

การแยกส่วนภาพเขตสีเม็ดเลือดขาวด้วยวิธีการกรองแบบ MEAN SHIFT

และปลูกต่อพื้นที่ REGION GROWING

WHITE BLOOD CELL SEGMENTATION USING MEAN SHIFT FILTER
AND REGION GROWING ALGORITHM

จิตราวดี ชีวรัตนนท์

JITRAWADEE CHEEWATANON

วิทยานิพนธ์นี้จัดทำขึ้นเพื่อขอรับปริญญาวิทยาศาสตรมหาบัณฑิต

สาขาวิชาวิศวกรรมไฟฟ้า

คณะวิศวกรรมศาสตร์

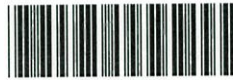
สถาบันเทคโนโลยีพระจอมเกล้าเจ้าคุณทหารลาดกระบัง

พ.ศ. 2557

KMUTT-2014 - EN - M - 043 - 005

การแยกส่วนภาพเซลล์เม็ดเลือดขาวด้วยวิธีการกรองแบบ MEAN SHIFT
และอัลกอริทึม REGION GROWING

WHITE BLOOD CELL SEGMENTATION USING MEAN SHIFT FILTER
AND REGION GROWING ALGORITHM



T132709

จิตราวดี ชีวะตานนท์

JIDTRAWADEE CHEEWATANON

เลขหมู่.....
เลขทะเบียน...**132709**
วัน,เดือน,ปี...- 1 ส.ค. 2557

วิทยานิพนธ์นี้สำหรับการศึกษาตามหลักสูตรปริญญาวิศวกรรมศาสตรมหาบัณฑิต

สาขาวิชาวิศวกรรมชีวการแพทย์

คณะวิศวกรรมศาสตร์

สถาบันเทคโนโลยีพระจอมเกล้าเจ้าคุณทหารลาดกระบัง

พ.ศ.2557

KMITL-2014-EN-M-045-005

WHITE BLOOD CELL SEGMENTATION USING MEAN SHIFT FILTER
AND REGION GROWING ALGORITHM

JIDTRAWADEE CHEEWATANON

A THESIS SUBMITTED IN FULFILLMENT
OF THE REQUIREMENT FOR THE DEGREE OF
MASTER OF ENGINEERING IN BIOMEDICAL ENGINEERING
FACULTY OF ENGINEERING
KING MONGKUT'S INSTITUTE OF TECHNOLOGY LADKRABANG
2014
KMITL-2014-EN-M-045-005

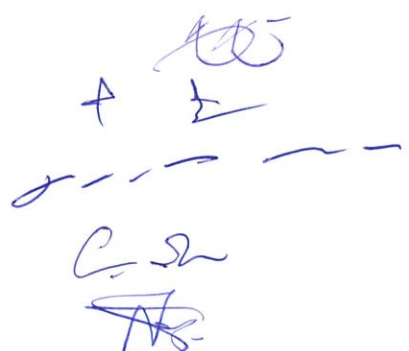
COPYRIGHT 2014

FACULTY OF ENGINEERING

KING MONGKUT'S INSTITUTE OF TECHNOLOGY LADKRABANG

คณะวิศวกรรมศาสตร์
สถาบันเทคโนโลยีพระจอมเกล้าเจ้าคุณทหารลาดกระบัง
ใบรับรองวิทยานิพนธ์

หัวข้อวิทยานิพนธ์ การแยกส่วนภาพเซลล์เม็ดเลือดขาวด้วยวิธีการกรองแบบ Mean Shift และอัลกอริทึม Region Growing
Thesis Title White Blood Cell Segmentation Using Mean Shift Filter and Region Growing Algorithm
นักศึกษา นางสาวจิตรราตรี ชีวะदानนท์
รหัสประจำตัว 53612001
ปริญญา วิศวกรรมศาสตรมหาบัณฑิต
สาขาวิชา วิศวกรรมชีวการแพทย์
อาจารย์ที่ปรึกษาวิทยานิพนธ์ รศ.ดร.สุรพันธุ์ เอื้อไพบูลย์
หมายเลขวิทยานิพนธ์ KMITL-2014-EN-M-045-005

คณะกรรมการสอบวิทยานิพนธ์		ลายมือชื่อ
รศ.ดร.ชูชาติ	ปิณฑวิรุจน์	
ดร.สุรเดช	ตรีไตรลักษณะ	
รศ.ดร.มนัส	สังวรศิลป์	
ผศ.ดร.ยุทธนา	คิดใจเดียว	
รศ.ดร.สุรพันธุ์	เอื้อไพบูลย์	

วัน / เดือน / ปี ที่สอบ วันจันทร์ที่ 16 ธันวาคม พ.ศ. 2556 เวลา 13.00-15.00 น.
สถานที่สอบ ณ อาคาร A ชั้น 5 ห้องประชุม 3

สถาบันเทคโนโลยีพระจอมเกล้าเจ้าคุณทหารลาดกระบัง
KING MONGKUT'S INSTITUTE OF TECHNOLOGY LADKRABANG

คณะวิศวกรรมศาสตร์ รับรองแล้ว



(ศาสตราจารย์ ดร.สุชัชวีร์ สุวรรณสวัสดิ์)

คณบดี คณะวิศวกรรมศาสตร์

วันที่ 16 ธันวาคม พ.ศ. 2556

หัวข้อวิทยานิพนธ์	การแยกส่วนภาพเซลล์เม็ดเลือดขาวด้วยวิธีการกรองแบบ Mean Shift และอัลกอริทึม Region Growing
นักศึกษา	นางสาวจิตราวดี ชีวะตานนท์
รหัสนักศึกษา	53612001
ปริญญา	วิศวกรรมศาสตรมหาบัณฑิต
สาขาวิชา	วิศวกรรมชีวการแพทย์
พ.ศ.	2557
อาจารย์ที่ปรึกษาวิทยานิพนธ์	รศ.ดร.สุรพันธุ์ เอื้อไพบูลย์

บทคัดย่อ

การแยกส่วนภาพของเซลล์เม็ดเลือดขาว เป็นการเตรียมข้อมูลที่สำคัญให้กับนักโลหิตวิทยาเพื่อใช้ในการวินิจฉัยและรักษาโรค อย่างไรก็ตาม การแยกส่วนภาพของเซลล์โดยมนุษย์เป็นวิธีการที่ใช้เวลามากและอาจเกิดความผิดพลาดได้ง่าย ดังนั้น ดูเหมือนว่าระบบอัตโนมัติที่มีประสิทธิภาพสำหรับการแยกส่วนภาพเซลล์จึงมีความจำเป็น ในวิทยานิพนธ์ฉบับนี้ นำเสนออัลกอริทึมใหม่สำหรับการแยกส่วนภาพเซลล์เม็ดเลือดขาว ซึ่งประกอบด้วย 2 กระบวนการ คือ กระบวนการ Mean Shift และกระบวนการ Region Growing โดยอัลกอริทึมที่นำเสนอนี้ใช้ทดสอบกับภาพในปริภูมิสี RGB และ CIE $L^*a^*b^*$ ตามลำดับ จากผลการทดลองวิธีการใหม่ที่นำเสนอสามารถแยกส่วนภาพเซลล์เม็ดเลือดขาวได้อย่างมีประสิทธิภาพ นอกจากนี้การแยกส่วนภาพในปริภูมิสี CIE $L^*a^*b^*$ ให้ผลลัพธ์ที่ดีกว่าการแยกส่วนภาพในปริภูมิสี RGB

Thesis	White Blood Cell Segmentation Using Mean Shift Filter and Region Growing Algorithm
Student	Miss Jidtrawadee Cheewatanon
Student ID.	53612001
Degree	Master of Engineering
Program	Biomedical Engineering
Year	2014
Thesis Advisor	Assoc.Prof.Dr. Surapan Airpaiboon

ABSTRACT

The segmentation of white blood cells (WBCs) provides invaluable information to hematologist for diagnosis and treatment of many diseases. However, manually segmenting the WBCs is a time-consuming and susceptible to error procedure. Then an automatic and efficient system seems necessary and helpful. In this thesis, we propose a new algorithm to segment the white blood cell images. The algorithm consists of two processes: mean shift (MS) filter and region growing algorithm. The proposed algorithm was tested in RGB color space and CIE L*a*b* color space respectively. The experimental results show that segmenting the WBCs in CIE L*a*b* color space is superior than in RGB color space.

กิตติกรรมประกาศ

วิทยานิพนธ์ฉบับนี้สำเร็จลุล่วงได้อย่างดี ด้วยคำปรึกษาและได้รับประสิทธิประสาทวิชาความรู้จาก รศ.ดร.สุรพันธุ์ เอื้อไพบูลย์ ซึ่งเป็นอาจารย์ที่ปรึกษาวิทยานิพนธ์

ขอขอบพระคุณ ดร.เทอดศักดิ์ ลีมหาทอง และ รศ.ดร.มนัส สังวรศิลป์ ที่ได้ให้คำปรึกษาและชี้แนะการแก้ปัญหาต่างๆ ผู้จัดทำวิทยานิพนธ์ขอขอบพระคุณเป็นอย่างสูง

ขอขอบคุณ ครอบครัวลิง (Monkey Family) ที่ให้การสนับสนุนการทำวิทยานิพนธ์นี้ ขอขอบคุณน้องๆในห้องปฏิบัติการทุกคน

และสุดท้าย ขอขอบคุณบัณฑิตวิทยาลัยสถาบันเทคโนโลยีพระจอมเกล้าเจ้าคุณทหารลาดกระบัง ที่สนับสนุนการทำวิทยานิพนธ์ครั้งนี้

สำหรับคุณงามความดีอันใดที่เกิดจากวิทยานิพนธ์ฉบับนี้ ข้าพเจ้าขอมอบให้กับบิดามารดา ซึ่งเป็นที่รักและเคารพยิ่ง ตลอดจนบูรพคณาจารย์ที่เคารพทุกท่านที่ได้ประสิทธิ์ประสาทวิชาความรู้และถ่ายทอดประสบการณ์ที่ดีแก่ข้าพเจ้า

จิตราวดี ชีวะตานนท์

สารบัญ

	หน้า
บทคัดย่อภาษาไทย.....	I
บทคัดย่อภาษาอังกฤษ.....	II
กิตติกรรมประกาศ.....	III
สารบัญ.....	IV
สารบัญตาราง.....	VI
สารบัญรูป.....	VII
คำอธิบายสัญลักษณ์.....	XI
บทที่ 1 บทนำ.....	1
1.1 ความเป็นมาและความสำคัญของปัญหา.....	1
1.2 ความมุ่งหมายและวัตถุประสงค์ของการศึกษา.....	5
1.3 ทฤษฎีหรือแนวความคิดที่ใช้ในการวิจัย.....	6
1.4 ขอบเขตของการวิจัย.....	6
1.5 ขั้นตอนการทำวิจัย.....	7
บทที่ 2 ทฤษฎีที่เกี่ยวข้อง.....	9
2.1 ปริภูมิสี RGB (RGB Color Space).....	9
2.2 ปริภูมิสี CIE L*a*b* (CIE L*a*b* Color Space).....	10
2.3 วิธีการ Mean Shift (Mean Shift Procedure).....	12
2.3.1 การประมาณค่าความหนาแน่นแบบเคอร์เนล (Kernel Density Estimation).....	13
2.3.2 การประมาณค่า Gradient ของความหนาแน่น (Density Gradient Estimation).....	14
2.3.3 การลู่เข้า (Convergence).....	16
2.3.4 การตรวจจับฐานนิยมแบบ Mean Shift (Mean Shift Based Mode Detection).....	19
2.3.5 ข้อมูลของตำแหน่งและสีในโดเมนร่วม (Spatial – Range Domain).....	20
2.3.6 การกรองแบบ Mean Shift (Mean Shift Filtering).....	20
2.4 การแยกส่วนภาพ (Image Segmentation).....	21
2.4.1 การกรองภาพด้วยวิธี Mean Shift (Image Filter by Mean Shift Method).....	21
2.4.2 การแยกส่วนภาพด้วยวิธี Region Growing (Region Growing Segmentation).....	22
2.4.3 การแทนค่ารูปภาพ (Image Representation).....	23

สารบัญ(ต่อ)

	หน้า
บทที่ 3 บทความและงานวิจัยที่เกี่ยวข้อง.....	25
3.1 การแยกส่วนภาพเซลล์เม็ดเลือดขาวด้วยวิธี Distance Mapping Active Contour...	25
3.1.1 Convex-Hull ของนิวเคลียสและการประมาณค่าบริเวณของไซโทพลาซึม.....	25
3.1.2 การแพร่แบบ Active Contour (Active Contour Propagation).....	26
3.1.3 อัลกอริทึมการแยกส่วนภาพด้วยวิธี Distance Mapping Active Contour....	29
บทที่ 4 อัลกอริทึม	30
4.1 อัลกอริทึม Mean Shift (Mean Shift Algorithm)	30
4.2 อัลกอริทึม Region Growing (Region Growing Algorithm).....	32
4.3 อัลกอริทึมการแทนค่าสีในรูปภาพ (Color Image Representation Algorithm)....	33
บทที่ 5 ผลการทดลอง	35
5.1 การแยกส่วนภาพเซลล์เม็ดเลือดขาวโดยใช้อัลกอริทึม Mean Shift & Region Growing	35
5.1.1 ผลการทดลองในปริภูมิสี RGB	35
5.1.2 ผลการทดลองในปริภูมิสี CIE L*a*b*	53
5.2 การแยกส่วนภาพเซลล์เม็ดเลือดขาวด้วยวิธีการ Distance Mapping Active Contour.....	70
5.3 เปรียบเทียบผลการแยกส่วนภาพเซลล์เม็ดเลือดขาวระหว่างวิธีการ Mean Shift & Region Growing และ Distance Mapping Active Contour.....	71
บทที่ 6 สรุปผลและหลักการวิเคราะห์.....	76
บรรณานุกรม	77
ผลงานที่ได้รับการตีพิมพ์.....	79
ประวัติผู้เขียน.....	80

สารบัญตาราง

ตารางที่	หน้า
2.1 แสดงค่า Tristimulus ของสีขาวอ้างอิง	12
4.1 แสดงอัลกอริทึมของวิธีการ Mean Shift	31
4.2 แสดงขั้นตอนของวิธีการ RegionGrow ($\mathbf{z}_i, \mathbf{z}_{in}, Idx$)	32
4.3 แสดงโปรแกรมหลักที่ใช้ในการทดลองของอัลกอริทึม Region Growing	33

สารบัญรูป

รูปที่	หน้า
1.1 เซลล์เม็ดเลือดแดง.....	1
1.2 การอยู่ร่วมกันระหว่างเซลล์เม็ดเลือดขาวและเซลล์เม็ดเลือดแดง.....	2
1.3 เซลล์เม็ดเลือดขาวทั้ง 5 ชนิด	2
1.4 เซลล์เม็ดเลือดขาวชนิดนิวโทรฟิล	3
1.5 เซลล์เม็ดเลือดขาวชนิดอีโอซิโนฟิล.....	3
1.6 เซลล์เม็ดเลือดขาวชนิดเบโซฟิล.....	3
1.7 เซลล์เม็ดเลือดขาวชนิดลิมโฟไซต์	4
1.8 เซลล์เม็ดเลือดขาวชนิดโมโนไซต์	4
1.9 องค์ประกอบของเครื่อง Flow Cytometry	5
1.10 การแสดงผลการตรวจนับและแยกส่วนเซลล์เม็ดเลือดโดยเครื่อง Flow Cytometry.....	5
1.11 ขั้นตอนการตรวจนับและแยกส่วนเซลล์เม็ดเลือดขาวแบบอัตโนมัติ.....	6
1.12 ขั้นตอนการแยกส่วนภาพเซลล์เม็ดเลือดขาวออกเป็นส่วน.....	7
2.1 การผสมสีของแม่สี RGB.....	9
2.2 ปริภูมิสี RGB.....	10
2.3 การบรรยายของสีในระบบ CIE L*a*b* มองในระนาบ 2 มิติ	10
2.4 การบรรยายของสีในระบบ CIE L*a*b* มองในระนาบ 3 มิติ	11
2.5 ความสัมพันธ์ระหว่างปริภูมิสี RGB และ CIE L*a*b*.....	12
2.6 รูปแบบของเคอร์เนลชนิดปกติ (Normal Kernel).....	13
2.7 แสดงเส้นทางที่นำไปสู่บริเวณที่มีความหนาแน่นสูงสุดของ Mean Shift Vector	16
2.8 แสดงตัวอย่างภาพที่ต้องการจะแยกส่วน.....	22
2.9 แสดงการกำหนดจุดเริ่มต้นของภาพโดยการเลือกพิกเซลใดๆ.....	22
2.10 แสดงการขยายของพื้นที่ที่มีคุณสมบัติใกล้เคียงกัน.....	23
2.11 แสดงขนาดทั้งหมดของพื้นที่ที่ถูกจัดเข้าอยู่กลุ่มเดียวกัน	23
2.12 แสดงตัวอย่างภาพที่ต้องการจะทำกระบวนการแทนค่า.....	24
2.13 แสดงผลลัพธ์ของการแทนค่ารูปภาพ	24
3.1 แสดงตัวอย่าง Convex – Hull ของนิวเคลียส	26
3.2 แสดงตัวอย่างพื้นที่ของไซโทพลาสซึมแบบประมาณ	26
3.3 แสดงการไหลของเวกเตอร์ Gradient.....	27
3.4 แสดงระยะทางของการ Map ของรูปภาพ 2 ระดับ.....	27
3.5 อนุกรมของ Contour.....	28
3.6 ขอบเขตของภาพเซลล์เม็ดเลือดขาว	28
3.7 อัลกอริทึมการแยกส่วนภาพด้วยวิธี Distance Mapping Active Contour.....	29
4.1 ขั้นตอนการแยกส่วนภาพเซลล์เม็ดเลือดขาวด้วยวิธีการ Mean Shift & Region Growing.....	30
4.2 ผลลัพธ์ของภาพต้นฉบับที่ผ่านกระบวนการกรองแบบ Mean Shift	31

สารบัญรูป (ต่อ)

รูปที่	หน้า
4.3 ผลลัพธ์การแยกส่วนภาพด้วยวิธีการ Mean Shift & Region Growing.....	33
4.4 ผลลัพธ์การแยกส่วนภาพด้วยวิธีการแทนค่าสีและ Region Growing.....	33
5.1 ผลการทดลองการแยกส่วนภาพของเซลล์เม็ดเลือดขาวชนิดนิวโทรฟิล (Neutrophil) ในปริภูมิสี RGB ตัวอย่างที่ 1	36
5.2 ผลการทดลองการแยกส่วนภาพของเซลล์เม็ดเลือดขาวชนิดนิวโทรฟิล (Neutrophil) ในปริภูมิสี RGB ตัวอย่างที่ 2	37
5.3 ผลการทดลองการแยกส่วนภาพของเซลล์เม็ดเลือดขาวชนิดอีโอซิโนฟิล (Eosinophil) ในปริภูมิสี RGB ตัวอย่างที่ 1	39
5.4 ผลการทดลองการแยกส่วนภาพของเซลล์เม็ดเลือดขาวชนิดอีโอซิโนฟิล (Eosinophil) ในปริภูมิสี RGB ตัวอย่างที่ 2	40
5.5 ผลการทดลองการแยกส่วนภาพของเซลล์เม็ดเลือดขาวชนิดเบโซฟิล (Basophil) ในปริภูมิสี RGB ตัวอย่างที่ 1	42
5.6 ผลการทดลองการแยกส่วนภาพของเซลล์เม็ดเลือดขาวชนิดเบโซฟิล (Basophil) ในปริภูมิสี RGB ตัวอย่างที่ 2	43
5.7 ผลการทดลองการแยกส่วนภาพของเซลล์เม็ดเลือดขาวชนิดลิมโฟไซต์ (Lymphocyte) ในปริภูมิสี RGB ตัวอย่างที่ 1	45
5.8 ผลการทดลองการแยกส่วนภาพของเซลล์เม็ดเลือดขาวชนิดลิมโฟไซต์ (Lymphocyte) ในปริภูมิสี RGB ตัวอย่างที่ 2	46
5.9 ผลการทดลองการแยกส่วนภาพของเซลล์เม็ดเลือดขาวชนิดลิมโฟไซต์ (Lymphocyte) ในปริภูมิสี RGB ตัวอย่างที่ 3	48
5.10 ผลการทดลองการแยกส่วนภาพของเซลล์เม็ดเลือดขาวชนิดโมโนไซต์ (Monocyte) ในปริภูมิสี RGB ตัวอย่างที่ 1	49
5.11 ผลการทดลองการแยกส่วนภาพของเซลล์เม็ดเลือดขาวชนิดโมโนไซต์ (Monocyte) ในปริภูมิสี RGB ตัวอย่างที่ 2	51
5.12 ผลการทดลองการแยกส่วนภาพของเซลล์เม็ดเลือดขาวชนิดนิวโทรฟิล (Neutrophil) ในปริภูมิสี CIE L*a*b* ตัวอย่างที่ 1	53
5.13 ผลการทดลองการแยกส่วนภาพของเซลล์เม็ดเลือดขาวชนิดนิวโทรฟิล (Neutrophil) ในปริภูมิสี CIE L*a*b* ตัวอย่างที่ 2	55
5.14 ผลการทดลองการแยกส่วนภาพของเซลล์เม็ดเลือดขาวชนิดอีโอซิโนฟิล (Eosinophil) ในปริภูมิสี CIE L*a*b* ตัวอย่างที่ 1	56
5.15 ผลการทดลองการแยกส่วนภาพของเซลล์เม็ดเลือดขาวชนิดอีโอซิโนฟิล (Eosinophil) ในปริภูมิสี CIE L*a*b* ตัวอย่างที่ 2	58
5.16 ผลการทดลองการแยกส่วนภาพของเซลล์เม็ดเลือดขาวชนิดเบโซฟิล (Basophil) ในปริภูมิสี CIE L*a*b* ตัวอย่างที่ 1	59

สารบัญรูป (ต่อ)

รูปที่	หน้า
5.17 ผลการทดลองการแยกส่วนภาพของเซลล์เม็ดเลือดขาวชนิดเบโซฟิล (Basophil) ในปริภูมิสี CIE L*a*b* ตัวอย่างที่ 2	61
5.18 ผลการทดลองการแยกส่วนภาพของเซลล์เม็ดเลือดขาวชนิดลิมโฟไซท์ (Lymphocyte) ในปริภูมิสี CIE L*a*b* ตัวอย่างที่ 1	62
5.19 ผลการทดลองการแยกส่วนภาพของเซลล์เม็ดเลือดขาวชนิดลิมโฟไซท์ (Lymphocyte) ในปริภูมิสี CIE L*a*b* ตัวอย่างที่ 2	64
5.20 ผลการทดลองการแยกส่วนภาพของเซลล์เม็ดเลือดขาวชนิดลิมโฟไซท์ (Lymphocyte) ในปริภูมิสี CIE L*a*b* ตัวอย่างที่ 3	65
5.21 ผลการทดลองการแยกส่วนภาพของเซลล์เม็ดเลือดขาวชนิดโมนไซท์ (Monocyte) ในปริภูมิสี CIE L*a*b* ตัวอย่างที่ 1	67
5.22 ผลการทดลองการแยกส่วนภาพของเซลล์เม็ดเลือดขาวชนิดโมนไซท์ (Monocyte) ในปริภูมิสี CIE L*a*b* ตัวอย่างที่ 2	68
5.23 ผลการทดลองการแยกส่วนภาพเซลล์เม็ดเลือดขาวในปริภูมิสี RGB ด้วยวิธีการ Distance Mapping Active Contour.....	70
5.24 เปรียบเทียบผลการแยกส่วนภาพเซลล์เม็ดเลือดขาวชนิดนิวโตรฟิล (Neutrophil) ระหว่างวิธีการ Mean Shift & Region Growing และวิธีการ Distance Mapping Active Contour.....	72
5.25 เปรียบเทียบผลการแยกส่วนภาพเซลล์เม็ดเลือดขาวชนิดอีโอซิโนฟิล (Eosinophil) ระหว่างวิธีการ Mean Shift & Region Growing และวิธีการ Distance Mapping Active Contour.....	72
5.26 เปรียบเทียบผลการแยกส่วนภาพเซลล์เม็ดเลือดขาวชนิดเบโซฟิล (Basophil) ระหว่างวิธีการ Mean Shift & Region Growing และวิธีการ Distance Mapping Active Contour.....	72
5.27 เปรียบเทียบผลการแยกส่วนภาพเซลล์เม็ดเลือดขาวชนิดลิมโฟไซท์ (Lymphocyte) ระหว่างวิธีการ Mean Shift & Region Growing และวิธีการ Distance Mapping Active Contour ตัวอย่างที่ 1	73
5.28 เปรียบเทียบผลการแยกส่วนภาพเซลล์เม็ดเลือดขาวชนิดลิมโฟไซท์ (Lymphocyte) ระหว่างวิธีการ Mean Shift & Region Growing และวิธีการ Distance Mapping Active Contour ตัวอย่างที่ 2.....	73
5.29 เปรียบเทียบผลการแยกส่วนภาพเซลล์เม็ดเลือดขาวชนิดโมนไซท์ (Monocyte) ระหว่างวิธีการ Mean Shift & Region Growing และวิธีการ Distance Mapping Active Contour.....	73
5.30 การกำหนดขอบเขตไซโทพลาซึมของเซลล์เม็ดเลือดขาวชนิดนิวโตรฟิล (Neutrophil) ด้วยวิธีการ Distance Mapping Active Contour.....	74

สารบัญรูป (ต่อ)

รูปที่	หน้า
5.31	
การกำหนดขอบเขตไซโทพลาซึมของเซลล์เม็ดเลือดขาวชนิดโมโนไซต์ (Monocyte) ด้วยวิธีการ Distance Mapping Active Contour.....	75

คำอธิบายสัญลักษณ์

R^d	ปริภูมิ Euclidean ใน d มิติ
K	ฟังก์ชันเคอร์เนล
G	อนุพันธ์ของฟังก์ชันเคอร์เนล
K_N	ฟังก์ชันเคอร์เนลชนิดปกติ (Gaussian Kernel)
\hat{f}	ฟังก์ชันการประมาณค่าความหนาแน่นหลายมิติ
$\hat{\nabla}f$	ฟังก์ชันการประมาณค่า Gradient ของความหนาแน่น
m	ค่าของเวกเตอร์ Mean Shift
\mathbf{M}	ค่าของระยะห่าง Mahalanobis
σ	ค่าของแบนด์วิธ
σ_s	ค่าของแบนด์วิธในโดเมน Spatial
σ_r	ค่าของแบนด์วิธในโดเมน Range

บทที่ 1

บทนำ

1.1 ความเป็นมาและความสำคัญของปัญหา

เซลล์ในระบบหมุนเวียนโลหิตของร่างกายมนุษย์จำแนกออกได้เป็น 3 กลุ่ม คือ เซลล์เม็ดเลือดแดง (Red Blood Cell: RBC), เซลล์เม็ดเลือดขาว (White Blood Cell: WBC) และเกล็ดเลือด (Blood Platelets) โดยทั่วไป เซลล์เม็ดเลือดแดงมีขนาดประมาณ 6 - 8 ไมโครเมตร มีลักษณะค่อนข้างกลม เว้าตรงกลางคล้ายโดนัทแต่ไม่มีรูทะลุถึงกัน ไม่มีนิวเคลียส มีสีแดง ดังแสดงในรูปที่ 1.1



รูปที่ 1.1 เซลล์เม็ดเลือดแดง

เซลล์เม็ดเลือดแดงถูกสร้างที่บริเวณไขกระดูกของร่างกายตามที่แตกต่างกัน โดยไขกระดูกที่มีประสิทธิภาพในการสร้าง ได้แก่ ไขกระดูกหน้าอก ไขกระดูกซี่โครง ไขกระดูกสันหลัง และไขกระดูกกระโหลกศีรษะ อัตราการสร้างสามารถเปลี่ยนแปลงได้โดยขึ้นอยู่กับปริมาณของออกซิเจนในเลือด ถ้าออกซิเจนต่ำหรือร่างกายสูญเสียเลือดจะมีผลเร่งให้ไขกระดูกสร้างเม็ดเลือดแดงเพิ่มขึ้น เซลล์เม็ดเลือดแดงมีอายุประมาณ 120 วัน เมื่อหมดอายุการใช้งานแล้วจะถูกทำลายที่ม้าม โดยแยกออกเป็น 2 ส่วน คือ ส่วนที่เป็นธาตุเหล็ก ร่างกายจะเก็บไว้ใช้ และส่วนที่ไม่ใช่ธาตุเหล็ก จะถูกนำไปทิ้งเพื่อขับออกทางน้ำดีและบางส่วนถูกขับออกทางไต จำนวนเซลล์เม็ดเลือดแดงในผู้ชายจะมีปริมาณมากกว่าผู้หญิง คือ ผู้ชายมีประมาณ 5 ล้านเซลล์ต่อเลือด 1 ลบ.ซม. ในขณะที่ผู้หญิงมีประมาณ 4.5 ล้านเซลล์ต่อเลือด 1 ลบ.ซม. เซลล์เม็ดเลือดแดงมีหน้าที่นำออกซิเจนไปเลี้ยงเซลล์ต่างๆทั่วร่างกาย นำคาร์บอนไดออกไซด์ออกจากเซลล์ไปสู่ปอด และทำให้เลือดมีสีแดงเนื่องจากมีฮีโมโกลบินผสมอยู่หน้าที่สำคัญอีกประการหนึ่งของฮีโมโกลบิน คือ รักษาความสมดุลระหว่างกรดและด่างของเลือดให้อยู่ในเกณฑ์พอดี

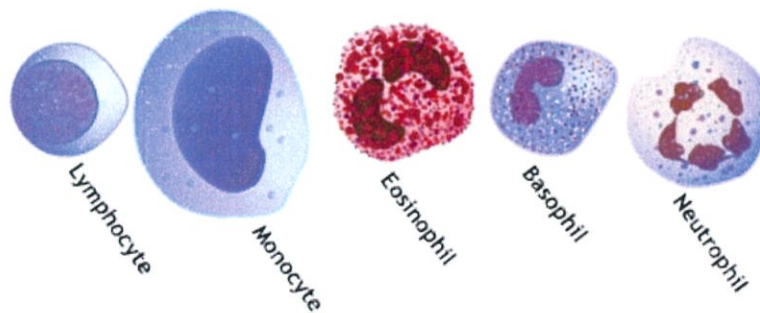
เซลล์เม็ดเลือดขาวมีขนาดใหญ่กว่าเซลล์เม็ดเลือดแดง เป็นเซลล์ที่มีนิวเคลียส ไม่มีฮีโมโกลบิน และมีอายุประมาณ 13 วัน จำนวนของเซลล์เม็ดเลือดขาวมีประมาณ 5,000 - 7,000 เซลล์ต่อเลือด 1 ลบ.ซม. โดยอาจเปลี่ยนแปลงได้ตามอายุ เพศ และสภาวะอื่นๆ เซลล์เม็ดเลือดขาวมีการสร้างออกมาตลอดเหมือนเซลล์เม็ดเลือดแดง อวัยวะสำหรับสร้างเซลล์เม็ดเลือดขาว ได้แก่ ไขกระดูก ต่อมม้ามเหลือง ต่อมทอมซิล ต่อมไทมัส เป็นต้น หน้าที่ของเซลล์เม็ดเลือดขาวจะช่วยให้ร่างกายต่อสู้กับเชื้อโรคเมื่อ

มีสิ่งแปลกปลอมเข้าสู่ร่างกาย และสร้างภูมิคุ้มกันโรค รูปที่ 1.2 แสดงการอยู่ร่วมกันระหว่างเซลล์เม็ดเลือดขาวและเซลล์เม็ดเลือดแดง



รูปที่ 1.2 การอยู่ร่วมกันระหว่างเซลล์เม็ดเลือดขาวและเซลล์เม็ดเลือดแดง

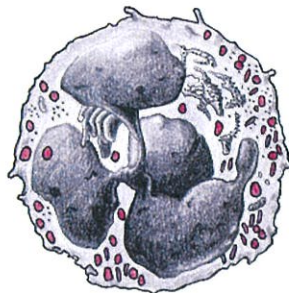
เซลล์เม็ดเลือดขาวเป็นเซลล์ที่พบได้ทั่วไปในร่างกาย รวมไปถึงในเลือดและในระบบน้ำเหลือง เซลล์เม็ดเลือดขาวแบ่งออกเป็น 2 ชนิด คือ เซลล์เม็ดเลือดขาวชนิดมีแกรนูโล เรียกว่า แกรนูโลโลไซต์ (Granulocyte) และเซลล์เม็ดเลือดขาวชนิดไม่มีแกรนูโล เรียกว่า อะแกรนูโลโลไซต์ (Agranulocyte) โดยที่เซลล์เม็ดเลือดขาวชนิดมีแกรนูโลจะมีลักษณะของนิวเคลียสแบ่งเป็นกลีบ (Lobe) เซลล์ค่อนข้างกลม ถูกสร้างที่ไขกระดูก แบ่งออกได้เป็น 3 ชนิดย่อย ได้แก่ นิวโตรฟิล (Neutrophil), อีโอซิโนฟิล (Eosinophil) และเบโซฟิล (Basophil) ส่วนเซลล์เม็ดเลือดขาวชนิดไม่มีแกรนูโลจะมีลักษณะของนิวเคลียสค่อนข้างกลม มีกลีบเดียว และมีขนาดใหญ่ สร้างจากต่อมน้ำเหลือง ต่อมน้ำนม และต่อมทอมซิล มีจำนวนน้อยมากที่สร้างจากไขกระดูก แบ่งออกได้เป็น 2 ชนิดย่อย ได้แก่ ลิมโฟไซต์ (Lymphocyte) และโมโนไซต์ (Monocyte) [1] เซลล์เม็ดเลือดขาวทั้ง 5 ชนิดถูกแสดงในรูปที่ 1.3



รูปที่ 1.3 เซลล์เม็ดเลือดขาวทั้ง 5 ชนิด

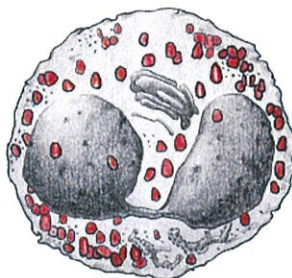
นิวโตรฟิล มีจำนวนประมาณ 60 - 70 % ของเซลล์เม็ดเลือดขาวในคนปกติ มีขนาดประมาณ 10 - 15 ไมโครเมตร ส่วนมากมีนิวเคลียส 3 - 5 กลีบ ดังแสดงในรูปที่ 1.4 มีหน้าที่ทำลายเชื้อโรคและสิ่งแปลกปลอมในร่างกาย เป็นเซลล์ที่ตอบสนองในระยะแรกของการอักเสบแบบเฉียบพลัน สามารถ

หลังสารตัวกลางทางเคมีได้หลายชนิด เช่น สารพิษมากกว่า 50 ชนิด สารอนุมูลอิสระต่าง ๆ และ เอนไซม์ที่ใช้อยู่โปรตีนอีกหลายชนิดเพื่อต่อสู้หรือทำลายเชื้อจุลินทรีย์ [1]



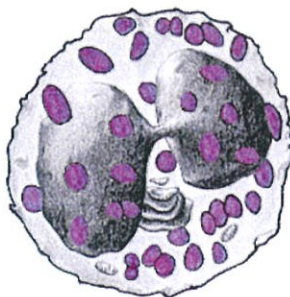
รูปที่ 1.4 เซลล์เม็ดเลือดขาวชนิดนิวโทรฟิล

อีโอซิโนฟิล มีจำนวนประมาณ 1 - 6 % ของเซลล์เม็ดเลือดขาวในคนปกติ เซลล์มีขนาด 12 - 15 ไมโครเมตร มีนิวเคลียส 2 กลีบ ดังแสดงในรูปที่ 1.5 ทำหน้าที่เกี่ยวข้องกับการเกิดปฏิกิริยาภูมิแพ้ และการติดเชื้อจากหนอนพยาธิ โดยที่เซลล์อีโอซิโนฟิลช่วยควบคุมการอักเสบด้วยการหลั่งเอนไซม์ไปย่อยสลายสารสื่อกลางทางเคมี [1]



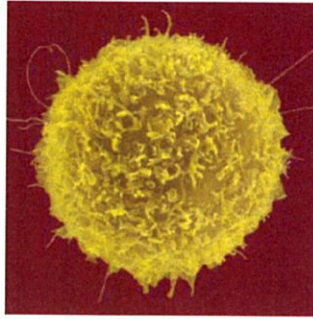
รูปที่ 1.5 เซลล์เม็ดเลือดขาวชนิดอีโอซิโนฟิล

เบโซฟิล มีจำนวนประมาณ 0.5 - 1 % ของเซลล์เม็ดเลือดขาวในคนปกติ เซลล์มีขนาดประมาณ 10 - 14 ไมโครเมตร ส่วนมากมีนิวเคลียส 2 - 3 กลีบ ดังแสดงในรูปที่ 1.6 ทำหน้าที่สร้างสารเฮปาริน (Heparin) ซึ่งเป็นสารป้องกันไม่ให้เลือดในร่างกายแข็งตัว และสร้างฮิสตามีน (Histamine) ช่วยขยายผนังของหลอดเลือด [1]



รูปที่ 1.6 เซลล์เม็ดเลือดขาวชนิดเบโซฟิล

ลิมโฟไซต์ มีขนาดแตกต่างกันตั้งแต่ 6 - 25 ไมโครเมตร นิวเคลียสค่อนข้างกลมหรือรี และมีขนาดใหญ่เกือบเต็มเซลล์ ดังแสดงในรูปที่ 1.7 มีความสามารถในการจดจำและแบ่งตัวของเซลล์ความจำ (Memory Cells) ทำให้เกิดภูมิคุ้มกันแบบแอนติเจนที่จำเพาะไปตลอดกาล [1]



รูปที่ 1.7 เซลล์เม็ดเลือดขาวชนิดลิมโฟไซต์

โมโนไซต์ มีขนาดแตกต่างกันตั้งแต่ 15 - 35 ไมโครเมตร นิวเคลียสมีลักษณะโป่ง รูปร่างคล้ายเม็ดถั่ว ดังแสดงในรูปที่ 1.8 มีหน้าที่ทำลายเชื้อโรคที่เข้าสู่ร่างกาย และมีประสิทธิภาพในการกลืนกินเซลล์สูงกว่านิวโทรฟิล นอกจากนี้ยังมีความสำคัญในกระบวนการซ่อมแซม เช่น ผลิตโปรตีนที่ใช้ในกระบวนการซ่อมแซมรอยแผล และโปรตีนที่เป็นเอนไซม์ช่วยย่อยสลายเนื้อเยื่อ [1]

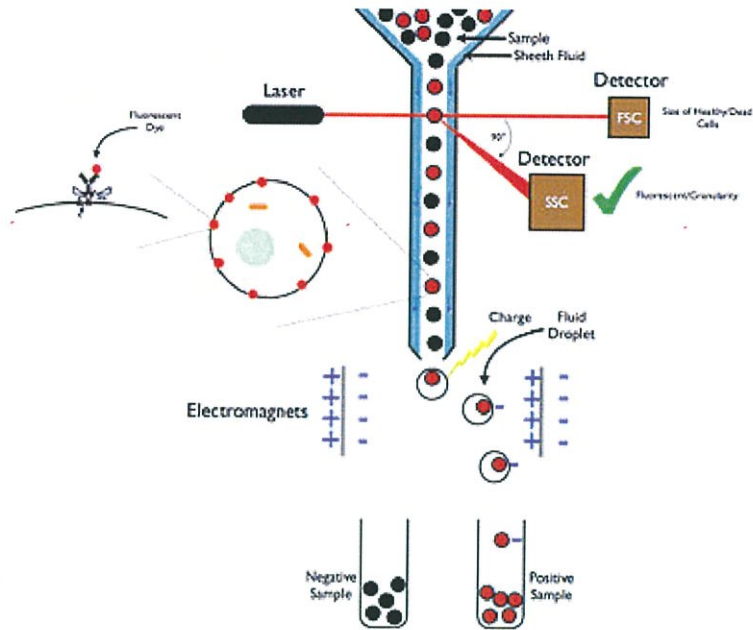


รูปที่ 1.8 เซลล์เม็ดเลือดขาวชนิดโมโนไซต์

จำนวนเซลล์เม็ดเลือดขาวที่มีค่าต่ำหรือสูงมาก หรือลักษณะของนิวเคลียสและไซโทพลาซิมมีรูปร่างผิดปกติ สามารถใช้เป็นตัวบ่งชี้อาการของโรคต่างๆได้ เช่น ถ้าจำนวนเม็ดเลือดขาวต่ำมากอาจเกิดจากโรคที่มีภูมิคุ้มกันต่ำบางอย่าง หรือเกิดจากการติดเชื้อไวรัสบางประเภท หรือโรคที่มีการสร้างเม็ดเลือดผิดปกติ เช่น โรคไขกระดูกฝ่อ (Aplastic Anemia) ซึ่งจะทำให้มีการสร้างเม็ดเลือดทุกชนิดลดลงทั้งหมด แต่ถ้าจำนวนเม็ดเลือดขาวสูงมากอาจเกิดจากการติดเชื้อพวกแบคทีเรีย แต่ถ้าจำนวนสูงมากเป็นหลายๆหมื่นหรือเป็นแสนอาจทำให้สงสัยว่าเป็นมะเร็งเม็ดเลือดขาว (Leukemia) ดังนั้นการตรวจนับและแยกชนิดของเซลล์เม็ดเลือดขาว (Differential Blood Counting: DBC) รวมถึงการตรวจสอบรูปร่างและขนาดของทั้งนิวเคลียสและไซโทพลาซิม จึงเป็นวิธีการที่ใช้กันมากในทางการแพทย์ เพราะมีความสำคัญต่อการพิจารณาถึงสุขภาพของผู้ป่วยทั้งในด้านการวินิจฉัยโรค และการรักษา [2, 3]

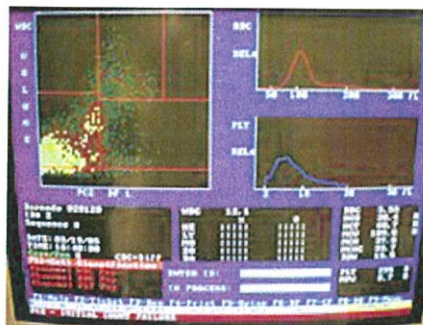
1.2 ความมุ่งหมายและวัตถุประสงค์ของการศึกษา

การนับจำนวนและแยกส่วนเซลล์เม็ดเลือดขาวมีอยู่ด้วยกันหลากหลายวิธี โดยทั่วไปนักโลหิตวิทยาจะตรวจนับและแยกส่วนของเซลล์เม็ดเลือดขาวโดยดูจากฟิล์มเลือด (Blood Film) ผ่านทางกล้องจุลทรรศน์ แต่ในท้องปฏิบัติทางการแพทย์บางแห่งได้เปลี่ยนมาใช้เครื่อง Flow Cytometry ซึ่งสามารถตรวจนับและแยกส่วนของเซลล์เม็ดเลือดได้อย่างอัตโนมัติ [4]



รูปที่ 1.9 องค์ประกอบของเครื่อง Flow Cytometry

Flow Cytometry เป็นวิธีการตรวจนับและแยกส่วนเซลล์เม็ดเลือดด้วยการวัดการเรืองแสงของเลเซอร์ที่ฉายลงบนผิวหรือภายในเซลล์ องค์ประกอบของ Flow Cytometry ถูกแสดงในรูปที่ 1.9 ในตัวเครื่องจะมีตัวมารับการหักเหของแสงเรียกว่า “Detector” ซึ่งจะวัดค่าการหักเหของแสงเป็นมุมแคบทางด้านหน้าทำให้สามารถหาขนาดของเซลล์ได้ และวัดค่าการหักเหของแสงที่ออกจากเซลล์ทำให้สามารถวัดส่วนประกอบภายในเซลล์ จากนั้นเครื่องจะเปลี่ยนสัญญาณแสงให้กลายเป็นสัญญาณไฟฟ้า และส่งข้อมูลไปยังเครื่องคอมพิวเตอร์เพื่อประมวลผลออกมาเป็นค่าทางดิจิทัลกลายเป็นขนาดและรูปร่างของเซลล์ ดังแสดงในรูปที่ 1.10 เป็นการอาศัยหลักการทางฟิสิกส์ ชีวเคมี และคุณสมบัติทางภูมิคุ้มกัน เพื่อใช้ในการตรวจนับและแยกส่วนเซลล์เม็ดเลือด



รูปที่ 1.10 การแสดงผลการตรวจนับและแยกส่วนเซลล์เม็ดเลือดโดยเครื่อง Flow Cytometry

ถึงแม้ว่าเครื่อง Flow Cytometry จะมีความรวดเร็วในการตรวจนับและแยกส่วนเซลล์เม็ดเลือด อย่างไรก็ตาม การตรวจนับและแยกส่วนเซลล์ที่ผิดปกติ (Abnormal cells) ก็ยังมีความถูกต้องมากนักและยังต้องอาศัยผู้เชี่ยวชาญพิเศษ รวมถึงต้นทุนของเครื่องค่อนข้างสูง ทำให้ในปัจจุบันยังคงต้องอาศัยคนในการตรวจนับและแยกส่วนเซลล์ที่มีความผิดปกติเหล่านี้ [4]

ดังนั้น ดูเหมือนว่าระบบการตรวจนับและแยกส่วนเซลล์เม็ดเลือดขาวแบบอัตโนมัติที่ใช้งานง่าย มีความแม่นยำสูง และต้นทุนต่ำ จึงมีความจำเป็น และเป็นวัตถุประสงค์หลักของงานวิจัยฉบับนี้

1.3 ทฤษฎีหรือแนวความคิดที่ใช้ในการวิจัย

ในงานวิจัยฉบับนี้ได้นำเสนอวิธีการตรวจนับและแยกส่วนเซลล์เม็ดเลือดขาวแบบอัตโนมัติ ซึ่งสามารถแบ่งเป็นขั้นตอนได้ 4 ขั้นตอน คือ การบันทึกภาพ (Acquisition), การค้นหาเซลล์เม็ดเลือดขาว (Detection), การดึงคุณลักษณะของเซลล์ (Feature Extraction) และการระบุชนิดของเซลล์ (Classification) [5, 6] ดังแสดงในรูปที่ 1.11



รูปที่ 1.11 ขั้นตอนการตรวจนับและแยกส่วนเซลล์เม็ดเลือดขาวแบบอัตโนมัติ

ขั้นตอนการบันทึกภาพ เริ่มจากนำเลือดมาป้ายบนแผ่นสไลด์, ย้อมสี แล้วนำไปขยายด้วยกล้องจุลทรรศน์ และบันทึกเป็นภาพดิจิทัล ขั้นตอนที่สอง การแบ่งเซลล์ออกเป็นส่วน ซึ่งสามารถแบ่งออกได้เป็น 3 ส่วน คือ นิวเคลียส, ไซโทพลาซึม และพื้นหลัง ขั้นตอนที่สาม การดึงคุณลักษณะต่างๆ ของเซลล์ทั้ง สี (Color), องค์กรประกอบ (Texture), และรูปร่างของเซลล์ (Shape) ออกมา และในขั้นตอนสุดท้าย การระบุชนิดของเซลล์โดยการแบ่งเป็นคลาส (Classification) โดยขั้นตอนที่สำคัญที่สุดของการตรวจนับและแยกส่วนเซลล์เม็ดเลือดขาวแบบอัตโนมัติ คือ การแบ่งเซลล์ออกเป็นส่วน เนื่องจากความถูกต้องและแม่นยำของการแบ่งเซลล์มีผลอย่างยิ่งต่อการระบุคุณลักษณะ และชนิดของเซลล์ [6 - 8] นอกจากนี้ ในความเป็นจริงแล้ว รูปภาพที่ถูกบันทึกจากกล้องจุลทรรศน์อาจมีรอยปนเปื้อนทั้งจากฝุ่นหรือสารเคมีที่เกิดขึ้นในกระบวนการย้อมสี หรือความไม่สม่ำเสมอของแสงขณะบันทึกภาพ อีกทั้งอาจมีการทับซ้อน (Overlap) กันของเซลล์ รวมถึงขนาดและรูปร่างของเซลล์ไม่สม่ำเสมอ ทำให้ขั้นตอนการแบ่งเซลล์ออกเป็นส่วนมีความยากยิ่งขึ้น ซึ่งเป็นปัญหาที่ท้าทาย

1.4 ขอบเขตของการวิจัย

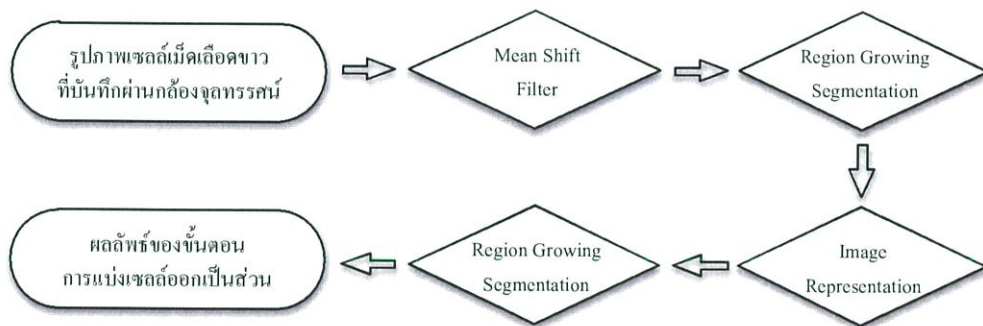
งานวิจัยชิ้นนี้จะเน้นไปที่ขั้นตอนการแบ่งเซลล์ออกเป็นส่วน ซึ่งตั้งแต่อดีตจนถึงปัจจุบัน มีอัลกอริทึม (Algorithm) เกี่ยวกับการแบ่งเซลล์ออกเป็นส่วนมากมาย ยกตัวอย่างเช่น Shitong และ Min ได้นำเสนออัลกอริทึมการตรวจสอบเซลล์ที่รวมเอาข้อดีของ Threshold Segmentation ซึ่งใช้อัลกอริทึม Mathematical Morphology (TSMM) และ Fuzzy Cellular Neural Network (FCNN) เพื่อตรวจสอบเซลล์เม็ดเลือดขาว [9] อย่างไรก็ตาม การลดเวลาในการคำนวณและการสร้างอุปกรณ์ (Hardware) เพื่อใช้ในระบบก็เป็นสิ่งที่จำเป็น ดังนั้นมันอาจไม่คุ้มค่าและไม่สะดวกสำหรับงานบางประเภท หรือเทคนิค Active Contour เป็นวิธีหาขอบภาพของเซลล์เม็ดเลือดขาว [2, 10,

12] โดยจำเป็นต้องกำหนดเส้น Contour เริ่มต้นของ Convex Hull ของขอบเขตของนิวเคลียสก้อน ซึ่งอาจทำให้เกิดการคลาดเคลื่อนและเป็นปัญหาได้ ดังนั้นวิธีการแบบอัตโนมัติโดยสมบูรณ์ของเทคนิค Active Contour จึงยากต่อการพัฒนา

ในงานวิจัยชิ้นนี้ ได้นำเสนออัลกอริทึมใหม่ที่ใช้แบ่งเซลล์ออกเป็นส่วน เพื่อนับแยกชนิดของเซลล์เม็ดเลือดขาว โดยใช้รูปภาพสี (Color Image) ที่ได้จากกล้องจุลทรรศน์ อัลกอริทึมที่นำเสนอขึ้นอยู่กับพื้นฐานของสมมติฐาน 2 ข้อ คือ สมมติฐานแรก ภาพของเซลล์เม็ดเลือดขาวสามารถถูกแสดงได้ด้วยเซตของบริเวณที่มีการเปลี่ยนแปลงของสีแบบซ้ำๆ และจะมีการเปลี่ยนแปลงอย่างรวดเร็วที่ขอบของเซลล์ อย่างไรก็ตาม ในการใช้งานจริงอาจมีสิ่งที่ไม่ได้คาดหมายไว้อยู่ในภาพ เนื่องจากภาพที่บันทึกมาอาจมีสิ่งปนเปื้อน (Noise) เจือปนอยู่ วิธีการแก้ปัญหาจะอยู่ในสมมติฐานข้อที่สอง ซึ่งอยู่บนพื้นฐานของความจริงที่ว่า บริเวณขอบของเซลล์จะมีการเปลี่ยนแปลงของสีอย่างรวดเร็วมากกว่าบริเวณของสิ่งปนเปื้อน ดังนั้น สมมติฐานข้อที่สอง คือ ขนาดของการเปลี่ยนแปลงของสีที่ขอบของเซลล์จะมีขนาดใหญ่กว่าขนาดของการเปลี่ยนแปลงเนื่องจากสิ่งปนเปื้อน [5, 6]

1.5 ขั้นตอนการทำวิจัย

ขั้นตอนการแบ่งเซลล์เม็ดเลือดขาวออกเป็นส่วน ถูกแสดงในรูปแบบที่ 1.12 จากสมมติฐานข้อที่สอง ภาพเซลล์เม็ดเลือดขาวจะถูกกรอง (Filter) ด้วยวิธีการ Mean Shift (MS) ซึ่งเป็นวิธีการกรองโดยรักษาขอบภาพ โดย Barash และ Comaniciu ได้แสดงให้เห็นแล้วว่าวิธีการ Mean Shift เป็นวิธีการกรองแบบรักษาขอบภาพที่ให้ผลดีกว่าการกรองแบบอื่นๆ ไม่ว่าจะเป็นการกรองแบบ Nonlinear Diffusion หรือ Bilateral [13]



รูปที่ 1.12 ขั้นตอนการแยกส่วนภาพเซลล์เม็ดเลือดขาวออกเป็นส่วน

วิธีการกรองแบบ Mean Shift เป็นอัลกอริทึมแบบวนซ้ำที่ใช้หาฐานนิยมท้องถิ่น (Local Mode) ในโดเมนร่วม Spatial – Range ซึ่งสามารถกรองสิ่งปนเปื้อนออกได้ในขณะที่ยังคงรักษาขอบภาพด้วยวิธีการเลือกค่าแบนด์วิธ (Bandwidth) ที่เหมาะสมทั้งของ Spatial และ Range รูปภาพที่ถูกกรองจะถูกแยกออกเป็นส่วนโดยใช้อัลกอริทึม Region Growing แบบใหม่ ซึ่งเป็นอัลกอริทึมแบบง่าย ๆ ที่ถูกนำเสนอตามสมมติฐานข้อที่หนึ่ง โดยอัลกอริทึม Region Growing นี้จะถูกทดลองกับรูปภาพทั้งในรูปแบบปริภูมิสี RGB และ CIE L*a*b* เพื่อเปรียบเทียบความถูกต้อง [5, 6] จากนั้นจะนำรูปภาพที่ผ่านกระบวนการ Region Growing ไปแทนค่าด้วยตัวแทนของสีในแต่ละส่วนภาพ (Image Representation) และจะนำไปแยกออกเป็นส่วนด้วยกระบวนการ Region Growing อีกครั้ง เพื่อหาภาพของเซลล์เม็ดเลือดขาว ซึ่งถือเป็นขั้นตอนสุดท้าย

ในส่วนอื่นๆของบทความนี้ประกอบด้วย บทที่ 2 ทฤษฎีที่เกี่ยวข้อง ซึ่งจะกล่าวถึงทฤษฎีของปริภูมิสีทั้ง RGB และ CIE L*a*b*, ทฤษฎีวิธีการกรองแบบ Mean Shift, การแยกส่วนภาพด้วยวิธีการ Region Growing และการแทนค่ารูปภาพ (Image Representation) ในบทที่ 3 จะกล่าวถึงทฤษฎีของวิธีการแยกส่วนภาพเซลล์เม็ดเลือดขาวด้วยวิธีอื่นๆ ซึ่งจะนำมาใช้ในการเปรียบเทียบผลของการแยกส่วนภาพเซลล์กับงานวิจัยชิ้นนี้ บทที่ 4 แสดงให้เห็นถึงอัลกอริทึมที่ใช้ในงานวิจัย บทที่ 5 จะแสดงผลการทดลอง และสุดท้ายบทสรุปและ หลักการวิเคราะห์จะแสดงในบทที่ 6

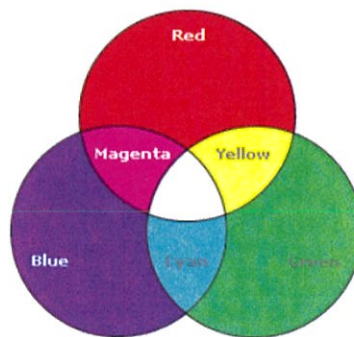
บทที่ 2 ทฤษฎีที่เกี่ยวข้อง

ขั้นตอนในการทำวิจัยขั้นนี้อาศัยทฤษฎีที่เกี่ยวข้องกันหลากหลายประเภท ทั้งทฤษฎีที่เกี่ยวข้องกับสีในปริภูมิสี RGB และ CIE L*a*b*, การประมาณค่าฟังก์ชันความหนาแน่น, วิธีการกรองแบบ Mean Shift, การแยกส่วนภาพโดยใช้อัลกอริทึม Region Growing และการแทนค่ารูปภาพ ซึ่งจะอธิบายอย่างละเอียดตามลำดับ ดังนี้

2.1 ปริภูมิสี RGB (RGB Color Space)

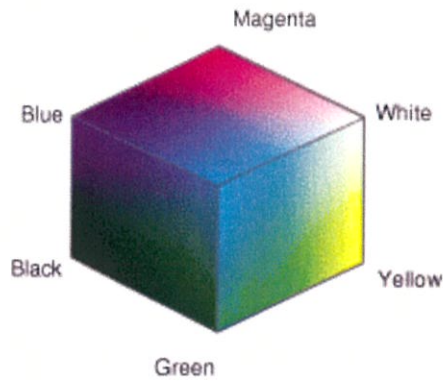
RGB ย่อมาจาก Red (R), Green (G) และ Blue (B) ตามลำดับ คือระบบสีของแสง เกิดจากการหักเหของแสงกลายเป็นสีรุ้ง 7 สี ซึ่งเป็นช่วงแสงที่ตาของเราสามารถมองเห็นได้ แสงสีม่วงจะมีความถี่สูงสุด เรียกว่า อุลตราไวโอเล็ต (Ultraviolet) และแสงสีแดงจะมีความถี่ต่ำสุด เรียกว่า อินฟราเรด (Infrared) โดยคลื่นแสงที่มีความถี่สูงกว่าสีม่วงและต่ำกว่าสีแดงสายตาของมนุษย์จะไม่สามารถมองเห็นได้ แสงสีทั้งหมดเกิดจากแสงสี 3 สีคือ สีแดง (Red), สีเขียว (Green) และสีน้ำเงิน (Blue) ซึ่งถือเป็นแม่สีของแสง และแต่ละแม่สีเมื่อรวมกันก็จะได้สีต่างๆ ดังแสดงในรูปที่ 2.1

- 1) สีแดง (Red) + สีเขียว (Green) = สีเหลือง (Yellow)
- 2) สีเขียว (Green) + สีน้ำเงิน (Blue) = สีฟ้า (Cyan)
- 3) สีแดง (Red) + สีน้ำเงิน (Blue) = สีแดงอมชมพู (Magenta)
- 4) แม่สีของแสงทั้ง 3 ผสมกันในปริมาณแสงสว่างเท่ากันจะได้เป็นแสงสีขาว (White)



รูปที่ 2.1 การผสมสีของแม่สี RGB

ปริภูมิสี RGB ถูกสร้างขึ้นมาโดยนักวิจัยของ Hewlett – Packard ร่วมกับ Microsoft เพื่อกำหนดให้ค่าสีของภาพที่ได้จากกล้องถ่ายภาพมีสีอ้างอิง เป็นปริภูมิสีที่เกิดจากการรวมกันของแสงสีแดง (Red), สีเขียว (Green) และสีน้ำเงิน (Blue) ในระดับความสว่างที่แตกต่างกัน เป็นการรวมกันแบบ Additive หรือการผสมสีแบบบวก แม่สีทั้ง 3 มีช่วงของค่าสีอยู่ระหว่าง 0 – 255 ส่วนมากแล้วปริภูมิสี RGB จะถูกนำไปใช้ในแง่ของสีที่ใช้ระบบแสงในการแสดงภาพ เช่น กล้องโทรทัศน์ กล้องดิจิทัล คอมพิวเตอร์ สแกนเนอร์ เป็นต้น ปริภูมิสี RGB จะมีลักษณะเป็นรูปลูกบาศก์ (RGB Cube) ดังแสดงในรูปที่ 2.2



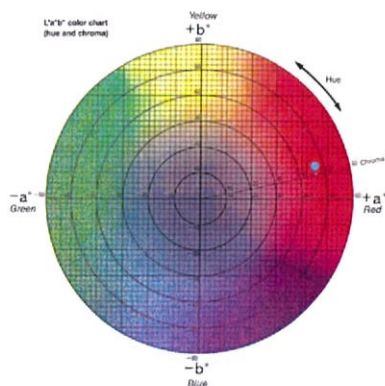
รูปที่ 2.2 ปริภูมิสี RGB

2.2 ปริภูมิสี CIE L*a*b* (CIE L*a*b* Color Space)

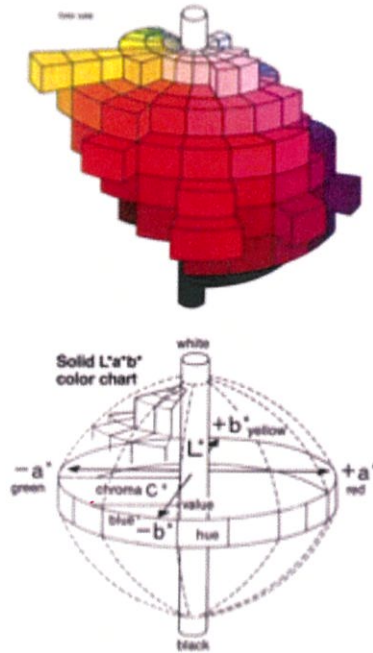
ในปัจจุบัน ปริภูมิสี CIE L*a*b* ถูกใช้เป็นตัวกำหนดมาตรฐานการวัดสี ซึ่งเป็นที่ยอมรับอย่างกว้างขวางในวงการวิชาการและการวิจัย เนื่องจากเป็นระบบสีที่ไม่ยึดติดกับอุปกรณ์ ไม่ว่าจะเป็นจอคอมพิวเตอร์ เครื่องพิมพ์ หรือสแกนเนอร์ และยังเป็นระบบสีที่ครอบคลุมทุกสีที่ตามนุษย์สามารถมองเห็นได้ แต่ละค่าสีจะมีข้อมูล Spectrum ของแสงรองรับ เป็นผลงานการวิจัยของ Commission International de l' Eclairage (CIE) หรือในชื่ออังกฤษว่า International Commission on Illumination มีสำนักงานใหญ่อยู่ในประเทศฝรั่งเศส

ในระยะเริ่มแรก CIE ได้กำหนดสเกลการวัดสีเป็น X-Y-Z ซึ่งใช้บรรยายคุณลักษณะของสีเป็นสีแดง สีเขียว และสีน้ำเงิน ตามลำดับ แต่เนื่องจากระบบสีดังกล่าวไม่สามารถบรรยายถึงลักษณะความมืดและความสว่างของสีได้ CIE จึงได้พัฒนาต่อมาเป็นระบบ X-Y-L ซึ่งบรรยายถึงค่าสีแดง สีเขียว และความสว่าง (Lightness) อย่างไรก็ตาม ระบบดังกล่าวก็ยังขาดส่วนที่จะบรรยายถึงค่าสีน้ำเงิน CIE จึงได้พัฒนาระบบสีต่อมาจนเป็นระบบที่ยอมรับและใช้กันอย่างแพร่หลายในปัจจุบัน คือระบบ L*a*b* ซึ่งเป็นระบบการบรรยายคุณลักษณะสีแบบ 3 มิติ [14 - 17] ดังแสดงในรูปที่ 2.3 และ 2.4 ตามลำดับ โดยที่

- 1) แกน L* ใช้บรรยายถึงค่าความสว่างจากสีขาว (+L*) ไปจนถึงสีดำ (-L*)
- 2) แกน a* ใช้ในการเปรียบเทียบระหว่างสีแดง (+a*) กับสีเขียว (-a*)
- 3) แกน b* ใช้เปรียบเทียบระหว่างสีเหลือง (+b*) กับสีน้ำเงิน (-b*)



รูปที่ 2.3 การบรรยายของสีในระบบ CIE L*a*b* มองในระนาบ 2 มิติ



รูปที่ 2.4 การบรรยายของสีในระบบ CIE L*a*b* มองในระนาบ 3 มิติ

การคำนวณค่าในปริภูมิสี CIE L*a*b* ประกอบด้วย 2 ขั้นตอนหลักๆ คือ การแปลงค่าจากปริภูมิสี RGB ไปเป็น XYZ และจาก XYZ ไปเป็น L*a*b* โดยใช้สมการที่ (2.1) และ (2.2) ตามลำดับ

$$\begin{bmatrix} X \\ Y \\ Z \end{bmatrix} = \frac{100}{255} \times \begin{bmatrix} 0.412453 & 0.357580 & 0.180423 \\ 0.212671 & 0.715160 & 0.072169 \\ 0.019334 & 0.119193 & 0.950227 \end{bmatrix} \times \begin{bmatrix} R \\ G \\ B \end{bmatrix} \quad (2.1)$$

เมื่อ $R, G, B \in [0, 255]$

$$\begin{aligned} L^* &= 116f\left(\frac{Y}{Y_0}\right) - 16 \\ a^* &= 500 \left[f\left(\frac{X}{X_0}\right) - f\left(\frac{Y}{Y_0}\right) \right] \\ b^* &= 200 \left[f\left(\frac{Y}{Y_0}\right) - f\left(\frac{Z}{Z_0}\right) \right] \end{aligned} \quad (2.2)$$

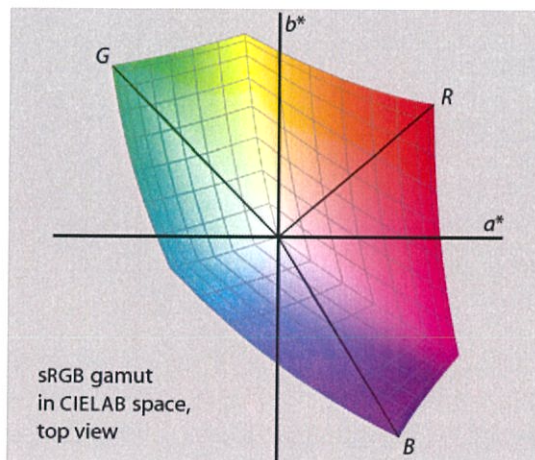
เมื่อ X_0, Y_0 และ Z_0 เป็นค่า Tristimulus ของสีขาวอ้างอิง ดังแสดงในตารางที่ 2.1 ซึ่งจะเซตค่าให้ $Y_0 = 100$ ในงานวิจัยชิ้นนี้จะเลือกใช้ CIE Day-Light Illuminant D65 ซึ่งเป็นค่าที่นิยมใช้ในกล้องดิจิทัล [18] ดังนั้น จะเซตค่าให้ $X_0 = 95.02$, $Y_0 = 100$ และ $Z_0 = 108.82$ และฟังก์ชัน $f(q)$ สามารถหาได้ดังสมการที่ (2.3)

$$f(q) = \begin{cases} \sqrt[3]{q}, & (q > 0.008856) \\ 7.787q, & (q < 0.008856) \end{cases} \quad (2.3)$$

ตารางที่ 2.1 แสดงค่า Tristimulus ของสีชาวอ้างอิง

Illuminant	X_n	Z_n
A	109.83	35.55
C	98.05	118.11
D ₆₅	95.02	108.82
F2	98.09	67.53
TL4	101.40	65.90
UL3000	107.99	33.91
D ₅₀	96.38	82.45
D ₆₀	95.23	100.86
D ₇₅	94.96	122.53

จากสมการที่ (2.1) และ (2.2) จะเห็นได้ว่าปริภูมิสี CIE L*a*b* มีความสัมพันธ์กับปริภูมิสี RGB ซึ่งความสัมพันธ์ของทั้ง 2 ปริภูมิตั้งนี้ถูกแสดงในรูปที่ 2.5



รูปที่ 2.5 ความสัมพันธ์ระหว่างปริภูมิสี RGB และ CIE L*a*b*

2.3 วิธีการ Mean Shift (Mean Shift Procedure)

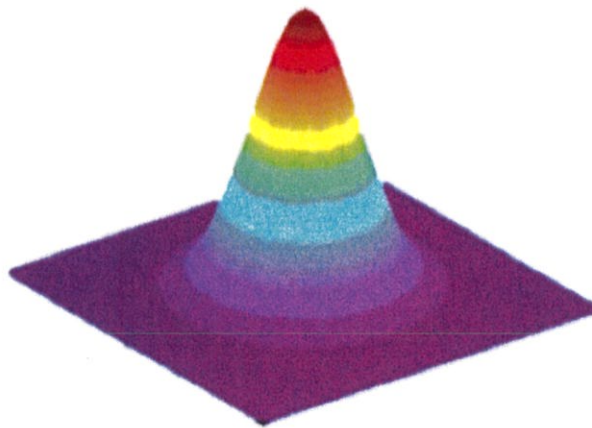
วิธีการ Mean Shift เป็นกระบวนการวนซ้ำแบบง่าย ๆ เพื่อใช้เลื่อนแต่ละจุดของข้อมูลไปยังฐานนิยมท้องถิ่น (Local Mode) ในโดเมนร่วม Spatial - Range จัดเป็นเทคนิคการรวมกลุ่ม (Clustering) แบบ Non-Parametric ซึ่งไม่จำเป็นต้องทราบทั้งจำนวนกลุ่ม และรูปร่างของกลุ่มก่อนการตั้งสมมติฐาน [19] สามารถอธิบายเป็นรายละเอียดย่อๆได้ตามหัวข้อ ดังนี้

2.3.1 การประมาณค่าความหนาแน่นแบบเคอร์เนล (Kernel Density Estimation)

การประมาณค่าความหนาแน่นแบบเคอร์เนล เป็นวิธีการประมาณค่าความหนาแน่นที่นิยมใช้มากที่สุดในปัจจุบัน [20] กำหนดให้ $\{\mathbf{x}_i\}_{i=1,\dots,n}$ เป็นเซตของจุดข้อมูล n จุดใดๆ ใน d มิติของ Euclidean Space R^d การประมาณค่าฟังก์ชันความหนาแน่นหลายมิติ (Multivariate Density Estimation) ด้วยเคอร์เนล $K(\mathbf{x})$ ที่มีแบนด์วิธขนาด σ ถูกคำนวณที่จุด \mathbf{x} นิยามได้ดังสมการที่ (2.4) [20]

$$\hat{f}(\mathbf{x}) = \frac{1}{n\sigma^d} \sum_{i=1}^n K\left(\frac{\mathbf{x}-\mathbf{x}_i}{\sigma}\right) \quad (2.4)$$

ในปัจจุบันมีเคอร์เนลให้เลือกใช้หลายชนิดแล้วแต่ความเหมาะสมของงาน เช่น Epanechnikov Kernel, Uniform Kernel, Normal (Gaussian) Kernel เป็นต้น ในงานวิจัยชิ้นนี้จะเลือกใช้เคอร์เนลชนิด Normal (Gaussian) Kernel หรือเคอร์เนลแบบปกติ เนื่องจากเป็นเคอร์เนลที่สามารถใช้กับข้อมูลได้หลากหลายประเภท [20] มีลักษณะเป็นเส้นโค้งปกติรูประฆังคว่ำ ส่วนโค้งทางด้านซ้ายและขวาจะมีลักษณะสมมาตร คือเหมือนกันและเท่ากันทุกประการ ส่วนสูงของเส้นโค้งจะขึ้นอยู่กับค่าความแปรปรวน ถ้าค่าความแปรปรวนสูงเส้นโค้งจะมีส่วนสูงน้อยและฐานกว้าง แต่ถ้ามีค่าความแปรปรวนต่ำส่วนสูงจะมากและฐานแคบ ดังแสดงในรูปที่ 2.6



รูปที่ 2.6 รูปแบบของเคอร์เนลชนิดปกติ (Normal Kernel)

สมการของเคอร์เนลชนิดปกติ (Normal (Gaussian) Kernel) แสดงได้ดังสมการที่ (2.5) [20]

$$K_N(\mathbf{x}) = (2\pi)^{-d/2} \exp\left(-\frac{1}{2}\|\mathbf{x}\|^2\right) \quad (2.5)$$

และเมื่อรวมสมการที่ (2.4) และ (2.5) เข้าด้วยกัน จะสามารถเขียนใหม่ได้ดังแสดงในสมการที่ (2.6)

$$\hat{f}_{\sigma,K}(\mathbf{x}) = \frac{c_{k,d}}{n\sigma^d} \sum_{i=1}^n k\left(\left\|\frac{\mathbf{x}-\mathbf{x}_i}{\sigma}\right\|^2\right) \quad (2.6)$$

เมื่อ $c_{k,d}$ เป็นค่าคงที่ และ $k(\mathbf{x}) = \exp(-\frac{1}{2}\|\mathbf{x}\|^2)$

2.3.2 การประมาณค่า Gradient ของความหนาแน่น (Density Gradient Estimation)

การประมาณค่า Gradient ของความหนาแน่น เป็นการหาค่าอนุพันธ์ของฟังก์ชันการประมาณค่าความหนาแน่นแบบเคอร์เนล ดังแสดงในสมการที่ (2.7) [20]

$$\hat{\nabla}f(\mathbf{x}) \equiv \nabla\hat{f}(\mathbf{x}) = \frac{1}{n\sigma^d} \sum_{i=1}^n \nabla K\left(\frac{\mathbf{x}-\mathbf{x}_i}{\sigma}\right) \quad (2.7)$$

จากสมการที่ (2.7) เมื่อแทนค่าชนิดของเคอร์เนลที่เลือกใช้ลงไป สามารถหาฟังก์ชันการประมาณค่า Gradient ของความหนาแน่นได้ ดังแสดงในสมการที่ (2.8)

$$\hat{\nabla}f_{\sigma,K}(\mathbf{x}) \equiv \nabla\hat{f}_{\sigma,K}(\mathbf{x}) = \frac{c_{k,d}}{n\sigma^{d+2}} \sum_{i=1}^n (\mathbf{x}-\mathbf{x}_i)k'\left(\left\|\frac{\mathbf{x}-\mathbf{x}_i}{\sigma}\right\|^2\right) \quad (2.8)$$

ถ้ากำหนดให้ $g(\mathbf{x}) = -k'(\mathbf{x})$ และ $\mathbf{x} \in [0, \infty)$ ค่าของเคอร์เนล $G(\mathbf{x})$ จะสามารถแสดงได้ดังสมการที่ (2.9)

$$G(\mathbf{x}) = c_{g,d}g(\|\mathbf{x}\|^2) \quad (2.9)$$

ที่ซึ่ง $c_{g,d}$ เป็นค่าคงที่ที่ปรับเข้าสู่มาตรฐาน (Normalization Constant) และเมื่อแทนค่า $g(\mathbf{x})$ ลงในสมการที่ (2.8) จะได้

$$\begin{aligned} \hat{\nabla}f_{\sigma,K}(\mathbf{x}) &= \frac{c_{k,d}}{n\sigma^{d+2}} \sum_{i=1}^n (\mathbf{x}_i - \mathbf{x})g\left(\left\|\frac{\mathbf{x}-\mathbf{x}_i}{\sigma}\right\|^2\right) \\ &= \frac{c_{k,d}}{n\sigma^{d+2}} \left[\sum_{i=1}^n g\left(\left\|\frac{\mathbf{x}-\mathbf{x}_i}{\sigma}\right\|^2\right) \right] \left[\frac{\sum_{i=1}^n \mathbf{x}_i g\left(\left\|\frac{\mathbf{x}-\mathbf{x}_i}{\sigma}\right\|^2\right)}{\sum_{i=1}^n g\left(\left\|\frac{\mathbf{x}-\mathbf{x}_i}{\sigma}\right\|^2\right)} - \mathbf{x} \right] \end{aligned} \quad (2.10)$$

โดยที่ $\sum_{i=1}^n g\left(\left\|\frac{\mathbf{x}-\mathbf{x}_i}{\sigma}\right\|^2\right)$ ถูกตั้งสมมติฐานว่าเป็นค่าบวก เพื่อทำให้ง่ายในทางปฏิบัติ [20]

จากสมการที่ (2.10) จะเห็นว่าสมการถูกแบ่งออกเป็น 2 พจน์ ซึ่งทั้ง 2 พจน์มีความสำคัญ คือ พจน์แรกเป็นค่าของการประมาณค่าความหนาแน่นตามสมการที่ (2.6) โดยที่ \mathbf{x} ถูกคำนวณด้วย เคอร์เนล G ดังแสดงในสมการที่ (2.11)

$$\hat{f}_{\sigma,G}(\mathbf{x}) = \frac{c_{g,d}}{n\sigma^d} \sum_{i=1}^n g\left(\left\|\frac{\mathbf{x}-\mathbf{x}_i}{\sigma}\right\|^2\right) \quad (2.11)$$

และในพจน์ที่สอง ถูกเรียกว่า Mean Shift Vector ($\mathbf{m}_{\sigma,G}$) ซึ่งเป็นค่าที่แสดงความแตกต่างระหว่างค่าเฉลี่ยที่ถูกให้น้ำหนักโดยคำนวณจากเคอร์เนล G กับตำแหน่ง \mathbf{x} ซึ่งเป็นจุดศูนย์กลางของ เคอร์เนล ดังแสดงในสมการที่ (2.12)

$$\mathbf{m}_{\sigma,G}(\mathbf{x}) = \frac{\sum_{i=1}^n \mathbf{x}_i g\left(\left\|\frac{\mathbf{x}-\mathbf{x}_i}{\sigma}\right\|^2\right)}{\sum_{i=1}^n g\left(\left\|\frac{\mathbf{x}-\mathbf{x}_i}{\sigma}\right\|^2\right)} - \mathbf{x} \quad (2.12)$$

จากสมการที่ (2.11) และ (2.12) สามารถเขียนสมการฟังก์ชันการประมาณค่า Gradient ของ ความหนาแน่นได้ใหม่ ดังแสดงในสมการที่ (2.13)

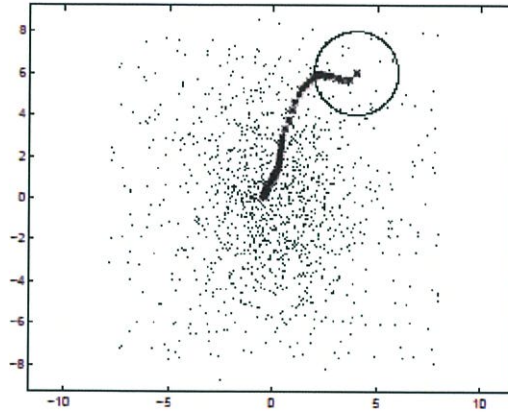
$$\hat{\nabla}f_{\sigma,K}(\mathbf{x}) = \hat{f}_{\sigma,G}(\mathbf{x}) \frac{c_{k,d}}{\sigma^2 c_{g,d}} \mathbf{m}_{\sigma,G}(\mathbf{x}) \quad (2.13)$$

โดยที่

$$\mathbf{m}_{\sigma,G}(\mathbf{x}) = \sigma^2 c \frac{\hat{\nabla}f_{\sigma,K}(\mathbf{x})}{\hat{f}_{\sigma,G}(\mathbf{x})} \quad (2.14)$$

จากสมการที่ (2.13) และ (2.14) แสดงให้เห็นว่า ที่จุด \mathbf{x} ใดๆ ค่าของ Mean Shift Vector ที่ถูกคำนวณด้วยเคอร์เนล G จะแปรผันตรงกับฟังก์ชันการประมาณค่า Gradient ของความหนาแน่นด้วยเคอร์เนล K ซึ่งถูกทำให้เป็นมาตรฐานด้วยฟังก์ชันการประมาณค่าความหนาแน่นด้วย เคอร์เนล G

เนื่องจากค่าของ Mean Shift Vector จะชี้ไปในทิศทางสูงสุดของการเพิ่มขึ้นของฟังก์ชันความหนาแน่นเสมอ [19, 21, 22] มันจึงสามารถกำหนดเส้นทางซึ่งนำไปสู่บริเวณที่มีความหนาแน่นสูงสุด (Local Density Maximum) นั่นคือไปยังฐานนิยมของความหนาแน่น ดังแสดงในรูปที่ 2.7



รูปที่ 2.7 แสดงเส้นทางที่นำไปสู่บริเวณที่มีความหนาแน่นสูงสุดของ Mean Shift Vector

วิธีการของ Mean Shift ได้มาจากการทำงานแบบต่อเนื่องของ

- 1) การคำนวณ Mean Shift Vector : $m_{\sigma,G}$
- 2) การเลื่อนหน้าต่าง (Window) ของเคอร์เนล $G(\mathbf{x})$ ด้วย $m_{\sigma,G}$

ซึ่งวิธีการของ Mean Shift นี้จะถูกรับประกันการลู่เข้าไปยังตำแหน่งที่ใกล้เคียงกับการประมาณค่าความหนาแน่นที่มีค่า Gradient เท่ากับศูนย์ ดังที่จะแสดงในหัวข้อต่อไป

2.3.3 การลู่เข้า (Convergence)

กำหนดให้ $\{\mathbf{y}_j\}_{j=1,2,\dots}$ เป็นอนุกรมของตำแหน่งที่ต่อเนื่องกันของเคอร์เนล G จากสมการที่

(2.12) สำหรับแต่ละค่าของ $j = 1, 2, \dots$ จะได้

$$\mathbf{y}_{j+1} = \frac{\sum_{i=1}^n \mathbf{x}_i g\left(\left\|\frac{\mathbf{x}-\mathbf{x}_i}{\sigma}\right\|^2\right)}{\sum_{i=1}^n g\left(\left\|\frac{\mathbf{x}-\mathbf{x}_i}{\sigma}\right\|^2\right)} \quad (2.15)$$

ที่ซึ่ง \mathbf{y}_j เป็นค่าเฉลี่ยที่ถูกให้น้ำหนักโดยคำนวณจากเคอร์เนล G และ \mathbf{y}_1 เป็นจุดศูนย์กลางของตำแหน่งเริ่มต้น ดังนั้น อนุกรมของฟังก์ชันการประมาณค่าความหนาแน่นที่คำนวณด้วยเคอร์เนล K , $\{\hat{f}_{\sigma,K}(j)\}_{j=1,2,\dots}$, สำหรับแต่ละค่าของ $j = 1, 2, \dots$ ถูกแสดงดังสมการที่ (2.16)

$$\hat{f}_{\sigma,K}(j) = \hat{f}_{\sigma,K}(\mathbf{y}_j) \quad (2.16)$$

จากหลักการที่กล่าวมาข้างต้น การลู่เข้าของอนุกรม $\{\mathbf{y}_j\}_{j=1,2,\dots}$ และ $\{\hat{f}_{\sigma,K}(j)\}_{j=1,2,\dots}$ จะเป็นจริงได้ ถ้าเคอร์เนล K เป็นไปตามเงื่อนไขของทฤษฎีต่อไปนี [20]

ทฤษฎี ถ้าเคอร์เนล K มีลักษณะ Convex และมีค่าลดลงแบบทางเดียว (Monotonically Decreasing) จะทำให้อนุกรม $\{\mathbf{y}_j\}_{j=1,2,\dots}$ และ $\{\hat{f}_{\sigma,K}(j)\}_{j=1,2,\dots}$ ลู่เข้า และ $\{\hat{f}_{\sigma,K}(j)\}_{j=1,2,\dots}$ เป็นอนุกรมที่เพิ่มขึ้นแบบทางเดียว (Monotonically Increasing)

พิสูจน์ เนื่องจาก n เป็นจำนวนของข้อมูลที่มีจำนวนจำกัด ดังนั้น อนุกรม $\hat{f}_{\sigma,K}$ ในสมการที่ (2.16) จึงเป็นอนุกรมที่มีขอบเขตจำกัด ซึ่งมันเพียงพอที่จะแสดงให้เห็นว่า อนุกรม $\hat{f}_{\sigma,K}$ เป็นอนุกรมที่เพิ่มขึ้นแบบทางเดียว และถ้า $\mathbf{y}_j \neq \mathbf{y}_{j+1}$ จะได้

$$\hat{f}_{\sigma,K}(j) < \hat{f}_{\sigma,K}(j+1) \quad (2.17)$$

สำหรับแต่ละค่าของ $j=1,2,\dots$ และถ้า $\mathbf{y}_j = 0$ จากสมการที่ (2.11) และ (2.16) จะได้

$$\hat{f}_{\sigma,K}(j+1) - \hat{f}_{\sigma,K}(j) = \frac{c_{k,d}}{n\sigma^d} \sum_{i=1}^n \left[k \left(\left\| \frac{\mathbf{y}_{j+1} - \mathbf{x}_i}{\sigma} \right\|^2 \right) - k \left(\left\| \frac{\mathbf{x}_i}{\sigma} \right\|^2 \right) \right] \quad (2.18)$$

และจากคุณลักษณะ Convex ของเคอร์เนล $k(\mathbf{x})$ บ่งบอกถึง

$$k(\mathbf{x}_2) \geq k(\mathbf{x}_1) + k'(\mathbf{x}_1)(\mathbf{x}_2 - \mathbf{x}_1) \quad (2.19)$$

สำหรับทุกๆค่าของ $\mathbf{x}_1, \mathbf{x}_2 \in [0, \infty)$, $\mathbf{x}_1 \neq \mathbf{x}_2$ และเนื่องจาก $g(\mathbf{x}) = -k'(\mathbf{x})$ ดังนั้นสามารถเขียนสมการที่ (2.19) ได้ใหม่เป็น

$$k(\mathbf{x}_2) - k(\mathbf{x}_1) \geq g(\mathbf{x}_1)(\mathbf{x}_1 - \mathbf{x}_2) \quad (2.20)$$

เมื่อแทนสมการที่ (2.20) ลงในสมการที่ (2.18) จะได้

$$\begin{aligned} \hat{f}_{\sigma,K}(j+1) - \hat{f}_{\sigma,K}(j) &\geq \frac{c_{k,d}}{n\sigma^{d+2}} \sum_{i=1}^n g \left(\left\| \frac{\mathbf{x}_i}{\sigma} \right\|^2 \right) \left[\|\mathbf{x}_i\|^2 - \|\mathbf{y}_{j+1} - \mathbf{x}_i\|^2 \right] \\ &= \frac{c_{k,d}}{n\sigma^{d+2}} \sum_{i=1}^n g \left(\left\| \frac{\mathbf{x}_i}{\sigma} \right\|^2 \right) \left[2\mathbf{y}_{j+1}^T \mathbf{x}_i - \|\mathbf{y}_{j+1}\|^2 \right] \\ &= \frac{c_{k,d}}{n\sigma^{d+2}} \left[2\mathbf{y}_{j+1}^T \sum_{i=1}^n \mathbf{x}_i g \left(\left\| \frac{\mathbf{x}_i}{\sigma} \right\|^2 \right) - \|\mathbf{y}_{j+1}\|^2 \sum_{i=1}^n g \left(\left\| \frac{\mathbf{x}_i}{\sigma} \right\|^2 \right) \right] \end{aligned} \quad (2.21)$$

และจากสมการที่ (2.15) สามารถเขียนสมการที่ (2.21) ได้ใหม่เป็น

$$\hat{f}_{\sigma,K}(j+1) - \hat{f}_{\sigma,K}(j) \geq \frac{C_{k,d}}{n\sigma^{d+2}} \|\mathbf{y}_{j+1}\|^2 \sum_{i=1}^n g\left(\left\|\frac{\mathbf{x}_i}{\sigma}\right\|^2\right) \quad (2.22)$$

เมื่อค่าของคอร์เนล $k(\mathbf{x})$ ลดลงแบบทางเดียว สำหรับทุกๆค่าของ $\mathbf{x} \geq 0$ และ $\sum_{i=1}^n g\left(\left\|\frac{\mathbf{x}_i}{\sigma}\right\|^2\right)$ มีค่าเป็นบวก ดังนั้น トラบใดที่ $\mathbf{y}_{j+1} \neq \mathbf{y}_j = 0$ และพจน์ทางด้านขวาของสมการที่ (2.22) มีค่าเป็นบวก นั่นคือ $\hat{f}_{\sigma,K}(j+1) > \hat{f}_{\sigma,K}(j)$ จะทำให้อนุกรม $\{\hat{f}_{\sigma,K}(j)\}_{j=1,2,\dots}$ ลู่เข้า

เพื่อที่จะพิสูจน์ว่าอนุกรม $\{\mathbf{y}_j\}_{j=1,2,\dots}$ ลู่เข้า สามารถเขียนสมการที่ (2.22) ได้ใหม่สำหรับคอร์เนลใดๆ ที่ตำแหน่ง $\mathbf{y}_j \neq 0$ จะได้

$$\hat{f}_{\sigma,K}(j+1) - \hat{f}_{\sigma,K}(j) \geq \frac{C_{k,d}}{n\sigma^{d+2}} \|\mathbf{y}_{j+1} - \mathbf{y}_j\|^2 \sum_{i=1}^n g\left(\left\|\frac{\mathbf{y}_j - \mathbf{x}_i}{\sigma}\right\|^2\right) \quad (2.23)$$

ที่ซึ่งผลรวมของสองพจน์ของสมการที่ (2.23) เมื่อ $j, j+1 \dots j+m-1$ จะได้ผลลัพธ์เป็น

$$\begin{aligned} \hat{f}_{\sigma,K}(j+m) - \hat{f}_{\sigma,K}(j) &\geq \frac{C_{k,d}}{n\sigma^{d+2}} \|\mathbf{y}_{j+m} - \mathbf{y}_{j+m-1}\|^2 \sum_{i=1}^n g\left(\left\|\frac{\mathbf{y}_{j+m-1} - \mathbf{x}_i}{\sigma}\right\|^2\right) + \dots \\ &\quad + \frac{C_{k,d}}{n\sigma^{d+2}} \|\mathbf{y}_{j+1} - \mathbf{y}_j\|^2 \sum_{i=1}^n g\left(\left\|\frac{\mathbf{y}_j - \mathbf{x}_i}{\sigma}\right\|^2\right) \\ &\geq \frac{C_{k,d}}{n\sigma^{d+2}} \left[\|\mathbf{y}_{j+m} - \mathbf{y}_{j+m-1}\|^2 + \dots + \|\mathbf{y}_{j+1} - \mathbf{y}_j\|^2 \right] M \\ &\geq \frac{C_{k,d}}{n\sigma^{d+2}} \|\mathbf{y}_{j+m} - \mathbf{y}_j\|^2 M \end{aligned} \quad (2.24)$$

โดยที่ M เป็นค่าต่ำสุด (มีค่าเป็นบวก) ของ $\sum_{i=1}^n g\left(\left\|\frac{\mathbf{y}_j - \mathbf{x}_i}{\sigma}\right\|^2\right)$ สำหรับทุกๆอนุกรม $\{\mathbf{y}_j\}_{j=1,2,\dots}$

เนื่องจากอนุกรม $\{\hat{f}_{\sigma,K}(j)\}_{j=1,2,\dots}$ ลู่เข้า และเป็นอนุกรม Cauchy เมื่อนำคุณสมบัติทั้งสองนี้ มาใช้ร่วมกับสมการที่ (2.24) จะทำให้อนุกรม $\{\mathbf{y}_j\}_{j=1,2,\dots}$ เป็นอนุกรม Cauchy และลู่เข้าในปริภูมิ Euclidean

ขนาดการเคลื่อนที่ของอัลกอริทึมที่อยู่บนพื้นฐานของการประมาณค่าแบบ Gradient นั้นมีความสำคัญต่อประสิทธิภาพโดยรวมของการลู่เข้า คือ ถ้าการเคลื่อนที่มีขนาดใหญ่ อัลกอริทึมจะลู่ออก ในขณะที่ถ้าการเคลื่อนที่มีขนาดเล็ก อัตราการเคลื่อนที่ของการลู่เข้าจะช้ามาก ดังนั้น จึงมีวิธีการจำนวนมากถูกพัฒนาขึ้นมาเพื่อใช้เลือกขนาดของการเคลื่อนที่ [23] แต่อย่างไรก็ตาม วิธีการ

Mean Shift จะรับประกันการลู่เข้า เนื่องจากขนาดของ Mean Shift Vector สามารถปรับเปลี่ยนได้ ทำให้ไม่จำเป็นต้องมีขั้นตอนในการเลือกขนาดของการเคลื่อนที่ ด้วยเหตุผลนี้ทำให้วิธีการ Mean Shift เป็นวิธีที่ดีกว่าแบบอื่นๆ [20]

สำหรับข้อมูลที่ไม่ต่อเนื่อง (Discrete) จำนวนครั้งของการเคลื่อนที่เพื่อจะลู่เข้าขึ้นอยู่กับชนิดของเคอร์เนลที่เลือกใช้ เมื่อ G เป็นเคอร์เนลชนิดปกติ (Gaussian Kernel) จำนวนของการเคลื่อนที่เพื่อจะลู่เข้าจะมีจำนวนจำกัด เนื่องจากจำนวนของตำแหน่งที่กำเนิดค่าเฉลี่ยที่แตกต่างกันมีจำนวนจำกัด แต่อย่างไรก็ตาม เคอร์เนล G มีการให้ค่าน้ำหนักของแต่ละข้อมูลไม่เท่ากัน ทำให้จำนวนครั้งของการลู่เข้าเป็นแบบอนันต์ (Infinity) แต่ในทางปฏิบัติจำเป็นจะต้องมีวิธียุทธกระบวนการวนซ้ำ ดังนั้น การกำหนดขอบเขตต่ำสุดของขนาดของ Mean Shift Vector จึงถูกนำมาใช้

2.3.4 การตรวจจับฐานนิยมแบบ Mean Shift (Mean Shift Based Mode Detection)

กำหนดให้ \mathbf{y}_c และ $\hat{f}_{\sigma,K}^c = \hat{f}_{\sigma,K}(\mathbf{y}_c)$ เป็นตำแหน่งการลู่เข้าของอนุกรม $\{\mathbf{y}_j\}_{j=1,2,\dots}$ และ $\{\hat{f}_{\sigma,K}(j)\}_{j=1,2,\dots}$ ตามลำดับ จากทฤษฎีการลู่เข้าสามารถอธิบายได้ว่า **ขนาดของ Mean Shift Vector จะลู่เข้าสู่ศูนย์** และจากสมการที่ (2.12) และ (2.15) สามารถเขียนค่า Mean Shift Vector ในลำดับ ที่ j ได้ดังสมการที่ (2.25)

$$\mathbf{m}_{\sigma,G}(\mathbf{y}_j) = \mathbf{y}_{j+1} - \mathbf{y}_j \quad (2.25)$$

โดยที่จุดสิ้นสุดของ Mean Shift Vector มีค่า $\mathbf{m}_{\sigma,G}(\mathbf{y}_c) = \mathbf{y}_c - \mathbf{y}_c = 0$ หรือกล่าวได้อีกนัยหนึ่งว่า ค่า Gradient ของการประมาณค่าความหนาแน่น จากสมการที่ (2.6) ณ ตำแหน่ง \mathbf{y}_c มีค่าเป็นศูนย์

$$\nabla \hat{f}_{\sigma,K}(\mathbf{y}_c) = 0 \quad (2.26)$$

นั่นคือ \mathbf{y}_c เป็นจุดหยุดนิ่งของ $\hat{f}_{\sigma,K}(\mathbf{y}_c)$ และเนื่องจาก $\{\hat{f}_{\sigma,K}(j)\}_{j=1,2,\dots}$ มีค่าเพิ่มขึ้นแบบทางเดียว ทำให้ **การวนซ้ำของวิธีการ Mean Shift เป็นไปตามเงื่อนไขของทฤษฎี Capture** [23] ซึ่งกล่าวว่า เส้นทางเคลื่อนที่ของวิธีแบบ Gradient จะถูกดึงดูดด้วยค่าสูงสุดท้องถิ่น ถ้ามันเป็นจุดหยุดนิ่งที่ไม่ซ้ำใครภายในบริเวณเล็กๆ นั่นคือ เมื่อ \mathbf{y}_j เข้าใกล้ฐานนิยม (Mode) ของ $\hat{f}_{\sigma,K}$ อย่างเพียงพอ \mathbf{y}_j จะลู่เข้าสู่ฐานนิยม และเซตของตำแหน่งทั้งหมดที่ลู่เข้าสู่ฐานนิยมเดียวกันจะถูกเรียกว่า Basin of Attraction ของฐานนิยมนั้น

จากข้อสังเกตทางทฤษฎีที่กล่าวมาข้างต้น เราสามารถออกแบบอัลกอริทึมการตรวจจับฐานนิยมดังนี้

- 1) ใช้วิธีการ Mean Shift ในการหาจุดหยุดนิ่งของ $\hat{f}_{\sigma,K}$
- 2) รวมจุดทั้งหมดที่ลู่เข้าสู่ฐานนิยมเดียวกันให้เป็นกลุ่ม

2.3.5 ข้อมูลของตำแหน่งและสีในโดเมนร่วม (Spatial – Range Domain)

โดยทั่วไป ภาพถ่ายจะถูกแสดงในโครงข่าย 2 มิติ ซึ่งเป็นการแสดงข้อมูลของตำแหน่ง ถูกเรียกว่าโดเมน Spatial และมีเวกเตอร์ r มิติ (Pixel) ตามแต่ชนิดของภาพ โดยที่ r เท่ากับ 1 ในกรณีของภาพระดับสีเทา, เท่ากับ 3 ในกรณีของภาพสี และ $r > 3$ ในกรณีที่ เป็นภาพแบบ Multi-Spectral ถูกเรียกว่าโดเมน Range อย่างไรก็ตาม หลังจากการทำให้เป็นมาตรฐานโดยใช้ σ_s และ σ_r ซึ่งเป็นตัวแปรแบบ Global ในโดเมน Spatial และ Range ตามลำดับ เวกเตอร์ทั้งสองสามารถถูกเชื่อมโยงเข้าด้วยกันเพื่อให้เป็นโดเมนร่วม Spatial – Range โดยจะมีมิติขนาด $d = 2 + r$ ตามแต่ชนิดของภาพ ซึ่งในงานวิจัยชิ้นนี้ ผู้วิจัยได้เลือกทดลองกับรูปภาพเซลล์เม็ดเลือดขาวทั้งในรูปแบบปริภูมิสี RGB และ CIE L*a*b* ดังนั้น มิติของ Euclidean Space จึงมีขนาด $d = 5$ [20]

กำหนดให้ \mathbf{x}_i เป็นจุดใดๆของข้อมูลบนรูปภาพ องค์ประกอบเวกเตอร์ของ \mathbf{x}_i ประกอบด้วยข้อมูล 2 ส่วนคือ ข้อมูลของตำแหน่ง (Spatial Domain) มีค่า $\mathbf{x}_{si} = (x_i, y_i)^T$ และข้อมูลของสี (Range Domain) มีค่า $\mathbf{x}_{ri} = (c_{i1}, c_{i2}, c_{i3})^T$ ที่ซึ่ง c_{i1} , c_{i2} และ c_{i3} เป็นองค์ประกอบของสีที่ตำแหน่ง (x_i, y_i) [5, 6] ดังนั้น $\mathbf{x}_i = (\mathbf{x}_{si}^T, \mathbf{x}_{ri}^T)^T$ จึงเป็นจุดของข้อมูลในโดเมนร่วม Spatial – Range ที่มีแบนด์วิธขนาด h โดยสามารถหาระยะห่าง Mahalanobis (\mathbf{M}) ได้ดังแสดงในสมการที่ (2.27)

$$\mathbf{M}^2(\mathbf{x}, \mathbf{x}_i, h) = \frac{\|\mathbf{x} - \mathbf{x}_{si}\|^2}{2\sigma_s^2} + \frac{\|\mathbf{x} - \mathbf{x}_{ri}\|^2}{2\sigma_r^2} \quad (2.27)$$

ที่ซึ่งระยะห่างของตำแหน่งสามารถหาได้ดังสมการที่ (2.28)

$$\|\mathbf{x} - \mathbf{x}_{si}\|^2 \equiv (x - x_i)^2 + (y - y_i)^2 \quad (2.28)$$

และระยะห่างของสีในปริภูมิ RGB และ CIE L*a*b* สามารถหาได้ดังสมการที่ (2.29) และ (2.30) ตามลำดับ

$$\|\mathbf{x} - \mathbf{x}_{ri}\|_{rgb}^2 \equiv (r - r_i)^2 + (g - g_i)^2 + (b - b_i)^2 \quad (2.29)$$

$$\|\mathbf{x} - \mathbf{x}_{ri}\|_{L^*a^*b^*}^2 \equiv (L^* - L_i^*)^2 + (a^* - a_i^*)^2 + (b^* - b_i^*)^2 \quad (2.30)$$

2.3.6 การกรองแบบ Mean Shift (Mean Shift Filtering)

กำหนดให้ \mathbf{x}_i และ \mathbf{z}_i เมื่อ $i = 1, 2, \dots, n$ เป็นจุดของข้อมูลในโดเมนร่วม Spatial – Range ใน d มิติของภาพต้นฉบับและผลลัพธ์ของรูปภาพที่ถูกกรองด้วยกระบวนการ Mean Shift ตามลำดับสำหรับในแต่ละจุดของข้อมูล

- I. กำหนดให้ $j = 1$ และ $\mathbf{y}_{i,1} = \mathbf{x}_i$
- II. คำนวณหาค่า $\mathbf{y}_{i,j+1}$ ตามสมการที่ (2.15) จนกระทั่งเข้าสู่, $\mathbf{y} = \mathbf{y}_{i,c}$
- III. กำหนด $\mathbf{z}_i = (\mathbf{x}_i^s, \mathbf{y}_{i,c}^r)$

โดยที่ s และ r เป็นองค์ประกอบของเวกเตอร์ในส่วนของ Spatial และ Range ตามลำดับ จาก III จะเห็นว่า จุดของข้อมูลที่ถูกรองที่ตำแหน่ง \mathbf{x}_i จะมีองค์ประกอบของ Range ที่จุดของการลู่เข้า $\mathbf{y}'_{i,c}$ [20]

2.4 การแยกส่วนภาพ (Image Segmentation)

การแยกส่วนภาพ คือกระบวนการแยกองค์ประกอบหรือแบ่งขอบเขตของวัตถุในภาพออกเป็น ส่วนๆ ลักษณะการแยกส่วนจะขึ้นอยู่กับวัตถุประสงค์ที่จะนำไปใช้งานต่อ เช่น เพื่อวิเคราะห์ลักษณะของวัตถุ เพื่อคำนวณขนาดของวัตถุ หรือเพื่อบันทึกจำนวนวัตถุภายในภาพ เป็นการประมวลผลภาพระดับต่ำที่มีความสำคัญที่สุด หลักการในการแยกองค์ประกอบของภาพจะแบ่งออกเป็น 2 หลักการใหญ่ๆ คือ

- I. การแยกองค์ประกอบตามความเหมือน (Similarity) ของคุณสมบัติของพิกเซล (Pixel) ของรูปภาพภายในพื้นที่ (Region) เดียวกัน
- II. การแยกองค์ประกอบโดยดูจากความไม่ต่อเนื่อง (Discontinuity) ของคุณสมบัติของพิกเซล (Pixel) บริเวณรอยต่อระหว่างวัตถุในภาพกับฉากหลัง

การแยกส่วนภาพมีหลากหลายวิธี ในงานวิจัยชิ้นนี้จะใช้วิธีการแยกส่วนภาพด้วยกระบวนการ Region Growing โดยจะใช้ร่วมกับกระบวนการกรองภาพด้วยวิธีการ Mean Shift [20] ซึ่งดัดแปลงมาจากอัลกอริทึมที่ใช้ทำภาพให้เรียบโดยที่ยังคงรักษาความไม่ต่อเนื่องของภาพไว้ สามารถอธิบายได้อย่างละเอียด ดังนี้

2.4.1 การกรองภาพด้วยวิธี Mean Shift (Image Filter by Mean Shift Method)

วิธี Mean Shift สามารถนำไปประยุกต์ใช้กับการทำงานได้หลากหลายประเภท หนึ่งในนั้นคือการนำไปใช้กรองภาพ เพื่อกำจัดสัญญาณรบกวนและสิ่งแปลกปลอมที่ปนเปื้อนอยู่ในภาพในขณะที่ยังคงรักษาขอบภาพไว้ได้ เป็นวิธีที่นิยมใช้ก่อนที่จะแยกส่วนภาพเมื่อเปรียบเทียบกับวิธีการกรองภาพแบบอื่นๆ เช่น ตัวกรองสัญญาณความถี่ต่ำ (Low Pass Filter) แบบ FIR หรือ IIR เป็นต้น

การกรองภาพด้วยวิธีการ Mean Shift เป็นการกรองแต่ละจุดภาพที่ถูกทำให้เกี่ยวข้องกับฐานนิยมของความหนาแน่นในโดเมนร่วม Spatial - Range ณ ตำแหน่งที่อยู่ใกล้กับจุดภาพนั้น กำหนดให้ \mathbf{x}_i และ \mathbf{z}_i เมื่อ $i = 1, 2, \dots, n$ เป็นจุดของข้อมูลในโดเมนร่วม Spatial - Range ใน d มิติของภาพต้นฉบับและผลลัพธ์ของรูปภาพที่ถูกรองด้วยกระบวนการ Mean Shift ตามลำดับ และ L_i เป็นลาเบล (Label) ของจุดข้อมูลลำดับที่ i th ในรูปภาพที่ถูกแยกส่วน [20]

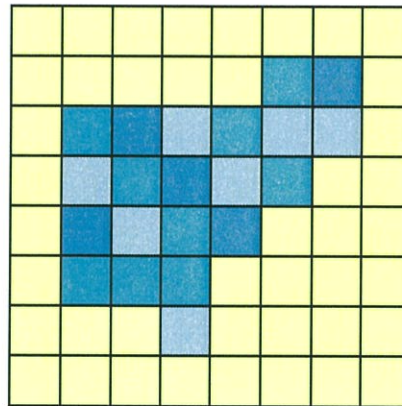
- I. ดำเนินการวิธีการกรองแบบ Mean Shift สำหรับรูปภาพใน d มิติ และเก็บผลลัพธ์ของการลู่เข้าใน \mathbf{z}_i นั่นคือ $\mathbf{z}_i = \mathbf{y}_{i,c}$
- II. จำแนกกลุ่ม (Cluster) $\{C_p\}_{p=1, \dots, m}$ ในโดเมนร่วม โดยการรวม \mathbf{z}_i ทั้งหมดที่อยู่ใกล้กัน ที่ซึ่งน้อยกว่า σ_s ในโดเมน Spatial และน้อยกว่า σ_r ในโดเมน Range นั่นคือการรวม Basin of Attraction ของจุดลู่เข้าที่เกี่ยวข้อง
- III. สำหรับแต่ละค่า $i = 1, 2, \dots, n$ กำหนด $L_i = \{p | \mathbf{z}_i \in C_p\}$
- IV. เพิ่มเติม : กำจัดพื้นที่ที่เล็กกว่า M พิกเซล (Pixel) ในโดเมน spatial

จากขั้นตอนการกรองภาพจะเห็นว่า ขั้นตอนการกรองภาพด้วยวิธีการ Mean Shift มีความสำคัญ เนื่องจากเป็นขั้นตอนแรกของกระบวนการแยกส่วนภาพ ถ้าผลลัพธ์ที่ได้จากขั้นตอนการกรองภาพมีประสิทธิภาพจะส่งผลให้ผลลัพธ์ของการแยกส่วนภาพมีประสิทธิภาพด้วย

2.4.2 การแยกส่วนภาพด้วยวิธี Region Growing (Region Growing Segmentation)

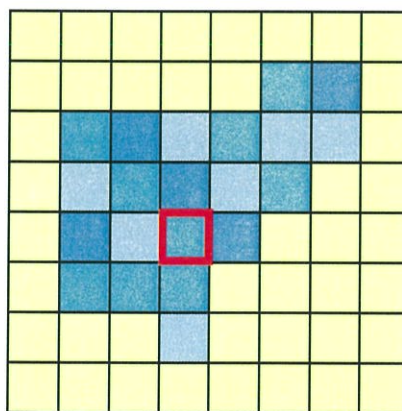
การแยกส่วนภาพด้วยวิธีการ Region Growing เป็นการแยกองค์ประกอบของภาพโดยดูจากตำแหน่งของพิกเซลและความเหมือนกันของคุณสมบัติของพิกเซลภายในพื้นที่ โดยถ้าพิกเซลที่อยู่ติดกันมีคุณสมบัติเหมือนกันจะถูกจัดให้เข้ากลุ่มเดียวกัน ขั้นตอนของกระบวนการแยกส่วนภาพด้วยวิธี Region Growing สามารถอธิบายได้ตามลำดับ [24] ดังนี้

- I. คัดเลือกภาพที่ต้องการจะแยกส่วน ดังตัวอย่างที่แสดงในรูปที่ 2.8



รูปที่ 2.8 แสดงตัวอย่างภาพที่ต้องการจะแยกส่วน

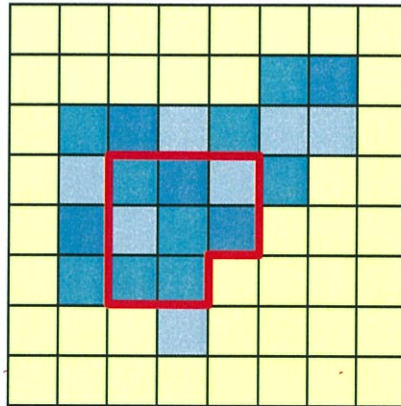
- II. กำหนดจุดเริ่มต้นของภาพ โดยการเลือกพิกเซลพร้อมกับเปรียบเทียบคุณสมบัติต่างๆ กับพิกเซลข้างเคียง ดังแสดงในรูปที่ 2.9



รูปที่ 2.9 แสดงการกำหนดจุดเริ่มต้นของภาพโดยการเลือกพิกเซลใดๆ

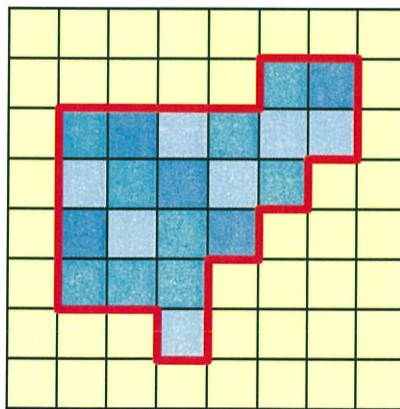
- III. จากการเปรียบเทียบคุณสมบัตินี้ระหว่างพิกเซลเริ่มต้นกับพิกเซลข้างเคียง โดยอาจจะเป็นการเปรียบเทียบคุณสมบัติของสี (Color), คุณลักษณะทางพื้นผิว (Texture) หรือ

ความสว่าง (Light) จะส่งผลทำให้ขนาดของพื้นที่ (Region) ที่มีคุณสมบัติใกล้เคียงกัน ขยายออกไปดัง แสดงในรูปที่ 2.10



รูปที่ 2.10 แสดงการขยายของพื้นที่ที่มีคุณสมบัติใกล้เคียงกัน

- IV. กระบวนการจะหยุดลงเมื่อไม่สามารถขยายพื้นที่ออกไปได้มากกว่านี้ หรือกล่าวอีกนัยหนึ่งคือเมื่อชนกับขอบของวัตถุในภาพ โดยพื้นที่ที่มีคุณสมบัติเหมือนกันจะถูกจัดเข้าอยู่กลุ่มเดียวกัน ดังแสดงในรูปที่ 2.11 และจะเริ่มกระบวนการกำหนดจุดเริ่มต้นของพิกเซลใหม่เพื่อหาพื้นที่ใหม่ที่มีคุณสมบัติใกล้เคียงกันต่อไป

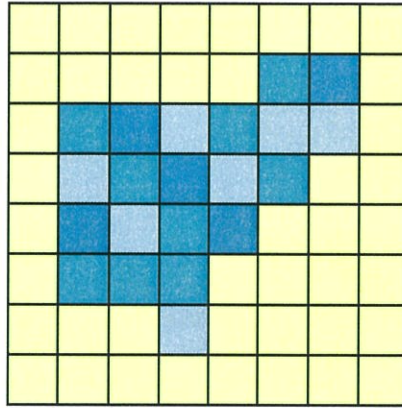


รูปที่ 2.11 แสดงขนาดทั้งหมดของพื้นที่ที่ถูกจัดเข้าอยู่กลุ่มเดียวกัน

2.4.3 การแทนค่ารูปภาพ (Image Representation)

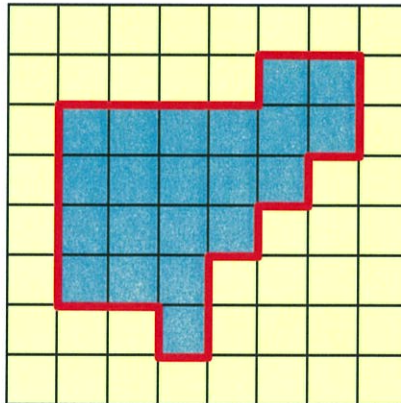
การแทนค่ารูปภาพ เป็นการแทนค่าความสว่างหรือสีของแต่ละพิกเซลในรูปภาพที่ไม่สื่อความหมายที่เป็นประโยชน์ต่อการวิเคราะห์ภาพ ให้เป็นค่าความสว่างหรือสีที่ใช้แสดงถึงคุณลักษณะที่ซ่อนอยู่ภายใน พิกเซลนั้น เพื่อช่วยให้การวิเคราะห์ภาพในขั้นตอนต่อไปสามารถทำได้ง่ายขึ้น ขั้นตอนของกระบวนการแทนค่ารูปภาพ สามารถอธิบายได้ตามลำดับดังนี้

- I. คัดเลือกภาพที่ต้องการจะทำการแทนค่า ดังตัวอย่างที่แสดงในรูปที่ 2.12



รูปที่ 2.12 แสดงตัวอย่างภาพที่ต้องการจะทำกระบวนการแทนค่า

- ii. ทำการหาค่าเฉลี่ยของความสว่างหรือสีของบริเวณที่เราสนใจ และแทนค่าลงไปในแต่ละพิกเซล ดังแสดงในรูปที่ 2.13 ซึ่งจะเห็นว่าผลลัพธ์ที่ได้สามารถช่วยให้กระบวนการวิเคราะห์ภาพในขั้นตอนต่อไปสามารถทำได้ง่ายมากยิ่งขึ้น เนื่องจากความซับซ้อนของความสว่างหรือสีในแต่ละพิกเซลมีความซับซ้อนน้อยลง



รูปที่ 2.13 แสดงผลลัพธ์ของการแทนค่ารูปภาพ

บทที่ 3

บทความและงานวิจัยที่เกี่ยวข้อง

ในปัจจุบันนี้ มีบทความและงานวิจัยเกี่ยวกับการแยกส่วนภาพเซลล์เม็ดเลือดขาวเผยแพร่ออกมาหลากหลายวิธี หนึ่งในนั้นคือ “การแยกส่วนภาพเซลล์เม็ดเลือดขาวด้วยวิธี Distance Mapping Active Contour” ในงานวิจัยฉบับนี้ได้มีการเปรียบเทียบผลของการแยกส่วนภาพเซลล์เม็ดเลือดขาวระหว่างวิธี Distance Mapping Active Contour และวิธีการกรองภาพด้วย Mean Shift และแยกส่วนภาพด้วย Region Growing ซึ่งเป็นอัลกอริทึมที่ถูกนำเสนอในงานวิจัยฉบับนี้ ทฤษฎีของการแยกส่วนภาพเซลล์เม็ดเลือดขาวด้วยวิธี Distance Mapping Active Contour นี้ สามารถอธิบายได้อย่างละเอียด ดังนี้

3.1 การแยกส่วนภาพเซลล์เม็ดเลือดขาวด้วยวิธี Distance Mapping Active Contour

อัลกอริทึม Active Contour หรือเรียกอีกชื่อหนึ่งว่า สเน็ก (Snake) ถูกนำเสนอครั้งแรกในบทความวิจัยของ Kass และคณะ [11] มีหลักการเบื้องต้น คือ เส้นโค้งขอบเขตจะถูกปล่อยลงไปในภาพที่ต้องการจะแยกส่วน จากนั้นเส้นโค้งขอบเขตนี้จะค่อยๆเคลื่อนที่และเปลี่ยนรูปร่างไปยังวัตถุที่เราต้องการในภาพ จนกระทั่งได้วัตถุที่ต้องการออกมา ถือเป็นวิธีการแยกส่วนภาพที่มีความยืดหยุ่นในการออกแบบและพัฒนา และยังสามารถนำไปประยุกต์ใช้กับภาพในงานด้านต่างๆได้อีกด้วย เช่น งานวิเคราะห์ภาพถ่ายดาวเทียม งานคัดแยกคุณภาพพืชผลทางการเกษตรโดยใช้ภาพถ่าย งานตรวจสอบคุณภาพผลิตภัณฑ์โดยใช้ภาพถ่ายในโรงงานอุตสาหกรรม เป็นต้น [11]

การแยกส่วนภาพเซลล์เม็ดเลือดขาวด้วยวิธี Distance Mapping Active Contour เป็นวิธีการที่เน้นไปที่บริเวณของนิวเคลียสและไซโทพลาซึม โดยการประยุกต์ใช้เทคนิคการแพร่ Active Contour แบบใหม่ในส่วนของนิวเคลียส เริ่มต้นจะระบุบริเวณที่เป็นนิวเคลียสของเซลล์เม็ดเลือดขาวและตามด้วยกระบวนการ Morphology เพื่อใช้ระบุตำแหน่งที่เป็น Convex-Hull ของนิวเคลียส โดยที่เส้นรอบรูปของบริเวณที่สนใจจะถูกขยายไปยังพื้นที่ของบริเวณไซโทพลาซึม เพื่อที่จะกำหนดตารางของสีอ้างอิง จากนั้นจะได้พื้นที่ปิดขั้นแรก (Closing Primary Area) ของไซโทพลาซึมและพื้นที่นี้จะถูกแปลงไปเป็นระยะทางของการ Map (Distance Mapping) เพื่อใช้ในการคำนวณหาการไหลของเวกเตอร์ Gradient (Gradient Vector Flow) และ Active Contour ของไซโทพลาซึม จะถูกกระตุ้นจากการขยายเริ่มต้นแบบปกติไปยังขอบของ Gradient (Gradient Boundary) ทำให้ได้ผลลัพธ์สุดท้ายออกมาเป็นการแยกส่วนภาพระหว่างไซโทพลาซึมของเซลล์และภาพพื้นหลัง และยังสามารถแยกออกจากเซลล์เม็ดเลือดแดงในบริเวณที่มีเซลล์ติดกันได้ด้วย [12]

3.1.1 Convex-Hull ของนิวเคลียสและการประมาณค่าบริเวณของไซโทพลาซึม

กำหนดให้ Convex-Hull ของ A ในระนาบ 2 มิติเป็นเซตของจุด C ใน Convex ที่เล็กที่สุดในรูปแบบใดๆ (Polygon) ซึ่งสามารถล้อมรอบ A ได้ ถ้า B^i เป็นโครงสร้างพื้นฐานที่ซึ่ง $i=1,2,3,4$ อัลกอริทึมที่ใช้หา Convex-Hull ของเซต A หรือเท่ากับการวนซ้ำของกระบวนการ Hit-or-Miss สามารถคำนวณได้จากสมการ

$$X_k^i = (X * B^i) \cup A \quad (3.1)$$

ที่ซึ่ง $i, k = 1, 2, 3, 4$ และ $X_0^i = A$ และถ้าให้ $D^i = X_{conv}^i$ จะได้เงื่อนไขการลู่ออกแสดงในสมการที่ (3.2)

$$X_k^i = X_{k-1}^i \quad (3.2)$$

ดังนั้น Convex-Hull ของเซต A สามารถหาได้ดังสมการที่ (3.3) [12]

$$C(A) = U_{i=1}^4 D^i \quad (3.3)$$

จากทฤษฎีที่กล่าวมาข้างต้นสามารถแสดงตัวอย่างของ Convex-Hull ของนิวเคลียสและพื้นที่ของไซโทพลาซึมแบบประมาณได้ดังรูปที่ 3.1 และ 3.2 ตามลำดับ



รูปที่ 3.1 แสดงตัวอย่าง Convex-Hull ของนิวเคลียส

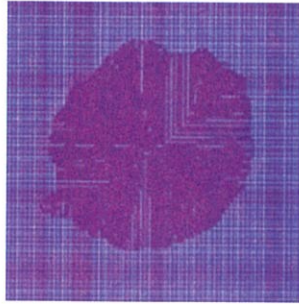


รูปที่ 3.2 แสดงตัวอย่างพื้นที่ของไซโทพลาซึมแบบประมาณ

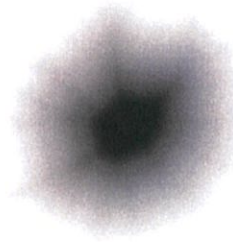
3.1.2 การแพร่แบบ Active Contour (Active Contour Propagation)

อัลกอริทึม Active Contour เป็นอัลกอริทึมที่ให้ความสำคัญกับการแยกส่วนของนิวเคลียสและไซโทพลาซึม จากรูปที่ 3.3 แสดงการไหลของเวกเตอร์ Gradient ที่ได้มาจากไซโทพลาซึมขั้นแรก (Primary Cytoplasm) ที่ถูกตัดแปลงด้วยกระบวนการ Morphology แบบเติม (Filling) และติด (Closing) โดยที่กระบวนการ Morphology นี้ทำให้ได้บริเวณของเซลล์เม็ดเลือดขาวทั้งหมดมาโดยประมาณเพื่อที่จะนำไปแปลงเป็นระยะทางของการ Map ของภาพ 2 ระดับ (Binary Image) ดัง

แสดงในรูปที่ 3.4 [10, 25] จากนั้น เวกเตอร์ Gradient จะถูกประยุกต์ไปเป็นแบบจำลองของ Active Contour แบบ Dynamics ต่อไป



รูปที่ 3.3 แสดงการไหลของเวกเตอร์ Gradient



รูปที่ 3.4 แสดงระยะทางของการ Map ของรูปภาพ 2 ระดับ

กำหนดให้ $V(s)$ เป็นเส้นโค้งขอบเขตของแบบจำลอง Active Contour แบบ Parametric หรือ Snake ซึ่ง s มีค่าเป็น 0 หรือ 1 โดยที่รูปแบบของเส้นโค้งสามารถยืดหรือหดบนระนาบของภาพ 2 มิติภายใต้ศักยภาพของฟังก์ชันแรงหรือฟังก์ชันพลังงาน 2 ชนิด คือ ฟังก์ชันพลังงานภายใน (Internal Force) และฟังก์ชันพลังงานภายนอก (External Force) [26] ซึ่งฟังก์ชันพลังงานทั้งหมดของ Snake ถูกแสดงในสมการที่ (3.4)

$$\begin{aligned} E_{snake} &= E_{internal} + E_{external} \\ &= \int_0^1 [E_{Int}(v(s)) + E_{Ext}(v(s))] ds \end{aligned} \quad (3.4)$$

โดยที่ E_{Int} และ E_{Ext} เป็นฟังก์ชันพลังงานภายในและฟังก์ชันพลังงานภายนอก ตามลำดับ และ $v(s) = [X(s), Y(s)]$ เป็นตำแหน่งของ Snake เมื่อ $s \in [0, 1]$

แบบจำลอง Active Contour เป็นการหาค่าต่ำสุดของฟังก์ชันพลังงานแบบ Snake ซึ่งฟังก์ชันพลังงานภายในหรือแรงภายในเป็นตัวบังคับให้ Snake เรียบโดยการยืดหรือตัดพลังงานแรง จึงถูกเรียกอีกชื่อหนึ่งว่า ฟังก์ชันพลังงานราบเรียบ (Smoothing Force) ในขณะที่ฟังก์ชันพลังงานภายนอกจะนำทาง Snake เพื่อค้นหาคุณสมบัติของภาพที่ต้องการ เช่น ขอบภาพ เป็นต้น จึงถูกเรียกอีกชื่อหนึ่งว่า ฟังก์ชันพลังงานหลัก (Main Force) ฟังก์ชันพลังงานภายในของ Snake แสดงในสมการที่ (3.5) โดยพื้นฐานจะประกอบด้วยพลังงานความยืดหยุ่น (Elasticity Energy) เพื่อที่จะ

ควบคุมความตึงของ Snake และฟังก์ชันการดัด (Bending Energy) ทำหน้าที่ควบคุมความโค้งหรือความแข็ง

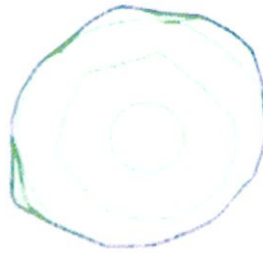
$$E_{int} = \frac{1}{2} [\alpha(s) \cdot |v_s(s)|^2 + \beta(s) \cdot |v_{ss}(s)|^2] \quad (3.5)$$

โดยที่ α และ β เป็นพารามิเตอร์ที่ควบคุมอนุพันธ์อันดับที่หนึ่งและสองของ Contour ตามลำดับ

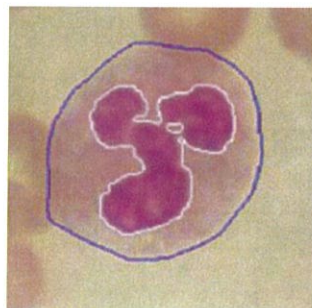
แรงภายนอกหรือที่รู้จักกันว่าพลังงานของภาพสามารถคำนวณได้จากข้อมูลของภาพ พลังงานภายนอกเป็นพลังงานที่จะดึงดูด Snake ไปยังคุณลักษณะของขอบหรือสันภาพ พลังงานภายนอกทั่วไปที่ออกแบบให้นำ Active Contour ไปยังขอบเขตของวัตถุ ถูกแสดงในสมการที่ (3.6)

$$\begin{aligned} E_{Ext} &= -|\nabla I(x,y)|^2 \\ &= -|\nabla [G_\sigma(x,y) * I(x,y)]|^2 \end{aligned} \quad (3.6)$$

จากสมการที่ (3.6) จะเห็นว่า พลังงานภายนอกเป็นพลังงานของภาพซึ่งถูกสร้างจากตัวกรองแบบ Gaussian 2 มิติ ที่ซึ่ง $I(x,y)$ เป็นรูปภาพระดับสีเทาที่ได้จากระยะทางการ Map, σ เป็นค่าเบี่ยงเบนมาตรฐาน และ ∇ เป็นตัวปฏิบัติการแบบ Gradient คุณสมบัติของ Contour จะขึ้นอยู่กับการฟังก์ชันพลังงานของ Snake ทั้งหมด โดยที่ค่าต่ำสุดของพลังงานเป็นตัวบังคับแบบจำลองของ Active Contour ให้เคลื่อนที่ ซึ่งจะขึ้นอยู่กับการไหลของเวกเตอร์ Gradient และจะหยุดอยู่ที่ขอบภาพ รูปที่ 3.5 และ 3.6 แสดงอนุกรมของ Contour และขอบเขตสุดท้ายของภาพ ตามลำดับ

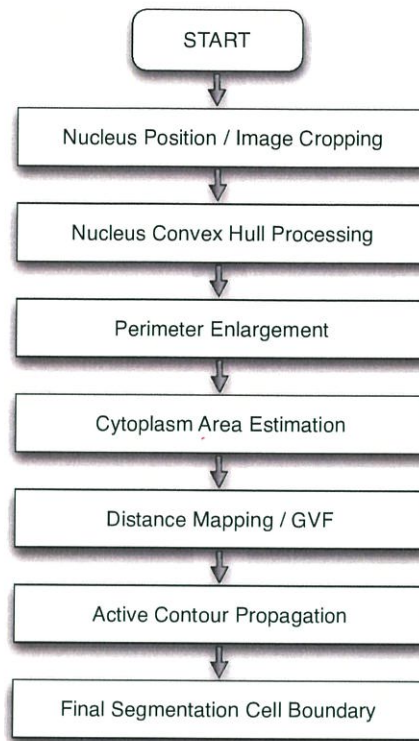


รูปที่ 3.5 อนุกรมของ Contour



รูปที่ 3.6 ขอบเขตของภาพเซลล์เม็ดเลือดขาว

3.1.3 อัลกอริทึมการแยกส่วนภาพด้วยวิธี Distance Mapping Active Contour

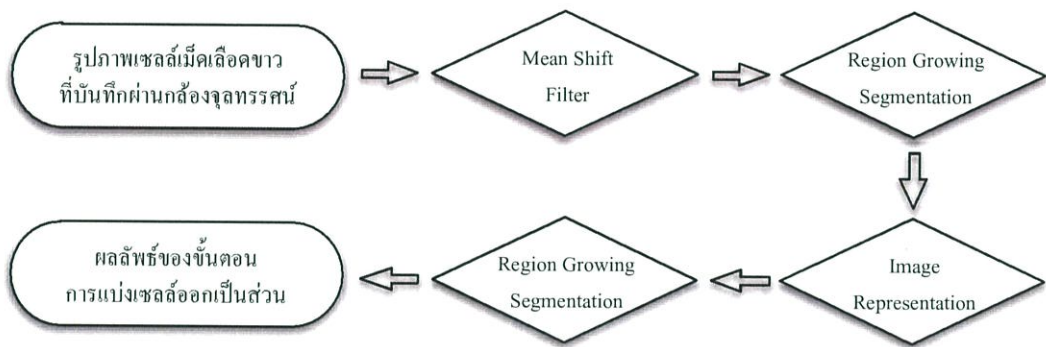


รูปที่ 3.7 อัลกอริทึมการแยกส่วนภาพด้วยวิธี Distance Mapping Active Contour

อัลกอริทึมการแยกส่วนภาพเซลล์เม็ดเลือดขาวด้วยวิธี Distance Mapping Active Contour แสดงได้ในรูปที่ 3.7 [12] เริ่มต้นจากหาตำแหน่งของนิวเคลียสและตัดรูป (Cropping) ออกมา จากนั้นตามด้วยการระบุ Convex-Hull และขยายเส้นรอบรูปของนิวเคลียส และตามด้วยการประมาณพื้นที่ของไซโทพลาซึมซึ่งถือเป็นขั้นตอนที่สำคัญและต้องทำอย่างระมัดระวัง เนื่องจากผลลัพธ์ของมันจะถูกนำไปใช้ในการทำแผนที่เพื่อสร้างเวกเตอร์การไหลของ Gradient และนำไปสู่การแพร่ของ Snake Contour ซึ่งจะทำให้บริเวณของนิวเคลียสและเซลล์เม็ดเลือดขาวถูกแยกส่วนออกมา โดยผลของการแยกส่วนเซลล์เม็ดเลือดขาวด้วยวิธีการ Distance Mapping Active Contour นี้จะถูกนำไปเปรียบเทียบกับวิธีการแยกส่วนภาพโดยใช้ Mean Shift & Region Growing ซึ่งเป็นอัลกอริทึมที่นำเสนอในงานวิจัยชิ้นนี้ จะแสดงให้เห็นในบทที่ 5

บทที่ 4 อัลกอริทึม

ขั้นตอนการแยกส่วนภาพเซลล์เม็ดเลือดขาวที่นำเสนอในงานวิจัยชิ้นนี้แสดงให้เห็นดังรูปที่ 4.1 ซึ่งจากทฤษฎีในบทที่ 2 ผู้วิจัยได้นำมาประยุกต์ใช้กับงานวิจัยชิ้นนี้โดยแบ่งออกเป็น 4 ส่วนหลักๆ คือ กระบวนการกรองภาพแบบ Mean Shift ใช้กรองสิ่งปนเปื้อนออกจากภาพในขณะที่ยังคงรักษาขอบภาพไว้ด้วยวิธีการเลือกค่าแบนด์วิธที่เหมาะสมทั้งของโดเมน Spatial และ Range รูปภาพที่ถูกกรองจะถูกแยกออกเป็นส่วนโดยใช้อัลกอริทึม Region Growing ซึ่งเป็นอัลกอริทึมแบบง่ายๆ [5, 6] จากนั้น จะนำรูปภาพที่ผ่านกระบวนการ Region Growing ไปแทนค่าด้วยตัวแทนของสีในแต่ละส่วนภาพ และจะนำไปแยกออกเป็นส่วนด้วยกระบวนการ Region Growing อีกครั้ง เพื่อหาภาพของเซลล์เม็ดเลือดขาว โดยสามารถอธิบายได้อย่างละเอียด ดังนี้



รูปที่ 4.1 ขั้นตอนการแยกส่วนภาพเซลล์เม็ดเลือดขาวด้วยวิธีการ Mean Shift & Region Growing

4.1 อัลกอริทึม Mean Shift (Mean Shift Algorithm)

วิธีการ Mean Shift เป็นอัลกอริทึมแบบวนซ้ำที่ใช้หาฐานนิยมท้องถิ่น (Local Mode) ในโดเมนร่วม Spatial - Range ซึ่งสามารถกรองสิ่งปนเปื้อนออกจากภาพได้ในขณะที่ยังคงรักษาขอบภาพด้วยวิธีการเลือกค่า σ_s และ σ_r ให้เหมาะสม จากฟังก์ชันการประมาณค่าความหนาแน่นแบบเคอร์เนลในสมการที่ (2.6) ผู้วิจัยเลือกใช้เคอร์เนลชนิด Normal (Gaussian) Kernel หรือ เคอร์เนลแบบปกติ [20] ตามสมการที่ (2.5) ดังนั้น เมื่อแทนค่าชนิดของเคอร์เนลที่เลือกใช้และองค์ประกอบเวกเตอร์ของ \mathbf{x}_i ในโดเมนร่วม Spatial - Range ลงไปในสมการการประมาณค่าฟังก์ชันความหนาแน่น จะสามารถเขียนสมการได้ใหม่เป็น

$$\hat{f}(\mathbf{x}) = \frac{c}{n\sigma} \sum_{i=1}^n \exp\left(-\frac{1}{2}\mathbf{M}^2(\mathbf{x}, \mathbf{x}_i, \sigma)\right) \quad (4.1)$$

และสามารถหาค่าของ Mean Shift Vector ได้ ดังแสดงในสมการที่ (4.2)

$$\mathbf{m}(\mathbf{x}) = \frac{\sum_{i=1}^n \mathbf{x}_i \exp\left(-\frac{1}{2} \mathbf{M}^2(\mathbf{x}, \mathbf{x}_i, \sigma)\right)}{\sum_{i=1}^n \exp\left(-\frac{1}{2} \mathbf{M}^2(\mathbf{x}, \mathbf{x}_i, \sigma)\right)} - \mathbf{x} \quad (4.2)$$

ตารางที่ 4.1 แสดงอัลกอริทึมของวิธีการ Mean Shift

1) กำหนดให้ $t = 0$ และกำหนดค่าเริ่มต้นของความคลาดเคลื่อน ε

2) กำหนดให้ $\mathbf{y}_i^{t=0} = \mathbf{x}_i$ เมื่อ $i = 1, 2, \dots, n$

3) คำนวณค่าการลู่เข้า \mathbf{y}'_i เมื่อ $i = 1, 2, \dots, n$ โดย

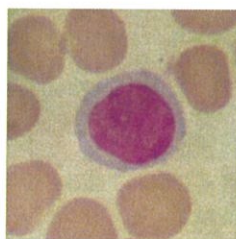
3.1) ปรับปรุง

$$\mathbf{y}_i^{t+1} = \frac{\sum_{i=1}^n \mathbf{x}_i \exp\left(-\frac{1}{2} \mathbf{M}^2(\mathbf{y}'_i, \mathbf{x}_i, \sigma)\right)}{\sum_{i=1}^n \exp\left(-\frac{1}{2} \mathbf{M}^2(\mathbf{y}'_i, \mathbf{x}_i, \sigma)\right)}$$

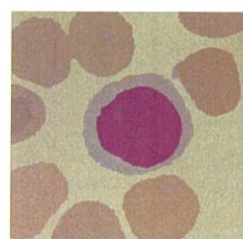
3.2) ถ้า $\mathbf{M}^2(\mathbf{y}_i^{t+1}, \mathbf{y}'_i, \sigma) > \varepsilon$ กลับไปที่ขั้นตอนที่ 3.1

4) กำหนดให้ $\mathbf{z}_i = (\mathbf{x}_{si}^T, \mathbf{y}_{ri}^T)$ ที่ซึ่ง \mathbf{y}_{ri}^T เป็นส่วนของ Range ของ \mathbf{y}'_i ที่ลู่เข้า

อัลกอริทึม Mean Shift ถูกแสดงในตารางที่ 4.1 [5, 6] ซึ่งสามารถอธิบายได้อย่างละเอียดดังนี้ กำหนดให้ $\mathbf{Y} = \{\mathbf{y}_i\}_{i=1}^n$ และ $\mathbf{Z} = \{\mathbf{z}_i\}_{i=1}^n$ เป็นเซตของจุดข้อมูลในโดเมนร่วม Spatial - Range ของข้อมูลที่ถูกประมวลผลและผลลัพธ์ของรูปภาพที่ผ่านกระบวนการ Mean Shift ตามลำดับ โดยกำหนดค่าเริ่มต้นของจุดข้อมูล \mathbf{y}_i เป็น \mathbf{x}_i และระหว่างการคำนวณการลู่เข้าในขั้นตอนที่ 3.1) และ 3.2) จุด \mathbf{y}_i จะเคลื่อนที่แบบวนซ้ำไปตามทิศทางของ Gradient ทั้งในโดเมน Spatial และ Range ซึ่งในที่สุด มันจะลู่เข้าสู่ฐานนิยมท้องถิ่นในโดเมนร่วม Spatial - Range ที่อยู่ใกล้ที่สุด และสีของจุดภาพที่ถูกกรองจะถูกเปลี่ยนเป็นสีของฐานนิยมท้องถิ่นที่อยู่ใกล้ที่สุดด้วย ดังแสดงในรูปที่ 4.2



ก. ภาพต้นฉบับ



ข. ภาพที่ผ่านกระบวนการกรองแบบ Mean Shift

รูปที่ 4.2 ผลลัพธ์ของภาพต้นฉบับที่ผ่านกระบวนการกรองแบบ Mean Shift

ข้อดีของวิธีการกรองแบบ Mean Shift คือ โครงสร้างของภาพจะไม่เปลี่ยนแปลงในระหว่างการวนซ้ำ และยังสามารถกรองสิ่งปนเปื้อนออกจากภาพได้ในขณะที่ยังคงรักษาขอบภาพด้วยวิธีการเลือก

ค่า σ_s และ σ_r ให้เหมาะสม [13] ดังนั้นวิธีการกรองแบบ Mean Shift จึงเป็นวิธีที่ใช้รักษาโครงสร้างของภาพได้ดีกว่าวิธีอื่น

4.2 อัลกอริทึม Region Growing (Region Growing Algorithm)

กำหนดให้ $\mathbf{z}_i = \left((x_i, y_i)^T, \mathbf{y}'_{ri}{}^T \right)$ เป็นจุดของข้อมูลของรูปภาพที่ถูกกรองด้วยวิธีการ Mean Shift และมีจุดของบริเวณใกล้เคียง 4 จุด ดังนี้

$$\begin{aligned} \mathbf{z}_{i0} &= \left((x_i - 1, y_i)^T, \mathbf{y}'_{ri0}{}^T \right) \\ \mathbf{z}_{i1} &= \left((x_i + 1, y_i)^T, \mathbf{y}'_{ri1}{}^T \right) \\ \mathbf{z}_{i2} &= \left((x_i, y_i - 1)^T, \mathbf{y}'_{ri2}{}^T \right) \\ \mathbf{z}_{i3} &= \left((x_i, y_i + 1)^T, \mathbf{y}'_{ri3}{}^T \right) \end{aligned} \quad (4.3)$$

โดยที่ \mathbf{z}_i ถูกเรียกว่า จุดศูนย์กลางของบริเวณใกล้เคียง

ขั้นตอนวิธีการ Region Growing แสดงในตารางที่ 4.2 [5, 6] โดยกำหนดให้ $L = \{1, 2, K\}$ เป็นเซตของค่าใน Region ซึ่ง Region ที่ยังไม่ได้กำหนดค่าจะถูกเซตให้เป็น 0 จากสมมติฐานข้อแรกที่ว่า ภาพของเซลล์เม็ดเลือดขาวสามารถถูกแสดงได้ด้วยเซตของบริเวณที่มีการเปลี่ยนแปลงของสีแบบซ้ำๆ และจะมีการเปลี่ยนแปลงอย่างรวดเร็วที่ขอบของเซลล์ สามารถออกแบบอัลกอริทึมวิธีการ Region Growing ได้ดังนี้ จุดของข้อมูล \mathbf{z}_i ถูกกำหนดให้มีค่าเท่ากับ Idx เมื่อ $Idx \in L$ และจุดของบริเวณใกล้เคียงทั้ง 4 จุดถูกกำหนดให้มีค่าเป็น Idx โดยที่ $\|\mathbf{y}'_r{}^T - \mathbf{y}'_{ri}{}^T\|^2 \leq \sigma_R^2$ โดยที่ฟังก์ชันการวนซ้ำแบบ Growing ถูกเรียกอีกอย่างหนึ่งว่า RegionGrow ($\mathbf{z}_i, \mathbf{z}_{in}, Idx$)

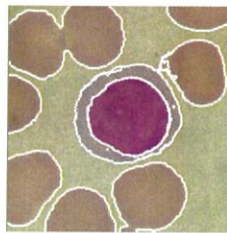
ตารางที่ 4.2 แสดงขั้นตอนของวิธีการ RegionGrow ($\mathbf{z}_i, \mathbf{z}_{in}, Idx$)

- 1) ถ้า $\|\mathbf{y}'_r{}^T - \mathbf{y}'_{ri}{}^T\|^2 > \sigma_R^2$ ให้ออกจากฟังก์ชัน
- 2) ถ้า \mathbf{z}_i ไม่เท่ากับ 0 ให้ออกจากฟังก์ชัน
- 3) กำหนดให้ \mathbf{z}_i เท่ากับ Idx
- 4) เรียกฟังก์ชัน
 $\text{RegionGrow}(\mathbf{z}_i, \mathbf{z}_{i0}, Idx)$
 $\text{RegionGrow}(\mathbf{z}_i, \mathbf{z}_{i1}, Idx)$
 $\text{RegionGrow}(\mathbf{z}_i, \mathbf{z}_{i2}, Idx)$ และ
 $\text{RegionGrow}(\mathbf{z}_i, \mathbf{z}_{i3}, Idx)$
- 5) ออกจากฟังก์ชัน

นอกจากนี้ โปรแกรมหลักที่ใช้ในการทดลองของอัลกอริทึม Region Growing ถูกแสดงในตารางที่ 4.3 [5, 6]

ตารางที่ 4.3 แสดงโปรแกรมหลักที่ใช้ในการทดลองของอัลกอริทึม Region Growing

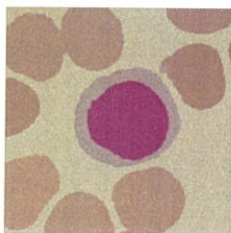
- 1) กำหนดจุดของข้อมูลทั้งหมดเป็น 0
- 2) เซ็ต $Idx = 1$
- 3) ค้นหาจุดของข้อมูล z ที่ยังไม่ถูกกำหนดค่าจากรูปภาพที่ถูกกรอง
- 4) กำหนดค่าให้ z เท่ากับ Idx
- 5) เรียกฟังก์ชัน $RegionGrow(z_i, z_{in}, Idx)$
- 6) เซ็ตค่า $Idx = Idx + 1$
- 7) ถ้ายังคงมีจุดของข้อมูลที่ยังไม่ถูกกำหนดค่าให้กลับไปเริ่มต้นในขั้นตอนที่ 3)



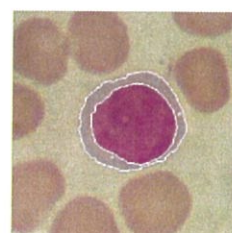
รูปที่ 4.3 ผลลัพธ์การแยกส่วนภาพด้วยวิธีการ Mean Shift & Region Growing

4.3 อัลกอริทึมการแทนค่าสีในรูปภาพ (Color Image Representation Algorithm)

กำหนดให้ rg_i เป็นเซตของพิกเซลทั้งหมดใน Region Growing ที่ i และ av_i เป็นค่าเฉลี่ยของสีหลังจากกระบวนการ Mean Shift ใน Region Growing ที่ i กระบวนการแทนค่าสีในรูปภาพคือการนำเอาค่า av_i ไปแทนค่าสีในแต่ละพิกเซลของ rg_i ซึ่งสามารถแสดงให้เห็นเป็นตัวอย่างดังรูปที่ 4.4



ก. ภาพที่ผ่านกระบวนการแทนค่าสี



ข. ภาพเซลล์เม็ดเลือดขาวที่ถูกแยกส่วนด้วยวิธีการ Mean Shift & Region Growing

รูปที่ 4.4 ผลลัพธ์การแยกส่วนภาพด้วยวิธีการแทนค่าสีและ Region Growing

จากอัลกอริทึมที่นำเสนอข้างต้นจะเห็นได้ว่า ถึงแม้ว่าในบริเวณเดียวกัน ยกตัวอย่างเช่น บริเวณของนิวเคลียสในเซลล์เม็ดเลือดขาว อาจจะถูกแบ่งออกเป็น Region Growing หลายๆกลุ่ม แต่อย่างไรก็ตาม พบว่าค่าสีเฉลี่ยใน Region Growing เหล่านั้นมีค่าใกล้เคียงกัน และแตกต่างจากค่าสีเฉลี่ยในบริเวณอื่นๆค่อนข้างมาก ดังนั้นในวิทยานิพนธ์ฉบับนี้ จึงได้นำเสนอให้ใช้ค่าสีเฉลี่ยของ Region Growing เป็นตัวแทนของสีใน Region Growing นั้น และเราสามารถที่จะทำการทดลองให้ทราบได้ว่า ค่าสีเฉลี่ยของบริเวณที่เราสนใจมีค่าเป็นเท่าใด ดังนั้นถ้าพบ Region Growing ที่มีค่าสีเฉลี่ยเท่ากับหรือใกล้เคียงกับค่าที่ได้จากการทดลองก็สามารถระบุได้ว่าเป็น Region Growing ของบริเวณใด

บทที่ 5

ผลการทดลอง

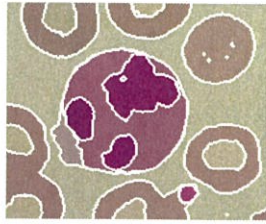
การแยกส่วนภาพเซลล์เม็ดเลือดขาวโดยใช้อัลกอริทึม Mean Shift & Region Growing ถูกทดลองทั้งในปริภูมิสี RGB และ CIE L*a*b* ของเซลล์เม็ดเลือดขาวทั้ง 5 ชนิด คือ นิวโตรฟิล, อีโอซิโนฟิล, เบโซฟิล, ลิมโฟไซต์ และโมโนไซต์ นอกจากนี้ยังแสดงให้เห็นถึงผลของการแยกส่วนภาพด้วยวิธีการ Distance Mapping Active Contour รวมถึงเปรียบเทียบผลของการแยกส่วนภาพของทั้ง 2 วิธี ดังจะแสดงให้เห็นอย่างละเอียด ดังนี้

5.1 การแยกส่วนภาพเซลล์เม็ดเลือดขาวโดยใช้อัลกอริทึม Mean Shift & Region Growing

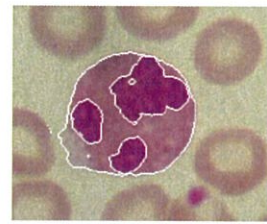
การแยกส่วนภาพเซลล์เม็ดเลือดขาวที่นำเสนอในงานวิจัยชิ้นนี้ ก่อนที่จะแยกส่วนภาพเซลล์เม็ดเลือดขาวออกเป็นส่วนโดยใช้อัลกอริทึม Region Growing ผู้วิจัยได้นำภาพเซลล์เม็ดเลือดขาวต้นฉบับไปผ่านกระบวนการกรองแบบ Mean Shift ก่อนเพื่อลบสิ่งปนเปื้อนหรือสัญญาณรบกวนในภาพจากทฤษฎีการกรองภาพด้วยวิธีการ Mean Shift ดังที่ได้กล่าวไว้แล้วในหัวข้อที่ 2.4 และ 4.1 การเลือกค่า σ_s และ σ_r จะส่งผลอย่างยิ่งต่อผลลัพธ์ของการแยกส่วนภาพ กล่าวคือ ถ้าเลือกค่า σ_s และ σ_r ไม่เหมาะสม อาจจะทำให้ผลลัพธ์ของการแยกส่วนภาพด้วยวิธีการ Region Growing มีการแยกส่วนภาพที่มากเกินไป (Over-Segmentation) หรือน้อยเกินไป (Under-Segmentation) ดังนั้นการเลือกค่า σ_s และ σ_r จึงถือเป็นสิ่งที่สำคัญ ดังนั้น ในงานวิจัยชิ้นนี้จะแสดงให้เห็นถึงผลการทดลองการแยกส่วนภาพด้วยวิธีการ Mean Shift & Region Growing ทั้งการเลือกค่า σ_s และ σ_r เหมาะสมและไม่เหมาะสม โดยจะแสดงให้เห็นถึงผลการทดลองของทั้งภาพต้นฉบับ, ภาพที่ผ่านกระบวนการกรองแบบ Mean Shift, ภาพที่ผ่านกระบวนการแทนค่าสี และภาพเซลล์เม็ดเลือดขาวที่ถูกแยกออกเป็นส่วนด้วยวิธีการ Region Growing ทั้งในปริภูมิสี RGB และ CIE L*a*b* ดังนี้ [5, 6]

5.1.1 ผลการทดลองในปริภูมิสี RGB

ผลการทดลองการกรองภาพด้วยวิธีการ Mean Shift และการแยกส่วนภาพด้วยวิธีการ Region Growing ของเซลล์เม็ดเลือดขาวทั้ง 5 ชนิด คือ นิวโตรฟิล, อีโอซิโนฟิล, เบโซฟิล, ลิมโฟไซต์ และโมโนไซต์ ในปริภูมิสี RGB โดยการเลือกใช้ค่า σ_s และ σ_r ต่างๆกัน ถูกแสดงในรูปที่ 5.1 – 5.11 ตามลำดับ ดังนี้

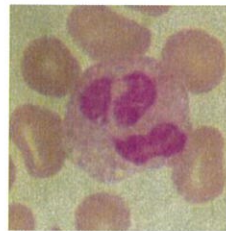


ซ. ภาพที่ผ่านกระบวนการแทนค่าสี
ด้วยค่าแบนด์วิธ
 $\sigma_S^2 = 25.00, \sigma_R^2 = 81.00$

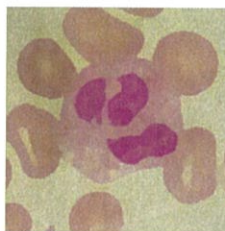


ฅ. ภาพเซลล์เม็ดเลือดขาวที่ถูก
แยกส่วน ด้วยค่าแบนด์วิธ
 $\sigma_S^2 = 25.00, \sigma_R^2 = 81.00$

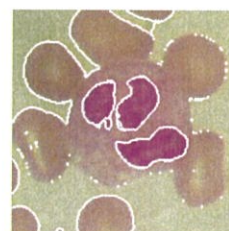
รูปที่ 5.1 ผลการทดลองการแยกส่วนภาพของเซลล์เม็ดเลือดขาวชนิดนิวโทรฟิล (Neutrophil) ในปริภูมิสี RGB ตัวอย่างที่ 1 (ต่อ)



ก. ภาพต้นฉบับ



ข. ภาพที่ผ่านกระบวนการกรองแบบ
Mean Shift ด้วยค่าแบนด์วิธ
 $\sigma_S^2 = 6.76, \sigma_R^2 = 54.76$

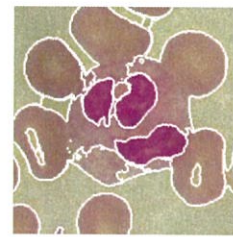


ค. ภาพผลลัพธ์ที่ถูกแยกส่วน
ด้วยค่าแบนด์วิธ
 $\sigma_S^2 = 6.76, \sigma_R^2 = 54.76$

รูปที่ 5.2 ผลการทดลองการแยกส่วนภาพของเซลล์เม็ดเลือดขาวชนิดนิวโทรฟิล (Neutrophil) ในปริภูมิสี RGB ตัวอย่างที่ 2



ง. ภาพที่ผ่านกระบวนการกรองแบบ
Mean Shift ด้วยค่าแบนด์วิธ
 $\sigma_S^2 = 43.56, \sigma_R^2 = 38.44$



จ. ภาพผลลัพธ์ที่ถูกแยกส่วน
ด้วยค่าแบนด์วิธ
 $\sigma_S^2 = 43.56, \sigma_R^2 = 38.44$



ฉ. ภาพที่ผ่านกระบวนการกรองแบบ
Mean Shift ด้วยค่าแบนด์วิธ
 $\sigma_S^2 = 19.36, \sigma_R^2 = 81.00$



ช. ภาพผลลัพธ์ที่ถูกแยกส่วน
ด้วยค่าแบนด์วิธ
 $\sigma_S^2 = 19.36, \sigma_R^2 = 81.00$

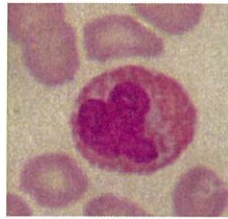


ซ. ภาพที่ผ่านกระบวนการแทนค่าสี
ด้วยค่าแบนด์วิธ
 $\sigma_S^2 = 19.36, \sigma_R^2 = 81.00$



ฅ. ภาพเซลล์เม็ดเลือดขาวที่ถูก
แยกส่วน ด้วยค่าแบนด์วิธ
 $\sigma_S^2 = 19.36, \sigma_R^2 = 81.00$

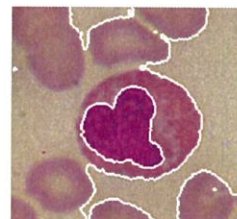
รูปที่ 5.2 ผลการทดลองการแยกส่วนภาพของเซลล์เม็ดเลือดขาวชนิดนิวโทรฟิล (Neutrophil) ในปริภูมิสี RGB ตัวอย่างที่ 2 (ต่อ)



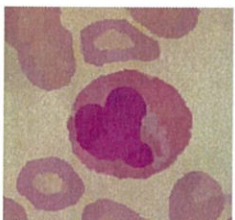
ก. ภาพต้นฉบับ



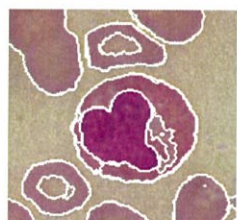
ข. ภาพที่ผ่านกระบวนการกรองแบบ
Mean Shift ด้วยค่าแบนด์วิธ
 $\sigma_S^2 = 243.36, \sigma_R^2 = 210.25$



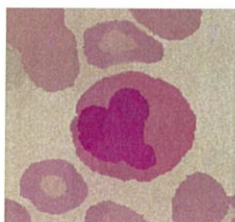
ค. ภาพผลลัพธ์ที่ถูกแยกส่วน
ด้วยค่าแบนด์วิธ
 $\sigma_S^2 = 243.36, \sigma_R^2 = 210.25$



ง. ภาพที่ผ่านกระบวนการกรองแบบ
Mean Shift ด้วยค่าแบนด์วิธ
 $\sigma_S^2 = 21.16, \sigma_R^2 = 36.00$



จ. ภาพผลลัพธ์ที่ถูกแยกส่วน
ด้วยค่าแบนด์วิธ
 $\sigma_S^2 = 21.16, \sigma_R^2 = 36.00$



ฉ. ภาพที่ผ่านกระบวนการกรองแบบ
Mean Shift ด้วยค่าแบนด์วิธ
 $\sigma_S^2 = 77.44, \sigma_R^2 = 64.00$

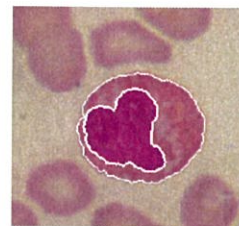


ช. ภาพผลลัพธ์ที่ถูกแยกส่วน
ด้วยค่าแบนด์วิธ
 $\sigma_S^2 = 77.44, \sigma_R^2 = 64.00$

รูปที่ 5.3 ผลการทดลองการแยกส่วนภาพของเซลล์เม็ดเลือดขาวชนิดอีโอซิโนฟิล (Eosinophil)
ในปริภูมิสี RGB ตัวอย่างที่ 1

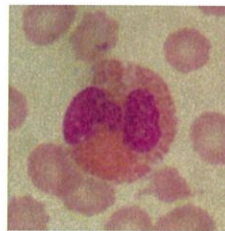


ซ. ภาพที่ผ่านกระบวนการแทนค่าสี
ด้วยค่าแบนด์วิธ
 $\sigma_S^2 = 77.44, \sigma_R^2 = 64.00$



ฉ. ภาพเซลล์เม็ดเลือดขาวที่ถูก
แยกส่วน ด้วยค่าแบนด์วิธ
 $\sigma_S^2 = 77.44, \sigma_R^2 = 64.00$

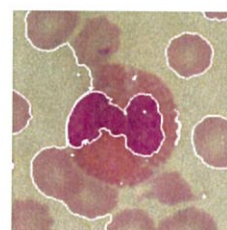
รูปที่ 5.3 ผลการทดลองการแยกส่วนภาพของเซลล์เม็ดเลือดขาวชนิดอีโอซิโนฟิล (Eosinophil)
ในปริภูมิสี RGB ตัวอย่างที่ 1 (ต่อ)



ก. ภาพต้นฉบับ

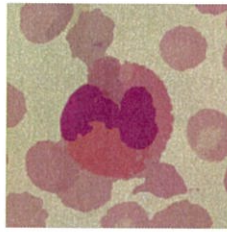


ข. ภาพที่ผ่านกระบวนการกรองแบบ
Mean Shift ด้วยค่าแบนด์วิธ
 $\sigma_S^2 = 484.00, \sigma_R^2 = 256.00$

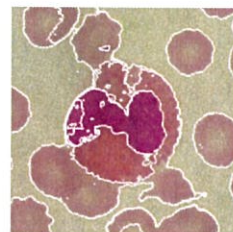


ค. ภาพผลลัพธ์ที่ถูกแยกส่วน
ด้วยค่าแบนด์วิธ
 $\sigma_S^2 = 484.00, \sigma_R^2 = 256.00$

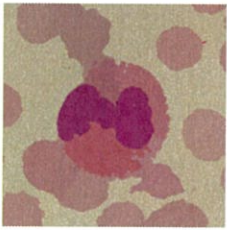
รูปที่ 5.4 ผลการทดลองการแยกส่วนภาพของเซลล์เม็ดเลือดขาวชนิดอีโอซิโนฟิล (Eosinophil)
ในปริภูมิสี RGB ตัวอย่างที่ 2



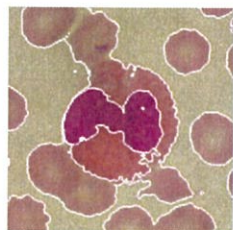
ง. ภาพที่ผ่านกระบวนการกรองแบบ
Mean Shift ด้วยค่าแบนด์วิธ
 $\sigma_S^2 = 174.24, \sigma_R^2 = 27.04$



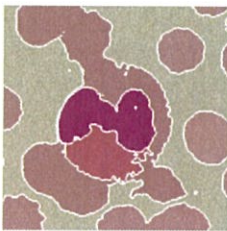
จ. ภาพผลลัพธ์ที่ถูกแยกส่วน
ด้วยค่าแบนด์วิธ
 $\sigma_S^2 = 174.24, \sigma_R^2 = 27.04$



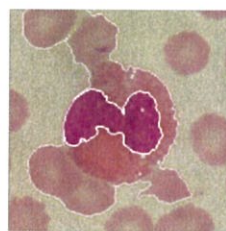
ฉ. ภาพที่ผ่านกระบวนการกรองแบบ
Mean Shift ด้วยค่าแบนด์วิธ
 $\sigma_S^2 = 441.00, \sigma_R^2 = 169.00$



ช. ภาพผลลัพธ์ที่ถูกแยกส่วน
ด้วยค่าแบนด์วิธ
 $\sigma_S^2 = 441.00, \sigma_R^2 = 169.00$

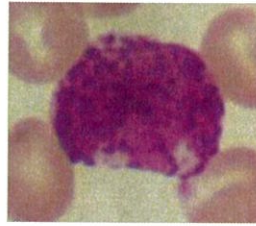


ซ. ภาพที่ผ่านกระบวนการแทนค่าสี
ด้วยค่าแบนด์วิธ
 $\sigma_S^2 = 441.00, \sigma_R^2 = 169.00$



ฅ. ภาพเซลล์เม็ดเลือดขาวที่ถูก
แยกส่วน ด้วยค่าแบนด์วิธ
 $\sigma_S^2 = 441.00, \sigma_R^2 = 169.00$

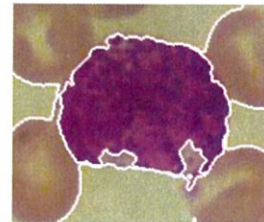
รูปที่ 5.4 ผลการทดลองการแยกส่วนภาพของเซลล์เม็ดเลือดขาวชนิดอีโอซิโนฟิล (Eosinophil) ในปริภูมิสี RGB ตัวอย่างที่ 2 (ต่อ)



ก. ภาพต้นฉบับ



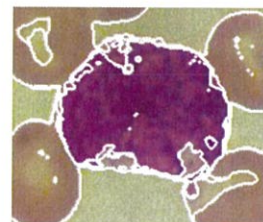
ข. ภาพที่ผ่านกระบวนการกรองแบบ
Mean Shift ด้วยค่าแบนด์วิธ
 $\sigma_S^2 = 53.29, \sigma_R^2 = 324.00$



ค. ภาพผลลัพธ์ที่ถูกแยกส่วน
ด้วยค่าแบนด์วิธ
 $\sigma_S^2 = 53.29, \sigma_R^2 = 324.00$



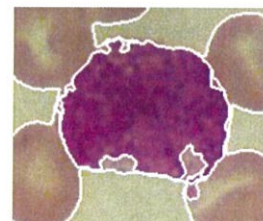
ง. ภาพที่ผ่านกระบวนการกรองแบบ
Mean Shift ด้วยค่าแบนด์วิธ
 $\sigma_S^2 = 11.56, \sigma_R^2 = 49.00$



จ. ภาพผลลัพธ์ที่ถูกแยกส่วน
ด้วยค่าแบนด์วิธ
 $\sigma_S^2 = 11.56, \sigma_R^2 = 49.00$



ฉ. ภาพที่ผ่านกระบวนการกรองแบบ
Mean Shift ด้วยค่าแบนด์วิธ
 $\sigma_S^2 = 17.64, \sigma_R^2 = 144.00$

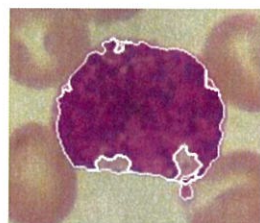


ช. ภาพผลลัพธ์ที่ถูกแยกส่วน
ด้วยค่าแบนด์วิธ
 $\sigma_S^2 = 17.64, \sigma_R^2 = 144.00$

รูปที่ 5.5 ผลการทดลองการแยกส่วนภาพของเซลล์เม็ดเลือดขาวชนิดเบโซฟิล (Basophil)
ในปริภูมิสี RGB ตัวอย่างที่ 1

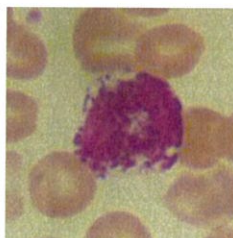


ซ. ภาพที่ผ่านกระบวนการแทนค่าสี
ด้วยค่าแบนด์วิธ
 $\sigma_S^2 = 17.64, \sigma_R^2 = 144.00$



ณ. ภาพเซลล์เม็ดเลือดขาวที่ถูก
แยกส่วน ด้วยค่าแบนด์วิธ
 $\sigma_S^2 = 17.64, \sigma_R^2 = 144.00$

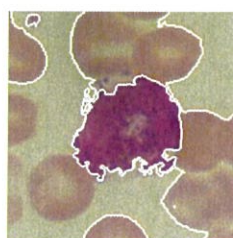
รูปที่ 5.5 ผลการทดลองการแยกส่วนภาพของเซลล์เม็ดเลือดขาวชนิดเบโซฟิล (Basophil) ในปริภูมิสี RGB ตัวอย่างที่ 1 (ต่อ)



ก. ภาพต้นฉบับ

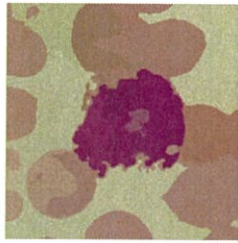


ข. ภาพที่ผ่านกระบวนการกรองแบบ
Mean Shift ด้วยค่าแบนด์วิธ
 $\sigma_S^2 = 400.00, \sigma_R^2 = 324.00$

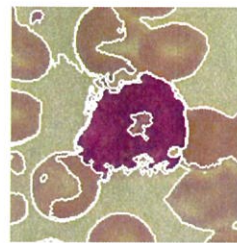


ค. ภาพผลลัพธ์ที่ถูกแยกส่วน
ด้วยค่าแบนด์วิธ
 $\sigma_S^2 = 400.00, \sigma_R^2 = 324.00$

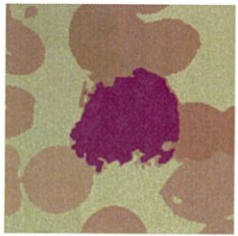
รูปที่ 5.6 ผลการทดลองการแยกส่วนภาพของเซลล์เม็ดเลือดขาวชนิดเบโซฟิล (Basophil) ในปริภูมิสี RGB ตัวอย่างที่ 2



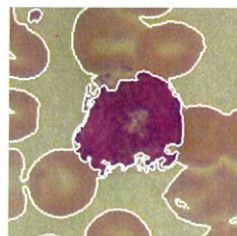
ง. ภาพที่ผ่านกระบวนการกรองแบบ
Mean Shift ด้วยค่าแบนด์วิธ
 $\sigma_S^2 = 256.00, \sigma_R^2 = 42.25$



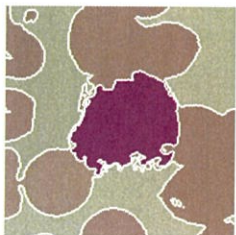
จ. ภาพผลลัพธ์ที่ถูกแยกส่วน
ด้วยค่าแบนด์วิธ
 $\sigma_S^2 = 256.00, \sigma_R^2 = 42.25$



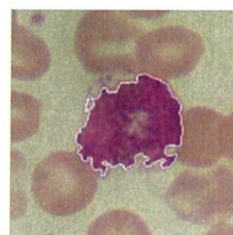
ฉ. ภาพที่ผ่านกระบวนการกรองแบบ
Mean Shift ด้วยค่าแบนด์วิธ
 $\sigma_S^2 = 153.76, \sigma_R^2 = 408.04$



ช. ภาพผลลัพธ์ที่ถูกแยกส่วน
ด้วยค่าแบนด์วิธ
 $\sigma_S^2 = 153.76, \sigma_R^2 = 408.04$

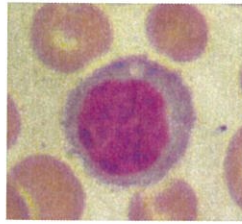


ซ. ภาพที่ผ่านกระบวนการแทนค่าสี
ด้วยค่าแบนด์วิธ
 $\sigma_S^2 = 153.76, \sigma_R^2 = 408.04$

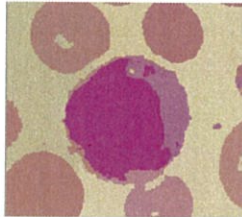


ณ. ภาพเซลล์เม็ดเลือดขาวที่ถูก
แยกส่วน ด้วยค่าแบนด์วิธ
 $\sigma_S^2 = 153.76, \sigma_R^2 = 408.04$

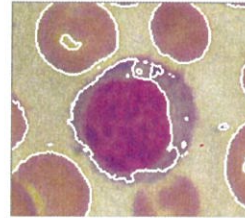
รูปที่ 5.6 ผลการทดลองการแยกส่วนภาพของเซลล์เม็ดเลือดขาวชนิดเบโซฟิล (Basophil)
ในปริภูมิสี RGB ตัวอย่างที่ 2 (ต่อ)



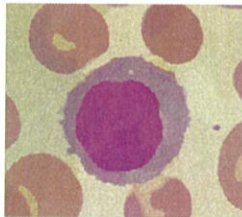
ก. ภาพต้นฉบับ



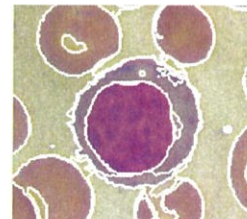
ข. ภาพที่ผ่านกระบวนการกรองแบบ
Mean Shift ด้วยค่าแบนด์วิธ
 $\sigma_S^2 = 542.89, \sigma_R^2 = 408.04$



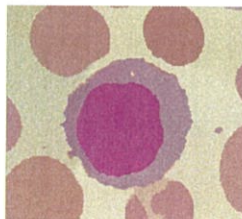
ค. ภาพผลลัพธ์ที่ถูกแยกส่วน
ด้วยค่าแบนด์วิธ
 $\sigma_S^2 = 542.89, \sigma_R^2 = 408.04$



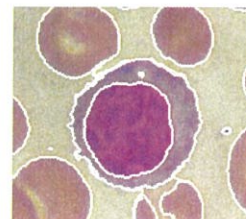
ง. ภาพที่ผ่านกระบวนการกรองแบบ
Mean Shift ด้วยค่าแบนด์วิธ
 $\sigma_S^2 = 59.29, \sigma_R^2 = 27.04$



จ. ภาพผลลัพธ์ที่ถูกแยกส่วน
ด้วยค่าแบนด์วิธ
 $\sigma_S^2 = 59.29, \sigma_R^2 = 27.04$

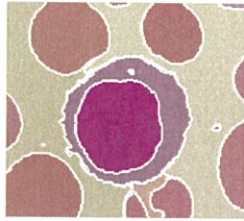


ฉ. ภาพที่ผ่านกระบวนการกรองแบบ
Mean Shift ด้วยค่าแบนด์วิธ
 $\sigma_S^2 = 156.25, \sigma_R^2 = 148.84$

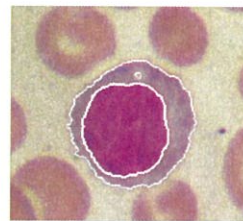


ช. ภาพผลลัพธ์ที่ถูกแยกส่วน
ด้วยค่าแบนด์วิธ
 $\sigma_S^2 = 156.25, \sigma_R^2 = 148.84$

รูปที่ 5.7 ผลการทดลองการแยกส่วนภาพของเซลล์เม็ดเลือดขาวชนิดลิมโฟไซต์ (Lymphocyte) ในปริภูมิสี RGB ตัวอย่างที่ 1

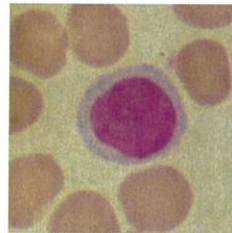


ช. ภาพที่ผ่านกระบวนการแทนค่าสี
ด้วยค่าแบนด์วิธ
 $\sigma_S^2 = 156.25, \sigma_R^2 = 148.84$

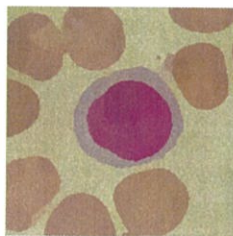


ฉ. ภาพเซลล์เม็ดเลือดขาวที่ถูก
แยกส่วน ด้วยค่าแบนด์วิธ
 $\sigma_S^2 = 156.25, \sigma_R^2 = 148.84$

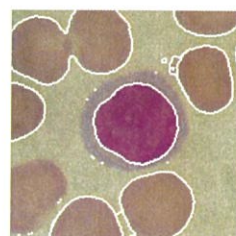
รูปที่ 5.7 ผลการทดลองการแยกส่วนภาพของเซลล์เม็ดเลือดขาวชนิดลิมโฟไซต์ (Lymphocyte)
ในปริภูมิสี RGB ตัวอย่างที่ 1 (ต่อ)



ก. ภาพต้นฉบับ

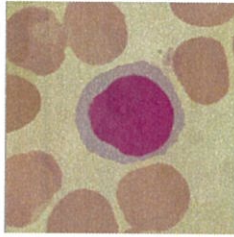


ข. ภาพที่ผ่านกระบวนการกรองแบบ
Mean Shift ด้วยค่าแบนด์วิธ
 $\sigma_S^2 = 542.89, \sigma_R^2 = 408.04$

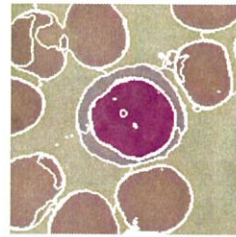


ค. ภาพผลลัพธ์ที่ถูกแยกส่วน
ด้วยค่าแบนด์วิธ
 $\sigma_S^2 = 542.89, \sigma_R^2 = 408.04$

รูปที่ 5.8 ผลการทดลองการแยกส่วนภาพของเซลล์เม็ดเลือดขาวชนิดลิมโฟไซต์ (Lymphocyte)
ในปริภูมิสี RGB ตัวอย่างที่ 2



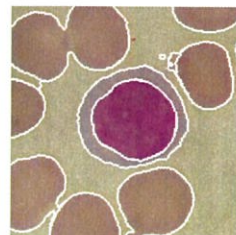
ง. ภาพที่ผ่านกระบวนการกรองแบบ
Mean Shift ด้วยค่าแบนด์วิธ
 $\sigma_S^2 = 59.29, \sigma_R^2 = 27.04$



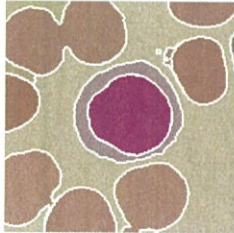
จ. ภาพผลลัพธ์ที่ถูกแยกส่วน
ด้วยค่าแบนด์วิธ
 $\sigma_S^2 = 59.29, \sigma_R^2 = 27.04$



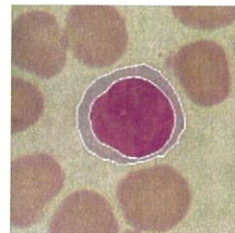
ฉ. ภาพที่ผ่านกระบวนการกรองแบบ
Mean Shift ด้วยค่าแบนด์วิธ
 $\sigma_S^2 = 38.44, \sigma_R^2 = 46.24$



ช. ภาพผลลัพธ์ที่ถูกแยกส่วน
ด้วยค่าแบนด์วิธ
 $\sigma_S^2 = 38.44, \sigma_R^2 = 46.24$

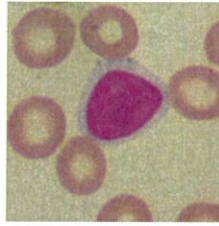


ซ. ภาพที่ผ่านกระบวนการแทนค่าสี
ด้วยค่าแบนด์วิธ
 $\sigma_S^2 = 38.44, \sigma_R^2 = 46.24$

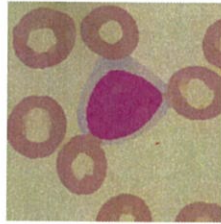


ฅ. ภาพเซลล์เม็ดเลือดขาวที่ถูก
แยกส่วน ด้วยค่าแบนด์วิธ
 $\sigma_S^2 = 38.44, \sigma_R^2 = 46.24$

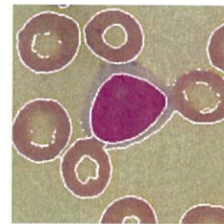
รูปที่ 5.8 ผลการทดลองการแยกส่วนภาพของเซลล์เม็ดเลือดขาวชนิดลิมโฟไซต์ (Lymphocyte)
ในปริภูมิสี RGB ตัวอย่างที่ 2 (ต่อ)



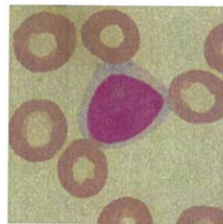
ก. ภาพต้นฉบับ



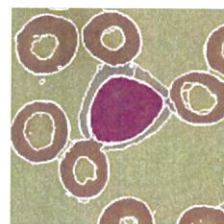
ข. ภาพที่ผ่านกระบวนการกรองแบบ
Mean Shift ด้วยค่าแบนด์วิดธ์
 $\sigma_S^2 = 14.44, \sigma_R^2 = 70.56$



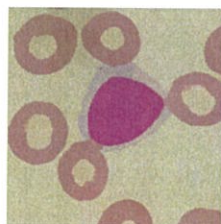
ค. ภาพผลลัพธ์ที่ถูกแยกส่วน
ด้วยค่าแบนด์วิดธ์
 $\sigma_S^2 = 14.44, \sigma_R^2 = 70.56$



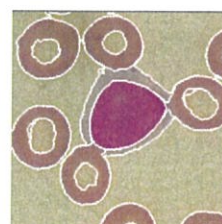
ง. ภาพที่ผ่านกระบวนการกรองแบบ
Mean Shift ด้วยค่าแบนด์วิดธ์
 $\sigma_S^2 = 17.64, \sigma_R^2 = 23.04$



จ. ภาพผลลัพธ์ที่ถูกแยกส่วน
ด้วยค่าแบนด์วิดธ์
 $\sigma_S^2 = 17.64, \sigma_R^2 = 23.04$

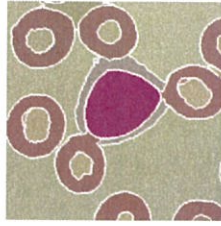


ฉ. ภาพที่ผ่านกระบวนการกรองแบบ
Mean Shift ด้วยค่าแบนด์วิดธ์
 $\sigma_S^2 = 60.84, \sigma_R^2 = 40.96$

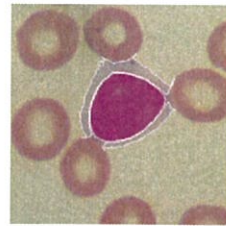


ช. ภาพผลลัพธ์ที่ถูกแยกส่วน
ด้วยค่าแบนด์วิดธ์
 $\sigma_S^2 = 60.84, \sigma_R^2 = 40.96$

รูปที่ 5.9 ผลการทดลองการแยกส่วนภาพของเซลล์เม็ดเลือดขาวชนิดลิมโฟไซต์ (Lymphocyte) ในปริภูมิสี RGB ตัวอย่างที่ 3

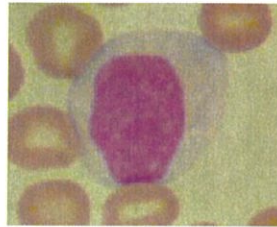


ซ. ภาพที่ผ่านกระบวนการแทนค่าสี
ด้วยค่าแบนด์วิธ
 $\sigma_S^2 = 60.84, \sigma_R^2 = 40.96$



ณ. ภาพเซลล์เม็ดเลือดขาวที่ถูก
แยกส่วน ด้วยค่าแบนด์วิธ
 $\sigma_S^2 = 60.84, \sigma_R^2 = 40.96$

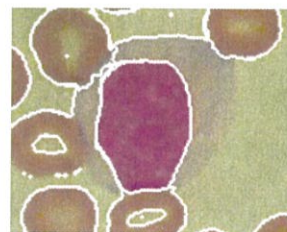
รูปที่ 5.9 ผลการทดลองการแยกส่วนภาพของเซลล์เม็ดเลือดขาวชนิดลิมโฟไซต์ (Lymphocyte)
ในปริภูมิสี RGB ตัวอย่างที่ 3 (ต่อ)



ก. ภาพต้นฉบับ



ข. ภาพที่ผ่านกระบวนการกรองแบบ
Mean Shift ด้วยค่าแบนด์วิธ
 $\sigma_S^2 = 169.00, \sigma_R^2 = 110.25$

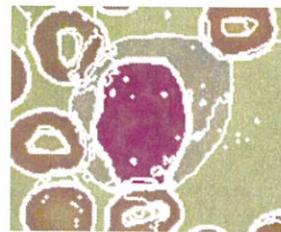


ค. ภาพผลลัพธ์ที่ถูกแยกส่วน
ด้วยค่าแบนด์วิธ
 $\sigma_S^2 = 169.00, \sigma_R^2 = 110.25$

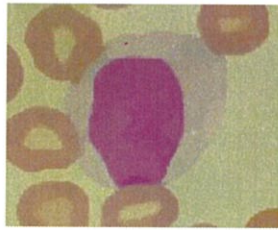
รูปที่ 5.10 ผลการทดลองการแยกส่วนภาพของเซลล์เม็ดเลือดขาวชนิดโมโนไซต์ (Monocyte)
ในปริภูมิสี RGB ตัวอย่างที่ 1



- ง. ภาพที่ผ่านกระบวนการกรองแบบ Mean Shift ด้วยค่าแบนด์วิธ $\sigma_S^2 = 56.25, \sigma_R^2 = 9.00$



- จ. ภาพผลลัพธ์ที่ถูกแยกส่วน ด้วยค่าแบนด์วิธ $\sigma_S^2 = 56.25, \sigma_R^2 = 9.00$



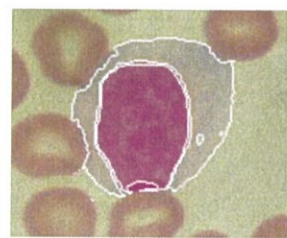
- ฉ. ภาพที่ผ่านกระบวนการกรองแบบ Mean Shift ด้วยค่าแบนด์วิธ $\sigma_S^2 = 25.00, \sigma_R^2 = 25.00$



- ช. ภาพผลลัพธ์ที่ถูกแยกส่วน ด้วยค่าแบนด์วิธ $\sigma_S^2 = 25.00, \sigma_R^2 = 25.00$

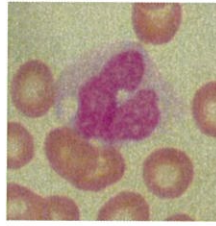


- ซ. ภาพที่ผ่านกระบวนการแทนค่าสี ด้วยค่าแบนด์วิธ $\sigma_S^2 = 25.00, \sigma_R^2 = 25.00$

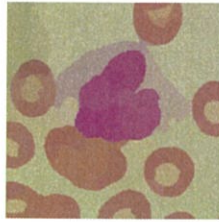


- ณ. ภาพเซลล์เม็ดเลือดขาวที่ถูกแยกส่วน ด้วยค่าแบนด์วิธ $\sigma_S^2 = 25.00, \sigma_R^2 = 25.00$

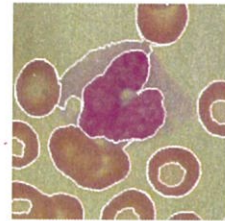
รูปที่ 5.10 ผลการทดลองการแยกส่วนภาพของเซลล์เม็ดเลือดขาวชนิดโมโนไซต์ (Monocyte) ในปริภูมิสี RGB ตัวอย่างที่ 1 (ต่อ)



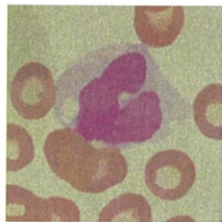
ก. ภาพต้นฉบับ



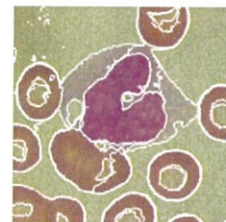
ข. ภาพที่ผ่านกระบวนการกรองแบบ
Mean Shift ด้วยค่าแบนด์วิธ
 $\sigma_S^2 = 112.36, \sigma_R^2 = 73.96$



ค. ภาพผลลัพธ์ที่ถูกแยกส่วน
ด้วยค่าแบนด์วิธ
 $\sigma_S^2 = 112.36, \sigma_R^2 = 73.96$



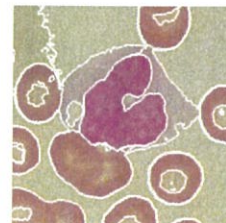
ง. ภาพที่ผ่านกระบวนการกรองแบบ
Mean Shift ด้วยค่าแบนด์วิธ
 $\sigma_S^2 = 104.04, \sigma_R^2 = 17.64$



จ. ภาพผลลัพธ์ที่ถูกแยกส่วน
ด้วยค่าแบนด์วิธ
 $\sigma_S^2 = 104.04, \sigma_R^2 = 17.64$

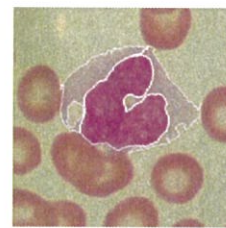


ฉ. ภาพที่ผ่านกระบวนการกรองแบบ
Mean Shift ด้วยค่าแบนด์วิธ
 $\sigma_S^2 = 475.24, \sigma_R^2 = 36.00$



ช. ภาพผลลัพธ์ที่ถูกแยกส่วน
ด้วยค่าแบนด์วิธ
 $\sigma_S^2 = 475.24, \sigma_R^2 = 36.00$

รูปที่ 5.11 ผลการทดลองการแยกส่วนภาพของเซลล์เม็ดเลือดขาวชนิดโมโนไซต์ (Monocyte) ในปริภูมิสี RGB ตัวอย่างที่ 2



ซ. ภาพที่ผ่านกระบวนการแทนค่าสี
ด้วยค่าแบนด์วิธ
 $\sigma_s^2 = 475.24, \sigma_r^2 = 36.00$

ณ. ภาพเซลล์เม็ดเลือดขาวที่ถูก
แยกส่วน ด้วยค่าแบนด์วิธ
 $\sigma_s^2 = 475.24, \sigma_r^2 = 36.00$

รูปที่ 5.11 ผลการทดลองการแยกส่วนภาพของเซลล์เม็ดเลือดขาวชนิดโมโนไซต์ (Monocyte)
ในปริภูมิสี RGB ตัวอย่างที่ 2 (ต่อ)

จากผลการทดลองการแยกส่วนภาพเซลล์เม็ดเลือดขาวในปริภูมิสี RGB ที่แสดงในรูปที่ 5.1 – 5.11 ของเซลล์เม็ดเลือดขาวทั้ง 5 ชนิด ได้แก่ นิวโตรฟิล, อีโอซิโนฟิล, เบโซฟิล, ลิมโฟไซต์ และโมโนไซต์ จะเห็นได้ว่าภาพเซลล์เม็ดเลือดขาวสามารถถูกแยกออกเป็นส่วนตัว ทั้งในส่วนของนิวเคลียส, ไซโทพลาซึม, เซลล์เม็ดเลือดแดง และพื้นหลัง โดยขึ้นอยู่กับค่าการเลือกค่า σ_s และ σ_r โดยรูปที่ 5.x (ก.) แสดงภาพเซลล์เม็ดเลือดขาวต้นฉบับ 5.x (ข.) และ 5.x (ค.) แสดงภาพเซลล์เม็ดเลือดขาวที่ผ่านการกรองด้วยกระบวนการ Mean Shift และการแยกส่วนภาพด้วยกระบวนการ Region Growing ตามลำดับ โดยการเลือกค่า σ_s และ σ_r ที่ทำให้การแยกส่วนน้อยเกินไป (Under Segmentation) ซึ่งจะเห็นได้ว่าภาพเซลล์เม็ดเลือดขาวไม่สามารถถูกแยกออกเป็นส่วนตัวได้อย่างสมบูรณ์ กล่าวคือ ไม่สามารถแยกส่วนได้ระหว่างนิวเคลียสและไซโทพลาซึม หรือระหว่างเซลล์เม็ดเลือดแดงกับพื้นหลัง ส่วนรูป 5.x (ง.) และ 5.x (จ.) แสดงภาพเซลล์เม็ดเลือดขาวที่ผ่านการกรองด้วยกระบวนการ Mean Shift และการแยกส่วนภาพด้วยกระบวนการ Region Growing ตามลำดับ โดยการเลือกค่า σ_s และ σ_r ที่ทำให้การแยกส่วนมากเกินไป (Over Segmentation) ซึ่งจะเห็นได้ว่าภาพเซลล์เม็ดเลือดขาวถูกแยกออกเป็นส่วนตัวย่อยๆ ในส่วนของนิวเคลียสและไซโทพลาซึม รวมถึงในส่วนของเซลล์เม็ดเลือดแดง ถือเป็นการแยกส่วนภาพที่ไม่มีประสิทธิภาพ รูป 5.x (ฉ.) และ 5.x (ช.) แสดงภาพเซลล์เม็ดเลือดขาวที่ผ่านการกรองด้วยกระบวนการ Mean Shift และการแยกส่วนภาพด้วยกระบวนการ Region Growing ตามลำดับ โดยการเลือกค่า σ_s และ σ_r ที่เหมาะสม ซึ่งจะเห็นได้ว่าภาพเซลล์เม็ดเลือดขาวสามารถถูกแยกออกเป็นส่วนตัว ทั้งในส่วนของนิวเคลียส, ไซโทพลาซึม, เซลล์เม็ดเลือดแดง และพื้นหลัง ได้อย่างมีประสิทธิภาพ สัญญาณรบกวนบนรูปภาพต้นฉบับถูกลบออกไปเมื่อนำไปผ่านกระบวนการกรองแบบ Mean Shift โดยที่ความคมชัดของบริเวณขอบของภาพเซลล์ยังคงอยู่ นอกจากนี้ ส่วนของนิวเคลียสและไซโทพลาซึมก็ยังสามารถถูกแยกออกเป็นส่วนตัวได้โดยใช้หลักการ Region Growing รูปที่ 5.x (ซ.) แสดงภาพเซลล์เม็ดเลือดขาวที่ผ่านกระบวนการแทนค่าสีโดยการเลือกค่า σ_s และ σ_r ที่เหมาะสม และรูปที่ 5.x (ณ.) แสดงการแยกส่วนภาพเซลล์เม็ดเลือดขาวผลลัพธ์ ซึ่งถือเป็นวัตถุประสงค์หลักของงานวิจัยชิ้นนี้

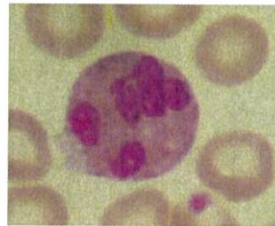
จากผลการทดลองจะเห็นได้ว่า เซลล์เม็ดเลือดขาวชนิดนิวโตรฟิลดังแสดงในรูปที่ 5.1 (ณ.), ชนิด อีโอซิโนฟิลดังแสดงในรูปที่ 5.3 (ณ.) และลิมโฟไซต์ดังแสดงในรูปที่ 5.7 (ณ.) – 5.8 (ณ.) การแยกส่วน

ระหว่างนิวเคลียสและไซโทพลาซึมค่อนข้างสมบูรณ์ เซลล์เม็ดเลือดขาวชนิดโมโนไซต์ดังแสดงในรูปที่ 5.10 (ฉ.) และ 5.11 (ฉ.) การคัดแยกส่วนระหว่างนิวเคลียสและไซโทพลาซึมยังไม่สมบูรณ์มากนัก กล่าวคือ มีการถูกแยกส่วนมากเกินไป (Over-Segmented Region) ส่วนเซลล์เม็ดเลือดขาวชนิดเบโซฟิลดังแสดงในรูปที่ 5.5 (ฉ.) และ 5.6 (ฉ.) ขอบเขตระหว่างนิวเคลียสและไซโทพลาซึมไม่ค่อยชัดเจน เนื่องจากความเป็นแกรนูล (Granularity)

นอกจากนี้ จะสังเกตเห็นว่าภาพเซลล์เม็ดเลือดขาวทั้ง 5 ชนิด ถ้าส่วนของเซลล์เม็ดเลือดขาวและเซลล์เม็ดเลือดแดงมีการซ้อนทับกันหรืออยู่ติดกัน จะทำให้การแยกส่วนทำได้ยากขึ้น เนื่องจากสีของไซโทพลาซึมของเซลล์เม็ดเลือดขาวและสีของเซลล์เม็ดเลือดแดงค่อนข้างใกล้เคียงกัน จึงจำเป็นต้องเลือกค่า σ_s และ σ_r ให้เหมาะสม ดังแสดงในรูปที่ 5.2 (ฉ.), 5.4 (ฉ.) และ 5.9 (ฉ.) ดังนั้น จะเห็นได้ว่าการเลือกค่า σ_s และ σ_r เป็นสิ่งจำเป็นเพราะจะส่งผลต่อประสิทธิภาพของการแยกส่วนภาพ

5.1.2 ผลการทดลองในปริภูมิสี CIE L*a*b*

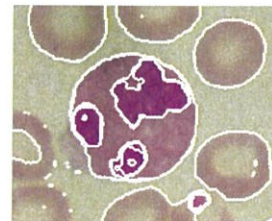
ผลการทดลองการกรองภาพด้วยวิธีการ Mean Shift และการแยกส่วนภาพด้วยวิธีการ Region Growing ของเซลล์เม็ดเลือดขาวทั้ง 5 ชนิด คือ นิวโทรฟิล, อีโอซิโนฟิล, เบโซฟิล, ลิมโฟไซต์ และโมโนไซต์ ในปริภูมิสี CIE L*a*b* โดยการเลือกใช้ค่า σ_s และ σ_r ต่างๆกัน ถูกแสดงในรูปที่ 5.12 – 5.22 ตามลำดับ ดังนี้



ก. ภาพต้นฉบับ

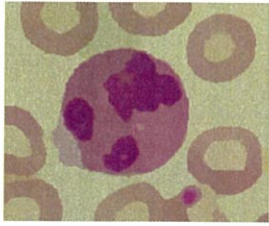


ข. ภาพที่ผ่านกระบวนการกรองแบบ Mean Shift ด้วยค่าแบนด์วิธ $\sigma_s^2 = 22.09, \sigma_r^2 = 7.29$

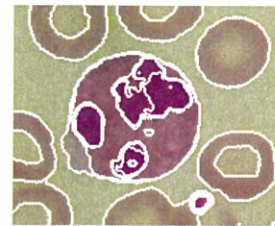


ค. ภาพผลลัพธ์ที่ถูกแยกส่วนด้วยค่าแบนด์วิธ $\sigma_s^2 = 22.09, \sigma_r^2 = 7.29$

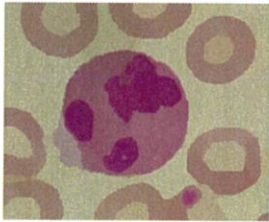
รูปที่ 5.12 ผลการทดลองการแยกส่วนภาพของเซลล์เม็ดเลือดขาวชนิดนิวโทรฟิล (Neutrophil) ในปริภูมิสี CIE L*a*b* ตัวอย่างที่ 1



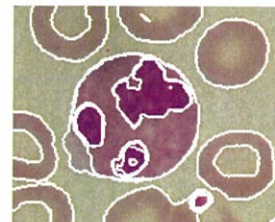
ง. ภาพที่ผ่านกระบวนการกรองแบบ
Mean Shift ด้วยค่าแบนด์วิธ
 $\sigma_S^2 = 29.16, \sigma_R^2 = 5.29$



จ. ภาพผลลัพธ์ที่ถูกแยกส่วน
ด้วยค่าแบนด์วิธ
 $\sigma_S^2 = 29.16, \sigma_R^2 = 5.29$



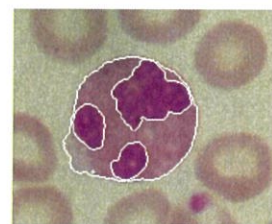
ฉ. ภาพที่ผ่านกระบวนการกรองแบบ
Mean Shift ด้วยค่าแบนด์วิธ
 $\sigma_S^2 = 29.16, \sigma_R^2 = 6.25$



ช. ภาพผลลัพธ์ที่ถูกแยกส่วน
ด้วยค่าแบนด์วิธ
 $\sigma_S^2 = 29.16, \sigma_R^2 = 6.25$

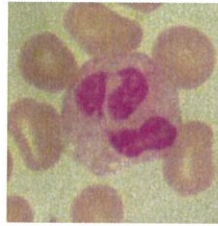


ซ. ภาพที่ผ่านกระบวนการแทนค่าสี
ด้วยค่าแบนด์วิธ
 $\sigma_S^2 = 29.16, \sigma_R^2 = 6.25$

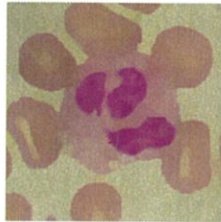


ฅ. ภาพเซลล์เม็ดเลือดขาวที่ถูก
แยกส่วน ด้วยค่าแบนด์วิธ
 $\sigma_S^2 = 29.16, \sigma_R^2 = 6.25$

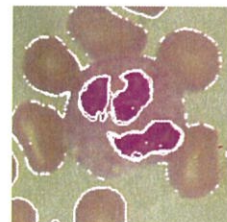
รูปที่ 5.12 ผลการทดลองการแยกส่วนภาพของเซลล์เม็ดเลือดขาวชนิดนิวโทรฟิล (Neutrophil)
ในปริภูมิสี CIE L*a*b* ตัวอย่างที่ 1 (ต่อ)



ก. ภาพต้นฉบับ



ข. ภาพที่ผ่านกระบวนการกรองแบบ
Mean Shift ด้วยค่าแบนด์วิธ
 $\sigma_S^2 = 16.00, \sigma_R^2 = 4.00$



ค. ภาพผลลัพธ์ที่ถูกแยกส่วน
ด้วยค่าแบนด์วิธ
 $\sigma_S^2 = 16.00, \sigma_R^2 = 4.00$



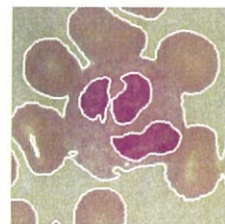
ง. ภาพที่ผ่านกระบวนการกรองแบบ
Mean Shift ด้วยค่าแบนด์วิธ
 $\sigma_S^2 = 282.24, \sigma_R^2 = 2.25$



จ. ภาพผลลัพธ์ที่ถูกแยกส่วน
ด้วยค่าแบนด์วิธ
 $\sigma_S^2 = 282.24, \sigma_R^2 = 2.25$

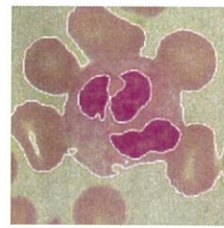


ฉ. ภาพที่ผ่านกระบวนการกรองแบบ
Mean Shift ด้วยค่าแบนด์วิธ
 $\sigma_S^2 = 275.56, \sigma_R^2 = 10.24$



ช. ภาพผลลัพธ์ที่ถูกแยกส่วน
ด้วยค่าแบนด์วิธ
 $\sigma_S^2 = 275.56, \sigma_R^2 = 10.24$

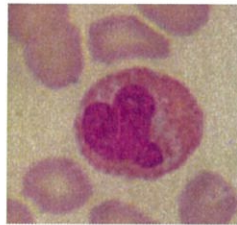
รูปที่ 5.13 ผลการทดลองการแยกส่วนภาพของเซลล์เม็ดเลือดขาวชนิดนิวโทรฟิล (Neutrophil)
ในปริภูมิสี CIE L*a*b* ตัวอย่างที่ 2



ซ. ภาพที่ผ่านกระบวนการแทนค่าสี
ด้วยค่าแบนด์วิธ
 $\sigma_S^2 = 275.56, \sigma_R^2 = 10.24$

ฅ. ภาพเซลล์เม็ดเลือดขาวที่ถูก
แยกส่วน ด้วยค่าแบนด์วิธ
 $\sigma_S^2 = 275.56, \sigma_R^2 = 10.24$

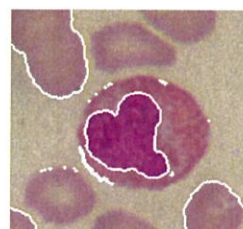
รูปที่ 5.13 ผลการทดลองการแยกส่วนภาพของเซลล์เม็ดเลือดขาวชนิดนิวโทรฟิล (Neutrophil)
ในปริภูมิสี CIE L*a*b* ตัวอย่างที่ 2 (ต่อ)



ก. ภาพต้นฉบับ

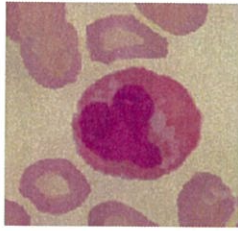


ข. ภาพที่ผ่านกระบวนการกรองแบบ
Mean Shift ด้วยค่าแบนด์วิธ
 $\sigma_S^2 = 84.64, \sigma_R^2 = 12.25$

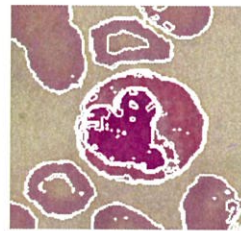


ค. ภาพผลลัพธ์ที่ถูกแยกส่วน
ด้วยค่าแบนด์วิธ
 $\sigma_S^2 = 84.64, \sigma_R^2 = 12.25$

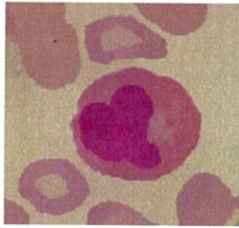
รูปที่ 5.14 ผลการทดลองการแยกส่วนภาพของเซลล์เม็ดเลือดขาวชนิดอีโอซิโนฟิล (Eosinophil)
ในปริภูมิสี CIE L*a*b* ตัวอย่างที่ 1



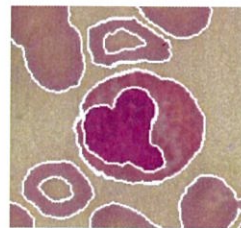
ง. ภาพที่ผ่านกระบวนการกรองแบบ
Mean Shift ด้วยค่าแบนด์วิธ
 $\sigma_S^2 = 25.00, \sigma_R^2 = 2.25$



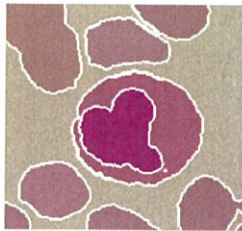
จ. ภาพผลลัพธ์ที่ถูกแยกส่วน
ด้วยค่าแบนด์วิธ
 $\sigma_S^2 = 25.00, \sigma_R^2 = 2.25$



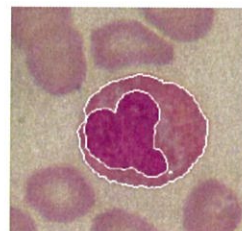
ฉ. ภาพที่ผ่านกระบวนการกรองแบบ
Mean Shift ด้วยค่าแบนด์วิธ
 $\sigma_S^2 = 46.26, \sigma_R^2 = 12.96$



ช. ภาพผลลัพธ์ที่ถูกแยกส่วน
ด้วยค่าแบนด์วิธ
 $\sigma_S^2 = 46.26, \sigma_R^2 = 12.96$

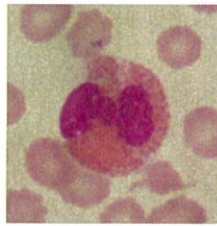


ซ. ภาพที่ผ่านกระบวนการแทนค่าสี
ด้วยค่าแบนด์วิธ
 $\sigma_S^2 = 46.26, \sigma_R^2 = 12.96$

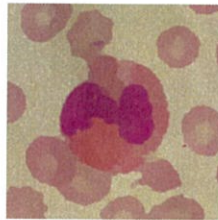


ฅ. ภาพเซลล์เม็ดเลือดขาวที่ถูก
แยกส่วน ด้วยค่าแบนด์วิธ
 $\sigma_S^2 = 46.26, \sigma_R^2 = 12.96$

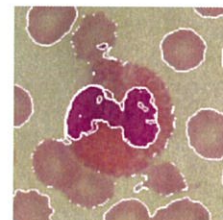
รูปที่ 5.14 ผลการทดลองการแยกส่วนภาพของเซลล์เม็ดเลือดขาวชนิดอีโอซิโนฟิล (Eosinophil)
ในปริภูมิสี CIE L*a*b* ตัวอย่างที่ 1 (ต่อ)



ก. ภาพต้นฉบับ



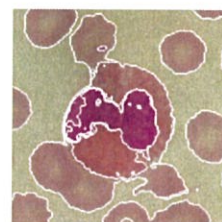
ข. ภาพที่ผ่านกระบวนการกรองแบบ
Mean Shift ด้วยค่าแบนด์วิธ
 $\sigma_S^2 = 38.44, \sigma_R^2 = 5.76$



ค. ภาพผลลัพธ์ที่ถูกแยกส่วน
ด้วยค่าแบนด์วิธ
 $\sigma_S^2 = 38.44, \sigma_R^2 = 5.76$



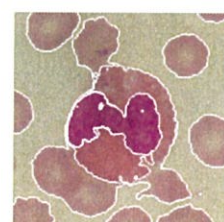
ง. ภาพที่ผ่านกระบวนการกรองแบบ
Mean Shift ด้วยค่าแบนด์วิธ
 $\sigma_S^2 = 144.00, \sigma_R^2 = 4.00$



จ. ภาพผลลัพธ์ที่ถูกแยกส่วน
ด้วยค่าแบนด์วิธ
 $\sigma_S^2 = 144.00, \sigma_R^2 = 4.00$

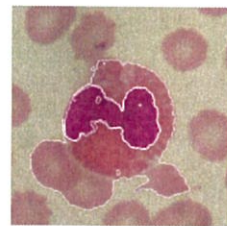
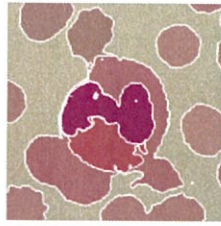


ฉ. ภาพที่ผ่านกระบวนการกรองแบบ
Mean Shift ด้วยค่าแบนด์วิธ
 $\sigma_S^2 = 163.84, \sigma_R^2 = 5.76$



ช. ภาพผลลัพธ์ที่ถูกแยกส่วน
ด้วยค่าแบนด์วิธ
 $\sigma_S^2 = 163.84, \sigma_R^2 = 5.76$

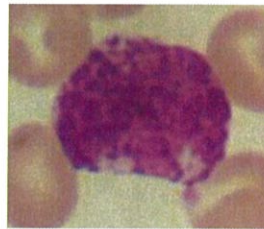
รูปที่ 5.15 ผลการทดลองการแยกส่วนภาพของเซลล์เม็ดเลือดขาวชนิดอีโอซิโนฟิล (Eosinophil) ในปริภูมิสี CIE L*a*b* ตัวอย่างที่ 2



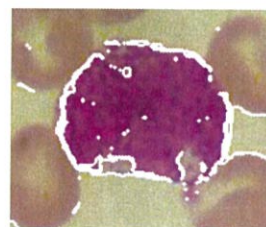
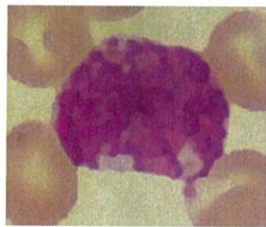
ซ. ภาพที่ผ่านกระบวนการแทนค่าสี
ด้วยค่าแบนด์วิธ
 $\sigma_s^2 = 163.84, \sigma_R^2 = 5.76$

ณ. ภาพเซลล์เม็ดเลือดขาวที่ถูก
แยกส่วน ด้วยค่าแบนด์วิธ
 $\sigma_s^2 = 163.84, \sigma_R^2 = 5.76$

รูปที่ 5.15 ผลการทดลองการแยกส่วนภาพของเซลล์เม็ดเลือดขาวชนิดอีโอซิโนฟิล (Eosinophil)
ในปริภูมิสี CIE L*a*b* ตัวอย่างที่ 2 (ต่อ)



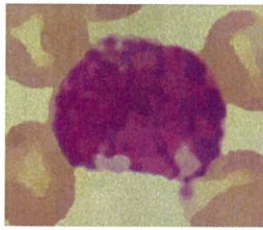
ก. ภาพต้นฉบับ



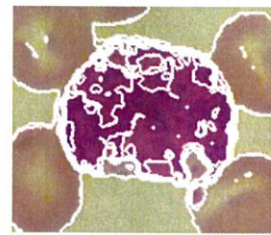
ข. ภาพที่ผ่านกระบวนการกรองแบบ
Mean Shift ด้วยค่าแบนด์วิธ
 $\sigma_s^2 = 4.00, \sigma_R^2 = 11.56$

ค. ภาพผลลัพธ์ที่ถูกแยกส่วน
ด้วยค่าแบนด์วิธ
 $\sigma_s^2 = 4.00, \sigma_R^2 = 11.56$

รูปที่ 5.16 ผลการทดลองการแยกส่วนภาพของเซลล์เม็ดเลือดขาวชนิดเบโซฟิล (Basophil)
ในปริภูมิสี CIE L*a*b* ตัวอย่างที่ 1



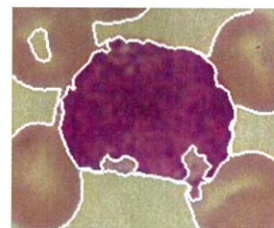
ง. ภาพที่ผ่านกระบวนการกรองแบบ
Mean Shift ด้วยค่าแบนด์วิธ
 $\sigma_S^2 = 17.64, \sigma_R^2 = 4.00$



จ. ภาพผลลัพธ์ที่ถูกแยกส่วน
ด้วยค่าแบนด์วิธ
 $\sigma_S^2 = 17.64, \sigma_R^2 = 4.00$



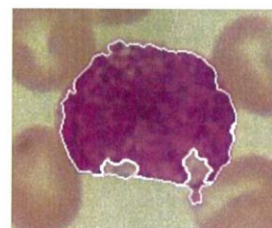
ฉ. ภาพที่ผ่านกระบวนการกรองแบบ
Mean Shift ด้วยค่าแบนด์วิธ
 $\sigma_S^2 = 49.00, \sigma_R^2 = 25.00$



ช. ภาพผลลัพธ์ที่ถูกแยกส่วน
ด้วยค่าแบนด์วิธ
 $\sigma_S^2 = 49.00, \sigma_R^2 = 25.00$

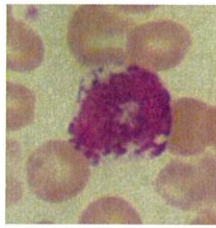


ซ. ภาพที่ผ่านกระบวนการแทนค่าสี
ด้วยค่าแบนด์วิธ
 $\sigma_S^2 = 49.00, \sigma_R^2 = 25.00$

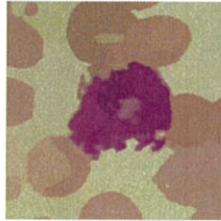


ฅ. ภาพเซลล์เม็ดเลือดขาวที่ถูก
แยกส่วน ด้วยค่าแบนด์วิธ
 $\sigma_S^2 = 49.00, \sigma_R^2 = 25.00$

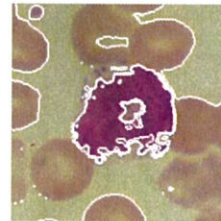
รูปที่ 5.16 ผลการทดลองการแยกส่วนภาพของเซลล์เม็ดเลือดขาวชนิดเบโซฟิล (Basophil) ในปริภูมิสี CIE L*a*b* ตัวอย่างที่ 1 (ต่อ)



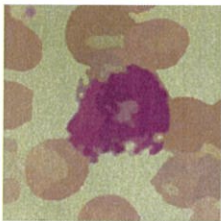
ก. ภาพต้นฉบับ



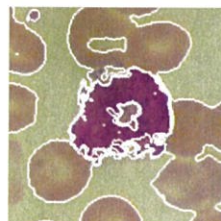
ข. ภาพที่ผ่านกระบวนการกรองแบบ
Mean Shift ด้วยค่าแบนด์วิธ
 $\sigma_S^2 = 161.29, \sigma_R^2 = 5.29$



ค. ภาพผลลัพธ์ที่ถูกแยกส่วน
ด้วยค่าแบนด์วิธ
 $\sigma_S^2 = 161.29, \sigma_R^2 = 5.29$



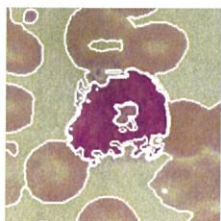
ง. ภาพที่ผ่านกระบวนการกรองแบบ
Mean Shift ด้วยค่าแบนด์วิธ
 $\sigma_S^2 = 70.56, \sigma_R^2 = 4.41$



จ. ภาพผลลัพธ์ที่ถูกแยกส่วน
ด้วยค่าแบนด์วิธ
 $\sigma_S^2 = 70.56, \sigma_R^2 = 4.41$

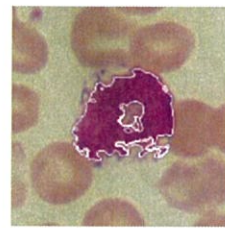
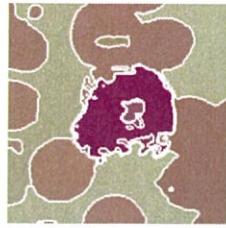


ฉ. ภาพที่ผ่านกระบวนการกรองแบบ
Mean Shift ด้วยค่าแบนด์วิธ
 $\sigma_S^2 = 169.00, \sigma_R^2 = 4.84$



ช. ภาพผลลัพธ์ที่ถูกแยกส่วน
ด้วยค่าแบนด์วิธ
 $\sigma_S^2 = 169.00, \sigma_R^2 = 4.84$

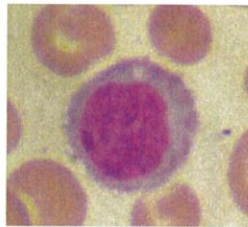
รูปที่ 5.17 ผลการทดลองการแยกส่วนภาพของเซลล์เม็ดเลือดขาวชนิดเบโซฟิล (Basophil) ในปริภูมิสี CIE L*a*b* ตัวอย่างที่ 2



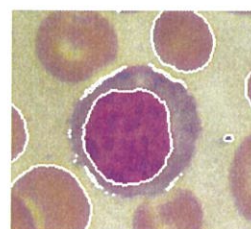
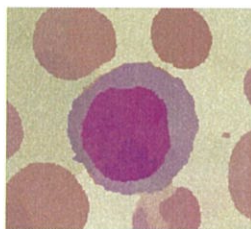
ซ. ภาพที่ผ่านกระบวนการแทนค่าสี
ด้วยค่าแบนด์วิธ
 $\sigma_S^2 = 169.00, \sigma_R^2 = 4.84$

ณ. ภาพเซลล์เม็ดเลือดขาวที่ถูก
แยกส่วน ด้วยค่าแบนด์วิธ
 $\sigma_S^2 = 169.00, \sigma_R^2 = 4.84$

รูปที่ 5.17 ผลการทดลองการแยกส่วนภาพของเซลล์เม็ดเลือดขาวชนิดเบโซฟิล (Basophil)
ในปริภูมิสี CIE L*a*b* ตัวอย่างที่ 2 (ต่อ)



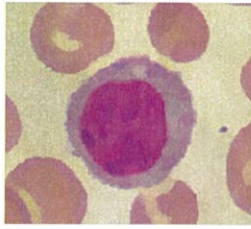
ก. ภาพต้นฉบับ



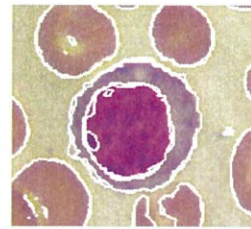
ข. ภาพที่ผ่านกระบวนการกรองแบบ
Mean Shift ด้วยค่าแบนด์วิธ
 $\sigma_S^2 = 73.96, \sigma_R^2 = 20.25$

ค. ภาพผลลัพธ์ที่ถูกแยกส่วน
ด้วยค่าแบนด์วิธ
 $\sigma_S^2 = 73.96, \sigma_R^2 = 20.25$

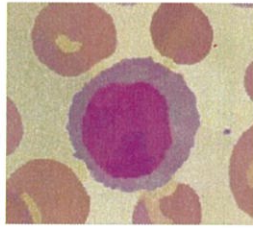
รูปที่ 5.18 ผลการทดลองการแยกส่วนภาพของเซลล์เม็ดเลือดขาวชนิดลิมโฟไซต์ (Lymphocyte)
ในปริภูมิสี CIE L*a*b* ตัวอย่างที่ 1



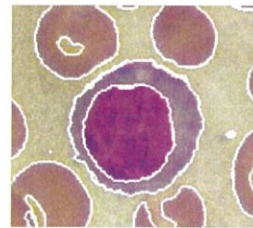
ง. ภาพที่ผ่านกระบวนการกรองแบบ
Mean Shift ด้วยค่าแบนด์วิธ
 $\sigma_S^2 = 13.69, \sigma_R^2 = 4.00$



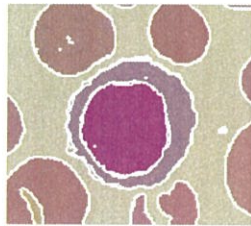
จ. ภาพผลลัพธ์ที่ถูกแยกส่วน
ด้วยค่าแบนด์วิธ
 $\sigma_S^2 = 13.69, \sigma_R^2 = 4.00$



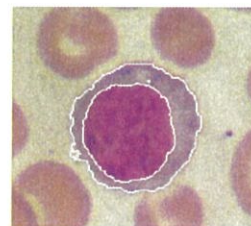
ฉ. ภาพที่ผ่านกระบวนการกรองแบบ
Mean Shift ด้วยค่าแบนด์วิธ
 $\sigma_S^2 = 38.44, \sigma_R^2 = 17.64$



ช. ภาพผลลัพธ์ที่ถูกแยกส่วน
ด้วยค่าแบนด์วิธ
 $\sigma_S^2 = 38.44, \sigma_R^2 = 17.64$

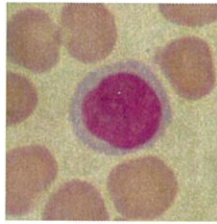


ซ. ภาพที่ผ่านกระบวนการแทนค่าสี
ด้วยค่าแบนด์วิธ
 $\sigma_S^2 = 38.44, \sigma_R^2 = 17.64$

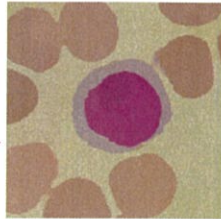


ณ. ภาพเซลล์เม็ดเลือดขาวที่ถูก
แยกส่วน ด้วยค่าแบนด์วิธ
 $\sigma_S^2 = 38.44, \sigma_R^2 = 17.64$

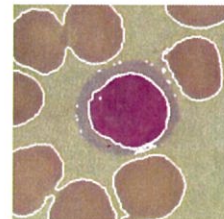
รูปที่ 5.18 ผลการทดลองการแยกส่วนภาพของเซลล์เม็ดเลือดขาวชนิดลิมโฟไซต์ (Lymphocyte)
ในปริภูมิสี CIE L*a*b* ตัวอย่างที่ 1 (ต่อ)



ก. ภาพต้นฉบับ



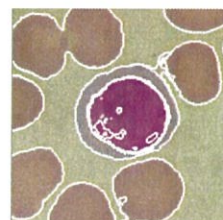
ข. ภาพที่ผ่านกระบวนการกรองแบบ
Mean Shift ด้วยค่าแบนด์วิธ
 $\sigma_S^2 = 106.09, \sigma_R^2 = 6.76$



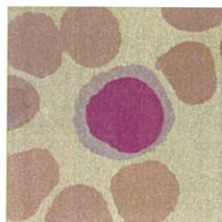
ค. ภาพผลลัพธ์ที่ถูกแยกส่วน
ด้วยค่าแบนด์วิธ
 $\sigma_S^2 = 106.09, \sigma_R^2 = 6.76$



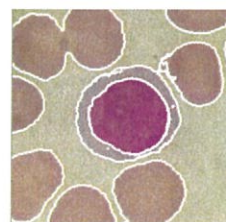
ง. ภาพที่ผ่านกระบวนการกรองแบบ
Mean Shift ด้วยค่าแบนด์วิธ
 $\sigma_S^2 = 190.44, \sigma_R^2 = 2.25$



จ. ภาพผลลัพธ์ที่ถูกแยกส่วน
ด้วยค่าแบนด์วิธ
 $\sigma_S^2 = 190.44, \sigma_R^2 = 2.25$

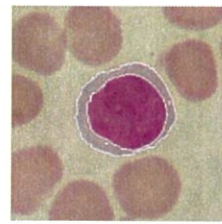
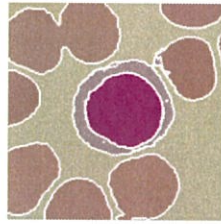


ฉ. ภาพที่ผ่านกระบวนการกรองแบบ
Mean Shift ด้วยค่าแบนด์วิธ
 $\sigma_S^2 = 384.16, \sigma_R^2 = 4.00$



ช. ภาพผลลัพธ์ที่ถูกแยกส่วน
ด้วยค่าแบนด์วิธ
 $\sigma_S^2 = 384.16, \sigma_R^2 = 4.00$

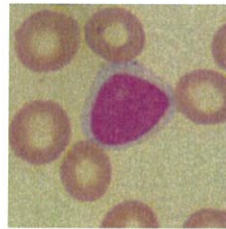
รูปที่ 5.19 ผลการทดลองการแยกส่วนภาพของเซลล์เม็ดเลือดขาวชนิดลิมโฟไซต์ (Lymphocyte) ในปริภูมิสี CIE L*a*b* ตัวอย่างที่ 2



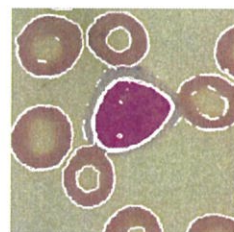
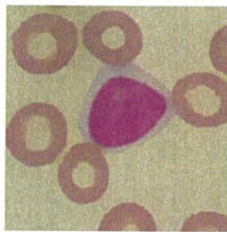
ซ. ภาพที่ผ่านกระบวนการแทนค่าสี
ด้วยค่าแบนด์วิธ
 $\sigma_S^2 = 384.16, \sigma_R^2 = 4.00$

ฅ. ภาพเซลล์เม็ดเลือดขาวที่ถูก
แยกส่วน ด้วยค่าแบนด์วิธ
 $\sigma_S^2 = 384.16, \sigma_R^2 = 4.00$

รูปที่ 5.19 ผลการทดลองการแยกส่วนภาพของเซลล์เม็ดเลือดขาวชนิดลิมโฟไซต์ (Lymphocyte)
ในปริภูมิสี CIE L*a*b* ตัวอย่างที่ 2 (ต่อ)



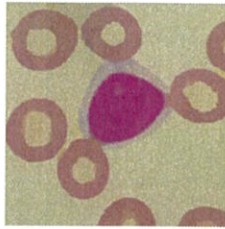
ก. ภาพต้นฉบับ



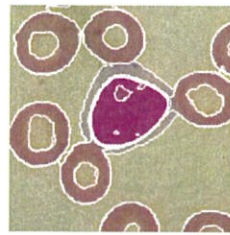
ข. ภาพที่ผ่านกระบวนการกรองแบบ
Mean Shift ด้วยค่าแบนด์วิธ
 $\sigma_S^2 = 16.00, \sigma_R^2 = 3.24$

ค. ภาพผลลัพธ์ที่ถูกแยกส่วน
ด้วยค่าแบนด์วิธ
 $\sigma_S^2 = 16.00, \sigma_R^2 = 3.24$

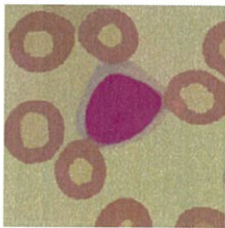
รูปที่ 5.20 ผลการทดลองการแยกส่วนภาพของเซลล์เม็ดเลือดขาวชนิดลิมโฟไซต์ (Lymphocyte)
ในปริภูมิสี CIE L*a*b* ตัวอย่างที่ 3



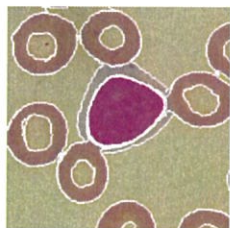
ง. ภาพที่ผ่านกระบวนการกรองแบบ
Mean Shift ด้วยค่าแบนด์วิธ
 $\sigma_S^2 = 36.00, \sigma_R^2 = 2.56$



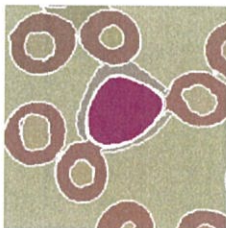
จ. ภาพผลลัพธ์ที่ถูกแยกส่วน
ด้วยค่าแบนด์วิธ
 $\sigma_S^2 = 36.00, \sigma_R^2 = 2.56$



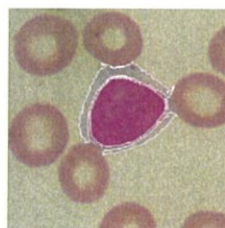
ฉ. ภาพที่ผ่านกระบวนการกรองแบบ
Mean Shift ด้วยค่าแบนด์วิธ
 $\sigma_S^2 = 102.01, \sigma_R^2 = 2.89$



ช. ภาพผลลัพธ์ที่ถูกแยกส่วน
ด้วยค่าแบนด์วิธ
 $\sigma_S^2 = 102.01, \sigma_R^2 = 2.89$

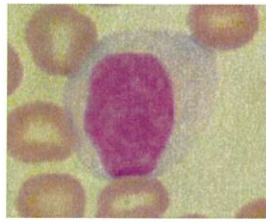


ค. ภาพที่ผ่านกระบวนการกรองแบบ
Mean Shift ด้วยค่าแบนด์วิธ
 $\sigma_S^2 = 102.01, \sigma_R^2 = 2.89$



ฅ. ภาพเซลล์เม็ดเลือดขาวที่ถูก
แยกส่วน ด้วยค่าแบนด์วิธ
 $\sigma_S^2 = 384.16, \sigma_R^2 = 4.00$

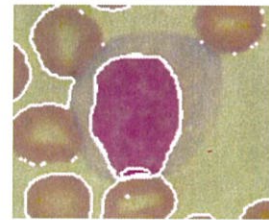
รูปที่ 5.20 ผลการทดลองการแยกส่วนภาพของเซลล์เม็ดเลือดขาวชนิดลิมโฟไซต์ (Lymphocyte)
ในปริภูมิสี CIE L*a*b* ตัวอย่างที่ 3 (ต่อ)



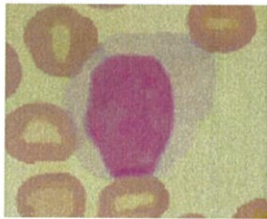
ก. ภาพต้นฉบับ



ข. ภาพที่ผ่านกระบวนการกรองแบบ
Mean Shift ด้วยค่าแบนด์วิธ
 $\sigma_S^2 = 12.96, \sigma_R^2 = 7.84$



ค. ภาพผลลัพธ์ที่ถูกแยกส่วน
ด้วยค่าแบนด์วิธ
 $\sigma_S^2 = 12.96, \sigma_R^2 = 7.84$



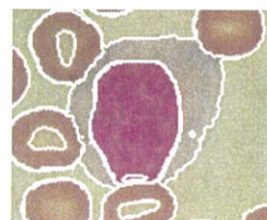
ง. ภาพที่ผ่านกระบวนการกรองแบบ
Mean Shift ด้วยค่าแบนด์วิธ
 $\sigma_S^2 = 31.36, \sigma_R^2 = 1.44$



จ. ภาพผลลัพธ์ที่ถูกแยกส่วน
ด้วยค่าแบนด์วิธ
 $\sigma_S^2 = 31.36, \sigma_R^2 = 1.44$



ฉ. ภาพที่ผ่านกระบวนการกรองแบบ
Mean Shift ด้วยค่าแบนด์วิธ
 $\sigma_S^2 = 166.41, \sigma_R^2 = 2.89$

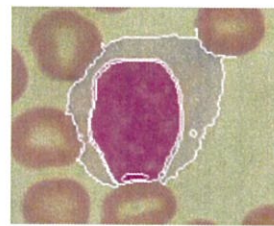


ช. ภาพผลลัพธ์ที่ถูกแยกส่วน
ด้วยค่าแบนด์วิธ
 $\sigma_S^2 = 166.41, \sigma_R^2 = 2.89$

รูปที่ 5.21 ผลการทดลองการแยกส่วนภาพของเซลล์เม็ดเลือดขาวชนิดโมโนไซต์ (Monocyte) ในปริภูมิสี CIE L*a*b* ตัวอย่างที่ 1

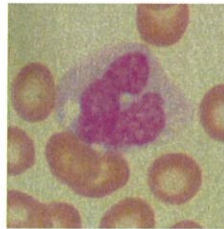


ซ. ภาพที่ผ่านกระบวนการแทนค่าสี
ด้วยค่าแบนด์วิธ
 $\sigma_S^2 = 166.41, \sigma_R^2 = 2.89$



ฅ. ภาพเซลล์เม็ดเลือดขาวที่ถูก
แยกส่วน ด้วยค่าแบนด์วิธ
 $\sigma_S^2 = 166.41, \sigma_R^2 = 2.89$

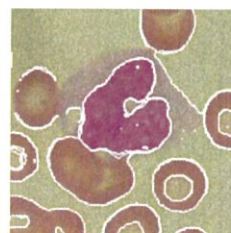
รูปที่ 5.21 ผลการทดลองการแยกส่วนภาพของเซลล์เม็ดเลือดขาวชนิดโมโนไซต์ (Monocyte)
ในปริภูมิสี CIE L*a*b* ตัวอย่างที่ 1 (ต่อ)



ก. ภาพต้นฉบับ

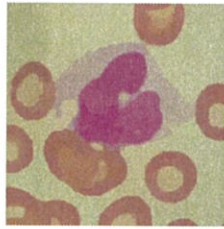


ข. ภาพที่ผ่านกระบวนการกรองแบบ
Mean Shift ด้วยค่าแบนด์วิธ
 $\sigma_S^2 = 368.64, \sigma_R^2 = 2.89$

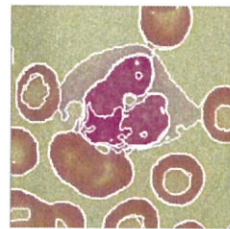


ค. ภาพผลลัพธ์ที่ถูกแยกส่วน
ด้วยค่าแบนด์วิธ
 $\sigma_S^2 = 368.64, \sigma_R^2 = 2.89$

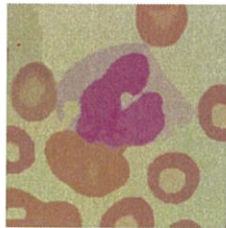
รูปที่ 5.22 ผลการทดลองการแยกส่วนภาพของเซลล์เม็ดเลือดขาวชนิดโมโนไซต์ (Monocyte)
ในปริภูมิสี CIE L*a*b* ตัวอย่างที่ 2



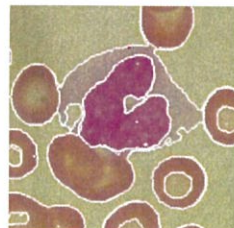
ง. ภาพที่ผ่านกระบวนการกรองแบบ
Mean Shift ด้วยค่าแบนด์วิธ
 $\sigma_s^2 = 100.00, \sigma_R^2 = 2.25$



จ. ภาพผลลัพธ์ที่ถูกแยกส่วน
ด้วยค่าแบนด์วิธ
 $\sigma_s^2 = 100.00, \sigma_R^2 = 2.25$



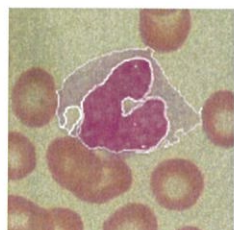
ฉ. ภาพที่ผ่านกระบวนการกรองแบบ
Mean Shift ด้วยค่าแบนด์วิธ
 $\sigma_s^2 = 361.00, \sigma_R^2 = 3.61$



ช. ภาพผลลัพธ์ที่ถูกแยกส่วน
ด้วยค่าแบนด์วิธ
 $\sigma_s^2 = 361.00, \sigma_R^2 = 3.61$



ซ. ภาพที่ผ่านกระบวนการแทนค่าสี
ด้วยค่าแบนด์วิธ
 $\sigma_s^2 = 361.00, \sigma_R^2 = 3.61$



ณ. ภาพเซลล์เม็ดเลือดขาวที่ถูก
แยกส่วน ด้วยค่าแบนด์วิธ
 $\sigma_s^2 = 361.00, \sigma_R^2 = 3.61$

รูปที่ 5.22 ผลการทดลองการแยกส่วนภาพของเซลล์เม็ดเลือดขาวชนิดโมโนไซต์ (Monocyte)
ในปริภูมิสี CIE L*a*b* ตัวอย่างที่ 2 (ต่อ)

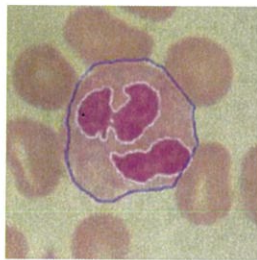
จากผลการทดลองการแยกส่วนภาพเซลล์เม็ดเลือดขาวในปริภูมิสี CIE L*a*b* ที่แสดงในรูปที่ 5.12 - 5.22 ของเซลล์เม็ดเลือดขาวทั้ง 5 ชนิด ได้แก่ นิวโตรฟิล, อีโอซิโนฟิล, เบโซฟิล, ลิมโฟไซต์ และโมโนไซต์ จะเห็นได้ว่าภาพเซลล์เม็ดเลือดขาวสามารถถูกแยกออกเป็นส่วนตัว ทั้งในส่วนของ นิวเคลียส, ไซโทพลาซึม, เซลล์เม็ดเลือดแดง และพื้นหลัง โดยขึ้นอยู่กับค่าเลือกค่า σ_s และ σ_r เช่นเดียวกับการทดลองในปริภูมิสี RGB แต่การแยกส่วนภาพในปริภูมิสี CIE L*a*b* จะมีประสิทธิภาพมากกว่า กล่าวคือ การแยกส่วนภาพเซลล์เม็ดเลือดขาวชนิดนิวโตรฟิลดังแสดงในรูปที่ 5.12 (ณ.),

อีโอซิโนฟิลแสดงในรูปที่ 5.14 (ณ.), ลิมโฟไซต์แสดงในรูปที่ 5.18 (ณ.) – 5.19 (ณ.) และโมนไซต์แสดงในรูปที่ 5.21 (ณ.) - 5.22 (ณ.) จะมีการแยกส่วนระหว่างนิวเคลียสและไซโทพลาซึมค่อนข้างสมบูรณ์ บริเวณที่เคยถูกแยกออกเป็นส่วนมากเกินไป (Over-Segmented Region) ในส่วนของนิวเคลียสและไซโทพลาซึมมีจำนวนลดน้อยลงกว่าการทดลองในปริภูมิสี RGB ถึงแม้ว่าการแยกส่วนระหว่างนิวเคลียสและไซโทพลาซึมของเซลล์เม็ดเลือดขาวชนิดเบโซฟิลแสดงในรูปที่ 5.16 (ณ.) และ 5.17 (ณ.) จะยังไม่ชัดเจนมากนัก แต่ก็เนื่องจากความเป็นแกรนูล (Granularity) นอกจากนี้แม้ว่าภาพเซลล์เม็ดเลือดขาวทั้ง 5 ชนิด จะมีส่วนของเซลล์เม็ดเลือดขาวและเซลล์เม็ดเลือดแดงซ้อนทับกันหรืออยู่ติดกัน ก็ยังสามารถทำการแยกส่วนได้เมื่อเลือกค่า σ_s และ σ_r เหมาะสม ดังแสดงในรูปที่ 5.13 (ณ.), 5.15 (ณ.) และ 5.20 (ณ.) ซึ่งการเลือกค่า σ_s และ σ_r ก็ยังถือเป็นสิ่งสำคัญ เพราะจะเป็นตัวกำหนดประสิทธิภาพของการแยกส่วนภาพ

นอกจากนี้ เมื่อเปรียบเทียบการแยกส่วนภาพเซลล์เม็ดเลือดขาวทั้ง 5 ชนิดในปริภูมิสี RGB และ CIE L*a*b* จะเห็นว่าค่าของ σ_s และ σ_r ที่เหมาะสมในปริภูมิสี CIE L*a*b* จะมีค่าน้อยกว่าค่าของ σ_s และ σ_r ที่เหมาะสมในปริภูมิสี RGB นั้นหมายความว่า เวลาที่ใช้ในการแยกส่วนภาพในปริภูมิสี CIE L*a*b* จะใช้น้อยกว่าในปริภูมิสี RGB ด้วย ซึ่งถือเป็นสิ่งสำคัญในกระบวนการแยกส่วนภาพแบบอัตโนมัติ

5.2 การแยกส่วนภาพเซลล์เม็ดเลือดขาวด้วยวิธีการ Distance Mapping Active Contour

การแยกส่วนภาพเซลล์เม็ดเลือดขาวด้วยวิธีการ Distance Mapping Active Contour ทั้ง 5 ชนิด คือ นิวโตรฟิล, อีโอซิโนฟิล, เบโซฟิล, ลิมโฟไซต์ และโมนไซต์ ถูกแสดงในรูปที่ 5.23 ดังนี้ [12]



ก. นิวโตรฟิล

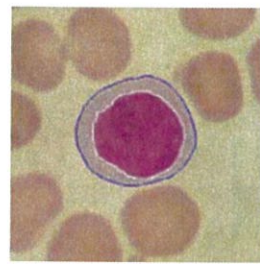


ข. อีโอซิโนฟิล

รูปที่ 5.23 ผลการทดลองการแยกส่วนภาพเซลล์เม็ดเลือดขาวในปริภูมิสี RGB ด้วยวิธีการ Distance Mapping Active Contour



ค. เบโซฟิล



ง. ลิมโฟไซต์ (ตัวอย่างที่ 1)



จ. ลิมโฟไซต์ (ตัวอย่างที่ 2)



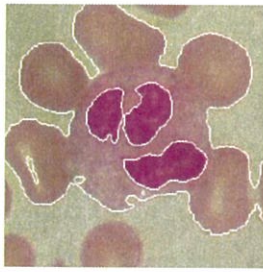
ฉ. โมนอไซต์

รูปที่ 5.23 ผลการทดลองการแยกส่วนภาพเซลล์เม็ดเลือดขาวในปริภูมิสี RGB ด้วยวิธีการ Distance Mapping Active Contour (ต่อ)

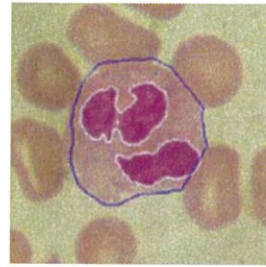
จากผลการทดลองการแยกส่วนภาพเซลล์เม็ดเลือดขาวด้วยวิธีการ Distance Mapping Active Contour ที่แสดงในรูปที่ 5.23 ของเซลล์เม็ดเลือดขาวทั้ง 5 ชนิด ได้แก่ นิวโตรฟิล, อีโอซิโนฟิล, เบโซฟิล, ลิมโฟไซต์ และโมนอไซต์ แสดงให้เห็นว่า การแยกส่วนภาพเซลล์เม็ดเลือดขาวสามารถแยกส่วนของนิวเคลียสและไซโทพลาซึมได้อย่างน่าพอใจ โดยเซลล์เม็ดเลือดขาวชนิดอีโอซิโนฟิลดังแสดงในรูป (ข.) และลิมโฟไซต์ดังแสดงในรูป (ง.) และ (จ.) การแยกส่วนค่อนข้างทำได้สมบูรณ์ ถึงแม้ว่าจะมีพื้นที่ติดอยู่กับเซลล์เม็ดเลือดแดง ส่วนเซลล์เม็ดเลือดขาวชนิดนิวโตรฟิลดังแสดงในรูป (ก.) และโมนอไซต์ดังแสดงในรูป (ฉ.) การแยกส่วนยังไม่สมบูรณ์มากนัก เนื่องจากยังคงแสดงการซ้อนทับบางส่วนระหว่างขอบเขตของไซโทพลาซึมของเซลล์เม็ดเลือดขาวและเซลล์เม็ดเลือดแดง หรือกล่าวอีกนัยหนึ่งว่า ส่วนของ Contour ถูกขยายไปยังบริเวณของพลาสมา (Plasma) และสุดท้ายเซลล์เม็ดเลือดขาวชนิดเบโซฟิลดังแสดงในรูป (ค.) ขอบเขตระหว่างนิวเคลียสและไซโทพลาซึมยังไม่ค่อยชัดเจน เนื่องจากความเป็นเกรนูล (Granularity)

5.3 เปรียบเทียบผลการแยกส่วนภาพเซลล์เม็ดเลือดขาวระหว่างวิธีการ Mean Shift & Region Growing และ Distance Mapping Active Contour

การเปรียบเทียบผลการแยกส่วนภาพเซลล์เม็ดเลือดขาวระหว่างวิธีการ Mean Shift & Region Growing และวิธีการ Distance Mapping Active Contour ของเซลล์เม็ดเลือดขาวทั้ง 5 ชนิด คือนิวโตรฟิล, อีโอซิโนฟิล, เบโซฟิล, ลิมโฟไซต์ และโมนอไซต์ ถูกแสดงในรูปที่ 5.24 – 5.29 ตามลำดับดังนี้

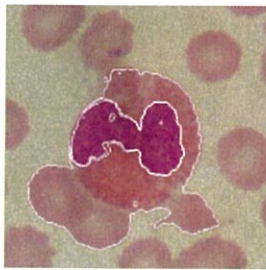


ก. Mean Shift & Region Growing

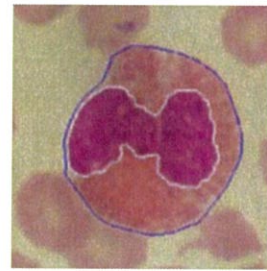


ข. Distance Mapping Active Contour

รูปที่ 5.24 เปรียบเทียบผลการแยกส่วนภาพเซลล์เม็ดเลือดขาวชนิดนิวโทรฟิล (Neutrophil) ระหว่างวิธีการ Mean Shift & Region Growing และวิธีการ Distance Mapping Active Contour

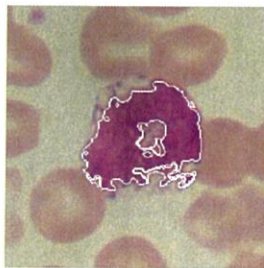


ก. Mean Shift & Region Growing

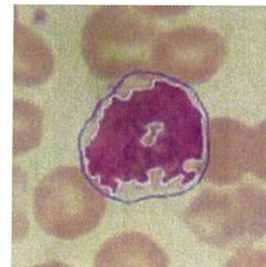


ข. Distance Mapping Active Contour

รูปที่ 5.25 เปรียบเทียบผลการแยกส่วนภาพเซลล์เม็ดเลือดขาวชนิดอีโอซิโนฟิล (Eosinophil) ระหว่างวิธีการ Mean Shift & Region Growing และวิธีการ Distance Mapping Active Contour

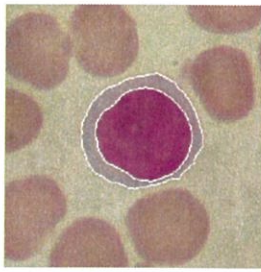


ก. Mean Shift & Region Growing

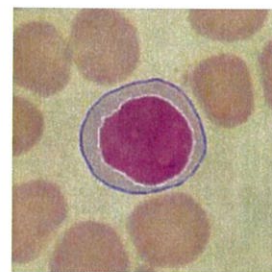


ข. Distance Mapping Active Contour

รูปที่ 5.26 เปรียบเทียบผลการแยกส่วนภาพเซลล์เม็ดเลือดขาวชนิดเบโซฟิล (Basophil) ระหว่างวิธีการ Mean Shift & Region Growing และวิธีการ Distance Mapping Active Contour

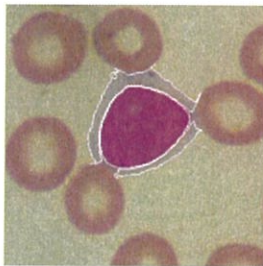


ก. Mean Shift & Region Growing

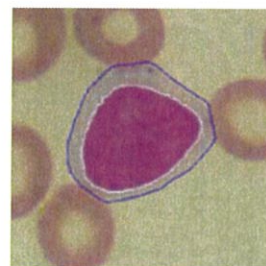


ข. Distance Mapping Active Contour

รูปที่ 5.27 เปรียบเทียบผลการแยกส่วนภาพเซลล์เม็ดเลือดขาวชนิดลิมโฟไซต์ (Lymphocyte) ระหว่างวิธีการ Mean Shift & Region Growing และวิธีการ Distance Mapping Active Contour ตัวอย่างที่ 1



ก. Mean Shift & Region Growing

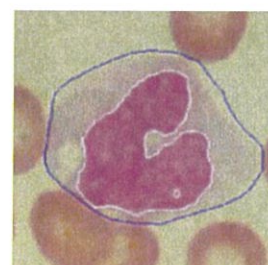


ข. Distance Mapping Active Contour

รูปที่ 5.28 เปรียบเทียบผลการแยกส่วนภาพเซลล์เม็ดเลือดขาวชนิดลิมโฟไซต์ (Lymphocyte) ระหว่างวิธีการ Mean Shift & Region Growing และวิธีการ Distance Mapping Active Contour ตัวอย่างที่ 2



ก. Mean Shift & Region Growing



ข. Distance Mapping Active Contour

รูปที่ 5.29 เปรียบเทียบผลการแยกส่วนภาพเซลล์เม็ดเลือดขาวชนิดโมโนไซต์ (Monocyte) ระหว่างวิธีการ Mean Shift & Region Growing และวิธีการ Distance Mapping Active Contour

จากผลการเปรียบเทียบการแยกส่วนภาพเซลล์เม็ดเลือดขาวระหว่างวิธีการ Mean Shift & Region Growing และวิธีการ Distance Mapping Active Contour ที่แสดงในรูปที่ 5.24 – 5.29 จะเห็นได้ว่า ทั้ง 2 วิธีการสามารถแยกส่วนภาพเซลล์เม็ดเลือดขาวได้อย่างน่าพอใจ กล่าวคือ ภาพเซลล์เม็ดเลือดขาวสามารถถูกแยกส่วนของนิวเคลียสและไซโทพลาซึมได้ โดยข้อดีของการแยกส่วนภาพด้วยวิธีการ Mean Shift & Region Growing คือ สามารถกำหนดขอบเขตของนิวเคลียสและไซโทพลาซึมของเซลล์เม็ดเลือดขาวชนิดลิมโฟไซต์ดังแสดงใน รูปที่ 5.27 (ก.) และ 5.28 (ก.), และโมโนไซต์ดังแสดงในรูปที่ 5.29 (ก.) ได้อย่างแม่นยำ แม้ว่าขอบเขตระหว่างนิวเคลียสและไซโทพลาซึมของเซลล์เม็ดเลือดขาวชนิดเบโซฟิลดังแสดงในรูปที่ 5.26 จะยังไม่ค่อยชัดเจนมากนัก แต่ก็เนื่องจากความเป็นแกรนูล (Granularity) ซึ่งจะเห็นว่าเป็นปัญหาทั้งวิธีการ Mean Shift & Region Growing และวิธีการ Distance Mapping Active Contour ดังแสดงในรูปที่ 5.26 (ก.) และ (ข.) ตามลำดับ ส่วนข้อเสียของวิธีการ Mean Shift & Region Growing คือ ถ้าส่วนของเซลล์เม็ดเลือดขาวและเซลล์เม็ดเลือดแดงซ้อนทับกันหรืออยู่ติดกัน จะไม่สามารถแยกส่วนภาพระหว่างไซโทพลาซึมของเซลล์เม็ดเลือดขาวกับเซลล์เม็ดเลือดแดงได้ ดังแสดงในรูปที่ 5.24 (ก.) และ 5.25 (ก.) เนื่องจากสีของทั้ง 2 บริเวณมีค่าใกล้เคียงกันมาก ซึ่งอาจแก้ปัญหาได้โดยการเพิ่มกระบวนการบางอย่างเข้าไป ยกตัวอย่างเช่น กระบวนการตรวจจับการซ้อนทับของเซลล์ด้วยวิธีง่ายๆ ด้วยการวัดขนาดของผลลัพธ์ของการแยกส่วนภาพ ถ้าขนาดของผลลัพธ์ของการแยกส่วนภาพมีขนาดมากกว่าค่า Threshold ที่ตั้งไว้ แสดงว่ามีการซ้อนทับกันของหลายๆเซลล์ก็ไม่จำเป็นต้องนำภาพนั้นไปประมวลผลต่อในส่วนถัดไป

ส่วนข้อดีของวิธีการ Distance Mapping Active Contour คือ สามารถแยกส่วนภาพของนิวเคลียสและไซโทพลาซึมของเซลล์เม็ดเลือดขาวได้ทั้ง 5 ชนิด แต่ข้อเสียคือ ไม่สามารถกำหนดขอบเขตของไซโทพลาซึมของเซลล์เม็ดเลือดขาวได้อย่างแม่นยำ ดังแสดงในรูปที่ 5.30 และ 5.31 ซึ่งเป็นรูปที่ขยายมาจากรูปที่ 5.24 (ข.) และ 5.29 (ข.) ตามลำดับ



รูปที่ 5.30 การกำหนดขอบเขตไซโทพลาซึมของเซลล์เม็ดเลือดขาวชนิดนิวโทรฟิล (Neutrophil) ด้วยวิธีการ Distance Mapping Active Contour



รูปที่ 5.31 การกำหนดขอบเขตไซโทพลาซึมของเซลล์เม็ดเลือดขาวชนิดโมโนไซต์ (Monocyte) ด้วยวิธีการ Distance Mapping Active Contour

บทที่ 6

สรุปผลและหลักการวิเคราะห์

จากผลการทดลองทั้งหมดที่แสดงให้เห็นในบทที่ 5 จะเห็นได้ว่า การแยกส่วนภาพเซลล์เม็ดเลือดขาวทั้ง 5 ชนิด ได้แก่ นิวโตรฟิล, อีโอซิโนฟิล, เบโซฟิล, ลิมโฟไซต์ และโมโนไซต์ ด้วยวิธีการกรองแบบ Mean Shift และอัลกอริทึม Region Growing สามารถแยกส่วนภาพเซลล์เม็ดเลือดขาวได้อย่างมีประสิทธิภาพ ทั้งในส่วนของนิวเคลียส, ไซโทพลาซึม, เซลล์เม็ดเลือดแดง และพื้นหลัง สัญญาณรบกวนบนรูปภาพต้นฉบับถูกลบออกไปเมื่อนำไปผ่านกระบวนการกรองแบบ Mean Shift โดยที่ความคมชัดของบริเวณขอบของภาพเซลล์ยังคงอยู่ นอกจากนี้ ส่วนของนิวเคลียสและไซโทพลาซึมก็ยังสามารถถูกแยกออกเป็นส่วนได้โดยการใช้กระบวนการแทนค่าสีและอัลกอริทึม Region Growing โดยที่เซลล์เม็ดเลือดขาวชนิดนิวโตรฟิล, อีโอซิโนฟิล, ลิมโฟไซต์ และโมโนไซต์ การคัดแยกส่วนระหว่างนิวเคลียสและไซโทพลาซึมค่อนข้างสมบูรณ์เมื่อเลือกค่าแบนด์วิธ σ_s และ σ_r อย่างเหมาะสม ซึ่งการทดลองในปริภูมิสี CIE L*a*b* จะมีการแยกส่วนภาพที่มีประสิทธิภาพมากกว่าการทดลองในปริภูมิสี RGB ส่วนเซลล์เม็ดเลือดขาวชนิดเบโซฟิล การคัดแยกส่วนระหว่างนิวเคลียสและไซโทพลาซึมยังไม่ค่อยชัดเจนทั้ง 2 ปริภูมิสี เนื่องจากความเป็นเกรนูล (Granularity)

แต่อย่างไรก็ตาม ถ้าส่วนของเซลล์เม็ดเลือดขาวและเซลล์เม็ดเลือดแดงมีการซ้อนทับกันหรืออยู่ติดกัน จะทำให้การแยกส่วนทำได้ยากขึ้น เนื่องจากสีของไซโทพลาซึมของเซลล์เม็ดเลือดขาวและสีของเซลล์เม็ดเลือดแดงค่อนข้างใกล้เคียงกัน ซึ่งอาจแก้ปัญหาได้โดยการเพิ่มกระบวนการบางอย่างเข้าไป ยกตัวอย่างเช่น กระบวนการตรวจจับการซ้อนทับของเซลล์ด้วยวิธีง่ายๆ ด้วยการวัดขนาดของผลลัพธ์ของการแยกส่วนภาพ และเมื่อเปรียบเทียบการแยกส่วนภาพเซลล์เม็ดเลือดขาวทั้ง 5 ชนิด ในปริภูมิสี RGB และ CIE L*a*b* จะเห็นว่าค่าของ σ_s และ σ_r ที่เหมาะสมในปริภูมิสี CIE L*a*b* จะมีค่าน้อยกว่าค่าของ σ_s และ σ_r ที่เหมาะสมในปริภูมิสี RGB นั้นหมายความว่า เวลาที่ใช้ในการแยกส่วนภาพในปริภูมิสี CIE L*a*b* จะใช้น้อยกว่าในปริภูมิสี RGB ด้วย ซึ่งถือเป็นสิ่งสำคัญในกระบวนการแยกส่วนภาพแบบอัตโนมัติ

บรรณานุกรม

- [1] ทนพ. สิงห์คำ ธิมา, “**ใกล้หมอ**”, โครงการพัฒนาสื่อการเรียนการสอนผ่านเครือข่ายอินเทอร์เน็ต สถาบันการพลศึกษา วิทยาเขตชุมพร
- [2] G. Ongun, U. Halici, K. Leblebicioglu, V. Atalay, M. Beksac, S. Beksac, “**Feature Extraction and Classification of Blood Cells for an Automated Differential Blood Count System**”, International Joint Conference on Neural Networks, 2001, vol. 4, pp. 2461-2466, 2001.
- [3] N. Theera-Umpon, “**White Blood Cell Segmentation and Classification in Microscopic Bone Marrow Images**”, Lecture Notes in Computer Science, vol. 3614, pp. 787–796, August 2005.
- [4] ชญานิชรุ์ สิริแสงเลิศ, “**เทคนิคการนับและแยกเซลล์ด้วยวิธี Flow Cytometry**”, กลุ่มวิจัย วิทยาศาสตร์การแพทย์
- [5] J. Cheewatanon, T. Leauhatong, S.Airpaiboon, and M. Sangwarasilp, “**White Blood Cell Segmentation Using Mean Shift Algorithm**”, The 3rd Biomedical Engineering International Conference 2010.
- [6] J. Cheewatanon, T. Leauhatong, S.Airpaiboon, and M. Sangwarasilp, “**A New White Blood Cell Segmentation Using Mean Shift Filter and Region Growing Algorithm**”, International Journal of Applied Biomedical Engineering, Vol. 4, No.1, 2011.
- [7] B.R. Kumar, D.K. Joseph, and T.V. Sreenivas, “**Teager Energy Based Blood Cell Segmentation**”, International Conference on Digital Signal Processing, vol. 2, pp. 619-622, 2002.
- [8] E. Montseny, P. Sobrevilla, and S. Romani, “**A Fuzzy Approach to White Blood Cells Segmentation in Color Bone Marrow Images**”, IEEE Conference on Fuzzy Systems, 2004, vol. 1, pp. 173-178, 2004.
- [9] W. Shitong and W. Min, “**A New detection Algorithm (NDA) Based on Fuzzy Cellular Neural Networks for White Blood Cell Detection**”, IEEE Trans. On Information Technology in Biomedicine, vol. 10, iss. 1, pp. 5-10, 2006.
- [10] F. Zamani and R. Safabakhsh, “**An Unsupervised GVF Snake Approach for White Blood Cell Segmentation Based on Nucleus**”, ICSP, 2006.
- [11] M. Kass, A. Witkin and D. Terzopoulos, “**Snakes: Active Contour Models**”, International Journal of Computer Vision, Vol. 1, No. 4, pp. 321-331, 1988.
- [12] A. Sanpanich, W. Iampa, C. Pintavirooj, and P. Tosranon, “**White Blood Cell Segmentation by Distance Mapping Active Contour**”, International Symposium on Communications and Information Technologies, ISCIT 2008, October 2008.

- [13] D. Barash and D Comaniciu, “A Common Framework for Nonlinear Diffusion, Adaptive Smoothing, Bilateral Filtering, and Mean Shift”, Image and Video Computing, vol. 22, no. 1, pp. 73-81, Jan., 2004.
- [14] 1996 Technical Manual of the American Association of Textile Chemists and Colorists, Volume 71, AATCC Test Method 173-1992: “CMC: Calculation of Small Color Differences for Acceptability”, p315.
- [15] Billmeyer, Jr., F. W. and M. Saltzman, “Principles of Color Technology”, 2nd Edition, Wiley, New York, 1981
- [16] Berger-Schunn, A., “Practical Color Measurement”, Wiley, New York, 1994. Billmeyer, p62.
- [17] 1996 Technical Manual of the AATCC, p316.
- [18] “Recommendations on Uniform Color Spaces, Color Difference Equations, Psychometric Color Terms”, C.I.E. Supplement No. 2 to CIE publication no. 15 (E 131) 1971/(TC-1.3) 1978.
- [19] Yizong Cheng, “Mean Shift, Mode Seeking, and Clustering”, IEEE TRANSACTIONS ON PATTERN ANALYSIS AND MACHINE INTELLIGENCE, Vol. 17, No.8, August 1995.
- [20] D. Comaniciu and P. Meer, “Mean Shift: A Robust Approach Toward Feature Space Analysis”, IEEE TRANSACTIONS ON PATTERN ANALYSIS AND MACHINE INTELLIGENCE, Vol. 24, No. 5, May 2002
- [21] K. Fukunaga, “Introduction to Statistical Pattern Recognition”, seconded. Academic Press, 1990.
- [22] K. Fukunaga and L.D. Hostetler, “The Estimation of the Gradient of a Density Function, with Applications in Pattern Recognition”, IEEE Trans. Information Theory, vol. 21, pp. 32-40, 1975.
- [23] D.P. Bertsekas, “Nonlinear Programming Athena Scientific”, 1995.
- [24] Shilpa Kamdi, R.K.Krishna, “Image Segmentation and Region Growing Algorithm”, International Journal of Computer Technology and Electronics Engineering (IJCTEE), vol. 2, issue 1.
- [25] D. Laurendeau and O. Boulanov, “Shape-Based Contour Interpolation and Extrapolation Using Distance Mapping”, Proceeding of the 18th International Conference on Pattern Recognition (ICPR’ 06), 2006.
- [26] J. Theerapattanakul, J. Plodpai and C. Pintavirooj, “An Efficient Method for Segmentation Step of Automated Blood Cell Classifications”, Proceeding of the 2004 IEEE Region 10th Conference (TENCON 2004), pp. 191-194, Thailand, 2004.

ผลงานที่ได้รับการตีพิมพ์

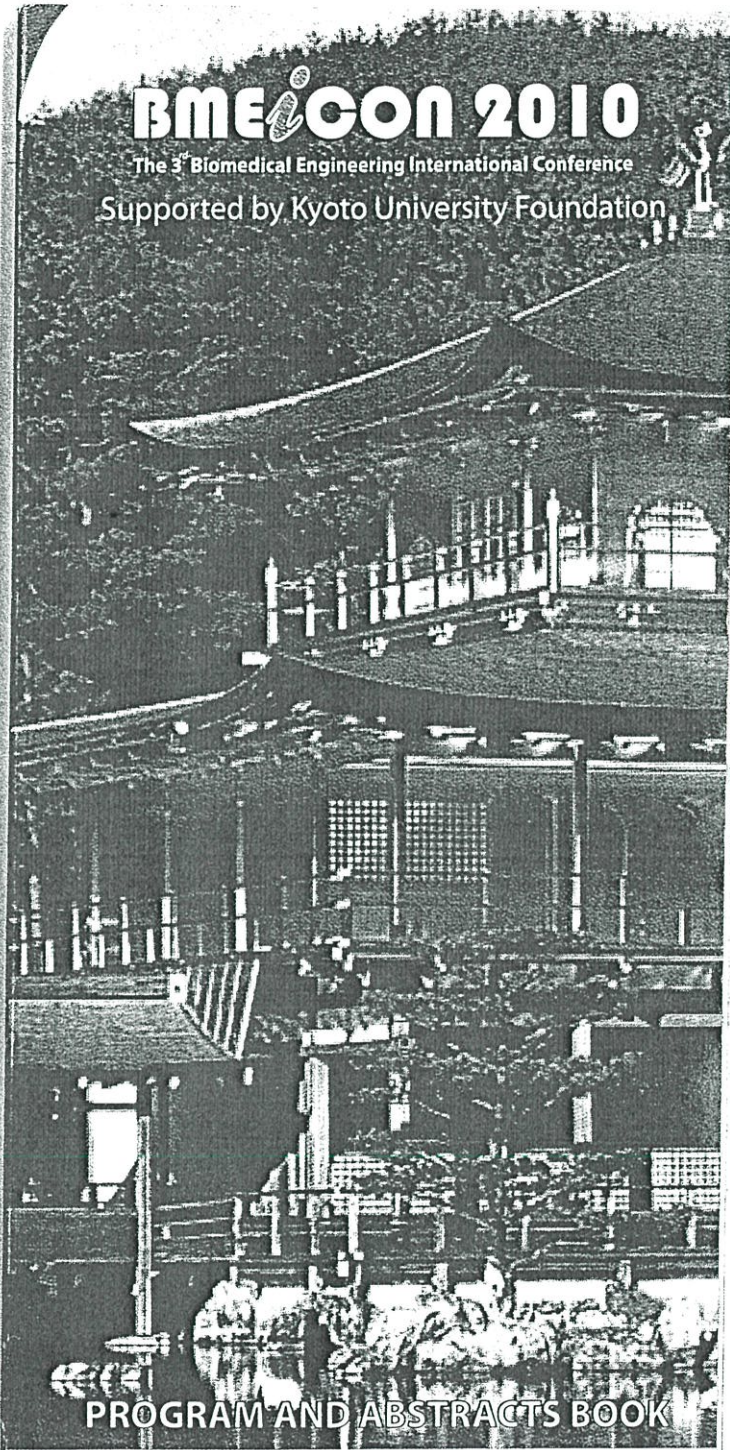
1. J. Cheewatanon, T. Leauhatong, S.Airpaiboon, and M. Sangwarasilp, “**White Blood Cell Segmentation Using Mean Shift Algorithm**”, The 3rd Biomedical Engineering International Conference 2010 (BMEiCON 2010), 27 – 28 August, Kyoto, Japan, 2010.
2. J. Cheewatanon, T. Leauhatong, S.Airpaiboon, and M. Sangwarasilp, “**A New White Blood Cell Segmentation Using Mean Shift Filter and Region Growing Algorithm**”, International Journal of Applied Biomedical Engineering (JICTEE 2011), Vol. 4, No. 1, 21 – 24 December, LuangPrabang, Lao, 2011.

ประวัติผู้เขียน

ชื่อ-นามสกุล	นางสาวจิตราวดี ชีวะตานนท์
วัน เดือน ปีเกิด	1 พฤษภาคม 2526 ชัยภูมิ
ที่อยู่	2345/163 เอสเปซ สุขุมวิท 77 ถ.อ่อนนุช แขวงสวนหลวง เขตสวนหลวง กรุงเทพมหานคร 10250
ประวัติการศึกษา	พ.ศ. 2548 วิศวกรรมศาสตรบัณฑิต สาขาวิชาอิเล็กทรอนิกส์ (เกียรตินิยมอันดับ 2) สถาบันเทคโนโลยีพระจอมเกล้าเจ้าคุณทหารลาดกระบัง
ความชำนาญเฉพาะด้าน	1.) การออกแบบและพัฒนางจรอิเล็กทรอนิกส์ 2.) การออกแบบและพัฒนาระบบไมโครคอนโทรลเลอร์ 3.) พัฒนาโปรแกรมบนโทรศัพท์เคลื่อนที่ (Android, IOS และ Windows) 4.) พัฒนาโปรแกรมประมวลผลภาพบนระบบปฏิบัติการ Windows
ประวัติการทำงาน	
พ.ศ. 2548 - พ.ศ. 2550	พนักงานบริษัท นิคอน (ประเทศไทย) จำกัด
พ.ศ. 2550 - พ.ศ. 2555	พนักงานบริษัท ครีโตะกราฟท์ จำกัด
พ.ศ. 2555 - พ.ศ. 2556	พนักงานบริษัท แอปสเฟียร์ กรุ๊ป จำกัด
พ.ศ. 2556 - ปัจจุบัน	พนักงานบริษัท พายชอर्फท์ จำกัด

BMEiCON 2010

The 3rd Biomedical Engineering International Conference
Supported by Kyoto University Foundation



PROGRAM AND ABSTRACTS BOOK



WHITE BLOOD CELL SEGMENTATION USING MEAN SHIFT ALGORITHM

J. Cheewatanon, T. Leauhatong, S. Airpaiboon, and M. Sangwarasilp

Department of Electronics, Faculty of Engineering, King Mongkut's Institute of Technology Ladkrabang, Thailand

ABSTRACT

The differential counting of white blood cells (WBCs) provides invaluable information to hematologist for diagnosis and treatment of many diseases. However, manually counting the WBCs is a time-consuming and susceptible to error procedure. Then an automatic and efficient system seems necessary and helpful. In the automatic process, the segmentation of WBC image is one of the most important stages. In this paper, we propose a new algorithm to segment the image. The algorithm consists of two tasks. Firstly, the Mean Shift (MS) filter is used to remove noise. Secondly, we propose a simple but effective region growing algorithm to segment the image. The experimental results show the excellent performance.

1. INTRODUCTION

There are three types of cells in normal human blood: red blood cells (RBCs), white blood cells (WBCs) and blood platelets. Generally, RBCs are simple and similar. While WBCs contain nucleus and cytoplasm and can be categorized into five classes: Neutrophil, Eosinophil, Basophil, Monocyte and Lymphocyte. Since the number of WBCs in the blood is often an indicator of some diseases such as leukemia and Acquired immune deficiency syndrome (AIDS), the count of different classes of WBC, named Differential Blood Counting (DBC), plays an important role in the determination of the patient health in different stages: diagnosis, treatment, and follow up [1, 2]. In the traditional process, hematologists analyze human blood by microscope. This manual process is time consuming and susceptible to error procedure. Due to the importance of the DBC, an automatic system seems necessary and helpful.

The automatic DBC system may require four stages: 1) acquisition, 2) detection, 3) feature extraction, and 4) classification. In the first stage, the blood smear is magnified to a suitable scale under the microscope, and then transformed to a digital image. In the second stage, cell segmentation is used to produce a number of single-cell images. Then each single-cell image is segmented into three regions: 1) nucleus, 2) cytoplasm, and 3) background. In the third step, feature vectors of color, texture, and shape of the segmented cell and its nucleus

are extracted. In the last step according to the extracted feature vectors, each WBC is labeled by a classifier.

The most important stage is the cell segmentation because the accuracy of segmentation plays a crucial role in the subsequent stages [3-5]. Unfortunately, the microscopic blood image always has staining reagent and illumination inconsistencies. Besides, the maturity classes of the white blood cells actually represent a continuum, cells frequently overlap each other, and there is fairly wide variation of size and shape of nuclear and cytoplasmic regions within given cell classes. Such difficulties make the WBC segmentation a hard and challenging problem.

There are a number of cell segmentation algorithms available. For example, Shitong and Min introduced a new detection algorithm which combines the advantage of Threshold Segmentation followed by Mathematical Morphology (TSMM) and Fuzzy Cellular Neural Network (FCNN) to detect the WBC [6]. However, to reduce the computational time, the hardware implementation is required. Then it is expensive and inconvenient in some applications. Next, active contour techniques were proposed to extract boundaries of WBC [1, 7, 8]. The active contour based segmentation requires the initial contour of the convex hull of the nucleus boundary which is also the problem of cell segmentation. Then the fully automatic approaches of the active contour based techniques are difficult to implement.

In this paper, we propose a new algorithm to segment a WBC from a color microscopic blood image. The proposed algorithm is based on two assumptions. The first assumption is that **the WBC images can be represented as a set of regions whose observed colors change slowly, but they change abruptly when across the boundary between the regions.** However in the real-world application, the observed colors in a given region can change unexpectedly due to the fact that the images are always contaminated by noise. To solve this problem, the second assumption is proposed. The assumption is based on the fact that, in practical application, the boundaries of the regions are not destroyed by noise. Then the second assumption is that **the size of the abrupt change at the boundary is always bigger than the size of the unexpected change by noise.**

The proposed algorithm is designed as follows. According to the second assumption, the image is filtered by the mean shift (MS) filter which is an effective edge-preserving filter. Barash and Comaniciu showed that the MS filter outperforms other edge-preserving filters including Nonlinear Diffusion and Bilateral filter [9]. The MS filter is an iterative algorithm to detect local mode in

the joint spatial-range domain. It can filter noise while preserve the boundary by choosing a suitable bandwidth of spatial and range part. Next, the filtered image is segmented by using a new region growing algorithm. In this paper, a simple but effective region growing algorithm based on the first assumption is proposed.

The rest of the paper is organized as follows. Section 2 is devoted to the theories of MS filter and the region growing algorithm. The experiments of the proposed algorithm are shown in Section 3. The paper is concluded and the future work is indicated in Section 4.

2. THEORIES

2.1. Mean Shift Filter

Let $\mathbf{X} = \{\mathbf{x}_i\}_{i=1}^n$ be a set of n data points in d -dimensional space, \mathbb{R}^d . The multivariate kernel density estimator with Gaussian kernel and a symmetric positive definite $d \times d$ bandwidth matrix \mathbf{H} , computed at the point \mathbf{x} is given by

$$\hat{f}(\mathbf{x}) = \frac{1}{n|2\pi\mathbf{H}|^{1/2}} \sum_{i=1}^n \exp\left(-\frac{1}{2}d^2(\mathbf{x}, \mathbf{x}_i, \mathbf{H})\right), \quad (1)$$

where

$$d^2(\mathbf{x}, \mathbf{x}_i, \mathbf{H}) \equiv (\mathbf{x} - \mathbf{x}_i)^T \mathbf{H}^{-1} (\mathbf{x} - \mathbf{x}_i), \quad (2)$$

is the Mahalanobis distance from \mathbf{x} to \mathbf{x}_i . By computing the gradient of $\hat{f}(\mathbf{x})$

$$\nabla \hat{f}(\mathbf{x}) = \frac{\mathbf{H}^{-1}}{n|2\pi\mathbf{H}|^{1/2}} \sum_{i=1}^n (\mathbf{x}_i - \mathbf{x}) \times \exp\left(-\frac{1}{2}d^2(\mathbf{x}, \mathbf{x}_i, \mathbf{H})\right) \quad (3)$$

after some algebra we have

$$\mathbf{m}(\mathbf{x}) = \mathbf{H} \frac{\nabla \hat{f}(\mathbf{x})}{\hat{f}(\mathbf{x})}, \quad (4)$$

where

$$\mathbf{m}(\mathbf{x}) = \frac{\sum_{i=1}^n \mathbf{x}_i \exp\left(-\frac{1}{2}d^2(\mathbf{x}, \mathbf{x}_i, \mathbf{H})\right)}{\sum_{i=1}^n \exp\left(-\frac{1}{2}d^2(\mathbf{x}, \mathbf{x}_i, \mathbf{H})\right)} - \mathbf{x}, \quad (5)$$

is the mean shift vector.

Assume now that the data points \mathbf{x}_i are extracted from an input image. Then the vector components of \mathbf{x}_i contain both the spatial lattice information $\mathbf{x}_{si} = (x_i, y_i)^T$ and range information $\mathbf{x}_{ci} = (c_{i1}, c_{i2}, c_{i3})^T$, where c_{i1}, c_{i2} , and c_{i3} are three color components at position (x_i, y_i) . Then $\mathbf{x}_i = (\mathbf{x}_{si}^T, \mathbf{x}_{ci}^T)^T$ is a data point in joint spatial-range domain. We assume that the bandwidth matrix \mathbf{H} is diagonal having the diagonal terms equal to σ_S^2 for the spatial part and σ_R^2 for the range part. Then the Mahalanobis distance in Equ. (2) can be rewritten as:

$$d^2(\mathbf{x}, \mathbf{x}_i, \mathbf{H}) \equiv \frac{\|\mathbf{x}_s - \mathbf{x}_{si}\|^2}{2\sigma_S^2} + \frac{\|\mathbf{x}_r - \mathbf{x}_{ri}\|^2}{2\sigma_R^2}, \quad (6)$$

where

$$\|\mathbf{x}_s - \mathbf{x}_{si}\|^2 \equiv (x - x_i)^2 + (y - y_i)^2. \quad (7)$$

Moreover, the RGB space is selected in this paper, so

$$\|\mathbf{x}_r - \mathbf{x}_{ri}\|^2 \equiv (r - r_i)^2 + (g - g_i)^2 + (b - b_i)^2. \quad (8)$$

Table 1. The MS Filter Algorithm

- | |
|-------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------|
| <ol style="list-style-type: none"> 1. Set $t = 0$, and initial the error ε. 2. Set $\mathbf{y}_i^0 = \mathbf{x}_i$ for $i = 1, \dots, n$. 3. Calculate the convergent value \mathbf{y}'_i for $i = 1, \dots, n$ by <ol style="list-style-type: none"> 3.1 Update $\mathbf{y}_i^{t+1} = \frac{\sum_{i=1}^n \mathbf{x}_i \exp\left(-\frac{1}{2}d^2(\mathbf{y}'_i, \mathbf{x}_i, \mathbf{H})\right)}{\sum_{i=1}^n \exp\left(-\frac{1}{2}d^2(\mathbf{y}'_i, \mathbf{x}_i, \mathbf{H})\right)}.$ 3.2 If $d^2(\mathbf{y}'_i, \mathbf{y}_i^{t+1}, \mathbf{H}) > \varepsilon$ go to step 3.1 4. Set $\mathbf{z}_i = (\mathbf{x}_{si}^T, \mathbf{y}'_{ri})^T$, where \mathbf{y}'_{ri} is the range part of the convergent value \mathbf{y}'_i. |
|-------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------|

The MS filter is an iterative algorithm for local mode detection in the joint spatial-range domain, and can be formulated as follows. Let $\mathbf{Y} = \{\mathbf{y}_i\}_{i=1}^n$ and $\mathbf{Z} = \{\mathbf{z}_i\}_{i=1}^n$ be a set of data points in joint spatial-range domain of the processed data and the result filtered image respectively. The MS filter is formulated as shown in Table 1., and can be explained as follows. Each data point \mathbf{y}_i is initialized at \mathbf{x}_i , and, during calculating the

convergent in step 3.1 and 3.2, \mathbf{y}_i moves iteratively along the gradient direction in both spatial and range domain. Finally, it converges to the nearest local mode in the joint spatial-range domain. Finally, the colors of the filtered image are set to the colors of the nearest local mode in spatial-range domain. The advantage of the MS filter is that the image structure does not change during iterations [8]. Then the MS filter will achieve better image structure preservation.

The MS filter can remove noise while preserving edges or boundaries of the local structure by choosing the suitable values of σ_S^2 , and σ_R^2 .

2.2. Region Growing Algorithm

Given a data point of the filtered image, $\mathbf{z} = ((x, y)^T, \mathbf{y}_r'^T)$, its four neighbors are defined as follows:

$$\begin{aligned} \mathbf{z}_0 &= ((x-1, y)^T, \mathbf{y}_{r0}'^T), \\ \mathbf{z}_1 &= ((x+1, y)^T, \mathbf{y}_{r1}'^T), \\ \mathbf{z}_2 &= ((x, y-1)^T, \mathbf{y}_{r2}'^T), \\ \mathbf{z}_3 &= ((x, y+1)^T, \mathbf{y}_{r3}'^T). \end{aligned} \quad (9)$$

On the other hand, \mathbf{z} is called the center of its neighbors.

Table 2. The Schematic of RegionGrow ($\mathbf{z}, \mathbf{z}_i, Idx$)

1. If $\|\mathbf{y}_r'^T - \mathbf{y}_{ri}'^T\|^2 > \sigma_R^2$, then return.
2. If \mathbf{z}_i is not labeled as 0, then return.
3. Label \mathbf{z}_i as Idx .
4. Recursively call
RegionGrow($\mathbf{z}_i, \mathbf{z}_{i0}, Idx$),
RegionGrow($\mathbf{z}_i, \mathbf{z}_{i1}, Idx$),
RegionGrow($\mathbf{z}_i, \mathbf{z}_{i2}, Idx$), and
RegionGrow($\mathbf{z}_i, \mathbf{z}_{i3}, Idx$).
5. Return.

Let $L = \{1, 2, \dots\}$ be a set of labels of regions, and the unlabeled regions is labeled as 0. According to the first assumption, the Region growing algorithm is designed as follows. Given a data point \mathbf{z} , which is labeled as $Idx (Idx \in L)$, its neighbors are also labeled as Idx , if $\|\mathbf{y}_r'^T - \mathbf{y}_{ri}'^T\|^2 \leq \sigma_R^2$. A recursive growing function, called **RegionGrow**($\mathbf{z}, \mathbf{z}_i, Idx$), is defined as shown in Table 2.

Moreover, the main program of the Region growing algorithm is defined as shown in Table 3.

Table 3. The Main Program

1. Label all data points as 0.
2. Set $Idx = 1$.
3. Search an unlabeled \mathbf{z} from the filtered image.
4. Label \mathbf{z} as Idx .
6. Call RegionGrow($\mathbf{z}, \mathbf{z}, Idx$)
5. Set $Idx = Idx + 1$.
6. If the unlabeled data points still exist, then go to step 3.

3. EXPERIMENTS

The experiments of mean shift filter and the segmentation by using the proposed region growing algorithm of Basophil, Eosinophil, Lymphocyte, Monocyte, and Neutrophil are shown in Fig. 1-5 respectively. The MS filtered image with $\sigma_S^2 = 9, \sigma_R^2 = 100$ and its segmented image are shown in Fig. (b) and (c) respectively. Moreover, the MS filtered image with $\sigma_S^2 = 25, \sigma_R^2 = 100$ and its segmented image are shown in Fig. (d) and (e) respectively.

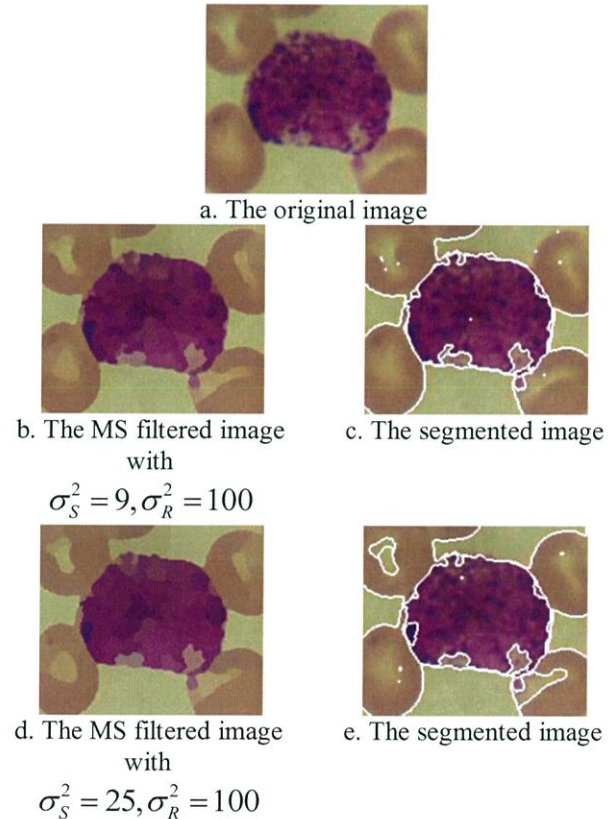


Fig. 1. The Segmentation Experiments of Basophil.

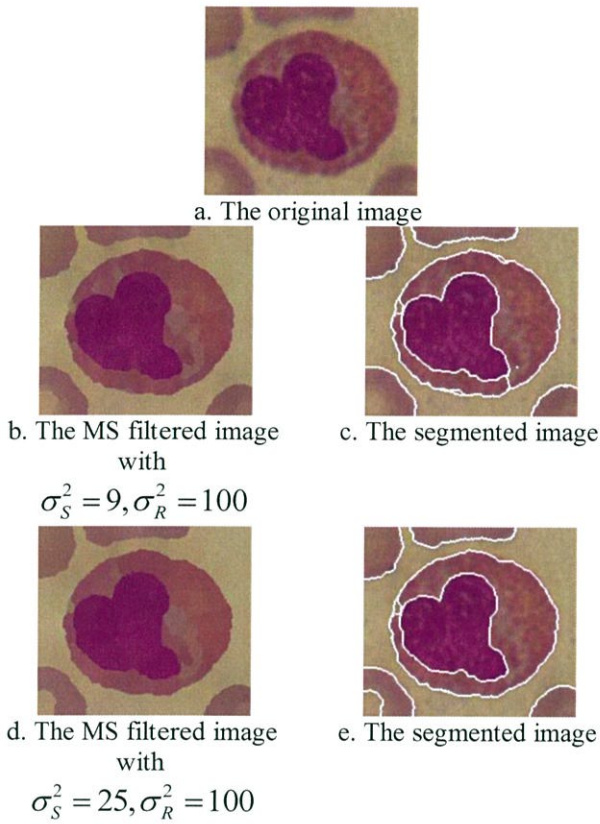


Fig. 2. The Segmentation Experiments of Eosinophil.

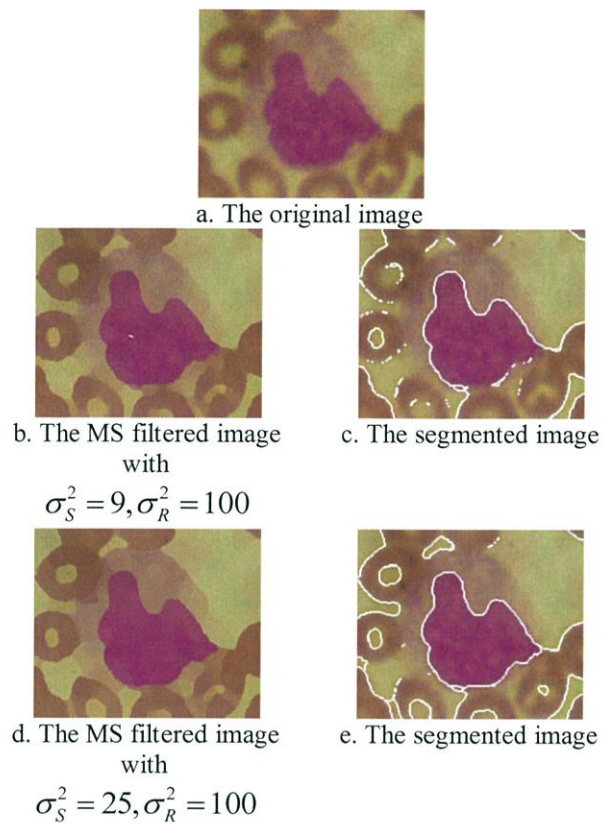


Fig. 4. The Segmentation Experiments of Monocyte.

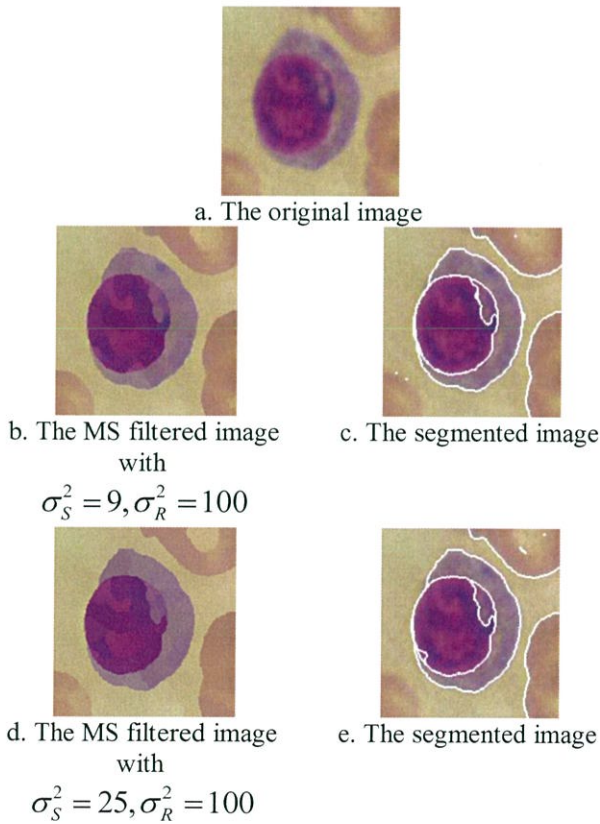


Fig. 3. The Segmentation Experiments of Lymphocyte.

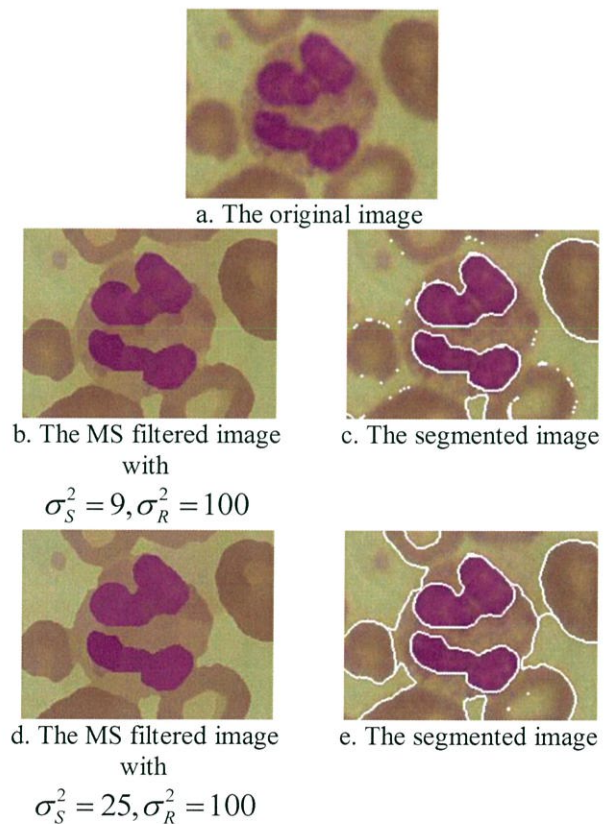


Fig. 5. The Segmentation Experiments of Neutrophil.

As shown in Fig. 1-3. Basophil, Eosinophil, and Lymphocyte can be segmented effectively. It can be seen from the filtered images that noise can be removed, while edges can be preserved effectively. Also, the sharpness at the boundaries is higher than the original image. Next, the proposed region growing algorithm can segment the nucleuses and cytoplasm of the Basophil, Eosinophil, and Lymphocyte effectively. Finally, it can be seen that the different selection of the bandwidths provides slightly different segmented images.

It can be seen from Fig. 4 and 5 that the proposed region growing algorithm can segment the nucleuses of Monocyte and Neutrophil successfully, but cannot segment the cytoplasm region

4. CONCLUSIONS AND FUTURE WORKS

The experimental results show that the MS filter can successfully remove noise from the WBC images while preserving the edges. Moreover, the sharpness of the boundaries of the filtered image is enhanced. In cases of Basophil, Eosinophil, and Lymphocyte, the nucleuses and cytoplasm of the WBC can be segmented effectively. The different selection of the bandwidth provides the slightly different segmented images. On the other hand in cases of Monocyte and Neutrophil, the nucleuses can be segmented successfully, but the cytoplasm cannot. The reason is that the color of their cytoplasm is similar to the plasma region. Then the selected bandwidths may be not suitable to segment the Monocyte and Neutrophil.

In the future works, an automatic method of selecting the suitable bandwidth must be developed.

5. REFERENCES

- [1] G. Ongun, U. Halici, K. Leblebicioglu, V. Atalay, M. Beksac, S. Beksac, "Feature Extraction and Classification of Blood Cells for an Automated Differential Blood Count System," *International Joint Conference on Neural Networks, 2001*, vol. 4, pp. 2461-2466, 2001.

- [2] N. Theera-Umpon, "White Blood Cell Segmentation and Classification in Microscopic Bone Marrow Images." *Lecture Notes in Computer Science*, vol. 3614, pp. 787-796, August 2005. G. Ongun, U. Halici, K. Leblebicioglu, V. Atalay, M. Beksac, S. Beksac, "Feature Extraction and Classification of Blood Cells for an Automated Differential Blood Count System," *International Joint Conference on Neural Networks, 2001*, vol. 4, pp. 2461-2466, 2001.

- [3] N. Theera-Umpon, "White Blood Cell Segmentation and Classification in Microscopic Bone Marrow Images." *Lecture Notes in Computer Science*, vol. 3614, pp. 787-796, August 2005.

- [4] B.R. Kumar, D.K. Joseph, and T.V. Sreenivas, "Teager Energy Based Blood Cell Segmentation," *International Conference on Digital Signal Processing*, vol. 2, pp. 619-622, 2002.

- [5] E. Montseny, P. Sobrevilla, and S. Romani, "A Fuzzy Approach to White Blood Cells Segmentation in Color Bone Marrow Images," *IEEE Conference on Fuzzy Systems, 2004*, vol. 1, pp. 173-178, 2004.

- [6] W. Shitong and W. Min. "A New detection Algorithm (NDA) Based on Fuzzy Cellular Neural Networks for White Blood Cell Detection," *IEEE Trans. on Information Technology in Biomedicine*, vol. 10, iss. 1, pp. 5-10, 2006.

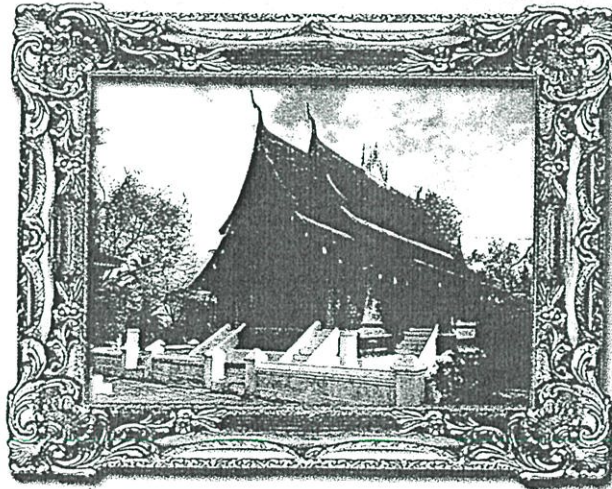
- [7] F. Zamani and R. Safabakhsh, "An Unsupervised GVF Snake Approach for White Blood Cell Segmentation Based on Nucleus," ICSP, 2006.

- [8] A. Sanpanich, W. Iampa, C. Pintavirooj, and P. Tosranon, "White Blood Cell Segmentation by Distance Mapping Active Contour", *International Symposium on Communications and Information Technologies, ISCIT 2008*, October 2008.

- [9] D. Barash and D Comaniciu, "A Common Framework for Nonlinear Diffusion, Adaptive Smoothing, Bilateral Filtering, and Mean Shift," *Image and Video Computing*, vol. 22, no. 1, pp. 73-81, Jan., 2004.

JICTEE
2010

Programs and Abstracts



Joint International Conference on
Information & Communication Technology,
Electronic and Electrical Engineering
JICTEE 2010

LuangPrabang, Lao PDR. 21-24 December, 2010



A NEW WHITE BLOOD CELL SEGMENTATION USING MEAN SHIFT FILTER AND REGION GROWING ALGORITHM

J. Cheewatanon*, T. Leauhatong*, S. Airpaiboon*, and M. Sangwarasilp*,

ABSTRACT

The differential counting of white blood cells (WBCs) provides invaluable information to hematologist for diagnosis and treatment of many diseases. However, manually counting the WBCs is a time-consuming and susceptible to error procedure. Then an automatic and efficient system seems necessary and helpful. In the automatic process, the segmentation of WBC image is one of the most important stages. In this paper, we propose a new algorithm to segment the image. The algorithm consists of two tasks. Firstly, the Mean Shift (MS) filter is used to remove noise. Secondly, we propose a simple but effective region growing algorithm to segment the image. The proposed algorithm was tested in RGB color space and CIE $L^*a^*b^*$ color space, and the experimental results show the excellent performance in both color spaces.

1. INTRODUCTION

There are three types of cells in normal human blood: red blood cells (RBCs), white blood cells (WBCs) and blood platelets. Generally, RBCs are simple and similar. While WBCs contain nucleus and cytoplasm and can be categorized into five classes: Neutrophil, Eosinophil, Basophil, Monocyte and Lymphocyte. Since the number of WBCs in the blood is often an indicator of some diseases such as leukemia and Acquired immune deficiency syndrome (AIDS), the count of different classes of WBC, named Differential Blood Counting (DBC), plays an important role in the determination of the patient health in different stages: diagnosis, treatment, and follow up [1, 2]. In the traditional process, hematologists analyze human blood by microscope. This manual process is time consuming and susceptible to error procedure. Due to the importance of the DBC, an automatic system seems necessary and helpful. The automatic DBC system may require four stages: 1) acquisition, 2) detection, 3) feature extraction, and 4) classification. In the first stage, the blood smear is magnified to a suitable scale under the microscope,

and then transformed to a digital image. In the second stage, cell segmentation is used to produce a number of single-cell images. Then each single-cell image is segmented into three regions: 1) nucleus, 2) cytoplasm, and 3) background. In the third step, feature vectors of color, texture, and shape of the segmented cell and its nucleus are extracted. In the last step according to the extracted feature vectors, each WBC is labeled by a classifier. The most important stage is the cell segmentation because the accuracy of segmentation plays a crucial role in the subsequent stages [3-5]. Unfortunately, the microscopic blood image always has staining reagent and illumination inconsistencies. Besides, the maturity classes of the white blood cells actually represent a continuum, cells frequently overlap each other, and there is fairly wide variation of size and shape of nuclear and cytoplasmic regions within given cell classes. Such difficulties make the WBC segmentation a hard and challenging problem. There are a number of cell segmentation algorithms available. For example, Shitong and Min introduced a new detection algorithm which combines the advantage of Threshold Segmentation followed by Mathematical Morphology (TSMM) and Fuzzy Cellular Neural Network (FCNN) to detect the WBC [6]. However, to reduce the computational time, the hardware implementation is required. Then it is expensive and inconvenient in some applications. Next, active contour techniques were proposed to extract boundaries of WBC [1, 7, 8]. The active contour based segmentation requires the initial contour of the convex hull of the nucleus boundary which is also the problem of cell segmentation. Then the fully automatic approaches of the active contour based techniques are difficult to implement. In this paper, we propose a new algorithm to segment a WBC from a color microscopic blood image. The proposed algorithm is based on two assumptions. The first assumption is that the WBC images can be represented as a set of regions whose observed colors change slowly, but they change abruptly when across the boundary between the regions. However in the real-world application, the observed colors in a given region can change unexpectedly due to the fact that the images are always contaminated by noise. To solve this problem, the second assumption is proposed. The assumption is

Manuscript received on April 5, 2011.,

Department of Electronics, Faculty of Engineering, King Mongkuts Institute of Technology Ladkrabang, Thailand

based on the fact that, in practical application, the boundaries of the regions are not destroyed by noise. Then the second assumption is that the size of the abrupt change at the boundary is always bigger than the size of the unexpected change by noise. The proposed algorithm is designed as follows. According to the second assumption, the image is filtered by the mean shift (MS) filter which is an effective edge-preserving filter. Barash and Comaniciu showed that the MS filter outperforms other edge-preserving filters including Nonlinear Diffusion and Bilateral filter [9]. The MS filter is an iterative algorithm to detect local mode in the joint spatial-range domain. It can filter noise while preserve the boundary by choosing a suitable bandwidth of spatial and range part. Next, the filtered image is segmented by using a new region growing algorithm. In this paper, a simple but effective region growing algorithm based on the first assumption is proposed. Furthermore, the proposed algorithm was tested in RGB color space and CIE L*a*b* color space. The rest of the paper is organized as follows. Section 2 is devoted to the theories of CIE L*a*b* color space, MS filter, and the region growing algorithm. The experiments of the proposed algorithm are shown in Section 3. The paper is concluded and the future work is indicated in Section 4.

2. THEORIES

2.1 CIE L*a*b* Color Space

The RGB color space can be transformed to the CIE L*a*b* color space [10] as follows:

$$\begin{bmatrix} X \\ Y \\ Z \end{bmatrix} = \frac{100}{255} \times \begin{bmatrix} 0.41253 & 0.357580 & 0.180423 \\ 0.212671 & 0.715160 & 0.072169 \\ 0.019334 & 0.119193 & 0.950227 \end{bmatrix} \times \begin{bmatrix} R \\ G \\ B \end{bmatrix} \quad (1)$$

$$L^* = 116f\left(\frac{Y}{Y_0}\right) - 16,$$

$$a^* = 500 \left[f\left(\frac{X}{X_0}\right) - f\left(\frac{Y}{Y_0}\right) \right],$$

$$b^* = 200 \left[f\left(\frac{Y}{Y_0}\right) - f\left(\frac{Z}{Z_0}\right) \right], \quad (2)$$

where $R, G, B \in [0, 255]$. X_0, Y_0 and Z_0 are the tristimulus values of the reference white. In real applications of the WBC, information of reference whites of images in database can not be available, and the CIE day-light illuminant D65 is commonly used in digital cameras. Therefore, we set $X_0 = 95.047$, $Y_0 = 100$ and $Z_0 = 108.883$ [10]. The function $f(q)$ is defined by:

$$f(q) = \begin{cases} \sqrt[3]{q}, & (q > 0.008856) \\ 7.787q, & (q < 0.008856) \end{cases}$$

2.2 Mean Shift Filter

Let $X = \{x_i\}_{i=1}^n$ be a set of n data points in d -dimensional space, R^d . The multivariate kernel density estimator with Gaussian kernel and a symmetric positive definite $d \times d$ bandwidth matrix H , computed at the point x is given by

$$\hat{f}(x) = \frac{1}{n |2\pi H|^{\frac{1}{2}}} \sum_{i=1}^n \exp\left(-\frac{1}{2}d^2(x, x_i, H)\right) \quad (3)$$

where

$$d^2(x, x_i, H) \equiv (x - x_i)^T H^{-1} (x - x_i), \quad (4)$$

is the Mahalanobis distance from x to x_i . By computing the gradient of $\hat{f}(x)$

$$\nabla \hat{f}(x) = \frac{H^{-1}}{n |2\pi H|^{\frac{1}{2}}} \sum_{i=1}^n (x_i - x) \times$$

$$\exp\left(-\frac{1}{2}d^2(x, x_i, H)\right) \quad (5)$$

after some algebra we have

$$m(x) = H \frac{\nabla \hat{f}(x)}{\hat{f}(x)}, \quad (6)$$

where

$$m(x) = \frac{\sum_{i=1}^n x_i \exp\left(-\frac{1}{2}d^2(x, x_i, H)\right)}{\sum_{i=1}^n \exp\left(-\frac{1}{2}d^2(x, x_i, H)\right)} - x, \quad (7)$$

is the mean shift vector.

Assume now that the data points x_i are extracted from an input image. Then the vector components of x_i contain both the spatial lattice information $x_{si} = (x_i, y_i)^T$ and range information $x_{ci} = (c_{i1}, c_{i2}, c_{i3})^T$ where c_{i1}, c_{i2} and c_{i3} are three color components at position (x_i, y_i) . Then $x_i = (x_{si}^T, x_{ri}^T)^T$ is a data point in joint spatial-range domain. We assume that the bandwidth matrix H is diagonal having the diagonal terms equal to σ_S^2 for the spatial part and σ_R^2 for the range part. Then the Mahalanobis distance in Equ. (4) can be rewritten as:

$$d^2(x, x_i, H) \equiv \frac{\|x_s - x_{si}\|^2}{2\sigma_S^2} + \frac{\|x_r - x_{ri}\|^2}{2\sigma_R^2} \quad (8)$$

where

$$\|x_s - x_{si}\|^2 \equiv (x - x_i)^2 + (y - y_i)^2 \quad (9)$$

Moreover, the color distance in the RGB space is defined as,

$$\|x_r - x_{ri}\|^2 \equiv (r - r_i)^2 + (g - g_i)^2 + (b - b_i)^2 \quad (10)$$

and the color distance in the CIE L*a*b* space is defined as,

Table 1: The MS Filter Algorithm

1.	Set $t=0$, and initial the error ε
2.	Set $y_i^0 = x_i$ for $i = 1, \dots, n$.
3.	Calculate the convergent value y_i' for $i = 1, \dots, n$, by
3.1	Update
	$y_i^{t+1} = \frac{\sum_{i=1}^n x_i \exp\left(-\frac{1}{2}d^2(y_i^t, x_i, H)\right)}{\sum_{i=1}^n \exp\left(-\frac{1}{2}d^2(y_i^t, x_i, H)\right)}$
3.2	if $d^2(y_i^t, y_i^{t+1}, H) > \varepsilon$ go to step 3.1
4.	Set $z_i = (x_{si}^T, y_{ri}^T)$, where y_{ri}' is the range part of the convergent value y_i' .

Table 2: The Schematic of RegionGrow (z, z_i, Idx)

1.	If $\left\ \begin{matrix} y_r^T - y_{ri}^T \\ y_r - y_{ri} \end{matrix} \right\ > \sigma_R^2$ then return.
2.	If z_i is not labeled as 0, then return
3.	Label z_i as Idx
4.	Recursively call RegionGrow(z_i, z_{i0}, Idx), RegionGrow(z_i, z_{i1}, Idx), RegionGrow(z_i, z_{i2}, Idx) and RegionGrow(z_i, z_{i3}, Idx),
5.	Return

$$\|x_r - x_{ri}\|^2 \equiv (L^* - L_i^*)^2 + (a^* - a_i^*)^2 + (b^* - b_i^*)^2 \quad (11)$$

The MS filter is an iterative algorithm for local mode detection in the joint spatial-range domain, and can be formulated as follows. Let $Y = \{y_i\}_{i=1}^n$ and $Z = \{z_i\}_{i=1}^n$ be a set of data points in joint spatial-range domain of the processed data and the result filtered image respectively. The MS filter is formulated as shown in Table 1., and can be explained as follows. Each data point y_i is initialized at x_i and, during calculating the convergent in step 3.1 and 3.2, y_i moves iteratively along the gradient direction in both spatial and range domain. Finally, it converges to the nearest local mode in the joint spatial-range domain. Finally, the colors of the filtered image are set to the colors of the nearest local mode in spatial-range domain. The advantage of the MS filter is that the image structure does not change during iterations [8]. Then the MS filter will achieve better image structure preservation. The MS filter can remove noise while preserving edges or boundaries of the local structure by choosing the suitable values of σ_S^2 and σ_R^2 .

2.3 Region Growing Algorithm

Given a data point of the filtered image, $z = ((x, y)^T, (y)_r^T)$, its four neighbors are defined as follows:

$$z_0 = ((x-1, y)^T, (y)_{r0}^T),$$

$$z_1 = ((x+1, y)^T, (y)_{r1}^T),$$

$$z_2 = ((x, y-1)^T, (y)_{r2}^T),$$

$$z_3 = ((x, y+1)^T, (y)_{r3}^T) \quad (12)$$

On the other hand, z is called the center of its neighbors.

Let $L = \{1, 2, \dots\}$ be a set of labels of regions, and the unlabeled regions is labeled as 0. According to the first assumption, the Region growing algorithm is designed as follows. Given a data point z which is labeled as $Idx (Idx \in L)$ its neighbors are also labeled as Idx if $\left\| \begin{matrix} y_r^T - y_{ri}^T \\ y_r - y_{ri} \end{matrix} \right\|^2 \leq \sigma_R^2$. A recursive growing

function, called RegionGrow(z, z_i, Idx), is defined as shown in Table 2.

Moreover, the main program of the Region growing algorithm is defined as shown in Table 3

Table 3: The Main Program

1.	Label all data points as 0.
2.	Set $Idx = 1$.
3.	Search an unlabeled z from the filtered image.
4.	Label z as Idx .
6.	Call RegionGrow(z, z_i, Idx).
5.	Set $Idx = Idx + 1$.
6.	If the unlabeled data points still exist, then go to step 3.

3. EXPERIMENTS

3.1 The Experiments in RGB Color Space

The experiments of mean shift filter in RGB color space and the segmentation by using the proposed region growing algorithm of Basophil, Eosinophil, Lymphocyte, Monocyte, and Neutrophil are shown in Fig. 1-5 respectively.

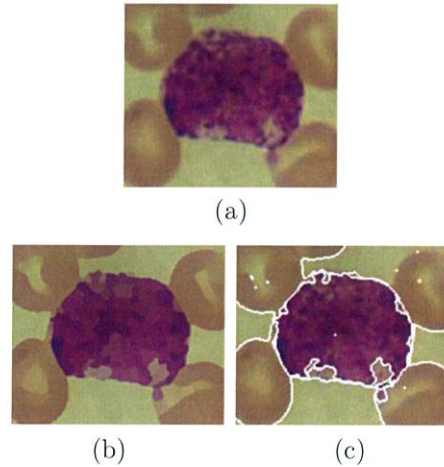


Fig.1: The Segmentation Experiments of Basophil. (a)The original image (b)The MS filtered image with $\sigma_S^2 = 9, \sigma_R^2 = 100$ (c)The segmented image

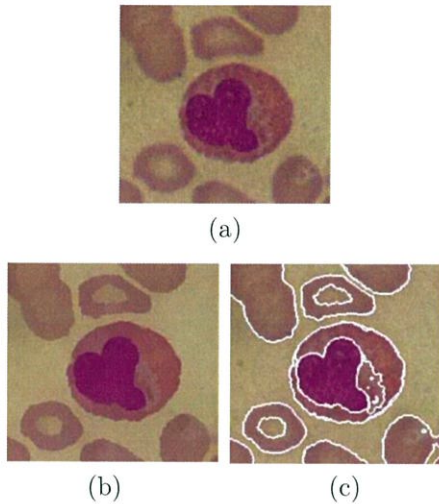


Fig.2: The Segmentation Experiments of Eosinophil. (a)The original image (b)The MS filtered image with $\sigma_S^2 = 25.00, \sigma_R^2 = 42.25$ (c)The segmented image

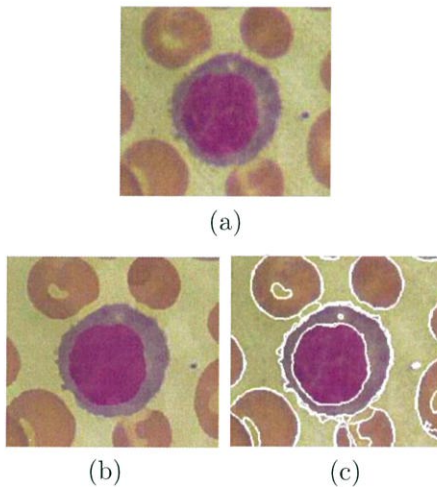


Fig.3: The Segmentation Experiments of Lymphocyte. (a)The original image (b)The MS filtered image with $\sigma_S^2 = 12.25, \sigma_R^2 = 42.25$ (c)The segmented image

As shown in Fig. 1-5, all classes of white blood cells can be segmented in RGB space by using the proposed algorithm effectively. It can be seen from the filtered images that noise can be removed, while edges can be preserved effectively. Also, the sharpness at the boundaries is higher than the original image. Next, the nucleuses and cytoplasm can be segmented by using the proposed region growing algorithm. However, many over-segmented region can be seen in the cytoplasm region. Finally, it can be seen that the effectiveness of the segmented images highly depends on the selected bandwidth.

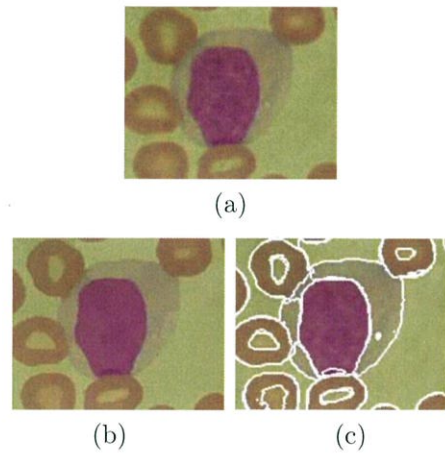


Fig.4: The Segmentation Experiments of Monocyte. (a)The original image (b)The MS filtered image with $\sigma_S^2 = 25, \sigma_R^2 = 25$ (c)The segmented image

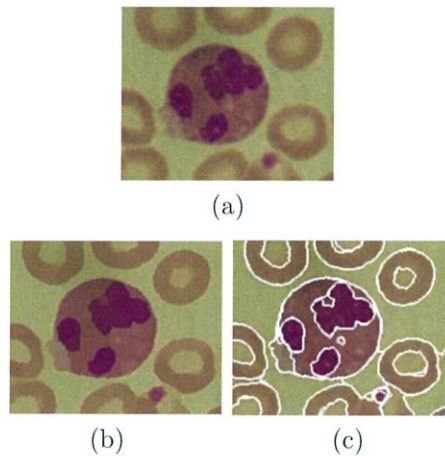


Fig.5: The Segmentation Experiments of Neutrophil. (a)The original image (b)The MS filtered image with $\sigma_S^2 = 42.25, \sigma_R^2 = 16$ (c)The segmented image

3.2 The Experiments in CIE L*a*b* Color Space

The experiments of mean shift filter in CIE L*a*b* color space and the segmentation by using the proposed region growing algorithm of Basophil, Eosinophil, Lymphocyte, Monocyte, and Neutrophil are shown in Fig. 6-10 respectively.

As shown in Fig. 6-10, all classes of white blood cells can be segmented in CIE L*a*b* color space effectively. Moreover, the number of over-segmented region is reduced.

4. CONCLUSION AND FUTURE WORKS

The experimental results show that the MS filter can successfully remove noise from the WBC images while preserving the edges. Moreover, the sharpness of the boundaries of the filtered image is enhanced. In cases of the RGB color space, the white blood cell

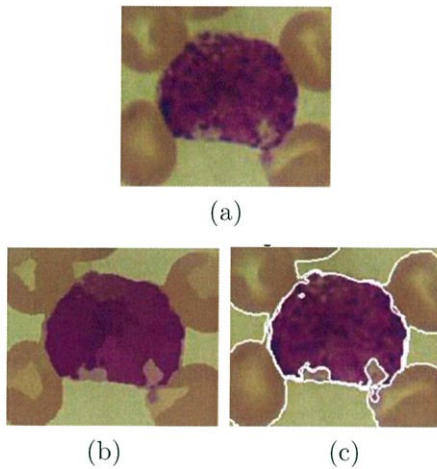


Fig. 6: The Segmentation Experiments of Basophil. (a) The original image (b) The MS filtered image with $\sigma_S^2 = 49, \sigma_R^2 = 25$ (c) The segmented image

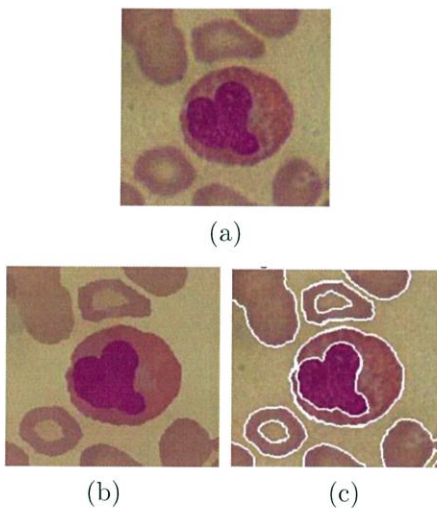


Fig. 7: The Segmentation Experiments of Eosinophil. (a) The original image (b) The MS filtered image with $\sigma_S^2 = 46.24, \sigma_R^2 = 12.96$ (c) The segmented image

images can be segmented by using the proposed algorithm, but the segmented images are highly over-segmented in the cytoplasm region. On the other hand, the over-segmented region can be reduced by using the CIE $L^*a^*b^*$ color space. Finally, it can be seen that the effectiveness of the segmented images highly depends on the selected bandwidth. In the future works, an automatic method of selecting the suitable bandwidth must be developed.

References

- [1] G. Ongun, U. Halici, K. Leblebicioglu, V. Atalay, M. Beksac, S. Beksac, *Feature Extraction and Classification of Blood Cells for an Automated Differential Blood Count System*, International Joint Conference on Neural Networks, 2001, vol. 4, pp.

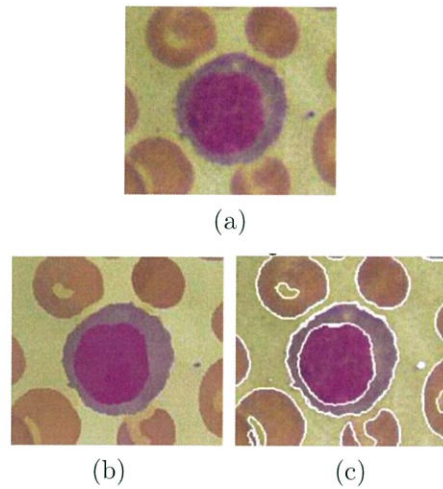


Fig. 8: The Segmentation Experiments of Lymphocyte. (a) The original image (b) The MS filtered image with $\sigma_S^2 = 38.44, \sigma_R^2 = 17.64$ (c) The segmented image

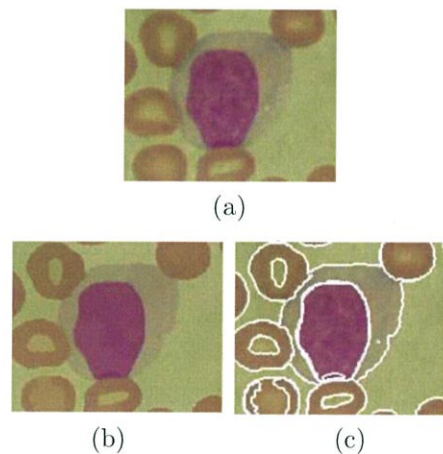


Fig. 9: The Segmentation Experiments of Monocyte. (a) The original image (b) The MS filtered image with $\sigma_S^2 = 46.24, \sigma_R^2 = 10.24$ (c) The segmented image

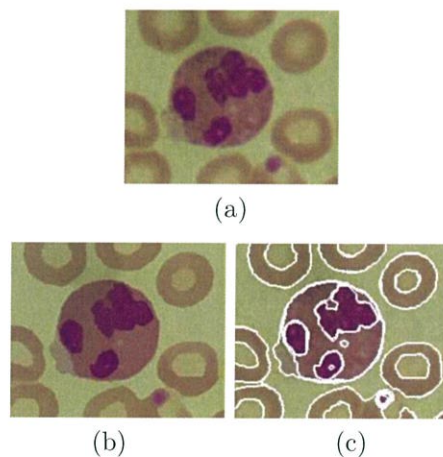


Fig. 10: The Segmentation Experiments of Neutrophil. (a) The original image (b) The MS filtered image with $\sigma_S^2 = 33.64, \sigma_R^2 = 9.00$ (c) The segmented image

2461-2466, 2001.

- [2] N. Theera-Umpon, *White Blood Cell Segmentation and Classification in sMicroscopic Bone Marrow Images*, Lecture Notes in Computer Science, vol. 3614, pp. 787-796, August 2005.
- [3] B.R. Kumar, D.K. Joseph, and T.V. Sreenivas, *Teager Energy Based Blood Cell Segmentation*, International Conference on Digital Signal Processing, vol. 2, pp. 619-622, 2002.
- [4] E. Montseny, P. Sobrevilla, and S. Romani, *A Fuzzy Approach to White Blood Cells Segmentation in Color Bone Marrow Images*, IEEE Conference on Fuzzy Systems, 2004, vol. 1, pp. 173-178, 2004.
- [5] W. Shitong and W. Min, *A New detection Algorithm (NDA) Based on Fuzzy Cellular Neural Networks for White Blood Cell Detection*, IEEE Trans. on Information Technology in Biomedicine, vol. 10, iss. 1, pp. 5-10, 2006.
- [6] F. Zamani and R. Safabakhsh, *An Unsupervised GVF Snake Approach for White Blood Cell Segmentation Based on Nucleus*, ICSP, 2006.
- [7] A. Sanpanich, W. Iampa, C. Pintavirooj, and P. Tosranon, *White Blood Cell Segmentation by Distance Mapping Active Contour*, International Symposium on Communications and Information Technologies, ISCIT 2008, October 2008.
- [8] D. Barash and D Comaniciu, *A Common Framework for Nonlinear Diffusion, Adaptive Smoothing, Bilateral Filtering, and Mean Shift*, Image and Video Computing, vol. 22, no. 1, pp. 73-81, Jan., 2004.
- [9] *Recommendations on Uniform Color Spaces, Color Difference Equations, Psychometric Color Terms*, C.I.E. Supplement No. 2 to CIE publication no. 15(E-131) 1971/(TC-1.3) 1978.



Jidtrawadee Cheewatanon received the B.Eng. Degrees with second rank honor in Electronics Engineering from King Mongkut's Institute of Technology in 2005. Her research interests are embedded system, medical image processing.



Thurdsak Leauhatong received the B.Eng. degrees in Electronics Engineering, and M.Eng. degree in Electrical Engineering from King Mongkut's Institute of Technology Ladkrabang, Thailand in 1992 and 1997, respectively, and doctoral degree in Science and Technology from Tokai University, Japan. His research interests are content-based image retrieval, vector quantization, and medical image processing.



Surapan Airpaiboon received the B.S.c (Physics) from Naresuan University in 1987, M. Eng. in Electrical Engineering, from King Mongkut's Institute of Technology in 1990, and D. Eng. in Electrical Engineering in 1998 from Tokai University, Japan. His research interests are signal and image processing.



Manas Sangwarasilp received the B.Eng. degree from King Mongkut's Institute of Technology Ladkrabang (KMITL), Bangkok, in 1973, and the M.Eng. degree and D.Eng. in telecommunications from Tokai University, Tokyo, Japan, in 1977 and 1991, respectively.

From 2003 to 2007, he was the Director of Computer Research and Service Center, KMITL, where he is currently and Associate Professor with the Faculty of Engineering, Department of Electronics. His current research interests include image reconstruction, 3-D modeling, image classification, and image filtering.

He was a member of the Advising Committee of the Thai Biomedical Engineering Research Association, the Chairman of the 1st Symposium on Thai Biomedical Engineering (ThaiBME 2008), and the Chairman of the 30th Electrical Engineering Conference (EECON-30)