การคำนวณหาค่าปริมาตรที่ถูกต้องของเนื้อตาย ในมะเร็งกระดูกชนิด OSTEOSARCOMA

COMPUTING THE CORRECTED NECROTIC VOLUME IN THE BONE CANCER (OSTEOSARCOMA)

ทวีพงษ์ พิทักษ์มงคล

THAWEPONG PHITHAKMONGKOL

วิทยานิพนธ์นี้เป็นส่วนหนึ่งของการศึกษาตามหลักสูตรปริญญาวิทยาศาสตรมหาบัณฑิต

สาขาวิชาวิทยาการคอมพิวเตอร์

บัณฑิตวิทยาลัย

สถาบันเทคโนโลยีพระจอมเกล้าเจ้าคุณทหารลาดกระบัง

พ.ศ. 2549

ISBN 974-15-2180-4

สำนักหอสมุดกลาง พระจอมเกล้าลาดกระบัง

การคำนวณหาค่าปริมาตรที่ถูกต้องของเนื้อตาย ในมะเร็งกระดูกชนิด OSTEOSARCOMA

COMPUTING THE CORRECTED NECROTIC VOLUME IN THE BONE CANCER (OSTEOSARCOMA)

ทวีพงษ์ พิทักษ์มงคล

THAWEPONG PHITHAKMONGKOL

เลขหมู่...........
เลขทะเบียน 63277
วัน,เดือน,ปี 25 ส.ค. 2549

วิทยานิพนธ์นี้เป็นส่วนหนึ่งของการศึกษาตามหลักสูตรปริญญาวิทยาศาสตรมหาบัณฑิต

สาขาวิชาวิทยาการคอมพิวเตอร์

บัณฑิตวิทยาลัย

สถาบันเทคโนโลยีพระจอมเกล้าเจ้าคุณทหารลาดกระบัง

พ.ศ. 2549

ISBN 974-15-2180-4

COMPUTING THE CORRECTED NECROTIC VOLUME IN THE BONE CANCER (OSTEOSARCOMA)

THAWEPONG PHITHAKMONGKOL

A THESIS SUBMITTED IN PARTIAL FULFILLMENT
OF THE REQUIREMENT FOR THE DEGREE OF
MASTER OF SCIENCE IN COMPUTER SCIENCE
SCHOOL OF GRADUATE STUDIES
KING MONGKUT'S INSTITUTE OF TECHNOLOGY LADKRABANG
2006

ISBN 974-15-2180-4

COPYRIGHT 2006

SCHOOL OF GRADUATE STUDIES

KING MONGKUT'S INSTITUTE OF TECHNOLOGY LADKRABANG

หัวข้อวิทยานิพนธ์	การคำนวณหาค่าปริมาตรที่ถูกต้องของเนื้อตายในมะเร็งกระดูก ชนิด OSTEOSARCOMA
นักศึกษา	นายทวีพงษ์ พิทักษ์มงคล
รหัสประจำตัว	46063614
ปริญญา	วิทยาศาสตรมหาบัณฑิต
สาขาวิชา	วิทยาการคอมพิวเตอร์
พ.ศ.	2549
อาจารย์ผู้ควบคุมวิทยานิพนธ์	ดร. นวลสวาท หิรัญสกลวงศ์

บทคัดย่อ

ในทางการแพทย์ การตรวจหาเปอร์เซ็นต์ของเนื้อมะเร็งกระดูก Osteosarcoma ที่ตายหลังจากได้รับการให้ยาเคมีบำบัด (Neoadjuvant Chemotherapy) ศัลยแพทย์ออร์โธปิดิกส์จะทำการผ่าตัดก้อนเนื้อมะเร็งทั้งก้อนออกจากผู้ป่วย (Wide Excisional Biopsy) และส่งต่อให้พยาธิแพทย์ทำการวิเคราะห์ก้อนเนื้อ ซึ่งขั้นตอนการตรวจวิเคราะห์เริ่มจากการตัดขวางก้อนเนื้อมะเร็งกระดูก อาทิ เนื้อมะเร็งมีขนาดความยาวประมาณ 10 เซนติเมตร การตัดขวาง (Serial Cross Section) ที่มีความหนาแต่ละชิ้นประมาณ 1 เซนติเมตร จะเห็นว่าได้เนื้อจำนวน 10 ชิ้น และต้องทำการตัดเป็นชิ้นเล็กประมาณ 2x1 เซนติเมตร เพื่อทำเป็นชิ้นขนาดเล็กพอกับแผ่นสไลด์ นำไปส่องกล้องจุลทรรศน์ดูเปอร์เซ็นต์ของเนื้อมะเร็งที่ตาย เห็นได้ว่าในผู้ป่วย 1 รายจะต้องใช้วัตถุดิบและ แรงงานในการตัด, ทำสไลด์, ดูสไลด์ จำนวนเป็น 100 แผ่นขึ้นไป ทำให้โหลดงานมากเมื่อเทียบกับการตรวจดูเนื้อทางพยาธิวิทยาในกรณีทั่วไปที่ใช้เพียง 1-3 แผ่นสไลด์ต่อคน

การตรวจดังกล่าวเป็นวิธีมาตรฐานที่ใช้โดยทั่วไป เพราะยังไม่มีวิธีการตรวจอื่นใดในปัจจุบันที่ให้ความแม่นยำบ่งบอกถึงเนื้อมะเร็งตายได้ดีไปกว่าการดูด้วยกล้องจุลทรรศน์ แม้ว่าการตรวจด้วยเครื่องเอกซเรย์คอมพิวเตอร์ (CT scan ซึ่งย่อมาจาก Computerized Tomography scan) หรือ การตรวจด้วยเครื่องตรวจพลังแม่เหล็ก (MRI Scan ซึ่งย่อมาจาก Magnetic Resonance Imaging scan) จะสามารถวิเคราะห์ภาพตัดขวางได้แทนการตัดเนื้อจริง แต่ก็ไม่สามารถระบุขอบเขตที่ชัดเจนระหว่างเนื้อดี, เนื้อมะเร็ง, เนื้อปฏิกิริยารอยต่อของมะเร็ง ตลอดจนเนื้อตายของมะเร็งหลังได้รับยาเคมีบำบัด

การดูเนื้อตายด้วยกล้องจุลทรรศน์มีข้อจำกัดคือ ต้องดูเนื้อผ่านแผ่นสไลด์ซึ่งมีขนาดประมาณ 2x1 เซนติเมตร ที่ความหนาประมาณ 3-5 ไมครอนต่อแผ่น แม้ว่าจะวิเคราะห์เนื้อตายได้แม่นยำเนื่องจากใช้สายตาของพยาธิแพทย์ในการวิเคราะห์ แต่ค่าที่วิเคราะห์กลับเป็นเปอร์เซ็นต์ที่บอกเพียงพื้นที่ของเนื้อตายในแต่ละชิ้นที่ความหนาระดับไมครอนเท่านั้น แล้วจึงสรุปเสมือนเป็น

ปริมาตรทั้งชิ้น การใช้ค่าเปอร์เซ็นต์ของพื้นที่มาสรุปเสมือนปริมาตรทั้งชิ้นนี้ จะมีความคลาดเคลื่อนอย่างไรยังไม่มีข้อพิสูจน์

เนื่องจากในทางปฏิบัติจริง จะไม่สามารถหาค่าปริมาตรที่แท้จริงของเซลล์มะเร็งในกระดูกได้โดยง่าย (จะทำได้ก็ต่อเมื่อทำการบดกระดูกให้ละเอียดแล้วนำไปส่องกล้องจุลทรรศน์ดูเซลล์ทีละเซลล์) ซึ่งค่าปริมาตรที่แท้จริงนี้ จะถูกใช้ในการเปรียบเทียบหาค่าความคลาดเคลื่อนได้ ดังนั้น ในงานวิจัยนี้ จึงสร้างระบบจำลองขั้นตอนของขบวนการส่องกล้องจุลทรรศน์กระดูกด้วยโปรแกรมสามมิติ เพื่อมุ่งศึกษาถึงความคลาดเคลื่อนของการคำนวณหาปริมาณเปอร์เซ็นต์ของเนื้อตายในมะเร็งกระดูกผ่านขบวนการส่องกล้องจุลทรรศน์ของหน่วยงานพยาธิวิทยาที่ใช้อยู่ในปัจจุบัน และนำเสนอวิธีการคำนวณหาค่าปริมาตรที่ถูกต้อง โดยอาศัยหลักการประมาณค่าในช่วงทางคณิตศาสตร์ (Interpolation) มาช่วยในการคำนวณหาปริมาณเปอร์เซ็นต์ของเนื้อตายในมะเร็งกระดูก ซึ่งเปอร์เซ็นต์ความผิดพลาดที่ได้จากการคำนวณในวิธีดังกล่าวนี้จะมีค่าน้อยกว่าวิธีคำนวณที่ใช้อยู่ในปัจจุบันมาก โดยเฉพาะการประมาณค่าในช่วงแบบแบ่งช่วงโดยเส้นโค้งกำลังสาม (Cubic Spline Interpolation) ให้ค่าเปอร์เซ็นต์ความผิดพลาดน้อยที่สุด รวมทั้งหาค่าระยะความห่างและจำนวนชิ้นในการตัดเนื้อกระดูกที่เหมาะสม ซึ่งค่าระยะความห่างและจำนวนชิ้นในการตัดเนื้อกระดูกก็คือค่าพารามิเตอร์ของขบวนการส่องกล้องจุลทรรศน์ การคำนวณค่าปริมาณเปอร์เซ็นต์ของเนื้อตายในมะเร็งกระดูกจากวิธีที่นำเสนอในวิทยานิพนธ์นี้ และค่าพารามิเตอร์ของขบวนการส่องกล้องจุลทรรศน์ที่เหมาะสม จะทำให้ขบวนการวิเคราะห์ของงานพยาธิวิทยามีประสิทธิภาพประสิทธิผล และผลการตรวจมีความน่าเชื่อถือ ซึ่งทำให้แพทย์สามารถใช้ผลจากขบวนการตรวจทางพยาธิวิทยาในการวินิจฉัยเพื่อการรักษาโรคได้อย่างถูกต้องต่อไป

Thesis	Computing the Corrected Necrotic Volume in the Bone Cancer (OSTEOSARCOMA)
Student	Mr. Thawepong Phithakmongkol
Student ID	46063614
Degree	Master of Science
Programme	Computer Science
Year	2006
Thesis Advisor	Dr. Nualsawat Hiransakolwong

ABSTRACT

Doctors treat Osteosarcoma (bone cancer) patients with a combination of Chemotherapy and results from a biopsy. After a patient has undergone Chemotherapy, doctors do a biopsy to establish the ratio of dead tissue to cancer cells in the bone. Based on this ratio, the decision for treatment is made. The current method is to compute the ratio by finding an average of the cross sections of bone. This method is prone to error if the values of cuts are flexible numbers. The real volume of the bone is important because this volume is used as the ground truth for measuring the error. Only the ground bone can be measured for its real volume. It is impossible to know the real volume of the bone. With random dead tissue and cancer cells, 3D graphic bone models are created to simulate the bone biopsy. Then the volumes of models are known. Several Interpolation methods are used in simulation to predict the dead tissue and cancer cell volumes between any two consecutive cuts (serial cross section). The ratio between these two volumes is then computed. Experiments show interpolation methods are more accurate results than the current method used. The Cubic Spline Interpolation is the best method among the other interpolation methods. Then from experiments, the numbers of cuts and distance between any two consecutive cuts are found. These parameters help bone biopsy system more efficient and more effective than the current system. With accurate ratio, doctor can make a right treatment.

กิตติกรรมประกาศ

วิทยานิพนธ์ฉบับนี้สำเร็จได้ด้วยดี ข้าพเจ้าขอขอบคุณ ดร.นวลสวาท หิรัญสกลวงศ์ ซึ่งเป็นอาจารย์ที่ปรึกษา ที่ได้กรุณาให้คำปรึกษา ดูแลเอาใจใส่ ให้แนวคิดและคำชี้แนะ ช่วยแก้ปัญหาตลอดจนให้ความรู้และประสบการณ์ที่ดีแก่ข้าพเจ้า

ขอขอบคุณ ผศ.ดร.กรกช ประชุมรักษ์ รศ.ภัคคินี ชิตสกุล และ นพ.ดำรงค์ ฐาปนกุลศักดิ์ กรรมการสอบหัวข้อและโครงร่างวิทยานิพนธ์ที่ได้กรุณาให้คำแนะนำตลอดจนข้อชี้แนะ จนในที่สุดทำให้วิทยานิพนธ์ฉบับนี้สำเร็จลงได้

ขอขอบคุณภาควิชาคณิตศาสตร์และวิทยาการคอมพิวเตอร์ สถาบันเทคโนโลยีพระจอมเกล้าเจ้าคุณทหารลาดกระบัง ที่ได้สร้างบรรยากาศที่เหมาะสำหรับการศึกษาและการทำวิจัยเป็นอย่างยิ่ง

ขอขอบคุณครอบครัว พี่ๆ เพื่อนๆ และน้องๆ ทุกคน ที่คอยเป็นกำลังใจและให้คำปรึกษาที่ดีตลอดมา

สำหรับคุณงามความดีอันใดที่เกิดจากวิทยานิพนธ์ฉบับนี้ ข้าพเจ้าขอมอบให้กับบิดามารดา ซึ่งเป็นที่รักและเคารพยิ่ง ตลอดจนครูอาจารย์ที่เคารพทุกท่านที่ได้ประสิทธิ์ประสาทวิชาความรู้และถ่ายทอดประสบการณ์ที่ดีให้แก่ข้าพเจ้า

ทวีพงษ์ พิทักษ์มงคล

สารบัญ

หน้า

บทคัดย่อภาษาไทย...I
บทคัดย่อภาษาอังกฤษ...III
กิตติกรรมประกาศ...IV
สารบัญ..V
สารบัญตาราง..VIII
สารบัญรูป...IX
บทที่ 1 บทนำ..1
1.1 ความเป็นมาและความสำคัญของปัญหา...1
1.2 ความมุ่งหมายและวัตถุประสงค์ของการศึกษา..2
1.3 สมมติฐานของการศึกษา...3
1.4 ทฤษฎีหรือแนวคิดที่ใช้ในการวิจัย...4
1.5 ขอบเขตของการศึกษา..4
1.6 ส่วนประกอบของวิทยานิพนธ์...5

บทที่ 2 ขบวนการตรวจหาปริมาตรของเนื้อมะเร็งที่ใช้อยู่ในปัจจุบัน.......................................7
2.1 เครื่องเอกซเรย์คอมพิวเตอร์ (CT Scan)...7
2.2 เครื่องตรวจพลังแม่เหล็ก (MRI Scan)...8
2.3 ขบวนการส่องกล้องจุลทรรศน์ตรวจทางพยาธิวิทยา..9

บทที่ 3 การประมาณค่าในช่วง...12
3.1 นิยามพหุนาม และการประมาณค่าในช่วงโดยพหุนาม..12
3.1.1 การประมาณค่าในช่วงโดยพหุนามแบบลากรองจ์..13
3.1.2 การประมาณค่าในช่วงโดยพหุนามแบบนิวตัน..15
3.1.3 การประมาณค่าในช่วงโดยพหุนามแบบนิวตันข้างหน้า และ นิวตันย้อนหลัง.....................17
3.1.4 การประมาณค่าในช่วงโดยพหุนามแบบทำซ้ำของไอเก็นและเนวิลล์...22
3.2 การประมาณค่าในช่วงแบบแบ่งเป็นช่วง...24
3.2.1 การประมาณค่าในช่วงแบบแบ่งเป็นช่วงโดยเส้นโค้งกำลังหนึ่ง..25
3.2.2 การประมาณค่าในช่วงแบบแบ่งเป็นช่วงโดยเส้นโค้งกำลังสอง...26

สารบัญ (ต่อ)

หน้า

3.2.3 การประมาณค่าในช่วงแบบแบ่งเป็นช่วงโดยเส้นโค้งกำลังสาม............29

3.2.4 การประมาณค่าในช่วงโดยเส้นโค้งกำลังสามแบบอื่นๆ........................36

3.2.4.1 การประมาณค่าในช่วงโดยเส้นโค้งกำลังสามแบบเฮอร์มิท.....36

3.2.4.2 การประมาณค่าในช่วงโดยเส้นโค้งกำลังแบบเบซิเยร์ 37

3.2.4.3 การประมาณค่าในช่วงโดยเส้นโค้งสามแบบบี-สไปลน์..........38

บทที่ 4 การออกแบบการจำลองระบบ 39

4.1 การเลือกใช้โปรแกรมสามมิติ..42

4.2 การสร้างโมเดลกระดูก 44

4.3 การสร้างส่วนของเนื้อมะเร็งตายภายในท่อนกระดูก 45

4.3.1 การสุ่มพื้นที่ของเนื้อมะเร็งตาย...45

4.3.2 การสร้างโมเดลส่วนของเนื้อมะเร็งตาย..47

4.4 การหั่นโมเดลกระดูกเป็นท่อนๆ และการหาพื้นที่ในแต่ละหน้าตัด.........................48

4.5 การสร้างอัลกอริทึมทดสอบ 48

4.5.1 การรับข้อมูลจากไฟล์ข้อมูลต้นเข้าสู่โปรแกรม 49

4.5.2 ส่วนควบคุมจำนวนรอบของการทำงาน..50

4.5.3 การคำนวณค่าอัตราเนื้อตายต่อเนื้อมะเร็ง และเปอร์เซ็นต์ความคลาดเคลื่อน 52

4.5.4 การแสดงผลลัพธ์การคำนวณ 54

บทที่ 5 ผลการทดลอง 55

5.1 กราฟแสดงผลเปรียบเทียบระหว่างค่าความเบี่ยงเบนมาตรฐานของชุดข้อมูลต้นและเปอร์เซ็นต์ความคลาดเคลื่อนจากการคำนวณค่าอัตราเนื้อตายต่อเนื้อมะเร็ง...........55

5.2 กราฟแสดงผลเปรียบเทียบระหว่างเปอร์เซ็นต์ความคลาดเคลื่อนจากการคำนวณค่าอัตราเนื้อตายต่อเนื้อมะเร็งด้วยวิธีใหม่ที่นำเสนอ เมื่อใช้ทฤษฎีการประมาณค่าในช่วงแบบต่างๆ 56

5.3 กราฟแสดงผลเปรียบเทียบระหว่างเปอร์เซ็นต์ความคลาดเคลื่อนจากการคำนวณค่าอัตราเนื้อตายต่อเนื้อมะเร็งด้วยวิธีการที่ใช้ในปัจจุบันและวิธีใหม่ที่นำเสนอ..........57

สารบัญ (ต่อ)

หน้า

5.4 กราฟแสดงผลเปรียบเทียบระหว่างเปอร์เซ็นต์เนื้อตายที่เกิดขึ้นจริงและเปอร์เซ็นต์ความคลาดเคลื่อนที่ได้จากการคำนวณ 60

บทที่ 6 สรุปผลการวิจัยและข้อเสนอแนะ 64

สรุปผลการวิจัย 64

ข้อเสนอแนะ 67

เอกสารอ้างอิง 68

ภาคผนวก 70

ภาคผนวก ก. ตารางโมเดลกระดูกต้นแบบที่จำลองในงานวิจัย 71

ภาคผนวก ข. ตารางเปอร์เซ็นต์ความคลาดเคลื่อนจากการคำนวณค่าอัตราเนื้อตายต่อเนื้อมะเร็งด้วยวิธีการที่ใช้ในปัจจุบันเปรียบเทียบกับวิธีใหม่ที่นำเสนอ เมื่อกำหนดชุดข้อมูลต้นทุกระยะ 1 เซนติเมตร 80

ภาคผนวก ค. ตารางเปอร์เซ็นต์ความคลาดเคลื่อนจากการคำนวณค่าอัตราเนื้อตายต่อเนื้อมะเร็งด้วยวิธีการที่ใช้ในปัจจุบันเปรียบเทียบกับวิธีใหม่ที่นำเสนอ เมื่อกำหนดชุดข้อมูลต้นทุกระยะ 1.5 เซนติเมตร 85

ภาคผนวก ง. ตารางเปอร์เซ็นต์ความคลาดเคลื่อนจากการคำนวณค่าอัตราเนื้อตายต่อเนื้อมะเร็งด้วยวิธีการที่ใช้ในปัจจุบันเปรียบเทียบกับวิธีใหม่ที่นำเสนอ เมื่อกำหนดชุดข้อมูลต้นทุกระยะ 2 เซนติเมตร 90

ภาคผนวก จ. โปรแกรมที่ใช้ทดสอบการจำลองระบบ 95

ประวัติผู้เขียน 105

สารบัญตาราง

ตารางที่ หน้า

3.1 แสดงผลหารผลต่างสืบเนื่องเมื่อกำหนดข้อมูล x_0, x_1, x_2, x_3, x_4, x_5 16

3.2 แสดงผลต่างสืบเนื่องเมื่อกำหนดข้อมูล x_{-2}, x_{-1}, x_0, x_1, x_2 18

3.3 แสดงค่า $p_{1, i+1, \ldots, i+k}(x)$ ดีกรีระดับต่างๆ 23

4.1 เปรียบเทียบข้อดีและข้อเสียของโปรแกรมสามมิติต่างๆ ที่ใช้ทดลอง 42

5.1 ลักษณะหรือรูปแบบของการประมาณค่าในช่วงแบบต่างๆ ที่ใช้ในการทดลอง 58

5.2 แสดงค่าเปอร์เซ็นต์ความคลาดเคลื่อน โดยเฉลี่ย เมื่อกำหนดชุดข้อมูลต้นทุก 1 เซนติเมตร แบ่งตามระดับเกรดต่างๆ 61

5.3 แสดงค่าเปอร์เซ็นต์ความคลาดเคลื่อน โดยเฉลี่ย เมื่อกำหนดชุดข้อมูลต้นทุก 1.5 เซนติเมตร แบ่งตามระดับเกรดต่างๆ 62

5.4 แสดงค่าเปอร์เซ็นต์ความคลาดเคลื่อน โดยเฉลี่ย เมื่อกำหนดชุดข้อมูลต้นทุก 2 เซนติเมตร แบ่งตามระดับเกรดต่างๆ 63

6.1 แสดงค่าเปอร์เซ็นต์ความคลาดเคลื่อน โดยเฉลี่ย เมื่อกำหนดชุดข้อมูลต้นทุก 1 เซนติเมตร แบ่งตามระดับเกรดต่างๆ 65

6.2 แสดงค่าเปอร์เซ็นต์ความคลาดเคลื่อน โดยเฉลี่ย เมื่อกำหนดชุดข้อมูลต้นทุก 1.5 เซนติเมตร แบ่งตามระดับเกรดต่างๆ 66

6.3 แสดงค่าเปอร์เซ็นต์ความคลาดเคลื่อน โดยเฉลี่ย เมื่อกำหนดชุดข้อมูลต้นทุก 2 เซนติเมตร แบ่งตามระดับเกรดต่างๆ 66

สารบัญรูป

รูปที่ หน้า

2.1 เครื่องเอกซเรย์คอมพิวเตอร์(ซ้าย) และเครื่องตรวจพลังแม่เหล็ก(ขวา)........9
2.2 แสดงส่วนของกระดูกหลังให้เคมีบำบัด........11
2.3 แสดงการตัดขวางชิ้นกระดูก........11
2.4 แสดงชิ้นกระดูกที่ได้จากการตัดขวาง........11
2.5 แสดงกระดูกที่ทำการตัดเป็นชิ้นให้มีขนาดพอกับแผ่นสไลด์........11
2.6 แสดงแผ่นสไลด์สำหรับเตรียมส่องกล้องจุลทรรศน์........11
2.7 แสดงภาพส่วนของเซลล์มะเร็งที่ได้จากกำลังขยายของกล้องจุลทรรศน์........11
3.1 การกระจายของฟังก์ชันพหุนามเดียวที่ลากผ่านข้อมูลที่กำหนดให้........24
3.2 เส้นตรงที่เชื่อมต่อระหว่างข้อมูลทีละ 2 จุด........25
3.3 การประมาณค่าในช่วงแบบแบ่งช่วงโดยใช้ฟังก์ชันกำลังสอง........27
3.4 ลักษณะฟังก์ชันเชิงเส้นสำหรับการประมาณค่าในช่วงระหว่าง x_0 และ x_1........32
3.5 การเปรียบเทียบผลลัพธ์ที่ได้จากการใช้ฟังก์ชันพนุนามอันดับสูงของลากรองจ์เพียงฟังก์ชันเดียวกับฟังก์ชันเส้นโค้งกำลังสาม........34
3.6 แสดงเส้นโค้งกำลังสามแบบเบซิเยร์........38
3.7 แสดงเส้นโค้งกำลังสามแบบบี-สไปลน์........38
4.1 แสดงภาพรวมของระบบจำลองขบวนการส่องกล้องจุลทรรศน์ชิ้นเนื้อกระดูก........40
4.2 แสดงขั้นตอนการสร้างโมเดลกระดูกด้วยโปรแกรมสามมิติ ที่เริ่มจากการวางเส้นโครงและสร้างพื้นผิวห้อหุ้ม........44
4.3 ส่วนของโมเดลกระดูกสามมิติที่ทำการตัดออกมา........45
4.4 กระดูกที่ทำการหั่นเป็นท่อนๆ ระยะห่างประมาณ 1 เซนติเมตรในขบวนการส่องกล้องจุลทรรศน์ที่ปฏิบัติจริงในงานพยาธิวิทยา........46
4.5 ส่วนหนึ่งของโปรแกรมที่ใช้สุ่มพื้นที่เนื้อมะเร็งตาย........46
4.6 ตัวอย่างผลลัพธ์การสุ่มตัวเลขระดับเกรด และพื้นที่วงใน (เนื้อมะเร็งตาย)........47
4.7 แสดงส่วนของเนื้อตายภายในโมเดลกระดูกที่จำลองขึ้น........47
4.8 แสดงส่วนของหน้าตัดโมเดลกระดูกที่ทำการหั่นเป็นท่อนๆ แล้ว........48
4.9 แสดงรูปแบบของชุดข้อมูลที่ใช้ในการเขียนโปรแกรมคำนวณ........49
4.10 แสดงรูปแบบการทำงานของส่วนการประมาณค่าในช่วงแต่ละรอบ........51
4.11 แสดงตัวอย่างไฟล์ผลลัพธ์ที่ได้จากโปรแกรม........54

สารบัญรูป (ต่อ)

รูปที่ หน้า

5.1 แสดงเปอร์เซ็นต์ความคลาดเคลื่อนจากการคำนวณด้วยวิธีการใหม่ ซึ่งใช้ทฤษฎีการประมาณค่าในช่วงแบบต่างๆ 56

5.2 แสดงผลเปรียบเทียบค่าเปอร์เซ็นต์ความคลาดเคลื่อนของการคำนวณด้วยวิธีที่ใช้ในปัจจุบันกับการคำนวณด้วยวิธีใหม่ เมื่อกำหนดชุดข้อมูลต้นทุก 1 เซนติเมตร 58

5.3 แสดงผลเปรียบเทียบค่าเปอร์เซ็นต์ความคลาดเคลื่อนของการคำนวณด้วยวิธีที่ใช้ในปัจจุบันกับการคำนวณด้วยวิธีใหม่ เมื่อกำหนดชุดข้อมูลต้นทุก 1.5 เซนติเมตร 59

5.4 แสดงผลเปรียบเทียบค่าเปอร์เซ็นต์ความคลาดเคลื่อนของการคำนวณด้วยวิธีที่ใช้ในปัจจุบันกับการคำนวณด้วยวิธีใหม่ เมื่อกำหนดชุดข้อมูลต้นทุก 2 เซนติเมตร 59

5.5 แสดงถึงเปอร์เซ็นต์ความคลาดเคลื่อนจากการคำนวณด้วยวิธีการที่ใช้ในปัจจุบันและวิธีการใหม่เปรียบเทียบกับค่าเปอร์เซ็นต์การเกิดเนื้อมะเร็งตาย เมื่อกำหนดชุดข้อมูลต้นทุก 1 เซนติเมตร 60

5.6 แสดงถึงเปอร์เซ็นต์ความคลาดเคลื่อนจากการคำนวณด้วยวิธีการที่ใช้ในปัจจุบันและวิธีการใหม่เปรียบเทียบกับค่าเปอร์เซ็นต์การเกิดเนื้อมะเร็งตาย เมื่อกำหนดชุดข้อมูลต้นทุก 1.5 เซนติเมตร 61

5.7 แสดงถึงเปอร์เซ็นต์ความคลาดเคลื่อนจากการคำนวณด้วยวิธีการที่ใช้ในปัจจุบันและวิธีการใหม่เปรียบเทียบกับค่าเปอร์เซ็นต์การเกิดเนื้อมะเร็งตาย เมื่อกำหนดชุดข้อมูลต้นทุก 2 เซนติเมตร 62

6.1 แสดงพื้นที่หน้าตัดของ โมเดลกระดูก กรณีที่ค่าที่ได้จากการคำนวณด้วยวิธีการปัจจุบันมีความคลาดเคลื่อนในลักษณะข้ามไปอยู่คนละระดับเกรด 65

บทที่ 1
บทนำ

1.1 ความเป็นมาและความสำคัญของปัญหา

มะเร็งกระดูกชนิด Primary Conventional Osteosarcoma พบบ่อยเป็นอันดับหนึ่งของ Primary Malignant Bone Tumor ซึ่งพบมากในช่วงอายุระหว่าง 10-25 ปี อีกทั้งยังเป็นมะเร็งร้ายแรง เนื่องจากมีความสามารถในการแพร่กระจายสูง โดยพบว่าร้อยละ 10-20 ของผู้ป่วยทั้งหมดที่เป็นมะเร็งชนิดนี้ จะมีการแพร่กระจายไปที่ปอดในระยะแรกที่วินิจฉัยพบ [1] จากในอดีตการรักษา Osteosarcoma ใช้การผ่าตัดเนื้อร้ายออกจากผู้ป่วยเพียงอย่างเดียว ซึ่งผลการรักษาโดยวิธีนี้ก็ทำให้ผู้ป่วยมีอัตรารอดชีวิตใน 5 ปีเพียงร้อยละ 20 เท่านั้น ตั้งแต่ปี ค.ศ.1972 เมื่อนายแพทย์ Jaffe และคณะได้รายงานว่าได้ใช้สารเคมีบำบัด Methotrexate และ Doxorubicin ในการรักษาผู้ป่วยที่มีมะเร็ง Osteosarcoma กระจายไปที่ปอดแล้วได้ผลดี จึงได้มีการศึกษาการใช้ยาเคมีบำบัดร่วมกับการผ่าตัดเกิดขึ้นมากมาย ทำให้ผลการรักษาเปลี่ยนแปลงไปในทางที่ดีขึ้น [2]

การรักษาโรคในปัจจุบัน อาศัยแพทย์จากหลายสาขาวิชาชีพมาร่วมกันในการดูแลรักษาผู้ป่วย โดยมีมาตรฐานการใช้ยาเคมีบำบัด 2-3 ชนิด (Multiagent Neoadjuvant Chemotherapy) [3] ก่อนการผ่าตัด หลังจากนั้นศัลยแพทย์ออร์โธปิดิกส์จะทำการผ่าตัดก้อนมะเร็งออกจากผู้ป่วย และตามด้วยการให้ยาเคมีบำบัดหลังจากผ่าตัดไปแล้ว การให้ยาเคมีบำบัดก่อนการผ่าตัดก็เพื่อที่จะไปฆ่าเซลล์มะเร็ง เนื้อมะเร็งที่ถูกฆ่าก็จะเป็นเนื้อตาย ซึ่งข้อดีของการให้ยาเคมีบำบัดคือ ทำให้ก้อนเนื้อยุบลง (Tumor Shrinkage) และเกิด Sterilize Microscopic Tumor in Reactive Zone ทำให้การผ่าตัดง่ายขึ้น นอกจากนี้ยังสามารถดูการตอบสนองต่อเคมีบำบัดได้อีกด้วย โดยนำเอาก้อนเนื้อมะเร็งที่ผ่าตัดออกจากผู้ป่วยไปตรวจทางพยาธิวิทยาเพื่อดูอัตราการตายของเนื้อมะเร็งหลังได้รับเคมีบำบัด ซึ่งค่าอัตราการตายของเนื้อมะเร็งนี้จะถูกใช้เป็นตัวบ่งการพยากรณ์โรค ซึ่งปัจจัยที่เป็นตัวบ่งการพยากรณ์โรคที่สำคัญ มี 2 ปัจจัย คือ การพบว่ามีการแพร่กระจายของมะเร็งไปแล้วเมื่อมีการพบในระยะแรกและอัตราการตายของเนื้อมะเร็งหลังจากการได้รับเคมีบำบัด โดยนายแพทย์ Huvos ได้แบ่งการตอบสนองของมะเร็งต่อยาเคมีบำบัดออกเป็น 4 เกรด [4] ดังนี้ คือ

เกรด 1 มีเนื้อมะเร็งตายประมาณร้อยละ 0 แต่ไม่ถึง 50

เกรด 2 มีเนื้อมะเร็งตายประมาณร้อยละ 50 แต่ไม่ถึง 90

เกรด 3 มีเนื้อมะเร็งตายประมาณร้อยละ 90 แต่ไม่ถึง 100

เกรด 4 มีเนื้อมะเร็งตายหมดร้อยเปอร์เซ็นต์

เกณฑ์ของนายแพทย์ Huvos สำหรับผู้ป่วยที่อยู่ในเกรด 3 และ 4 คือ ผู้ป่วยที่มีการตอบสนองดีที่มีการตายของเนื้อมะเร็งมากกว่าร้อยละ 90 จะได้รับการรักษาโดยใช้ยาหลังการผ่าตัดชนิดเดียวกับที่เคยได้รับก่อนการผ่าตัด เช่น Doxorubicin Cis-Platin และ Methotrexate ส่วนผู้ป่วยที่อยู่ในเกรด 1 และ 2 นั้น จะต้องเปลี่ยนยา เช่น เปลี่ยนเป็น Ifosfamide Etoposide เป็นต้น [4] ในบางสถาบัน ได้ใช้รังสีรักษาร่วมกับการให้ยาเคมีบำบัด ดังนั้นการหาค่าอัตราการตายของเนื้อมะเร็งหลังจากได้รับยาเคมีบำบัดจึงมีความสำคัญเป็นอย่างมาก เพราะแพทย์อาศัยค่าอัตราการตายของเนื้อมะเร็งนี้ในการตัดสินใจเลือกวิธีบำบัดผู้ป่วยต่อไป หากขบวนการคำนวณค่าอัตราการตายของเนื้อมะเร็งมีความคลาดเคลื่อนในการระบุความมากน้อยของเนื้อตาย อาจทำให้แพทย์ตัดสินใจเลือกวิธีบำบัดผู้ป่วยผิดได้ ตัวอย่างเช่น ถ้าการพยากรณ์โรคต่ำกว่าความเป็นจริง ผู้ป่วยอาจต้องได้รับการรักษาเกินความจำเป็น และหากพยากรณ์โรคสูงกว่าความเป็นจริง ผู้ป่วยอาจเกิด Recurrent ของโรคได้สูง ซึ่งทั้งสองกรณีผู้ป่วยต้องทุกข์ทรมาน และสูญเสียค่าใช้จ่ายในการรักษาเพิ่มขึ้น [2]

เนื่องจากการตรวจหาปริมาตรเนื้อตายในมะเร็งกระดูกหลังได้รับยาเคมีบำบัดตามมาตรฐานสากล ศัลยแพทย์ออร์โธปิดิกส์จะทำการผ่าตัดกระดูกส่วนที่เป็นมะเร็งทั้งหมดออกจากตัวผู้ป่วย จากนั้นนำกระดูกส่วนที่ตัดออกมา ส่งให้กับพยาธิแพทย์เพื่อทำการตัดเป็นชิ้นเล็กๆ และนำเพียงผิวของกระดูกแต่ละชิ้นไปส่องกล้องจุลทรรศน์ดูระดับเซลล์เพื่อบ่งถึงการตายของเซลล์มะเร็ง ซึ่งเป็นงานที่ต้องสิ้นเปลืองวัสดุและแรงงานจำนวนมาก โดยที่ค่าเฉลี่ยของเปอร์เซ็นต์เนื้อตายนี้ ยังมีค่าความคลาดเคลื่อนอันเนื่องจากลักษณะของงานที่ดูเพียงผิวของเนื้อกระดูกแต่ละชิ้นแล้วนำมาสรุปโดยเฉลี่ยเป็นส่วนของเนื้อตายทั้งก้อน [5, 6, 7]

ในปัจจุบัน แม้ว่าเครื่องตรวจเอกซเรย์คอมพิวเตอร์ [8, 9, 10] หรือเครื่องตรวจพลังคลื่นแม่เหล็ก [11, 12, 13] จะสามารถจำลองรูปภาพการตัดขวางเนื้อมะเร็งออกเป็นชิ้นๆ ได้โดยละเอียด แต่ก็ยังไม่สามารถบ่งถึงเนื้อตายได้ชัดเจนแน่นอนเทียบเท่ากับการดูด้วยกล้องจุลทรรศน์ระดับเซลล์ ดังนั้นขบวนการตรวจด้วยกล้องจุลทรรศน์ดูเปอร์เซ็นต์เนื้อตาย จึงเป็นวิธีที่ควรปรับปรุงให้มีประสิทธิภาพในการพยากรณ์ โดยให้มีค่าความคลาดเคลื่อนน้อยที่สุด

1.2 ความมุ่งหมายและวัตถุประสงค์ของการศึกษา

งานวิจัยนี้จึงมุ่งศึกษาพร้อมทั้งได้แสดงถึงความคลาดเคลื่อนของการคำนวณหาค่าอัตราส่วนของปริมาตรเนื้อตายต่อปริมาตรเนื้อมะเร็งทั้งหมดในขบวนการส่องกล้องจุลทรรศน์ของหน่วยงานพยาธิวิทยาที่ปฏิบัติอยู่ในปัจจุบัน และได้นำเสนอวิธีการคำนวณหาค่าปริมาตรที่ถูกต้องของขบวนการส่องกล้องจุลทรรศน์ โดยอาศัยหลักการประมาณค่าในช่วงทางคณิตศาสตร์ (Interpolation) มาช่วยในการคำนวณค่าอัตราส่วนของปริมาตรเนื้อตายต่อปริมาตรเนื้อมะเร็งทั้งหมด ซึ่งค่าเปอร์เซ็นต์ความผิดพลาดที่ได้จากการคำนวณในวิธีที่นำเสนอดังกล่าวนี้จะมีค่าน้อย

กว่าวิธีคำนวณที่ใช้อยู่ในปัจจุบันมาก รวมทั้งหาค่าระยะความห่างและจำนวนชิ้นในการตัดเนื้อกระดูกที่เหมาะสม ซึ่งค่าระยะความห่างและจำนวนชิ้นในการตัดเนื้อกระดูกก็คือค่าพารามิเตอร์ของขบวนการส่องกล้องจุลทรรศน์ การคำนวณค่าอัตราส่วนของปริมาตรเนื้อตายต่อปริมาตรเนื้อมะเร็งทั้งหมดจากวิธีที่นำเสนอในวิทยานิพนธ์นี้ และค่าพารามิเตอร์ของขบวนการส่องกล้องจุลทรรศน์ที่เหมาะสมช่วยให้ขบวนการส่องกล้องจุลทรรศน์ของงานพยาธิวิทยามีประสิทธิภาพ ประสิทธิผลและผลการตรวจมีความน่าเชื่อถือ แพทย์สามารถใช้ขบวนการส่องกล้องจุลทรรศน์ในการวินิจฉัยเพื่อการรักษาโรคได้อย่างถูกต้องต่อไป

1.3 สมมติฐานของการศึกษา

ข้อด้อยของการคำนวณหาอัตราส่วนของปริมาตรเนื้อตายต่อปริมาตรเนื้อมะเร็งทั้งหมดในขบวนการส่องกล้องจุลทรรศน์ของหน่วยงานพยาธิวิทยาที่ปฏิบัติอยู่ในปัจจุบัน คือการใช้ค่าเฉลี่ยของชุดข้อมูลอัตราส่วนของพื้นที่เนื้อตายต่อพื้นที่เนื้อมะเร็งในแต่ละหน้าตัด มาเป็นตัวแทนบ่งถึงอัตราส่วนของปริมาตรเนื้อตายต่อปริมาตรเนื้อมะเร็งทั้งหมด ซึ่งตัวแทนที่เป็นค่าเฉลี่ยนี้ มีส่วนทำให้ค่าพยากรณ์มีความคลาดเคลื่อนเกิดขึ้น เนื่องจากในทางสถิติตัวแทนแบบค่าเฉลี่ยนี้จะเป็นตัวแทนที่ไม่เหมาะสมหากชุดข้อมูลมีการกระจายที่ไม่เหมาะสม ตัวอย่างเช่น การจับกลุ่มของชุดข้อมูลส่วนใหญ่อยู่ในระดับสูง และมีบางส่วนที่อยู่ในระดับต่ำมากๆ จะทำให้ค่าเฉลี่ยที่ได้ต่ำกว่าที่ควรจะเป็น หรือในทางตรงข้ามหากการจับกลุ่มของชุดข้อมูลส่วนใหญ่อยู่ในระดับต่ำ และมีบางส่วนที่อยู่ในระดับสูงมากๆ จะทำให้ค่าเฉลี่ยที่ได้มีค่าสูงกว่าที่ควรจะเป็น นอกจากนี้การใช้ชุดข้อมูลขั้นต้นซึ่งก็คือพื้นที่เนื้อตายและพื้นที่เนื้อมะเร็งในแต่ละหน้าตัดนั้น อาจมีความคลาดเคลื่อนเกิดขึ้นได้หากเนื้อตายที่อยู่ระหว่างสองหน้าตัดที่อยู่ติดกันไม่ใช่เส้นตรง ซึ่งทั้งสองกรณีดังกล่าวมา มีส่วนทำให้ค่าพยากรณ์ที่แพทย์นำไปวินิจฉัยมีความคลาดเคลื่อนไปจากความเป็นจริง ดังนั้น การใช้ค่าเฉลี่ยจากชุดข้อมูลอัตราส่วนของพื้นที่เนื้อตายต่อเนื้อมะเร็งของแต่ละหน้าตัดมาเป็นตัวแทนสรุปเสมือนเป็นอัตราส่วนของปริมาตรเนื้อตายต่อปริมาตรเนื้อมะเร็งดังวิธีการที่ใช้อยู่ในปัจจุบันจึงเป็นสิ่งที่ไม่เหมาะสมอย่างยิ่ง

สำหรับการแก้ปัญหาข้างต้นนี้ ได้ใช้ทฤษฎีการประมาณค่าในช่วงทางคณิตศาสตร์เข้ามาช่วยในการพยากรณ์ค่าของพื้นที่ที่อยู่ระหว่างหน้าตัดกระดูกที่อยู่ติดกัน ซึ่งพื้นที่ที่ถูกพยากรณ์เพิ่มเหล่านี้จะช่วยปรับปรุงความละเอียดของชุดข้อมูลให้มีมากขึ้น และการคำนวณหาค่าอัตราส่วนของปริมาตรเนื้อตายต่อปริมาตรเนื้อมะเร็งทั้งหมดจะมีความใกล้เคียงกับค่าจริงของอัตราส่วนของเนื้อตายต่อเนื้อมะเร็งทั้งหมด ซึ่งลดค่าความคลาดเคลื่อนลงกว่าการใช้ตัวแทนแบบค่าเฉลี่ยตามที่ปฏิบัติอยู่ในปัจจุบัน

1.4 ทฤษฎีหรือแนวคิดที่ใช้ในการวิจัย

ในงานวิจัยนี้ เริ่มจากการจำลองระบบโดยการสร้างโมเดลกระดูกด้วยโปรแกรมสามมิติ ทำการหั่นโมเดลที่ได้ออกเป็นส่วนๆ ในแต่ละส่วนหรือแต่ละชิ้นเปรียบเสมือนจำลองการตัดขวางชิ้นกระดูกที่ประกอบด้วยส่วนของเนื้อตายและเนื้อมะเร็ง จากนั้นจึงทำการวัดค่าพื้นที่เนื้อตายและพื้นที่เนื้อมะเร็งของแต่ละหน้าตัด นำไปพัฒนาโปรแกรมคำนวณหาค่าอัตราส่วนเนื้อตายต่อเนื้อมะเร็งทั้งหมด จากทั้งวิธีการที่ใช้ในปัจจุบัน ซึ่งใช้การเฉลี่ยค่าของอัตราส่วนของพื้นที่เนื้อตายต่อเนื้อมะเร็ง และวิธีการใหม่ที่นำเสนอในงานวิจัย ซึ่งใช้ทฤษฎีการประมาณค่าในช่วงมาพยากรณ์หาค่าพื้นที่เนื้อตายและพื้นที่เนื้อมะเร็งที่อยู่ระหว่าง 2 หน้าตัด เปรียบเสมือนการเพิ่มความถี่ของการหั่นหรือเป็นการเพิ่มจำนวนชิ้นของภาพตัดขวางกระดูก ทำให้ได้ชุดข้อมูลพื้นที่เนื้อตายและพื้นที่เนื้อมะเร็งใหม่ที่มีความละเอียดมากขึ้น สามารถนำไปคำนวณหาค่าปริมาตรเนื้อตาย ปริมาตรเนื้อมะเร็ง และเปรียบเทียบเป็นอัตราส่วนของเนื้อตายต่อเนื้อมะเร็งทั้งหมด นำค่าผลลัพธ์ที่ได้ไปเปรียบเทียบกับอัตราส่วนระหว่างปริมาตรเนื้อตายต่อปริมาตรเนื้อมะเร็งทั้งหมดที่เป็นค่าสุทธิจริงจากโมเดลกระดูกที่จำลองขึ้น เพื่อดูค่าความคลาดเคลื่อนของการคำนวณในแต่ละวิธี ซึ่งจากการทดสอบด้วยการประมาณค่าในช่วงแบบต่างๆ พบว่าการประมาณค่าในช่วงแบบแบ่งเป็นช่วงโดยเส้นโค้งกำลังสาม มีลักษณะที่เหมาะสมกับข้อมูลการทดลอง เนื่องจากมีลักษณะการโค้งเข้าและโค้งออกได้อย่างเป็นธรรมชาติและเหมาะสมกับชุดข้อมูลโดยทั่วไป ดังนั้นในงานวิจัยนี้ จึงเลือกใช้ทฤษฎีการประมาณค่าในช่วงแบบแบ่งเป็นช่วงโดยเส้นโค้งกำลังสามเป็นหลักในวิธีการใหม่ที่จะนำเสนอในงานวิจัย

1.5 ขอบเขตการศึกษา

วิทยานิพนธ์นี้มีขอบเขตของการวิจัย ซึ่งแบ่งเป็น 2 ส่วนดังนี้

__ส่วนที่ 1__ ด้านทฤษฎี

หลังจากได้ทำการศึกษาเทคนิคการพยากรณ์อัตราส่วนเนื้อตายต่อเนื้อมะเร็งในกระดูกของขบวนการส่องกล้องจุลทรรศน์ที่ปฏิบัติในปัจจุบัน พบว่ามีความคลาดเคลื่อนเนื่องมาจากการเฉลี่ยค่าอัตราส่วนพื้นที่เนื้อตายต่อพื้นที่เนื้อมะเร็ง ดังนั้นจึงขอนำเสนอวิธีการใหม่ที่ปรับปรุงเทคนิคการพยากรณ์อัตราส่วนเนื้อตายต่อเนื้อมะเร็งในกระดูกเพื่อเพิ่มประสิทธิภาพในการทำงานดังนี้

1) ใช้ทฤษฎีการประมาณค่าในช่วงแบบแบ่งเป็นช่วงโดยเส้นโค้งกำลังสาม มาพยากรณ์หาค่าพื้นที่เนื้อตายและพื้นที่เนื้อมะเร็งที่อยู่ระหว่างหน้าตัดกระดูก เปรียบเสมือนการเพิ่มความละเอียด

ของชุดข้อมูลต้นให้มีมากขึ้น ซึ่งชุดข้อมูลใหม่ที่ได้มีส่วนช่วยลดความคลาดเคลื่อนจากการคำนวณอัตราส่วนเนื้อตายต่อเนื้อมะเร็งให้น้อยลง

2) การคำนวณหาค่าปริมาตรเนื้อตายและปริมาตรเนื้อมะเร็งจากข้อมูลพื้นที่เนื้อตายและพื้นที่เนื้อมะเร็งที่พยากรณ์ได้ เมื่อนำค่าทั้งสองนี้มาเปรียบเทียบเป็นค่าอัตราส่วนของเนื้อตายต่อเนื้อมะเร็ง ในการนี้จะเป็นการหลีกเลี่ยงการใช้ค่าเฉลี่ยของอัตราส่วนพื้นที่เนื้อตายต่อพื้นที่เนื้อมะเร็งของทุกหน้าตัดมาเป็นตัวแทนชุดข้อมูล

<u>**ส่วนที่ 2**</u> ด้านการประยุกต์ใช้งาน

เนื่องจากในทางปฏิบัติจริง จะไม่สามารถหาค่าปริมาตรของกระดูกที่แท้จริงได้โดยง่าย ซึ่งค่าปริมาตรกระดูกที่แท้จริงนี้จะใช้เป็นตัวชี้วัดค่าความคลาดเคลื่อนในการคำนวณค่าอัตราส่วนเนื้อตายต่อเนื้อมะเร็งในแต่ละวิธี หากต้องการทราบค่าปริมาตรกระดูกนี้ จะต้องทำการบดชิ้นกระดูกให้ละเอียดแล้วนำไปส่องกล้องจุลทรรศน์ทำการแยกเซลล์เนื้อตายทีละเซลล์ เป็นขั้นตอนที่ยุ่งยากและสิ้นเปลืองแรงงาน ดังนั้นงานวิจัยนี้จึงเริ่มจากการจำลองระบบ โดยการสร้างโมเดลกระดูกด้วยโปรแกรมสามมิติ Form Z ซึ่งการจำลองโมเดลกระดูกนี้ จะทำให้สามารถหาค่าปริมาตรกระดูกที่แท้จริงได้ จากนั้นจึงนำทฤษฎีที่ได้จากการศึกษาในส่วนแรกมาพัฒนาโปรแกรมคำนวณทางคณิตศาสตร์ คำนวณหาค่าพยากรณ์อัตราส่วนของเนื้อตายต่อเนื้อมะเร็งจากทั้งวิธีที่ใช้ในปัจจุบันและวิธีการใหม่ที่นำเสนอ ทำการเปรียบเทียบผลลัพธ์ค่าพยากรณ์ที่ได้จากการจำลองในแต่ละวิธีกับค่าจริงที่ได้จากโมเดลกระดูกต้นแบบ ซึ่งก็คือค่าความคลาดเคลื่อนในแต่วิธีนั่นเอง ใช้ค่าความคลาดเคลื่อนนี้เป็นแนวทางในการวิเคราะห์เพื่อหาผลสรุปต่อไป โดยในงานวิจัยนี้ได้ทดลองสร้างระบบจำลองโมเดลกระดูกต้นแบบมากมาย เพื่อให้ครอบคลุมทุกกรณีที่เป็นไปได้

1.6 ส่วนประกอบของวิทยานิพนธ์

วิทยานิพนธ์ฉบับนี้ได้แบ่งเนื้อหาออกเป็น 6 บทด้วยกัน คือ

<u>**บทที่ 1**</u> เป็นบทนำที่กล่าวถึงความเป็นมาของงานวิจัย ความมุ่งหมายและวัตถุประสงค์ สมมติฐาน ทฤษฎีที่ใช้ ขอบเขตของการวิจัย และขั้นตอนการศึกษา

<u>**บทที่ 2**</u> กล่าวถึงขบวนการตรวจหาปริมาตรของมะเร็งกระดูกที่ใช้อยู่ในปัจจุบัน ซึ่งประกอบไปด้วยการตรวจด้วยเครื่องเอกซเรย์คอมพิวเตอร์, เครื่องตรวจพลังคลื่นแม่เหล็ก และขบวนการส่องกล้องจุลทรรศน์กระดูก (Bone Biopsy) รวมทั้งอธิบายการคำนวณหาค่าพยากรณ์อัตราส่วนเนื้อตายต่อเนื้อมะเร็งในกระดูกในของขบวนการส่องกล้องจุลทรรศน์ที่ใช้อยู่ในปัจจุบันของแผนกพยาธิวิทยา

<u>บทที่ 3</u> กล่าวถึงทฤษฎีการประมาณค่าในช่วงโดยเริ่มจาก นิยามพหุนาม ทฤษฎีการประมาณค่าในช่วงโดยใช้พหุนามแบบต่างๆ ได้แก่ การประมาณค่าในช่วงแบบลากรองจ์, การประมาณค่าในช่วงแบบนิวตัน, การประมาณค่าในช่วงแบบไอเก็นและเนวิลล์ ซึ่งทั้งหมดเป็นพื้นฐานของทฤษฎีการประมาณค่าในช่วงแบบแบ่งเป็นช่วงที่จะใช้ในงานวิจัย ตามด้วยทฤษฎีการประมาณค่าในช่วงแบบแบ่งเป็นช่วงโดยเส้นโค้งกำลังหนึ่ง, เส้นโค้งกำลังสอง, เส้นโค้งกำลังสาม, การประมาณค่าโดยเส้นโค้งแบบอื่นๆ ได้แก่ เส้นโค้งกำลังสามแบบเฮอร์มิท, เส้นโค้งแบบกำลังสามเบซิเยร์ และเส้นโค้งกำลังสามแบบบี-สไปลน์ ตามลำดับ

<u>บทที่ 4</u> กล่าวถึงการออกแบบการจำลองระบบของขบวนการส่องกล้องจุลทรรศน์ โดยเริ่มต้นด้วยการเลือกโปรแกรมสามมิติที่จะใช้พัฒนาโมเดลกระดูกต้นแบบ จากนั้นจึงอธิบายถึงขั้นตอนการสร้างโมเดลกระดูก รวมถึงการสุ่มพื้นที่เนื้อมะเร็งตายเพื่อสร้างส่วนของเนื้อมะเร็งตายภายใน ขั้นตอนต่อไปจึงทำการหั่นโมเดลกระดูกที่สร้างได้ออกเป็นท่อนๆ และหาค่าพื้นที่ในแต่ละหน้าตัด ตามด้วยการพัฒนาโปรแกรมคำนวณหาอัตราส่วนเนื้อตายต่อเนื้อมะเร็งจากโมเดลที่สร้างขึ้น โดยจะอธิบายถึงแต่ละส่วนของโปรแกรมโดยละเอียด ได้แก่ การรับข้อมูลจากไฟล์ข้อมูลต้น, ส่วนของการควบคุมจำนวนรอบการทำงาน, การคำนวณหาอัตราส่วนเนื้อตายต่อเนื้อมะเร็งโดยวิธีการที่ใช้ในปัจจุบันและวิธีการใหม่ที่นำเสนอ พร้อมทั้งหาค่าความคลาดเคลื่อนของแต่ละวิธี ซึ่งค่าอัตราส่วนเนื้อตายต่อเนื้อมะเร็งที่คำนวณได้จากทั้งวิธีการที่ใช้ในปัจจุบันและวิธีการใหม่ที่นำเสนอ จะถูกนำไปเปรียบเทียบกับค่าปริมาตรจริงของโมเดลกระดูกต้นแบบ เพื่อแสดงให้เห็นว่าวิธีการใหม่ที่นำเสนอนั้นสามารถที่จะช่วยให้การพยากรณ์ค่าอัตราส่วนเนื้อตายต่อเนื้อมะเร็งมีความถูกต้องแม่นยำมากขึ้น และลงท้ายด้วยส่วนของการแสดงผลลัพธ์การคำนวณ

<u>บทที่ 5</u> กล่าวถึงผลการทดลองที่ได้จากการสร้างโมเดลขึ้นทดสอบในรูปแบบต่างๆ โดยเริ่มจากการอธิบายรูปแบบของการนำเสนอผลการทดลองในลักษณะกราฟแสดงความสัมพันธ์ระหว่างค่าเปอร์เซ็นต์ความคลาดเคลื่อนของการคำนวณกับค่าความเบี่ยงเบนมาตรฐานของชุดข้อมูลต้น ทำการเปรียบเทียบผลการทดลองที่คำนวณด้วยวิธีใหม่ ซึ่งใช้ทฤษฎีการประมาณค่าในช่วงแบบต่างๆ เพื่อแสดงให้เห็นว่า การประมาณค่าในช่วงแบบแบ่งช่วงโดยเส้นโค้งกำลังสามนั้น ให้ผลลัพธ์ที่มีค่าความคลาดเคลื่อนน้อยกว่าการประมาณค่าในช่วงแบบอื่นๆ จากนั้นจึงทำการเปรียบเทียบผลการทดลองระหว่างการคำนวณด้วยวิธีปัจจุบัน และวิธีการใหม่ที่ใช้ทฤษฎีการประมาณค่าในช่วงแบบแบ่งเป็นช่วงโดยเส้นโค้งกำลังสาม และลงท้ายด้วยการอภิปรายผลการทดลองในรูปแบบของค่าเปอร์เซ็นต์ความคลาดเคลื่อนที่สามารถเกิดขึ้นได้ในมะเร็งกระดูกที่มีส่วนของเนื้อตายตามแต่ละระดับเกรด

<u>บทที่ 6</u> เป็นบทสรุปผลการวิจัยและนำเสนอข้อเสนอแนะ

บทที่ 2
ขบวนการตรวจหาปริมาตรของเนื้อมะเร็งที่ใช้อยู่ในปัจจุบัน

ขบวนการตรวจหาปริมาตรของเนื้อมะเร็งที่ใช้อยู่ในปัจจุบัน มีด้วยกันหลายวิธี เช่น การตรวจด้วยเครื่องเอกซเรย์คอมพิวเตอร์, เครื่องตรวจพลังคลื่นแม่เหล็ก และขบวนการส่องกล้องจุลทรรศน์ทางพยาธิวิทยา ซึ่งมีรายละเอียดรวมทั้งข้อดีและข้อเสียของแต่ละวิธีมี ดังต่อไปนี้

2.1 เครื่องเอกซเรย์คอมพิวเตอร์ (CT Scan)

โดยทั่วไปเครื่องเอกซเรย์คอมพิวเตอร์มีราคาอยู่ระหว่าง 10 ล้านบาท ค่าใช้จ่ายในการดูแลรักษาเครื่องตกประมาณปีละ 1 ล้านบาท หลอดเอกซเรย์ที่ใช้ตรวจมีราคา 8 แสนถึง 1 ล้านบาท โดยที่บริษัทที่ขายเครื่องจะประกันการใช้งานไม่เกิน 20,000 ภาพ ค่าฟิล์มที่ใช้ถ่ายภาพราคาประมาณแผ่นละ 100 บาท ดังนั้นค่าตรวจจึงมีราคาประมาณ 4,000-5,000 บาท เครื่องเอกซเรย์คอมพิวเตอร์เหมาะสำหรับดูว่ามีเลือดออกในสมอง หรือในกรณีที่ได้รับอุบัติเหตุทางสมอง หรือเนื้องอกในสมองหรือบริเวณอื่นๆ ที่มีขนาดใหญ่กว่า 1 เซนติเมตร หลักการทำงานคือ ให้ผู้ป่วยนอนบนเตียงเข้าไปในเครื่อง ซึ่งมีหลอดเอกซเรย์ถ่ายภาพตัดขวาง ตามแนวตัดขวางของอวัยวะ แล้วสร้างรูปเป็นรูปภาพของอวัยวะภายใน และภายนอกที่เหมือนอวัยวะจริงๆ ของมนุษย์ [8, 9] เปรียบเสมือนการเอามีดหรือเครื่องตัดไข่ ตัดลงไปบนไข่ต้มแล้วมาดูเป็นแว่นๆ สามารถเห็นความผิดปกติของอวัยวะภายในอย่างละเอียดเหมือนของจริง

ปกติแล้วภาพของอวัยวะที่ต้องการตรวจจะถูกตัดออกมาเป็นภาพหนาประมาณ 1 เซนติเมตร ในกรณีที่อยากให้บางกว่านั้น ก็สามารถตัดให้บางได้ถึง 1-2 มิลลิเมตร เครื่องมือนี้สามารถแสดงให้เห็นความผิดปกติภายในอวัยวะของมนุษย์ ซึ่งช่วยให้แพทย์ทราบความผิดปกติของผู้ป่วย และแพทย์สามารถตัดสินใจรักษาผู้ป่วยได้ถูกต้อง ยกตัวอย่างเช่น ผู้ป่วยอายุ 45 ปี มีประวัติแขนและขาซ้ายอ่อนแรงทันทีทันใดใน 1 ชั่วโมง แพทย์ทั่วไปทราบว่าเป็นโรคเกี่ยวกับหลอดเลือดทางสมอง ซึ่งมี 2 ภาวะ คือ เส้นเลือดแตก หรือเส้นเลือดตีบตัน การรักษาแต่ละอย่างจะตรงกันข้าม เช่น ในกรณีเส้นเลือดอุดตัน แพทย์ให้ยาละลายลิ่มเลือดได้ แต่ถ้าเส้นเลือดแตกแพทย์จะไม่ให้การรักษาโดยยาละลายลิ่มเลือด เพราะเลือดจะออกมากขึ้น ดังนั้นแพทย์จึงจำเป็นต้องทราบความผิดปกติของโรคให้ถูกต้อง โดยการส่งตรวจด้วยเอกซเรย์คอมพิวเตอร์ ดูเนื้อสมองของผู้ป่วยว่าอยู่ในภาวะใด จะเห็นได้ว่าการตรวจนี้มีความจำเป็นจริงๆ ในการให้การรักษาผู้ป่วยประเภทนี้ในบางกรณีที่ผู้ป่วยมีเส้นเลือดแตกในสมอง การฉีดยาเข้าไปในเส้นเลือด อาจเห็นภาวะเส้นเลือดโป่งพองใหญ่ๆ ในสมองหรือเส้นเลือดผิดปกติในสมอง ที่เป็นสาเหตุของเลือดออกในสมองได้ แต่

ข้อจำกัดของเอกซเรย์คอมพิวเตอร์ คือ ในบริเวณอวัยวะส่วนที่มีกระดูกบังอาจเห็นไม่ชัด เพราะถูกกระดูกรอบๆ รบกวนการสร้างภาพ เช่น บริเวณแกนสมอง บริเวณประสาทไขสันหลัง ดังนั้นจึงมีผู้คิดค้นหาเครื่องมือใหม่ คือ เครื่องตรวจพลังคลื่นแม่เหล็ก มาตรวจบริเวณอวัยวะส่วนที่มีกระดูกบัง [9, 10]

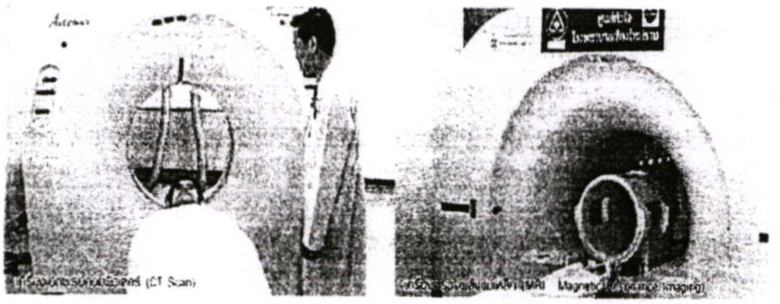
2.2 เครื่องตรวจพลังคลื่นแม่เหล็ก (MRI Scan)

เครื่องตรวจพลังคลื่นแม่เหล็กมีราคาประมาณ 20-50 ล้าน ค่าดูแลรักษาปีละ 2 ล้านบาท ดังนั้นค่าตรวจจึงมีราคาประมาณ 8,000-12,000 บาท ซึ่งแพงกว่า ค่าตรวจจากเครื่องเอกซเรย์คอมพิวเตอร์ เครื่องตรวจพลังคลื่นแม่เหล็กใช้เทคนิคการสร้างภาพด้วยสนามแม่เหล็ก เป็นเครื่องมือที่ใช้ตรวจอวัยวะของร่างกายได้ทุกส่วน [11, 12] ซึ่งส่วนมากจะใช้ในการดูภาพโครงสร้างของร่างกาย เช่น กระดูก เอ็น กล้ามเนื้อ สมองและไขสันหลัง หรือเนื้องอก เป็นต้น แพทย์สามารถที่จะวินิจฉัยได้จากภาพลักษณะของสีขาว-ดำ ตำแหน่ง ตลอดจนปฏิกิริยาต่อยาที่ฉีดเข้าไป ซึ่งโดยทั่วไปจะสามารถบอกได้ 70-90% แต่การที่จะยืนยันว่าเป็นเซลล์มะเร็งชนิดใดนั้น แพทย์มักจะต้องตัดชิ้นเนื้อมาตรวจเพื่อให้ทราบชนิดของเซลล์มะเร็งที่แน่นอนซึ่งจะมีผลต่อการวางแผนการรักษา ข้อดีของเครื่องตรวจพลังคลื่นแม่เหล็ก คือไม่ถูกรบกวนโดยกระดูกของร่างกาย และไม่มีผลทางรังสีต่อผู้ป่วย เพราะใช้หลักการของคลื่นวิทยุ และคลื่นแม่เหล็ก สามารถสร้างภาพในแนวต่างๆ ที่ต้องการ โดยให้ผู้ป่วยนอนนิ่งๆ สามารถสร้างภาพในแนวตั้งตะแคง แนวนอน หรือแนวเฉียง แล้วแต่ว่าต้องการจะให้เกิดภาพในแนวใด [13]

ในแง่ของการตรวจแกนสมอง และไขสันหลัง อาจเรียกได้ว่า เครื่องตรวจพลังคลื่นแม่เหล็กเป็นเครื่องมือชนิดเดียวที่จะเห็นความผิดปกติของแกนสมองและไขสันหลังได้อย่างชัดเจน นอกจากนี้ยังสามารถเห็นความผิดปกติของเส้นเลือดได้อย่างคร่าวๆ อาจวินิจฉัยภาวะเส้นเลือดโป่งพองหรือเส้นเลือดอุดตันได้ชัดเจนในผู้ป่วยบางราย โดยที่ไม่ต้องฉีดสารทึบแสง หรือฉีดสีเข้าสู่ร่างกายของผู้ป่วย [11, 13]

ในกรณีที่ผู้ป่วยต้องได้รับการฉีดสารแม่เหล็กเข้าหลอดเลือดเพื่อวินิจฉัยโรคบางอย่าง ก็ไม่มีผลต่อไตของผู้ป่วย ไม่เหมือนสารทึบแสงที่ใช้ในเอกซเรย์คอมพิวเตอร์ [8]

ข้อเสียของเครื่องเอกซเรย์คอมพิวเตอร์และเครื่องตรวจพลังคลื่นแม่เหล็กคือผู้ป่วยต้องนอนนิ่งๆ เป็นเวลานาน ตัวอย่างเช่น การตรวจสมองใช้เวลาประมาณ 1 ชั่วโมง ขณะที่เอกซเรย์คอมพิวเตอร์ใช้เวลาประมาณ 10-30 นาที เครื่องตรวจพลังคลื่นแม่เหล็กจึงไม่เหมาะกับคนไข้อุบัติเหตุที่ไม่รู้สึกตัว หรือ ผู้ป่วยที่ไม่สามารถนอนนิ่งๆ เป็นเวลานาน และค่าตรวจมีราคาค่อนข้างสูง อีกทั้งยังมีโรงพยาบาลจำนวนไม่น้อยที่ขาดแคลนเครื่องตรวจพลังคลื่นแม่เหล็ก หรือเครื่องเอกซเรย์คอมพิวเตอร์ โดยเฉพาะโรงพยาบาลในเขตพื้นที่ห่างไกลหลายแห่ง



รูปที่ 2.1 เครื่องเอกซเรย์คอมพิวเตอร์ (ซ้าย) และเครื่องตรวจพลังคลื่นแม่เหล็ก (ขวา)

จากรูปที่ 2.1 การตรวจทั้งสองแบบ ยังไม่ใช่วิธีมาตรฐานในการดูเนื้อมะเร็ง เพราะไม่สามารถระบุขอบเขตที่ชัดเจนระหว่างเนื้อดี, เนื้อมะเร็ง, เนื้อปฏิกิริยารอยต่อของมะเร็ง ตลอดจนเนื้อตายของมะเร็งหลังได้รับยาเคมีบำบัด เพียงแต่กรรมวิธีข้างต้นมีความสะดวกรวดเร็วในการจำลองรูปภาพออกมาเป็นสองมิติหรือสามมิติได้โดยละเอียด

2.3 ขบวนการส่องกล้องจุลทรรศน์ตรวจทางพยาธิวิทยา

สำหรับผู้ป่วยโรคมะเร็งกระดูก แพทย์จะให้ยาเคมีบำบัดและทำการผ่าตัดกระดูกที่เป็นมะเร็งออกมาส่วนหนึ่ง อาทิ ประมาณ 10x6x6 ซม^3 ดังรูปที่ 2.2 โดยทำการส่งชิ้นกระดูกนี้ไปให้งานพยาธิวิทยา ปัจจุบันวิธีการคำนวณปริมาณเนื้อตายของมะเร็งกระดูกในทางพยาธิวิทยา คือ การตัดกระดูกเป็นแผ่นหนาประมาณ 1 เซนติเมตรตามลำดับ ดังรูปที่ 2.3 ซึ่งก็คือภาพตัดขวางของกระดูกรูปที่ 2.2 โดยภาพตัดขวางของกระดูกมีเนื้อขนาดใหญ่กว่าแผ่นกระจกสไลด์ จึงแบ่งภาพตัดขวางเป็นชิ้นส่วนเล็กๆ ขนาดประมาณ 2x1 เซนติเมตร หนาประมาณ 3-5 ไมครอน โดยจะนำผิวของแต่ละชิ้นส่วนเล็กๆ เหล่านี้มาดูพื้นที่เนื้อตายและเนื้อมะเร็งจากกล้องจุลทรรศน์ [5, 6, 7] ดังรูปที่ 2.4 และ 2.5 ในแต่ละภาพตัดขวางที่ i หาพื้นที่ของเนื้อตายที่เกิดขึ้นคือค่า x_i พื้นที่ของเนื้อมะเร็งคือค่า y_i จากนั้นจึงทำการคำนวณหาค่าเฉลี่ยของอัตราส่วนเนื้อตายต่อเนื้อมะเร็งของแต่ละพื้นที่หน้าตัดโดยใช้สูตรดังนี้

$$R_{current} = \frac{\sum_{i=1}^{n}\left(\frac{x_i}{y_i}\right)}{n} \tag{2.1}$$

เมื่อ

$R_{current}$ เป็นอัตราส่วนเนื้อตายต่อเนื้อมะเร็งทั้งหมด

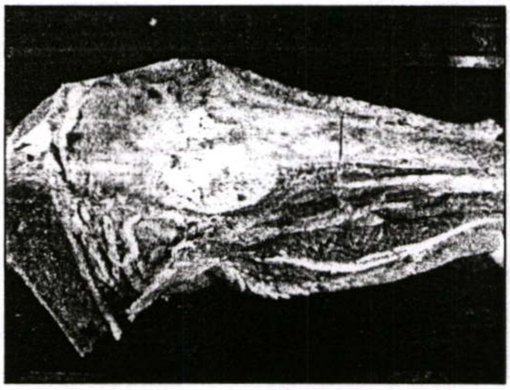
x_i เป็นพื้นที่เนื้อตายของแต่ละหน้าตัด

y_i เป็นพื้นที่เนื้อมะเร็งของแต่ละหน้าตัด

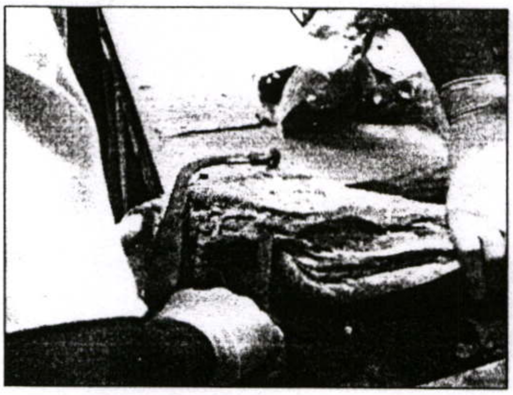
i เป็นลำดับที่ของหน้าตัด ซึ่งมีค่าตั้งแต่ 1 ถึง n

n เป็นจำนวนหน้าตัดทั้งหมด

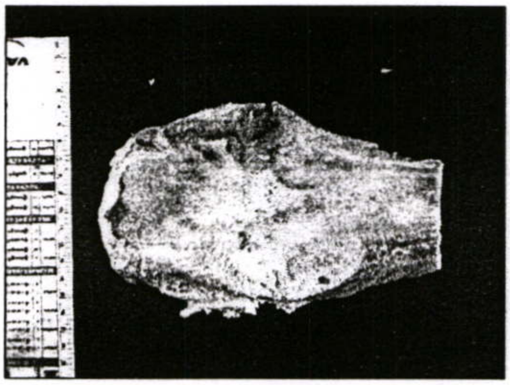
ซึ่งค่าเฉลี่ยดังกล่าวถูกใช้เป็นตัวแทนสำหรับค่าอัตราส่วนเนื้อตายต่อเนื้อมะเร็งทั้งหมด ขบวนการส่องกล้องจุลทรรศน์นี้ไม่ได้ใช้เครื่องมือที่มีราคาแพงแต่อย่างใด นอกจากนี้ยังสามารถปฏิบัติการได้ในทุกหน่วยงานพยาธิวิทยา ในงานวิจัยนี้เมื่อได้ศึกษาขบวนการส่องกล้องจุลทรรศน์อย่างละเอียดและพบว่าวิธีการดังกล่าวมีการคำนวณค่อนข้างหยาบและมีความคลาดเคลื่อนในการระบุความมากน้อยของเนื้อตาย ทั้งที่การตรวจนั้นใช้วัสดุและแรงงานเป็นจำนวนมาก ซึ่งถ้าการพยากรณ์โรคต่ำกว่าความเป็นจริง ผู้ป่วยอาจต้องได้รับการรักษาเกินความจำเป็น และหากพยากรณ์โรคสูงกว่าความเป็นจริง ผู้ป่วยอาจเกิด Recurrent ของโรคได้สูง [2, 3] ซึ่งทั้งสองกรณีผู้ป่วยต้องทุกข์ทรมาน และสูญเสียค่าใช้จ่ายในการรักษาเพิ่มขึ้น ดังนั้นในการศึกษาครั้งนี้ได้นำโปรแกรมคอมพิวเตอร์มาใช้จำลองการตัดเนื้อตรวจทางพยาธิวิทยา โดยจำลองการคำนวณค่าเฉลี่ยจากชุดข้อมูลอัตราส่วนของพื้นที่เนื้อตายต่อเนื้อมะเร็งของแต่ละหน้าตัด พร้อมทั้งได้ทำการ วิเคราะห์เปรียบเทียบกับปริมาตรเนื้อตายต่อปริมาตรเนื้อมะเร็งจริงที่ได้จากการจำลอง โดยการคำนวณค่าความคลาดเคลื่อน ดูรายละเอียดได้ในบทที่ 4



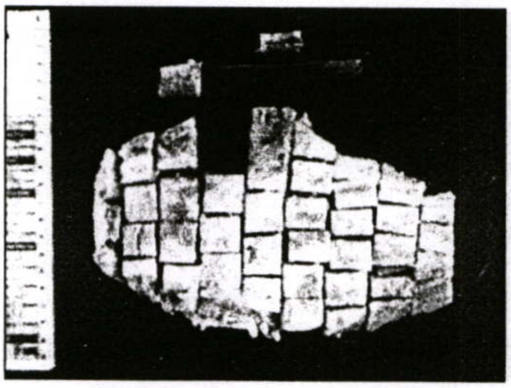
รูปที่ 2.2 แสดงส่วนของกระดูกหลังให้เคมีบำบัด



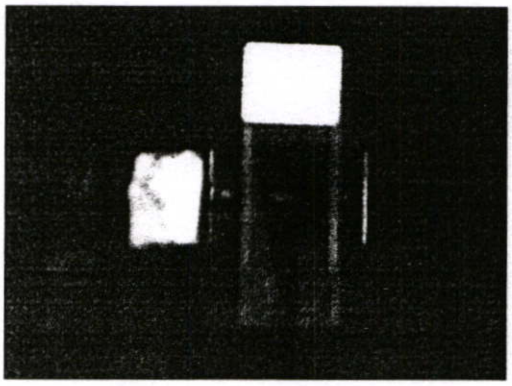
รูปที่ 2.3 แสดงการตัดขวางชิ้นกระดูก



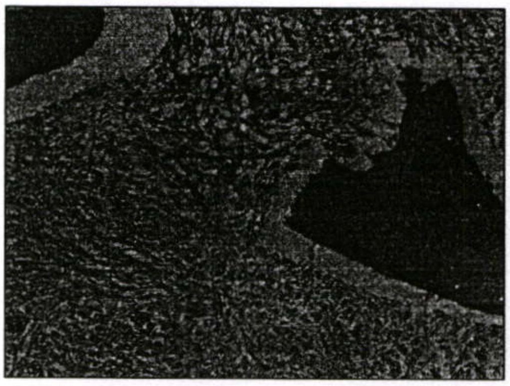
รูปที่ 2.4 แสดงชิ้นกระดูกที่ได้จากการตัดขวาง



รูปที่ 2.5 แสดงกระดูกที่ทำการตัดเป็นชิ้น
ให้มีขนาดพอกับแผ่นสไลด์



รูปที่ 2.6 แสดงแผ่นสไลด์สำหรับเตรียมส่อง
ส่องกล้องจุลทรรศน์



รูปที่ 2.7 แสดงภาพส่วนของเซลล์มะเร็งที่ได้
จากกำลังขยายของกล้องจุลทรรศน์

บทที่ 3
การประมาณค่าในช่วง

หลังจากได้ทำการศึกษาเทคนิคการพยากรณ์อัตราส่วนเนื้อตายต่อเนื้อมะเร็งในกระดูกแบบค่าเฉลี่ยของขบวนการส่องกล้องจุลทรรศน์ที่ปฏิบัติอยู่ในปัจจุบันในงานพยาธิวิทยาอย่างละเอียด จึงพบว่ามีความคลาดเคลื่อนจากสาเหตุที่ว่าตัวแทนที่เป็นค่าเฉลี่ยนี้เอง ต่อมาจึงขอนำเสนอวิธีการใหม่ โดยปรับปรุงเทคนิคการพยากรณ์อัตราส่วนเนื้อตายต่อเนื้อมะเร็งในกระดูกเพื่อเพิ่มประสิทธิภาพในการพยากรณ์ โดยค่าพยากรณ์ที่ได้จากวิธีใหม่นี้จะมีค่าความคลาดเคลื่อนที่น้อยกว่าวิธีการที่ใช้อยู่ในปัจจุบันเป็นจำนวนมาก ซึ่งสามารถดูรายละเอียดผลการทดลองได้ในบทที่ 5

ในการคำนวณค่าปริมาตรของเนื้อมะเร็งโดยวิธีใหม่ที่จะนำเสนอนี้ ใช้ทฤษฎีทางคณิตศาสตร์คือ ทฤษฎีการประมาณค่าในช่วง ดังนั้นในบทนี้ จะกล่าวถึง รายละเอียดของทฤษฎีการประมาณค่าในช่วงแบบต่างๆ โดยขอเริ่มต้นด้วย นิยามพหุนาม ทฤษฎีการประมาณค่าในช่วงโดยใช้พหุนามแบบต่างๆ ได้แก่ การประมาณค่าในช่วงแบบลากรองจ์ , การประมาณค่าในช่วงแบบนิวตัน, การประมาณค่าในช่วงแบบไอเก็นและเนวิลล์ ซึ่งทั้งหมดเป็นพื้นฐานของทฤษฎีการประมาณค่าในช่วงแบบแบ่งช่วงที่จะใช้ในงานวิจัย ตามด้วยทฤษฎีการประมาณค่าในช่วงแบบแบ่งช่วงโดยเส้นโค้งกำลังหนึ่ง, เส้นโค้งกำลังสอง, เส้นโค้งกำลังสาม, เส้นโค้งกำลังสามแบบเฮอร์มิท, เส้นโค้งกำลังสามแบบเบซิเยร์ และเส้นโค้งสามแบบบี-สไปลน์ ตามลำดับ

3.1 นิยามพหุนาม และ การประมาณค่าในช่วงโดยพหุนาม

ก่อนที่จะกล่าวถึงการประมาณค่าในช่วงโดยพหุนาม จะขอนิยามความหมายของคำว่าเอกนามและพหุนามโดยสังเขปก่อน

__นิยาม__ **เอกนาม** คือ นิพจน์ที่เขียนให้อยู่ในรูปการคูณของค่าคงที่กับตัวแปรตั้งแต่หนึ่งตัวขึ้นไป โดยที่เลขชี้กำลังของตัวแปรแต่ละตัวเป็นศูนย์หรือจำนวนเต็มบวก

__นิยาม__ **พหุนาม** คือ นิพจน์ที่สามารถเขียนให้อยู่ในรูปเอกนามหรือเขียนในรูปของการบวกของเอกนามตั้งแต่สองเอกนามขึ้นไป

ดังนั้น การประมาณค่าในช่วงโดยพหุนาม หมายถึง การหาพหุนาม $p(x)$ ซึ่งเรียกว่า พหุนามประมาณค่าในช่วง เพื่อใช้ในการประมาณค่าของฟังก์ชัน $f(x)$ โดยปรกติแล้ว จะใช้ในการประมาณค่าของฟังก์ชัน $f(x)$ ในกรณีที่

ก. ไม่ทราบตัวฟังก์ชัน $f(x)$ ว่าเป็นอย่างไร กล่าวคือ ไม่มีสูตรหรือเงื่อนไขในการคำนวณค่าของฟังก์ชัน $f(x)$ ทราบแต่เพียงค่าของฟังก์ชันที่จุดบางจุดเท่านั้น โดยค่าของฟังก์ชันนี้อาจได้มาจากการทดลองบางอย่าง เช่น การวัดค่าทางกายภาพ เป็นต้น เราจะหาพหุนาม $p(x)$ ที่แสดงถึงความสัมพันธ์ของข้อมูลเหล่านี้ โดยพหุนามที่หาได้จะสามารถใช้เพื่อหาค่าของฟังก์ชัน $f(x)$ ณ จุดอื่นๆ ที่ไม่ทราบค่าได้

ข. ทราบตัวฟังก์ชัน $f(x)$ แต่ตัวสูตรมีความซับซ้อนหรือยุ่งยากในการคำนวณ ดังนั้นจึงใช้การประมาณค่าเพื่อหาฟังก์ชันที่สามารถคำนวณได้โดยง่ายทดแทน

การประมาณค่าในช่วงโดยพหุนามนี้มีหลายรูปแบบด้วยกัน แต่ในงานวิจัยนี้จะขอกล่าวถึงรูปแบบที่นิยมใช้กันมาก และเป็นพื้นฐานในการนำไปใช้ในระเบียบวิธีเชิงตัวเลขระดับสูงที่จะกล่าวถึงในหัวข้อถัดไป ดังนี้

1. $p(x) = \dfrac{x-x_1}{x_0-x_1}f(x_0) + \dfrac{x-x_0}{x_1-x_0}f(x_1)$ จะเรียกว่า **แบบลากรองจ์**

2. $p(x) = f(x_0) + \dfrac{f(x_1)-f(x_0)}{x_1-x_0}(x-x_0)$ จะเรียกว่า **แบบนิวตัน**

3. $p(x) = \dfrac{(x-x_0)f(x_1) - (x-x_1)f(x_0)}{x_1-x_0}$ จะเรียกว่า **แบบไอเก็น-เนวิลล์**

3.1.1 การประมาณค่าในช่วงโดยพหุนามแบบลากรองจ์ (The Lagrange Interpolation Polynomial)

เป็นการประมาณค่าในช่วงซึ่งมีพหุนามดีกรีไม่เกิน $n-1$ เพื่อนำไปใช้แทนฟังก์ชัน $f(x)$ ซึ่งเป็นฟังก์ชันค่าจริงที่มีค่าแน่นอนในช่วง $[a,b]$ เมื่อกำหนดจุด $x_1,x_2,\ldots,x_n$ ในช่วง $[a,b]$ และค่า $f(x_1),f(x_2),\cdots,f(x_n)$ ให้ โดย $p(x)=f(x_k)$ สำหรับ $k=1,2,\ldots,n$ ซึ่งเขียนในรูปพหุนามได้ดังนี้

$$\begin{aligned} p_{n-1}(x) &= L_{n-1,1}(x)f(x_1) + L_{n-1,2}(x)f(x_2) \\ &\quad + \ldots + L_{n-1,n}(x)f(x_n) \\ &= \sum_{k=1}^{n} f(x_k)L_{n-1,k}(x) \end{aligned}$$

โดยที่

$$L_{n-1,k}(x) = \frac{(x-x_1)(x-x_2)\ldots(x-x_{k-1})(x-x_{k+1})\ldots(x-x_n)}{(x_k-x_1)(x_k-x_2)\ldots(x_k-x_{k-1})(x_k-x_{k+1})\ldots(x_k-x_n)}$$

$$= \prod_{\substack{i=1 \\ i \neq k}}^{n} \frac{(x - x_i)}{(x_k - x_i)}$$

<u>ตัวอย่างที่ 3.1</u> จงหาพหุนามที่ผ่านจุด $(-2,-3),(-1,0),(1,0),(2,9)$ พร้อมทั้งหา $p_3(3)$

<u>วิธีทำ</u>

$$p_3(x) = f(x_1)L_{3,1}(x) + f(x_2)L_{3,2}(x) + f(x_3)L_{3,3}(x)$$

$$\begin{aligned} L_{3,1}(x) &= \frac{(x-x_2)(x-x_3)(x-x_4)}{(x_1-x_2)(x_1-x_3)(x_1-x_4)} \\ &= \frac{(x+1)(x-1)(x-2)}{(-2+1)(-2-1)(-2-2)} \\ &= \frac{-x^3+2x^2+x-2}{12} \end{aligned}$$

$$\begin{aligned} L_{3,2}(x) &= \frac{(x-x_1)(x-x_3)(x-x_4)}{(x_2-x_1)(x_2-x_3)(x_2-x_4)} \\ &= \frac{(x+2)(x-1)(x-2)}{(-1+2)(-1-1)(-1-2)} \\ &= \frac{x^3-x^2-4x+4}{6} \end{aligned}$$

$$\begin{aligned} L_{3,3}(x) &= \frac{(x-x_1)(x-x_2)(x-x_4)}{(x_3-x_1)(x_3-x_2)(x_3-x_4)} \\ &= \frac{(x+2)(x-1)(x-2)}{(1+2)(1+1)(1-2)} \\ &= \frac{-x^3-x^2+4x+4}{6} \end{aligned}$$

$$\begin{aligned} L_{3,4}(x) &= \frac{(x-x_1)(x-x_2)(x-x_3)}{(x_4-x_1)(x_4-x_2)(x_4-x_3)} \\ &= \frac{(x+2)(x+1)(x-2)}{(2+2)(2+1)(2-1)} \\ &= \frac{x^3+2x^2-x-2}{12} \end{aligned}$$

$$p_3(x) = (-3)\left(\frac{-x^3+2x^2+x-2}{12}\right)+(0)\left(\frac{x^3-x^2-4x+4}{6}\right)$$
$$+(0)\left(\frac{-x^3-x^2+4x+4}{6}\right)+(9)\left(\frac{x^3+2x^2-x-2}{12}\right)$$
$$p_3(x) = x^3+x^2-x-1$$
$$= (3)^3+(3)^2-(3)-1$$
$$= 32$$

3.1.2 การประมาณค่าในช่วงโดยพหุนามแบบนิวตัน (The Newton Interpolation Polynomial)

สำหรับการประมาณค่าในช่วงแบบนิวตันนี้ ได้อาศัยหลักการที่ว่าค่าของอัตราส่วน $\frac{f(x_{k+1})-f(x_k)}{x_{k+1}-x_k}$ มีค่าคงที่และไม่ขึ้นกับตำแหน่งของจุด x_k, x_{k+1} ในช่วง $[a,b]$ มีวิธีการง่ายๆคือสร้างตารางค่าผลหารผลต่างสืบเนื่อง (divided difference) มาช่วยในการสร้างพหุนามการประมาณค่าในช่วงขึ้นมา ซึ่งค่าของผลหารผลต่างสืบเนื่องอันดับที่ n มีรูปแบบทั่วไปดังนี้

$$\Delta^n f_0 = \frac{\Delta^{n-1}f_1-\Delta^{n-1}f_0}{x_n-x_0}$$
$$= \frac{f[x_1,x_2,\ldots,x_n]-f[x_0,x_1,\ldots,x_{n-1}]}{x_n-x_0}$$
$$= \frac{f(x_0)}{(x_0-x_1)(x_0-x_2)\ldots(x_0-x_n)}$$
$$+\frac{f(x_1)}{(x_1-x_0)(x_1-x_2)\ldots(x_1-x_n)}$$
$$+\ldots+\frac{f(x_n)}{(x_n-x_1)(x_n-x_2)\ldots(x_n-x_{n-1})}$$
$$= \sum_{k=0}^{n} f(x_k)\prod_{\substack{i=0\\i\neq k}}^{n}\frac{1}{x_k-x_i}$$

ในการกำหนดค่าของฟังก์ชันที่จุด $x_0, x_2, \ldots, x_n$ เป็น $f(x_0), f(x_2), \ldots, f(x_n)$ โดยที่ $x_0, x_2, \ldots, x_n$ ไม่จำเป็นต้องมีช่วงห่างเท่ากัน

ตารางที่ 3.1 ตารางแสดงผลหารผลต่างสืบเนื่องเมื่อกำหนดข้อมูล $x_0, x_1, x_2, x_3, x_4, x_5$

x	$f(x)$	$\Delta f(x)$ ผลหารผลต่างสืบเนื่อง อันดับหนึ่ง	$\Delta^2 f(x)$ ผลหารผลต่างสืบเนื่อง อันดับสอง	$\Delta^3 f(x)$ ผลหารผลต่างสืบเนื่อง อันดับสาม
x_0	$f(x_0)$			
		$f[x_0,x_1] = \dfrac{f(x_1)-f(x_0)}{x_1-x_0}$		
x_1	$f(x_1)$		$f[x_0,x_1,x_2] = \dfrac{f[x_1,x_2]-f[x_0,x_1]}{x_2-x_0}$	
		$f[x_1,x_2] = \dfrac{f(x_2)-f(x_1)}{x_2-x_1}$		$f[x_0,x_1,x_2,x_3] = \dfrac{f[x_1,x_2,x_3]-f[x_0,x_1,x_2]}{x_3-x_0}$
x_2	$f(x_2)$		$f[x_1,x_2,x_3] = \dfrac{f[x_2,x_3]-f[x_1,x_2]}{x_3-x_1}$	
		$f[x_2,x_3] = \dfrac{f(x_3)-f(x_2)}{x_3-x_2}$		$f[x_1,x_2,x_3,x_4] = \dfrac{f[x_2,x_3,x_4]-f[x_1,x_2,x_3]}{x_4-x_1}$
x_3	$f(x_3)$		$f[x_2,x_3,x_4] = \dfrac{f[x_3,x_4]-f[x_2,x_3]}{x_4-x_2}$	
		$f[x_3,x_4] = \dfrac{f(x_4)-f(x_3)}{x_4-x_3}$		$f[x_2,x_3,x_4,x_5] = \dfrac{f[x_3,x_4,x_5]-f[x_2,x_3,x_4]}{x_5-x_2}$
x_4	$f(x_4)$		$f[x_3,x_4,x_5] = \dfrac{f[x_4,x_5]-f[x_3,x_4]}{x_5-x_3}$	
		$f[x_4,x_5] = \dfrac{f(x_5)-f(x_4)}{x_5-x_4}$		
x_5	$f(x_5)$			

และพหุนามการประมาณค่าในช่วงแบบนิวตัน มีรูปแบบทั่วไปดังนี้

$$p_n(x) = f(x_0) + (x-x_0)\Delta f(x_0) + (x-x_0)(x-x_1)\Delta^2 f(x_0) + \ldots + (x-x_0)(x-x_1)\ldots(x-x_n)\Delta^n f(x_0)$$

สำนักหอสมุดกลาง พระจอมเกล้าลาดกระบัง

ตัวอย่างที่ 3.2 จงหาพหุนามที่ผ่านจุด $(0,3),(1,2),(2,7),(4,59)$ และค่าของ $p_3(3)$

วิธีทำ

จากจุดที่กำหนดให้ สามารถสร้างตารางผลหารผลต่างสืบเนื่องได้ดังนี้

x	$f(x)$	$\Delta f(x)$	$\Delta^2 f(x)$	$\Delta^3 f(x)$
0	3			
		-1		
1	2		3	
		5		1
2	7		7	
		26		
4	59			

$$
\begin{aligned}
p_3(x) &= f(x_0) + (x-x_0)\Delta f(x_0) + (x-x_0)(x-x_1)\Delta^2 f(x_0) \\
&\quad + (x-x_0)(x-x_1)(x-x_2)\Delta^3 f(x_0) \\
&= 3 + (x-0)(-1) + (x-0)(x-1)(3) + (x-0)(x-1)(x-2)(1) \\
&= x^3 - 2x + 3 \\
p_3(3) &= (3)^3 - 2(3) + 3 \\
&= 24
\end{aligned}
$$

3.1.3 การประมาณค่าในช่วงโดยพหุนามแบบนิวตันข้างหน้า และนิวตันย้อนหลัง

จากการประมาณค่าในช่วงแบบนิวตันในหัวข้อที่แล้ว ได้ใช้ตารางผลหารผลต่างสืบเนื่องมาช่วยในการสร้างพหุนามการประมาณค่าในช่วง ซึ่งมีข้อสังเกตคือ ค่าของช่วง $x_0, x_2, \ldots, x_n$ ไม่จำเป็นต้องมีช่วงห่างที่เท่ากัน ในหัวข้อนี้จะกล่าวถึงกรณีที่ช่วงห่างของ $x_0, x_2, \ldots, x_n$ มีค่าคงที่หรือระยะห่างระหว่างข้อมูลเท่าๆ กัน นั่นก็คือ การสร้างตารางผลต่างจำกัด (finite difference) เมื่อ $x_0,\ x_1 = x_0 + h,\ x_2 = x_0 + 2h, \ldots,\ x_j = x_0 + jh$ โดยที่ h เป็นค่าคงที่ที่มากกว่าศูนย์

สัญลักษณ์ที่นิยมใช้แทนผลต่างมี 3 แบบ คือ ผลต่างสืบเนื่องข้างหน้า (forward difference) เขียนแทนด้วยสัญลักษณ์ Δ ผลต่างสืบเนื่องย้อนหลัง (backward difference) เขียนแทนด้วยสัญลักษณ์ ∇ และผลต่างสืบเนื่องส่วนกลาง (central difference) เขียนแทนด้วยสัญลักษณ์ δ โดยที่

$$
\begin{aligned}
\Delta f_r &= f_{r+1} - f_r \\
\nabla f_r &= f_r - f_{r-1} \\
\delta f_{r+\frac{1}{2}} &= f_{r+1} - f_r
\end{aligned}
$$

63277

นอกจากนี้ยังมีตัวดำเนินการเลื่อน (shift operator) เขียนแทนด้วยสัญลักษณ์ E และตัวดำเนินการเฉลี่ย (mean-value operator) เขียนแทนด้วยสัญลักษณ์ μ โดยที่

$$E^n f_r = f_{r+n}$$

$$\mu f_{r+\frac{1}{2}} = \frac{(f_r + f_{r+1})}{2}$$

โดยมีความสัมพันธ์ของแต่ละตัวดำเนินการ ดังนี้

1. $\Delta = E - 1$ หรือ $E = \Delta + 1$
2. $\nabla = 1 - E^{-1}$ หรือ $E^{-1} = 1 - \nabla$
3. $\delta = E^{\frac{1}{2}} - E^{-\frac{1}{2}}$
4. $\mu = \dfrac{\left(E^{-\frac{1}{2}} + E^{\frac{1}{2}}\right)}{2}$
5. $\delta^n f_r = \Delta^n f_{r-\frac{n}{2}} = \nabla^n f_{r+\frac{n}{2}}$

ตารางที่ 3.2 แสดงผลต่างสืบเนื่องเมื่อกำหนดข้อมูล $x_{-2}, x_{-1}, x_0, x_1, x_2$

x	$f(x)$	ผลต่างอันดับหนึ่ง	ผลต่างอันดับสอง	ผลต่างอันดับสาม	ผลต่างอันดับสี่
x_{-2}	f_{-2}				
		$\Delta f_{-2} = \delta f_{-\frac{3}{2}} = \nabla f_{-1}$			
x_{-1}	f_{-1}		$\Delta^2 f_{-2} = \delta^2 f_{-1} = \nabla^2 f_0$		
		$\Delta f_{-1} = \delta f_{-\frac{1}{2}} = \nabla f_0$		$\Delta^3 f_{-2} = \delta^3 f_{-\frac{1}{2}} = \nabla^3 f_1$	
x_0	f_0		$\Delta^2 f_{-1} = \delta^2 f_0 = \nabla^2 f_1$		$\Delta^4 f_{-2} = \delta^4 f_0 = \nabla^4 f_2$
		$\Delta f_0 = \delta f_{\frac{1}{2}} = \nabla f_1$		$\Delta^3 f_{-1} = \delta^3 f_{\frac{1}{2}} = \nabla^3 f_2$	
x_1	f_1		$\Delta^2 f_0 = \delta^2 f_1 = \nabla^2 f_2$		
		$\Delta f_1 = \delta f_{\frac{3}{2}} = \nabla f_2$			
x_2	f_2				

<u>ตัวอย่างที่ 3.3</u> จงสร้างตารางผลต่างของ $f(x) = 3x^2 - 6x$ เมื่อ $x = -2(1)3$

<u>วิธีทำ</u>

สัญลักษณ์ $x = -2(1)3$ นี้หมายความว่า จาก $x = -2$ ถึง $x = 3$ โดย x เพิ่มขึ้นช่วงละ 1

x	$f(x)$	Δf	$\Delta^2 f$	$\Delta^3 f$	$\Delta^4 f$	$\Delta^5 f$
-2	24					
		-15				
-1	9		6			
		-9		0		
0	0		6		0	
		-3		0		0
1	-3		6		0	
		3		0		
2	0		6			
		9				
3	9					

จากตัวอย่างที่ 3.3 จะเห็นว่ามีหลักของผลต่างหลักหนึ่งที่มีค่าคงที่ที่เท่ากัน ทำให้ผลต่างหลักต่อไปมีค่าเป็นศูนย์หมด ลักษณะแบบนี้ถือเป็นคุณสมบัติหนึ่งของพหุนามนั่นเอง และจะเรียกผลต่างสืบเนื่องในลักษณะนี้ว่า ผลต่างสืบเนื่องพหุนาม (difference of a polynomial)

ถ้ากำหนด $f(x) = a_n x^n + a_{n-1}x^{n-1} + a_{n-2}x^{n-2} + \ldots + a_1 x + a_0$ แล้วผลต่างครั้งที่ n ของ $f(x)$ จะเป็นค่าคงที่ และมีค่าเท่ากับ $n!a_n h^n$ โดยที่ h เป็นค่าคงที่ที่มากกว่าศูนย์ และผลต่างครั้งสูงกว่านี้จะเป็นศูนย์ เปรียบเทียบได้กับการหาอนุพันธ์อันดับที่ n ของ $f(x)$ ซึ่งมีค่าเท่ากับ $n!a_n$ และอนุพันธ์อันดับสูงกว่านี้จะเป็นศูนย์ จากข้อสังเกตดังกล่าวนี้เอง สามารถนำไปใช้หาค่าที่เหลือในการสร้างตารางผลต่างสืบเนื่องได้เร็วขึ้น ดังตัวอย่างที่ 3.4

<u>ตัวอย่างที่ 3.4</u> จงสร้างตารางผลต่างของ $f(x) = x^3 + 3x^2 + 4x + 1$ เมื่อ $x = 0(0.1)1$

<u>วิธีทำ</u>

เริ่มแรกจะคำนวณ $f(x)$ เมื่อ $x = 0, 0.1, 0.2, 0.3$ และหาผลต่างสืบเนื่องอันดับสามซึ่งมีค่าเท่ากับ $\Delta^3 f(x) = 3!(0.1)^3 = 0.006$ จากนั้น จะใช้หลักการที่ว่าผลต่างครั้งที่สามนี้มีค่าคงที่ใช้สร้างส่วนที่เหลือของตาราง

x	f(x)	Δf	$\Delta^2 f$	$\Delta^3 f$
0.0	0+0+0+1 = 1.000			
		0.431		
0.1	0.001+0.03+0.4+1 = 1.431		0.066	
		0.497		0.006
0.2	0.008+0.12+0.8+1 = 1.928		0.072	
		0.569		0.006
0.3	0.027+0.27+1.2+1 = 2.497		0.078	
		0.647		0.006
0.4	3.144		0.084	
		0.731		0.006
0.5	3.875		0.090	
		0.821		0.006
0.6	4.696		0.096	
		0.917		0.006
0.7	5.613		0.102	
		1.019		0.006
0.8	6.632		0.108	
		1.127		0.006
0.9	7.759		0.114	
		1.241		
1.0	1+3+4+1 = 9.000			

ในขั้นต่อไป จะทำการประมาณค่าในช่วงโดยอาศัยข้อมูลจากตารางผลต่างสืบเนื่องที่ได้สร้างขึ้นมา สร้างเป็นฟังก์ชันพหุนามการประมาณค่าในช่วง โดยดูจากความสัมพันธ์ของผลต่างสืบเนื่องแต่ละแบบ ดังนี้

จากความสัมพันธ์ของผลต่างสืบเนื่องข้างหน้า

$$E^p f_0 = f_p \text{ และ } E = 1 + \Delta$$

แล้ว

$$f_p = (1+\Delta)^p f_0$$

และจากทฤษฎีบททวินาม

$$(1+\Delta)^p f_0 = f_0 + p\Delta f_0 + \frac{p(p-1)}{2!}\Delta^2 f_0 + \ldots$$

เมื่อ $p = \dfrac{(x-x_0)}{h}$ แล้ว จะได้สูตร คือ

$$f_p = f_0 + \frac{(x-x_0)\Delta f_0}{h} + \frac{(x-x_0)(x-x_1)\Delta^2 f_0}{2!h^2} + \frac{(x-x_0)(x-x_1)(x-x_2)\Delta^3 f_0}{3!h^3} + \ldots$$

$$= f_0 + p\Delta f_0 + \frac{p(p-1)}{2!}\Delta^2 f_0 + \frac{p(p-1)(p-2)}{3!}\Delta^3 f_0 + \ldots$$

ในกรณีนี้ จะเรียกฟังก์ชัน f_p นี้ว่า Newton forward difference

<u>ตัวอย่างที่ 3.5</u> จากตารางผลต่างสืบเนื่องที่กำหนดให้ จงหาค่าของ $f(0.36)$

x	f(x)	Δf	$\Delta^2 f$	$\Delta^3 f$	$\Delta^4 f$
0.2	0.2304				
		0.0484			
0.3	0.2788		-0.005		
		0.0434		0.0011	
0.4	0.3222		-0.0039		-0.0005
		0.0395		0.0006	
0.5	0.3617		-0.0033		
		0.0362			
0.6	0.3979				

<u>วิธีทำ</u>

$$p = \frac{(x-x_0)}{h} = \frac{(0.36-0.3)}{0.1} = 0.6$$

$$f_p = f_0 + p\Delta f_0 + \frac{p(p-1)}{2!}\Delta^2 f_0 + \frac{p(p-1)(p-2)}{3!}\Delta^3 f_0$$

$$= 0.2788 + 0.6(0.0434) + \frac{0.6(0.6-1)}{2!}(-0.0039)$$

$$+ \frac{0.6(0.6-1)(0.6-2)}{3!}(0.0006)$$

$$= 0.3053416$$

นอกจากนี้ ยังสามารถสร้างฟังก์ชันการประมาณค่าในช่วง ที่อาศัยตารางผลต่างสืบเนื่องแบบย้อนหลัง คือ

จากความสัมพันธ์ของผลต่างสืบเนื่องย้อนหลัง

$$E^{-1} = 1-\nabla$$

และ

$$E^{-1}f_1 = f_{1-1} = 0 \text{ แล้ว } E^{-p}f_1 = f_{1-p} = f_{1-p} = f_q \text{ โดยที่ } q = 1-p$$

จาก

$$p = \frac{x-x_0}{h} \text{ ดังนั้น } q = \frac{x_1-x}{h}$$

จะได้สูตร คือ

$$f_p = f_1 - q\nabla f_1 + \frac{q(q-1)}{2!}\nabla^2 f_1 - \frac{q(q-1)(q-2)}{3!}\nabla^3 f_1 + \ldots$$

ในกรณีนี้ จะเรียกฟังก์ชัน f_p นี้ว่า Newton backward difference

3.1.4 การประมาณค่าในช่วงโดยพหุนามแบบทำซ้ำของไอเก็นและเนวิลล์ (Aiken – Neville Repated Linear Interpolation)

การประมาณค่าในช่วงแบบไอเก็นและเนวิลล์นี้ เป็นการประมาณค่าในช่วงด้วยพหุนามดีกรีสูงกว่าหนึ่ง โดยการแทนด้วยการประมาณค่าในช่วงแบบเชิงเส้น ซ้ำกันหลายหน ดังนี้

จากสูตรการประมาณค่าในช่วงแบบเชิงเส้นของไอเก็นและเนวิลล์

$$p(x) = \frac{(x-x_0)f(x_1) - (x-x_1)f(x_0)}{x_1-x_0}$$

สามารถเขียนให้อยู่ในรูปของ $p(x) = \frac{1}{x_1-x_0}\begin{vmatrix} f(x_1) & (x-x_1) \\ f(x_0) & (x-x_0) \end{vmatrix} = p_{01}(x)$ ซึ่งก็คือ พหุนามประมาณ์ค่าในช่วงเชิงเส้นที่ผ่านจุด $(x_0, f(x_0))$ และ $(x_1, f(x_1))$

สำหรับรูปแบบของพหุนามทั่วไป ก็คือ

$$p_{1,i+1,\ldots,i+k}(x) = \frac{1}{x_{i+k}-x_i}\begin{vmatrix} p_{i+1,i+2,\ldots,i+k}(x) & (x-x_{i+k}) \\ p_{i,i+1,\ldots,i+k-1}(x) & (x-x_i) \end{vmatrix}$$

โดยที่

$$k = 1, 2, \ldots, n \text{ และ } i = 0, 1, \ldots, n-k$$

ในทางปฏิบัติ มักจะไม่หาพหุนามฟังก์ชันแบบไอเก็นและเนวิลล์ออกมา เพราะมีการคำนวณที่ยุ่งยากและซับซ้อนพอสมควร ดังนั้น จะใช้การคำนวณหาค่าประมาณในช่วงโดยอาศัยการสร้างตารางแทน ดังตารางที่ 3.3

ตารางที่ 3.3 แสดงค่า $p_{i,i+1,\ldots,i+k}(x)$ ดีกรีระดับต่างๆ

x_i	$f(x_i)$	ดีกรี1	ดีกรี2	ดีกรี3	ดีกรี4
x_0	$f(x_0)$				
		$p_{01}(x)$			
x_1	$f(x_1)$		$p_{012}(x)$		
		$p_{12}(x)$		$p_{0123}(x)$	
x_2	$f(x_2)$		$p_{123}(x)$		$p_{01234}(x)$
		$p_{23}(x)$		$p_{1234}(x)$	
x_3	$f(x_3)$		$p_{234}(x)$		
		$p_{34}(x)$			
x_4	$f(x_4)$				

<u>**ตัวอย่างที่ 3.6**</u> จงหาค่า $f(3)$ เมื่อกำหนดค่าของฟังก์ชันดังนี้

x	0	1	2	4
f(x)	3	2	7	59

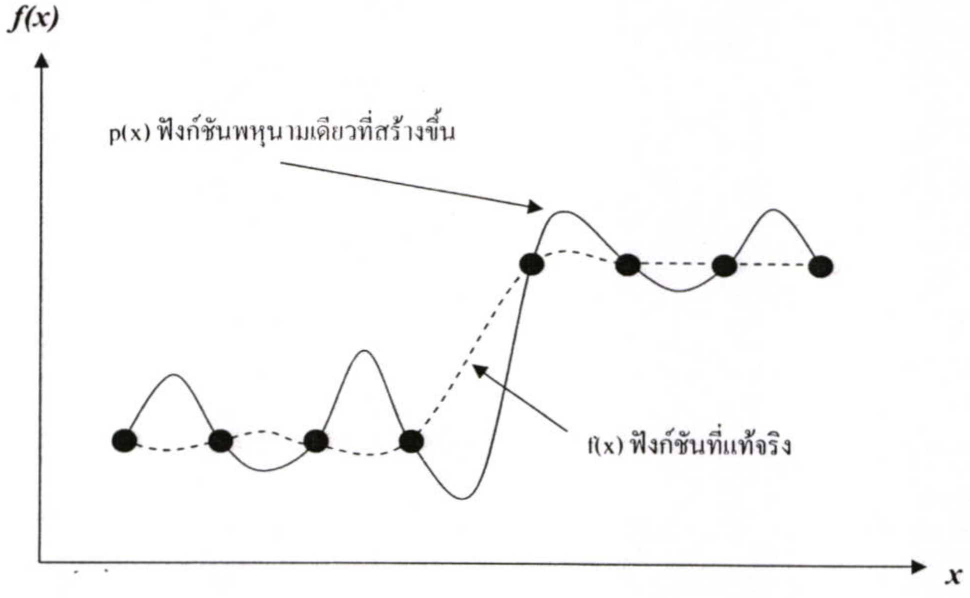
<u>**วิธีทำ**</u>

x	f(x)	ดีกรี1	ดีกรี2	ดีกรี3
2	7			
		$\frac{1}{1-2}\begin{vmatrix} 2 & 3-1 \\ 7 & 3-2 \end{vmatrix} = 12$		
2	2		$\frac{1}{0-2}\begin{vmatrix} 0 & 3-0 \\ 12 & 3-2 \end{vmatrix} = 18$	
		$\frac{1}{0-1}\begin{vmatrix} 3 & 3-0 \\ 2 & 3-1 \end{vmatrix} = 0$		$\frac{1}{4-2}\begin{vmatrix} 30 & 3-4 \\ 18 & 3-2 \end{vmatrix} = 24$
0	3		$\frac{1}{4-1}\begin{vmatrix} 45 & 3-4 \\ 0 & 3-1 \end{vmatrix} = 30$	
		$\frac{1}{4-0}\begin{vmatrix} 59 & 3-4 \\ 3 & 3-0 \end{vmatrix} = 45$		
4	59			

ดังนั้น ค่าของ $f(3)$ จึงมีค่าเท่ากับ 24

3.2 การประมาณค่าในช่วงแบบแบ่งเป็นช่วง

ในหัวข้อ 3.1 ที่ผ่านมาได้กล่าวถึงการประมาณค่าในช่วงโดยใช้ฟังก์ชันพหุนามเดียว กล่าวคือเมื่อมีค่าของฟังก์ชัน $f(x)$ เราจะหาพหุนาม $p(x)$ ที่สอดคล้องกับค่าของฟังก์ชัน $f(x)$ ที่กำหนดให้ทั้งหมด เพื่อใช้ในการประมาณค่าของฟังก์ชัน $f(x)$ ที่จุดอื่นๆ โดยมีหลักว่าถ้ามีจำนวนข้อมูล n จำนวน พหุนามที่ใช้ประมาณค่าจะมีดีกรีน้อยกว่าหรือเท่ากับ $n-1$ และพหุนามดังกล่าวจะต้องสอดคล้องกับค่าของฟังก์ชันทุกค่าที่กำหนดให้ วิธีการดังกล่าวก่อให้เกิดฟังก์ชันพหุนามเดียวที่ลากผ่านทุกข้อมูลที่กำหนดมาให้ สมมติว่ามีข้อมูลทั้งหมด 8 ข้อมูลที่มีลักษณะการกระจายในรูปแบบของขั้นบันได (step function) ดังแสดงในรูป 3.1 หากใช้ฟังก์ชันพหุนามเดียวลากผ่านข้อมูลเหล่านี้ทั้งหมด จะพบว่าฟังก์ชันพหุนามเดียวที่ประดิษฐ์ขึ้น มีลักษณะการกระจายที่เกิดการเบี่ยงเบนไปจากลักษณะของการกระจายที่ควรจะเป็น



รูปที่ 3.1 การกระจายของฟังก์ชันพหุนามเดียวที่ลากผ่านข้อมูลที่กำหนดให้

สาเหตุที่ก่อให้เกิดปรากฏการณ์เช่นนี้ เป็นเพราะว่าเราพยายามสร้างฟังก์ชันพหุนามเพียงฟังก์ชันเดียวโดยบังคับให้ลากผ่านข้อมูลทั้ง 8 ข้อมูลที่กำหนดให้ ดังนั้น เพื่อปรับปรุงแก้ไขปรากฏการณ์ของการกระจายที่ไม่เหมาะสมดังกล่าว จึงต้องอาศัยการประดิษฐ์ฟังก์ชันพหุนามที่จะใช้เชื่อมต่อระหว่างข้อมูลทีละ 2 ข้อมูลต่อเนื่องกันไป ผลลัพธ์ที่เกิดขึ้นจะก่อให้เกิดเส้นโค้ง (Spline) ที่มีลักษณะของการกระจายในภาพรวมที่ใกล้ความเป็นจริงมากขึ้น โดยการประมาณค่าในช่วงแบบนี้ จะเรียกว่า การประมาณค่าในช่วงแบบแบ่งเป็นช่วงๆ (Piecewise Polynomial Interpolation)

3.2.1 การประมาณค่าในช่วงแบบแบ่งเป็นช่วงโดยเส้นโค้งกำลังหนึ่ง (Linear Spline Interpolation)

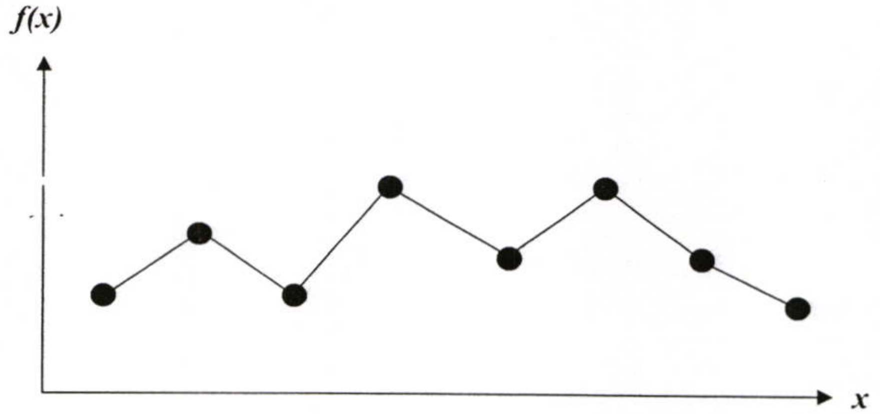
เป็นการสร้างฟังก์ชันพหุนามดีกรีหนึ่งเชื่อมต่อระหว่างข้อมูลในแต่ละช่วง ซึ่งจัดว่าเป็นวิธีการที่ง่ายที่สุด เพราะอาศัยการเชื่อมต่อระหว่างข้อมูลที่อยู่ติดกันด้วยเส้นตรง (Linear Spline) มีรูปแบบสมการพหุนามในแต่ละช่วง เป็นดังนี้

$$s(x) = \begin{cases} s_0(x) = m_0(x-x_0)+f(x_0)\ ,\ x\in[x_0,x_1] \\ s_1(x) = m_1(x-x_1)+f(x_1)\ ,\ x\in[x_1,x_2] \\ \vdots \\ s_{n-1}(x) = m_{n-1}(x-x_{n-1})+f(x_{n-1})\ ,\ x\in[x_{n-1},x_n] \end{cases}$$

โดยที่

$$m_i = \frac{f(x_{i+1})-f(x_i)}{x_{i+1}-x_i} \quad \text{เมื่อ } i=1,2,3,\ldots,n$$

เมื่อสร้างสมการย่อยในแต่ละช่วงได้แล้ว จึงทำการแก้ระบบสมการทั้งหมดโดยใช้วิธีการแก้ระบบสมการเชิงเส้นในแต่ละช่วง นำมาแทนกลับลงในแต่ละสมการย่อย เพื่อใช้ประมาณค่าในช่วงได้



รูปที่ 3.2 เส้นตรงที่เชื่อมต่อระหว่างข้อมูลทีละ 2 จุด

ตัวอย่างที่ 3.7 จงหาค่า f(5) เมื่อกำหนดค่าของฟังก์ชันดังนี้ โดยใช้การประมาณค่าแบบแบ่งช่วงด้วยเส้นโค้งกำลังหนึ่ง

x	3.0	4.5	7.0	9.0
f(x)	2.5	1.0	2.5	0.5

วิธีทำ

จาก

$$m_i = \frac{f(x_{i+1}) - f(x_i)}{x_{i+1} - x_i}$$

จะได้ว่า

$$m = \frac{2.5 - 1.0}{7.0 - 4.5} = 0.60$$

ดังนั้น

$$s(5) = 0.60(5 - 7.0) + 2.5 = 1.3$$

3.2.2 การประมาณค่าในช่วงแบบแบ่งเป็นช่วงด้วยเส้นโค้งกำลังสอง (Quadratic Spline Interpolation)

เช่นเดียวกันกับการประมาณค่าในช่วงโดยเส้นโค้งกำลังหนึ่ง แตกต่างตรงที่การสร้างฟังก์ชันเพื่อให้เชื่อมต่อข้อมูลแต่ละช่วงนั้น ใช้เส้นโค้งกำลังสอง (Quadratic Spline) แทน ซึ่งสามารถทำได้โดยไม่ยากนัก และมีรูปแบบของฟังก์ชันพหุนามดังนี้

$$s(x) = \begin{cases} s_0(x) = a_0x^2 + b_0x + c_0 \ , \ x \in [x_0, x_1] \\ s_1(x) = a_1x^2 + b_1x + c_1 \ , \ x \in [x_1, x_2] \\ \vdots \\ s_{n-1}(x) = a_{n-1}x^2 + b_{n-1}x + c_{n-1} \ , \ x \in [x_{n-1}, x_n] \end{cases}$$

สำหรับการแก้สมการ จะพิจารณาได้จากเงื่อนไขดังนี้

(ก) ค่าของฟังก์ชันต้องเท่ากัน ณ จุดเชื่อมต่อภายในระหว่างช่วง

$$a_ix_i^2 + b_ix_i + c_i = f(x_i)$$

$$a_{i+1}x_{i+1}^2 + b_{i+1}x_{i+1} + c_{i+1} = f(x_{i+1})$$

(ข) ฟังก์ชันแรกและฟังก์ชันสุดท้ายต้องผ่านจุดปลายสุด ดังนั้น

$$a_0x_0^2 + b_0x_0 + c_0 = f(x_0)$$

$$a_{n-1}x_{n-1}^2 + b_{n-1}x_{n-1} + c_{n-1} = f(x_{n-1})$$

(ค) ค่าอนุพันธ์อันดับที่หนึ่งที่จุดเชื่อมต่อภายในต้องมีค่าเท่ากัน

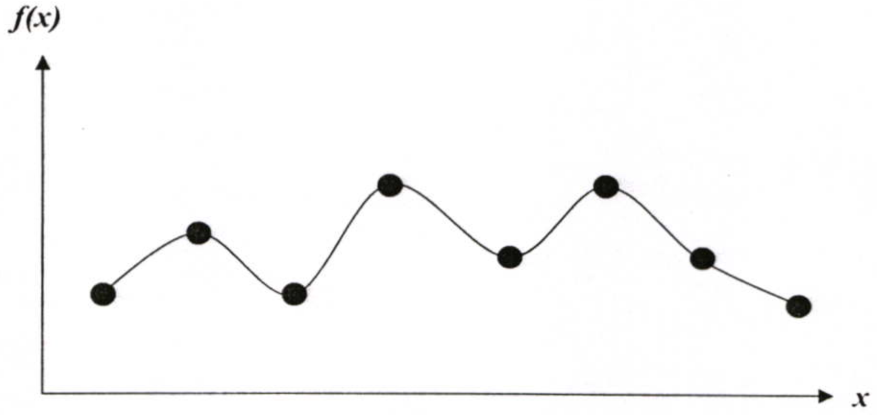
$$f(x) = ax^2 + bx + c$$

$$f'(x_{n-1}) = 2ax + b$$

(ง) ค่าอนุพันธ์อันดับที่สอง ณ จุดแรก มีค่าเท่ากับศูนย์

$$a_0 = 0$$

เมื่อแก้สมการทั้งหมดจากเงื่อนไขในข้อ (ก) ถึง (ง) แล้วจะได้ค่าคงที่ a_i, b_i, c_i เมื่อ $i = 0, 1, 2, \ldots, n-1$ ที่สามารถแทนค่าหาค่าประมาณแต่ละช่วงได้



รูปที่ 3.3 การประมาณค่าในช่วงแบบแบ่งช่วงโดยใช้ฟังก์ชันกำลังสอง

<u>ตัวอย่างที่ 3.8</u> จงหาค่า f(5) เมื่อกำหนดค่าของฟังก์ชันดังนี้ โดยใช้การประมาณค่าแบบแบ่งช่วงด้วยเส้นโค้งกำลังสอง

x	3.0	4.5	7.0	9.0
f(x)	2.5	1.0	2.5	0.5

<u>วิธีทำ</u>

สำหรับตัวอย่างนี้ ประกอบด้วยจุดข้อมูล 4 จุดและมีช่วง 3 ช่วง ฉะนั้น จะต้องหาตัวที่ไม่ทราบค่าจากเงื่อนไข ดังนี้

จากเงื่อนไขในข้อ (ก) ค่าของฟังก์ชัน ณ จุดเชื่อมต่อแรก ที่ $x = 4.5$ จะได้ว่า

$$a_0(4.5)^2 + b_0(4.5) + c_0 = 1.0$$

$$a_1(4.5)^2 + b_1(4.5) + c_1 = 1.0$$

และค่าของฟังก์ชัน ณ จุดเชื่อมต่อที่สอง ที่ x=7 จะได้ว่า

$$a_1(7)^2 + b_1(7) + c_1 \ = \ 2.5$$
$$a_2(7)^2 + b_2(7) + c_2 = 2.5$$

จากเงื่อนไขในข้อ (ข) จะได้เงื่อนไขสมการเพิ่มอีก คือ

$$a_0(3)^2 + b_0(3) + c_0 \ = \ 2.5$$
$$a_2(9)^2 + b_2(3) + c_2 \ = \ 0.5$$

จากเงื่อนไขในข้อ (ค) จะได้เงื่อนไขคือ

$$9a_0 + b_0 \ = \ 9\mathrm{a}_1 + \mathrm{b}_1$$

และ

$$14a_1 + b_1 \ = \ 14\mathrm{a}_2 + \mathrm{b}_2$$

จากเงื่อนไขในข้อ (ง) จะได้ว่า

$$a_0 = 0$$

จากสมการทั้งหมด สามารถเขียนให้อยู่ในรูปแบบเมตริกซ์ ดังนี้

$$\begin{bmatrix} 4.5 & 1.0 & 0.0 & 0.0 & 0.0 & 0.0 & 0.0 & 0.0 \\ 0.0 & 0.0 & 20.25 & 4.5 & 1.0 & 0.0 & 0.0 & 0.0 \\ 0.0 & 0.0 & 49.0 & 7.0 & 1.0 & 0.0 & 0.0 & 0.0 \\ 0.0 & 0.0 & 0.0 & 0.0 & 0.0 & 49.0 & 7.0 & 1.0 \\ 3.0 & 1.0 & 0.0 & 0.0 & 0.0 & 0.0 & 0.0 & 0.0 \\ 0.0 & 0.0 & 0.0 & 0.0 & 0.0 & 81.0 & 9.0 & 1.0 \\ 1.0 & 0.0 & -9.0 & -1.0 & 0.0 & 0.0 & 0.0 & 0.0 \\ 0.0 & 0.0 & 14.0 & 1.0 & 0.0 & -14.0 & -1.0 & 0.0 \end{bmatrix} \begin{bmatrix} b_0 \\ c_0 \\ a_1 \\ b_1 \\ c_1 \\ a_2 \\ b_2 \\ c_2 \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} 1.0 \\ 1.0 \\ 2.5 \\ 2.5 \\ 2.5 \\ 0.5 \\ 0.0 \\ 0.0 \end{bmatrix}$$

เมื่อแก้สมการเมตริกซ์ดังกล่าวจะได้ค่าคงที่ ดังนี้

$$a_0 = 0, \quad b_0 = -1, \quad c_0 = 5.5$$
$$a_1 = 0.64, \ b_1 = -6.76, \ c_1 = 18.46$$
$$a_2 = -1.6, \ b_2 = 24.6, \ c_2 = -91.3$$

เมื่อแทนค่ากลับ จะได้สมการที่ใช้ประมาณค่าในแต่ละช่วงดังนี้

$$s(x) = \begin{cases} s_0(x) = -x+5.5 & , x\in[3.0,4.5] \\ s_1(x) = 0.64x^2-6.76x+18.46 & , x\in[4.5,7.0] \\ s_2(x) = -1.6x^2+24.6x-91.3 & , x\in[7.0,9.0] \end{cases}$$

ดังนั้น ค่าของ $f(5)$ จะอยู่ในช่วงที่ $s_1(x)$ มีค่าเท่ากับ

$$\begin{aligned} s_1(5) &= 0.64(5)^2-6.76(5)+18.46 \\ &= 0.66 \end{aligned}$$

3.2.3 การประมาณค่าในช่วงแบบแบ่งเป็นช่วงด้วยเส้นโค้งกำลังสาม (Cubic Spline Interpolation)

เป็นการสร้างฟังก์ชันเพื่อให้เชื่อมต่อข้อมูลแต่ละช่วงด้วยการใช้เส้นโค้งกำลังสาม (cubic spline) มีข้อดีก็คือ ในช่วงระหว่างจุด 2 จุด ที่กำหนดให้ เส้นโค้งกำลังสามจะมีลักษณะการกระจายแบบเว้าเข้าหรือเว้าออกที่ต่อเนื่องกันในช่วงระหว่าง 2 จุด แตกต่างจากเส้นโค้งกำลังสองที่มีลักษณะการกระจายแบบเว้าเข้าหรือเว้าออกอย่างใดอย่างหนึ่งเท่านั้น ดังนั้น เส้นโค้งกำลังสามจึงเป็นที่นิยมโดยทั่วไปในการคำนวณหาค่าประมาณในช่วงข้อมูล เนื่องจากมีลักษณะการเปลี่ยนแปลงของการกระจายที่ดีกว่า ซึ่งในหัวข้อนี้จะอธิบายถึงกระบวนการสร้างสมการเส้นโค้งกำลังสามนี้โดยละเอียด เนื่องจากเป็นส่วนที่จะนำไปใช้ในการทดลองระบบ

จากรูปที่ 3.3 หากมีข้อมูลทั้งหมด 4 ข้อมูล ฟังก์ชันกำลังสามที่จำเป็นต้องคำนวณหาซึ่งเชื่อมต่อข้อมูลเหล่านี้ คือ

$$s_0(x) = a_0x^3 + b_0x^2 + c_0x + d_0 \quad \text{เมื่อ } x_0 \le x \le x_1 \tag{3.3a}$$

$$s_1(x) = a_1x^3 + b_1x^2 + c_1x + d_1 \quad \text{เมื่อ } x_1 \le x \le x_2 \tag{3.3b}$$

$$s_2(x) = a_2x^3 + b_2x^2 + c_2x + d_2 \quad \text{เมื่อ } x_2 \le x \le x_3 \tag{3.3c}$$

โดยที่ $a_i, b_i, c_i, d_i, i = 0,1,2$ เป็นค่าคงตัวที่ไม่รู้ค่า ซึ่งในที่นี้จะมีทั้งหมด 12 ค่า และสามารถคำนวณได้จากเงื่อนไขดังต่อไปนี้

(ก) ที่จุดต่อภายในใดๆ ของฟังก์ชันจาก 2 ด้านที่เชื่อมเข้าหากันที่จุดต่อจำเป็นต้องมีค่าเท่ากันที่ตำแหน่งของจุดนั้น เช่น ที่จุดต่อ x_1 เงื่อนไขที่เกิดขึ้น คือ

$$s_0(x_1) = a_0x_1^3 + b_0x_1^2 + c_0x_1 + d_0 = f(x_1) \tag{3.4a}$$

ซึ่งจะมีค่าเท่ากับ

$$s_1(x_1) = a_1x_1^3 + b_1x_1^2 + c_1x_1 + d_1 = f(x_1) \tag{3.4b}$$

ในกรณีของรูป 3.3 ที่มีจุดต่ออยู่ภายใน 2 จุด ดังนั้น จึงเกิดเงื่อนไขเช่นนี้ 4 เงื่อนไข

(ข) ฟังก์ชันแรก $s_0(x_0)$ ต้องผ่านข้อมูลแรกที่ x_0 นั่นคือ

$$s_0(x_0) = a_0x_0^3 + b_0x_0^2 + c_0x_0 + d_0 = f(x_0) \tag{3.5a}$$

และฟังก์ชันท้าย $s_2(x_3)$ ต้องผ่านข้อมูลท้ายที่ x_3 นั่นคือ

$$s_2(x_3) = a_2x_3^3 + b_2x_3^2 + c_2x_3 + d_2 = f(x_3) \tag{3.5b}$$

นั่นคือ ก่อให้เกิดเงื่อนไขเพิ่มขึ้นอีก 2 เงื่อนไข

(ค) ที่จุดต่อภายในใดๆ จะมีค่าอนุพันธ์อันดับหนึ่ง (first derivative) ซึ่งมีความหมายถึงค่าของความชันของฟังก์ชันทั้ง 2 ด้านของจุดต่อ ต้องมีค่าเท่ากันที่ตำแหน่งของจุดต่อนั้น เช่น ที่จุดต่อ x_1 เงื่อนไขที่เกิดขึ้นนี้คือ

$$s_0'(x_1) = s_1'(x_1) \tag{3.6a}$$

หรือ

$$3a_0x_1^2 + 2b_0x_1 + c_0 = 3a_1x_1^2 + 2b_1x_1 + c_1 \tag{3.6b}$$

ดังนั้นในรูป 3.3 นี้จะประกอบด้วยเงื่อนไขเช่นนี้อยู่ 2 เงื่อนไข

(ง) ที่จุดต่อภายในใดๆ ค่าอนุพันธ์อันดับสอง (second derivative) ของฟังก์ชันทั้ง 2 ด้านของจุดต่อ ต้องมีค่าเท่ากันที่ตำแหน่งของจุดต่อนั้น เช่น ที่จุดต่อ x_1 เงื่อนไขนี้คือ

$$s_0''(x_1) = s_1''(x_1) \tag{3.7a}$$

หรือ

$$6a_0x_1 + 2b_0 = 6a_1x_1 + 2b_1 \tag{3.7b}$$

ซึ่งในรูป 3.3 นี้ประกอบด้วยเงื่อนไขเช่นนี้อยู่ 2 เงื่อนไข

(จ) ค่าอนุพันธ์อันดับสองของฟังก์ชันที่ตำแหน่งจุดปลายทั้งสอง นั่นคือ x_0 และ x_3 นั้นมีค่าเท่ากับศูนย์

$$s_0''(x_0) = s_2''(x_3) = 0 \tag{3.8}$$

ซึ่งก่อให้เกิดเงื่อนไขเพิ่มขึ้นอีก 2 เงื่อนไข

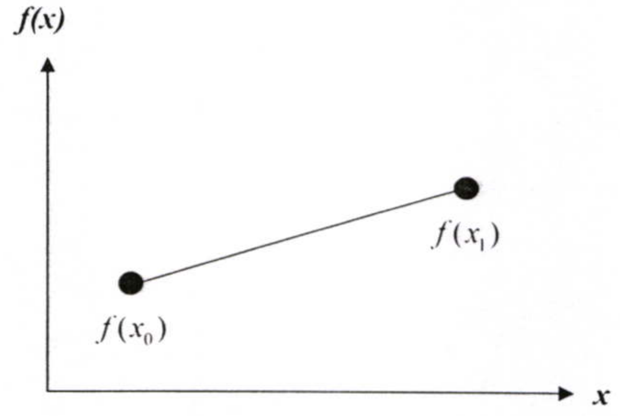
ดังนั้น จากรูป 3.3 ซึ่งประกอบด้วย 4 ข้อมูล และ 3 ฟังก์ชันกำลังสาม โดยมีตัวคงที่ที่ไม่รู้ค่าทั้งหมด 12 ตัว และจากเงื่อนไขดังที่ได้อธิบายในข้อ (ก) – (จ) ซึ่งมีทั้งหมด 12 เงื่อนไข จะก่อให้เกิดระบบสมการซึ่งประกอบด้วย 12 สมการย่อยที่สามารถนำไปสู่ผลลัพธ์ของค่าคงตัวที่ไม่รู้ค่าเหล่านี้ได้ ในรูปแบบดังนี้

$$\left\{ \quad (12\times 12) \quad \right\} \begin{Bmatrix} a_0 \\ b_0 \\ c_0 \\ d_0 \\ \vdots \\ a_2 \\ b_2 \\ c_2 \\ d_2 \end{Bmatrix} = \left\{ (12\times 1) \right\} \tag{3.9}$$

สำหรับปัญหาโดยทั่วไปที่ประกอบด้วย n ข้อมูล จำเป็นต้องประดิษฐ์ฟังก์ชันกำลังสามทั้งหมด $n-1$ ฟังก์ชัน นั่นคือ $s_0(x), s_1(x), \ldots, s_{n-2}(x)$ และเนื่องจากแต่ละฟังก์ชันต่างประกอบด้วยค่าคงตัวที่ไม่รู้ค่า 4 ค่า ดังนั้น ปัญหาโดยทั่วไปจึงประกอบด้วยค่าคงตัวทั้งหมด $4(n-1)$ ค่า และจากเงื่อนไขทั้งหมดดังที่ได้อธิบายในข้อ (ก) – (จ) ซึ่งจะถูกใช้ในการสร้างระบบสมการที่ประกอบด้วย $4(n-1)$ สมการย่อยที่จะนำไปสู่ผลลัพธ์ของค่าคงตัวที่ไม่รู้ค่าทั้งหมด $4(n-1)$ ค่าได้และเมื่อนำค่าคงตัวที่ได้เหล่านี้แทนกลับลงในสมการฟังก์ชันกำลังสามต่างๆ (3.3a - 3.3c) จะได้ฟังก์ชันการประมาณค่าในช่วงของข้อมูลใดๆ ที่ต้องการได้

จากกระบวนการดังที่อธิบายมาข้างต้นนี้ หากต้องการสร้างฟังก์ชันกำลังสามทั้งหมด $n-1$ ฟังก์ชัน จำเป็นต้องแก้ระบบสมการที่ประกอบด้วย $4(n-1)$ สมการย่อยซึ่งจัดได้ว่าเป็นจำนวนค่อนข้างมากทีเดียว กระบวนการที่จะอธิบายดังต่อไปนี้ จะหลีกเลี่ยงการแก้ระบบสมการที่ประกอบด้วยสมการย่อยจำนวนมากดังกล่าว โดยจะแก้ระบบสมการซึ่งประกอบด้วยสมการย่อยเพียง $n-2$ สมการ

กระบวนการใหม่นี้ตั้งอยู่บนหลักการที่ว่า ค่าอนุพันธ์อันดับสองของฟังก์ชันกำลังสาม (3.3 a - 3.3 c) จะก่อให้เกิดฟังก์ชันเชิงเส้นตรงที่อยู่ในรูปแบบดังเช่นแสดงในสมการ (3.7a – 3.7b) นั่นคือ ลักษณะการกระจายของค่าอนุพันธ์อันดับสองของฟังก์ชันกำลังสามนั้นอยู่ในรูปแบบเชิงเส้นตรง ซึ่งเข้าทำนองการกระจายเชิงเส้นตรงของลากรองจ์ ดังแสดงในรูป 3.4



รูปที่ 3.4 ลักษณะฟังก์ชันเชิงเส้นสำหรับการประมาณค่าในช่วงระหว่าง x_0 และ x_1

ซึ่งสามารถเขียนให้อยู่ในรูปแบบของสมการ ได้ดังนี้

$$s_i''(x) = f''(x_i)\frac{x - x_{i+1}}{x_i - x_{i+1}} + f''(x_{i+1})\frac{x - x_i}{x_{i+1} - x_i} \tag{3.10}$$

โดยที่ $i = 0,1,2,\ldots,n-1$ หากอินทิเกรตสมการ (3.10) นี้ ก็จะได้ฟังก์ชัน $s_i(x)$ ซึ่งใช้ได้ในระหว่างตำแหน่ง x_i และ x_{i+1} แต่ในขณะเดียวกันจะเกิดค่าคงที่จากการอินทิเกรตขึ้นมา 2 ค่า ซึ่งค่าคงที่นี้สามารถหาได้จากเงื่อนไขที่ว่า

ที่ตำแหน่ง x_i : $\quad s_i(x_i) = f(x_i)$ (3.11a)

และที่ตำแหน่ง x_{i+1} : $\quad s_{i+1}(x_{i+1}) = f(x_{i+1})$ (3.11b)

เมื่อได้ค่าคงที่จากการอินทิเกรตทั้ง 2 ค่านี้แล้วแทนกลับลงในฟังก์ชัน $s_i(x)$ จะได้ผลลัพธ์ดังนี้

$$\begin{aligned} s_i(x) = {} & \frac{f''(x_i)}{6(x_{i+1} - x_i)}(x_{i+1} - x)^3 + \frac{f''(x_{i+1})}{6(x_{i+1} - x_i)}(x - x_{i+1})^3 \\ & + \left[\frac{f''(x_i)}{(x_{i+1} - x_i)} - \frac{(x_{i+1} - x_i)f''(x_i)}{6}\right](x_{i+1} - x) \\ & + \left[\frac{f''(x_{i+1})}{(x_{i+1} - x_i)} - \frac{(x_{i+1} - x_i)f''(x_{i+1})}{6}\right](x - x_i) \end{aligned} \tag{3.12}$$

ทางด้านขวาของสมการ (3.12) นี้ประกอบด้วยตัวไม่รู้ค่าเพียง 2 ค่า นั่นคือ ค่าอนุพันธ์อันดับสองของฟังก์ชันนั้นที่ตำแหน่ง x_i และ x_{i+1} เนื่องจากที่จุดต่อภายในใดๆ ค่าของความชันทั้ง 2 ด้านของจุดต่อต้องมีค่าเท่ากันที่ตำแหน่งของจุดต่อนั้น ดังเช่นสมการ (3.6a – 3.6b) นั่นคือ

$$f_i'(x_{i+1}) = f_{i+1}'(x_{i+1}) \tag{3.13}$$

ดังนั้น หากทราบค่าอนุพันธ์อันดับหนึ่งของฟังก์ชัน $f_i(x)$ และ $f_{i+1}(x)$ ในสมการ(3.12) และแทนค่ากลับลงในสมการ (3.13) จะได้

$$\begin{aligned}&(x_{i+1}-x_i)f''(x_i) + 2(x_{i+2}-x_i)f''(x_{i+1}) + (x_{i+2}-x_{i+1})f''(x_{i+2})\\ &= \frac{6}{x_{i+2}-x_{i+1}}\left(f(x_{i+2})-f(x_{i+1})\right)+\frac{6}{x_{i+1}-x_i}\left(f(x_i)-f(x_{i+1})\right)\end{aligned} \tag{3.14}$$

สมการ (3.14) ที่ได้นี้ประกอบด้วยค่าอนุพันธ์อันดับสองที่ไม่รู้ค่าที่ตำแหน่ง คือ x_i, x_{i+1} และ x_{i+2} เมื่อ $i = 0,1,2,\ldots,n-1$ และค่าอนุพันธ์อันดับสองที่จุดปลายทั้งสองของข้อมูลทั้งหมดมีค่าเท่ากับศูนย์ ดังเช่นแสดงในสมการ (3.8) นั่นคือ

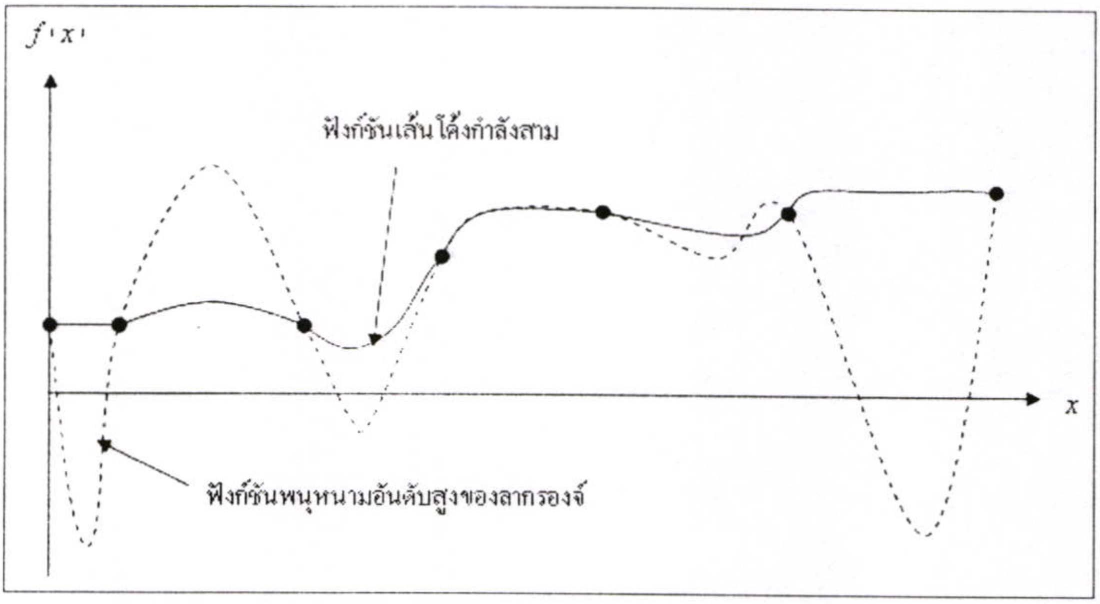
$$f''(x_0) = f''(x_{n-1}) = 0 \tag{3.15}$$

ดังนั้น ค่าอนุพันธ์อันดับสองที่ไม่รู้ค่าคือ $f''(x_0), f''(x_1), \ldots, f''(x_{n-2})$ ซึ่งมีทั้งหมด $n-1$ ค่า และสามารถหาได้จากการเขียนสมการ (3.14) ขึ้นมาเป็นระบบสมการ ระบบสมการที่เกิดขึ้นจะอยู่ในรูปแบบดังนี้

$$\begin{Bmatrix} x & x & & & & & & \\ x & x & x & & & & & \\ & x & x & x & & & & \\ & & \ddots & \ddots & \ddots & & & \\ & & & \ddots & \ddots & \ddots & & \\ & & & & x & x & x & \\ & & & & & x & x & x \\ & & & & & & x & x \end{Bmatrix} \begin{Bmatrix} f''(x_1) \\ f''(x_2) \\ f''(x_3) \\ \vdots \\ \vdots \\ f''(x_{n-3}) \\ f''(x_{n-2}) \\ f''(x_{n-1}) \end{Bmatrix} = \begin{Bmatrix} x \\ x \\ x \\ \vdots \\ \vdots \\ x \\ x \\ x \end{Bmatrix} \tag{3.16}$$

โดยเครื่องหมาย x ระบุค่าตัวเลขที่มีค่าไม่เท่ากับศูนย์ และเมตริกซ์จัตุรัสที่อยู่ทางด้านซ้ายของระบบสมการ (3.16) นี้จะเป็นเมตริกซ์ที่มีสัมประสิทธิ์ทุกตัวมีค่าเท่ากับศูนย์ ยกเว้น

สัมประสิทธิ์ตามแนวเส้นทแยงมุมทั้งสาม (tridiagonal matrix) ระบบสมการดังกล่าวสามารถแก้เพื่อหาผลลัพธ์ได้โดยง่าย และค่าอนุพันธ์อันดับสองที่ได้จากการแก้ระบบสมการ (3.16) เมื่อแทนกลับลงในสมการ (3.12) จะก่อให้เกิดฟังก์ชันเส้นโค้งกำลังสาม ซึ่งสามารถนำไปหาค่าประมาณในช่วงที่อยู่ระหว่างตำแหน่ง x_i และ x_{i+1}



รูปที่ 3.5 การเปรียบเทียบผลลัพธ์ที่ได้จากการใช้ฟังก์ชันพหุนามอันดับสูงของลากรองจ์เพียงฟังก์ชันเดียวกับฟังก์ชันเส้นโค้งกำลังสาม

รูปที่ 3.5 แสดงลักษณะการกระจายของฟังก์ชันเส้นโค้งกำลังสาม และฟังก์ชันพหุนามอันดับสูงของลากรองจ์ จากลักษณะของข้อมูลแสดงให้เห็นว่า การใช้ฟังก์ชันเส้นโค้งกำลังสามก่อให้เกิดลักษณะของผลลัพธ์ที่มีการกระจายที่สมเหตุสมผล เมื่อเปรียบเทียบกับลักษณะการกระจายฟังก์ชันพหุนามอันดับสูงของลากรองจ์ซึ่งเปลี่ยนแปลงค่อนข้างมากทีเดียวระหว่างช่วงข้อมูล

__ตัวอย่างที่ 3.9__ จงหาค่า $f(5)$ เมื่อกำหนดค่าของฟังก์ชันดังนี้ โดยใช้การประมาณค่าแบบแบ่งช่วงด้วยเส้นโค้งกำลังสาม

x	3.0	4.5	7.0	9.0
f(x)	2.5	1.0	2.5	0.5

__วิธีทำ__

ขั้นแรกจะใช้สมการ 3.14 สร้างชุดสมการที่จะใช้หาอนุพันธ์อันดับที่สองของจุดเชื่อมต่อแต่ละจุดก่อน โดยเริ่มจากจุดเชื่อมต่อที่ $x = 4.5$ แทนค่าตัวแปรในสมการดังนี้

$$(4.5-3)f''(3) + 2(7-3)f''(4.5) + (7-4.5)f''(7) = \frac{6}{7-4.5}(2.5-1)+\frac{6}{4.5-3}(2.5-1) \qquad (1)$$

และจากสมการ 3.15 จะได้ว่า $f''(3) = 0$ และเมื่อแทนค่ากลับในสมการบน จะได้ว่า

$$(4.5-3)(0) + 2(7-3)f''(4.5) + (7-4.5)f''(7) = \frac{6}{7-4.5}(2.5-1)+\frac{6}{4.5-3}(2.5-1)$$

$$8f''(4.5) + 2.5f''(7) = 9.6 \qquad (2)$$

ในทำนองเดียวกัน จึงหาค่าอนุพันธ์อันอับสองที่จุดเชื่อมต่อ $x = 7.0$ จะได้ว่า

$$3.5f''(4.5) + 9f''(7) = -9.6 \qquad (3)$$

เมื่อแก้สมการ (2) และ (3) จะได้ว่า

$$f''(4.5) = 1.74545$$
$$f''(7) = -1.74545$$

เมื่อแทนค่าอนุพันธ์อันดับสองเหล่านี้ลงไปในสมการ (1) จะได้ว่า

$$s_0(x) = \frac{1.74545}{6(4.5-3)}(x-3)^2 + \frac{2.5}{4.5-3}(4.5-x) + \left[\frac{1}{4.5-3} - \frac{1.74545(4.5-3)}{6}\right](x-3)$$

$$s_0(x) = 0.193939(x-3)^3 + 1.666667(4.5-x) + 0.230303(x-3)$$

ซึ่งเป็นสมการเส้นโค้งกำลังสามสำหรับช่วงแรกมา เมื่อใช้หลักการเดียวกันหาสมการเส้นโค้งกำลังสามช่วงต่อไปได้ผลดังนี้

$$s_1(x) = 0.116364(7-x)^3 + 0.116364(x-4.5)^3 - 0.327273(7-x) + 1.727273(x-4.5)$$

และ $$s_2(x) = -0.145455(9-x)^3 + 1.831818(9-x) + 0.25(x-7)$$

ดังนั้นค่า $f(5)$ ซึ่งอยู่ในช่วง $s_1(x)$ จะได้ว่า

$$s_1(5) = 0.116364(7-5)^3 + 0.116364(5-4.5)^3 - 0.327273(7-5) + 1.727273(5-4.5) = 1.1255$$

3.2.4 การประมาณค่าในช่วงโดยเส้นโค้งแบบอื่นๆ

สำหรับในหัวข้อนี้ จะกล่าวถึงการประมาณค่าในช่วงโดยเส้นโค้งกำลังสามแบบอื่นๆ ที่จะใช้ในการเปรียบเทียบกับการประมาณค่าในช่วงแบบแบ่งช่วงโดยเส้นโค้งกำลังสามในหัวข้อ 3.2.3 ที่ผ่านมา เพื่อหาการประมาณค่าในช่วงที่ให้ผลลัพธ์ที่มีความคลาดเคลื่อนน้อยที่สุด ซึ่งในงานวิจัยนี้จะเปรียบเทียบการประมาณค่าในช่วงโดยเส้นโค้งกำลังสามแบบต่างๆ ได้แก่ การประมาณค่าในช่วงแบบแบ่งเป็นช่วงโดยเส้นโค้งกำลังสามแบบเฮอร์มิท, การประมาณค่าในช่วงโดยเส้นโค้งแบบเบซิเยร์(Bezier) และการประมาณค่าในช่วงโดยเส้นโค้งแบบบี-สไปล์น (B-Spline) ตามลำดับดังนี้

3.2.4.1 การประมาณค่าในช่วงด้วยเส้นโค้งกำลังสามแบบเฮอร์มิท

สำหรับการหาค่าประมาณในช่วงแบบแบ่งเป็นช่วงด้วยเส้นโค้งกำลังสามแบบเฮอร์มิทนี้ (Piecewise Cubic Hermite Interpolation) จะเริ่มจากจุด $a = x_0 < x_1 < ... < x_{n-1} = b$ สมมติว่าในแต่ละช่วง x_i และ x_{i-1} ทราบค่าฟังก์ชัน $s_i = f'(x_i)$ โดยที่ $\Delta x = x_{i+1} - x_i$ ดังนั้น จะมีรูปทั่วไปของพหุนาม ดังนี้

$$p(x) = f(x_i) + f[x_i,x_i](x-x_i) + f[x_i,x_i,x_{i+1}] - f[x_i,x_i,x_{i+1},x_{i+1}]\Delta x_i(x-x_i)^2 + f[x_i,x_i,x_{i+1},x_{i+1}](x-x_i)^3$$

จะได้ว่า

$$c_{1,i} = f(x_i)$$

$$c_{2,i} = f[x_i, x_i] = f'(x_i)$$

$$c_{3,i} = f[x_i, x_i, x_{i+1}] - f[x_i, x_i, x_{i+1}, x_{i+1}]\Delta x_i$$

$$= \frac{f[x_i, x_{i+1}]}{\Delta x_i} - \frac{s_i}{\Delta x_i} - c_{4,i}\Delta x_i$$

$$= \frac{s_{i+1}}{(\Delta x_i)^2} + \frac{s_i}{(\Delta x_i)^2} - \frac{2f[x_i, x_{i+1}]}{(\Delta x_i)^2}$$

โดยที่ $s_i = f'(x_i)$ ดังนั้น จะสามารถหาค่า $c_{1,i}$, $c_{2,i}$, $c_{3,i}$, $c_{4,i}$ สำหรับทุกๆ ค่าของ $i = 0,1,2,\ldots,n$ ซึ่งทำให้ได้ค่า $s_i(x)$ ในช่วง x_i และ x_{i+1} ดังกล่าวได้

3.2.4.2 การประมาณค่าในช่วงโดยเส้นโค้งกำลังสามแบบเบซิเยร์

สำหรับเส้นโค้งแบบเบซิเยร์นี้มีคุณสมบัติที่สำคัญ คือ เส้นโค้งจะอยู่ภายในรูปหลายเหลี่ยมที่เรียกว่า convex hull สำหรับ convex hull ของเซตของจุดต่างๆ ก็คือ convex ที่เล็กที่สุดที่บรรจุเซตของจุดทั้งหมด โดยที่จุดข้อมูลแต่ละจุดจะเรียกว่า จุดควบคุม (control point) สำหรับเส้นโค้งกำลังสามแบบเบซิเยร์นี้จะต้องใช้จุดควบคุมทีละ 4 จุดในการสร้างเส้นโค้งประมาณค่าแต่ละช่วง ซึ่งมีรูปแบบทั่วไปของพหุนามกำลังสามดังนี้

$$P(u) = \sum_{i=0}^{3} \binom{n}{i} (1-u)^{n-i} u^i p_i$$

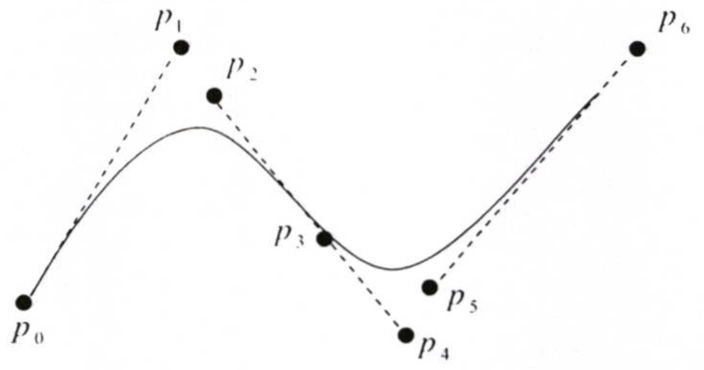
หรือ

$$P(u) = \sum_{i=0}^{3} B_i^n(u) p_i$$

โดยที่

$$B_i^n(u) = \binom{n}{i}(1-u)^{n-i}u^i \quad \text{เมื่อ} \quad \binom{n}{i} = \frac{n!}{i!(n-i)!} \quad \text{สำหรับ} \quad n \geq i$$

เมื่อ $0 \leq u \leq 1$



รูปที่ 3.6 แสดงเส้นโค้งกำลังสามแบบเบซิเยร์

3.2.4.3 การประมาณค่าในช่วงโดยเส้นโค้งแบบบี-สไปลน์

สำหรับเส้นโค้งแบบบี-สไปล์นนี้จะเหมือนกับแบบเบซิเยร์ที่เส้นโค้งไม่ต้องผ่านจุดข้อมูลที่กำหนดให้ทั้งหมด ต่างกันตรงที่เส้นโค้งของบี-สไปล์นจะไม่เริ่มต้นและสิ้นสุดที่จุดปลาย เมื่อกำหนดให้ $p_0 = (x_i, y_i)$ เมื่อ $i = 1, 2, \ldots, n$ สมการของเส้นโค้งกำลังสามแบบบี-สไปล์นในช่วง (p_i, p_{i+1}) เมื่อ $i = 1, 2, \ldots, n-1$

$$Bi(u) = \sum_{k=-1}^{2} b_k p_{i+k}$$

โดยที่

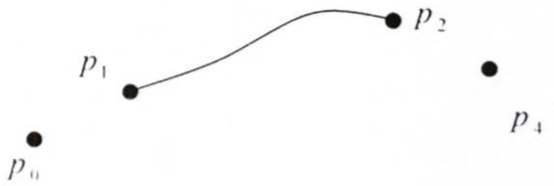
$$b_{-1} = \frac{(1-u)^3}{6} / 6$$

$$b_0 = \frac{u^3}{2} - u^2 + \frac{2}{3}$$

$$b_1 = \frac{-u^3}{2} + \frac{u^2}{2} + \frac{u}{2} + \frac{1}{6}$$

$$b_2 = \frac{u^3}{6}$$

เมื่อ $0 \le u \le 1$

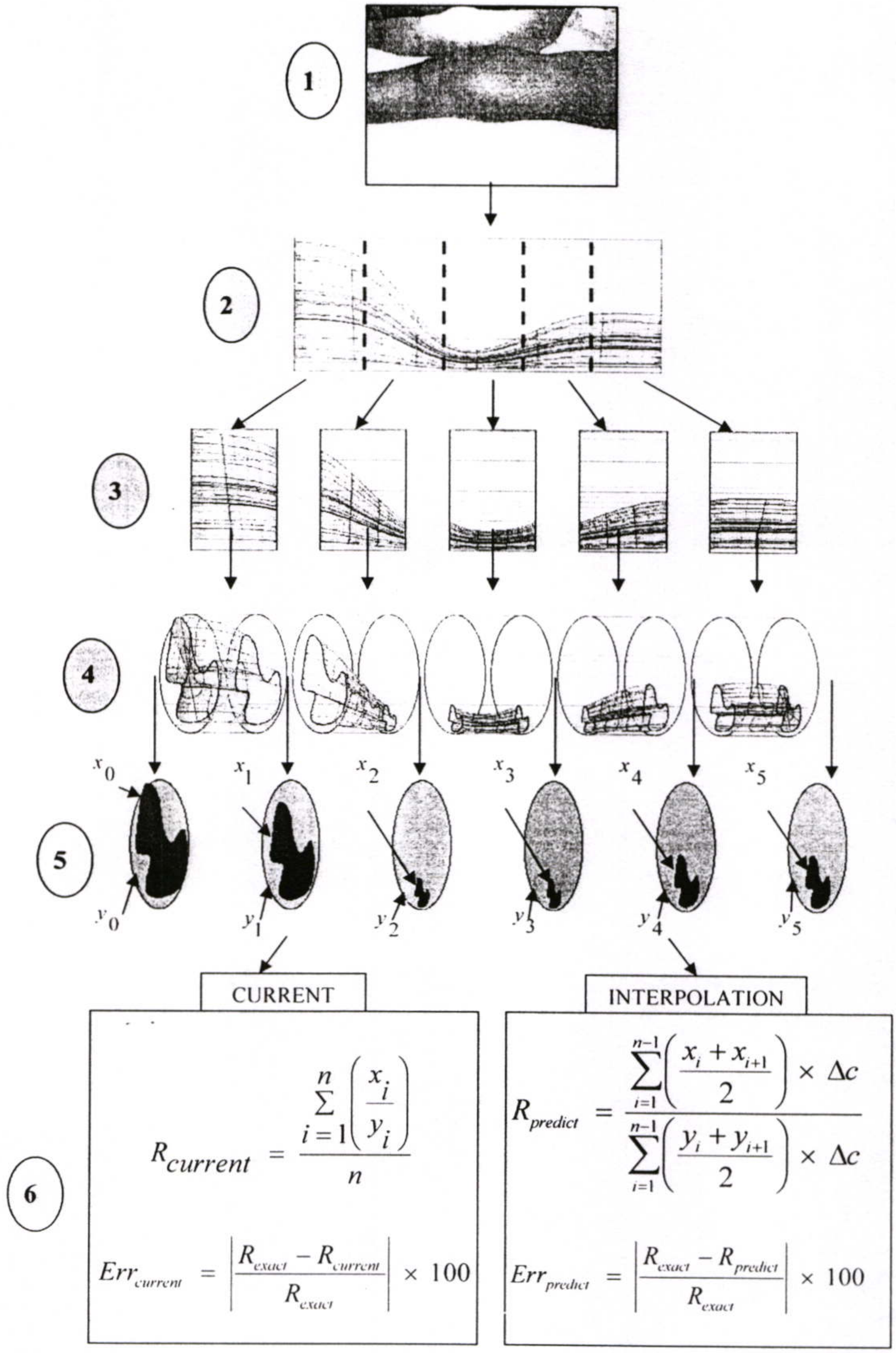


รูปที่ 3.7 แสดงเส้นโค้งกำลังสามแบบบี-สไปลน์

บทที่ 4

การออกแบบการจำลองระบบ

ในขบวนการส่องกล้องจุลทรรศน์กระดูกเพื่อตรวจหาปริมาณเนื้อมะเร็งตายของงานพยาธิวิทยา เริ่มจากการนำส่วนกระดูกที่ศัลยแพทย์ออร์โธปิดิกส์ตัดออกมา 1 ส่วนและทำการตัดขวางชิ้นกระดูกโดยมีความหนาแต่ละชิ้นประมาณ 1 เซนติเมตร และต้องทำการตัดเป็นชิ้นเล็กๆ ประมาณ 2x1 เซนติเมตร เพื่อทำเป็นชิ้นขนาดเล็กพอกับแผ่นสไลด์ นำไปส่องกล้องจุลทรรศน์ดูเปอร์เซ็นต์ของเนื้อมะเร็งที่ตาย ปรกติจะมีขั้นตอนที่ละเอียดและจำนวนชิ้นงานที่มากในการตรวจแต่ละครั้ง ซึ่งขั้นตอนเหล่านี้ก็ยังไม่สามารถที่จะทำให้ทราบถึงค่าจริงของปริมาตรเนื้อตายและเนื้อมะเร็งได้ โดยค่าปริมาตรจริงเหล่านี้เป็นค่าที่ใช้วัดอ้างอิงค่าความคลาดเคลื่อนของแต่ละวิธีการคำนวณได้ ดังนั้นในงานวิจัยนี้จึงได้ทำระบบจำลองขึ้น โดยเริ่มจากการขึ้นโมเดลกระดูกต้นแบบและส่วนของเนื้อมะเร็งตายภายในด้วยโปรแกรมสามมิติ ทำการหั่นโมเดลกระดูกที่ได้เป็นท่อนๆ ใช้ฟังก์ชันคำนวณหาพื้นที่เนื้อมะเร็งตายแต่ละหน้าตัด จากนั้นจะสร้างโปรแกรมการคำนวณหาอัตราส่วนเนื้อตายต่อเนื้อมะเร็งด้วยวิธีการที่ใช้ในปัจจุบัน ในขณะเดียวกันก็สร้างโปรแกรมคำนวณอัตราส่วนเนื้อตายต่อเนื้อมะเร็ง โดยอาศัยเทคนิคการประมาณค่าแบบแบ่งช่วง ซึ่งเป็นวิธีใหม่ในการคำนวณที่นำเสนอ จากนั้นจึงทำการเปรียบเทียบระหว่างวิธีที่ใช้ในปัจจุบันกับวิธีการใหม่ที่นำเสนอ โดยวัดจากค่าความคลาดเคลื่อนของแต่ละวิธี กับค่าอัตราส่วนปริมาตรจริงที่ได้จากโมเดลต้นแบบ เพื่อแสดงให้เห็นว่าวิธีการที่นำเสนอนั้นสามารถที่จะช่วยให้การพยากรณ์มีความถูกต้องแม่นยำมากขึ้น ดังสรุปในภาพ รูปที่ 4.1



รูปที่ 4.1 แสดงภาพรวมของระบบจำลองขบวนการส่องกล้องจุลทรรศน์มะเร็งกระดูก

จากรูปที่ 4.1 คือ ภาพรวมของระบบจำลองส่องกล้องจุลทรรศน์มะเร็งกระดูกซึ่งแบ่งการทำงานออกเป็น 6 ขั้นตอนหลักๆ ดังนี้

1. ผู้ป่วยเข้ามาพบแพทย์โรคกระดูก และแพทย์วินิจฉัยว่าเป็นมะเร็งกระดูก แพทย์จึงทำการรักษาโดยให้ยาเคมีบำบัดก่อนการผ่าตัด

2. ภาพจำลองส่วนหนึ่งของกระดูกที่แพทย์ตัดออกจากร่างกายของผู้ป่วย และนำชิ้นกระดูกส่วนดังกล่าวไปให้แผนกพยาธิวิทยาทำการส่องกล้องจุลทรรศน์ตรวจหาเซลล์มะเร็งตาย จากนั้นจึงคำนวณหาค่าอัตราส่วนเนื้อตายต่อเนื้อมะเร็งทั้งหมด โดยภาพจำลองสามมิตินี้ รูปทรงกระบอกภายนอกแทนเนื้อมะเร็งกระดูก และบริเวณลายเส้นโค้งแทนส่วนของเนื้อมะเร็งตาย

3. ภาพสามมิติจำลองจากการที่แผนกพยาธิวิทยาทำการตัดขวางชิ้นกระดูกจากขั้นตอนที่ 2 ทุกระยะ 1 เซนติเมตร

4. ภาพสามมิติจำลองแต่ละชิ้นส่วนที่ถูกตัดขวางจากขั้นตอนที่ 3 โดยหมุนภาพรอบแกน x ทำมุมประมาณ 15 องศา เพื่อแสดงให้เห็นเนื้อตายภายในท่อนกระดูกอย่างชัดเจน

5. ภาพจำลองของพื้นผิวของแต่ละภาพตัดขวางที่ได้จากขั้นตอนที่ 4 ซึ่งจะได้ค่า x_i และ y_i โดย x_i คือพื้นที่เนื้อมะเร็งตายในแต่ละภาพตัดขวางที่ i และ y_i คือพื้นที่เนื้อมะเร็งทั้งหมดในแต่ละภาพตัดขวางที่ i

6. จำลองการคำนวณหาค่าอัตราส่วนปริมาตรเนื้อตายต่อเนื้อมะเร็งโดยวิธีการที่ใช้อยู่ในปัจจุบัน (ซ้าย) เปรียบเทียบกับวิธีการที่นำเสนอ (ขวา)

ในบทนี้ จะกล่าวถึงการออกแบบการจำลองระบบ โดยเริ่มจากการเลือกใช้โปรแกรมสามมิติเพื่อสร้างโมเดลกระดูก จากนั้นจึงอธิบายถึงขั้นตอนการสร้างโมเดลกระดูก รวมถึงส่วนของเนื้อมะเร็งตายภายใน ขั้นตอนต่อไปจึงทำการหั่นโมเดลกระดูกที่สร้างได้ออกเป็นท่อนๆ และหาค่าพื้นที่ในแต่ละหน้าตัด ตามด้วยการสร้างอัลกอริทึมคำนวณหาอัตราส่วนเนื้อตายต่อเนื้อมะเร็งจากโมเดลที่สร้างขึ้น โดยจะอธิบายถึงแต่ละส่วนของอัลกอริทึมโดยละเอียด ได้แก่ ส่วนของการรับข้อมูลจากไฟล์ข้อมูลต้น ส่วนของการควบคุมจำนวนรอบการทำงาน ส่วนของการคำนวณหาอัตราส่วนเนื้อตายต่อเนื้อมะเร็งโดยวิธีการที่ใช้ในปัจจุบันและวิธีการใหม่ที่นำเสนอ พร้อมทั้งหาค่าความคลาดเคลื่อนของแต่ละวิธี โดยนำค่าอัตราส่วนเนื้อตายต่อเนื้อมะเร็งที่คำนวณโดยวิธีการปัจจุบันและวิธีการใหม่เปรียบเทียบกับค่าปริมาตรจริงของโมเดลกระดูกต้นแบบ เพื่อแสดงให้เห็นว่าวิธีการใหม่ที่นำเสนอนั้นสามารถที่จะช่วยให้การพยากรณ์ค่าอัตราส่วนเนื้อตายต่อเนื้อมะเร็งมีความถูกต้องแม่นยำมากขึ้น

4.1 การเลือกใช้โปรแกรมสามมิติ

เนื่องจากในทางปฏิบัติจริง เราไม่ทราบค่าหรือไม่สามารถคำนวณหาปริมาตรที่แท้จริงของเซลล์มะเร็งตายในกระดูกได้ ทำได้เพียงหาค่าของพื้นที่ในแต่ละหน้าตัดมารวมกันแล้วเฉลี่ยสรุปออกมาเป็นเปอร์เซ็นต์ของเนื้อมะเร็งตายเท่านั้น จึงมีแนวคิดว่าหากใช้ก้อนดินน้ำมันที่รู้ปริมาตรแน่นอน ปั้นจำลองเป็นท่อนกระดูกและส่วนของเนื้อมะเร็งตายขึ้นมา เมื่อทำการหั่นเป็นท่อนๆ ก็จะสามารถวัดพื้นที่แต่ละหน้าตัด และทำการคำนวณเปรียบเทียบกับปริมาตรจริงหาความคลาดเคลื่อนได้ แต่ในกรณีการปั้นดินน้ำมันนี้ หากต้องการทดสอบหลายๆรูปแบบ จะมีขั้นตอนที่ค่อนข้างจะยุ่งยากและเสียเวลาในการปั้นมาก อีกทั้งยังต้องคำนึงถึงเรื่องความหนาแน่นหรือแรงกดของดินน้ำมัน หรือหากมีฟองอากาศเกิดขึ้นภายในจะทำให้ปริมาตรของดินน้ำมันเกิดการเปลี่ยนแปลง ซึ่งอาจทำให้เกิดความคลาดเคลื่อนในการคำนวณได้ ดังนั้นจึงต้องอาศัยการจำลองการสร้างโมเดลกระดูกโดยใช้โปรแกรมสามมิติมาช่วยแก้ปัญหาดังกล่าว

จากการศึกษาและทดลองใช้งานโปรแกรมสามมิติต่างๆ เช่น Alias Maya 6.5, Auto CAD 2004, 3D Studio Max 5 และ Form-Z 5.5 พบว่าแต่ละโปรแกรมก็มีข้อดีและข้อเสียแตกต่างกันออกไป ดังเช่นผลการศึกษาที่ปรากฏในตารางที่ 4.1

ตารางที่ 4.1 เปรียบเทียบข้อดีและข้อเสียของโปรแกรมสามมิติต่างๆ ที่ใช้ทดลอง

โปรแกรมสามมิติที่ใช้จำลองระบบ	ข้อดี	ข้อเสีย
Alias Maya 6.5	- การขึ้นโมเดลทำได้ง่าย รวมทั้งการปรับเปลี่ยนรูปทรง และมี tool ต่างๆ ที่ช่วยในการจัดการกับ object ที่สร้างขึ้นมากมาย - มักนิยมใช้ในงานด้าน animation ทั่วไปมากกว่างานด้านออกแบบผลิตภัณฑ์ - มีโปรแกรม plug-in เสริมการทำงานให้ใช้มากมาย	- เป็นซอฟต์แวร์ลิขสิทธิ์ราคาแพง - ใช้ทรัพยากรระบบคอมพิวเตอร์ค่อนข้างสูง - ไม่มีฟังก์ชันคำนวณหรือแสดงคุณสมบัติด้านปริมาตรหรือพื้นที่ของ object ที่สร้างขึ้น - การ render งานแสดงผลค่อนข้างช้า
Auto CAD 2004	- เป็นซอฟต์แวร์ที่นิยมใช้ในงานด้านการออกแบบสิ่งก่อสร้างทางวิศวกรรม - มีฟังก์ชันคำนวณหาปริมาตรและพื้นที่ของวัตถุที่สร้าง	- เป็นซอฟต์แวร์ลิขสิทธิ์ราคาแพง - ทำงานช้า ใช้ทรัพยากรของระบบคอมพิวเตอร์สูง - ไม่นิยมใช้ในงาน animation - ไม่มีโปรแกรม plug-in มากนัก - โมเดล 3 มิติแบบพื้นฐานมีให้เลือกใช้น้อย

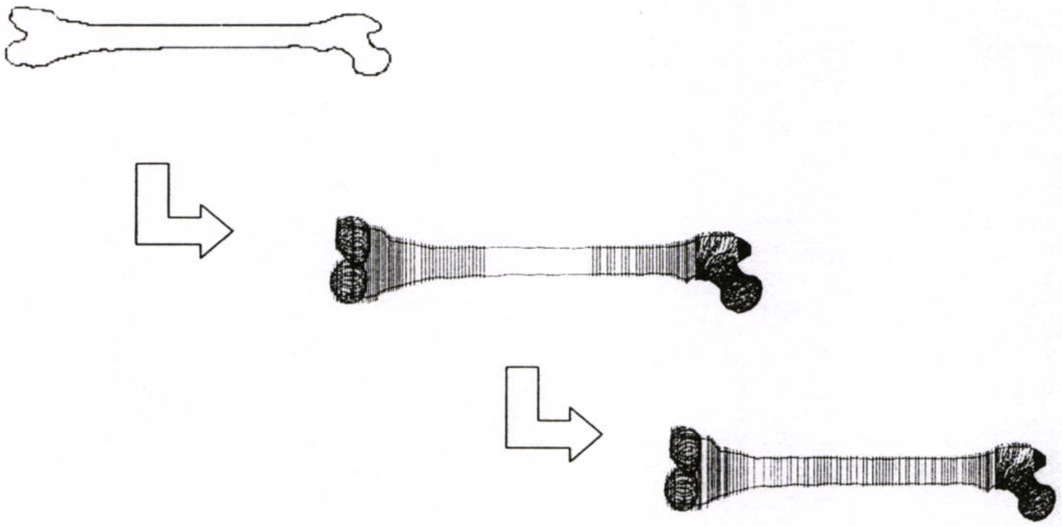
โปรแกรมสามมิติที่ใช้จำลองระบบ	ข้อดี	ข้อเสีย
3D Studio MAX 5	- การขึ้นโมเดลและปรับเปลี่ยนรูปทรงโมเดลทำได้ง่าย - นิยมใช้ในงาน animation ทั่วไป - มีโปรแกรม plug-in ให้ใช้มากมาย - มีส่วนของการ export ไฟล์งานไปใช้กับโปรแกรมอื่น	- เป็นซอฟต์แวร์ลิขสิทธิ์ราคาแพง - การทำงานช้า ใช้ทรัพยากรของระบบสูง - ไม่มีฟังก์ชันคำนวณหาปริมาตรหรือพื้นที่ของโมเดลที่สร้าง
Form-Z 5.5	- การขึ้นโมเดลและการปรับเปลี่ยนรูปทรงทำได้ง่าย เพราะสามารถทำการกำหนดค่าพารามิเตอร์ผ่านหน้าต่าง prompt ได้โดยตรง - มีฟังก์ชันที่ใช้คำนวณหาและหน้าต่างแสดง properties ของโมเดลโดยละเอียด - มี tool ที่ใช้จัดการกับโมเดลมากมายให้เลือกใช้ง่าย เช่น คำสั่งในการ slice section โดยกำหนดเป็นระยะห่างได้เป็นต้น - ทำงานได้เร็ว เพราะสามารถเลือกโหมดการทำงานแบบต่างๆได้ เช่น โหมดแสดงภาพแบบเส้นโครงร่าง (wire frame) เป็นต้น - มีสคริปต์ (script) แยกส่วนของการ render ออกมา ทำให้การนำชิ้นงานออกไปใช้ได้รวดเร็ว - ใช้ทรัพยากรของระบบน้อย	- เป็นซอฟต์แวร์ลิขสิทธิ์เช่นกัน แต่ราคาไม่แพงนักเมื่อเทียบกับโปรแกรมสามมิติอื่นๆ - ถึงแม้จะมีความสามารถในการทำ animation แต่มักนิยมใช้ในงานออกแบบผลิตภัณฑ์มากกว่า - มีข้อด้อยในส่วนของสคริปต์ (script) ที่ใช้ในขั้นตอนการสร้างโมเดล

จากตารางที่ 4.1 ได้สรุปผลการศึกษาเปรียบเทียบข้อดีและข้อเสียของโปรแกรมสามมิติแต่ละโปรแกรม พบว่าโปรแกรม Form-Z เป็นอีกโปรแกรมหนึ่งที่มีข้อดีหลายอย่าง และมีความเหมาะสมที่จะนำมาใช้ในการจำลองระบบในงานวิจัยนี้ ซึ่งนอกจากจะเป็นโปรแกรมสามมิติที่ได้รับความนิยมสำหรับการออกแบบผลิตภัณฑ์โดยเฉพาะแล้ว ยังมีข้อดีในเรื่องความรวดเร็วในการ

ของโมเดลที่สร้างขึ้นอย่างละเอียดและได้ผลที่แม่นยำ ทำให้สามารถลดความคลาดเคลื่อนจากการคำนวณหาพื้นที่และปริมาตรในการทดลองได้

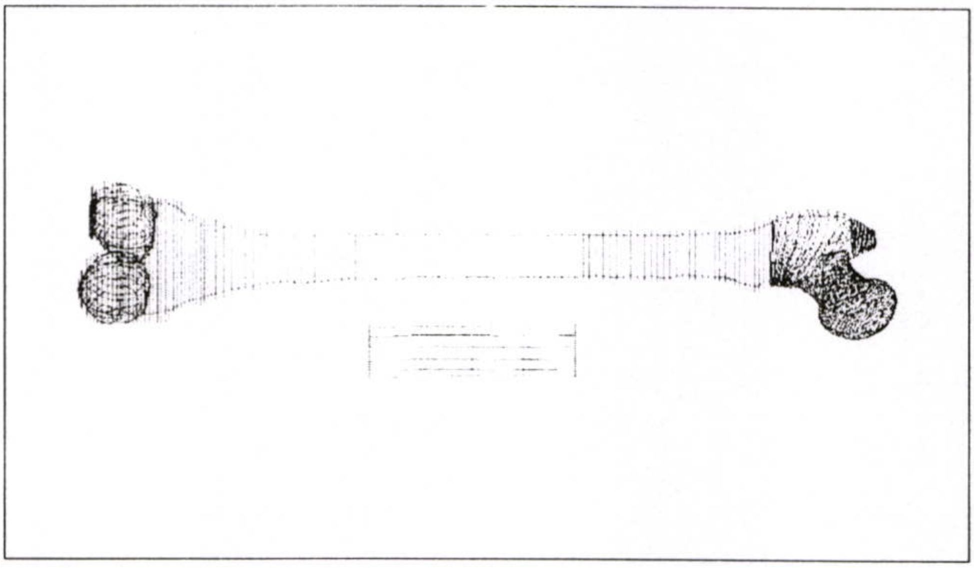
4.2 การสร้างโมเดลกระดูก

หลังจากที่โปรแกรมสามมิติได้ถูกเลือกแล้ว ต่อมาจึงใช้โปรแกรมสามมิติช่วยในการสร้างโมเดลกระดูก โดยในการสร้างโมเดลกระดูกจะมีพื้นฐานการสร้างเหมือนๆ กันกับการใช้โปรแกรมสามมิติทุกโปรแกรม เพียงแต่อาจมีข้อแตกต่างในส่วนของการใช้คำสั่งการสร้างเท่านั้น ส่วนมากจะเริ่มจากการขึ้นโครงร่างหรือวางเส้นโครงของท่อนกระดูกขึ้นมาก่อน จากนั้นจึงทำการสร้างพื้นผิวห่อหุ้มเส้นโครงร่างที่สร้างไว้ ดังรูปที่ 4.1



รูปที่ 4.1 แสดงขั้นตอนการสร้างโมเดลกระดูกด้วยโปรแกรมสามมิติ ที่เริ่มจากการวางเส้นโครงและสร้างพื้นผิวห้อหุ้ม

เมื่อได้โมเดลท่อนกระดูกส่วนที่ต้องการแล้ว จึงทำการตัดหรือหั่นโมเดลออก ณ ตำแหน่งที่ต้องการจำลอง ดังรูปที่ 4.2



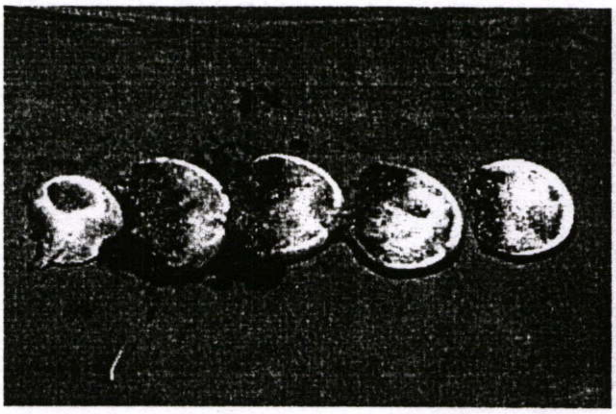
รูปที่ 4.2 ส่วนของโมเดลกระดูกสามมิติที่ทำการตัดออกมา

4.3 การสร้างส่วนของเนื้อมะเร็งตายภายในท่อนกระดูก

ในขั้นตอนนี้ จะเป็นการสร้างส่วนของเนื้อมะเร็งตายภายในโมเดลกระดูกส่วนที่สร้างเสร็จ ซึ่งได้จากหัวข้อที่ 4.2 แต่เนื่องจากการเกิดส่วนของเนื้อตายหลังจากได้รับเคมีบำบัดนั้น มีลักษณะและรูปร่างไม่แน่นอนตายตัว จึงเป็นการยากที่จะสร้างส่วนของเนื้อมะเร็งตายให้ครอบคลุมทุกกรณีที่เป็นไปได้ ดังนั้นในงานวิจัยนี้จึงได้ออกแบบการสร้างส่วนของส่วนเนื้อตายโดยมีขั้นตอนเริ่มจากการสุ่มพื้นที่เนื้อมะเร็งตาย จากนั้นจึงทำการสร้างโมเดลส่วนของเนื้อมะเร็งตายด้วยโปรแกรมสามมิติ โดยแบ่งการทดสอบออกเป็นกลุ่มๆ ตามระดับเกรดการเกิดเนื้อมะเร็งตายตามที่ได้กล่าวมาแล้วในบทที่ 1

4.3.1 การสุ่มพื้นที่ของเนื้อมะเร็งตาย

การสุ่มพื้นที่ของเนื้อมะเร็งตายนี้มีหลักเกณฑ์ว่า เมื่อทำการตัดโมเดลกระดูกออกเป็นท่อนๆ ในระยะห่างที่เท่ากันแล้ว จะมองเห็นส่วนของเนื้อมะเร็งตายตามภาพตัดขวาง ซึ่งจะมีพื้นที่อยู่ไม่เกินพื้นที่ของหน้าตัดกระดูกทั้งหน้าตัด เปรียบเสมือนมีพื้นที่วงในอยู่ไม่เกินพื้นที่วงนอก ดังรูปที่ 4.3 ที่แสดงพื้นที่ของกระดูกที่ทำการตัดเป็นท่อนๆ ในขบวนการส่องกล้องจุลทรรศน์กระดูกของงานพยาธิวิทยา



รูปที่ 4.3 ภาพตัดขวางกระดูกที่ทำการหั่นเป็นท่อนๆ ระยะห่างประมาณ 1 เซนติเมตร ในขบวนการส่องกล้องจุลทรรศน์ที่ปฏิบัติจริงในงานพยาธิวิทยา

ซึ่งในงานวิจัยนี้จึงได้ทำการจำลองโดยการเขียนโปรแกรมทำการสุ่มพื้นที่ในแต่ละตัดตามระดับเกรด เพื่อใช้เป็นชุดข้อมูลต้นสำหรับการสร้างโมเดลส่วนของเนื้อมะเร็งตาย

```
1   READLN(OuterArea);
2   READLN(Grade);
3   CASE(Grade)
4       1 : LowLimit := 0;     MaxLimit := 50;
5       2 : LowLimit := 50;    MaxLimit := 90;
6       3 : LowLimit := 90;    MaxLimit := 100;
7       4 : LowLimit := 100;   MaxLimit := 100;
8   Percent := RANDOM(LowLimit - MaxLimit);
9   InnerArea := Percent / 100 * OuterArea;
```

รูปที่ 4.4 ส่วนหนึ่งของโปรแกรมที่ใช้สุ่มพื้นที่เนื้อมะเร็งตาย

จากรูปที่ 4.4 แสดงส่วนหนึ่งของโปรแกรมที่ใช้สุ่มตัวเลขของพื้นที่เนื้อมะเร็งตายหลังจากหั่นกระดูกออกเป็นท่อนๆ มีขั้นตอนการทำงานที่ไม่ซับซ้อนและสามารถเขียนด้วยโปรแกรมภาษาทั่วๆไป

อธิบายการขั้นตอนการทำงานได้ดังนี้

บรรทัดที่ 1 : รับค่าพื้นที่ของหน้าตัดวงนอก

บรรทัดที่ 2 : รับค่าระดับเกรดเนื้อตาย

บรรทัดที่ 3 – 7 : กำหนดช่วงของพื้นที่วงในตามระดับเกรด

บรรทัดที่ 8 : ทำการสุ่มเปอร์เซ็นต์ของพื้นที่วงในให้อยู่ในช่วงที่กำหนด

บรรทัดที่ 9 : คำนวณค่าเปอร์เซ็นต์ที่ได้เป็นพื้นที่วงใน (พื้นที่เนื้อมะเร็งตาย)

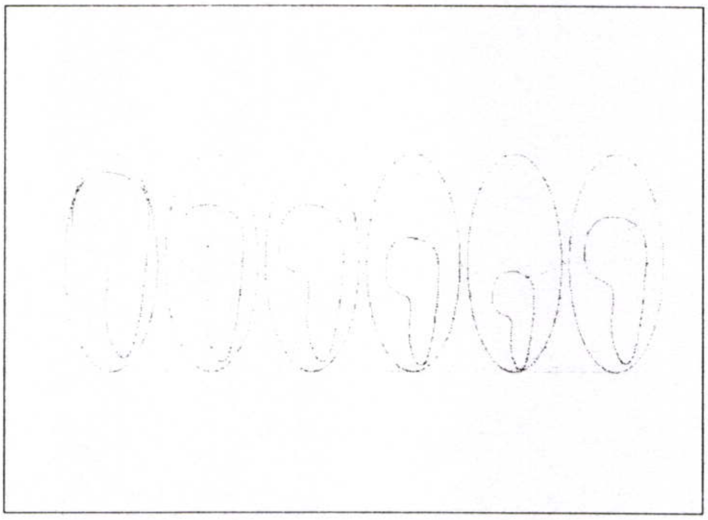
```
ENTER OUTER AREA : 12.566
ENTER GRADE : 3
RANDOM INNER AREA : 11.686(93%)
```

รูปที่4.5 ตัวอย่างผลลัพธ์การสุ่มตัวเลขระดับเกรด และพื้นที่วงใน (เนื้อมะเร็งตาย)

จากรูปที่ 4.5 นี้ แสดงตัวอย่างผลลัพธ์การสุ่มพื้นที่วงใน โดยเมื่อทำการรับพื้นที่วงนอกและระดับเกรดที่ต้องการทดสอบเข้ามาแล้ว จะทำการกำหนดช่วงการสุ่มพื้นที่วงในให้อยู่ในระดับเกรดที่รับค่าเข้ามา

4.3.2 การสร้างโมเดลส่วนของเนื้อมะเร็งตาย

เมื่อได้ค่าพื้นที่ของเนื้อมะเร็งตายที่ทำการสุ่มแล้ว ขั้นตอนต่อไปจึงนำค่าที่ได้นี้ไปสร้างโมเดลเนื้อมะเร็งตายโดยโปรแกรมสามมิติอีกครั้ง โดยให้พื้นที่วงในหรือเนื้อมะเร็งตายหลังทำการตัดโมเดลกระดูกเป็นท่อนๆ แล้วมีค่าใกล้เคียงกับค่าที่คำนวณนี้มากที่สุด สำหรับขั้นตอนการสร้างนี้จะมีกระบวนการเช่นเดียวกับการสร้างโมเดลกระดูกในหัวข้อ 4.2 ที่ผ่านมา และเมื่อสร้างส่วนของเนื้อมะเร็งตายภายในแล้ว จะมีลักษณะดังเช่นแสดงในรูปที่ 4.6

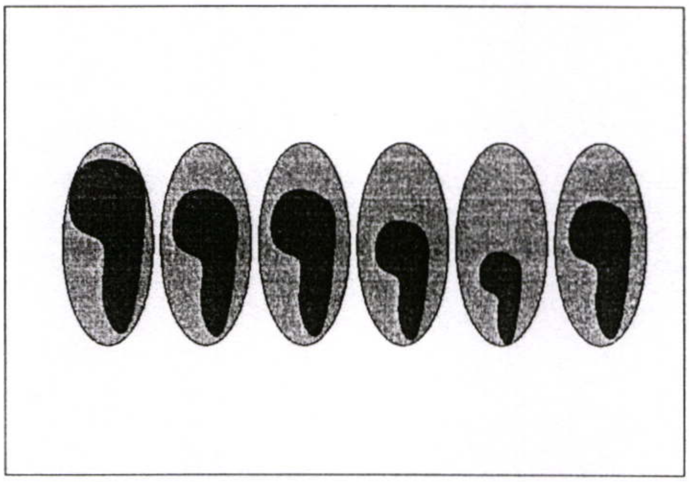


รูปที่ 4.6 แสดงส่วนของเนื้อตายภายในโมเดลกระดูกที่จำลองขึ้น

จากขั้นตอนการสุ่มพื้นที่เนื้อมะเร็งตายที่ในหัวข้อ 4.3.2 ที่ผ่านมา จะเห็นได้ว่าเป็นขั้นตอนการสุ่มตัวเลขของพื้นที่แล้วสร้างโมเดลให้ได้ค่าพื้นที่หลังตัดเป็นท่อนๆ ให้ใกล้เคียงกับค่าที่สุ่มเพราะเนื่องจากโดยขั้นตอนของโปรแกรมสามมิติทั่วๆไป แล้ว เราไม่สามารถที่จะระบุปริมาตรของโมเดลก่อนการขึ้นรูปได้ ทำได้เพียงสร้างโมเดลขึ้นมาก่อนแล้วจึงค่อยหาปริมาตรของโมเดลนั้น

4.4 การหั่นโมเดลกระดูกเป็นท่อนๆ และการหาพื้นที่ในแต่ละหน้าตัด

หลังจากได้โมเดลกระดูกที่มีส่วนของเนื้อมะเร็งตายภายในแล้ว ในขั้นตอนต่อไป จะทำการหั่นโมเดลที่ได้ออกเป็นท่อนๆ โดยมีระยะห่างการหั่นที่เท่าๆกัน ดังรูปที่ 4.7 จากนั้นจึงทำการหาค่าพื้นที่ในแต่ละส่วนของแต่ละหน้าตัด ซึ่งโปรแกรมสามมิติ Form-Z ที่ใช้ในงานวิจัยนี้ ก็ได้มีเครื่องมือสำหรับทำการหั่นโมเดลออกเป็นท่อนๆ และมีส่วนของหน้าต่างแสดงคุณสมบัติ (properties) ที่บอกถึงพื้นที่แต่ละส่วนให้โดยเฉพาะ โดยจะทำการเก็บค่าข้อมูลพื้นที่แต่ละหน้าตัดนี้นำไปใช้เป็นชุดข้อมูลต้นในการสร้างอัลกอริทึมเพื่อทดสอบระบบต่อไป



รูปที่ 4.7 แสดงส่วนของหน้าตัดโมเดลกระดูกที่ทำการหั่นเป็นท่อนๆ แล้ว

สำหรับชุดข้อมูลต้นที่เป็นพื้นที่เนื้อตายและเนื้อมะเร็งในแต่ละหน้าตัดของโมเดลกระดูกนี้ เปรียบเสมือนเป็นชุดข้อมูลพื้นที่ของเนื้อตายและเนื้อมะเร็งที่ได้รับจากการส่องกล้องจุลทรรศน์ตรวจหาส่วนของเนื้อมะเร็งตายในพยาธิแผนก จากนั้นจึงนำค่าพื้นที่ที่ได้ไปคำนวณหาค่าอัตราส่วนเนื้อตายต่อเนื้อมะเร็ง โดยในงานวิจัยนี้จะเปรียบเทียบการคำนวณระหว่างวิธีการที่พยาธิแผนกใช้ในปัจจุบัน และวิธีการใหม่ที่นำทฤษฎีการประมาณค่าในช่วง

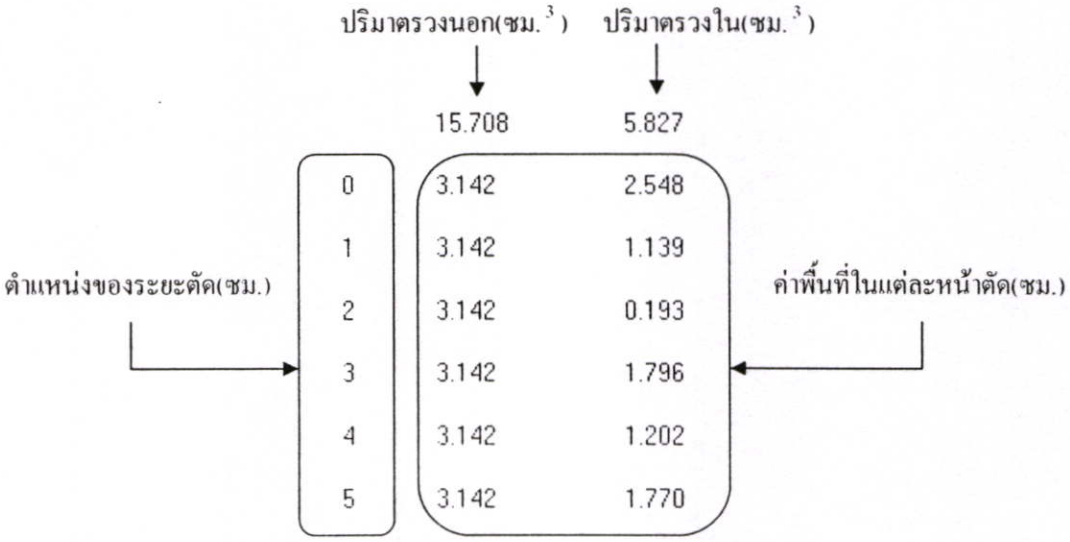
4.5 การสร้างอัลกอริทึมทดสอบ

ในหัวข้อนี้ จะกล่าวถึงการสร้างอัลกอริทึมเพื่อหาค่าอัตราส่วนเนื้อตายต่อเนื้อมะเร็งโดยใช้วิธีการคำนวณทั้งแบบปัจจุบัน และวิธีการใหม่ที่นำเสนอ โดยจะเริ่มต้นด้วยการอธิบาย ส่วนของการรับข้อมูลจากไฟล์ข้อมูลต้นเข้าสู่โปรแกรม ตามด้วยส่วนของการควบคุมจำนวนรอบในการ

ทำงาน ส่วนที่ใช้คำนวณค่าอัตราส่วนเนื้อตายต่อเนื้อมะเร็งรวมทั้งเปอร์เซ็นต์ความคลาดเคลื่อน และส่วนของการแสดงผลลัพธ์ ตามลำดับ

4.5.1 การรับข้อมูลจากไฟล์ข้อมูลต้นเข้าสู่โปรแกรม

สำหรับข้อมูลที่จะใช้ในการคำนวณของโปรแกรม ก็คือค่าของพื้นที่เนื้อมะเร็งตายในแต่ละหน้าตัดที่ได้จากการหั่นโมเดลออกเป็นท่อนๆ ดังอธิบายในหัวข้อ 4.4 รวมถึงปริมาตรจริงของโมเดล และตำแหน่งระยะตัด ซึ่งในการนำชุดข้อมูลต้นเข้าสู่โปรแกรมนี้ จะใช้รูปแบบของไฟล์ข้อความธรรมดา (Text File) ซึ่งมีรูปแบบดังแสดงในรูปที่ 4.8



รูปที่ 4.8 แสดงรูปแบบของชุดข้อมูลที่ใช้ในการเขียนโปรแกรมคำนวณ

จากรูปที่ 4.8 แสดงรูปแบบของไฟล์ชุดข้อมูลที่จะใช้ในการเขียนโปรแกรม ประกอบด้วยส่วนหลักๆ คือ

- ตำแหน่งของระยะตัด เป็นค่าที่จะใช้ในการบอกระยะตัดของโมเดล และเป็นส่วนที่เกี่ยวข้องกับจำนวนรอบของการทำงานของโปรแกรม ซึ่งจะอธิบายต่อไป

- ค่าพื้นที่ในแต่ละหน้าตัด เป็นค่าพื้นที่ที่ได้หลังจากการตัดโมเดลออกเป็นท่อนๆแล้วนั่นเอง ซึ่งจะเป็นชุดข้อมูลต้นที่ใช้ในการคำนวณหาอัตราส่วนเนื้อมะเร็งตายทั้งวิธีการปัจจุบัน และวิธีการที่นำเสนอ

- ค่าปริมาตรวงนอก เปรียบได้กับปริมาตรของโมเดลกระดูกทั้งส่วน และค่าปริมาตรวงในเปรียบได้กับปริมาตรของเนื้อมะเร็งตายภายในท่อนกระดูก ทั้งสองค่านี้จะได้มาจากหน้าต่างแสดงคุณสมบัติของโมเดลเช่นเดียวกับการหาพื้นที่แต่ละหน้าตัด และจะใช้ค่าปริมาตรแต่ละส่วนนี้ในการเปรียบเทียบหาค่าความคลาดเคลื่อนของการคำนวณ โดยวิธีแบบปัจจุบัน และวิธีการที่นำเสนอ

4.5.2 ส่วนควบคุมจำนวนรอบของการทำงาน

ในส่วนของการควบคุมจำนวนรอบการทำงานของโปรแกรม แบ่งเป็น 2 ระดับ คือ

1) ระดับที่ควบคุมจำนวนข้อมูลต้น กล่าวคือ จะควบคุมการใช้ชุดข้อมูลต้นในแต่ละรอบให้ลดน้อยลง เปรียบเสมือนว่าจะลดจำนวนชิ้นงานการตัดท่อนกระดูก ทั้งนี้เพื่อหาช่วงหรือระยะตัดที่เหมาะสม เป็นการลดขั้นตอนงานที่ทำในแผนกพยาธิวิทยาส่วนหนึ่ง สำหรับการควบคุมจำนวนรอบในระดับนี้ จะใช้ตำแหน่งของระยะตัดเป็นตัวควบคุม มีรูปแบบดังนี้

<u>รอบที่ 1</u> : ใช้ชุดข้อมูลที่กำหนดให้ทุกค่า ไม่มีการลดข้อมูล

<u>รอบถัดๆไป</u> : ลดข้อมูลต้นโดยการขยายช่วงหรือตำแหน่งระยะตัดให้กว้างขึ้น ซึ่งในที่นี่จะใช้วิธีการตัด (skip index) ระยะตำแหน่งของชุดข้อมูลต้นออกไป จนกว่าจะไม่สามารถขยายช่วงให้มากกว่าความยาวโมเดลท่อนกระดูกที่สร้างขึ้น และมีข้อกำหนดว่าหากช่วงที่ขยายนั้นยาวกว่าตำแหน่งสุดท้ายให้เพิ่มชุดข้อมูลตำแหน่งสุดท้ายลงไปด้วย

เช่น หากกำหนดชุดข้อมูลต้นเป็นพื้นที่หน้าตัดทุกระยะ 1 เซนติเมตร ทั้งหมด 10 หน้าตัด (ตำแหน่งซม.ที่ 0, 1, 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9)

<u>รอบที่ 1</u> : ไม่มีการลดชุดข้อมูลต้น เป็นข้อมูลทุก 1 ซม.

0	1	2	3	4	5	6	7	8	9

<u>รอบที่ 2</u> : เพิ่มระยะห่างของชุดข้อมูลออกไป เป็นข้อมูลทุกระยะ 2 ซม.

0	~~1~~	2	~~3~~	4	~~5~~	6	~~7~~	8	9

จะเห็นได้ว่าหากทำการ skip index ในตำแหน่งสุดท้าย จะทำให้ระยะตัดที่ 9 ซม.หายไป อาจทำให้ค่าความคลาดเคลื่อนมีมากเกินความเป็นจริง เพราะปริมาตรของโมเดลกระดูกที่จำลองขึ้นนี้มีส่วนที่เลยมาถึงหน้าตัดสุดท้ายด้วย ดังนั้นให้รวมเป็นข้อมูลชุดสุดท้ายเข้าไป

<u>รอบที่ 3</u> : เพิ่มระยะห่างของชุดข้อมูลออกไป เป็นข้อมูลทุกระยะ 3 ซม.

0	~~1~~	~~2~~	3	~~4~~	~~5~~	6	~~7~~	~~8~~	9

.

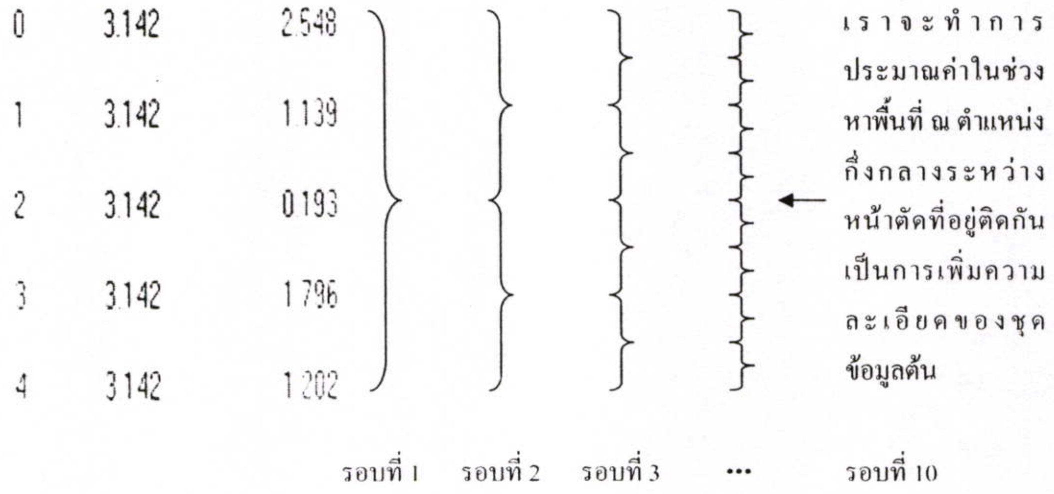
.

.

ทำเช่นนี้ไปเรื่อยๆ จนกว่าจะไม่สามารถขยายช่วงระยะตัดให้มากกว่าความยาวของโมเดลต้นแบบหรือนั่นคือไม่สามารถ skip index ต่อไปได้อีก

ซึ่งการทำงานในแต่ละรอบนี้ จะได้ชุดข้อมูลต้นออกมา 1 ชุดทุกรอบ ซึ่งจะนำไปคำนวณหาอัตราส่วนเนื้อมะเร็งตายโดยวิธีการปัจจุบันและวิธีการที่นำเสนอ

2) ระดับที่ควบคุมจำนวนรอบของการประมาณค่าในช่วง เป็นระดับที่จะใช้ในการคำนวณของวิธีการที่นำเสนอ ซึ่งการทำงานจะเริ่มจากการประมาณค่าในช่วง ณ ตำแหน่งกึ่งกลางของความยาวโมเดลท่อนกระดูก จากนั้นในรอบถัดไป จึงทำการประมาณค่า ณ ตำแหน่งกึ่งกลางของความยาวครึ่งหนึ่งในรอบก่อนหน้านี้ โดยในแต่ละรอบการทำงาน จะใช้ชุดข้อมูลต้นที่ทำการ skip index แล้ว ทำการประมาณค่าในช่วงและคำนวณหาปริมาตรเพื่อเปรียบเทียบเป็นอัตราส่วนของเนื้อมะเร็งตาย มีรูปแบบการทำงานดังรูปที่ 4.9



รูปที่ 4.9 แสดงรูปแบบการทำงานของส่วนการประมาณค่าในช่วงแต่ละรอบ

ในขั้นตอนนี้ เปรียบเสมือนเป็นการเพิ่มความละเอียดของชุดข้อมูลต้นให้มากขึ้นโดยไม่ต้องทำการตัดโมเดลท่อนกระดูกจริง และในงานวิจัยนี้ จึงได้กำหนดจำนวนรอบของการประมาณค่าในช่วงไว้คงที่ที่จำนวน 10 รอบ เพราะจากการทดสอบผลการคำนวณของโปรแกรมหลายๆครั้ง พบว่า การประมาณค่าในช่วงในรอบดังกล่าว เริ่มให้ค่าผลลัพธ์ความคลาดเคลื่อนคงที่ หรือมีการเปลี่ยนแปลงในระดับหลักทศนิยมหลังๆ ตำแหน่งที่ 4-5 เป็นต้นไป ซึ่งทางการแพทย์ไม่ได้วินิจฉัยถึงระดับทศนิยมหลักดังกล่าว

4.5.3 การคำนวณค่าอัตราเนื้อตายต่อเนื้อมะเร็ง รวมทั้งค่าเปอร์เซ็นต์ความคลาดเคลื่อน

โดยในส่วนคำนวณนี้ จะแบ่งเป็น 4 ส่วนย่อย คือ

1) ส่วนที่คำนวณหาค่าอัตราส่วนเนื้อตายต่อเนื้อมะเร็งจริงจากปริมาตรของโมเดลที่ทำการสร้างด้วยโปรแกรมสามมิติ เพื่อนำค่าที่ได้ไปเปรียบเทียบกับอัตราส่วนเนื้อตายต่อเนื้อมะเร็งที่คำนวณด้วยวิธีการปัจจุบันและวิธีการที่นำเสนอ และหาค่าความคลาดเคลื่อนจากแต่ละวิธีต่อไป สำหรับสูตรการคำนวณหาอัตราส่วนเนื้อตายต่อเนื้อมะเร็ง มีรูปแบบดังสมการ

$$R_{exact} = \frac{V_{exact_dead}}{V_{exact_all}} \tag{4.1}$$

เมื่อ

R_{exact} เป็นค่าอัตราส่วนเนื้อตายต่อเนื้อมะเร็งจริง

V_{exact_dead} เป็นค่าปริมาตรจริงของส่วนเนื้อมะเร็งตาย

V_{exact_all} เป็นค่าปริมาตรจริงของส่วนเนื้อมะเร็งทั้งหมด

2) ส่วนที่คำนวณหาค่าอัตราส่วนเนื้อตายต่อเนื้อมะเร็งโดยวิธีการปัจจุบัน ซึ่งการคำนวณจะใช้ชุดข้อมูลต้นที่ได้จากแต่ละรอบของการลดชุดข้อมูลต้นหรือการทำ skip index แล้ว โดยมีสูตรหรือรูปแบบของสมการเดียวกันกับสมการที่ (2.1) ซึ่งอยู่ในบทที่ 2

3) ส่วนที่คำนวณหาค่าอัตราส่วนเนื้อตายต่อเนื้อมะเร็งโดยวิธีการใหม่ที่นำเสนอ โดยการคำนวณนี้จะใช้ทฤษฎีการประมาณค่าในช่วงมาช่วยพยากรณ์พื้นที่ส่วนของเนื้อตายที่อยู่ระหว่างหน้าตัดที่อยู่ติดกัน เปรียบเสมือนเป็นการเพิ่มความละเอียดให้กับชุดข้อมูลต้น โดยที่ไม่ต้องทำการตัดหรือหั่นท่อนกระดูกในระยะตำแหน่งระหว่างหน้าตัดนั้นจริง จากนั้นจึงทำการคำนวณหาปริมาตรจากค่าพื้นที่ที่พยากรณ์ได้ แล้วจึงเปรียบเทียบเป็นอัตราส่วนเนื้อตายต่อเนื้อมะเร็งอีกครั้ง ซึ่งในการคำนวณส่วนนี้ก็จะใช้ชุดข้อมูลต้นที่ได้จากแต่ละรอบของการลดชุดข้อมูลต้นหรือการทำ skip index แล้วเช่นกัน โดยมีขั้นตอนการคำนวณและสมการดังนี้

(ก) คำนวณหาปริมาตรเนื้อตายทั้งหมดจากสมการดังนี้

$$V_{predict_dead} = \sum_{i=1}^{n-1} \left(\frac{x_i + x_{i+1}}{2} \right) \times \Delta c \tag{4.2}$$

เมื่อ

$V_{predict_dead}$ เป็นปริมาตรเนื้อตายของเซลล์มะเร็งที่ได้จากการพยากรณ์ค่าพื้นที่ระหว่างหน้าตัด

x_i เป็นพื้นที่เนื้อตายที่ได้จากการประมาณค่าในช่วงระหว่างหน้าตัดที่อยู่ติดกัน

i เป็นค่าลำดับที่ของหน้าตัด ซึ่งมีค่าที่เป็นไปได้ตั้งแต่ 1 ถึง n ชิ้น

Δc เป็นระยะห่างระหว่างช่วงในการประมาณค่า

(ข) คำนวณหาปริมาตรเนื้อมะเร็งทั้งหมดจากสมการดังนี้

$$V_{predict_all} = \sum_{i=1}^{n-1}\left(\frac{y_i + y_{i+1}}{2}\right) \times \Delta c \tag{4.3}$$

เมื่อ

$V_{predict_all}$ เป็นปริมาตรเนื้อมะเร็งทั้งหมดที่ได้จากการพยากรณ์ ค่าพื้นที่ระหว่างหน้าตัด

y_i เป็นพื้นที่เนื้อมะเร็งที่ได้จากการประมาณค่าในช่วงระหว่างหน้าตัดที่อยู่ติดกัน

i เป็นค่าลำดับที่ของหน้าตัด ซึ่งมีค่าที่เป็นไปได้ตั้งแต่ 1 ถึง n ชิ้น

Δc เป็นระยะห่างระหว่างช่วงในการประมาณค่า

(ค) คำนวณอัตราส่วนของปริมาตรเนื้อตายต่อเนื้อมะเร็งทั้งหมด จากสมการ ดังนี้

$$R_{predict} = \frac{V_{predict_dead}}{V_{predict_all}} \tag{4.4}$$

เมื่อ

$R_{predict}$ เป็นอัตราส่วนของเนื้อตายต่อเนื้อมะเร็งทั้งหมด

$V_{predict_dead}$ เป็นปริมาตรเนื้อตายที่ได้จากสมการ (4.2)

$V_{predict_all}$ เป็นปริมาตรเนื้อมะเร็งทั้งหมดที่ได้จากสมการ (4.3)

4) ส่วนของการคำนวณหาค่าความคลาดเคลื่อน ซึ่งจะคำนวณจากการเปรียบเทียบอัตราส่วนเนื้อตายต่อเนื้อมะเร็งของวิธีการปัจจุบันและวิธีการที่นำเสนอกับค่าอัตราส่วนเนื้อตายต่อเนื้อมะเร็งที่ได้จากอัตราส่วนของปริมาตรจริงของโมเดลต้นแบบ และค่าความคลาดเคลื่อนสามารถคำนวณได้ดังสมการ

$$Err_{current} = \left|\frac{R_{exact} - R_{current}}{R_{exact}}\right| \times 100 \tag{4.5}$$

และ

$$Err_{predict} = \left|\frac{R_{exact} - R_{predict}}{R_{exact}}\right| \times 100 \tag{4.6}$$

เมื่อ

$Err_{current}$ เป็นเปอร์เซ็นต์ความคลาดเคลื่อนจากการคำนวณโดยวิธีการที่ใช้ในปัจจุบัน

$Err_{predict}$ เป็นเปอร์เซ็นต์ความคลาดเคลื่อนจากการคำนวณโดยวิธีการใหม่ที่นำเสนอ

R_{exact} เป็นค่าอัตราส่วนเนื้อตายต่อเนื้อมะเร็งจริงที่ได้จากสมการ (4.1)

$R_{current}$ เป็นอัตราส่วนของเนื้อตายต่อเนื้อมะเร็งทั้งหมดของวิธีการปัจจุบัน ได้จากสมการ (2.1) ซึ่งอยู่ในบทที่ 2

$R_{predict}$ เป็นอัตราส่วนของเนื้อตายต่อเนื้อมะเร็งทั้งหมดของวิธีการใหม่ ได้จากสมการ (4.4)

4.5.4 การแสดงผลลัพธ์ของการคำนวณ

เป็นส่วนที่แสดงผลลัพธ์การคำนวณที่ได้จากโปรแกรม ซึ่งในที่นี้จะแสดงผลลัพธ์ออกทางไฟล์ข้อความ (Text File) เช่นเดียวกับการรับข้อมูลเข้า และค่าผลลัพธ์ในการจำลองแต่ละครั้ง จะถูกเก็บบันทึกเป็นข้อมูลไว้สรุปเป็นผลการทดลองต่อไป

```
ผลการทดลอง
==========

 ชุดข้อมูลเริ่มต้นสำหรับการคำนวณ
 ===========================
  -เมื่อกำหนดข้อมูลเริ่มต้นทุกระยะ 1 ซม.(0,1,2,3,4,5)

  -อัตราส่วนเนื้อตายต่อเนื้อมะเร็งทั้งหมด (currently method) คิดเป็น 0.910301 หรือประมาณ 91.03% (true error = 2.712075 , %error = 3.070805%)

  -อัตราส่วนเนื้อตายต่อเนื้อมะเร็งทั้งหมด (interpolate method)
      -คิดเป็น 0.889766 หรือประมาณ 88.98% (true error = 0.658581 , %error = 0.745693%) เมื่อทำการประมาณค่าทุกระยะ 0.625 ซม.
      -คิดเป็น 0.886767 หรือประมาณ 88.68% (true error = 0.358664 , %error = 0.406105%) เมื่อทำการประมาณค่าทุกระยะ 0.3125 ซม.
      -คิดเป็น 0.886016 หรือประมาณ 88.60% (true error = 0.283548 , %error = 0.321053%) เมื่อทำการประมาณค่าทุกระยะ 0.15625 ซม.
      -คิดเป็น 0.885828 หรือประมาณ 88.58% (true error = 0.264715 , %error = 0.299729%) เมื่อทำการประมาณค่าทุกระยะ 0.078125 ซม.
      -คิดเป็น 0.885781 หรือประมาณ 88.58% (true error = 0.260006 , %error = 0.294397%) เมื่อทำการประมาณค่าทุกระยะ 0.039063 ซม.
      -คิดเป็น 0.885769 หรือประมาณ 88.58% (true error = 0.258829 , %error = 0.293064%) เมื่อทำการประมาณค่าทุกระยะ 0.019531 ซม.
      -คิดเป็น 0.885766 หรือประมาณ 88.58% (true error = 0.258534 , %error = 0.292731%) เมื่อทำการประมาณค่าทุกระยะ 0.0097656 ซม
      -คิดเป็น 0.885765 หรือประมาณ 88.58% (true error = 0.258461 , %error = 0.292648%) เมื่อทำการประมาณค่าทุกระยะ 0.0048828 ซม

 ชุดข้อมูลเริ่มต้นสำหรับการคำนวณ
 ===========================
  -เมื่อกำหนดข้อมูลเริ่มต้นทุกระยะ 2 ซม.(0,2,4,5)

  -อัตราส่วนเนื้อตายต่อเนื้อมะเร็งทั้งหมด (currently method) คิดเป็น 0.922979 หรือประมาณ 92.30% (true error = 3.979845 , %error = 4.506264%)

  -อัตราส่วนเนื้อตายต่อเนื้อมะเร็งทั้งหมด (interpolate method)
      -คิดเป็น 0.907102 หรือประมาณ 90.71% (true error = 2.392107 , %error = 2.708514%) เมื่อทำการประมาณค่าทุกระยะ 1.25 ซม.
      -คิดเป็น 0.903380 หรือประมาณ 90.34% (true error = 2.019913 , %error = 2.287090%) เมื่อทำการประมาณค่าทุกระยะ 0.625 ซม.
      -คิดเป็น 0.902449 หรือประมาณ 90.24% (true error = 1.926865 , %error = 2.181734%) เมื่อทำการประมาณค่าทุกระยะ 0.3125 ซม.
      -คิดเป็น 0.902217 หรือประมาณ 90.22% (true error = 1.903603 , %error = 2.155395%) เมื่อทำการประมาณค่าทุกระยะ 0.15625 ซม.
      -คิดเป็น 0.902158 หรือประมาณ 90.22% (true error = 1.897787 , %error = 2.148810%) เมื่อทำการประมาณค่าทุกระยะ 0.078125 ซม.
      -คิดเป็น 0.902144 หรือประมาณ 90.21% (true error = 1.896333 , %error = 2.147164%) เมื่อทำการประมาณค่าทุกระยะ 0.039063 ซม.
      -คิดเป็น 0.902140 หรือประมาณ 90.21% (true error = 1.895970 , %error = 2.146752%) เมื่อทำการประมาณค่าทุกระยะ 0.019531 ซม.
      -คิดเป็น 0.902139 หรือประมาณ 90.21% (true error = 1.895879 , %error = 2.146649%) เมื่อทำการประมาณค่าทุกระยะ 0.0097656 ซม.
      -คิดเป็น 0.902139 หรือประมาณ 90.21% (true error = 1.895856 , %error = 2.146623%) เมื่อทำการประมาณค่าทุกระยะ 0.0048828 ซม.
```

รูปที่ 4.10 แสดงตัวอย่างไฟล์ผลลัพธ์ที่ได้จากโปรแกรม

สำหรับส่วนของโปรแกรมทั้งหมด จะแสดงในภาคผนวกท้ายเล่ม

บทที่ 5

ผลการทดลอง

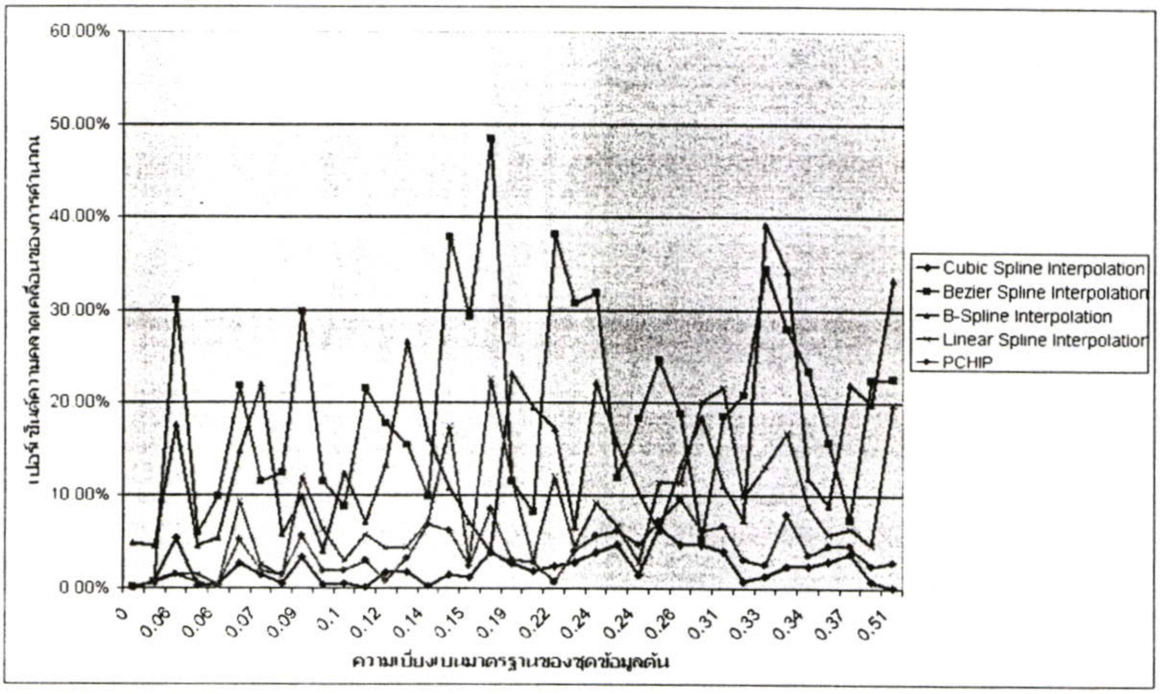
ในบทนี้ จะแสดงผลการทดลองที่ได้จากการสร้างโมเดลกระดูกขึ้นทดสอบในรูปแบบที่มีลักษณะของเนื้อมะเร็งตายแตกต่างกันออกไป โดยจะเริ่มจากการอธิบายรูปแบบของการนำเสนอผลการทดลองในลักษณะของกราฟแสดงความสัมพันธ์ระหว่างค่าเปอร์เซ็นต์ความคลาดเคลื่อนของการคำนวณกับค่าความเบี่ยงเบนมาตรฐานของชุดข้อมูลต้น จากนั้นจึงทำการเปรียบเทียบผลการทดลองระหว่างการคำนวณด้วยวิธีการในปัจจุบันกับวิธีการใหม่ ซึ่งการเปรียบเทียบผลการทดลองที่คำนวณด้วยวิธีใหม่นี้ จะเปรียบเทียบกับทฤษฎีการประมาณค่าในช่วงแบบต่างๆ เพื่อแสดงให้เห็นว่า การประมาณค่าในช่วงแบบแบ่งช่วงโดยเส้นโค้งกำลังสามนั้น ให้ผลลัพธ์ที่มีค่าความคลาดเคลื่อนน้อยกว่าการประมาณค่าในช่วงแบบอื่นๆ และลงท้ายด้วยการอภิปรายผลการทดลองในรูปแบบของค่าเปอร์เซ็นต์ความคลาดเคลื่อนที่สามารถเกิดขึ้นได้ในมะเร็งกระดูกที่มีส่วนของเนื้อตายในแต่ละระดับเกรดดังที่กล่าวถึงในบทที่ 1

5.1 กราฟแสดงผลเปรียบเทียบระหว่างค่าความเบี่ยงเบนมาตรฐานของชุดข้อมูลต้นและเปอร์เซ็นต์ความคลาดเคลื่อนจากการคำนวณค่าอัตราเนื้อตายต่อเนื้อมะเร็ง

จากสมมติฐานที่กล่าวว่า วิธีการคำนวณแบบปัจจุบันได้ใช้ค่าเฉลี่ยมาใช้เป็นตัวแทนสรุปอัตราส่วนเนื้อมะเร็งตายนั้น จะมีความไม่เหมาะสมหากความแตกต่างของพื้นที่เนื้อมะเร็งตายที่อยู่ระหว่างหน้าตัดหรือชุดข้อมูลต้นมีความแตกต่างกันมาก ซึ่งก็คือ ค่าความคลาดเคลื่อนจากการคำนวณจะมีส่วนแปรผันกับความแตกต่างของค่าพื้นที่เนื้อมะเร็งตายในชุดข้อมูลต้น ดังนั้นในการดูความแตกต่างของพื้นที่ระหว่างหน้าตัดหรือชุดข้อมูลต้นว่ามีความแตกต่างกันมากน้อยอย่างไร จะอาศัยค่าทางสถิติมาช่วยในการดูลักษณะความแปรผันนี้ ในงานวิจัยนี้ จะใช้ค่าความเบี่ยงเบนมาตรฐาน (Standard deviation) มาเป็นตัววัดค่าความแตกต่างของค่าในชุดข้อมูลต้น โดยจะแสดงผลในรูปแบบกราฟแสดงความสัมพันธ์ระหว่างเปอร์เซ็นต์ความคลาดเคลื่อนจากการคำนวณกับค่าความเบี่ยงเบนมาตรฐานของชุดข้อมูลต้น

5.2 กราฟแสดงผลเปรียบเทียบระหว่างเปอร์เซ็นต์ความคลาดเคลื่อนจากการคำนวณค่าอัตราเนื้อตายต่อเนื้อมะเร็งด้วยวิธีใหม่ที่นำเสนอ เมื่อใช้ทฤษฎีการประมาณค่าในช่วงแบบต่างๆ

สำหรับในหัวข้อนี้ จะทำการแสดงผลเปรียบเทียบการคำนวณด้วยวิธีใหม่ ซึ่งใช้ทฤษฎีการประมาณค่าในช่วงแบบต่างๆ มีผลแสดงในกราฟ ดังนี้



รูปที่ 5.1 แสดงเปอร์เซ็นต์ความคลาดเคลื่อนจากการคำนวณด้วยวิธีการใหม่ ซึ่งใช้ทฤษฎีการประมาณค่าในช่วงแบบต่างๆ

จากรูป 5.1 แสดงเปอร์เซ็นต์ความคลาดเคลื่อนจากการคำนวณหาค่าอัตราส่วนเนื้อตายต่อเนื้อมะเร็ง เมื่อทำการคำนวณด้วยวิธีการใหม่ซึ่งนำทฤษฎีการประมาณค่าในช่วงแบบต่างๆ มาช่วยพยากรณ์หาพื้นที่ส่วนของเนื้อตายต่อเนื้อมะเร็งที่อยู่ระหว่างหน้าตัดโมเดลกระดูก จากนั้นจึงทำการคำนวณหาปริมาตรของเนื้อมะเร็งแต่ละส่วน แล้วจึงเปรียบเทียบเป็นอัตราส่วนเนื้อตายต่อเนื้อมะเร็ง นำค่าอัตราส่วนที่ได้มาเปรียบเทียบกับค่าอัตราส่วนจริงที่ได้จากปริมาตรของโมเดลกระดูกได้เป็นค่าเปอร์เซ็นต์ความคลาดเคลื่อน จากกราฟจะเห็นได้ว่า การประมาณค่าในช่วงแบบแบ่งเป็นช่วงโดยใช้เส้นโค้งกำลังสาม (Cubic Spline Interpolation) ให้ผลลัพธ์การคำนวณที่มีค่าเปอร์เซ็นต์ความคลาดเคลื่อนที่น้อยที่สุด เมื่อเทียบกับการประมาณค่าในช่วงแบบอื่นๆ โดยการประมาณค่าในช่วงแต่ละแบบที่ทำการทดลองนี้ มีลักษณะหรือรูปแบบการทำงาน ดังแสดงในตารางที่ 5.1

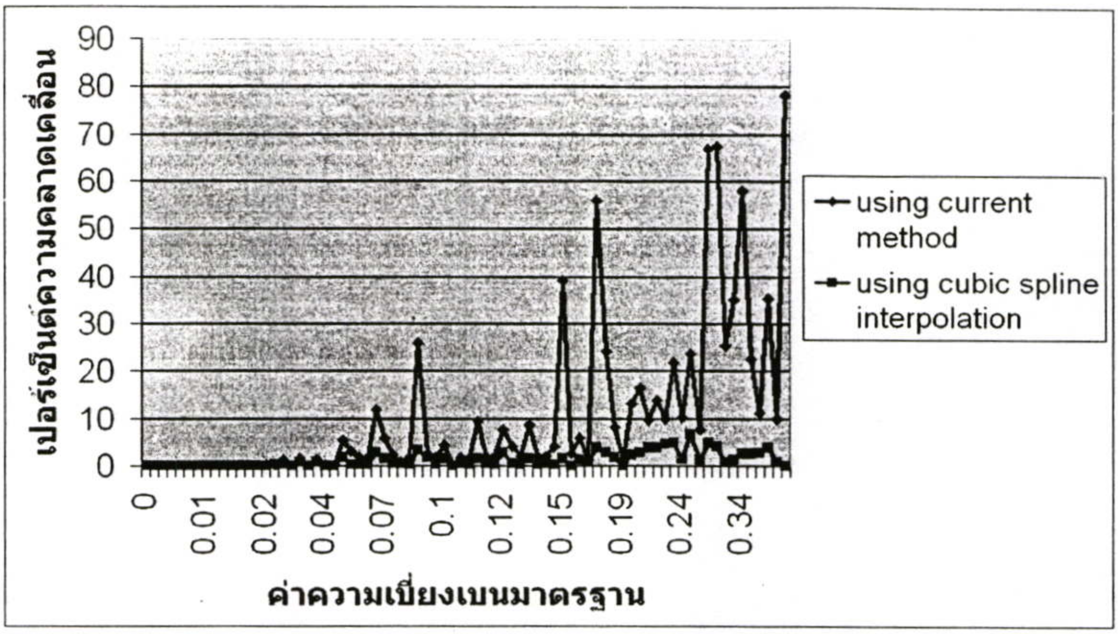
ตารางที่ 5.1 อธิบายลักษณะหรือรูปแบบการทำงานของการประมาณค่าในช่วงแต่ละแบบที่ใช้ในการทดลอง

การประมาณค่าในช่วง	ลักษณะหรือรูปแบบการทำงาน
Linear Interpolation	- เป็นการประมาณค่าในช่วงแบบแบ่งช่วงโดยใช้ฟังก์ชันพหุนามเส้นตรงเชื่อมต่อระหว่างช่วงจุดข้อมูล - ใช้พื้นที่หน่วยความจำน้อย แต่ค่าผลลัพธ์ค่าประมาณที่ได้มีความต่อเนื่องกันระหว่างช่วงข้อมูล
Cubic Spline Interpolation	- เป็นการประมาณค่าในช่วงแบบแบ่งช่วงโดยการสร้างฟังก์ชันพหุนามเส้นโค้งกำลังสามเชื่อมต่อระหว่างช่วงจุดข้อมูล - ใช้เวลาในการประมวลผลมากที่สุด แต่ผลลัพธ์ค่าประมาณที่ได้มีความต่อเนื่องและราบรื่นมากที่สุด
PCHIP	- มีชื่อเต็มว่า Piecewise Cubic Hermite Interpolation Polynomial ซึ่งเป็นการประมาณค่าในช่วงแบบแบ่งช่วงโดยใช้ฟังก์ชันพหุนามของเฮอร์มิท - ใช้เวลาในการประมวลผลนานกว่าแบบ Linear แต่ให้ผลลัพธ์ค่าประมาณที่ได้มีความต่อเนื่องมากกว่า
Bezier Spline	- ใช้เวลาประมวลผลน้อยกว่า Cubic Spline - ถึงผลลัพธ์ที่ได้จะต่อเนื่องเป็นลักษณะเส้นโค้ง แต่ก็มีความคลาดเคลื่อนมาก เพราะค่าของฟังก์ชันไม่ผ่านจุดข้อมูลทุกจุด
B-Spline	- ใช้เวลาประมวลผลน้อยกว่า Cubic Spline - ผลลัพธ์มีความคลาดเคลื่อนมาก เพราะค่าของฟังก์ชันไม่ผ่านจุดข้อมูลแรกและสุดท้าย

ดังนั้น ในการทดลองต่อไปนี้ วิธีการคำนวณโดยวิธีใหม่ที่นำเสนอจะใช้ทฤษฎีการประมาณค่าแบบแบ่งช่วงด้วยเส้นโค้งกำลังสามเป็นหลัก

5.3 กราฟแสดงผลเปรียบเทียบระหว่างเปอร์เซ็นต์ความคลาดเคลื่อนจากการคำนวณค่าอัตราเนื้อตายต่อเนื้อมะเร็งด้วยวิธีการที่ใช้ในปัจจุบันและวิธีใหม่ที่นำเสนอ

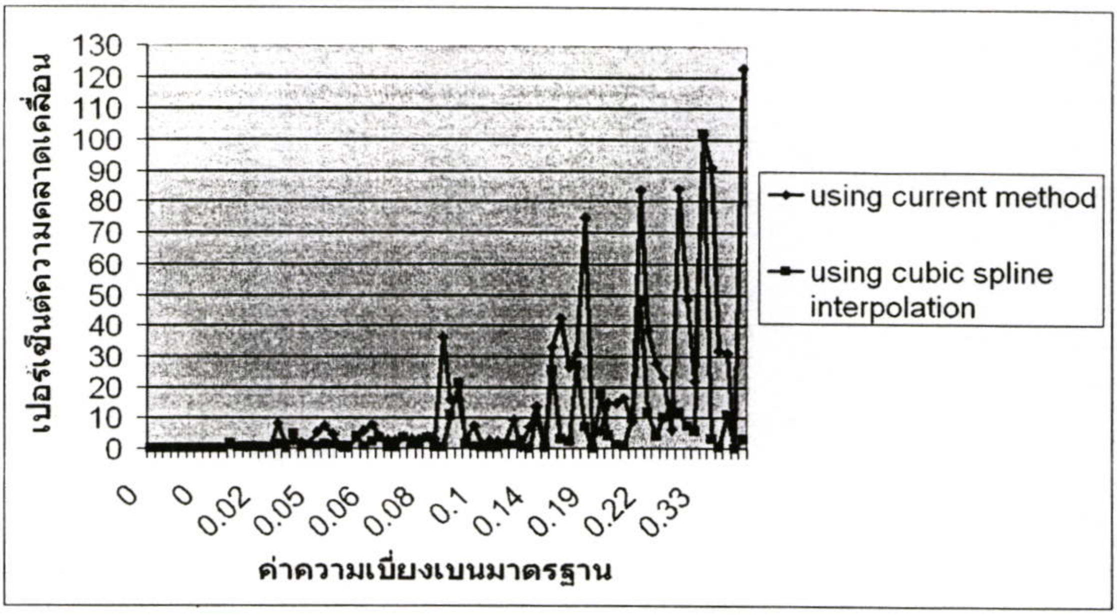
ในหัวข้อนี้ จะแสดงผลเปรียบเทียบระหว่างการคำนวณด้วยวิธีการแบบปัจจุบันกับวิธีการใหม่ที่นำเสนอในงานวิจัยนี้ โดยแสดงในรูปแบบของกราฟ ดังนี้



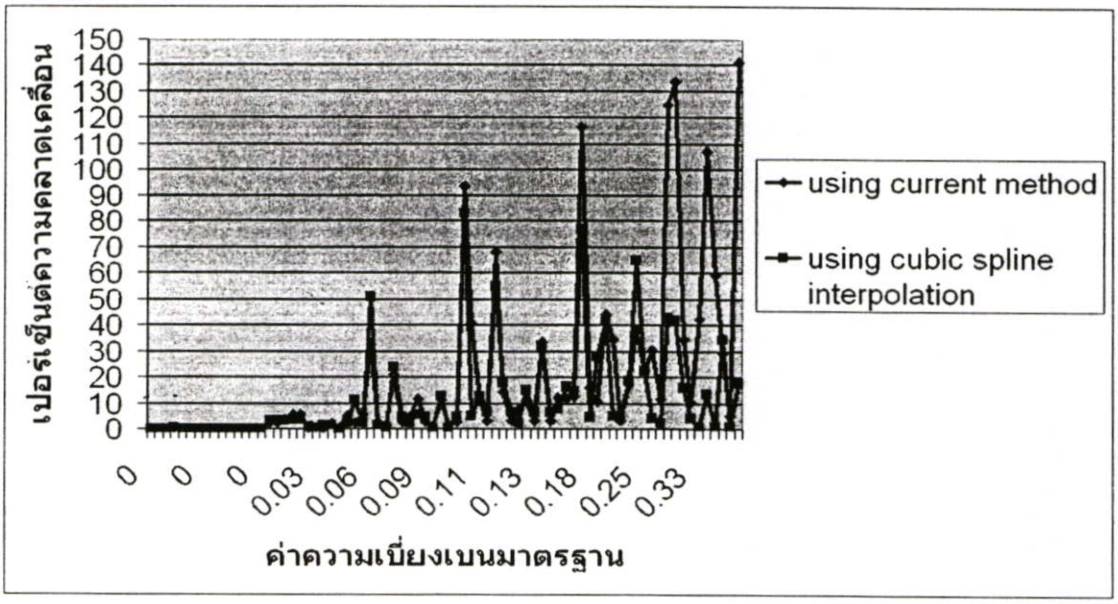
รูปที่ 5.2 แสดงผลเปรียบเทียบค่าเปอร์เซ็นต์ความคลาดเคลื่อนของการคำนวณด้วยวิธีที่ใช้ในปัจจุบันกับการคำนวณด้วยวิธีใหม่ เมื่อกำหนดชุดข้อมูลต้นทุก 1 เซนติเมตร

จากรูปที่ 5.2 แสดงถึงผลของการทดสอบแบบจำลองโมเดลกระดูก โดยแกนในแนวตั้งแสดงถึงค่าของเปอร์เซ็นต์ความคลาดเคลื่อนเมื่อทำการคำนวณด้วยวิธีการปัจจุบันและวิธีการเมื่อนำเทคนิคการประมาณค่าในช่วงแบบแบ่งช่วงโดยเส้นโค้งกำลังสามมาใช้ ส่วนแกนในแนวนอนแสดงถึงค่าความเบี่ยงเบนมาตรฐานของชุดข้อมูล จากรูปพบว่า ในการคำนวณด้วยวิธีการปัจจุบันมีเปอร์เซ็นต์ความคลาดเคลื่อนที่มีลักษณะแกว่งตัวขึ้นหรือลงอย่างเห็นได้ชัดเมื่อเทียบกับวิธีการใหม่ที่นำเสนอ ทำให้ไม่สามารถที่จะระบุเป็นค่าที่แน่นอนลงไปได้ บอกได้แต่เพียงว่าแนวโน้มที่ความคลาดเคลื่อนของการคำนวณด้วยวิธีการปัจจุบันจะเพิ่มมากขึ้นถ้าค่าความเบี่ยงเบนมาตรฐานของชุดข้อมูลต้นมีค่ามาก หรืออีกนัยคือเมื่อความแตกต่างระหว่างพื้นที่เนื้อตายต่อเนื้อมะเร็งของแต่ละหน้าตัดมีความแตกต่างกันมากนั่นเอง ในทางกลับกันหากค่าความเบี่ยงเบนมาตรฐานของชุดข้อมูลต้นมีน้อย หรือความแตกต่างของพื้นที่เนื้อตายต่อเนื้อมะเร็งระหว่างหน้าตัดมีค่าน้อย โอกาสที่ค่าเปอร์เซ็นต์ความคลาดเคลื่อนก็มีน้อยลงเช่นกัน

แต่เมื่อเทียบกับวิธีการที่นำเสนอนี้แล้ว พบว่าเปอร์เซ็นต์ความคลาดเคลื่อนมีการแกว่งตัวไม่มากนัก อยู่ในระดับไม่เกิน 10 เปอร์เซ็นต์เท่านั้น แสดงให้เห็นว่าการนำทฤษฎีการประมาณค่าในช่วงแบบแบ่งช่วงโดยเส้นโค้งกำลังสามมาใช้ในการคำนวณให้ผลลัพธ์ที่มีความคลาดเคลื่อนน้อยกว่าวิธีการคำนวณแบบปัจจุบัน ซึ่งเป็นไปตามสมมติฐานที่กล่าวไว้ในบทที่ 1



รูปที่ 5.3 แสดงผลเปรียบเทียบค่าเปอร์เซ็นต์ความคลาดเคลื่อนของการคำนวณด้วยวิธีที่ใช้ในปัจจุบันกับการคำนวณด้วยวิธีใหม่ เมื่อกำหนดชุดข้อมูลต้นทุก 1.5 เซนติเมตร



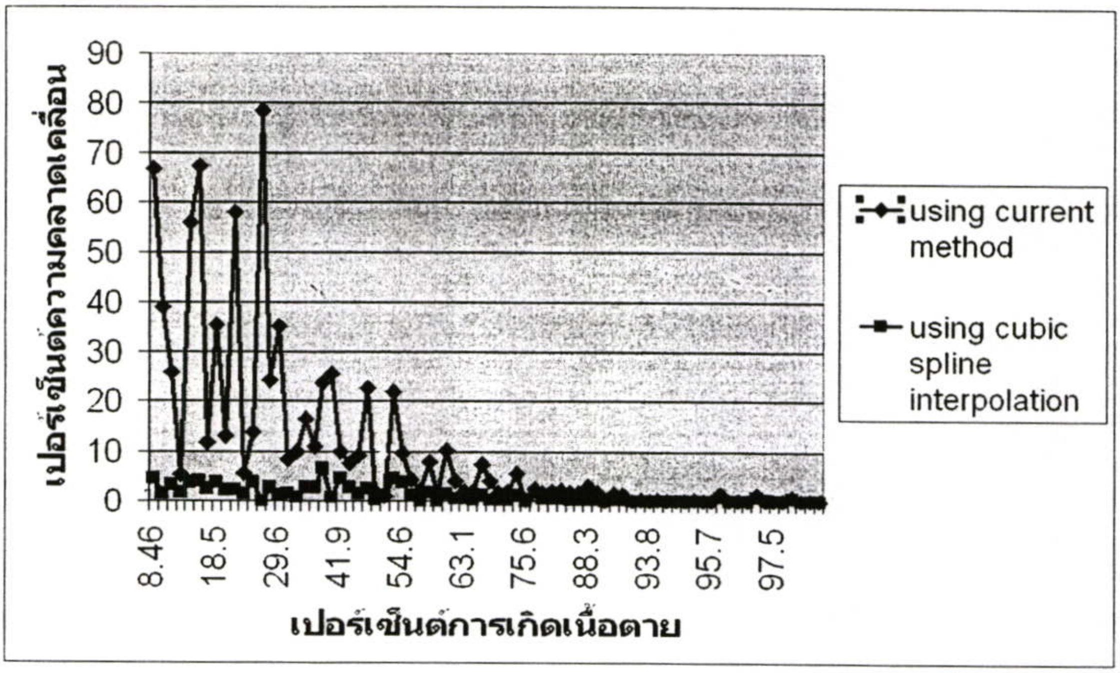
รูปที่ 5.4 แสดงผลเปรียบเทียบค่าเปอร์เซ็นต์ความคลาดเคลื่อนของการคำนวณด้วยวิธีที่ใช้ในปัจจุบันกับการคำนวณด้วยวิธีใหม่ เมื่อกำหนดชุดข้อมูลต้นทุก 2 เซนติเมตร

จากรูปที่ 5.3 และรูปที่ 5.4 แสดงค่าเปอร์เซ็นต์ความคลาดเคลื่อนจากการคำนวณ เมื่อกำหนดชุดข้อมูลต้นเป็นทุกระยะ 1.5 และ 2 เซนติเมตร ตามลำดับ จะเห็นได้ว่าเปอร์เซ็นต์ความคลาดเคลื่อนที่เกิดขึ้นยังคงมีแนวโน้มเป็นไปตามสมมติฐานที่ตั้งไว้ เพียงแต่ค่าเปอร์เซ็นต์

ความคลาดเคลื่อนที่คำนวณได้นี้เริ่มมีค่าเพิ่มมากขึ้นและมีลักษณะการแกว่งตัวขึ้นหรือลงมากกว่าเมื่อกำหนดชุดข้อมูลต้นที่ทุกระยะ 1 เซนติเมตร

5.4 กราฟแสดงผลเปรียบเทียบระหว่างเปอร์เซ็นต์เนื้อตายที่เกิดขึ้นจริงและเปอร์เซ็นต์ความคลาดเคลื่อนที่ได้จากการคำนวณ

ในหัวข้อนี้จะอภิปรายผลการทดลองในอีกรูปแบบหนึ่ง ซึ่งอาศัยแนวคิดจากนายแพทย์ Huvos ซึ่งแบ่งระดับการเกิดเนื้อมะเร็งตายหลังได้รับเคมีบำบัดออกเป็นเกรดระดับต่างๆ เพื่อที่จะได้ทำการแบ่งช่วงค่าของเปอร์เซ็นต์ความคลาดเคลื่อนที่สามารถเกิดขึ้นได้ในมะเร็งกระดูกที่มีส่วนของเนื้อตายในแต่ละระดับเกรด โดยในที่นี่จะสร้างกราฟเปรียบเทียบค่าเปอร์เซ็นต์ความคลาดเคลื่อนของการคำนวณด้วยวิธีการปัจจุบันและวิธีการใหม่ที่นำเสนอ กับค่าเปอร์เซ็นต์ของเนื้อมะเร็งตาย ดังนี้



รูปที่ 5.5 แสดงถึงเปอร์เซ็นต์ความคลาดเคลื่อนจากการคำนวณด้วยวิธีการที่ใช้ในปัจจุบัน และวิธีการใหม่ เปรียบเทียบกับ ค่าเปอร์เซ็นต์การเกิดเนื้อมะเร็งตาย เมื่อกำหนดชุดข้อมูลต้นทุก 1 เซนติเมตร

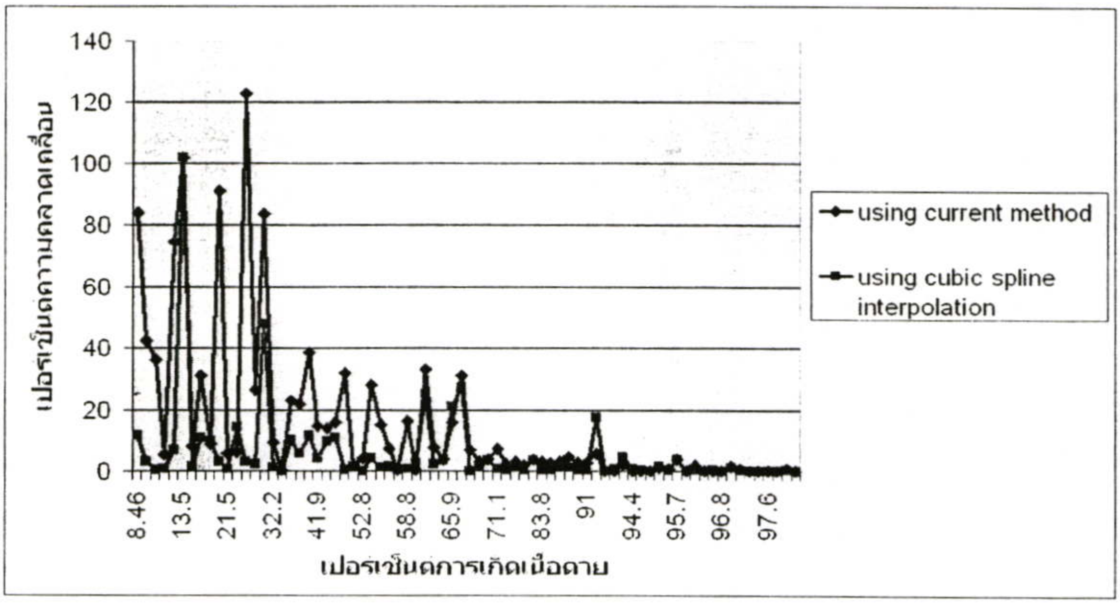
จากรูปที่ 5.5 แสดงค่าเปอร์เซ็นต์ความคลาดเคลื่อนจากการคำนวณด้วยวิธีการปัจจุบัน เปรียบเทียบกับเมื่อคำนวณด้วยวิธีการใหม่ที่นำเสนอ โดยกำหนดชุดข้อมูลต้นเป็นทุกระยะ 1

แนวนอนแสดงค่าเปอร์เซ็นต์การเกิดเนื้อมะเร็งตาย เมื่อแบ่งตามระดับเกรดต่างๆแล้ว จะสามารถสรุปช่วงของการเกิดความคลาดเคลื่อนได้โดยง่าย ดังเช่นในตารางที่ 5.2 เป็นต้น

ตารางที่ 5.2 แสดงค่าเปอร์เซ็นต์ความคลาดเคลื่อนโดยเฉลี่ย เมื่อกำหนดชุดข้อมูลต้นทุก 1 เซนติเมตร แบ่งตามระดับเกรดต่างๆ

ระดับเกรดที่เกิดเนื้อตาย	เปอร์เซ็นต์ความคลาดเคลื่อนโดยเฉลี่ย	
	วิธีปัจจุบัน	วิธีใหม่ที่นำเสนอ
เกรด 1	27.26%	2.69%
เกรด 2	4.22%	0.91%
เกรด 3	0.39%	0.13%
เกรด 4	0%	0%

และเมื่อทำการกำหนดชุดข้อมูลต้นให้ห่างขึ้นเป็นทุกระยะ 1.5 เซนติเมตร จะได้ผลกราฟดังรูปที่ 5.6 และตารางช่วงเปอร์เซ็นต์ความคลาดเคลื่อน ดังตารางที่ 5.3

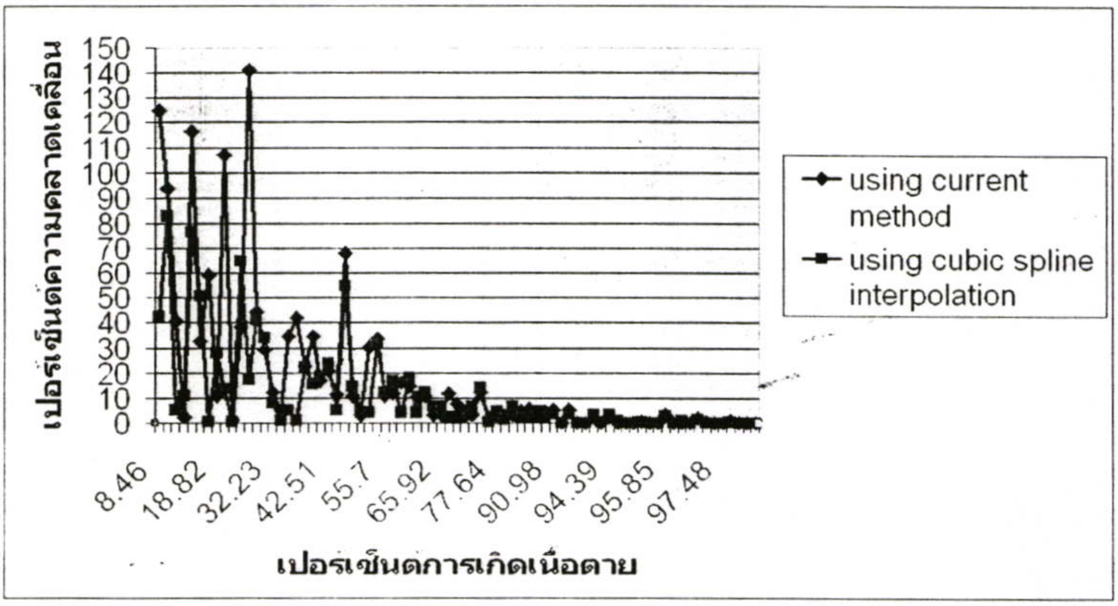


รูปที่ 5.6 แสดงถึงเปอร์เซ็นต์ความคลาดเคลื่อนจากการคำนวณด้วยวิธีการที่ใช้ในปัจจุบัน และวิธีการใหม่ที่นำเสนอ เปรียบเทียบกับ ค่าเปอร์เซ็นต์การเกิดเนื้อมะเร็งตาย เมื่อกำหนดชุดข้อมูลต้นทุก 1.5 เซนติเมตร

ตารางที่ 5.3 แสดงค่าเปอร์เซ็นต์ความคลาดเคลื่อน โดยเฉลี่ย เมื่อกำหนดชุดข้อมูลต้นทุก 1.5 เซนติเมตร แบ่งตามระดับเกรดต่างๆ

ระดับเกรดที่เกิดเนื้อตาย	เปอร์เซ็นต์ความคลาดเคลื่อนโดยเฉลี่ย	
	วิธีปัจจุบัน	วิธีใหม่ที่นำเสนอ
เกรด 1	37.88%	11.17%
เกรด 2	8.49%	4.24%
เกรด 3	1.04%	1.36%
เกรด 4	0%	0%

และเมื่อทำการกำหนดชุดข้อมูลต้นให้ห่างขึ้นเป็นทุกระยะ 2 เซนติเมตร จะได้ผลกราฟดังรูปที่ 5.7 และตารางช่วงเปอร์เซ็นต์ความคลาดเคลื่อน ดังตารางที่ 5.4



รูปที่ 5.7 แสดงถึงเปอร์เซ็นต์ความคลาดเคลื่อนจากการคำนวณด้วยวิธีการที่ใช้ในปัจจุบัน และวิธีการใหม่ที่นำเสนอ เปรียบเทียบกับ ค่าเปอร์เซ็นต์การเกิดเนื้อมะเร็งตาย เมื่อกำหนดชุดข้อมูลต้นทุก 2 เซนติเมตร

ตารางที่ 5.4 แสดงค่าเปอร์เซ็นต์ความคลาดเคลื่อนโดยเฉลี่ย เมื่อกำหนดชุดข้อมูลต้นทุก 2 เซนติเมตร แบ่งตามระดับเกรดต่างๆ

ระดับเกรดที่เกิดเนื้อตาย	เปอร์เซ็นต์ความคลาดเคลื่อนโดยเฉลี่ย	
	วิธีปัจจุบัน	วิธีใหม่ที่นำเสนอ
เกรด 1	49.77%	26.67%
เกรด 2	8.99%	7.67%
เกรด 3	0.97%	0.92%
เกรด 4	0%	0%

บทที่ 6
สรุปผลการวิจัย และข้อเสนอแนะ

6.1 สรุปผลการวิจัย

เทคโนโลยีทางการแพทย์ในปัจจุบัน ได้มีการพัฒนาไปอย่างมากเมื่อเทียบกับในอดีต ดังจะเห็นได้จากการนำเทคโนโลยีสมัยใหม่เข้ามาใช้ในการวินิจฉัยรักษา เช่น การตรวจด้วยเครื่องเอกซเรย์คอมพิวเตอร์ หรือการตรวจด้วยเครื่องตรวจพลังคลื่นแม่เหล็ก อย่างไรก็ตาม เทคโนโลยีสมัยใหม่นี้ ก็ยังคงมีข้อจำกัดด้านอื่นๆ ที่ทำให้ไม่สามารถตรวจหรือทำการวิเคราะห์โรคบางชนิดได้ทั้งหมด เช่น การตรวจหาเซลล์ตายในมะเร็งกระดูกของคนหลังจากได้รับเคมีบำบัด เป็นต้น จึงต้องอาศัยแนวทางการตรวจแบบดั้งเดิมที่ปฏิบัติในแผนกพยาธิวิทยากันมาตั้งแต่อดีตจนถึงปัจจุบัน

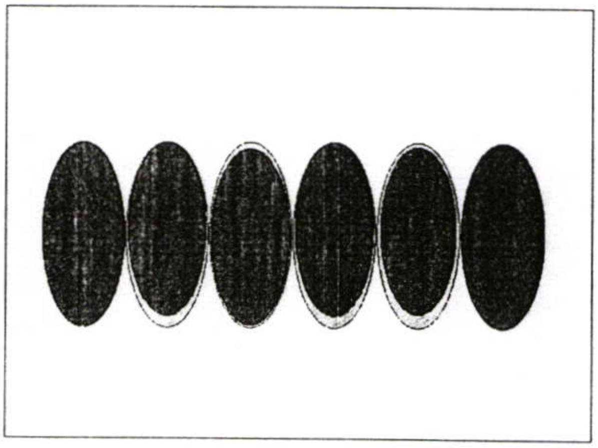
ขบวนการส่องกล้องจุลทรรศน์กระดูก (bone biopsy) เป็นขบวนการที่ใช้วิเคราะห์และตรวจสอบหาเซลล์ตายในมะเร็งกระดูกของคน แม้จะมีความแม่นยำในการระบุตำแหน่งหรือพื้นที่ส่วนของเนื้อมะเร็งตาย แต่ขบวนการดังกล่าว กลับมีส่วนของการคำนวณหาเปอร์เซ็นต์เนื้อมะเร็งตายโดยใช้ค่าเฉลี่ยจากพื้นที่หน้าตัดมาสรุปเสมือนเป็นปริมาตรของเนื้อมะเร็งทั้งชิ้น ซึ่งการบอกในลักษณะเป็นเปอร์เซ็นต์พื้นที่เสมือนปริมาตรทั้งชิ้นจะมีความคลาดเคลื่อนอย่างไรยังไม่มีข้อพิสูจน์

ในวิทยานิพนธ์ฉบับนี้ นอกจากจะทำการจำลองระบบขึ้นเพื่อทดสอบและชี้ให้เห็นถึงกรณีที่อาจเกิดความคลาดเคลื่อนจากการนำค่าเฉลี่ยมาเป็นตัวแทนสรุปอัตราส่วนเนื้อตายต่อเนื้อมะเร็งทั้งหมดในชิ้นกระดูกแล้ว ยังนำเสนอวิธีการใหม่ ซึ่งปรับปรุงเทคนิคการพยากรณ์อัตราส่วนเนื้อตายต่อเนื้อมะเร็งในกระดูกให้แม่นยำขึ้น โดยใช้ทฤษฎีการประมาณค่าในช่วงโดยเส้นโค้งกำลังสาม มาพยากรณ์ค่าพื้นที่หน้าตัดต่างๆ ที่อยู่ระหว่างสองหน้าตัดข้อมูลต้นของทั้งสองชุดข้อมูลคือพื้นที่เนื้อตายและเนื้อมะเร็ง ซึ่งเป็นเสมือนการเพิ่มความถี่ของการหั่นหรือเป็นการเพิ่มจำนวนชิ้นของภาพตัดขวาง ซึ่งทำให้ได้ชุดข้อมูลพื้นที่เนื้อตายและเนื้อมะเร็งของแต่ละหน้าตัดชุดใหม่ จากนั้นจึงนำค่าชุดข้อมูลใหม่นี้ไปคำนวณหาค่าปริมาตรเนื้อตาย ปริมาตรเนื้อมะเร็ง และอัตราส่วนปริมาตรเนื้อตายต่อปริมาตรเนื้อมะเร็งทั้งหมด เปรียบเทียบผลลัพธ์ที่ได้กับอัตราส่วนปริมาตรเนื้อตายต่อปริมาตรเนื้อมะเร็งทั้งหมดซึ่งเป็นค่าสุทธิจริงจากโมเดลกระดูกที่จำลองขึ้นในการนี้จะเป็นการหลีกเลี่ยงการใช้ค่าเฉลี่ยของพื้นที่ทุกหน้าตัดมาเป็นตัวแทนชุดข้อมูล ซึ่งจากการทดลองโดยการจำลองโมเดลกระดูกสามมิติ และการเขียนโปรแกรมคำนวณทางคณิตศาสตร์ขึ้นทดสอบ แสดงให้เห็นว่าวิธีการที่นำเสนอนี้ สามารถลดเปอร์เซ็นต์ความคลาดเคลื่อนจากการคำนวณหาอัตราส่วนเนื้อตายต่อเนื้อมะเร็งในชิ้นกระดูกได้มากกว่าวิธีการแบบเดิม ดังแสดงในตารางที่ 6.1

ตารางที่ 6.1 แสดงค่าเปอร์เซ็นต์ความคลาดเคลื่อนโดยเฉลี่ย เมื่อกำหนดชุดข้อมูลต้นทุก 1 เซนติเมตร แบ่งตามระดับเกรดต่างๆ

ระดับเกรดที่เกิดเนื้อตาย	เปอร์เซ็นต์ความคลาดเคลื่อนโดยเฉลี่ย	
	วิธีปัจจุบัน	วิธีใหม่ที่นำเสนอ
เกรด 1	27.26%	2.69%
เกรด 2	4.22%	0.91%
เกรด 3	0.39%	0.13%
เกรด 4	0%	0%

จากตารางที่ 6.1 จะเห็นได้ว่า ในกรณีที่เกิดความคลาดเคลื่อนขึ้น เมื่อพิจารณาจากการคำนวณโดยวิธีการปัจจุบันแล้ว มีโอกาสที่จะได้ผลลัพธ์ไม่ตรงกับระดับเกรดของเนื้อตายจริง ดังเช่น กรณีที่แสดงในรูปที่ 6.1



รูปที่ 6.1 แสดงพื้นที่หน้าตัดของโมเดลกระดูก กรณีที่ค่าที่ได้จากการคำนวณด้วยวิธีการปัจจุบันมีความคลาดเคลื่อนในลักษณะข้ามไปอยู่คนละระดับเกรด

จากรูปที่ 6.1 เป็นโมเดลกระดูกที่มีส่วนของเนื้อมะเร็งตายภายในอยู่ประมาณ 88 เปอร์เซ็นต์ ซึ่งอยู่ในระดับเกรด 2 แต่พอคำนวณด้วยวิธีการปัจจุบันแล้ว พบว่าค่าอัตราส่วนเนื้อมะเร็งตายที่คำนวณได้มีค่าประมาณ 92 เปอร์เซ็นต์ ซึ่งเป็นค่าที่อยู่ในระดับเกรด 3 แม้ว่าค่าอัตราส่วนเนื้อมะเร็งตายที่คำนวณได้ จะมีค่าต่างกันไม่ถึง 10 เปอร์เซ็นต์ แต่ในทางการแพทย์แล้วจะถือว่าเป็นคนละระดับเกรด แต่ในขณะที่การคำนวณด้วยวิธีการแบบใหม่ให้ค่าคำนวณประมาณ 89 เปอร์เซ็นต์ ซึ่งยังเป็นค่าที่อยู่ในระดับเกรด 2 ในจุดนี้หากนำการคำนวณด้วยวิธีปัจจุบันไปใช้ อาจทำให้การวินิจฉัยรักษาของแพทย์ไม่ตรงกับที่ควรจะเป็น หรือทำให้การเลือกใช้ตัวยาในกระบวนการ

รักษาโดยเคมีบำบัดเกิดความไม่เหมาะสมสอดคล้องกับเกณฑ์การรักษา ทำให้ผู้ป่วยได้รับความทรมานการเกิด recurrent หรืออาจต้องเสียค่าใช้จ่ายในการรักษาเกินความจำเป็น

ตารางที่ 6.2 แสดงค่าเปอร์เซ็นต์ความคลาดเคลื่อนโดยเฉลี่ย เมื่อกำหนดชุดข้อมูลต้นทุก 1.5 เซนติเมตร แบ่งตามระดับเกรดต่างๆ

ระดับเกรดที่เกิดเนื้อตาย	เปอร์เซ็นต์ความคลาดเคลื่อนโดยเฉลี่ย	
	วิธีปัจจุบัน	วิธีใหม่ที่นำเสนอ
เกรด 1	37.88%	11.17%
เกรด 2	8.49%	4.24%
เกรด 3	1.04%	1.36%
เกรด 4	0%	0%

ตารางที่ 6.3 แสดงค่าเปอร์เซ็นต์ความคลาดเคลื่อนโดยเฉลี่ย เมื่อกำหนดชุดข้อมูลต้นทุก 2 เซนติเมตร แบ่งตามระดับเกรดต่างๆ

ระดับเกรดที่เกิดเนื้อตาย	เปอร์เซ็นต์ความคลาดเคลื่อนโดยเฉลี่ย	
	วิธีปัจจุบัน	วิธีใหม่ที่นำเสนอ
เกรด 1	49.77%	26.67%
เกรด 2	8.99%	7.67%
เกรด 3	0.97%	0.92%
เกรด 4	0%	0%

จากตารางที่ 6.2 และ 6.3 เป็นผลเมื่อทำการทดสอบต่อไปโดยใช้ชุดข้อมูลต้นที่เพิ่มระยะห่างเป็นทุก 1.5 และ 2 เซนติเมตร ตามลำดับ พบว่าโอกาสที่เปอร์เซ็นต์ความคลาดเคลื่อนอาจเกิดขึ้นได้นั้นมีมากกว่าเมื่อใช้ชุดข้อมูลทุกระยะ 1 เซนติเมตร โดยเปรียบเทียบจากโมเดลกระดูกต้นแบบและใช้จำนวนรอบการประมวลผลคงที่เท่ากัน

จากการผลการทดลองทั้งหมดพบว่า หากต้องการความแม่นยำในการคำนวณหาอัตราส่วนเนื้อตายของเนื้อตายต่อเนื้อมะเร็งในระดับที่เที่ยงตรงสูงๆ ในการคำนวณด้วยวิธีการที่นำเสนอนี้ การใช้ชุดข้อมูลหรือพื้นที่หน้าตัดกระดูกทุกระยะ 1 เซนติเมตร ซึ่งเป็นความละเอียดมากที่สุดในขบวนส่องกล้องจุลทรรศน์กระดูกที่ปฏิบัติจริงในงานพยาธิวิทยา จะเป็นค่าที่เหมาะสมที่สุด แต่หากต้องการลดจำนวนชิ้นงานลงในกรณีที่ไม่ต้องการความแม่นยำในการคำนวณมากนัก อาจใช้ชุดข้อมูลหรือพื้นที่หน้าตัดกระดูกทุกระยะ 1.5 เซนติเมตรได้

6.2 ข้อเสนอแนะ

งานวิจัยนี้เป็นเพียงการทดลองขั้นพื้นฐานที่มุ่งสร้างระบบจำลองและแสดงตัวอย่างกรณีที่การคำนวณหาอัตราส่วนเนื้อตายต่อเนื้อมะเร็งที่ใช้ในปัจจุบันมีความคลาดเคลื่อนไปจากค่าอัตราส่วนเนื้อตายต่อเนื้อมะเร็งจริง จากนั้นจึงนำเสนอวิธีการคำนวณหาอัตราส่วนเนื้อตายต่อเนื้อมะเร็งวิธีใหม่ที่ช่วยลดความคลาดเคลื่อนให้น้อยลงกว่าวิธีการปัจจุบัน ดังนั้นการนำแนวคิดหรือส่วนของโปรแกรมไปพัฒนาเป็นแอพพลิเคชั่นประยุกต์ขึ้นใช้งานจริงจึงเป็นสิ่งที่ควรทำการพัฒนาในขั้นต่อไป ดังตัวอย่างเช่น การนำระบบคอมพิวเตอร์มาใช้งานแทนแรงงานคน การดูสไลด์โดยใช้ทฤษฎีการประมวลผลภาพ (Image Processing) เพื่อแยกแยะส่วนของเนื้อตายออกจากเนื้อมะเร็งแทนการดูด้วยตาของพยาธิแพทย์ แล้วจึงทำการคำนวณหาอัตราส่วนเนื้อตายต่อเนื้อมะเร็งโดยวิธีการใหม่ที่งานวิจัยนี้นำเสนอ เพื่อให้แพทย์สามารถใช้ขบวนการส่องกล้องจุลทรรศน์ในการวินิจฉัยหรือเลือกวิธีการรักษาที่เหมาะสมกับผู้ป่วยต่อไป

เอกสารอ้างอิง

[1] Bacci, G. Ferrari, S. Bertoni, F. Picci, P. Bacchini, P. Longhi, A. Donati, D. Forni, C. Campanacci, L. and Campanacci, M. "Histologic Response of High-Grade Nonmetastatic Osteosarcoma of the Extremity to Chemotherapy." **Clinical Orthropaedics and Related Research.** 2001. pp. 186-196.

[2] Huvos, A.G. "Osteogenic Sarcoma." **In Huvos AG, ed. Bone Tumors. Diagnosis, Treatment and Prognosis.** 1991. pp. 85-155.

[3] Picci, P. Bacci, G. Campanacci, M. Gasparini, M. Pilotti, S. Cerasoli, S. Bertoni, F. Guerra, A. Capanna, A. Albisinni, U. Galletti, S. Gherlinzoni, F. Calderoni, P. Sudanese, A. Baldini, N. Bernini, M. and Jaffe, N. "Histologic Evaluation of Necrosis in Osteosarcoma Induced by Chemotherapy." **Cancer 56.** 1985. pp. 1515-1521.

[4] Tohoku, J. "Osteosarcoma Arising from Giant Cell Tumor of Bone Ten Years After Primary Surgery." **Exp. Med.** 2006. pp 157-162

[5] Dafydd, G.T. Thomas, J.G. and LaurenceB. "Absence of HER2/neu Gene Expression in Osteosarcoma and Skeletal Ewing's Sarcoma" **Clinical Cancer Research.** 2002. pp. 788-793.

[6] พฤษพงศ์ ศรีสวัสดิ์. "Common High Grade Malignant Bone Tumo." **Progress in Musculoskeletal Oncology, Recent advance in skeletal lesion in patient aging less than 40 years.** 2004.

[7] Huvos AG., Rosen G. and Marcove RC. "Primary Osteogenic Sarcoma." **Arch Pathol Lab Med.** 1977. pp. 14-18.

[8] Ayhan NK., Keskin C., Olgac V., Dedeoglu K., Yaltirik M., Erseven G. and Alatli C. "Tru-Cut and Fine Needle Aspiration Biopsy Diagnosis of Lesions of the Jaws." **Clinical Investigation. Turk J Med Sci.** 2002.

[9] Gabor, F. Axel, K. Robert C. and Ergin A. "Transrectal Prostate Biopsy Insid Closed MRI Scanner with Remote Actuation, under Real-Time Image Guidance." **MICCAI.** 2002. pp. 91-98.

[10] Bruce, L. Daniel "Freehand iMRI-Guided Large-Gauge Core Needle Biopsy : A New Minimally Invasive Technique for Diagnosis of Enhancing Breast Lesions." **Journal of Magnetic Resonance Imaging.** 2001. pp. 896-902.

[11] Waarsing, J.H. Day, J.S. and Weinans H. "Longitudinal Micro-CT Scans to Evaluate Bone Architecture." **J Musculoskelet Neuronal Interact.** 2005. pp. 310-312.

[12] Shinozaki, T. Sato, J. Watanabe, H. and Takagishi, K. "Osteoid Osteoma Treat with Computed Tomography-Guided Percutaneous Radiofrequency Ablation : A Case Series." **Journal of Orthopaedic Surgery.** 2005. pp. 317-322.

[13] Greiner G. and Hormann K. "Interpolating and Approximating Scattered 3D-data with Hierarchical Tensor Product B-Splines." **Chamonix.** 1996.

[14] Charles S. Duris. "Algoritm 547 Fortran Routines for Discrete Cubic Spline Interpolation and Smooting [E1], [E3]." **ACM Transactions on Mathematical Software.** 1980. pp. 92-103.

[15] ปราโมทย์ เดชะอำไพ. **ระเบียบวิธีเชิงตัวเลขในงานวิศวกรรม.** กรุงเทพมหานคร : จุฬาลงกรณ์มหาวิทยาลัย. 2546.

[16] ก้องเกียรติ ผาสุก. **Form Z.** กรุงเทพมหานคร : เอส.พี.ซี. บุ๊คส์. 2545.

[17] ยุทธนา สันติวงษ์. **คู่มือการใช้งานโปรแกรม Form.Z ในการออกแบบผลิตภัณฑ์และงาน CAD 3 มิติ.** นนทบุรี : อินโฟเพรส. 2545.

[18] นน อัครประเสริฐกุล. **MenuX Form Z.** กรุงเทพมหานคร : อาร์ททูคอม. 2547.

[19] ไมตรี โพธิ์สุข. **การวิเคราะห์เชิงตัวเลขพื้นฐาน.** กรุงเทพมหานคร : สถาบันเทคโนโลยีพระจอมเกล้าเจ้าคุณทหารลาดกระบัง. 2537.

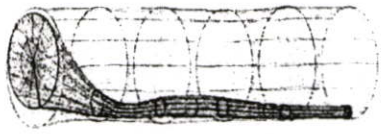
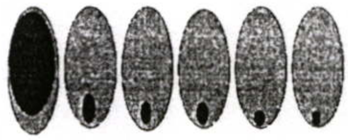
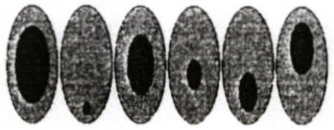
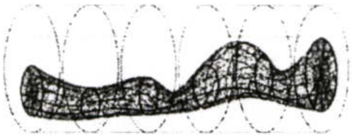
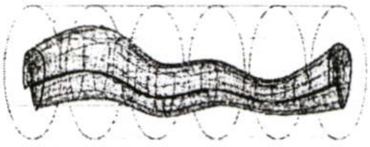
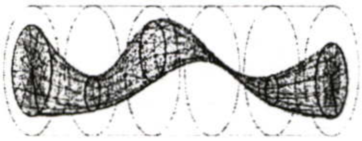
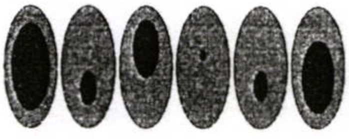
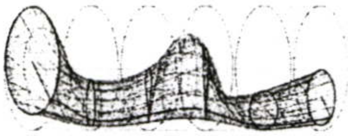
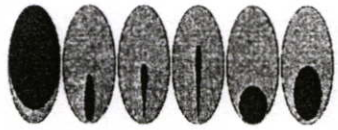
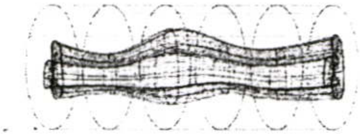
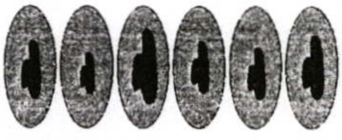
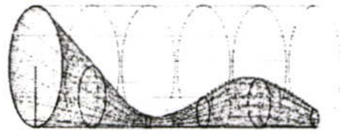
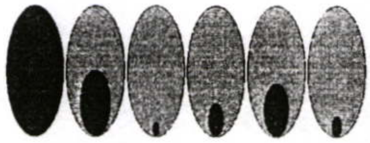
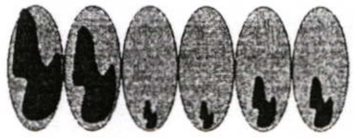
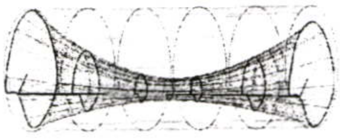
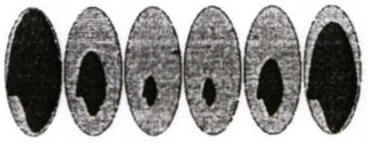
[20] จเร สุรวัฒน์ปัญญา. **Numerical Computation ด้วยโปรแกรมภาษาเบสิค.** กรุงเทพมหานคร : สถาบันเทคโนโลยีพระจอมเกล้าเจ้าคุณทหารลาดกระบัง. 2528.

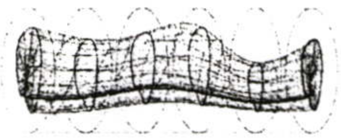
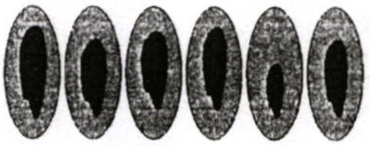
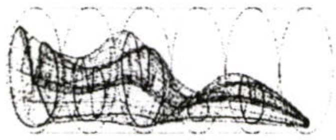
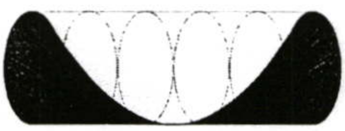
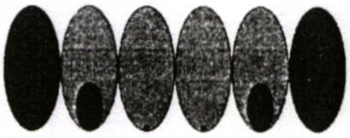
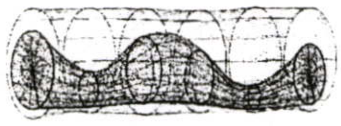
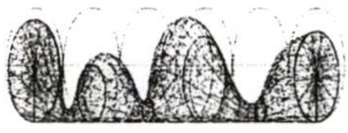
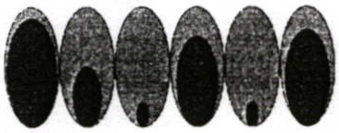
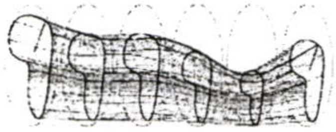
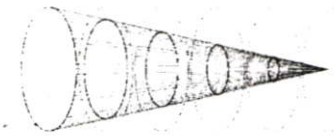
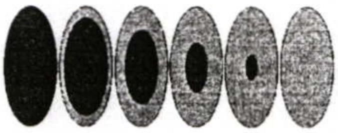
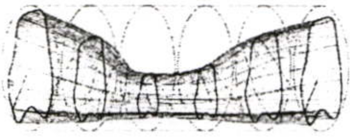
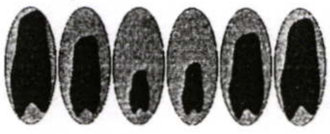
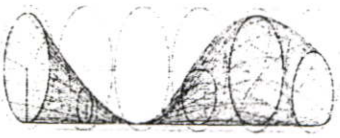
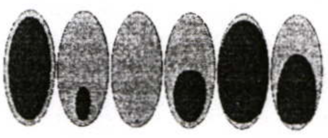
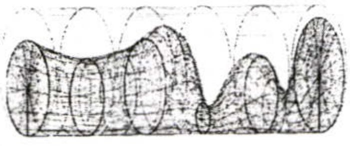
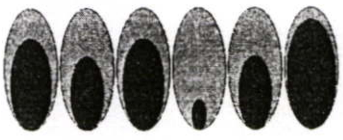
[21] สุธรรม ศรีเกษม. **MATLAB เพื่อการแก้ปัญหาทางวิศวกรรม.** ปทุมธานี : มหาวิทยาลัยรังสิต. 2540.

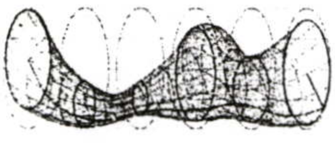
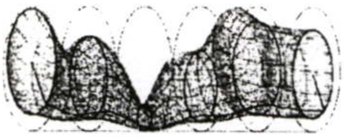
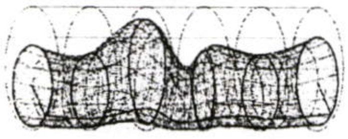
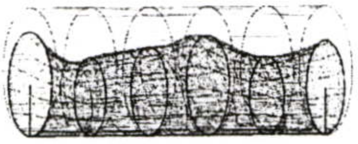
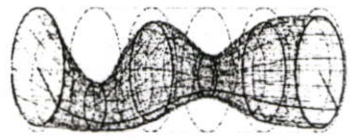
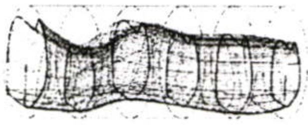
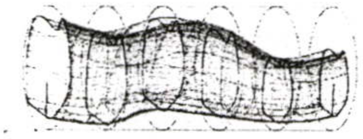
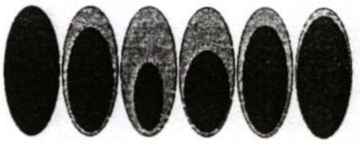
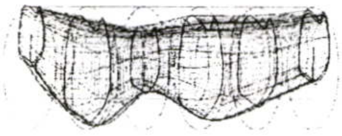
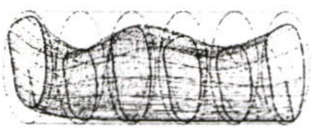
ภาคผนวก

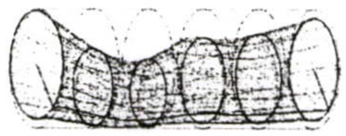
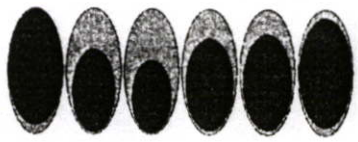
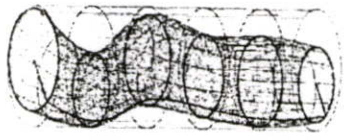
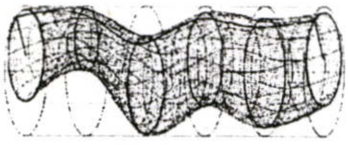
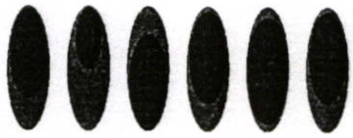
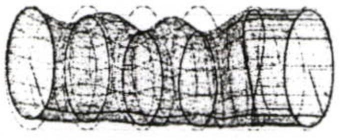
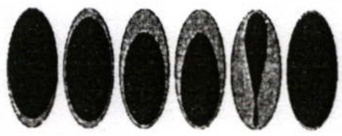
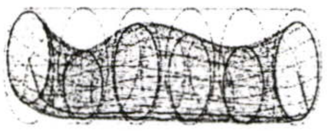
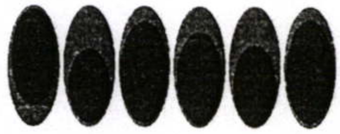
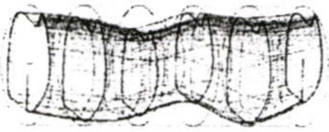
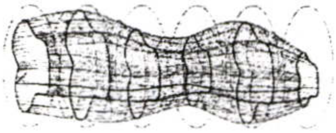
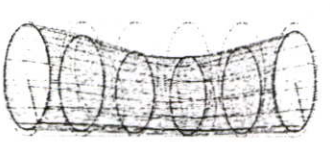
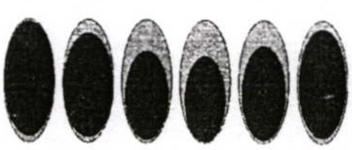
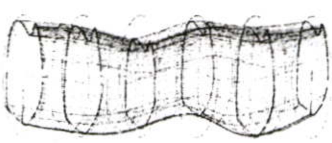
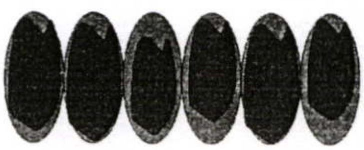
ภาคผนวก ก.

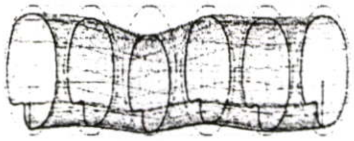
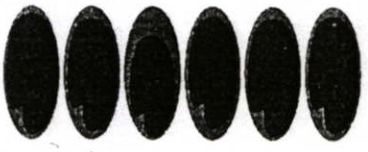
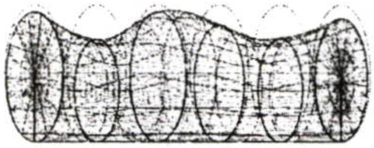
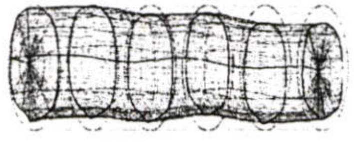
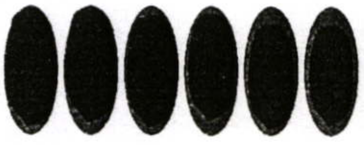
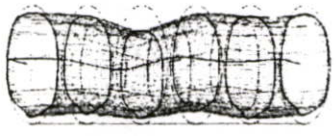
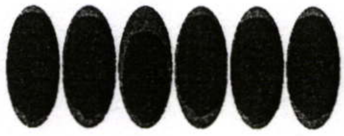
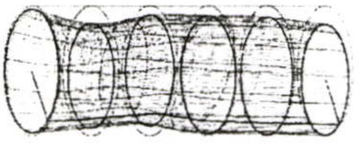
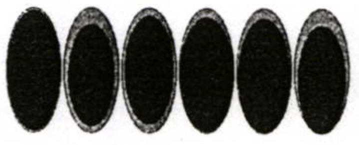
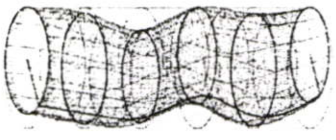
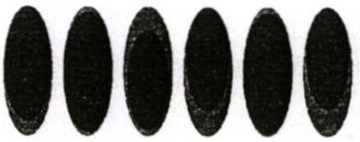
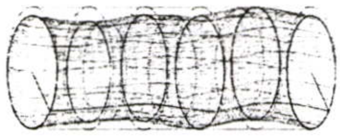
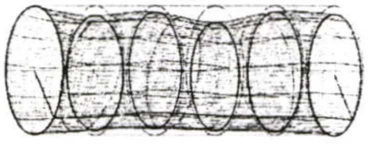
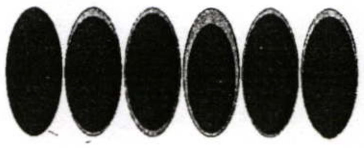
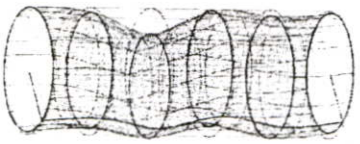
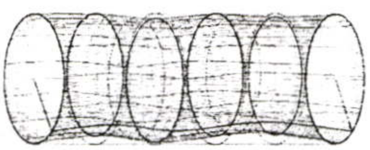
ตารางโมเดลกระดูกต้นแบบที่จำลองในงานวิจัย

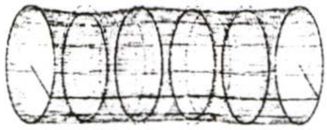
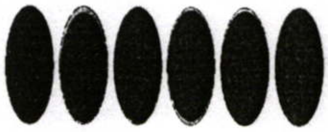
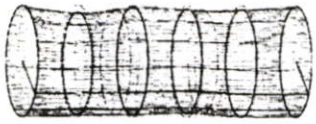
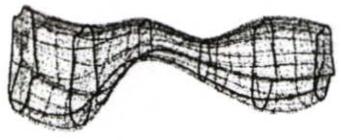
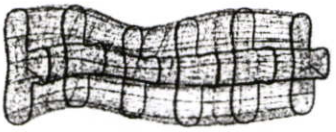
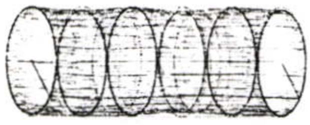
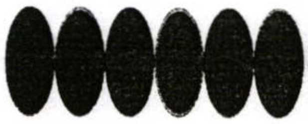
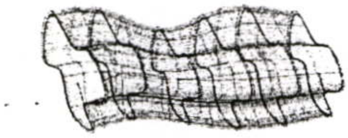
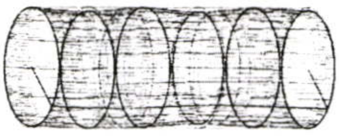
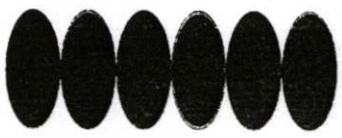
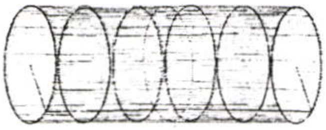
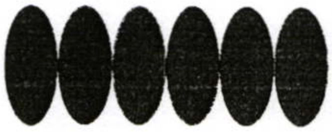
No.	โมเดลกระดูกต้นแบบ	ภาพหน้าตัดขวางกระดูก
1		
2		
3		
4		
5		
6		
7		
8		
9		
10		

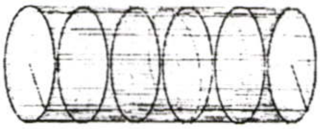
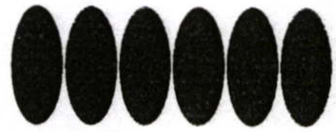
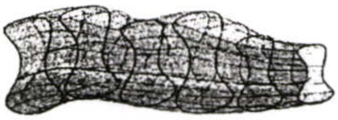
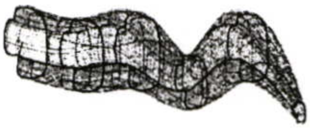
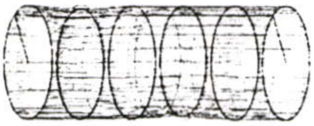
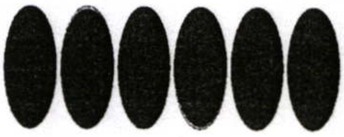
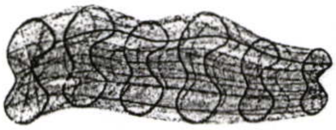
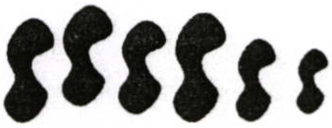
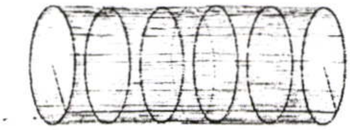
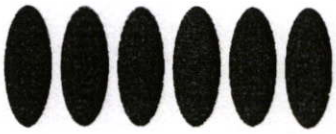
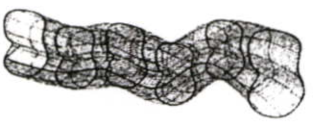
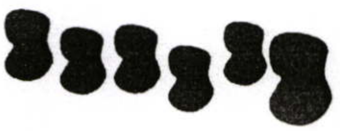
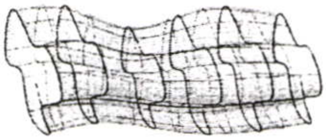
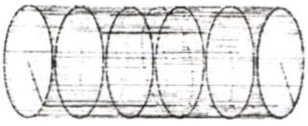
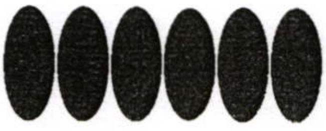
No.	โมเดลกระดูกต้นแบบ	ภาพหน้าตัดขวางกระดูก
11		
12		
13		
14		
15		
16		
17		
18		
19		
20		

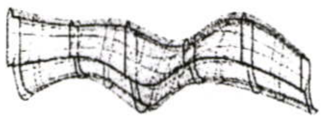
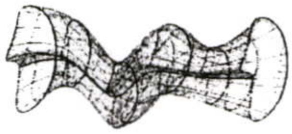
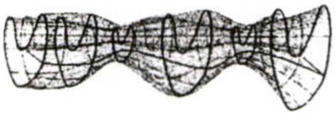
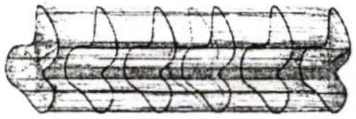
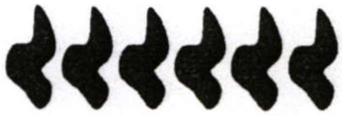
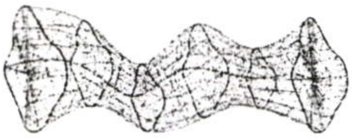
No.	โมเดลกระดูกต้นแบบ	ภาพหน้าตัดขวางกระดูก
21		
22		
23		
24		
25		
26		
27		
28		
29		
30		

No.	โมเดลกระดูกต้นแบบ	ภาพหน้าตัดขวางกระดูก
31		
32		
33		
34		
35		
36		
37		
38		
39		
40		

No.	โมเดลกระดูกต้นแบบ	ภาพหน้าตัดขวางกระดูก
41		
42		
43		
44		
45		
46		
47		
48		
49		
50		

No.	โมเดลกระดูกต้นแบบ	ภาพหน้าตัดขวางกระดูก
51		
52		
53		
54		
55		
56		
57		
58		
59		
60		

No.	โมเดลกระดูกต้นแบบ	ภาพหน้าตัดขวางกระดูก
61		
62		
63		
64		
65		
66		
67		
68		
69		
70		

No.	โมเดลกระดูกต้นแบบ	ภาพหน้าตัดขวางกระดูก
71		
72		
73		
74		
75		

ภาคผนวก ข.

ตารางเปอร์เซ็นต์ความคลาดเคลื่อนของการคำนวณด้วยวิธีการปัจจุบัน
เปรียบเทียบกับวิธีที่นำเสนอ เมื่อกำหนดชุดข้อมูลต้นทุกระยะ 1 เซนติเมตร

Grade	No.	SD	%Exact	Using Current Method			Using Cubic Spline Interpolation		
				%Ratio	Error	%Error	%Ratio	Error	%Error
1	1	0.27	8.46	14.12	-5.66	66.90307	8.06	0.4	4.728132
	2	0.15	12.11	16.84	-4.73	39.05863	12.29	-0.18	1.486375
	3	0.09	12.32	15.51	-3.19	25.89286	12.74	-0.42	3.409091
	4	0.06	12.74	13.43	-0.69	5.416013	12.98	-0.24	1.88383
	5	0.19	12.81	19.99	-7.18	56.04996	13.31	-0.5	3.903201
	6	0.31	13.5	22.58	-9.08	67.25926	14.05	-0.55	4.074074
	7	0.07	13.72	15.35	-1.63	11.88047	14.09	-0.37	2.696793
	8	0.37	18.47	25.01	-6.54	35.40877	19.17	-0.7	3.78993
	9	0.22	18.82	21.29	-2.47	13.12434	19.27	-0.45	2.391073
	10	0.34	20.95	33.09	-12.14	57.94749	21.46	-0.51	2.434368
	11	0.07	21.54	22.78	-1.24	5.756732	21.21	0.33	1.532033
	12	0.24	22.37	25.49	-3.12	13.94725	23.25	-0.88	3.93384
	13	0.48	22.53	40.2	-17.67	78.42876	22.51	0.02	0.088771
	14	0.19	24.18	30.03	-5.85	24.19355	23.52	0.66	2.729529
	15	0.33	29.61	40.01	-10.4	35.12327	29.2	0.41	1.384667
	16	0.13	32.23	35.01	-2.78	8.625504	31.77	0.46	1.427242
	17	0.39	33.33	36.67	-3.34	10.021	33.07	0.26	0.780078
	18	0.22	35.02	40.78	-5.76	16.44774	36	-0.98	2.798401
	19	0.35	36.24	40.28	-4.04	11.1479	37.29	-1.05	2.897351
	20	0.25	37.1	45.87	-8.77	23.63881	39.55	-2.45	6.603774
	21	0.31	38.89	48.81	-9.92	25.50784	39.22	-0.33	0.848547
	22	0.24	41.91	46.1	-4.19	9.997614	43.88	-1.97	4.700549
	23	0.12	42.51	45.75	-3.24	7.621736	43.67	-1.16	2.72877
	24	0.11	45.47	49.74	-4.27	9.390807	46.13	-0.66	1.451506
	25	0.34	46.28	56.81	-10.53	22.75281	47.42	-1.14	2.463267

Grade	No.	SD	%Exact	Using Current Method			Using Cubic Spline Interpolation		
				%Ratio	Error	%Error	%Ratio	Error	%Error
2	26	0.13	50.51	51.54	-1.03	2.0392	50.35	0.16	0.316769
	27	0.18	52.75	53.36	-0.61	1.156398	52.4	0.35	0.663507
	28	0.24	53.29	64.92	-11.63	21.82398	55.8	-2.51	4.710077
	29	0.23	54.55	49.26	5.29	9.697525	56.6	-2.05	3.75802
	30	0.1	55.7	58.13	-2.43	4.362657	54.91	0.79	1.418312
	31	0.19	58.82	63.56	-4.74	8.058484	57.72	1.1	1.870112
	32	0.15	58.48	59.9	-1.42	2.428181	58.53	-0.05	0.085499
	33	0.19	59.11	59.91	-0.8	1.353409	59.15	-0.04	0.06767
	34	0.24	60.48	66.68	-6.2	10.25132	59.57	0.91	1.50463
	35	0.12	61.14	63.66	-2.52	4.121688	60.87	0.27	0.441609
	36	0.11	63.06	61.83	1.23	1.950523	63.31	-0.25	0.396448
	37	0.11	65.92	64.62	1.3	1.972087	66.16	-0.24	0.364078
	38	0.26	66.76	61.75	5.01	7.504494	67.55	-0.79	1.183343
	39	0.14	68.3	71.04	-2.74	4.011713	68.15	0.15	0.219619
	40	0.12	70.64	69.25	1.39	1.967724	70.9	-0.26	0.368063
	41	0.08	70.39	71.58	-1.19	1.690581	70.54	-0.15	0.213098
	42	0.15	71.14	75.25	-4.11	5.77734	70.31	0.83	1.166714
	43	0.1	75.59	75.41	0.18	0.238127	75.59	0	0
	44	0.09	77.64	75.67	1.97	2.537352	78.96	-1.32	1.700155
	45	0.1	78.41	79.86	-1.45	1.849254	78.83	-0.42	0.535646
	46	0.13	79.2	77.65	1.55	1.957071	79.51	-0.31	0.391414
	47	0.07	83.82	85.75	-1.93	2.302553	84.28	-0.46	0.548795
	48	0.09	84.44	85.94	-1.5	1.776409	84.73	-0.29	0.343439
	49	0.1	85.43	86.87	-1.44	1.685591	85.6	-0.17	0.198993
	50	0.06	88.32	91.03	-2.71	3.068388	88.57	-0.25	0.283062

Grade	No.	SD	%Exact	Using Current Method			Using Cubic Spline Interpolation		
				%Ratio	Error	%Error	%Ratio	Error	%Error
3	51	0.06	90.98	92.53	-1.55	1.703671	90.86	0.12	0.131897
	52	0.06	91	92.52	-1.52	1.67033	90.83	0.17	0.186813
	53	0.01	91	90.93	0.07	0.076923	90.9	0.1	0.10989
	54	0.03	92.08	90.94	1.14	1.238054	91.95	0.13	0.141182
	55	0.01	93.48	93.47	0.01	0.010697	93.46	0.02	0.021395
	56	0.04	93.53	93.76	-0.23	0.24591	93.55	-0.02	0.021384
	57	0.01	93.82	93.88	-0.06	0.063952	93.82	0	0
	58	0.04	94.39	94.62	-0.23	0.24367	94.41	-0.02	0.021189
	59	0.03	95.44	95.37	0.07	0.073345	95.42	0.02	0.020956
	60	0.01	95.57	95.53	0.04	0.041854	95.6	-0.03	0.031391
	61	0.02	95.65	95.3	0.35	0.365917	95.62	0.03	0.031364
	62	0.01	95.65	95.76	-0.11	0.115003	95.76	-0.11	0.115003
	63	0.01	95.68	95.67	0.01	0.010452	95.67	0.01	0.010452
	64	0.01	95.73	95.65	0.08	0.083568	95.71	0.02	0.020892
	65	0.03	95.85	97.22	-1.37	1.429317	96.55	-0.7	0.730308
	66	0.01	95.97	95.98	-0.01	0.01042	95.98	-0.01	0.01042
	67	0.03	96.07	96.01	0.06	0.062454	96.05	0.02	0.020818
	68	0.01	96.79	96.8	-0.01	0.010332	96.8	-0.01	0.010332
	69	0.03	96.9	95.56	1.34	1.382869	96.26	0.64	0.660475
	70	0.02	97.28	97.29	-0.01	0.01028	97.62	-0.34	0.349507
	71	0.01	97.47	97.54	-0.07	0.071817	97.5	-0.03	0.030779
	72	0.01	97.48	97.52	-0.04	0.041034	97.5	-0.02	0.020517
	73	0.07	97.64	98.37	-0.73	0.747644	98.16	-0.52	0.532569
	74	0.01	97.94	97.97	-0.03	0.030631	97.96	-0.02	0.020421
	75	0.01	98.25	98.31	-0.06	0.061069	98.3	-0.05	0.050891

Grade	No.	SD	%Exact	Using Current Method			Using Cubic Spline Interpolation		
				%Ratio	Error	%Error	%Ratio	Error	%Error
4	1	0	100	100	0	0	100	0	0
	2	0	100	100	0	0	100	0	0
	3	0	100	100	0	0	100	0	0
	4	0	100	100	0	0	100	0	0
	5	0	100	100	0	0	100	0	0
	6	0	100	100	0	0	100	0	0
	7	0	100	100	0	0	100	0	0
	8	0	100	100	0	0	100	0	0
	9	0	100	100	0	0	100	0	0
	10	0	100	100	0	0	100	0	0
	11	0	100	100	0	0	100	0	0
	12	0	100	100	0	0	100	0	0
	13	0	100	100	0	0	100	0	0
	14	0	100	100	0	0	100	0	0
	15	0	100	100	0	0	100	0	0
	16	0	100	100	0	0	100	0	0
	17	0	100	100	0	0	100	0	0
	18	0	100	100	0	0	100	0	0
	19	0	100	100	0	0	100	0	0
	20	0	100	100	0	0	100	0	0
	21	0	100	100	0	0	100	0	0
	22	0	100	100	0	0	100	0	0
	23	0	100	100	0	0	100	0	0
	24	0	100	100	0	0	100	0	0
	25	0	100	100	0	0	100	0	0

ภาคผนวก ค.

ตารางเปอร์เซ็นต์ความคลาดเคลื่อนของการคำนวณด้วยวิธีการปัจจุบัน เปรียบเทียบกับวิธีที่นำเสนอ เมื่อกำหนดชุดข้อมูลต้นทุก 1.5 เซนติเมตร

Grade	No.	SD	%Exact	Using Current Method			Using Cubic Spline Interpolation		
				%Ratio	Error	%Error	%Ratio	Error	%Error
1	1	0.3	8.46	15.58	-7.12	84.16076	9.44	-0.98	11.58392
	2	0.15	12.11	17.26	-5.15	42.52684	11.73	0.38	3.137903
	3	0.09	12.32	16.76	-4.44	36.03896	12.29	0.03	0.243506
	4	0.05	12.74	13.44	-0.70	5.494505	12.85	-0.11	0.863422
	5	0.19	12.81	22.39	-9.58	74.78532	13.7	-0.89	6.947697
	6	0.33	13.5	27.25	-13.75	101.8519	27.25	-13.75	101.8519
	7	0.03	13.72	14.83	-1.11	8.090379	13.49	0.23	1.676385
	8	0.41	18.47	24.21	-5.74	31.07742	16.47	2	10.82837
	9	0.21	18.82	20.53	-1.71	9.086079	17.01	1.81	9.617428
	10	0.35	20.95	40.03	-19.08	91.07399	21.62	-0.67	3.198091
	11	0.06	21.54	22.78	-1.24	5.756732	21.71	-0.17	0.789229
	12	0.27	22.37	23.72	-1.35	6.034868	25.55	-3.18	14.21547
	13	0.49	22.53	50.25	-27.72	123.036	23.24	-0.71	3.151354
	14	0.17	24.18	30.54	-6.36	26.30273	23.61	0.57	2.35732
	15	0.21	29.61	54.38	-24.77	83.65417	43.73	-14.12	47.68659
	16	0.13	32.23	35.26	-3.03	9.401179	32.56	-0.33	1.023891
	17	0.42	33.33	33.2	0.13	0.390039	33.28	0.05	0.150015
	18	0.24	35.02	43.09	-8.07	23.04397	31.43	3.59	10.25128
	19	0.31	36.24	44.09	-7.85	21.66115	34.11	2.13	5.877483
	20	0.22	37.1	51.45	-14.35	38.67925	41.43	-4.33	11.67116
	21	0.3	38.89	57.77	-18.88	48.54718	41.7	-2.81	7.225508
	22	0.2	41.91	48.06	-6.15	14.6743	40.14	1.77	4.223336
	23	0.14	42.51	48.38	-5.87	13.80852	46.65	-4.14	9.738885
	24	0.09	45.47	52.78	-7.31	16.07653	50.34	-4.87	10.71036
	25	0.37	46.28	61.03	-14.75	31.87122	46.14	0.14	0.302506

Grade	No.	SD	%Exact	Using Current Method			Using Cubic Spline Interpolation		
				%Ratio	Error	%Error	%Ratio	Error	%Error
2	26	0.12	50.51	51.58	-1.07	2.118392	51.39	-0.88	1.742229
	27	0.19	52.75	50.58	2.17	4.113744	52.83	-0.08	0.151659
	28	0.23	53.29	68.11	-14.82	27.8101	55.66	-2.37	4.447363
	29	0.2	54.55	46.38	8.17	14.97709	53.82	0.73	1.338222
	30	0.05	55.7	59.78	-4.08	7.324955	56.61	-0.91	1.633752
	31	0.2	58.82	68.54	-9.72	16.52499	58.46	0.36	0.612037
	32	0.14	58.48	58.77	-0.29	0.495896	58.18	0.3	0.512996
	33	0.13	59.11	59.43	-0.32	0.541364	60.72	-1.61	2.723735
	34	0.14	60.48	80.52	-20.04	33.13492	75.84	-15.36	25.39683
	35	0.06	61.14	65.84	-4.70	7.687275	62.54	-1.4	2.289827
	36	0.06	63.06	60.62	2.44	3.869331	60.75	2.31	3.663178
	37	0.09	65.92	55.51	10.41	15.79187	52.12	13.8	20.93447
	38	0.18	66.76	45.89	20.87	31.26123	48.71	18.05	27.03715
	39	0.13	68.3	73.11	-4.81	7.04246	68.17	0.13	0.190337
	40	0.07	70.64	67.91	2.73	3.864666	68.05	2.59	3.666478
	41	0.07	70.39	72.64	-2.25	3.196477	69.66	0.73	1.037079
	42	0.1	71.14	76.30	-5.16	7.253303	71.66	-0.52	0.730953
	43	0.11	75.59	73.79	1.80	2.381267	75.39	0.2	0.264585
	44	0.08	77.64	80.13	-2.49	3.20711	76.85	0.79	1.017517
	45	0.1	78.41	79.89	-1.48	1.887514	78.58	-0.17	0.216809
	46	0.08	79.2	76.16	3.04	3.838384	76.33	2.87	3.623737
	47	0.08	83.82	86.56	-2.74	3.26891	83.62	0.2	0.238607
	48	0.1	84.44	86.87	-2.43	2.877783	84.19	0.25	0.296068
	49	0.09	85.43	88.15	-2.72	3.183893	86.43	-1	1.170549
	50	0.05	88.32	92.31	-3.99	4.517663	89.24	-0.92	1.041667

Grade	No.	SD	%Exact	Using Current Method			Using Cubic Spline Interpolation		
				%Ratio	Error	%Error	%Ratio	Error	%Error
3	51	0.06	90.98	93.53	-2.55	2.802814	90.61	0.37	0.406683
	52	0.06	91	93.53	-2.53	2.78022	90.59	0.41	0.450549
	53	0.19	91	85.72	5.28	5.802198	95.08	-4.08	4.483516
	54	0.03	92.08	90.75	1.33	1.444396	91.98	0.1	0.108601
	55	0	93.48	93.5	-0.02	0.021395	93.5	-0.02	0.021395
	56	0.05	93.53	93.65	-0.12	0.128301	92.89	0.64	0.684272
	57	0.03	93.82	91.62	2.20	2.344916	89.57	4.25	4.529951
	58	0.05	94.39	94.51	-0.12	0.127132	93.75	0.64	0.678038
	59	0.02	95.44	95.46	-0.02	0.020956	95	0.44	0.461023
	60	0	95.57	95.55	0.02	0.020927	95.57	0	0
	61	0.02	95.65	94.87	0.78	0.815473	95.17	0.48	0.50183
	62	0.01	95.65	96.59	-0.94	0.98275	96.96	-1.31	1.369577
	63	0.05	95.68	99.22	-3.54	3.699833	99.28	-3.6	3.762542
	64	0	95.73	95.66	0.07	0.073122	95.71	0.02	0.020892
	65	0.03	95.85	97.66	-1.81	1.888367	96.34	-0.49	0.511215
	66	0	95.97	96.04	-0.07	0.072939	96.04	-0.07	0.072939
	67	0.02	96.07	96.14	-0.07	0.072864	95.66	0.41	0.426772
	68	0	96.79	96.89	-0.10	0.103316	96.93	-0.14	0.144643
	69	0.04	96.9	95.33	1.57	1.620227	95.64	1.26	1.30031
	70	0.02	97.28	96.7	0.58	0.596217	96.97	0.31	0.318668
	71	0	97.47	97.54	-0.07	0.071817	97.51	-0.04	0.041038
	72	0	97.48	97.44	0.04	0.041034	97.41	0.07	0.07181
	73	0	97.64	97.62	0.02	0.020483	97.61	0.03	0.030725
	74	0	97.94	97.92	0.02	0.020421	97.86	0.08	0.081683
	75	0.01	98.25	98.85	-0.60	0.610687	98.8	-0.55	0.559796

Grade	No.	SD	%Exact	Using Current Method			Using Cubic Spline Interpolation		
				%Ratio	Error	%Error	%Ratio	Error	%Error
4	1	0	100	100	0	0	100	0	0
	2	0	100	100	0	0	100	0	0
	3	0	100	100	0	0	100	0	0
	4	0	100	100	0	0	100	0	0
	5	0	100	100	0	0	100	0	0
	6	0	100	100	0	0	100	0	0
	7	0	100	100	0	0	100	0	0
	8	0	100	100	0	0	100	0	0
	9	0	100	100	0	0	100	0	0
	10	0	100	100	0	0	100	0	0
	11	0	100	100	0	0	100	0	0
	12	0	100	100	0	0	100	0	0
	13	0	100	100	0	0	100	0	0
	14	0	100	100	0	0	100	0	0
	15	0	100	100	0	0	100	0	0
	16	0	100	100	0	0	100	0	0
	17	0	100	100	0	0	100	0	0
	18	0	100	100	0	0	100	0	0
	19	0	100	100	0	0	100	0	0
	20	0	100	100	0	0	100	0	0
	21	0	100	100	0	0	100	0	0
	22	0	100	100	0	0	100	0	0
	23	0	100	100	0	0	100	0	0
	24	0	100	100	0	0	100	0	0
	25	0	100	100	0	0	100	0	0

ภาคผนวก ง.

ตารางเปอร์เซ็นต์ความคลาดเคลื่อนของการคำนวณด้วยวิธีการปัจจุบัน เปรียบเทียบกับวิธีที่นำเสนอ เมื่อกำหนดชุดข้อมูลต้นทุก 2 เซนติเมตร

Grade	No.	SD	%Exact	Using Current Method			Using Cubic Spline Interpolation		
				%Ratio	Error	%Error	%Ratio	Error	%Error
1	1	0.27	8.46	19.03	-10.57	124.9409	12.07	-3.61	42.67139
	2	0.11	12.11	23.43	-11.32	93.47647	22.13	-10.02	82.74154
	3	0.11	12.32	17.31	-4.99	40.50325	12.94	-0.62	5.032468
	4	0.05	12.74	12.44	0.30	2.354788	11.34	1.4	10.98901
	5	0.17	12.81	27.75	-14.94	116.6276	22.64	-9.83	76.73692
	6	0.28	13.5	31.53	-18.03	133.5556	19.17	-5.67	42
	7	0.06	13.72	18.2	-4.48	32.65306	20.67	-6.95	50.65598
	8	0.37	18.47	29.37	-10.90	59.01462	18.34	0.13	0.703844
	9	0.19	18.82	20.85	-2.03	10.7864	13.59	5.23	27.78959
	10	0.34	20.95	43.39	-22.44	107.1122	23.79	-2.84	13.55609
	11	0.08	21.54	21.86	-0.32	1.485608	21.45	0.09	0.417827
	12	0.25	22.37	30.94	-8.57	38.31024	36.84	-14.47	64.68485
	13	0.49	22.53	54.32	-31.79	141.1008	26.52	-3.99	17.70972
	14	0.2	24.18	34.88	-10.70	44.25145	34.15	-9.97	41.23242
	15	0.37	29.61	38.32	-8.71	29.41574	19.47	10.14	34.24519
	16	0.15	32.23	36.13	-3.90	12.10053	34.81	-2.58	8.004964
	17	0.4	33.33	35	-1.67	5.010501	33.07	0.26	0.780078
	18	0.2	35.02	47.06	-12.04	34.38035	33.19	1.83	5.225585
	19	0.33	36.24	51.56	-15.32	42.27373	36.54	-0.3	0.827815
	20	0.25	37.1	45.46	-8.36	22.53369	28.84	8.26	22.26415
	21	0.3	38.89	52.33	-13.44	34.55901	32.74	6.15	15.81383
	22	0.24	41.91	49.08	-7.17	17.10809	34.15	7.76	18.51587
	23	0.08	42.51	51.4	-8.89	20.91273	52.61	-10.1	23.75912
	24	0.09	45.47	50.72	-5.25	11.54607	47.91	-2.44	5.366176
	25	0.12	46.28	77.86	-31.58	68.23682	71.78	-25.5	55.09939

Grade	No.	SD	%Exact	Using Current Method			Using Cubic Spline Interpolation		
				%Ratio	Error	%Error	%Ratio	Error	%Error
2	26	0.13	50.51	55.98	-5.47	10.82954	57.99	-7.48	14.80895
	27	0.2	52.75	51.00	1.75	3.317536	54.91	-2.16	4.094787
	28	0.26	53.29	69.35	-16.06	30.13699	50.98	2.31	4.334772
	29	0.14	54.55	36.21	18.34	33.62053	36.92	17.63	32.31897
	30	0.1	55.7	61.85	-6.15	11.04129	62.64	-6.94	12.45961
	31	0.18	58.82	68.21	-9.39	15.96396	56.21	2.61	4.437266
	32	0.15	58.48	65.32	-6.84	11.69631	68.10	-9.62	16.45007
	33	0.12	59.11	67.71	-8.60	14.54915	69.64	-10.53	17.81424
	34	0.31	60.48	66.64	-6.16	10.18519	58.03	2.45	4.050926
	35	0.11	61.14	67.79	-6.65	10.87668	68.73	-7.59	12.41413
	36	0.11	63.06	61.01	2.05	3.250872	58.85	4.21	6.676181
	37	0.12	65.92	63.76	2.16	3.276699	61.49	4.43	6.720267
	38	0.26	66.76	59.01	7.75	11.60875	65.20	1.56	2.336729
	39	0.12	68.3	73.32	-5.02	7.349927	66.61	1.69	2.474378
	40	0.13	70.64	68.33	2.31	3.270102	65.90	4.74	6.710079
	41	0.08	70.39	72.40	-2.01	2.855519	67.04	3.35	4.759199
	42	0.15	71.14	79.97	-8.83	12.41215	81.29	-10.15	14.26764
	43	0.1	75.59	74.22	1.37	1.812409	75.80	-0.21	0.277815
	44	0.09	77.64	79.85	-2.21	2.846471	73.95	3.69	4.752705
	45	0.07	78.41	80.71	-2.30	2.933299	79.40	-0.99	1.262594
	46	0.14	79.2	76.62	2.58	3.257576	73.90	5.3	6.691919
	47	0.04	83.82	87.92	-4.10	4.891434	85.75	-1.93	2.302553
	48	0.05	84.44	89.13	-4.69	5.55424	86.51	-2.07	2.451445
	49	0.1	85.43	87.86	-2.43	2.844434	81.36	4.07	4.764134
	50	0.08	88.32	92.30	-3.98	4.506341	90.21	-1.89	2.139946

Grade	No.	SD	%Exact	Using Current Method			Using Cubic Spline Interpolation		
				%Ratio	Error	%Error	%Ratio	Error	%Error
3	51	0.03	90.98	95.92	-4.94	5.429765	94.55	-3.57	3.923939
	52	0.03	91	95.91	-4.91	5.395604	94.52	-3.52	3.868132
	53	0	91	90.98	0.02	0.021978	90.99	0.01	0.010989
	54	0	92.08	91.97	0.11	0.119461	91.98	0.1	0.108601
	55	0	93.48	93.53	-0.05	0.053487	93.54	-0.06	0.064185
	56	0.01	93.53	95.77	-2.24	2.394953	96.45	-2.92	3.121993
	57	0	93.82	93.97	-0.15	0.159881	94.2	-0.38	0.405031
	58	0.01	94.39	96.65	-2.26	2.394321	97.35	-2.96	3.135925
	59	0.03	95.44	95.47	-0.03	0.031433	94.33	1.11	1.163034
	60	0	95.57	95.52	0.05	0.052318	95.54	0.03	0.031391
	61	0.03	95.65	95.04	0.61	0.637742	95.1	0.55	0.575013
	62	0	95.65	95.75	-0.10	0.104548	95.74	-0.09	0.094093
	63	0	95.68	95.67	0.01	0.010452	95.67	0.01	0.010452
	64	0	95.73	95.63	0.10	0.10446	95.72	0.01	0.010446
	65	0.01	95.85	99.24	-3.39	3.536776	98.76	-2.91	3.035994
	66	0	95.97	95.99	-0.02	0.02084	95.97	0	0
	67	0.03	96.07	96.11	-0.04	0.041636	94.95	1.12	1.165817
	68	0	96.79	96.81	-0.02	0.020663	96.81	-0.02	0.020663
	69	0.03	96.9	94.87	2.03	2.094943	95.47	1.43	1.475748
	70	0.03	97.28	97.02	0.26	0.26727	97.08	0.2	0.205592
	71	0	97.47	97.49	-0.02	0.020519	97.46	0.01	0.01026
	72	0	97.48	97.56	-0.08	0.082068	97.51	-0.03	0.030776
	73	0.09	97.64	98.73	-1.09	1.116346	97.08	0.56	0.573535
	74	0	97.94	97.94	0.00	0	97.91	0.03	0.030631
	75	0	98.25	98.31	-0.06	0.061069	98.31	-0.06	0.061069

Grade	No.	SD	%Exact	Using Current Method			Using Cubic Spline Interpolation		
				%Ratio	Error	%Error	%Ratio	Error	%Error
4	1	0	100	100	0	0	100	0	0
	2	0	100	100	0	0	100	0	0
	3	0	100	100	0	0	100	0	0
	4	0	100	100	0	0	100	0	0
	5	0	100	100	0	0	100	0	0
	6	0	100	100	0	0	100	0	0
	7	0	100	100	0	0	100	0	0
	8	0	100	100	0	0	100	0	0
	9	0	100	100	0	0	100	0	0
	10	0	100	100	0	0	100	0	0
	11	0	100	100	0	0	100	0	0
	12	0	100	100	0	0	100	0	0
	13	0	100	100	0	0	100	0	0
	14	0	100	100	0	0	100	0	0
	15	0	100	100	0	0	100	0	0
	16	0	100	100	0	0	100	0	0
	17	0	100	100	0	0	100	0	0
	18	0	100	100	0	0	100	0	0
	19	0	100	100	0	0	100	0	0
	20	0	100	100	0	0	100	0	0
	21	0	100	100	0	0	100	0	0
	22	0	100	100	0	0	100	0	0
	23	0	100	100	0	0	100	0	0
	24	0	100	100	0	0	100	0	0
	25	0	100	100	0	0	100	0	0

ภาคผนวก จ.

โปรแกรมที่ใช้ทดสอบการจำลองระบบ

```
/*****************************************************************\
                    include header library
\*****************************************************************/
#include <stdio.h>
#include <conio.h>
#include <math.h>

/*****************************************************************\
                 define constant value in program
\*****************************************************************/
#define MAX_DEAD_VOLUME_GROUP 100
#define MAX_CUT_POSITION 100
#define MAX_LOOP_INTERPOLATE 10
#define MAX_INTERPOLATE_INDEX 10000

/*****************************************************************\
                 decralation prototype function
\*****************************************************************/
float sum(float number[], int cnt);
float mean(float number[], int cnt);
float std(float number[], int cnt, float X_BAR);
float absfloat(float number);
void  cubic_spline(float *X, float *FX, int cnt1, float *X_ITP,
        int cnt2, float *RESULT);
void  b_spline(float *X, float *FX, int cnt1, float *X_ITP,
        int cnt2, float *RESULT);
void  bezier_spline(float *X, float *FX, int cnt1, float *X_ITP,
        int cnt2, float *RESULT);
void  spline_hermite_set(int ndata, float tdata[], float c0[],
        float c1[], float c2[], float c3[]);
void  spline_hermite_set(int ndata, float tdata[], float c0[],
        float c1[], float c2[], float c3[]);
void  spline_linear_val(int ndata, float tdata[], float ydata[],
        float tval, float *yval, float *ypval);


/*****************************************************************\
                         main program
\*****************************************************************/
void main(void)
{

/*****************************************************************/

   /*decralation variable*/
   char  file_name[255]; /*string file name*/
   FILE  *in_file, *out_file; /*pointer of input,output file*/
   float model_long, model_diameter; /*details of bone 3d model*/
   float exact_cancer_volume,
           exact_dead_volume[MAX_DEAD_VOLUME_GROUP];
           /*exact volume of dead part and cancer part*/
   float init_cut_position[MAX_CUT_POSITION];
           /*initial cut position*/
   float init_cancer_area[MAX_CUT_POSITION];
           /*initial cancer area in each cut position*/
   float init_dead_area[MAX_DEAD_VOLUME_GROUP][MAX_CUT_POSITION];
           /*inital dead area in each cut position*/
   float input_cut_position[MAX_CUT_POSITION];
           /*skip initial cut position*/
   float input_cancer_area[MAX_CUT_POSITION];
           /*skip initial cancer area*/
```

```
    float input_dead_area[MAX_CUT_POSITION][MAX_CUT_POSITION];
            /*skip initial dead area*/
    float ratio_exact, ratio_current, ratio_interpolate;
            /*ratio of dead part per all cancer part*/
    float SD, X_BAR;
            /*SD = Standard Deriviation, X_BAR = Mean*/
    float ratio_at_cut[MAX_CUT_POSITION];
            /*ratio of dead area per all cancer area in each cut
            position*/
    float true_err, percent_err;
            /*true error and percent of error when calculate with
              current method and interpolate method*/
    float temp_arr[MAX_CUT_POSITION], arr[MAX_INTERPOLATE_INDEX];
            /*temporary of array process*/
    float interpolate_dead_volume[MAX_INTERPOLATE_INDEX];
            /*interpolate dead volume*/
    float interpolate_cancer_volume; /*interpolate all cancer volume*/
    float interpolate_dead_area[MAX_INTERPOLATE_INDEX];
            /*interpolate dead area between skip cut position*/
    float interpolate_cancer_area[MAX_INTERPOLATE_INDEX];
            /*interpolate cancer area between skip cut position*/
    float increment_interpolate; /*increment value of interpolation*/
    float interpolate_position[MAX_INTERPOLATE_INDEX];
            /*interpolate position*/

    /*control loop variable*/
    float start_value, stop_value;
    int   i, j, k, l, m, p, loop, cnt_intp_idx, first_idx, end_idx,
            idx_row;
    int   total_init_cut, total_input_cut, total_row, total_column,
            total_dead_group, cnt, stoploop;

/**********************************************************************/

    /*get name of initial data file and output report file*/
    clrscr(); /*clear screen window*/
    /*initial data file*/
    printf("ENTER PATH OF INITIAL DATA FILE :");
    scanf("%s", file_name);
    in_file = fopen(file_name, "r");
    if(in_file == NULL) /*check open file path*/
    {
       printf("ERROR!!.. INPUT FILE NOT FOUND");
       exit(1);
    }

    /*output report file*/
    printf("ENTER PATH OF OUTPUT FILE :");
    scanf("%s", file_name);
    out_file = fopen(file_name, "w");
    if(out_file == NULL) /*check open file path*/
    {
       printf("ERROR!!.. OUTPUT FILE NOT FOUND");
       exit(1);
    }

    /*read initial data file*/
    fscanf(in_file, "%f", &model_long);
    fscanf(in_file, "%f", &model_diameter);
    fscanf(in_file, "%d", &total_dead_group);
    fscanf(in_file, "%f", &exact_cancer_volume);
```

```
for(i=0; i<total_dead_group; i++)
   fscanf(in_file, "%f", &exact_dead_volume[i]);
i = 0;
while(!feof(in_file))
{
   fscanf(in_file, "%f", &init_cut_position[i]);
   fscanf(in_file, "%f", &init_cancer_area[i]);
   for(j=0; j<total_dead_group; j++)
      fscanf(in_file, "%f", &init_dead_area[i][j]);
   i++;
}
fclose(in_file);

/*print detail of bone 3d model*/
total_init_cut = i;
fprintf(out_file, "ผลการทดลอง\n===========\n\n");
fprintf(out_file, "   โมเดลต้นแบบ\n    ============\n");
fprintf(out_file, "         -ความยาวประมาณ %f ซม.\n", model_long);
fprintf(out_file, "         -เส้นผ่าศูนย์กลางประมาณ %f ซม.\n\n",
   model_diameter);
fprintf(out_file, "         -ปริมาตรจริงของเนื้อตาย %f ลบ.ซม.\n",
   sum(exact_dead_volume,total_dead_group));
fprintf(out_file, "         -ปริมาตรจริงของเนื้อมะเร็งทั้งหมด %f ลบ.ซม.\n",
   exact_cancer_volume);

/*calculate ratio exact*/
ratio_exact = sum(exact_dead_volume, total_dead_group) /
   exact_cancer_volume;

fprintf(out_file, "         -อัตราส่วนเนื้อตายต่อเนื้อมะเร็งทั้งหมด คิดเป็น %f หรือประมาณ
   %.2f%%(คิดจากปริมาตรจริงของโมเดลต้นแบบ)\n\n", ratio_exact,
   ratio_exact * 100);

/*begin calculate part*/
i = 0;
while(i < total_init_cut-1) /*control skip index of initial data*/
{
   /*create skip initial data*/
   j = 0;
   k = 0;
   cnt = 0;
   while(j < total_init_cut)
   {
      input_cut_position[k] = init_cut_position[j];
      input_cancer_area[k] = init_cancer_area[j];
      for(l=0; l<total_dead_group; l++)
         input_dead_area[k][l] = init_dead_area[j][l];
      cnt++;
      if((j+i+1) < total_init_cut - 1)
         j = j + i + 1;
      else /*if over last index so include last data*/
      {
         input_cut_position[k+1] =
            init_cut_position[total_init_cut - 1];

         input_cancer_area[k+1] =
            init_cancer_area[total_init_cut - 1];

         for(l=0; l<total_dead_group; l++)
            input_dead_area[k+1][l] =
```

```
            init_dead_area[total_init_cut-1][1];
        cnt++;
        break;
    }
    k++;
}
total_row = cnt;
for(idx_row=0; idx_row<total_row; idx_row++)
{
    temp_arr[idx_row] = 0;
    for(l=0; l<total_dead_group; l++)
        temp_arr[idx_row] =+ input_dead_area[idx_row][l];
    ratio_at_cut[idx_row] = temp_arr[idx_row] /
        input_cancer_area[idx_row];
}

/*calculate mean value*/
X_BAR = mean(ratio_at_cut, total_row);


/*calculate standard deriviation*/
SD = std(ratio_at_cut, total_row, X_BAR);

fprintf(out_file, "    ชุดข้อมูลเริ่มต้นสำหรับการคำนวณ\n
    ==========================\n");

fprintf(out_file, "        -เมื่อกำหนดข้อมูลเริ่มต้นทุกระยะ %f ซม. (",
    input_cut_position[1] - input_cut_position[0]);

for(cnt=0; cnt<total_row; cnt++)
{
 fprintf(out_file, "%f", input_cut_position[cnt]);
 if(cnt < total_row - 1)
     fprintf(out_file, ",");
}
fprintf(out_file,")\n");
fprintf(out_file,"        -ค่าความเบี่ยงเบนมาตรฐานของชุดข้อมูล = %f\n", SD);

/*calculate ratio with current method*/
ratio_current = sum(ratio_at_cut, total_row) / total_row;
true_err = absfloat(ratio_exact - ratio_current) * 100.0;
percent_err = absfloat(ratio_exact - ratio_current) /
    ratio_exact * 100;

fprintf(out_file,"        -อัตราส่วนเนื้อตายต่อเนื้อมะเร็งทั้งหมด (currently method)
    คิดเป็น %f หรือประมาณ %.2f%% (true error = %f , %%error =
    %f%%)\n", ratio_current, ratio_current*100, true_err,
    percent_err);
fprintf(out_file, "        -อัตราส่วนเนื้อตายต่อเนื้อมะเร็งทั้งหมด (interpolate
    method)\n");

/*begin calculate with interpolate method*/
stoploop = MAX_LOOP_INTERPOLATE;

for(loop=1; loop<=stoploop; loop++)
/*control loop for counting interpolation*/
{
    if(loop == 1) /*if first set increment at half range model*/
        increment_interpolate = (input_cut_position[total_row-1]
                                 - input_cut_position[0]) / 2;
```

```
  else /*next time set increment at half of before loop*/
     increment_interpolate = increment_interpolate / 2;

  cnt_intp_idx = 0;
  interpolate_position[0] = input_cut_position[0];
  while(interpolate_position[cnt_intp_idx] <
           input_cut_position[total_row-1])
  {
     cnt_intp_idx++;
     interpolate_position[cnt_intp_idx] =
        interpolate_position[cnt_intp_idx-1] +
        increment_interpolate;
  }

  /*calculate interpolate all cancer area*/
  interpolation(input_cut_position, input_cancer_area,
     total_row, interpolate_position, cnt_intp_idx,
     interpolate_cancer_area);

/*calculate all cancer volume*/
interpolate_cancer_volume = 0;
for(m=0; m<cnt_intp_idx; m++)
   interpolate_cancer_volume = interpolate_cancer_volume +
      ((interpolate_cancer_area[m] +
      interpolate_cancer_area[m+1]) / 2 *
      increment_interpolate);
for(l=0; l<total_dead_group; l++)
{
   for(m=0; m<total_row; m++)
      arr[m] = input_dead_area[m][l];
   first_idx = 0;
   while((temp_arr[first_idx] == 0) && (first_idx <
        total_row))
      first_idx++;
   end_idx = total_row;
   while((temp_arr[end_idx] == 0) && (end_idx > 0))
      end_idx = end_idx - 1;
   cnt_intp_idx = 0;
   interpolate_position[0] = input_cut_position[first_idx];
   while(interpolate_position[cnt_intp_idx] <
      input_cut_position[end_idx-1])
   {
      cnt_intp_idx++;
      interpolate_position[cnt_intp_idx] =
         interpolate_position[cnt_intp_idx-1] +
         increment_interpolate;
   }

   /*calculate interpolate dead cancer area*/
   interpolation(input_cut_position, arr, total_row,
      interpolate_position, cnt_intp_idx,
      interpolate_dead_area);

   /*calculate interpolate dead cancer volume*/
   interpolate_dead_volume[l] = 0;
   for(m=0; m<cnt_intp_idx; m++)
      interpolate_dead_volume[l] = interpolate_dead_volume[l]
         + ((interpolate_dead_area[m] +
         interpolate_dead_area[m+1]) / 2 *
         increment_interpolate);
}
```

```
        /*calculate ratio interpolate*/
        ratio_interpolate =
           sum(interpolate_dead_volume,total_dead_group) /
           interpolate_cancer_volume;
        true_err = absfloat(ratio_exact - ratio_interpolate) * 100.0;
        percent_err = absfloat(ratio_exact - ratio_interpolate) /
           ratio_exact * 100;
        fprintf(out_file, "                -คิดเป็น %f หรือประมาณ %.2f%% (true
           error = %f , %%error = %f%%) เมื่อทำการประมาณค่าทุกระยะ %f ซม.
           \n", ratio_interpolate, ratio_interpolate*100, true_err,
           percent_err, increment_interpolate);
      }
      fprintf(out_file, "\n");
      if((i+1) < total_init_cut)
         i = i + 1;
      else
         break;
   }
   fclose(out_file);
}

/*******************************************************************\
                  function summation of float array
\*******************************************************************/
float sum(float number[],int cnt)
{
   int i;
   float temp=0;
   for(i=0; i<cnt; i++)
      temp += number[i];
   return temp;
}

/*******************************************************************\
                    function calculate mean value
\*******************************************************************/
float mean(float number[],int cnt)
{
   float temp=0;
   temp = sum(number, cnt) / cnt;
   return temp;
}

/*******************************************************************\
               function calculate standard deriviation
\*******************************************************************/
float std(float number[],int cnt,float X_BAR)
{
   int i;
   float temp=0,arr[MAX_CUT_POSITION];
   for(i=0; i<cnt; i++)
      arr[i] = (number[i] - X_BAR) * (number[i] - X_BAR);
   temp = sqrt(sum(arr, cnt) / cnt);
   return temp;
}
```

```
/**********************************************************************\
              function return absolute floating number
\**********************************************************************/
float absfloat(float number)
{
   if(number < 0)
      return number * (-1);
   else
      return number;
}

/**********************************************************************\
                 function cubic spline interpolation
\**********************************************************************/
void cubic_spline(float *X, float *FX, int cnt1, float *X_ITP, int
        cnt2, float *RESULT)
{
   float a[MAX_INTERPOLATE_INDEX], b[MAX_INTERPOLATE_INDEX],
         c[MAX_INTERPOLATE_INDEX], d[MAX_INTERPOLATE_INDEX],
         e[MAX_INTERPOLATE_INDEX];
   float d1, d2, dd, t1, t2, t3, t4, fac, ff, xx;
   int i, j, n;
   for(i=1; i<=cnt1-2; i++)
   {
      a[i] = X[i] - X[i-1];
      b[i] = 2.0 * (X[i+1] - X[i-1]);
      c[i] = X[i+1] - X[i];
      d[i] = 6.0 * (FX[i+1] - FX[i]) / (X[i+1] - X[i]) + 6.0 *
               (FX[i-1] - FX[i]) / (X[i] - X[i-1]);
   }
   b[0] = 1.0;
   c[0] = 0.0;
   d[0] = 0.0;
   a[cnt1-1] = 0.0;
   b[cnt1-1] = 1.0;
   d[cnt1-1] = 0.0;
   for(i=1; i<=cnt1-1; i++)
   {
      a[i] = a[i] / b[i-1];
      b[i] = b[i] - a[i] * c[i-1];
   }
   for(i=1; i<=cnt1-1; i++)
      d[i] = d[i] - a[i] * d[i-1];
   e[cnt1-1] = d[cnt1-1] / b[cnt1-1];
   for(i=cnt1-2; i>=0; i--)
      e[i] = (d[i] - c[i] * e[i+1]) / b[i];
   for(i=0; i<=cnt2; i++)
      for(j=1; j<=cnt1-1; j++)
       if((X_ITP[i] >= X[j-1]) && (X_ITP[i] <= X[j]))
       {
          d1 = X[j] - X_ITP[i];
          d2 = X_ITP[i] - X[j-1];
          dd = X[j] - X[j-1];
          t1 = e[j-1] * d1 * d1 * d1 / (6.0 * dd);
          t2 = e[j] * d2 * d2 * d2 / (6.0 * dd);
          t3 = (FX[j-1] / dd - e[j-1] * dd / 6.0) * d1;
          t4 = (FX[j] / dd - e[j] * dd / 6.0) * d2;
          RESULT[i] = t1 + t2+ t3+ t4;
       }
}
```

```
/**********************************************************************\
                    function bezier spline interpolate
\**********************************************************************/
void bezier_spline(float *X, float *FX, int cnt1, float *X_ITP, int
        cnt2, float *RESULT)
{
   float point[MAX_INTERPOLATE_INDEX],u = 0.01;
   int i, j=0, k=0;
   for(i=0; i<cnt2; i++) /*insert X_ITP into X*/
   {
      while((X_ITP[i] > X[j]) && (X_ITP[i] <= X[cnt1]))
      {
         point[k] = X[j];
         k++;
         j++;
      }
      point[k] = X_ITP[j];
   }
   if(k < 4+1) /*if data point less than 4*/
   {
      printf("cannot create bezier-spline curve for interpolation");
      exit(1);
   }
   for(i=0; i<=k-4; i++)
   {
      RESULT[i] = (1-u)*(1-u)*(1-u)*point[i] +
         3*(1-u)*(1-u)*u * point[i+1] +
         3*(1-u)*u*u*point[i+2] +
         u*u*u * point[i+3];
   }
}

/**********************************************************************\
                    function cubic spline interpolation
\**********************************************************************/
void b_spline(float *X, float *FX, int cnt1, float *X_ITP, int cnt2,
        float *RESULT)
{
   float point[MAX_INTERPOLATE_INDEX], u = 0.01;
   int i, j=0, k=0;
   for(i=0; i<cnt2; i++) /*insert X_ITP into X*/
   {
      while((X_ITP[i] > X[j]) && (X_ITP[i] <= X[cnt1]))
      {
         point[k] = X[j];
         k++;
         j++;
      }
      point[k] = X_ITP[j];
   }
   if(k < 4+1) /*if data point less than 4*/
   {
      printf("cannot create b-spline curve for interpolation");
      exit(1);
   }
   for(i=0; i<=k-4; i++)
   {
      RESULT[i] = (1-u) * (1-u) * (1-u) / 6 * point[i] +
         (3*u*u*u - 6*u*u + 4) / 6 * point[i+1] +
         (-3*u*u*u + 3*u*u + 3*u + 1) / 6 * point[i+2] +
         u*u*u / 6 * point[i+3];
```

```
    }
}

/**********************************************************************\
                  function hermite spline interpolation
\**********************************************************************/
void spline_hermite_set(int ndata, float tdata[], float c0[], float
        c1[], float c2[], float c3[])
{
   float divdif1;
   float divdif3;
   float dt;
   int i;
   for(i=0; i<ndata-1; i++)
   {
      dt = tdata[i+1] - tdata[i];
      divdif1 = (c0[i+1] - c0[i]) / dt;
      divdif3 = c1[i] + c1[i+1] - 2.0 * divdif1;
      c2[i] = (divdif1 - c1[i] - divdif3) / dt;
      c3[i] = divdif3 / (dt * dt);
   }
   c2[ndata-1] = 0.0;
   c3[ndata-1] = 0.0;
   return;
}

/**********************************************************************\
                  function return hermite spline value
\**********************************************************************/
void spline_hermite_val(int ndata, float tdata[], float c0[], float
        c1[], float c2[], float c3[], float tval, float *sval)
{
   float dt;
   int left;
   int right;
   rvec_bracket (ndata, tdata, tval, &left, &right);
   dt = tval - tdata[left];
   *sval = c0[left] + dt * (c1[left] + dt * ( c2[left] + dt *
c3[left]));
   return;
}

/**********************************************************************\
                  function linear spline interpolation
\**********************************************************************/
void spline_linear_val(int ndata, float tdata[], float ydata[],
        float tval, float *yval, float *ypval)
{
   int left;
   int right;
   *ypval = (ydata[right] - ydata[left]) / (tdata[right] -
      tdata[left]);
   *yval = ydata[left] +  (tval - tdata[left]) * (*ypval);
   return;
}
```

ประวัติผู้เขียน

ชื่อ – นามสกุล	นายทวีพงษ์ พิทักษ์มงคล
วัน เดือน ปีเกิด	17 กุมภาพันธ์ 2523
ที่อยู่	7/76 หมู่ 14 ตำบลบางแก้ว อำเภอบางพลี จังหวัดสมุทรปราการ 10540
ประวัติการศึกษา	
2547	จบการศึกษาปริญญาวิทยาศาสตรบัณฑิต สาขาวิทยาการคอมพิวเตอร์ มหาวิทยาลัยกรุงเทพ