199387

วิทยานิพนธ์นี้เสนอวิธีการคัดแยกประเภทของมะเร็งเม็ดเลือดขาวชนิดเฉียบพลัน (Acute Leukemia) โดยแบ่งเป็นสองประเภทคือ Acute Myeloblastic Leukemia (AML) และ Acute Lymphoblastic Leukemia (ALL) มะเร็งเม็ดเลือดขาวประเภท AML มีขนาดนิวเคลียสที่ใหญ่กว่าปกติ สามารถมองเห็นไซโตพาสมได้ชัดเจน ขณะที่มะเร็งประเภท ALL มีขนาดนิวเคลียสที่ใหญ่กว่าจนเกือบเต็มเซลล์ มองเห็นไซโตพาสมได้ไม่ชัดเจน หลักเกณฑ์ที่ผู้เชี่ยวชาญใช้ในการคัดแยกประเภทคือ ขนาดของนิวเคลียส โดยเซลล์เม็ดเลือดขาวจะได้รับการย้อมสี เพื่อให้เห็นเซลล์ได้อย่างชัดเจน แต่นิวเคลียสที่อยู่ภายในเซลล์จะมีเส้นรอบขอบที่มีความคมชัดต่ำ ดังนั้นจึงเป็นการยากในการระบุขอบเขตของนิวเคลียสและพื้นที่ที่แท้จริง วิทยานิพนธ์นี้จึงเสนอการใช้แบบจำลองเส้นรอบขอบแบบแอกทีฟ เพื่อหาเส้นรอบขอบที่เหมาะสมที่สุดของนิวเคลียส ซึ่งมีพลังงานต่ำที่สุดแบ่งออกเป็น พลังงานภายในซึ่งควบคุมคุณสมบัติความราบเรียบของเส้นรอบขอบ และพลังงานภายนอกที่ชักจูงให้เส้นรอบขอบเคลื่อนเข้าหาเส้นขอบของนิวเคลียส จากนั้นทำการดึงลักษณะเด่นคือ พื้นที่นิวเคลียส แล้วทำการคัดแยกประเภทโดยใช้ ซัพพอร์ตเวกเตอร์แมชชีน (Support Vector Machine) การประเมินประสิทธิภาพของวิธีการที่นำเสนอ ทำโดยการทดลองกับภาพเม็ดเลือดขาวที่เป็นมะเร็งประเภท AML และประเภท ALL อย่างละ 60 รูปจากทั้งหมด 20 สไลด์ และภาพเม็ดเลือดขาวปกติจำนวน 60 รูปจาก 10 สไลด์ ผลการทดลองแสดงความถูกต้องในการคัดแยกประเภทร้อยละ 90

199387

This thesis proposes a method to classify acute leukemia into two types, Acute Myeloblastic Leukemia (AML) and Acute Lymphoblastic Leukemia (ALL). AML nucleus is usually bigger than that of a normal cell and its cytoplasm can be seen clearly. ALL nucleus is very large, nearly the cell itself. Therefore its cytoplasm is rarely to be seen. The symptom used by an expert to classify acute leukemia types is the nucleus size. The white blood cell will be smeared so that the cell can be easily detected. However, the contour of the nucleus within the smeared cell is low contrast. Therefore it is difficult to identify the exact area of the nucleus. This thesis proposes a method to find the most suitable contour of the nucleus by using active contour model. The contour is found at the minimum total energy which is the internal energy constrained to a contour smoothness and the external energy for moving the contour closer to the nucleus. The features of nucleus size and cell size are then extracted from the detected cell and classified by using support vector machine (SVM). The performance of the proposed method is evaluated from 60 AML images from 10 blood smear slides, 60 ALL images from 10 blood smear slides, and 60 normal-cell images from 10 blood smear slides. The experiential results show 90 percent classification accuracy.