วนสำคัญของ CNN คือการสุ่มตัวอย่างเลเยอร์ ซึ่งลดขนาดของพีเจอร์แมปที่ผ่านการลดมิติลดเวลาในการคำนวณ และเพื่อให้สามารถนำไปใช้ได้การทำงานของ DenseNets จะถูกแบ่งออกเป็น DenseBlocks ซึ่งจะมีขนาดของการแมปคุณลักษณะที่ยังอยู่ภายในบล็อก โดยที่แต่จำนวนตัวกรองระหว่างกันจะเปลี่ยนไป และจะมีเลเยอร์ระหว่างบล็อกเรียกว่า Transition Layers ไว้สำหรับลดจำนวนช่องลงเหลือครึ่งหนึ่งของช่องที่มีอยู่



รูปที่ 2.7 โครงสร้างของ DenseBlocks (Huang, 2016)

รูปที่ 2.7 แสดง DenseNet ที่มีบล็อกสามบล็อก โดยเลเยอร์ระหว่างบล็อกสองบล็อกที่อยู่ติดกันเป็นเลเยอร์การเปลี่ยนแปลงซึ่งทำการสุ่มตัวอย่าง (เช่น เปลี่ยนขนาดของคุณลักษณะ) ผ่านการรวม ขณะที่ภายในบล็อกที่หนาแน่น ขนาดของบล็อกที่คุณลักษณะจะเหมือนกัน เพื่อเปิดใช้งานการต่อกันของคุณลักษณะ

3) Growth Rate

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า ไม่ว่ากรณีใดๆ ทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ดัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

คุณลักษณะจะเพิ่มขึ้นหลังจากผ่านแต่ละเลเยอร์ที่หนาแน่น โดยแต่ละเลเยอร์ จะเพิ่มคุณลักษณะพารามิเตอร์ นี้เรียกว่าอัตราการเติบโตของโครงข่าย ซึ่งจะควบคุมปริมาณข้อมูลที่เพิ่มในแต่ละชั้นของเครือข่ายดังสมการที่ 2.5

$$k_l = k_0 + k * (l - 1) \quad (2.5)$$

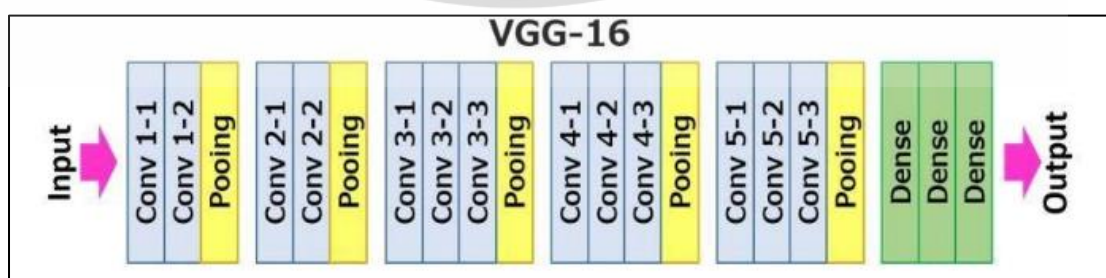
โดย k คือค่า Growth Rate และ l คือชั้นของ DenseBlocks

4) Bottleneck layers

ในบางครั้งจำนวนอินพุตอาจค่อนข้างสูง ดังนั้นชั้น Convolution 1x1 สามารถใช้เป็น Bottleneck ก่อนการบิด 3x3 แต่ละครั้ง เพื่อปรับปรุงประสิทธิภาพและความเร็วของการคำนวณ

2.3.3 โครงข่ายประสาทเชิงลึกแบบ Visual Geometry Group (VGG)

VGG เป็นโมเดล CNN ที่ได้รับความนิยมเป็นอย่างมาก ซึ่งนำเสนอขึ้นโดย Simonyan และ Zisserman ในปี 2014 โดยเฉพาะ VGGNet-16 และ VGGNet-19 หรือเรียกกันโดยทั่วไปว่า VGG16 และ VGG19 ตามลำดับ เป็นโมเดลที่ได้รับความนิยมมากที่สุด เนื่องจากในงานวิจัยชิ้นนี้ได้มีการนำโมเดล VGG16 มาทำ Fine-tuning ซึ่งเป็นกระบวนการที่ใช้เมื่อมีการนำโมเดล Pre-trained มาใช้สอนชุดข้อมูลของตัวเอง ดังนั้นการทำความเข้าใจเกี่ยวกับโครงสร้างของโมเดล VGG16 สามารถช่วยให้เข้าใจแนวทางการนำโมเดลมาใช้จำแนกประเภทดอกไม้ได้ดียิ่งขึ้น โดยโครงสร้างของโมเดล VGG16 (Ghosh et al., 2020) ได้แสดงดังรูปที่ 2.8



รูปที่ 2.8 โครงสร้างของ VGG16

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า ไม่ว่ากรณีใดๆ ทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ดัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

โดยโมเดล VGG16 มีทั้งหมด 5 บล็อก จำนวน 16 ชั้น โดยไม่นับชั้นพูลลิง ในชั้นแรกและชั้นที่ 2 ของโมเดลจะประกอบไปด้วยเคอร์เนลขนาด 3×3 จำนวน 64 ฟิลเตอร์ (Filter) โดยจะรับค่าเป็นรูปภาพขนาด $224 \times 224 \times 3$ ในชั้นที่ 3 และ 4 ประกอบไปด้วยเคอร์เนลขนาด 3×3 จำนวน 124 ฟิลเตอร์ของผลลัพท์ที่ได้จะลดลงเป็น $56 \times 56 \times 128$ ในชั้นที่ 5 ถึง 7 ประกอบด้วยฟิลเตอร์จำนวน 256 ของเคอร์เนลขนาด 3×3 ในชั้นที่ 8 ถึง 13 ประกอบด้วยฟิลเตอร์จำนวน 512 ของเคอร์เนลขนาด 3×3 และในชั้นที่ 14 ถึง 16 จะเป็นชั้นเชื่อมโยงสมบูรณ์โดยที่แต่ละชั้นจะประกอบด้วยโหนดชั้นละ 4,096 โหนดและมีฟังก์ชันกระตุ้นเป็นฟังก์ชันซอร์ฟแมกซ์

2.4 การวัดสมรรถนะของโมเดล

Confusion Matrix เป็นเครื่องมือสำคัญในการประเมินผลลัพท์ของการทำนาย หรือ Prediction ที่ทำนายจากโมเดลที่สร้างขึ้น โดยประกอบไปด้วย

1. True Positive (TP) คือ ผลลัพท์ที่โมเดลทำนายตรงกับสิ่งที่เกิดขึ้นจริง ในกรณี ทำนายว่าจริง และสิ่งที่เกิดขึ้น ก็คือ จริง
2. True Negative (TN) คือ ผลลัพท์ที่โมเดลทำนายกับสิ่งที่ทำนายตรงกับสิ่งที่เกิดขึ้น ในกรณี ทำนายว่า ไม่จริง และสิ่งที่เกิดขึ้น ก็คือ ไม่จริง
3. False Positive (FP) คือ ผลลัพท์ที่โมเดลทำนายกับสิ่งที่ทำนายไม่ตรงกับสิ่งที่เกิดขึ้น คือทำนายว่า จริง แต่สิ่งที่เกิดขึ้น คือ ไม่จริง
4. False Negative (FN) คือ ผลลัพท์ที่โมเดลทำนายกับสิ่งที่ทำนายไม่ตรงกับที่ที่เกิดขึ้นจริง คือทำนายว่าไม่จริง แต่สิ่งที่เกิดขึ้น คือ จริง

ตารางที่ 2.1 Confusion Matrix

		ผลการทำนาย	
		จริง	ไม่จริง
ค่าความจริง	จริง	True Positive (TP)	False Negative (FN)
	ไม่จริง	False Positive (FP)	True Negative (TN)

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า ไม่ว่าจะกรณีใดๆ ทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ดัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

ค่าตัววัดสมรรถนะของโมเดลสามารถคำนวณได้จากค่าต่าง ๆ ใน Confusion Matrix ประกอบด้วย

1. ค่าความแม่นยำ (Accuracy) สามารถคำนวณได้จากสมการที่ 2.6

$$\text{Accuracy} = \frac{TP + TN}{TP + TN + FP + FN} \quad (2.6)$$

2. ค่าความเที่ยงตรง (Precision) สามารถคำนวณได้จากสมการที่ 2.7

$$\text{Precision} = \frac{TP}{TP + FP} \quad (2.7)$$

3. ค่าวัดความถูกต้อง (Recall) สามารถคำนวณได้จากสมการที่ 2.8

$$\text{Recall} = \frac{TP}{TP + FN} \quad (2.8)$$

4. ค่าเอฟวัน (F1-score) สามารถคำนวณได้จากสมการที่ 2.9

$$F1\text{-score} = 2 \times \frac{\text{Precision} \times \text{Recall}}{\text{Precision} + \text{Recall}} \quad (2.9)$$

2.5 งานวิจัยที่เกี่ยวข้อง

อภิรักษ์ วรกานตพล (2560) ได้ทำการศึกษาในเรื่องการพัฒนาระบบสำหรับตรวจจับบุคคลและระดับความเสี่ยงเพื่อป้องกันอุบัติเหตุในระบบควบคุมทรีคัมป์ โดยใช้การเรียนรู้เชิงลึกจากกรณีที่โรงงานอุตสาหกรรม เข้าสู่ยุคการผลิตที่ชาญฉลาดและมีการควบคุมด้วยระบบอัตโนมัติ ทรีคัมป์ถูกใช้ในการยกระดับทุกให้เอียงขึ้นเพื่อเหตุฉุกเฉิน อาจเกิดอันตรายได้ การนำเทคโนโลยีการเรียนรู้เชิงลึกมาใช้ตรวจสอบจับบุคคลในพื้นที่ที่มีความเสี่ยง จึงเป็นการพัฒนาระบบการป้องกันอุบัติเหตุได้อย่างมีประสิทธิภาพมากยิ่งขึ้น โดยสามารถพัฒนาระบบการแจ้งเตือน โดยเชื่อมต่อกับโปรแกรมภายนอกทดแทนการแจ้งเตือนผ่านหน้าจอควบคุมไว้

เกรช พานิชกรณ์ (2557) ได้ทำการศึกษาในเรื่องการเรียนรู้ถ่ายโอนสำหรับการจำแนกประเภทเนื้อลายหินอ่อนเทียมด้วยโครงข่ายประสาทคอนโวลูชัน จากกรณีปัจจุบันเทคนิคการประมวลผลภาพถูกนำมาใช้ในอุตสาหกรรมเพื่อการจำแนกภาพของแท่งกับของเทียม ปัญหาที่หลากหลายของภาพจำแนกภาพสามารถแก้ไขได้อย่างรวดเร็ว ด้านการเรียนรู้ถ่ายโอนด้วยโครงข่าย

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า ไม่ว่าจะกรณีใดๆ ทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ดัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

ประสาทคอนโวลูชัน ในการวิจัยมุ่งเน้นไปที่ภาพเนื้อัวลายหินอ่อนที่ถูกแบ่งเป็น 2 ประเภท คือ 1. ภาพเนื้อัวลายหินอ่อนเทียมที่ได้จากการฉีดไขมัน และ 2. ภาพเนื้อัวหินอ่อนเทียมที่ไม่ได้ฉีดไขมัน การใช้เทคนิค Transfer Learning ร่วมกับโครงข่ายประสาทคอนโวลูชัน ถูกนำมาใช้ในการจำแนกภาพ ประโยชน์ที่ได้รับจะเป็นโมเดลและได้ต้นแบบแอปพลิเคชันที่สามารถนำมาต่อยอดได้

รัฐพงษ์ นันทาแพร่ (2563) ได้ทำการศึกษาความเสี่ยงของโรคมะเร็งบนอวัยวะศีรษะและลำคอ โดยข้อมูลที่น่ามาวิเคราะห์จากภาพเอ็กซเรย์คอมพิวเตอร์ จากฐานข้อมูล The cancer image archive ในชุดข้อมูล HeadNeck-PET-CT จาก 4 สถาบันที่แตกต่างกันในประเทศแคนาดา จำนวน 101 ราย ด้วยโมเดล VGG19, ResNet50 และ IncV3 ซึ่งเมื่อเทียบประสิทธิภาพด้วยค่า Dice Similarly Coefficient (DSC) และเวลาในการประมวลผล หากเรียงจากประสิทธิภาพที่มากที่สุดไปน้อยที่สุดคือ VGG19, ResNet50 และ IncV3

Shen et al. (2019) ได้ทำการศึกษาเกี่ยวกับการตรวจจับมะเร็งเต้านมด้วยภาพแมมโมแกรมด้วยโครงข่ายประสาทคอนโวลูชันวิธี ResNet50 และ VGG เนื่องจากโรคมะเร็งเต้านมเป็นสาเหตุการเสียชีวิตอันดับ 2 ของเพศหญิงในสหรัฐอเมริกา ผู้วิจัยจึงทำการวิจัยนี้เพื่อพัฒนาระบบตรวจจับของ CAD software ให้มีความแม่นยำในการตรวจจับมะเร็งมากขึ้นโดยการทดสอบหลายครั้งด้วยค่าพารามิเตอร์ EPOCHS ที่ต่างกันเพื่อหาค่าที่เหมาะสมที่สุดของแต่ละวิธีด้วยค่าความแม่นยำและค่า AUC

Chaudhury and Krishna (2022) ได้ทำการศึกษาเกี่ยวกับ การเรียนรู้ของเครื่องเพื่อจำแนกผู้ป่วยที่เป็นโรคมะเร็งจากภาพแมมโมแกรมด้วยวิธี Classification Support Vector Machine (SVM), Bayesian Classification, Random Forest มีจุดประสงค์คือให้สามารถตรวจช่วยในการจับภาพแมมโมแกรมของผู้ตรวจได้ตั้งแต่ที่เป็นระยะแรก เนื่องจากในระยะแรกนั้นมีโอกาสในการรักษาหายเกือบ 100% โดยมีขั้นตอนเริ่มจากการเตรียมข้อมูล หรือ Image Preprocessing จากนั้นทำการแบ่งกลุ่มของรูปภาพด้วย Image Segmentation ด้วย K-Mean Algorithm เพื่อแบ่งกลุ่มของรูปภาพ และหลังจากนั้นจะทำโมเดล Classification เพื่อตรวจจับภาพจากแมมโมแกรมที่เป็นโรคมะเร็ง โดยผลสรุปนี้วิธีของ Support Vector Machine (SVM) นั้นให้ค่าที่ดีที่สุด ซึ่งเทียบจากค่า Accuracy, Sensitivity, Specificity, Precision และ Recall

จันทนา ปัญญาวราภรณ์ และ ประเมศวร์ ท่อแก้ว (2561) ได้ทำการศึกษาเพื่อวินิจฉัยโรคอัลไซเมอร์จากภาพ PET โดยทางผู้วิจัยได้เห็นถึงความสำคัญในการบริการด้านสุขภาพสำหรับผู้สูงอายุ โดยโรคที่มักจะพบบ่อยในผู้สูงอายุ เช่น โรคความดันสูง โรคไขมันในเส้นเลือดสูง และโรคสมองเสื่อม เป็นต้น ภาวะสมองเสื่อมสัมพันธ์กับอายุที่เพิ่มขึ้น โรคอัลไซเมอร์ก็เป็นสภาวะทางสมองเสื่อมชนิดหนึ่ง เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่นิยามให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า ไม่ว่าจะกรณีใดๆ ทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ดัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

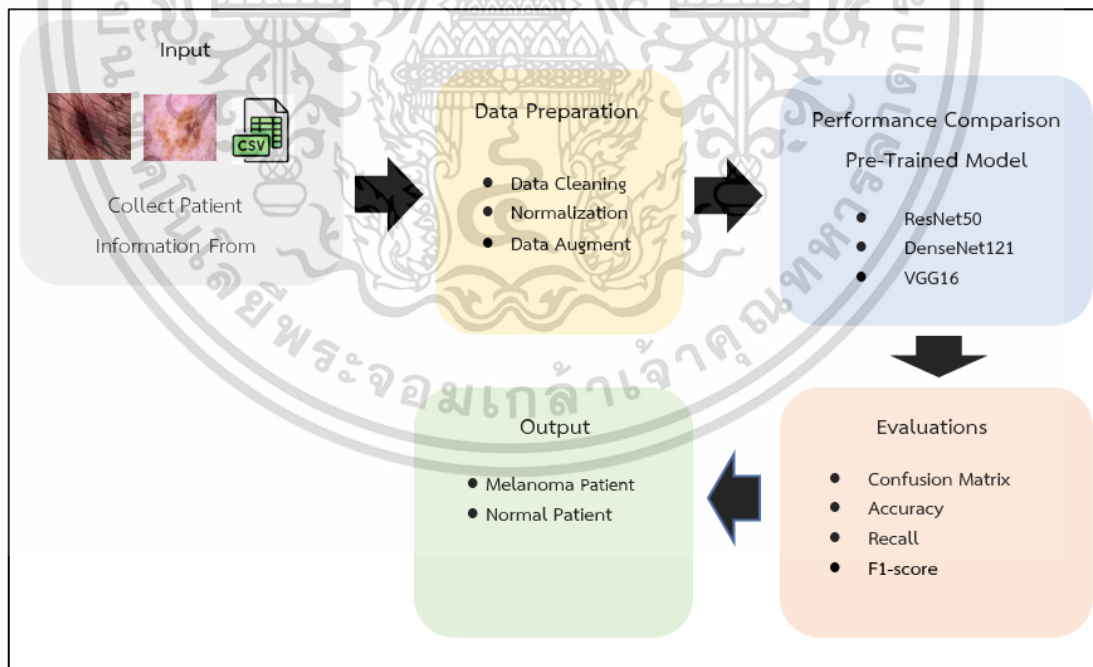
ที่มักเกิดขึ้นในผู้สูงอายุ ผลกระทบที่เกิดขึ้นไม่ได้เกิดกับผู้ป่วยเพียงคนเดียว แต่ยังส่งผลกระทบต่อครอบครัวด้วย ดังนั้นการตรวจพบโรคตั้งแต่ระยะแรกจะช่วยให้สามารถหาวิธีรักษา เพื่อชะลอความรุนแรงของโรคได้ ซึ่งขั้นตอนประกอบด้วย การแบ่งภาพสมองออกจากพื้นหลังโดยใช้ K-means การหาคุณลักษณะเด่นของภาพโดยใช้การบอร์เวฟเล็ต หลังจากนั้นหาค่าเฉลี่ยและค่าเบี่ยงเบนมาตรฐานเพื่อลดขนาดของข้อมูลลง ขั้นตอนสุดท้ายคือจำแนกประเภทโดยการเรียนรู้ของเครื่อง ทดสอบการจำแนกวิธีคือ Support Vector Machine (SVM) ผลลัพธ์ที่ได้จากการทดสอบให้ค่าความถูกต้องมากถึงร้อยละ 87 ซึ่งเหมาะสมสำหรับจำแนกผู้ป่วยโรคอัลไซเมอร์จากกลุ่มคนปกติ

Kumar and Vatsa (2022) ได้ทำการศึกษาเกี่ยวกับการจำแนกโรคมะเร็งผิวหนังชนิดเมลาโนมาที่ใช้ข้อมูลจาก International Skin Imaging Collaboration (ISIC) โดยโรคมะเร็งผิวหนังชนิดนี้เป็นสาเหตุการตายของโรคมะเร็งผิวหนังมากที่สุดในสหรัฐอเมริกา ในการศึกษาก่อนทำการสร้างโมเดลได้ทำการทำความสะอาดข้อมูลต่างๆ รวมถึงปรับมุมมองของรูปภาพ จากนั้นใช้อัลกอริทึมโครงข่ายประสาทเทียมต่างๆ ดังนี้ VGG16 Xception EffectNet ResNet50 ซึ่งผลลัพธ์ที่ได้เมื่อเทียบประสิทธิภาพนั้นวิธีของ VGG16 ให้ผลลัพธ์ค่าต่างๆโดยรวมดีที่สุด ซึ่งในการศึกษานั้นได้ใช้ค่า Recall Accuracy Recall ROC Precision และ F-1 Score ในการเปรียบเทียบประสิทธิภาพ

บทที่ 3

วิธีการดำเนินงานวิจัย

วัตถุประสงค์ของงานวิจัยนี้คือการพัฒนากระบวนการตรวจจับผู้ป่วยที่เป็นเนื้องอกให้สามารถจำแนกได้ว่าผู้ป่วยนั้นได้เป็นโรคมะเร็งผิวหนังหรือไม่ โดยประยุกต์ใช้เทคนิคการเรียนรู้เชิงลึกมาช่วยในการตรวจจับความผิดปกติของเซลล์เนื้องอก ซึ่งมีการวิจัยเปรียบเทียบประสิทธิภาพของโมเดลในโครงสร้างแบบต่าง ๆ เพื่อคัดเลือกโมเดลการตรวจจับวัตถุ (Object Detection) ที่เหมาะสม งานวิจัยได้เลือกใช้ตัวแบบโครงข่ายประสาทเทียม หรือ CNN ในรูปแบบ ResNet และ DenseNet จากการเปรียบเทียบประสิทธิภาพให้ได้ค่าที่ดีที่สุดจากการวัดสมรรถนะของโมเดล เพื่อให้สามารถจำแนกได้อย่างดีที่สุดตามวัตถุประสงค์ โดยในบทนี้จะเป็นการนำเสนอในส่วนของกรอบแนวคิดงานวิจัย วิธีการดำเนินงานวิจัย และเครื่องมือที่ใช้สำหรับการวิจัยตามลำดับ ซึ่งประกอบไปด้วยข้อมูล และแหล่งที่มาของข้อมูล กระบวนการวิจัย การเปรียบเทียบประสิทธิภาพ เครื่องมือที่ใช้ในการวิจัย สามารถเขียนเป็นขั้นตอนได้ดังรูปที่ 3.1

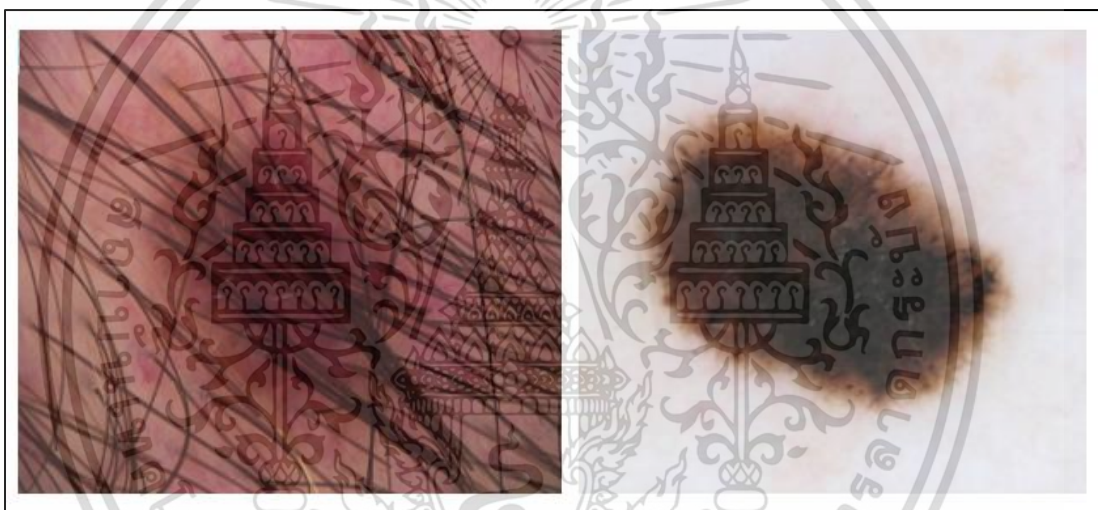


รูปที่ 3.1 ขั้นตอนวิธีการวิจัยการจำแนกผู้ป่วยโรคมะเร็งผิวหนังจากภาพถ่ายผิวหนัง

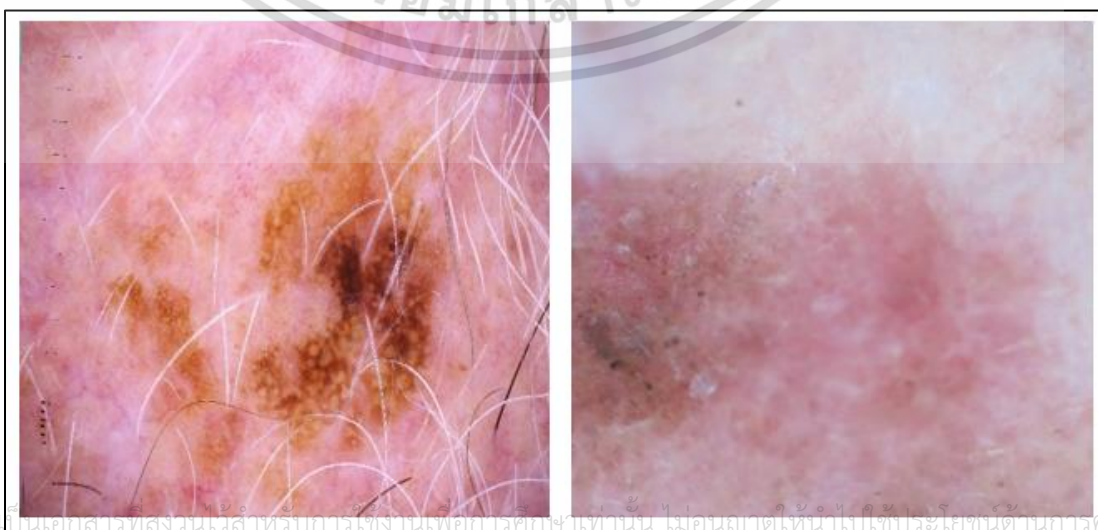
เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า ไม่ว่าจะกรณีใดๆ ทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ดัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

3.1 ข้อมูลและแหล่งที่มาของข้อมูล

ในการรวบรวมข้อมูลงานวิจัยครั้งนี้ ผู้วิจัยได้นำข้อมูลมาจาก Open Source ที่ได้มีการรวบรวมภาพและข้อมูลของผู้ป่วยในโรงพยาบาลต่าง ๆ ดังนี้ Hospital Clinic de Barcelona, Medical University of Vienna, Memorial Sloan Kettering Cancer Center, Melanoma Institute Australia, University of Queensland, and the University of Athens Medical School ซึ่งเป็นข้อมูลของผู้ป่วยจริง มีจำนวนข้อมูลทั้งหมด 37,648 ข้อมูล โดยเป็นเนื้องอกที่ไม่เป็นโรคมะเร็ง 32,542 ราย คิดเป็นอัตราส่วนร้อยละ 86.44 และเนื้องอกที่เป็นโรคมะเร็ง 5,106 ราย คิดเป็นอัตราส่วนร้อยละ 13.56 โดยมีตัวอย่างข้อมูลดังรูปที่ 3.2 แสดงรูปของผู้ป่วยที่เป็นโรคมะเร็งผิวหนังชนิดเมลาโนมา และ รูปที่ 3.3 แสดงรูปของผู้ป่วยที่ไม่เป็นโรคมะเร็งผิวหนังชนิดเมลาโนมา



รูปที่ 3.2 รูปผิวหนังของผู้ป่วยที่เป็นโรคมะเร็งผิวหนังชนิดเมลาโนมา



เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้ทำซ้ำหรือเผยแพร่โดยไม่ได้รับอนุญาต

ไม่ว่ากรณีใดๆ ทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ตัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

รูปที่ 3.3 รูปผิวหนังของผู้ป่วยที่ไม่เป็นโรคมะเร็งผิวหนังชนิดเมลาโนมา

จากรูปที่ 3.2 และ 3.3 เป็นตัวอย่างลักษณะของภาพเซลล์ที่เป็นมะเร็งผิวหนังและเซลล์ปกติ โดยจะเห็นว่าเซลล์ที่เป็นมะเร็งผิวหนังนั้นจะออกสีเข้มกว่า และบริเวณรอบ ๆ นั้น จะมีสีดำที่แสดงถึง เม็ดเลือดที่ตายแล้ว ต่างกับผู้ป่วยปกติที่จะเป็นเหมือนรอยข้ำที่บริเวณนั้นที่จะมีเลือดไหลเวียนอยู่ ภายใน

3.2 การเตรียมความพร้อมของข้อมูล

จากการรวบรวมภาพของผู้ป่วยโรคผิวหนัง แบ่งออกเป็นผู้ป่วยที่เป็นโรคมะเร็งผิวหนังและผู้ป่วยที่ไม่เป็นโรคมะเร็งผิวหนัง จากโรงพยาบาลหลาย ๆ แห่ง ซึ่งมีทั้งตัวแปรจำแนกประเภท (Category Variable) เช่น อายุ เพศ และข้อมูลที่เป็นภาพ จึงจำเป็นต้องทำการเตรียมชุดข้อมูล ประมวลผลก่อน (Data preprocessing) หรือทำความสะอาดข้อมูล (data cleaning) และทำการแปลงข้อมูล (Data transform) และหลังจากนั้นจะแยกข้อมูลเป็น 2 ส่วน 70:30 คือ ข้อมูลฝึกสอน 37,648 ข้อมูล และข้อมูลทดสอบจำนวน 10,982 ข้อมูล โดยแบ่งวิธีการสุ่ม

3.2.1 ทำความสะอาดข้อมูล (Data Cleaning)

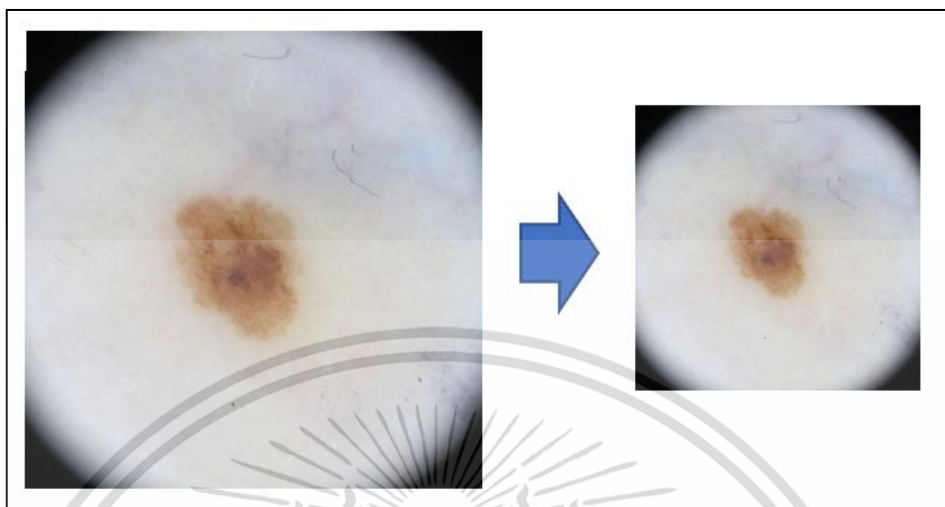
การทำความสะอาดข้อมูลหรือการทำข้อมูลให้สมบูรณ์ เป็นกระบวนการตรวจสอบ และการแก้ไข (หรือลบ) รายการข้อมูลที่ไม่ถูกต้องออกไปจากชุดข้อมูล ตารางหรือฐานข้อมูล ซึ่งเป็นหลักสำคัญของฐานข้อมูล เพราะหมายถึงความไม่สมบูรณ์ ความไม่ถูกต้อง ความไม่สัมพันธ์กับข้อมูล อื่นๆ เป็นต้น จึงต้องมีการแทนที่ การปรับปรุง หรือการลบข้อมูลที่ไม่ถูกต้องเหล่านี้ออกไป เพื่อให้ข้อมูลมีคุณภาพ โดยงานวิจัยนี้ได้ทำความสะอาดข้อมูลโดยการคัดข้อมูลที่สมบูรณ์ออก เนื่องจากผู้ป่วยบางคนนั้นขาดข้อมูลส่วนบุคคลภาพของเซลล์เนื่องจากไป หรือไม่สามารถทราบได้ว่าภาพของผู้ป่วยคนนั้น ๆ เป็นโรคมะเร็งหรือไม่ ซึ่งจำนวนทั้งหมดที่ได้ทำการตัดออกไปมีดังนี้ 146 ข้อมูลที่ไม่มีข้อมูลอายุ 153 ข้อมูลที่ไม่มีเพศ และ 14 ข้อมูลที่ไม่มีภาพของเซลล์ซึ่งรวมทั้งหมด 313 ข้อมูลที่ได้ทำการตัดออกและเหลือข้อมูลทั้งหมด 37,335 ข้อมูล

3.2.2 ทำการแปลงข้อมูล (Data Transform)

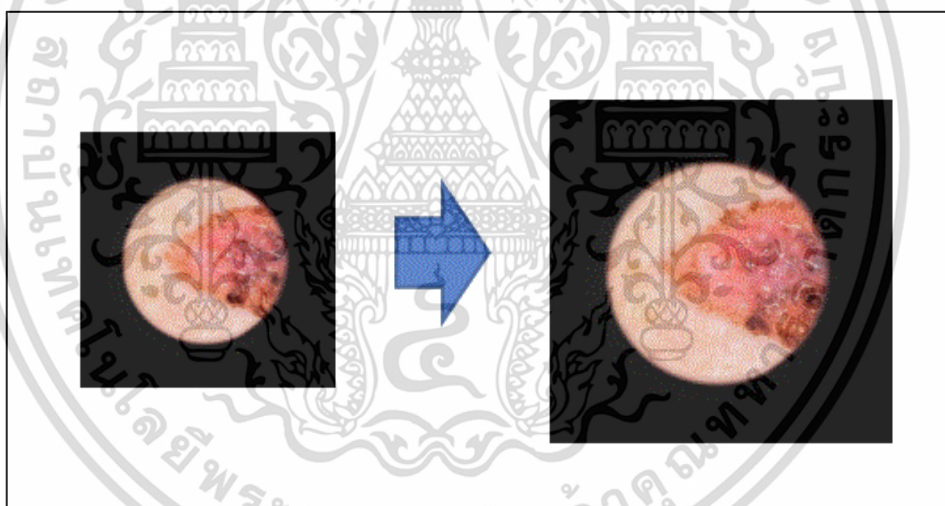
Data Transformation หมายถึง ขั้นตอนในการเก็บข้อมูลที่ถูกต้อง, กระบวนการกรองข้อมูลเก็บส่วนที่จำเป็นและตัดส่วนที่ไม่จำเป็นทิ้งไป, การปรับรูปแบบของข้อมูลเพื่อให้สามารถใช้ประโยชน์ได้, และการเก็บข้อมูลที่ถูกต้อง ซึ่งจากข้อมูลในส่วนของรูปภาพนั้น มีขนาดที่ไม่เท่ากัน ซึ่งอาจจะทำให้เวลาในการทำโมเดลด้วยโปรแกรมนี้ไม่สามารถทำได้จึงจำเป็นต้องปรับขนาดภาพให้

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนลิขสิทธิ์ไว้เพื่อใช้ในการศึกษาเท่านั้น เมื่อผู้ใช้เห็นประโยชน์ในการศึกษาไม่ว่ากรณีใดๆ ทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ดัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

เท่ากันโดยหากรูปที่มีขนาดใหญ่เกิน 50 KB จะปรับลดลงเหลือ 50 KB และรูปที่มีขนาดเล็กกว่า 50 KB จะปรับเพิ่มขึ้นเป็น 50 KB ตามภาพที่ 3.4 และ รูปที่ 3.5



รูป 3.4 ตัวอย่างการปรับขนาดภาพขนาดใหญ่ให้ลดลงไปเป็นขนาด 50 KB



รูปที่ 3.5 ตัวอย่างการปรับขนาดภาพขนาดเล็กให้ใหญ่ขึ้นเป็นขนาด 50 KB

3.2.3 ทำการนอร์มัลไลเซชันข้อมูล (Data Normalization)

ในงานวิจัยนี้มีลักษณะของข้อมูลที่เป็น 2 ส่วน คือ รูปภาพและข้อมูลส่วนตัวของคนใช้ เช่น เพศ อายุ จึงทำการ Normalization ด้วยสูตรการคำนวณ $X_{i \text{ normal}} = \frac{X_i - \bar{X}}{SD}$ ส่วนที่เป็นข้อมูลส่วนตัวก่อนนำไปทำโมเดลเพื่อให้อยู่ในบรรทัดฐานเดียวกัน คำสั่งที่ใช้ในการทำ Normalization สามารถเขียนได้ดังรูปที่ 3.6

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า ไม่ว่ากรณีใดๆ ทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ดัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

```
##### NORMALIZATION DATA #####
train_df['age'] = train_df['age'].fillna(-1)
normalized_train = preprocessing.normalize(train_df[['sex', 'age']])
normalized_test = preprocessing.normalize(test_df[['sex', 'age']])
train_df['sex'] = normalized_train[:, 0]
train_df['age'] = normalized_train[:, 1]
test_df['sex'] = normalized_test[:, 0]
test_df['age'] = normalized_test[:, 1]
print('Len Train: {:,}'.format(len(train_df)), '\n' +
      'Len Test: {:,}'.format(len(test_df)))
```

รูปที่ 3.6 การทำ Normalization Data ด้วยโปรแกรมไพธอน

3.2.4 ทำการวิเคราะห์ตัวแปรนำเข้าโมเดล

การวิเคราะห์ความสัมพันธ์ของตัวแปรต่างๆกับผลการวินิจฉัยเป็นโรคมะเร็งผิวหนัง เมลาโนมาด้วยวิธี Chi-Square Test และ Point Biserial โดยหากมีความสัมพันธ์ระหว่างตัวแปรต้น และตัวแปรตาม (ประเภทของผู้ป่วย) จะนำไปประมวลผลดังรูป 3.7 เป็นผลลัพธ์ด้วยวิธี Chi-square ที่มีค่า p-value = $3.962 * 10^{-10}$ และ รูปที่ 3.8 เป็นผลลัพธ์ด้วยวิธี Point Biserial ที่มีค่า p-value = 0.0

```
##### CORRELATION CHI-SQUARE SEX TARGET TEST #####
from scipy.stats import chi2_contingency
contingency= pd.crosstab(CorTest['sex'], CorTest['target'])
c, p, dof, expected = chi2_contingency(contingency)
print(p)
```

รูปที่ 3.7 ผลลัพธ์ของ Chi-square test

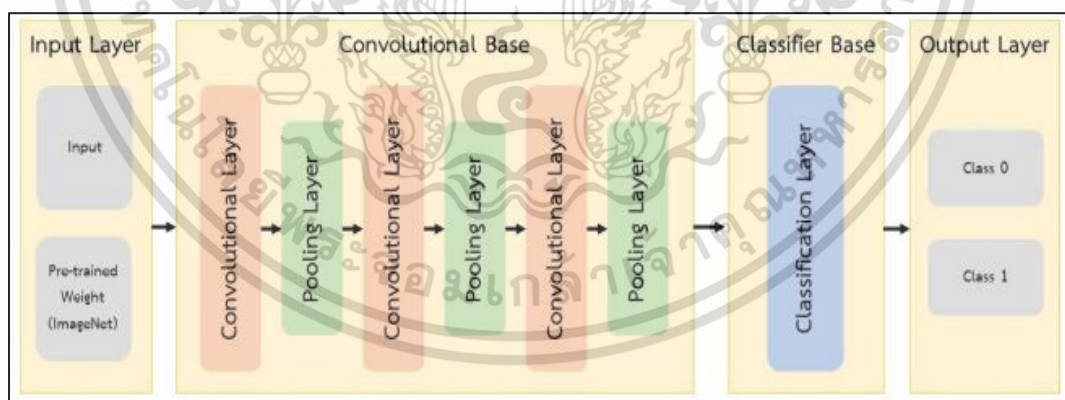
```
##### CORRELATON POINTBISERIAL AGE TARGET TEST #####
from scipy.stats import chi2_contingency
stats.pointbiserialr(CorTest2['target'],CorTest2['age'])

Output PointbiserialrResult(correlation=0.26090769600889063, pvalue=0.0)
```

รูปที่ 3.8 ผลลัพธ์ของ Point Biserial

3.3 การสร้างโมเดลเพื่อการเปรียบเทียบโมเดลการเรียนรู้ถ่ายโอน

การสร้าง Baseline Model ด้วยโครงข่ายประสาทเทียมแบบคอนโวลูชัน (CNN) ด้วยการฝึกสอนโมเดล โดยใช้ชุดข้อมูลฝึกสอนและทำการทดสอบโมเดลการเรียนรู้ถ่ายโอนทั้ง 2 แบบ คือ VGG16 ResNet และ DenseNet ซึ่งมีโครงสร้างดังรูป 3.9 โดยเริ่มจากการรับอินพุต ทำ Convolution เพื่อสร้าง Feature Map สำหรับนำไปใช้กับอินพุต ถัดมาเป็นการทำ Pooling Layer เพื่อลดขนาดของเอาต์พุตที่ได้จากชั้นก่อนหน้าให้ลดลงแต่ยังคงคุณสมบัติของข้อมูลไว้ ต่อมาจะเป็น Flatten Layer ทำการแปลงข้อมูลเอาต์พุตที่มีหลายมิติให้เป็นมิติเดียวเพื่อเตรียมข้อมูลให้อยู่ในรูปแบบเป็นอินพุตของชั้นถัดไป คือ Fully Connected ข้อมูลจากทุก ๆ อินพุตจะเชื่อมต่อไปยังเอาต์พุตทุก ๆ Node



รูปที่ 3.9 โครงสร้างโมเดลของโครงข่ายประสาทเทียมแบบคอนโวลูชัน (CNN)

โดยมีสัญลักษณ์ที่ใช้ในการวิเคราะห์ข้อมูล ดังนี้

Epochs แทน จำนวนรอบของการเทรน

Patience แทน ค่าที่จะควบคุม learning rate ให้ปรับเปลี่ยนไปตาม epochs

Learning Rate แทน ค่าการควบคุมการเปลี่ยนแปลงของน้ำหนัก

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า ไม่ว่ากรณีใดๆ ทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ดัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

Factor แทน ค่าในการลดค่า learning rate โดย learning rate ใหม่คำนวณจาก learning rate เก่า* factor

Batch Size แทนขนาดของ Batch หรือจำนวนข้อมูลที่จะให้ Optimizer คำนวณในหนึ่งครั้ง ซึ่งมีตัวอย่างการสร้างโมเดล ResNet50 DenseNet121 และ VGG16 ตามรูป 3.10 3.11 และ 3.12

```
##### RESNET50 #####
class ResNet50Network(nn.Module):
    def __init__(self, output_size, no_columns):
        super().__init__()
        self.no_columns, self.output_size = no_columns, output_size

        # Define Feature part (IMAGE)
        self.features = resnet50(pretrained=True) # 1000 neurons out
        # (CSV data)
        self.csv = nn.Sequential(nn.Linear(self.no_columns, 500),
                                nn.BatchNorm1d(500),
                                nn.ReLU(),
                                nn.Dropout(p=0.2))

        # Define Classification part
        self.classification = nn.Linear(1000 + 500, output_size)
```

รูปที่ 3.10 การสร้างโมเดล ResNet50

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า
ไม่ว่ากรณีใดๆ ทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ดัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

```

##### DENSENET121 #####
def build_densenet():
    densenet = DenseNet121(weights='imagenet', include_top=False)

    input = Input(shape=(SIZE, SIZE, N_ch))
    x = Conv2D(3, (3, 3), padding='same')(input)

    x = densenet(x)

    x = GlobalAveragePooling2D()(x)
    x = BatchNormalization()(x)
    x = Dropout(0.5)(x)
    x = Dense(256, activation='relu')(x)
    x = BatchNormalization()(x)
    x = Dropout(0.5)(x)

    # multi output
    output = Dense(2, activation = 'softmax', name='root')(x)

    # model
    model = Model(input,output)

    optimizer = Adam(lr=0.005, beta_1=0.9, beta_2=0.999, epsilon=0.1, deca
y=0.0)
    ##optimizer = Adam(lr=0.002, beta_1=0.9, beta_2=0.999, epsilon=0.1, de
cay=0.0)

    model.compile(loss='categorical_crossentropy', optimizer=optimizer, met

```

รูปที่ 3.11 การสร้างโมเดล DenseNet121

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า
ไม่ว่ากรณีใดๆ ทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ดัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

```
##### VGG16 #####
def vgg16_model( num_classes=None):

    model = VGG16(weights='imagenet', include_top=False, input_shape=(224, 224, 3))
    x=Flatten()(model.output)
    output=Dense(1,activation='sigmoid')(x) # because we have to predict the AUC

    model=Model(model.input,output)

    return model

vgg_conv=vgg16_model(1)
```

รูปที่ 3.12 การสร้างโมเดล VGG16

โดยค่าพารามิเตอร์ต่างๆที่กำหนดในงานวิจัยครั้งนี้ตามตารางที่ 3.1

ตารางที่ 3.1 ค่าพารามิเตอร์ที่กำหนดในการทำโมเดล

Parameter	Value
Learning rate	0.0005
Patience	1
Factor	0.4
Batch size	32

ซึ่งจุดประสงค์ของการสร้างโมเดลเพื่อจำแนกภาพเซลล์ออกเป็นคลาสต่าง ๆ

$$Dataset = \{(x_1, y_1), (x_2, y_2), (x_n, y_n)\} \quad y_i \in \{label_1, \dots, label_n\} \quad (3.1)$$

จากสมการที่ 3.1 ชุดข้อมูล (Dataset) ประกอบขึ้นจากเซตของภาพโดยที่

x_i คือ ภาพที่ 1 ถึงภาพที่ n

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า ไม่ว่าจะกรณีใดๆ ทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ดัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

y_i คือ คลาส (Known Class Label) ของภาพที่ 1 ถึงภาพที่ n

x_i จะถูกจำแนกออกเป็นคลาส (Known Class Label) ซึ่งในงานวิจัยนี้จะใช้โครงสร้าง N-Binary Classifier ที่เป็นการฝึกโมเดลเท่ากับจำนวนประเภท (N Classifier) โมเดลจะใช้ข้อมูลภาพ 2 ประเภท (Binary Classification) คือภาพประเภทที่สนใจ 1 คลาสเท่านั้น และภาพประเภทอื่น ๆ ซึ่งทำให้แต่ละโมเดลจะทำนายเพียงแค่ 1 คลาส ซึ่งคำตอบที่ได้จะเป็นใช่หรือไม่ใช่คลาสนั้นเท่านั้น โดยมีหลักการในการทำนายของโมเดลจากค่าที่เป็นผลลัพธ์ออกมาจาก Model หากมีค่าเกิน 0.5 จะทำนายกลุ่มผู้ป่วยนั้นอยู่นอกกลุ่มเป็นโรคมะเร็ง และหากมีค่าน้อยกว่า 0.5 จะทำนายกลุ่มผู้ป่วยคนนั้นอยู่ในกลุ่มไม่เป็นโรคมะเร็งตามรูปที่ 3.13 และ 3.14

```
##### PREDICT AND CREATE CONFUSION MATRIX #####
# Make OOF Binary
oof.loc[oof.oof >= 0.5, 'oof'] = 1
oof.loc[oof.oof < 0.5, 'oof'] = 0
# Create Confusion Matrix
cf_matrix = confusion_matrix(train_df['target'], oof)
# Pretty CM:
group_names = ['True Neg','False Pos','False Neg','True Pos']
group_counts = [':.'].format(value) for value in cf_matrix.flatten()
group_percentages = ['0:.1%'].format(value) for value in
cf_matrix.flatten()/np.sum(cf_matrix)]
labels = ['{v1}\n{v2}\n{v3}' for v1, v2, v3 in
zip(group_names,group_counts,group_percentages)]
labels = np.asarray(labels).reshape(2,2)

# --- The figure ---
plt.figure(figsize=(16, 5))
sns.heatmap(cf_matrix, annot=labels, fmt="",
cmap='Oranges',xticklabels=['benign', 'malignant'],
yticklabels=['benign', 'malignant'], cbar=False)
```

รูปที่ 3.13 ตัวอย่างการทำนายผล

	A	B
1	VALUE	PREDICT
2	0.000228543	0
3	0.0000494	0
4	0.000248301	0
5	0.014780455	0
6	0.0000896	0
7	0.000228214	0
8	0.843	1
9	0.008785851	0
10	0.000334088	0
11	0.000477355	0
12	0.7213	1
13	0.0000845	0
14	0.002373209	0
15	0.001902558	0
16	0.0000875	0
17	0.0000345	0
18	0.002958658	0
19	0.0000554	0
20	0.002175768	0
21	0.000782124	0
22	0.006817746	0
23	0.001558727	0
24	0.0000123	0
25	0.000210937	0

รูปที่ 3.14 แสดงผลลัพธ์การทำนายที่ได้จากโมเดล

ด้วยวิธีการฝึกฝนโมเดลแบบนี้ทำให้ ได้โมเดลทั้งหมด N ชุดเท่ากับจำนวนคลาสที่มี (Known Classes) ทั้ง 3 แบบ คือ VGG16, ResNet50 และ DenseNet121 โดยมีการปรับค่า Epochs ที่ต่างกันว่า 10 15 20

3.4 การประเมินและเปรียบเทียบประสิทธิภาพของโมเดล

หลังจากนั้นจะทำการบันทึกสมรรถนะของโมเดล ได้แก่ค่าความแม่นยำ ค่าความเที่ยงตรง ค่าความถูกต้อง F1-Score โดย Confusion Matrix เพื่อเลือกโมเดลที่ดีที่สุด ซึ่งในงานวิจัยครั้งนี้จะให้ความสำคัญกับค่า Recall เนื่องจากค่านี้จะแสดงถึงสัดส่วนการทำนายของผู้ป่วยที่เป็นโรคมะเร็งผิวหนังนั้น ได้ทำนายถูกต้องมากน้อยเพียงใดซึ่งมีความสำคัญอย่างมากเนื่องจากหากผู้ป่วยที่เป็นโรคมะเร็งแต่ถูกโมเดลนั้นจัดอยู่ในกลุ่มไม่เป็นโรคมะเร็ง การคัดกรองเบื้องต้นอาจจะทำให้ผู้ป่วยรายนั้นไม่ถูกพิจารณาทำให้ตรวจพบได้ช้าขึ้นและอาจมีผลถึงแก่ชีวิตได้

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า ไม่ว่ากรณีใดๆ ทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ดัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

3.5 เครื่องมือที่ใช้ในการทดลอง

3.5.1 ฮาร์ดแวร์

รายละเอียดคอมพิวเตอร์ที่ทำการประมวลผลโมเดลนี้มีดังนี้ Intel(R) Core(TM) i7-8700 Ram 16 GB GPU GTX1650S

3.5.2 ซอฟต์แวร์




ในงานวิจัยนี้ตัดสินใจใช้ Python Anaconda ซึ่งคือภาษาโปรแกรมคอมพิวเตอร์ระดับสูง โดยถูกออกแบบมาให้เป็นภาษาสคริปต์ที่อ่านง่าย โดยตัดความซับซ้อนของโครงสร้างและไวยากรณ์ของภาษาออกไป ในส่วนของการแปลงชุดคำสั่งที่เราเขียนให้เป็นภาษาเครื่อง Python มีการทำงานแบบ Interpreter คือเป็นการแปลชุดคำสั่งทีละบรรทัด เพื่อป้อนเข้าสู่หน่วยประมวลผลให้คอมพิวเตอร์ทำงานตามที่เราต้องการ นอกจากนี้ภาษาโปรแกรม Python ยังสามารถนำไปใช้ในการเขียนโปรแกรมได้หลากหลายประเภท โดยไม่ได้จำกัดอยู่ทำงานเฉพาะทางใดทางหนึ่ง (General-purpose language) จึงทำให้มีการนำไปใช้กันอย่างแพร่หลาย

ไลบรารี (Library) เปรียบเสมือนโปรแกรมสำเร็จรูปที่เก็บฟังก์ชันการทำงานที่เฉพาะทาง ประโยชน์ของไลบรารีสำเร็จรูปที่มากับโปรแกรมก็คือ ผู้ใช้งานไม่จำเป็นต้องสร้างไลบรารีขึ้นมาใหม่เองทั้งหมด แต่สามารถนำไลบรารีที่ได้มีการพัฒนาไว้อยู่แล้วมาใช้งานได้เลย ตามตารางที่ 3.1

ตารางที่ 3.2 Python Library ที่ใช้ในงานวิจัย

Python library	Function
	cv2 ใช้ในการอ่านไฟล์ CSV. บนเครื่องคอมพิวเตอร์
	PIL ใช้ในการอ่านไฟล์รูปภาพ (Jpg.) บนเครื่องคอมพิวเตอร์

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า ไม่ว่ากรณีใดๆ ทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ดัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

Python library	Function
	seaborn ใช้ในการแสดงผลรูปแบบกราฟต่าง ๆ
	keras ใช้ในการทำโมเดลโครงข่ายประสาทเทียม
	pandas ใช้ในการแปลงข้อมูลต่าง ๆ ให้อยู่ในรูปแบบพร้อมใช้งาน

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า
ไม่ว่ากรณีใดๆ ทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ดัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

บทที่ 4

ผลการวิจัยและการอภิปรายผล

การวิเคราะห์ข้อมูลการศึกษาวินิจฉัยเรื่องการปรับปรุงประสิทธิภาพของการจำแนกมะเร็งผิวหนังชนิดเมลาโนมา โดยอาศัยสถาปัตยกรรมที่หลากหลายของ โครงข่ายประสาทเทียมแบบคอนโวลูชันจากแหล่งข้อมูล Hospital Clinic de Barcelona, Medical University of Vienna, Memorial Sloan Kettering Cancer Center, Melanoma Institute Australia, University of Queensland, and the University of Athens Medical School จำนวน 37,648 ราย ที่ผ่านการตรวจสอบคุณภาพแล้วมาทำการวิเคราะห์ด้วยวิธีการทางสถิติ โดยมีการนำเสนอผลการวิเคราะห์ข้อมูล

4.1 ผลการสำรวจข้อมูลเบื้องต้น

หลังจากการเตรียมความพร้อมของข้อมูลด้วยขั้นตอน ทำความสะอาดข้อมูล (Data Cleaning) ทำการแปลงข้อมูล (Data Transform) และทำการ Normalization Input data เสร็จสิ้นแล้วจะเริ่มทำการทดลองตามขั้นตอนต่าง ๆ โดยเริ่มจากการวิเคราะห์ตัวแปรเบื้องต้น การพิจารณาตัวแปรที่นำเข้าโมเดล และท้ายสุดจะเป็นการประมวลผลโมเดล

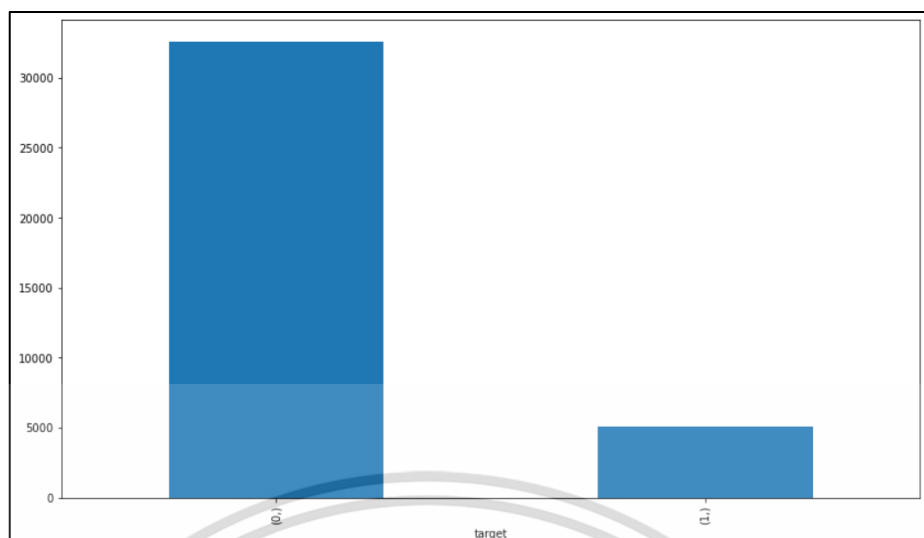
4.1.1 การวิเคราะห์ตัวแปรเบื้องต้น

1. การวิเคราะห์ข้อมูลจำนวนและร้อยละของกลุ่มตัวอย่างจำแนกตามผลการวินิจฉัยเนื้องอก จากตารางที่ 4.1 จะเห็นว่าจำนวนของผู้ป่วยโรคมะเร็งผิวหนังชนิดเมลาโนมา จะเห็นได้ว่าผู้ป่วยที่ไม่เป็นโรคมะเร็งผิวหนังชนิดเมลาโนมามีจำนวนมากกว่า ผู้ที่ไม่ได้ป่วยเป็นโรคมะเร็งผิวหนังชนิดเมลาโนมาอย่างชัดเจน ซึ่ง 1 แทนผู้ป่วยโรคมะเร็งผิวหนังชนิดเมลาโนมาและ 0 แทนผู้ที่ไม่ได้ป่วยเป็นโรคมะเร็งผิวหนังชนิดเมลาโนมา

ตารางที่ 4.1 สัดส่วนของลักษณะของเนื้องอกปกติและเนื้องอกมะเร็ง

ลักษณะของเนื้องอก	จำนวน	ร้อยละ
ไม่เป็นโรคมะเร็ง	32,542	86.44
เป็นโรคมะเร็ง	5,106	13.56
รวม	37,648	100

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า ไม่ว่ากรณีใดๆ ทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ดัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้



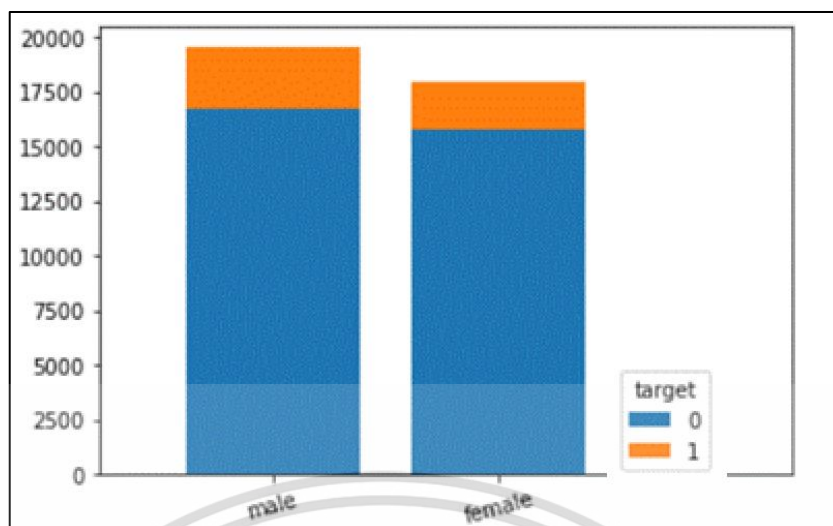
รูปที่ 4.1 กราฟแสดงข้อมูลจำนวนของคนผู้ป่วยแต่ละประเภท

2. การวิเคราะห์สถิติเชิงพรรณนาของตัวแปรเพศ โดยตั้งตาราง 4.2 แสดงสัดส่วนของข้อมูลจำแนก ตามเพศของผู้ป่วยตัวอย่าง และรูปที่ 4.2 เป็น แผนภูมิแท่งเชิงซ้อน แสดงจำนวนของ ผู้ป่วยและผู้ที่ไม่ได้ป่วยเป็นโรคมะเร็งผิวหนัง จำแนกตามเพศ โดยที่ 0 แทน ผู้ที่ไม่ได้ป่วยเป็นโรคมะเร็ง ผิวหนังชนิดเมลาโนมา และ 1 แทนผู้ป่วยโรคมะเร็งผิวหนังชนิดเมลาโนมา ทั้งนี้ข้อมูลที่ขาดหาย ไปจะทำการคัดทิ้งไป

ตารางที่ 4.2 สัดส่วนและจำนวนร้อยละของกลุ่มตัวอย่างจำแนกตามเพศของผู้ป่วย

เพศ	จำนวน	ร้อยละ
ชาย	19,541	51.90
หญิง	17,961	47.71
ไม่มีข้อมูล	146	0.39
รวม	37,648	100

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า
ไม่ว่ากรณีใดๆ ทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ดัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้



รูปที่ 4.2 จำนวนผู้ป่วยและผู้ที่ไม่ได้ป่วยเป็นโรคมะเร็งผิวหนังจำแนกตามเพศ

จากตารางที่ 4.2 และ รูปที่ 4.2 พบว่ากลุ่มตัวอย่างข้อมูลเพศชายมากกว่าเพศหญิงและ เพศชายมีสัดส่วนป่วยเป็นโรคมะเร็งผิวหนังชนิดเมลาโนมามากกว่าเพศหญิง ซึ่งตัวแปรเพศนั้นอาจมีความสัมพันธ์ประเภทของผู้ป่วย

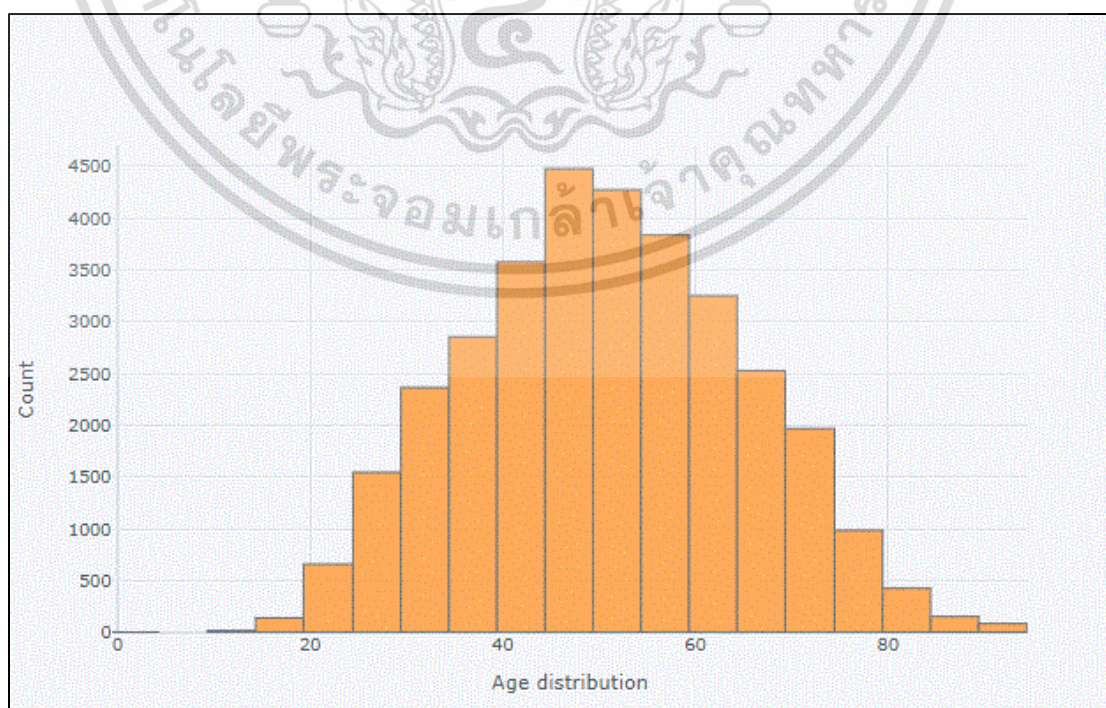
3. การวิเคราะห์สถิติเชิงพรรณนาของตัวแปรอายุ โดยตารางที่ 4.3 แสดงสัดส่วนและร้อยละของกลุ่มตัวอย่างจำแนกตามช่วงอายุของผู้ป่วย รูปที่ 4.4 แสดงการกระจายของอายุของกลุ่มตัวอย่างที่ศึกษา มีลักษณะแบบปกติ และ อายุของกลุ่มตัวอย่างส่วนใหญ่จะอยู่ในช่วง 40-60 ปี โดยคิดเป็นร้อยละ 45 โดยประมาณ ในขณะที่ รูปที่ 4.5 เป็นแผนภูมิความหนาแน่นแสดงการเปรียบเทียบช่วงอายุของผู้ที่ป่วย เป็นโรคมะเร็งผิวหนังชนิดเมลาโนมา และผู้ที่ไม่ได้ป่วย เป็นโรคมะเร็งผิวหนังชนิดเมลาโนมา ส่วนรูปที่ 4.6 เป็น Boxplot แสดงค่าสถิติของตัวแปรอายุ จำแนกตามผลการวินิจฉัย โดยที่ 1 แทนผู้ที่ป่วยเป็นโรคมะเร็งผิวหนังชนิดเมลาโนมา และ 0 แทนผู้ที่ไม่เป็นโรคมะเร็งผิวหนังชนิด เมลาโนมา และแกน Y คืออายุซึ่งจะเห็นได้ว่า ผู้ที่ป่วยเป็นโรคมะเร็งผิวหนังชนิดเมลาโนมา มักจะมีอายุมากกว่าผู้ที่ไม่ได้ป่วยเป็นโรคมะเร็งผิวหนังชนิดเมลาโนมา นอกจากนี้กลุ่มผู้ป่วย โดยกลุ่มผู้ป่วยที่เป็นโรคมะเร็งผิวหนังชนิดเมลาโนมานั้นมีค่าเฉลี่ยเท่ากับ 60 ปี สูงกว่ากลุ่มผู้ที่ไม่ได้ป่วยที่มีค่าเฉลี่ยอายุ 50 ปี ทำให้ตัวแปรอายุอาจมีความสัมพันธ์กับ กลุ่มของผู้ป่วย

ตารางที่ 4.3 สัดส่วนและร้อยละของกลุ่มตัวอย่างจำแนกตามช่วงอายุของผู้ป่วย

ช่วงอายุ	จำนวน	ร้อยละ
0 – 4	2	0.01
5 – 9	1	0.00
10 – 14	18	0.05

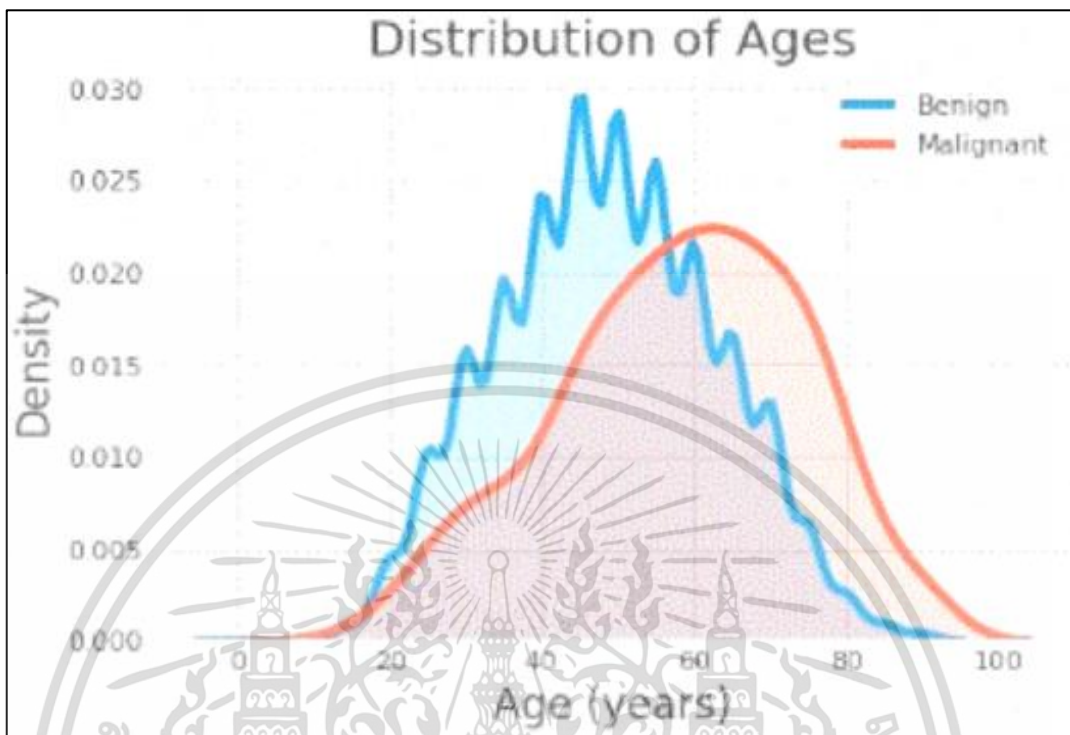
เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า ไม่ว่ากรณีใดๆ ทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ดัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

ช่วงอายุ	จำนวน	ร้อยละ
15 – 19	137	0.36
20 – 24	673	1.79
25 – 29	1589	4.22
30 – 34	2460	6.53
35 – 39	3026	8.04
40 – 44	3834	10.18
45 – 49	4839	12.85
50 – 54	4734	12.57
55 – 59	4225	11.22
60 – 64	3650	9.70
65 – 69	3005	7.98
70 – 74	2538	6.74
75 – 79	1364	3.62
80 – 84	810	2.15
85 – 89	510	1.35
90 – 94	80	0.21
ไม่มีข้อมูล	153	0.41
รวม	37,648	100

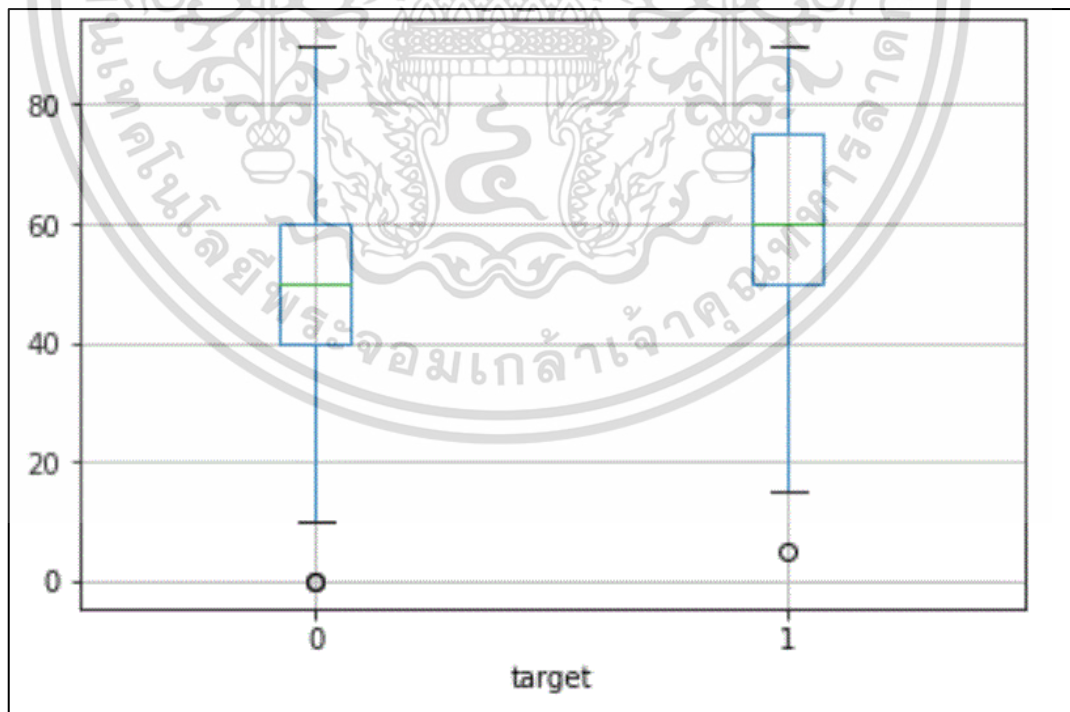


เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า
ไม่ว่ากรณีใดๆ ทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ดัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

รูปที่ 4.3 ฮิสโตแกรมของอายุจากกลุ่มตัวอย่าง



รูปที่ 4.4 การแจกแจงช่วงอายุตามระหว่างผู้ที่ป่วยและไม่ป่วยเป็นโรคมะเร็งผิวหนังชนิดเมลาโนมา



รูปที่ 4.5 Box-plot ของอายุจำแนกตามผลการวินิจฉัยโรคมะเร็งผิวหนังชนิดเมลาโนมา

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า
ไม่ว่ากรณีใดๆ ทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ดัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

4.1.2 การวิเคราะห์ความสัมพันธ์ระหว่างตัวแปร

การวิเคราะห์ตัวแปรที่นำเข้าไปประมวลผลในโมเดล งานวิจัยนี้ได้ทำการวิเคราะห์จากความสัมพันธ์ของตัวแปรต่าง ๆ กับประเภทของผู้ป่วย

1. ตัวแปรเพศ

ทดสอบด้วยสถิติ Chi-square Test โดยตั้งสมมุติฐานทางสถิติดังนี้

H_0 : ตัวแปรเพศและผลการวินิจฉัยเป็นโรคมะเร็งผิวหนังเป็นอิสระต่อกัน

H_1 : ตัวแปรเพศและผลการวินิจฉัยเป็นโรคมะเร็งผิวหนังไม่เป็นอิสระต่อกัน

โดยจากผลลัพธ์ของโปรแกรม Python ได้ค่า p-value = $3.96 * 10^{-10}$ ซึ่งสามารถสรุปผลลัพธ์การทดสอบ Chi-square คือได้ค่า p-value < α ที่ 0.05 ทำให้ ปฏิเสธ H_0 สรุปว่าตัวแปรเพศและประเภทของผู้ป่วยไม่เป็นอิสระกัน

2. ตัวแปรอายุ

ทดสอบด้วยสถิติ Point Biserial โดยตั้งสมมุติฐานทางสถิติดังนี้

H_0 : ตัวแปรอายุและประเภทของผู้ป่วยเป็นอิสระกัน ($r = 0$)

H_1 : ตัวแปรอายุและประเภทของผู้ป่วยไม่เป็นอิสระกัน ($r \neq 0$)

โดยจากผลลัพธ์ของโปรแกรม Python ได้ค่า p-value = 0.0 ซึ่งสามารถสรุปผลลัพธ์การทดสอบ Point Biserial คือได้ค่า p-value < α ที่ 0.05 ทำให้ ปฏิเสธ H_0 สรุปว่าตัวแปรอายุและประเภทของผู้ป่วยไม่เป็นอิสระกัน

4.2 ผลการทำงานของโมเดล

การประมวลผลโมเดลแบ่งออกเป็น 2 วิธีคือ 1.CNN EfficientNet50 2.CNN DenseNet121 เพื่อนำมาเปรียบเทียบ ซึ่งแต่ละวิธีจะมีการปรับพารามิเตอร์ EPOCHS ที่ 10 15 และ 20 จากนั้นจะหาโมเดลที่ดีที่สุดโดยแต่ละวิธี ค่าซึ่งจะเปรียบเทียบจากค่า Precision Recall Accuracy และ F1-score ที่ได้มาจาก Confusion matrix โดยมีหลักการในการทำนายของ model จากค่าที่เป็นผลลัพธ์ออกมาจาก model หากมีค่าเกิน 0.5 จะทำนายกลุ่มผู้ป่วยนั้นอยู่นอกกลุ่มเป็นโรคมะเร็ง และหากมีค่าน้อยกว่า 0.5 จะทำนายกลุ่มผู้ป่วยคนนั้นอยู่ในกลุ่มไม่เป็นโรคมะเร็ง

หลังจากขั้นตอนได้ตัวแปรที่จะนำเข้าไปโมเดลแล้วจะทำโมเดลโครงข่ายประสาทเทียม โดยกำหนดค่า พารามิเตอร์ดังนี้ Learning_Rate = 0.0005, Patience = 1, Factor = 0.4, batch size = 32 ด้วยวิธี VGG16 ResNet50 และ DenseNet121 ที่ Epoch มีค่าเป็น 10 15 20

4.2.1 ผลการทำงานของโมเดลด้วย VGG16 ด้วยค่า Epochs 10

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า ไม่ว่ากรณีใดๆ ทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ดัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

ตารางที่ 4.4 Confusion Matrix ของวิธี VGG16 ด้วยค่า Epochs เท่ากับ 10

		ผลการทำนาย	
		ผู้ป่วยเป็นโรคมะเร็ง	ผู้ป่วยไม่เป็นโรคมะเร็ง
ค่าความจริง	ผู้ป่วยเป็นโรคมะเร็ง	2,475 (6.6%)	2,631 (7.0%)
	ผู้ป่วยไม่เป็นโรคมะเร็ง	193 (0.5%)	32,428 (85.9%)

ค่าตัววัดสมรรถนะของโมเดลสามารถคำนวณได้จากค่าต่าง ๆ ในตารางที่ 4.4 ประกอบด้วย

- 1) ค่าความแม่นยำ (Accuracy) เท่ากับ 0.925
- 2) ค่าความเที่ยงตรง (Precision) เท่ากับ 0.928
- 3) ค่าวัดความถูกต้อง (Recall) เท่ากับ 0.485
- 4) ค่าเอฟวัน (F1-score) เท่ากับ 0.637

โดยมีระยะเวลาในการประมวลผลทั้งหมด 1.5 ชั่วโมง

4.2.2 ผลการทำงานของโมเดลด้วย VGG16 ด้วยค่า Epochs 15

ตารางที่ 4.5 Confusion Matrix ของวิธี VGG16 ด้วยค่า Epochs เท่ากับ 15

		ผลการทำนาย	
		ผู้ป่วยเป็นโรคมะเร็ง	ผู้ป่วยไม่เป็นโรคมะเร็ง
ค่าความจริง	ผู้ป่วยเป็นโรคมะเร็ง	2,635 (7.0%)	2,471 (6.6%)
	ผู้ป่วยไม่เป็นโรคมะเร็ง	76 (0.2%)	32,466 (86.2%)

ค่าตัววัดสมรรถนะของโมเดลสามารถคำนวณได้จากค่าต่าง ๆ ในตารางที่ 4.5 ประกอบด้วย

- 1) ค่าความแม่นยำ (Accuracy) เท่ากับ 0.932
- 2) ค่าความเที่ยงตรง (Precision) เท่ากับ 0.972
- 3) ค่าวัดความถูกต้อง (Recall) เท่ากับ 0.516
- 4) ค่าเอฟวัน (F1-score) เท่ากับ 0.672

โดยมีระยะเวลาในการประมวลผลทั้งหมด 2 ชั่วโมง

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า
ไม่ว่ากรณีใดๆ ทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ดัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

4.2.3 ผลการทำงานของโมเดลด้วย VGG16 ด้วยค่า Epochs 20

ตารางที่ 4.6 Confusion Matrix ของวิธี VGG16 ด้วยค่า Epochs เท่ากับ 20

		ผลการทำนาย	
		ผู้ป่วยเป็นโรคมะเร็ง	ผู้ป่วยไม่เป็นโรคมะเร็ง
ค่าความจริง	ผู้ป่วยเป็นโรคมะเร็ง	3,232 (6.6%)	1,874 (5.0%)
	ผู้ป่วยไม่เป็นโรคมะเร็ง	92 (0.2%)	32,450 (86.2%)

ค่าตัววัดสมรรถนะของโมเดลสามารถคำนวณได้จากค่าต่างๆในตารางที่ 4.6 ประกอบด้วย

- 1) ค่าความแม่นยำ (Accuracy) เท่ากับ 0.947
- 2) ค่าความเที่ยงตรง (Precision) เท่ากับ 0.972
- 3) ค่าวัดความถูกต้อง (Recall) เท่ากับ 0.632
- 4) ค่าเอฟวัน (F1-score) เท่ากับ 0.764

โดยมีระยะเวลาในการประมวลผลทั้งหมด 2.5 ชั่วโมง

4.2.4 ผลการทำงานของโมเดลด้วย ResNet50 ด้วยค่า Epochs 10

ตารางที่ 4.7 Confusion Matrix ของวิธี ResNet50 ด้วยค่า Epochs เท่ากับ 10

		ผลการทำนาย	
		ผู้ป่วยเป็นโรคมะเร็ง	ผู้ป่วยไม่เป็นโรคมะเร็ง
ค่าความจริง	ผู้ป่วยเป็นโรคมะเร็ง	4,093 (10.9%)	1,013 (2.7%)
	ผู้ป่วยไม่เป็นโรคมะเร็ง	114 (0.3%)	32,428 (86.1%)

ค่าตัววัดสมรรถนะของโมเดลสามารถคำนวณได้จากค่าต่าง ๆ ในตารางที่ 4.7 ประกอบด้วย

- 1) ค่าความแม่นยำ (Accuracy) เท่ากับ 0.971
- 2) ค่าความเที่ยงตรง (Precision) เท่ากับ 0.972
- 3) ค่าวัดความถูกต้อง (Recall) เท่ากับ 0.810

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า
ไม่ว่ากรณีใดๆ ทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ดัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

4) ค่าเอฟวัน (F1-score) เท่ากับ 0.884

โดยมีระยะเวลาในการประมวลผลทั้งหมด 2 ชั่วโมง

4.2.5 ผลการทำงานของโมเดลด้วย ResNet50 ด้วยค่า Epochs 15

		ผลการทำนาย	
		ผู้ป่วยเป็นโรคมะเร็ง	ผู้ป่วยไม่เป็นโรคมะเร็ง
ค่าความจริง	ผู้ป่วยเป็นโรคมะเร็ง	4,229 (11.2%)	877 (2.3%)
	ผู้ป่วยไม่เป็นโรคมะเร็ง	198 (0.5%)	32,344 (85.9%)

ตารางที่ 4.8 Confusion Matrix ของวิธี ResNet50 ด้วยค่า Epochs เท่ากับ 15

ค่าตัววัดสมรรถนะของโมเดลสามารถคำนวณได้จากค่าต่าง ๆ ในตารางที่ 4.8 ประกอบด้วย

- 1) ค่าความแม่นยำ (Accuracy) เท่ากับ 0.972
- 2) ค่าความเที่ยงตรง (Precision) เท่ากับ 0.955
- 3) ค่าวัดความถูกต้อง (Recall) เท่ากับ 0.828
- 4) ค่าเอฟวัน (F1-score) เท่ากับ 0.887

โดยมีระยะเวลาในการประมวลผลทั้งหมด 2 ชั่วโมง 40 นาที

4.2.6 ผลการทำงานของโมเดลด้วย ResNet50 ด้วยค่า Epochs 20

ตารางที่ 4.9 Confusion Matrix ของวิธี ResNet50 ด้วยค่า Epochs เท่ากับ 20

		ผลการทำนาย	
		ผู้ป่วยเป็นโรคมะเร็ง	ผู้ป่วยไม่เป็นโรคมะเร็ง
ค่าความจริง	ผู้ป่วยเป็นโรคมะเร็ง	4,104 (10.9%)	1,126 (3.7%)
	ผู้ป่วยไม่เป็นโรคมะเร็ง	169 (0.4%)	25,946 (86.1%)

ค่าตัววัดสมรรถนะของโมเดลสามารถคำนวณได้จากค่าต่าง ๆ ในตารางที่ 4.9 ประกอบด้วย

- 1) ค่าความแม่นยำ (Accuracy) เท่ากับ 0.971

- 2) ค่าความเที่ยงตรง (Precision) เท่ากับ 0.96

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า
ไม่ว่ากรณีใดๆ ทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ดัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

3) ค่าวัดความถูกต้อง (Recall) เท่ากับ 0.80

4) ค่าเอฟวัน (F1-score) เท่ากับ 0.872

โดยมีระยะเวลาในการประมวลผลทั้งหมด 3 ชั่วโมง 10 นาที

4.2.7 ผลการทำงานของโมเดลด้วย DenseNet121 ด้วยค่า Epochs 10

ตารางที่ 4.10 Confusion Matrix ของวิธี DenseNet121 ด้วยค่า Epochs เท่ากับ 10

		ผลการทำนาย	
		ผู้ป่วยเป็นโรคมะเร็ง	ผู้ป่วยไม่เป็นโรคมะเร็ง
ค่าความจริง	ผู้ป่วยเป็นโรคมะเร็ง	2,956 (9.8%)	1,126 (3.7%)
	ผู้ป่วยไม่เป็นโรคมะเร็ง	90 (0.3%)	25,946 (86.1%)

ค่าตัววัดสมรรถนะของโมเดลสามารถคำนวณได้จากค่าต่าง ๆ ในตารางที่ 4.10 ประกอบด้วย

1) ค่าความแม่นยำ (Accuracy) เท่ากับ 0.959

2) ค่าความเที่ยงตรง (Precision) เท่ากับ 0.970

3) ค่าวัดความถูกต้อง (Recall) เท่ากับ 0.724

4) ค่าเอฟวัน (F1-score) เท่ากับ 0.829

โดยมีระยะเวลาในการประมวลผลทั้งหมด 3 ชั่วโมง 40 นาที

4.2.8 ผลการทำงานของโมเดลด้วย DenseNet121 ด้วยค่า Epochs 15

ตารางที่ 4.11 Confusion Matrix ของวิธี DenseNet121 ด้วยค่า Epochs เท่ากับ 15

		ผลการทำนาย	
		ผู้ป่วยเป็นโรคมะเร็ง	ผู้ป่วยไม่เป็นโรคมะเร็ง
ค่าความจริง	ผู้ป่วยเป็นโรคมะเร็ง	3,405 (11.3%)	677 (2.2%)
	ผู้ป่วยไม่เป็นโรคมะเร็ง	134 (0.4%)	25,902 (86.0%)

ค่าตัววัดสมรรถนะของโมเดลสามารถคำนวณได้จากค่าต่าง ๆ ในตารางที่ 4.11 ประกอบด้วย
เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น มิอนุญาติให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า
ไม่ว่ากรณีใดๆ ทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ดัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

- 1) ค่าความแม่นยำ (Accuracy) เท่ากับ 0.973
- 2) ค่าความเที่ยงตรง (Precision) เท่ากับ 0.962
- 3) ค่าวัดความถูกต้อง (Recall) เท่ากับ 0.834
- 4) ค่าเอฟวัน (F1-score) เท่ากับ 0.893

โดยมีระยะเวลาในการประมวลผลทั้งหมด 4 ชั่วโมง 15 นาที

4.2.9 ผลการทำงานของโมเดลด้วย DenseNet121 ด้วยค่า Epochs 20

ตารางที่ 4.12 Confusion Matrix ของวิธี DenseNet121 ด้วยค่า Epochs เท่ากับ 20

		ผลการทำนาย	
		ผู้ป่วยเป็นโรคมะเร็ง	ผู้ป่วยไม่เป็นโรคมะเร็ง
ค่าความจริง	ผู้ป่วยเป็นโรคมะเร็ง	3,225 (10.7%)	857 (2.8%)
	ผู้ป่วยไม่เป็นโรคมะเร็ง	88 (0.3%)	25,948 (86.2%)

ค่าตัววัดสมรรถนะของโมเดลสามารถคำนวณได้จากค่าต่าง ๆ ในตารางที่ 4.12 ประกอบด้วย

- 1) ค่าความแม่นยำ (Accuracy) เท่ากับ 0.968
- 2) ค่าความเที่ยงตรง (Precision) เท่ากับ 0.962
- 3) ค่าวัดความถูกต้อง (Recall) เท่ากับ 0.791
- 4) ค่าเอฟวัน (F1-score) เท่ากับ 0.867

โดยมีระยะเวลาในการประมวลผลทั้งหมด 5 ชั่วโมง

ตารางที่ 4.13 เปรียบเทียบผลลัพธ์ในแต่ละโมเดล

Model	Recall	Accuracy	Precision	F1-score	Time (ชั่วโมง)
VGG16 Epoch 10	0.485	0.925	0.928	0.637	1.500
VGG16 Epoch 15	0.516	0.932	0.972	0.672	2.000

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับใช้ในงานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้เผยแพร่ไปใช้บนเว็บไซต์อื่นใด
ไม่ว่ากรณีใดๆ ทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ดัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

VGG16 Epoch 20	0.632	0.947	0.972	0.764	2.500
ResNet50 Epoch 10	0.810	0.971	0.972	0.884	2.000
ResNet50 Epoch 15	0.828	0.972	0.972	0.887	2.666
ResNet50 Epoch 20	0.800	0.971	0.96	0.872	3.166
DenseNet121 Epoch 10	0.724	0.959	0.970	0.829	3.666
DenseNet121 Epoch 15	0.834	0.973	0.962	0.893	4.250
DenseNet121 Epoch 20	0.791	0.968	0.962	0.867	5.000

จากตารางที่ 4.13 เปรียบเทียบผลลัพธ์ของแต่ละโมเดลโดยมีค่า Recall Accuracy F1-score และ Time ซึ่งค่าที่ให้ผลลัพธ์ที่ดีที่สุดในแต่ละโมเดลมีดังนี้

- 1) VGG16 ที่ epoch 20
- 2) ResNet50 ที่ epoch15
- 3) DenseNet121 ที่ epoch15

4.3 การอภิปรายผล

จากผลการวิเคราะห์ข้อมูลและการทดสอบประสิทธิภาพของโมเดลโครงข่ายประสาทเทียมคอนโวลูชัน (CNN) ด้วยสถาปัตยกรรม VGG16, ResNet50 และ DenseNet121 ซึ่งทดลองโดยการกำหนดให้ค่าพารามิเตอร์ Epochs เท่ากับ 10, 15, 20 ตามลำดับเพื่อจำแนกเนื่องอกมะเร็งผิวหนังชนิดเมลาโนมาจากข้อมูลทั้งแบบมีโครงสร้างและไม่มีโครงสร้างจำนวน 37,648 รายการ เมื่อพิจารณาผลการทดลองเปรียบเทียบความเร็วของโมเดล VGG16, ResNet50 และ DenseNet121 พบว่าโมเดล ของ VGG16 ให้ความเร็วที่มากที่สุด เมื่อเปรียบเทียบวิธีของ VGG16 ที่ Epochs เท่ากับ 20 จะใช้เวลาทั้งสิ้น 2.5 ชั่วโมงหรือประมาณ 15,059 รายการต่อชั่วโมง แต่วิธี Densenet121 ที่ Epochs เท่ากับ 20 จะใช้เวลาทั้งสิ้น 5 ชั่วโมง หรือประมาณ 7,530 รายการต่อชั่วโมง ทั้งเวลาที่ใช้ในการประมวลผลของแต่ละโมเดลขึ้นอยู่กับค่า Epoch ที่กำหนด กล่าวคือ กำหนดค่า Epochs ยิ่งมากจะทำให้เวลาที่ใช้ในการประมวลผลยิ่งนาน

แต่อย่างไรก็ตาม ถ้าเปรียบเทียบประสิทธิภาพของโมเดล VGG16, ResNet50 และ DenseNet121 นั้น พบว่าโมเดลการจำแนกกลุ่มด้วยวิธี DenseNet121 ให้ค่าความถูกต้อง ค่าความแม่นยำ และ ค่า F1-Score สูงที่สุด ซึ่งมากกว่าวิธี ResNet50 เล็กน้อย โดย DenseNet121 ให้ค่าความถูกต้อง (Recall) เท่ากับ 0.834 ค่าความแม่นยำ (Accuracy) เท่ากับ 0.973 และค่าเอฟวัน (F1-score) เท่ากับ 0.893 ในขณะที่ วิธี ResNet50 ให้ค่าความถูกต้อง (Recall) เท่ากับ 0.828 ค่าความแม่นยำ (Accuracy) เท่ากับ 0.972 และค่าเอฟวัน (F1-score) เท่ากับ 0.887 โดยทั้ง 2 วิธีให้ผลลัพธ์ที่ดี

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า
ไม่ว่ากรณีใดๆ ทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ดัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

กว่าวิธี VGG16 ทั้ง 3 ค่า ซึ่งจะขัดแย้ง หากเทียบกับงานวิจัยของKumar (2022) ได้ศึกษาการจำแนกโรคมะเร็งผิวหนังชนิดเมลาโนมาที่ใช้ข้อมูลจาก International Skin Imaging Collaboration และ งานวิจัยของณัฐพงษ์ (2563) ที่ได้ทำการจำแนกภาพมะเร็งผิวหนัง ซึ่งผลการศึกษารายงานว่า วิธี VGG16 มีประสิทธิภาพมากที่สุด

นอกจากนี้ยังพบว่าอายุนั้นมีความสัมพันธ์ในทิศทางเดียวกันกับการป่วยเป็นโรคมะเร็งผิวหนังชนิดเมลาโนมาหมายความว่าหากผู้ป่วยคนใดมีอายุที่มาก จะมีแนวโน้มที่เป็นโรคมะเร็งผิวหนังชนิดเมลาโนมาสูง ซึ่งมีผลตรงกับข้อมูลของศูนย์มะเร็งแห่งประเทศไทย (2561) ยิ่งกว่านั้นยังพบว่าเพศชายมีความสัมพันธ์กับการป่วยเป็นโรคมะเร็งผิวหนังชนิดเมลาโนมาสูงกว่าเพศหญิงเล็กน้อย อาจเกิดจากพฤติกรรมต่าง ๆ ที่คอยทำร้ายสุขภาพทั้งแบบรู้ตัวและแบบไม่รู้ตัว เช่น การสูบบุหรี่ ดื่มแอลกอฮอล์ เป็นต้น



เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า ไม่ว่ากรณีใดๆ ทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ดัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

บทที่ 5

สรุปผลการวิจัยและข้อเสนอแนะ

5.1 สรุปผลการวิจัย

งานวิจัยนี้นำเสนอการสร้างโมเดลโครงข่ายประสาทเทียม (CNN) ด้วยวิธี VGG16 Resnet50 และ DenseNet121 ทดลองคัดแยกข้อมูลภาพเซลล์ผิวหนังที่อาจเป็นโรคมะเร็งชนิดเมลาโนมาหรือไม่เป็นโรคมะเร็ง โดยจะเสนอขั้นตอนและวิธีการในการทำงานต่าง ๆ ของอัลกอริทึมที่พัฒนาขึ้น เริ่มตั้งแต่การเตรียมความพร้อมของข้อมูลด้วยวิธีทำความสะอาดข้อมูล (data cleaning) ทำการแปลงข้อมูล (Data transform) และทำการวิเคราะห์ที่ตัวแปรก่อนจะนำเข้าโมเดล จากนั้นผู้วิจัยจะนำเสนอผลการทดสอบการทำงานของอัลกอริทึมด้วยเทคนิค Deep learning ซึ่งจากการวิจัยทั้งหมดสามารถสรุปผลการวิจัยได้ดังนี้

1. ทั้งโมเดล ResNet50 และ DenseNet121 ให้ความถูกต้องในการจำแนกเนื้องอกมะเร็งได้มากกว่าร้อยละ 97 %
2. ในเชิงการเปรียบเทียบประสิทธิภาพของโมเดล Resnet50 และ DenseNet121 จะเห็นว่าโมเดล ResNet50 ที่ Epochs = 15 กับ DenseNet121 ที่ Epochs = 15 เมื่อเทียบกันด้วยค่าวัดสมรรถนะต่าง ๆ วิธีของ DenseNet121 ให้ค่าที่ดีกว่า ResNet50 แต่วิธีของ ResNet50 ใช้เวลาน้อยกว่า DenseNet121 เท่ากับ 1 ชั่วโมง 35 นาที
3. ในการศึกษาวิจัยในเชิงเปรียบเทียบกับโมเดลที่ใช้ VGG16 ซึ่งเป็นวิธีที่มีการใช้และมีประสิทธิภาพที่ดีในระดับหนึ่ง หากแต่การใช้โมเดลด้วยวิธี DenseNet121 และ ResNet50 แสดงให้เห็นความพัฒนาด้านประสิทธิภาพที่สูงขึ้น

5.2 ขอบเขตและข้อจำกัด

1. ภาพข้อมูลที่นำมาวิจัยในครั้งนี้เป็นภาพที่จะต้องผ่านการทำความสะอาดของข้อมูลและแปลงข้อมูลก่อนทำการสร้างโมเดล ซึ่งหากมีข้อมูลที่ไม่สมบูรณ์เป็นจำนวนมาก จะทำให้ความน่าเชื่อถือลดน้อยลง
2. Library ของโปรแกรม Python ที่ใช้ในการวิเคราะห์โครงข่ายประสาทเทียมวิธี DenseNet121 ในครั้งนี้ ไม่สามารถเก็บเวลารวมในการวิเคราะห์ข้อมูลแต่ละรอบได้จึงทำให้ผู้วิจัยต้องจับเวลาในการประมวลผลด้วยตนเอง และไม่สามารถนำค่าบางค่าที่ไว้สำหรับเทียบประสิทธิภาพของโมเดลได้เช่น ค่า ROC

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า ไม่ว่าจะกรณีใดๆ ทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ดัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

5.3 ปัญหาและอุปสรรค

การสร้างโมเดลโครงข่ายประสาทเทียมนั้นหากมีจำนวนข้อมูลที่ดีมีจำนวนมากจะทำให้โมเดลมีประสิทธิภาพที่สูงมากยิ่งขึ้น แต่จะใช้เวลาในการสร้างโมเดลนั้น ๆ จะต้องใช้เวลาในการทำแต่ละรอบมากขึ้นด้วย เช่นกัน ซึ่งหากคอมพิวเตอร์ที่ประมวลผลนั้นมีประสิทธิภาพไม่เพียงพออาจจะทำให้ใช้เวลาในการประมวลผลนานหรือไม่สามารถประมวลผลโมเดลได้

5.4 ข้อเสนอแนะ

1. งานวิจัยในครั้งนี้ได้มีข้อมูลส่วนตัวของผู้ป่วย เพศ อายุ และบริเวณของผิวหนัง ซึ่งอาจจะมีตัวแปรอื่น ๆ ที่ส่งผลต่อการวิเคราะห์ผู้ป่วยโรคมะเร็งได้ เช่น โรคประจำตัว น้ำหนัก ความสูง ดังนั้นหากสามารถนำข้อมูลอื่น ๆ มาวิเคราะห์เพิ่มเติมอาจช่วยในการทำโมเดลได้ดียิ่งขึ้น
2. งานวิจัยนี้ได้ใช้การเปรียบเทียบสมรรถนะของโมเดลโครงข่ายประสาทเทียมแต่ละวิธีด้วยค่าต่าง ๆ จาก Confusion Matrix และเวลาในการประมวลผล ซึ่งครั้งต่อไปการทำโมเดลอาจจะเพิ่มตัวเปรียบเทียบ เช่น ค่า ROC อาจจะทำให้การตัดสินใจเลือกโมเดลนั้นเปลี่ยนไป
3. การใช้โครงข่ายประสาทเทียมที่อยู่อีกหลายวิธีเช่น AlexNet, LeNet ซึ่งอาจจะให้ได้ผลลัพธ์หรือประสิทธิภาพต่าง ๆ ดียิ่งขึ้น
4. การประยุกต์ใช้โครงข่ายประสาทเทียมกับข้อมูลอื่น ๆ เช่น การใช้โครงข่ายประสาทเทียมกับรูปภาพ X-ray ปอดเพื่อจำแนกผู้ป่วยที่เป็นมะเร็งปอด

เอกสารอ้างอิง

- Ayushi, K., and Avimanyou, V. (2022). Untangling Classification Methods for Melanoma Skin Cancer, *Frontiers in Big Data*, Retrieved Feb 1, 2022, from <https://www.frontiersin.org/articles/10.3389/fdata.2022.848614/full>
- Balkenende, L., Teuwen, J., Ritse, M. (2020). *Application of Deep Learning in Breast Cancer* (Master's Thesis, Medical Center, Radboud University, Netherlands).
- Chaudhury, S., Krishna, A., Gupta, S., Sankaran, S., Khan, S., Sau, K., Raghuvanshi, A. and Sammy. F. (2022). *Effective Image Processing and Segmentation-Based Machine Learning Techniques for Diagnosis of Breast Cancer* (Master's Thesis, Engineering and Management, Kolkata University, India).
- Ding, G. (2018). *draw_convnet*, Retrieved Feb 1, 2022, from https://github.com/gwding/draw_convnet
- Ghosh, S., Chaki, A., and Santosh. (2020). *Improved U-Net architecture with VGG-16 for brain tumor segmentation* Improved U-Net architecture with VGG-16 for brain tumor segmentation, Australasian College of Physical Scientists and Engineers in Medicine.
- Hassan, M. (2019). *ResNet (35, 50, 101): Residual CNNs for Image Classification Tasks*. Retrieved Feb 1, 2022, from <https://neurohive.io/en/popular-networks/resnet/>
- Huang, G., Liu, Z., Van Der Maaten, L., & Weinberger, K. Q. (2017). Densely connected convolutional networks. *In Proceedings of the IEEE conference on computer vision and pattern recognition*, Retrieved Feb 1, 2022, from <https://arxiv.org/abs/1608.06993>
- Kaiming, H., Xiangyu, Z., Shaoqing, Re, JS. (2015). Deep Residual Learning for Image Recognition. *Microsoft Research*, 770-773. Retrieved Feb 1, 2022, from <https://ieeexplore.ieee.org/document/7780459/citations#citations>
- Shen, L., Margolies, L., Rothstein, J., Fluder, E., McBride, R. and Sieh, W. (2019). Deep learning to improve breast cancer detection on screening mammography. *Scientific reports*. Retrieved Feb 1, 2022, from <https://www.nature.com/articles/s41598-019-48995-4.pdf>

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า
ไม่ว่ากรณีใดๆ ทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ดัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

- เกรซ พาณิชกรณ. (2557). *การเรียนรู้ถ่ายโอนสำหรับการจำแนกประเภทภาพเนื้อลายหินอ่อนเทียมด้วยโครงข่ายประสาทเทียมคอนโวลูชัน* (วิทยานิพนธ์ปริญญาโทบริหารธุรกิจ วิทยาศาสตร์ สาขาวิชาฟิสิกส์การแพทย์ จุฬาลงกรณ์มหาวิทยาลัย).
- คณะแพทยศาสตร์ศิริราชพยาบาล. (2560). *การรักษามะเร็งผิวหนังด้วย Mohs*, สืบค้น 1 กุมภาพันธ์ 2565, จาก <https://www.si.mahidol.ac.th/th/healthdetail.asp?aid=28>
- จักรินทร์ สนุกแสน, และ โอฟาริก สุรินตะ. (2561). *โครงข่ายประสาทเทียมแบบคอนโวลูชันเชิงลึกสำหรับการจำแนกพรรณไม้ที่อยู่ในสิ่งแวดล้อมทางธรรมชาติ* (วิทยานิพนธ์ปริญญาโทบริหารธุรกิจ คณะวิทยาการสารสนเทศ มหาลัทยสารคาม), หน้า 114 – 119.
- จันทนา ปัญญาวารานกรณ, และ ประเมศวร์ ห่อแก้ว. (2561). *การศึกษาวิธีจำแนกภาพ PET เพื่อการวินิจฉัยโรคอัลไซเมอร์เบื้องต้น* (วิทยานิพนธ์ปริญญาโทบริหารธุรกิจ คณะวิศวกรรมศาสตร์ มหาลัทยบูรพา), หน้า 95-99.
- ชัยภูณนุช พะลง, และ ปิ่นหทัย หนูนวล. (2563). *การสนับสนุนทางสังคมและการปรับตัวของผู้ป่วยมะเร็งที่มารับการรักษาที่สถาบันมะเร็งแห่งชาติ: วิทยานิพนธ์ปริญญาโทบริหารธุรกิจ*, สืบค้น 1 กุมภาพันธ์ 2565 จาก <https://he01.tci-thaijo.org/index.php/TCJ/article/download/243901/166377/>
- ชิตพงษ์ กิตติรัตนาร. (2563). *Convolutional Neural Network*, สืบค้น 1 กุมภาพันธ์ 2565, จาก <https://guopai.github.io/ml-blog19.html>
- ณัฐวดี พงชิต. (2020). *มาทำความรู้จัก ResNet กันดีกว่า*. สืบค้น 1 กุมภาพันธ์ 2565, จาก shorturl.at/fxZ27
- นิตยสารชีวจิต. (2564). *มะเร็งผิวหนัง สังเกตตัวเองอย่างไร*, สืบค้น 1 กุมภาพันธ์ 2565, จาก <https://goodlifeupdate.com/healthy-body/207613.html>
- ปาจริย์ ผลประเสริฐ. (2549). *ตัวแปรในการวิจัย*, สืบค้น 1 กุมภาพันธ์ 2565, จาก https://www.stou.ac.th/schools/shs/booklet/book56_3/research.html
- พบแพทย์ (PobPad). (ม.ป.ป.). *ความหมาย มะเร็งผิวหนัง*, สืบค้น 1 กุมภาพันธ์ 2565, จาก shorturl.at/bCKQX
- มณฑา ลิ้มทองกุล, และ บัวหลวง สำแดงฤทธิ์. (2558). *แรงสนับสนุนทางสังคมและคุณภาพชีวิตของผู้ป่วยมะเร็งเต้านมภายหลังการรักษาในโรงพยาบาลสังกัดในมหาวิทยาลัย*. สืบค้น 1 กุมภาพันธ์ 2565, จาก <https://he02.tci-thaijo.org/index.php/ramajournal/article/download/95194/74386/>

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า
ไม่ว่ากรณีใดๆ ทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ดัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

- มูลนิธิวิจัยโรคมะเร็งเพื่อสถาบันมะเร็งแห่งชาติ. (2563). การสนับสนุนทางสังคมและการปรับตัวของผู้ป่วยมะเร็งที่ได้รับการรักษา. *วารสารโรคมะเร็ง*, (4), 62.
- รังสิมา วณิชภักดีเดชา. *มะเร็งผิวหนังชนิด Malignant Melanoma*. สืบค้น 1 มีนาคม 2565, จาก <https://www.si.mahidol.ac.th/th/healthdetail.asp?aid=1012>
- รัฐพงษ์ นันทาแพร่. (2563). *การเรียนรู้เชิงลึกโดยโครงข่ายประสาทเทียมคอนโวลูชันสำหรับกำหนดขอบเขตอัตโนมัติบนอวัยวะที่มีความเสี่ยงของมะเร็งศีรษะและลำคอ* (วิทยานิพนธ์ปริญญาโทบริหารธุรกิจ คณะวิทยาการสารสนเทศ มหาวิทยาลัยรัตนนคร).
- รายงานสุขภาพคนไทย. (2564). “มะเร็ง”สาเหตุการตายอันดับต้นๆของคนไทย, สืบค้น 1 กุมภาพันธ์ 2565, จาก https://www.thaihealthreport.com/th/articles_detail.php?id=38
- โรงพยาบาลบำรุงราษฎร์, (2563). *มะเร็งผิวหนัง*, สืบค้น 1 กุมภาพันธ์ 2565, จาก <https://www.bumrungrad.com/th/conditions/skin-cancer>
- โรงพยาบาลเปาโล. (2564). *มะเร็งผิวหนัง*, สืบค้น 1 กุมภาพันธ์ 2565, จาก shorturl.at/abhz9
- โรงพยาบาลเมตพาร์ค. (2563). *มะเร็งผิวหนังเมลาโนมา*, สืบค้น 1 กุมภาพันธ์ 2565, จาก <https://www.medparkhospital.com/content/melanoma>
- สถาบันมะเร็งแห่งชาติ. (2561). *แผนการป้องกันและควบคุมมะเร็งแห่งชาติ*, สืบค้น 1 กุมภาพันธ์ 2565, จาก https://www.nci.go.th/th/New_web/officer/of4.html
- สมาคมแพทย์ผิวหนังแห่งประเทศไทย. (2556). *มะเร็งผิวหนัง*, สืบค้น 1 กุมภาพันธ์ 2565, จาก http://hocc.medicine.psu.ac.th/files/knowledge/7_56.pdf
- สำนักข่าว Hfocus. (2564). *รายงานสุขภาพคนไทยปี 2564*. สืบค้น 1 กุมภาพันธ์ 2565, จาก <https://www.facebook.com/Hfocus.org/content/2021/07/22081>
- อภิรักษ์ วรกานตพล. (2560). *การพัฒนาระบบสำหรับตรวจจับบุคคลและระบุระดับความเสี่ยงเพื่อป้องกันอุบัติเหตุในระบบควบคุมทราfficโดยใช้การเรียนรู้เชิงลึก* (ปริญญาโทบริหารธุรกิจ มหาวิทยาลัยเทคโนโลยีสุรนารี).



ภาคผนวก

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า
ไม่ว่ากรณีใดๆ ทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ดัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

ชุดคำสั่งการประมวลผลและผลลัพธ์ด้วยโปรแกรมภาษาไพธอน

```
# System
import cv2
import os, os.path
from PIL import Image          # from RGB to YCbCr
import gc
import time
import datetime

# Basics
import pandas as pd
import numpy as np
import random
import seaborn as sns
import matplotlib
import matplotlib.pyplot as plt
import matplotlib.image as mpimg # to check images
%matplotlib inline
from tqdm.notebook import tqdm   # beautiful progression bar

# SKLearn
from sklearn.model_selection import StratifiedKFold, GroupKFold
from sklearn.metrics import accuracy_score, roc_auc_score, confusion_matrix
from sklearn.preprocessing import LabelEncoder
from sklearn.preprocessing import OneHotEncoder
from sklearn import preprocessing

# PyTorch
import torch
import torchvision
import torch.nn as nn
import torch.nn.functional as F
from torch import FloatTensor, LongTensor
from torch.utils.data import Dataset, DataLoader, Subset
from torch.optim.lr_scheduler import ReduceLROnPlateau

# Data Augmentation for Image Preprocessing
from albumentations import (ToFloat, Normalize, VerticalFlip, HorizontalFlip, Compose, Resize,
                             RandomBrightnessContrast, HueSaturationValue, Blur, GaussNoise,
                             Rotate, RandomResizedCrop, Cutout, ShiftScaleRotate)
from albumentations.pytorch import ToTensorV2, ToTensor

from efficientnet_pytorch import EfficientNet
from torchvision.models import resnet34, resnet50

import warnings
warnings.filterwarnings("ignore")
```

ไลบรารี(Library) ต่างๆที่ใช้

```
In [164]: train_image=[]
for i,name in enumerate(tqdm(train['image_name'])):
    path='D:/Project_IS/PY_ref/melanoma external malignant 256/train/train/'+name+'.jpg'
    img=cv2.imread(path)
    image=cv2.resize(img,(img_size,img_size),interpolation=cv2.INTER_AREA)
    train_image.append(image)

100%|██████████| 37648/37648 [01:50<00:00, 339.74it/s]

In [165]: fig, ax = plt.subplots(1, 4, figsize=(15, 15))
for i in range(4):
    ax[i].set_axis_off()
    ax[i].imshow(train_image[i])
```



การนำข้อมูลเข้าสู่โปรแกรมไพธอน

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า
ไม่ว่ากรณีใดๆ ทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ดัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

```
# --- Last final thing: NORMALIZE! ---
train_df['age'] = train_df['age'].fillna(-1)

normalized_train = preprocessing.normalize(train_df[['sex', 'age']])
normalized_test = preprocessing.normalize(test_df[['sex', 'age']])

train_df['sex'] = normalized_train[:, 0]
train_df['age'] = normalized_train[:, 1]

test_df['sex'] = normalized_test[:, 0]
test_df['age'] = normalized_test[:, 1]

print('Len Train: {:,}'.format(len(train_df)), '\n' +
      'Len Test: {:,}'.format(len(test_df)))
```

```
Len Train: 37,648
Len Test: 10,982
```

การทำ Normalization ข้อมูล

```
def vgg16_model( num_classes=None):
    model = VGG16(weights='imagenet', include_top=False, input_shape=(224, 224, 3))
    x=Flatten()(model.output)
    output=Dense(1,activation='sigmoid')(x) # because we have to predict the AUC
    model=Model(model.input,output)
    return model
vgg_conv=vgg16_model(1)
##### VGG 16 MODEL #####
```

ฟังก์ชัน VGG16

```
def build_densenet():
    densenet = DenseNet121(weights='imagenet', include_top=False)

    input = Input(shape=(SIZE, SIZE, N_ch))
    x = Conv2D(3, (3, 3), padding='same')(input)

    x = densenet(x)

    x = GlobalAveragePooling2D()(x)
    x = BatchNormalization()(x)
    x = Dropout(0.5)(x)
    x = Dense(256, activation='relu')(x)
    x = BatchNormalization()(x)
    x = Dropout(0.5)(x)

    # multi output
    output = Dense(2,activation = 'softmax', name='root')(x)

    # model
    model = Model(input,output)

    optimizer = Adam(lr=0.005, beta_1=0.9, beta_2=0.999, epsilon=0.1, decay=0.0)
    ##optimizer = Adam(lr=0.002, beta_1=0.9, beta_2=0.999, epsilon=0.1, decay=0.0)
    model.compile(loss='categorical_crossentropy', optimizer=optimizer, metrics=['accuracy'])
    model.summary()

    return model
```

ฟังก์ชัน DenseNet121

เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า
ไม่ว่ากรณีใดๆ ทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ดัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

```

class ResNet50Network(nn.Module):
    def __init__(self, output_size, no_columns):
        super().__init__()
        self.no_columns, self.output_size = no_columns, output_size

        # Define Feature part (IMAGE)
        self.features = resnet50(pretrained=True) # 1000 neurons out
        # (CSV data)
        self.csv = nn.Sequential(nn.Linear(self.no_columns, 500),
                                nn.BatchNorm1d(500),
                                nn.ReLU(),
                                nn.Dropout(p=0.2))

        # Define Classification part
        self.classification = nn.Linear(1000 + 500, output_size)

    def forward(self, image, csv_data, prints=False):

        if prints: print('Input Image shape:', image.shape, '\n'+
                        'Input csv_data shape:', csv_data.shape)

        # Image CNN
        image = self.features(image)
        if prints: print('Features Image shape:', image.shape)

        # CSV FNN
        csv_data = self.csv(csv_data)
        if prints: print('CSV Data:', csv_data.shape)

        # Concatenate layers from image with layers from csv_data
        image_csv_data = torch.cat((image, csv_data), dim=1)

        # CLASSIF
        out = self.classification(image_csv_data)
        if prints: print('Out shape:', out.shape)

        return out

```

ฟังก์ชัน ResNet50

```

##### CHECK Confusion Matrix #####
# Make OOF Binary
oof.loc[oof.oof >= 0.5, 'oof'] = 1
oof.loc[oof.oof < 0.5, 'oof'] = 0

# Create Confusion Matrix
cf_matrix = confusion_matrix(train_df['target'], oof)

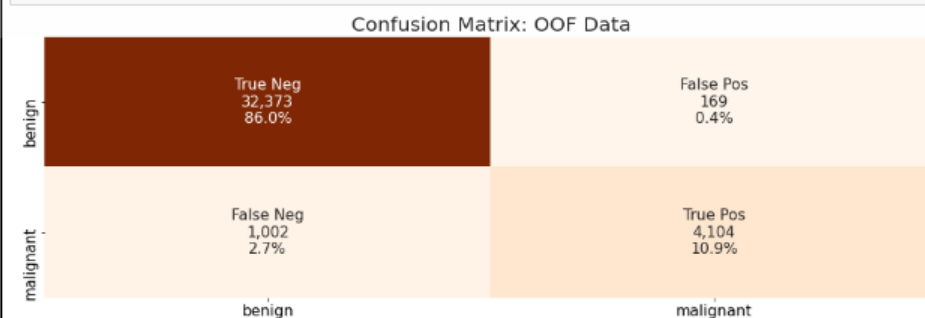
# Pretty CM:
group_names = ['True Neg', 'False Pos', 'False Neg', 'True Pos']
# Format of the absolute numbers
group_counts = ['{:,}'.format(value) for value in cf_matrix.flatten()]
# Format for relative numbers
group_percentages = ['{0:.1%}'.format(value) for value in cf_matrix.flatten()/np.sum(cf_matrix)]

labels = [f'{v1}{n}{v2}{n}{v3}' for v1, v2, v3 in zip(group_names, group_counts, group_percentages)]
labels = np.asarray(labels).reshape(2,2)

# --- The figure ---
plt.figure(figsize=(16, 5))
sns.heatmap(cf_matrix, annot=labels, fmt='', cmap='Oranges', xticklabels=['benign', 'malignant'],
            yticklabels=['benign', 'malignant'], cbar=False)

matplotlib.rcParams.update({'font.size': 15})
plt.tick_params(axis='both', labelsize=15)
plt.title('Confusion Matrix: OOF Data');

```



ตัวอย่างการทำนายผล และสร้างตาราง Confusion Matrix, เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่นิยมนำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า ไม่ว่าจะกรณีใดๆ ทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ดัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้

ประวัติผู้เขียน

ชื่อ นายศุภณัฐ บุญสุภาพร
 วัน เดือน ปีเกิด 15 มกราคม 2541
 ที่อยู่ปัจจุบัน 99/100 หมู่ 8 ถ.บางไผ่หนองเพรางาย ต.บางรักพัฒนา อ.บางบัวทอง
 จ.นนทบุรี 11110
 ประวัติการศึกษา ปีการศึกษา 2561 ปริญญาตรี วิทยาศาสตร์บัณฑิต สาขาสถิติ
 เกรดเฉลี่ย 2.74
 มหาวิทยาลัยธรรมศาสตร์
 ทุนการศึกษา
 ผลงานทางวิชาการ



เอกสารนี้เป็นเอกสารที่สงวนไว้สำหรับการใช้งานเพื่อการศึกษาเท่านั้น ไม่อนุญาตให้นำไปใช้ประโยชน์ด้านการค้า
 ไม่ว่ากรณีใดๆ ทั้งสิ้น อีกทั้งห้ามมิให้ดัดแปลงเนื้อหา และต้องอ้างอิงถึงเจ้าของเอกสารทุกครั้งที่มีการนำไปใช้