การคัดแยกเซลล์เม็ดเลือดขาวโดยอ้างอิงการวิเคราะห์ส่วนประกอบพื้นฐาน

WHITE BLOOD CELL CLASSIFICATION BASED ON PRINCIPAL COMPONENT ANALYSIS

ภิญโญ แย้มพราย

PINYO YAMPRI

วิทยานิพนธ์นี้เป็นส่วนหนึ่งของการศึกษาตามหลักสูตรปริญญาวิศวกรรมศาสตรมหาบัณฑิต

สาขาวิชาวิศวกรรมอิเล็กทรอนิกส์

บัณฑิตวิทยาลัย

สถาบันเทคโนโลยีพระจอมเกล้าเจ้าคุณทหารลาดกระบัง

พ.ศ. 2550

WHITE BLOOD CELL CLASSIFICATION BASED ON PRINCIPAL COMPONENT ANALYSIS

PINYO YAMPRI

A THESIS SUBMTTED IN PARTIAL FULFILLMENT

OF THE REQUIREMENT FOR THE DEGREE OF

MASTER ENGINEERING IN ELECTRONIC ENGINEERING

SCHOOL OF GRADUATE STUDIES

KING MONGKUT'S INSTITUTE OF TECHNOLOGY LADKRABANG

2007

COPYRIGHT 2007

SCHOOL OF GRADUATE STUDIES

KING MONGKUT'S INSTITUIE OF TECHNOLOGY LADKRABANG

หัวข้อวิทยานิพนธ์	การคัดแยกเซลล์เม็ดเลือดขาวโดยอ้างอิงการวิเคราะห์ส่วนประกอบพื้นฐาน
นักศึกษา	นายภิญโญ แย้มพราย
รหัสนักศึกษา	48060419
ปริญญา	วิศวกรรมศาสตรมหาบัณฑิต
สาขาวิชา	วิศวกรรมอิเล็คทรอนิกส์
พ.ศ.	2550
อาจารย์ที่ปรึกษาวิทยานิพนธ์	รศ.ดร. ชูชาติ ปิณฑวิรุจน์

บทคัดย่อ

ในการนับอัตราส่วนของเซลล์เม็ดเลือดขาวชนิดต่างๆนั้นสามารถช่วยแพทย์ในการวิเคราะห์อาการของคนไข้ได้ ดังนั้นวิธีการตรวจนับความแตกต่างของเซลล์เม็ดเลือดขาวอัตโนมัติจึงได้ถูกนำเสนอเป็นแนวทางเพื่อช่วยให้การตรวจนับง่ายขึ้น เริ่มจากระบบที่กระทำกับข้อมูลอินพุทที่เป็นภาพสีของเซลล์เม็ดเลือด เข้ากระบวนการนับแยกซึ่งแบ่งออกเป็น 3 ส่วนหลักๆ คือ ขั้นตอนการเตรียมภาพก่อนเข้ากระบวนการวิเคราะห์องค์ประกอบหลัก , กระบวนการหาลักษณะเด่นด้วยการวิเคราะห์องค์ประกอบหลัก และการระบุชนิดให้กับเซลล์เม็ดเลือดขาว ในงานวิจัยนี้นำเอาแนวความคิดของการแยกพิจารณาส่วนที่สนใจในภาพสีใช้ในการหาตำแหน่งที่ตั้งของเซลล์เม็ดเลือดขาว ในส่วนของการหาลักษณะเด่นนั้นจะใช้กระบวนของPCAในการหา ซึ่งดึงเอาลักษณะเฉพาะของนิวเคลียสชนิดนั้นๆโดยอาศัยหลักการที่เรารู้จักกันดีในชื่อของ Eigen Face ซึ่งจะได้มาเป็นค่า ไอเก้นแวลู และ ไอเก้นเวกเตอร์ ซึ่งเป็นลักษณะเด่นที่จะนำไปใช้ในการระบุชนิดให้กับเซลล์เม็ดเลือดขาว ผลลัพธ์ที่นำเสนอนี้ ยึดหลักการทดลองกับเซลล์เม็ดเลือดปรกติ สำหรับส่วนของการเทรนกลุ่มข้อมูลเพื่อคัดแยกเป็นกลุ่มข้อมูลที่รู้ชนิดซึ่งมี 50 รูปแบบ เพื่อทดสอบข้อมูลตัวอย่างประกอบด้วย 110 ตัวอย่าง และผลที่ได้จากการทดลองมีความถูกต้องในการคัดแยก 92%

Thesis Title	White Blood Cell Classification Based on Principal Component Analysis
Student	Mr.Pinyo Yampri
Student ID.	48060419
Degree	Master of Engineering
Programme	Electronics Engineering
Year	2550
Thesis Advisor	Asoc. Prof. Dr. Chuchart Pinthaviruj

ABSTRACT

Numbers of white blood cells in different classes help doctors to diagnose patients. A technique for automating the differential count of white blood cell is presented. The proposed system takes an input, color image of stained peripheral blood smears. The process involves segmentation, feature extraction and classification. The segmentation procedure, a novel simple algorithm, is proposed for localization of white blood cells and the different cell components are separated with automatic thresholding. Features extracted from the segmented nucleus are motivated by the concept of the well-known Eigen face. The derived Eigen value and Eigen vector contributes to the important feature in the classification process. The results presented here are based on trials conducted with normal cells. For training the classifiers, a library set of 50 patterns is used. The tested data consists of 110 samples and produced correct classification rate close to 92%

กิตติกรรมประกาศ

วิทยานิพนธ์ฉบับนี้สำเร็จลุล่วงได้ด้วยดี ด้วยความกรุณาจากอาจารย์ที่ปรึกษา รศ.ดร.ชูชาติ ปิณฑวิรุจน์ ที่ให้ความช่วยเหลือ คำชี้แนะ ตลอดจนช่วยแก้ปัญหาต่างๆ และให้กำลังใจ ขอกราบขอบพระคุณเป็นอย่างสูง

ขอขอบคุณเพื่อนๆ พี่ๆ น้องๆ นักศึกษาในห้องวิจัยทุกคน ที่ช่วยให้ข้อมูล, แนวคิดในการแก้ปัญหาต่างๆ

สำหรับคุณงามความดีที่พึงมีจากวิทยานิพนธ์ฉบับนี้ ข้าพเจ้าขอมอบให้กับบิดามารดา ซึ่งเป็นที่รักยิ่ง ตลอดจนครูอาจารย์ได้ประสิทธิ์ประสาทความรู้แก่ข้าพเจ้าทุกท่าน

ภิญโญ แย้มพราย

สารบัญ

หน้า

บทคัดย่อภาษาไทย I
บทคัดย่อภาษอังกฤษ II
กิตติกรรมประกาศ.. III
สารบัญ IV
สารบัญตาราง IX
สารบัญรูป X
บทที่ 1 บทนำ 1
1.1 ความเป็นมาและความสำคัญของปัญหา... 1
1.2 วัตถุประสงค์ของงานวิจัย.. 2
1.3 สมมติฐานของการวิจัย.. 2
1.4 แนวคิดที่ใช้ในการวิจัย.. 3
1.5 ขอบเขตของงานวิจัย 3
1.6 โครงสร้างของวิทยานิพนธ์ 3

บทที่ 2 ความรู้พื้นฐานในการวิเคราะห์เม็ดเลือดขาว 5
2.1 บทนำ 5
2.2 โลหิตวิทยา (Hematology) 5
2.2.1 การขนส่ง (Transportation) 5
2.2.2 การควบคุม (Regulation) 6
2.2.1 การป้องกัน (Protection)... 6
2.3 ส่วนประกอบของเลือด 7
2.3.1 เม็ดเลือด 7
2.3.1 น้ำเลือด 8
2.4 เม็ดเลือดแดง (Erythrocyte , red blood cell)... 8
2.5 เม็ดเลือดขาว (leukocyte หรือ white blood cell) 8
2.5.1 เม็ดเลือดขาวชนิดมีแกรนูล (Granulocytes)... 10
2.5.1.1 นิวโตรฟิล (Neutrophil) 10
2.5.1.2 อีโอสิโนฟิล (Eosinophil) 10
2.5.1.3 เบโสฟิล (Basophil) 10

สารบัญ(ต่อ)

หน้า

2.5.2 เม็ดเลือดขาวชนิดไม่มีแกรนูล (Agranulocytes) 10

2.5.2.1 ลิมโฟซัยท์ (Lymphocyte) 10

2.5.2.1 โมโนซัยท์ (Monocyte) 11

2.6 ลักษณะทั่วไปของเม็ดเลือดขาว 11

2.7 แผ่นเลือด หรือเกล็ดเลือด (platelet หรือ thrombocyte) 12

2.8 ประโยชน์ที่ได้รับจากการนับแยกชนิดเม็ดเลือดขาว 12

บทที่ 3 ความรู้พื้นฐานในการประมวลผลภาพ 13

3.1 บทนำ 13

3.2 การประมวลผลภาพเชิงตัวเลข 13

3.2.1 พิกัดตำแหน่งจุดภาพ 13

3.2.2 มาตรแสดงค่าความสว่าง 14

3.3 การตัดระดับเทรดโฮลด์(Thresholding) 14

3.3.1 วิธีการหาค่าเทรดโฮลด์ของ Otsu 15

3.3.2 วิธีการหาค่าเทรดโฮลด์ของ Kittler-Illingworth 16

3.3.3 โลคอนเอนโทรปี(Local Entropy : LE) 17

3.3.4 การแยกส่วนวัตถุที่ต้องการในภาพสี (Segment Color Model) 19

3.4 ความสัมพันธ์ระหว่างพิกเซล 20

3.4.1 จุดรอบข้างของพิกเซล 20

3.4.2 การเชื่อมต่อ 21

3.4.3 การใส่เลเบลให้กับจุดที่ติดกัน (connected-component labeling) 21

3.4.4 การกระทำทางลอจิก 22

3.5 Morphological Operations 23

3.5.1 คำนิยามและข้อกำหนด 23

3.5.2 การเซาะ (Erosion) 25

3.5.3 การขยาย (Dilation) 26

3.5.4 คุณสมบัติพื้นฐานของ Erosion และ Dilation 27

3.5.5 Opening และ Closing 27

3.5.6 คุณสมบัติพื้นฐานของ Opening และ Closing 28

สารบัญ(ต่อ)

หน้า

3.6 การประยุกต์ใช้ morphology 29
3.6.1 การหาเส้นขอบ (Boundary Extraction) 29
3.6.2 การเติมบริเวณ (Region Filling) 30
3.6.3 การหาส่วนประกอบที่ต่อกัน (Extraction of connected components) 31

บทที่ 4 การวิเคราะห์รูปร่าง(Shape Analysis) 32
4.1 บทนำ 32
4.2 โมเมนต์ 32
4.2.1 จุดศูนย์กลางแรงโน้มถ่วงของภาพ (Centroid) 33
4.2.2 การหามุมของการเรียงตัว(Orientation) ของภาพ 33
4.3 การแปลงเชิงเรขาคณิตแบบเชิงเส้น 35
4.3.1 การเลื่อนพิกัด (Translation) 36
4.3.2 การสเกล (Scaling) 37
4.3.3 การหมุนวัตถุ (Rotation) 38
4.3.4 การแปลงแบบผสม (Multiple Transformations) 40
4.4 เทคนิคที่ใช้ในการแปลงพิกัดภาพ 40
4.4.1 การแปลงพิกัดแบบส่งไปข้างหน้า 40
4.4.2 การแปลงพิกัดแบบส่งกลับข้างหลัง 42
4.5 การประมาณค่าในช่วง (Interpolation) 43
4.5.1 การประมาณค่าในช่วงแบบเนียเรสเนบอร์ (Nearest Neighbor) 44
4.5.2 การประมาณค่าในช่วงแบบลิเนียร์ (Linear Interpolation) 45
4.5.3 การประมาณค่าในช่วงแบบคิวบิคคอนโวลูชัน (Cubic Convolution) 47
4.6 การวิเคราะห์องค์ประกอบข้อมูล (Component Analysis) 49
4.6.1 หลักการพื้นฐานของการ วิเคราะห์องค์ประกอบหลัก 49
4.6.2 การวิเคราะห์องค์ประกอบข้อมูล (Component Analysis) 52
4.6.2.1 การสร้างฐานข้อมูลการเรียนรู้เม็ดเลือดขาว 52
4.6.2.2 การสร้างข้อมูลภาพทดสอบของเม็ดเลือดขาว 55
4.6.2.3 การระบุชนิดเม็ดเลือดขาว 56

สารบัญ(ต่อ)

หน้า

บทที่ 5 ขั้นตอนการทดลอง 57

5.1 บทนำ 57

5.2 การแยกภาพเม็ดเลือดขาวออกจากพื้นหลัง (Segmentation) 57

5.2.1 พิจารณาภาพในแต่ละองค์ประกอบสี 57

5.2.2 การตัดระดับเทรสโฮลด์ 58

5.2.3 การลบข้อมูลส่วนที่ไม่ต้องการ 59

5.2.4 หาจุดกึ่งกลางของเม็ดเลือดขาว 60

5.2.5 การตัดภาพให้มีขนาดเล็กลง 60

5.3 การจัดเรียงทิศทางให้กับเม็ดเลือดขาว 61

5.4 การระบุชนิดของเม็ดเลือดขาวเพื่อนับแยก 62

5.4.1 จัดกลุ่มโดยคัดแยกออกเป็นกลุ่มใหญ่ 62

5.4.2 ระบุชนิดด้วยการวิเคราะห์องค์ประกอบข้อมูล 64

5.4.2.1 กระบวนการเรียนรู้ (Training Process) 64

5.4.2.2 กระบวนการสร้างข้อมูลทดสอบ (Testing Process) 66

5.4.2.3 กระบวนการระบุชนิดด้วยการหาผลต่างข้อมูล 67

บทที่ 6 ผลการทดลอง 68

6.1 บทนำ 68

6.2 ผลการแยกเม็ดเลือดขาวจากพื้นหลัง 68

6.3 ผลจากการหามุมเพื่อทำการจัดเรียงทิศทาง 72

6.4 ผลจากการหากำหนดลาเบลเพื่อแยกออกเป็นกลุ่มใหญ่ 77

6.5 ผลการแยกชนิดของเม็ดเลือดขาว 80

6.5.1 ผลการแยกชนิดของเม็ดเลือดขาวที่ใช้ในการเรียนรู้ 80

6.5.2 ผลการแยกชนิดของเม็ดเลือดขาวที่ใช้ในทดสอบ 81

บทที่ 7 สรุปผลการวิจัยและข้อเสนอแนะ 83

7.1 สรุปผลการวิจัย 83

7.2 อภิปรายผลการวิจัย 83

สารบัญ(ต่อ)

หน้า

เอกสารอ้างอิง 84

ประวัติผู้เขียน 85

สารบัญตาราง

ตารางที่ หน้า

2-1 จำนวนเม็ดเลือดขาวของคนปกติ 9

2-2 เม็ดเลือดขาวแต่ละชนิด 9

6-1 ผลในแต่ละขั้นตอนของการแยกเม็ดเลือดขาวออกจากพื้นหลัง 69

6-2 ผลในการหามุมโดยอาศัยการคำนวณค่าโมเมนต์........ 72

6-3 ผลในการนับกลุ่มก้อนนิวเคลียสโดยอาศัยการกำหนดลาเบลภาพ........ 77

6-4 ผลการรู้จำของข้อมูลที่ใช้ในการเรียนรู้ 80

6-5 ผลการระบุชนิดของข้อมูลที่ใช้ในการทดสอบโดยไม่ผ่านกระบวนการจัดเรียง........ 82

6-6 ผลการระบุชนิดของข้อมูลที่ใช้ในการทดสอบโดยผ่านการจัดเรียง........ 82

สารบัญรูป

รูปที่ หน้า

2.1 แสดงเซลล์ต้นกำเนิด การพัฒนาการ และโครงสร้างของเม็ดเลือดชนิดต่างๆ 7
3.1 การแทนภาพด้วยเมตริกซ์สองมิติ 13
3.2 Bimodal image histogram 15
3.3 ฮิสโตแกรมของภาพเม็ดเลือดขาว 15
3.4 แสดงตัวอย่างการหาค่าเมตริกซ์ Co-occurrence 18
3.5 เมตริกซ์ Co-occurrence ที่ถูกแบ่งออกเป็น 4 quadrants ด้วยค่าเทรดโฮลด์ t 18
3.6 ไดอะแกรมของแม่สีทั้งสาม 20
3.7 (a) จุดรอบข้าง 4-neighbors (b) จุดรอบข้าง 8-neighbors 21
3.8 แสดงชนิดของการเชื่อมต่อ (a) แบบ 4-connectivity (b) แบบ 8-connectivity 21
3.9 (a) ภาพไบนารี่ต้นฉบับ ; (b) ภาพที่ผ่านการใส่เลเบล 22
3.10 แสดงตัวอย่างการกระทำทางลอจิกของภาพไบนารี 22
3.11 (a) เซ็ต A (b) Translation ของ A ด้วย x (c) เซต B (d) reflection ของ B (e) เซต A และ complement ของ A (f) Difference ของ A และ B 24
3.12 แสดงการทำ erosion ของสามเหลี่ยม A ด้วย เทมเพลท B 25
3.13 แสดงการหา $A \Theta B$ ตามวิธีในสมการที่ 3.26 25
3.14 แสดงการทำ dilation ของสามเหลี่ยม A ด้วย เทมเพลท B 26
3.15 แสดงการหา $A \oplus B$ ตามวิธีในสมการที่ 3.29 26
3.16 แสดงให้เห็นถึงผล และการดำเนินการแบบ Opening และ Closing โดยเทมเพลทมีลักษณะเป็นวงกลม 28
3.17 แสดงกระบวนการหาขอบของภาพไบนารี 29
3.18 แสดงกระบวนการ Region filling 30
3.19 แสดงกระบวนการ Extraction of connected components 31
4.1 (a) การวางตัวของเม็ดเลือดขาวปกติเป็นแบบสุ่ม (b) ภาพถูกจัดเรียงทิศทางเพื่อลักษณะเฉพาะของเม็ดเลือดขาว 32
4.2 การเลื่อนจุดกึ่งกลางของปริมาตรต้นฉบับมายังจุดกำเนิด 36
4.3 การสเกลวัตถุ 37
4.4 การหมุนวัตถุ (a) แสดงจุดหมุน (b) เลื่อนข้อมูล (c) หมุนวัตถุ (d) คืนค่าข้อมูล 39
4.5 การแปลงพิกัดแบบส่งไปข้างหน้า 41

สารบัญรูป(ต่อ)

รูปที่ หน้า

4.6 แสดงคุณสมบัติของการแปลงพิกัดแบบส่งไปข้างหน้า 41

4.7 การแปลงพิกัดแบบส่งกลับข้างหลัง 42

4.8 แสดงคุณสมบัติของการแปลงพิกัดแบบส่งกลับข้างหลัง 43

4.9 เคอร์เนลของการประมาณค่าในช่วงแบบต่างๆ 43

4.10 กระบวนการประมาณค่าในช่วง 44

4.11 การประมาณค่าในช่วงแบบเนียเรสเนบอร์ 45

4.12 การประมาณค่าในช่วงแบบลิเนียร์ 46

4.13 เคอร์เนลของการประมาณค่าในช่วงแบบลิเนียร์ 46

4.14 ขั้นตอนการประมาณค่าในช่วงแบบไบลิเนียร์ 3 ขั้นตอน 46

4.15 เคอร์เนลของการประมาณค่าในช่วงแบบคิวบิคคอนโวลูชัน 47

4.16 การประมาณค่าในช่วงแบบคิวบิคคอนโวลูชันที่จุด d 48

4.17 เบซิกใน R^k 49

4.18 เบซิก $\vec{i}$, $\vec{j}$ และ $\vec{k}$ 50

4.19 (a) เวคเตอร์สเปซเดิม (b) เวคเตอร์สเปซใหม่ 50

4.20 แสดงรูปแบบการจัดวางข้อมูลของการกระจายความเข้ม 52

4.21 เมทริกเฉพาะ (Feature Matrix) 53

4.22 ไอเก้นเมตริกซ์(Eigen Matrix) E 54

4.23 เมตริกซ์Img1 54

5.1 ภาพในแต่ละองค์ประกอบสี (a) 3 องค์ประกอบสี (b) องค์ประกอบสีแดง
(c) องค์ประกอบสีเขียว (d) องค์ประกอบสีน้ำเงิน 58

5.2 การหาค่าเทรสโฮลด์ (T) จากฮีสโตแกรม 59

5.3 ภาพไบนารีของเม็ดเลือดขาว (a) ภาพหลังจากทำเทรสโฮลด์
(b) ภาพหลังจากการทำ Erosion 60

5.4 จุดกึ่งกลางของนิวเคลียส 60

5.5 (a) การตัดภาพให้มีขนาดเล็กลง (b) ภาพที่ได้หลังจากทำการแยกบริเวณ 61

5.6 (a)ภาพที่ผ่านการตัดภาพพิจารณาโทนสีเขียว (b)ภาพแบบดีสครีต 61

5.7 แสดงแกนของภาพเม็ดเลือดขาว เปรียบเทียบกับแกนปกติ 62

สารบัญรูป(ต่อ)

รูปที่ หน้า

5.8 (a) ตัวอย่างของภาพไบนารี่ (b) ภาพที่ผ่านกระบวนการกำหนดลาเบล
(c)และ(d) ผลที่ได้จากการกำหนดลาเบล 63
5.9 แสดงการแบ่งออกเป็น 2 ประเภท
นิวเคลียสก้อนเดี่ยวได้แก่ (a) เบโสฟิล (b) ลิมโฟซัยท์ (c) โมโนซัยท์
นิวเคลียสที่มากกว่าหนึ่ง ได้แก่ (d) อีโอสิโนฟิล (e) นิวโตรฟิล..... 63
5.10 แสดงเวกเตอร์ข้อมูลภาพทั้ง 2 ประเภท..... 64
5.11 ขั้นตอนการเรียนรู้ Training Process..... 65
5.12 ขั้นตอนสร้างข้อมูลทดสอบ (Testing Process) 66
6.1 แสดงผลที่ได้จากการหมุนภาพให้มีความคล้ายคลึง..... 76
6.2 ลักษณะการวางตัวระหว่างเม็ดเลือดขาวที่จัดเรียงทิศทาง 81
6.3 ลักษณะการวางตัวระหว่างเม็ดเลือดขาวที่ไม่จัดเรียงทิศทาง..... 81

บทที่ 1
บทนำ

1.1 ความเป็นมาและความสำคัญของปัญหา

ในการวินิจฉัยอาการเบื้องต้นของผู้ป่วย แพทย์ต้องวินิจฉัยโดยดูจากผลการตรวจเลือดทั่ว ๆ ไปซึ่งเรียกว่าการตรวจ CBC (Complet Blood Count) ซึ่งการตรวจดังกล่าวจะรายงานค่าที่เกี่ยวข้องออกมาหลายค่า ค่าหนึ่งที่มีความสำคัญอย่างยิ่งในการวินิจฉัยคือ ปริมาณเม็ดเลือดขาวทุกชนิดในเลือด (WBC, White Blood Cell Count) โดยค่าดังกล่าวบอกถึงสภาวะการเปลี่ยนแปลง ตลอดจนการเกิดโรคของผู้ป่วย เช่น จากการตรวจพบเม็ดเลือดขาวชนิดลิมโฟซัยท์ (Lymphocyte) ในสัดส่วนที่สูงขึ้นมาก โดยที่ปริมาณเม็ดเลือดขาวโดยรวมต่ำลง จะวินิจฉัยได้ว่า อาจจะเกิดจากติดเชื้อไวรัส เป็นต้น หรือ ปริมาณของเม็ดเลือดขาวชนิดอีโอสิโนฟิล (Eosinophil) ซึ่งปกติไม่ค่อยพบ (อาจจะพบได้ 1-2 %) ถ้าพบมากกว่า 10 % จะวินิจฉัยได้ว่าอาจเกิดโรคภูมิแพ้ หรือมีพยาธิในร่างกาย เป็นต้น

การนับแยกชนิดเม็ดเลือดขาวที่ใช้ในปัจจุบันมีหลายวิธี เริ่มตั้งแต่การนับจำนวนเม็ดเลือดขาวโดยวิธี Manual (Manual White Blood Cells Count) ซึ่งเป็นวิธีที่ดีที่สุดเนื่องจากให้ผลถูกต้องมากที่สุด แต่ถ้านำมาใช้ในทางปฏิบัติ ซึ่งต้องนับจำนวนเม็ดเลือดจำนวนมาก ไม่ว่าจะทำด้วยความระมัดระวังเพียงใดผลที่ได้ย่อมเกิดความคลาดเคลื่อน (Error)

การนับแยกชนิดเม็ดเลือดขาวโดยเครื่องวิเคราะห์เม็ดเลือดอัตโนมัติ ซึ่งเริ่มพัฒนามาตั้งแต่ปี 1950 เริ่มต้นจากเครื่อง Single-Parameter-Particle-Counting มาเป็นเครื่อง 4-Parameter, 7-Parameter จนมาถึงเครื่อง Multiple-Parameter ซึ่งในปัจจุบันเครื่องแต่ละรุ่นของแต่ละบริษัทใช้เทคโนโลยีที่แตกต่างกันออกไป มีผลให้เกิดความจำเพาะของน้ำยาตลอดจนเครื่องมือเครื่องใช้ของเครื่องแต่ละเครื่อง และแต่ละรุ่น นอกจากนี้น้ำยาที่ใช้กับเครื่องวิเคราะห์ดังกล่าวมีราคาแพงและน้ำยาบางชนิดมีส่วนประกอบของสารที่เป็นพิษต่อร่างกายมนุษย์ และในการใช้งาน ผู้วิเคราะห์จะต้องมีความรู้ความเข้าใจถึงค่าพารามิเตอร์ต่าง ๆ ที่รายงานจากแต่ละเครื่อง หลักการ ข้อจำกัด สัญลักษณ์เตือน ตลอดจนค่าอ้างอิงที่แตกต่างกันของเครื่องแต่ละรุ่น ซึ่งก่อให้เกิดความไม่สะดวก และถ้าพบข้อสงสัยของผลที่รายงานจากเครื่องอัตโนมัติเหล่านี้ก็จำเป็นต้องใช้การตรวจนับจากสเมียร์เลือด เพื่อตรวจสอบ

การนับแยกชนิดเม็ดเลือดขาวโดยเครื่องอัตโนมัติสำหรับจำแนกชนิดและนับเม็ดเลือดขาวจากภาพ ซึ่งหลักการของเครื่องดังกล่าวคือใช้โปรแกรมคอมพิวเตอร์มาวิเคราะห์ภาพเซลล์และทำการนับแยกชนิดของเม็ดเลือดขาว โดยเครื่องอัตโนมัติสามารถเรียนรู้ได้ด้วยตัวเอง ทำให้การจำแนกเม็ดเลือดขาวโดยวิธีนี้เป็นวิธีที่ดีที่สุดในปัจจุบัน เพราะเป็นวิธีที่ใช้กระบวนการวิเคราะห์ได้ใกล้เคียงกับการวิเคราะห์โดยมนุษย์มากที่สุด

วิทยานิพนธ์นี้ มุ่งเน้นพัฒนาระบบเพื่อนับแยกชนิดเม็ดเลือดขาวโดยอัตโนมัติจากภาพถ่ายของสเมียร์เลือด ที่สามารถนับแยกชนิดเม็ดเลือดขาวได้ทั้ง 5 ชนิดหลัก

1.2 วัตถุประสงค์ของงานวิจัย

1.2.1 เพื่อนับแยกเม็ดเลือดขาว 5 ชนิดหลักโดยการวิเคราะห์จากภาพถ่ายได้

1.2.2 เพื่อศึกษาความรู้ด้านโลหิตวิทยา (Hematology)

1.2.3 เพื่อศึกษาความรู้ด้านการประมวลผลภาพ (Image Processing)

1.2.4 เพื่อศึกษาความรู้เรื่องการวิเคราะห์ส่วนประกอบพื้นฐาน (Principle Component Analysis : PCA)

1.2.5 เพื่อนำความรู้ด้านการประมวลผลภาพ และความรู้เรื่องการวิเคราะห์ส่วนประกอบพื้นฐาน มาประยุกต์ใช้ในทางการแพทย์ด้านโลหิตวิทยา

1.2.6 เพื่อพัฒนาเทคนิคการวิเคราะห์ปริมาณเม็ดเลือดขาวโดยการวิเคราะห์จากภาพถ่าย

1.2.7 เพื่อเสนออีกแนวทางหนึ่งสำหรับใช้ในการวิเคราะห์เม็ดเลือดขาว

1.3 สมมติฐานของการวิจัย

จากการทำวิจัยเบื้องต้น พบว่าการนับแยกชนิดเม็ดเลือดขาวทั้ง 5 ชนิดนั้น ทำได้ค่อนข้างลำบาก เนื่องจากขนาดเส้นผ่านศูนย์กลางของเม็ดเลือดขาว มีบางกลุ่มที่มีขนาดที่ใกล้เคียงกัน หากพิจารณาด้วยตาจากภาพเม็ดเลือดขาวนั้น จะพบว่านิวเคลียสในเม็ดเลือดขาวมีลักษณะเด่นเฉพาะตัว ตามแต่ละชนิดของเม็ดเลือดขาวนั้นๆ ซึ่งสามารถแบ่งออกได้โดยง่ายออกเป็น 2 กลุ่มหลัก จากนั้นเมื่อทำการคัดแยกกลุ่มของข้อมูลแล้ว จึงค่อยทำการระบุชนิดของเม็ดเลือดขาวภายในกลุ่มย่อยนั้นๆ โดยใช้ข้อมูลของลักษณะเด่นเฉพาะตัวของเม็ดเลือดขาวในการระบุชนิด คาดว่าความคิดในการแบ่งข้อมูลออกเป็น 2 กลุ่มหลักก่อนแล้วจึงค่อยทำการระบุชนิดของเม็ดเลือดขาว ด้วยวิธีนี้ น่าจะมีความถูกต้องในการระบุชนิดของเม็ดเลือดขาวได้ดีกว่าการที่จะระบุชนิดของเม็ดเลือดขาวทั้ง 5 ชนิดในกลุ่มเดียวเลย ดังนั้นส่วนของความถูกต้องของการระบุชนิดของเม็ดเลือดขาวจะมีมากหรือน้อยเพียงใดนั้น จึงขึ้นอยู่กับกระบวนการคัดแยกกลุ่มอีกด้วย

1.4 แนวคิดที่ใช้ในการวิจัย

งานวิจัยนี้นำเสนอการนับแยกชนิดเม็ดเลือดขาวจากภาพถ่ายของสเมียร์เลือดที่เป็นภาพสี โดยมีขั้นตอนในการทำงานแบ่งออกเป็น 3 ขั้นตอนหลัก ได้แก่

1.4.1 การแยกภาพเม็ดเลือดขาวออกจากพื้นหลัง โดยพิจารณาให้นิวเคลียสของเม็ดเลือดขาวเป็นบริเวณที่สนใจ

1.4.2 การจัดทิศทางให้กับนิวเคลียสของเม็ดเลือดขาว โดยอาศัยหลักการของโมเมนท์ในการหาแกนมาตรฐานของภาพ เพื่อใช้ในการจัดทิศทางให้เป็นไปในทางเดียวกัน

1.4.3 การแยกชนิดของเม็ดเลือดขาว เป็นการหาลักษณะสำคัญของเม็ดเลือดขาว ที่ได้จากการใช้เทคนิคของหลักการวิเคราะห์องค์ประกอบขั้นมูลฐาน (Principle Component Analysis: PCA) เพื่อใช้ในการระบุชนิดของเม็ดเลือดขาว

1.5 ขอบเขตของงานวิจัย

วิทยานิพนธ์ฉบับนี้ได้นำเอาลักษณะรูปร่างนิวเคลียสของเม็ดเลือดขาว ที่มีลักษณะเด่นเฉพาะตัว ของแต่ละชนิดนั้นมาทำการคัดแยกเม็ดเลือดขาวออกเป็นกลุ่มๆ โดยอาศัยการพิจารณากลุ่มก้อนของนิวเคลียสของเม็ดเลือดขาวเป็นหลักในการคัดแยกออกเป็นกลุ่มใหญ่ หลังจากนั้นจึงใช้การวิเคราะห์ส่วนประกอบพื้นฐาน(Principle Component Analysis: PCA) เพื่อทำการระบุชนิดของเม็ดเลือดขาว

1.6 โครงสร้างของวิทยานิพนธ์

วิทยานิพนธ์ฉบับนี้แบ่งเนื้อหาออกเป็น 7 บท โดยมีรายละเอียดดังนี้

บทที่ 1 กล่าวถึงความเป็นมา และความสำคัญของปัญหา วัตถุประสงค์ ตลอดจนสมมติฐานที่ใช้และขอบเขตของการวิจัย

บทที่ 2 แนะนำให้รู้จักลักษณะของเม็ดเลือดขาว โรคต่างๆที่เกิดจากความผิดปกติของเม็ดเลือดขาว

บทที่ 3 ความรู้พื้นฐานในการประมวลผลภาพที่ใช้ในงานวิจัยนี้ ได้แก่ การหาค่าเทรชโฮลด์แบบต่างๆ มอร์โฟโลยี (Morphology)

บทที่ 4 กล่าวถึงการจัดเรียงทิศทางให้กับเม็ดเลือดขาว ทำให้เม็ดเลือดขาวมีลักษณะที่คล้ายคลึงกันนั้นทำการจัดเรียงเป็นไปในทิศทางเดียวกัน โดยอาศัยการหาแกนของภาพเม็ดเลือดขาวนั้นๆ โดยอาศัยโมเมนต์เกี่ยวกับระยะทางของภาพแบบดิสครีต และการคัดแยกเม็ดเลือดขาว

บทที่ 5 เป็นขั้นตอนการดำเนินงานทั้งหมดในงานวิจัย ซึ่งจะกล่าวถึง การแยกภาพเม็ดเลือดขาวออกจากพื้นหลัง จากนั้นทำการจัดเรียงทิศทางให้กับเม็ดเลือดขาวที่ผ่านการแยกพื้นหลังออก โดยใช้โมเมนต์มาช่วยในการหาแกนของภาพ เพื่อใช้ในจัดเรียงทิศทางภาพเม็ดเลือดขาว สุดท้ายจะ

เป็นการคัดแยกออกเป็นกลุ่มใหญ่โดยใช้การกำหนดลาเบลภาพ และแยกแต่ละกลุ่มไประบุชนิดของเม็ดเลือดขาวเพื่อนับแยก ขั้นตอนการระบุชนิดเม็ดเลือดขาวโดยวิธีการของการวิเคราะห์ส่วนประกอบพื้นฐาน (Principle Component Analysis: PCA)

บทที่ 6 การทดลองและผลการทดลอง แสดงผลลัพธ์ของการทดลอง การจัดเรียงทิศทางและการคัดแยกเม็ดเลือดขาว

บทที่ 7 สรุปผลงานวิจัย

บทที่ 2
ความรู้พื้นฐานในการวิเคราะห์เม็ดเลือดขาว

2.1 บทนำ

ปริมาณค่าของเม็ดเลือดขาวทุกชนิด ในเลือดรวมกัน จะมีค่าปกติจะมีอยู่ประมาณ 5000-10000 cell/ml ถ้าจำนวน WBC ต่ำมาก อาจจะเกิดจากโรคที่มีภูมิต้านทานต่ำบางอย่าง หรือ เกิดจากการติดเชื้อไวรัสบางประเภท หรือ โรคที่มีการสร้างเม็ดเลือดผิดปกติ เช่น Aplastic Amemia หรือไขกระดูกฝ่อซึ่งจะทำให้มีการสร้างเม็ดเลือดทุกชนิดลดลงทั้งหมด (ทั้ง เม็ดเลือดขาว เม็ดเลือดแดง และเกร็ดเลือด ต่ำหมดทุกตัว) ถ้าWBC มีจำนวนสูงมาก อาจจะเกิดจากการติดเชื้อพวกแบคทีเรีย แต่จะต้องดูผล การนับแยกชนิดของเม็ดเลือดขาว (Differential Count) ประกอบด้วย แต่ถ้าจำนวน WBC สูงมากๆเป็นหลัก สี่หมื่น หรือเป็นแสน กรณีนี้จะพบในกลุ่มของมะเร็งเม็ดเลือดขาว แต่จะต้องหาดูพวกตัวอ่อนเซลล์เม็ดเลือดขาว จากการแยกนับเม็ดเลือดขาว หรือเจาะไขกระดูกตรวจอีกครั้ง

อย่างไรก็ตามในบทนี้จะกล่าวถึงลักษณะทางกายภาพ เช่น การติดสี รูปร่างลักษณะ และความแตกต่าง เพื่อนำมาใช้ในการวิเคราะห์ส่วนต่างๆ ของภาพเลือด เพื่อใช้เป็นข้อมูลในการนับแยก เช่น ความแตกต่างระหว่างเม็ดเลือดกับเม็ดเลือดขาว และความแตกต่างระหว่างน้ำเลือดกับเม็ดเลือดแดง เป็นต้น

2.2 โลหิตวิทยา (Hematology)

เลือดเป็นองค์ประกอบที่สำคัญของระบบไหลเวียนเลือดของมนุษย์และสัตว์ ซึ่งทำงานร่วมกันอย่างมีระบบ เพื่อจัดหาปัจจัยพื้นฐานที่จำเป็นสำหรับเซลล์ในร่างกาย ทำให้เซลล์สามารถดำรงชีพ และ ทำหน้าที่ได้อย่างมีประสิทธิภาพ อันเป็นผลให้ร่างกายของสิ่งมีชีวิตนั้นสามารถดำรงชีพอยู่ได้อย่างปกติ

หน้าที่ของเลือด (Function of blood) เลือดมีหน้าที่สำคัญ ดังนี้

2.2.1 การขนส่ง (Transportation)

2.2.1.1 การขนส่งสารอาหาร (Nutrient transportation) เลือดมีหน้าที่ขนส่งอาหารหรือผลิตผลของสารอาหารต่างๆ ที่ได้จากการย่อยในระบบทางเดินอาหาร ดูดซึมเข้าสู่เส้นเลือดฝอยแล้วขนส่งไปสู่เนื้อเยื่อต่างๆ ทั่วร่างกาย

2.2.1.2 การขนส่งแก๊ส (Gaseous transportation) โดยฮีโมโกลบิน ซึ่งเป็นโปรตีนที่อยู่ในเม็ดเลือดแดง และมีคุณสมบัติในการจับกับออกซิเจนเป็นออกซิฮีโมโกลบิน (oxhemoglobin) โดยเฉพาะที่ปอดเพื่อนำออกซิเจนไปให้เนื้อเยื่อต่างๆนำไปใช้ในปฏิกิริยา

ทางเคมี ขณะเดียวกันเนื้อเยื่อเหล่านี้จะมีการผลิตคาร์บอนไดออกไซด์ ซึ่งจะถูกนำไปขับออกจากร่างกายต่อไปที่ปอด

2.2.1.3 การขนส่งของเสีย (Waste product transportation) ของเสียที่ได้จากกระบวนการเมแทบอลิซึม ในเนื้อเยื่อต่างๆ ของร่างกาย เช่น ยูเรีย กรดยูริค ครีเอตินิน เป็นต้น ในส่วนของพวกแร่ธาตุต่างๆ จะถูกขนส่งออกจากเนื้อเยื่อไปขับออกที่ไต ผิวหนัง และอวัยวะอื่นๆ เพื่อกำจัดออกจากร่างกาย

2.2.1.4 การขนส่งฮอร์โมน (Hormone transportation) ฮอร์โมนต่างๆ ที่ผลิตได้จากต่อมไร้ท่อ (endocrine gland) จะถูกขนส่งไปยังเนื้อเยื่อหรืออวัยวะเป้าหมาย (target organ) โดยเลือด

2.2.2 การควบคุม (Regulation)

2.2.2.1 การควบคุมความเป็นกรด-เบสของร่างกาย (Regulation of body pH) กระบวนการเมแทบอลิซึมและปฏิกิริยาทางชีวเคมีต่างๆ ที่เกิดขึ้นในร่างกาย รวมทั้งการเผาผลาญอาหารหรือผลจากการได้รับยา หรือสารเคมีต่างๆเข้าไป จะมีผลทำให้ความเป็นกรด-เบสของร่างกายเปลี่ยนแปลง เช่น การเกิดแก๊สคาร์บอนไดออกไซด์ กรดแลคติค เป็นต้น โดยเลือดจะทำหน้าที่เป็นบัฟเฟอร์ช่วยรักษาระดับความเป็นกรด-เบสในร่างกายให้คงที่หรือมีการเปลี่ยนแปลงน้อยที่สุด

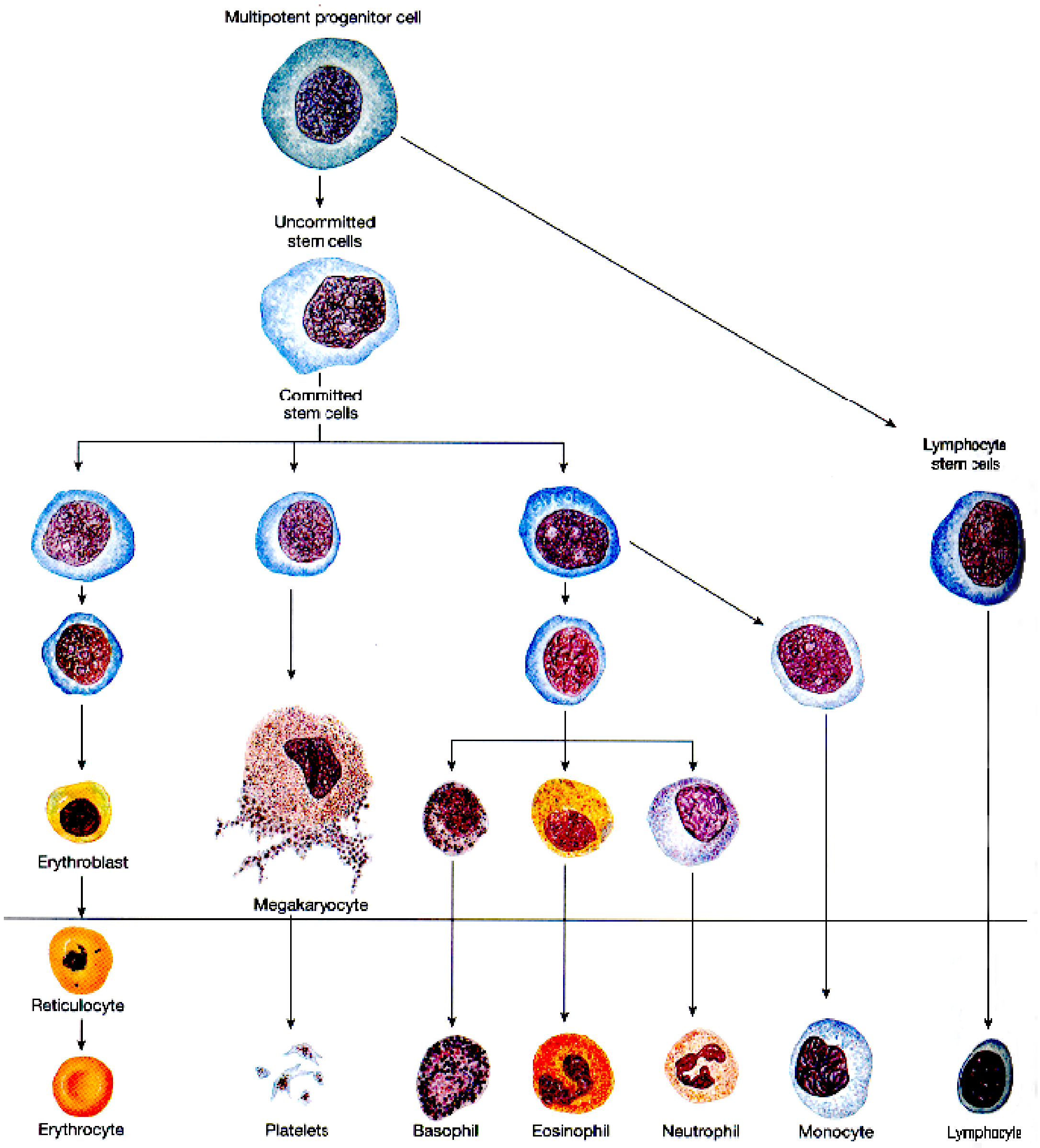
2.2.2.2 การควบคุมอุณหภูมิของร่างกาย (Regulation of body temperature) เลือดควบคุมอุณหภูมิหรือความร้อนภายในร่างกายโดยการกระจายความร้อนและการขับเหงื่อ

2.2.2.3 การควบคุมน้ำในร่างกาย (Regulation of water balance) เลือดทำหน้าที่รักษาสมดุลของของเหลวในกระแสเลือดกับของเหลวในเนื้อเยื่อโดยการแลกเปลี่ยนของน้ำ

2.2.3 การป้องกัน (Protection)

2.2.3.1 การป้องกันการสูญเสียเลือด (Protection of blood loss) เมื่อเกิดบาดแผลขึ้นกับร่างกายไม่ว่าจะเป็นที่ผิวหนังหรืออวัยวะภายในของร่างกาย เลือดจะมีกลไกการห้ามเลือด โดยอาศัยปัจจัยในการแข็งตัวของเลือดรวมถึงเกล็ดเลือด ช่วยให้เกิดการอุดปิดบาดแผล

2.2.3.2. การป้องกันสิ่งแปลกปลอม (Protection of foreign body) เลือดป้องกันสิ่งแปลกปลอม เช่น เชื้อโรค ตลอดจนสารพิษที่เข้าสู่ร่างกาย โดยอาศัยกลไกการทำงานของเม็ดเลือดขาว เกล็ดเลือด และแอนติบอดี (antibodies) ที่ไหลเวียนในกระแสเลือด



รูปที่ 2.1 แสดงเซลล์ต้นกำเนิด การพัฒนาการ และโครงสร้างของเม็ดเลือดชนิดต่างๆ

2.3 ส่วนประกอบของเลือด

เลือด ประกอบด้วยส่วนสำคัญ 2 ส่วน คือ

2.3.1 เม็ดเลือด (Blood cell)ในส่วนของเม็ดเลือด (blood cell) ปกติมีปริมาณประมาณ 45 % ของปริมาตรเลือดทั้งหมด ส่วนที่เป็นเม็ดเลือดนั้นประกอบด้วย

I. เม็ดเลือดแดง (Erythrocyte หรือ red blood cell)

II. เม็ดเลือดขาว (leukocyte หรือ white blood cell)

III. แผ่นเลือด (platelet หรือ thrombocyte)

2.3.2 น้ำเลือด (Plasma) เป็นส่วนที่เป็นของเหลวของเลือดทั้งหมด มีสีเหลืองอ่อน ค่อนข้างใส มีปริมาณ 55 % ของปริมาตรเลือด

2.4 เม็ดเลือดแดง (Erythrocyte , red blood cell)

เม็ดเลือดแดง (Erythrocyte, red blood cell)มีลักษณะเป็นถุง รูปร่างกลม ตรงกลางเว้าเข้าหากันทั้งสองด้าน(biconcave)ทำให้รูปร่างเปลี่ยนได้มากโดยไม่ทำให้ปริมาตรเปลี่ยน เช่น ขณะผ่านหลอดเลือดฝอย ปริมาตรจะเพิ่มได้มากโดยแรงตึงผิวและพื้นที่ผิวเปลี่ยนเพียงเล็กน้อย ภายในเม็ดเลือดห่อหุ้มสารละลายต่างๆ ซึ่งส่วนใหญ่คือ ฮีโมโกลบิน (hemoglobin) เอนไซม์ (enzyme) และพวกไอออน(ion) เพื่อทำหน้าที่ขนถ่ายออกซิเจน และคาร์บอนไดออกไซด์ระหว่างปอด และเนื้อเยื่อต่างๆ ทั่วร่างกาย และทำหน้าที่เป็นบัฟเฟอร์ที่ปรับความสมดุลของกรดและเบส (acid - base buffer) ของเลือด

2.5 เม็ดเลือดขาว (leukocyte หรือ white blood cell)

เม็ดเลือดขาวในกระแสเลือดมีหลายชนิด โดยมีหน้าที่หลักคือป้องกัน และทำลายสิ่งแปลกปลอมที่เข้าสู่ร่างกาย โดยมีคุณสมบัติที่สำคัญ 3 ประการ คือ

I) เม็ดเลือดขาวสามารถเคลื่อนที่ผ่านผนังหลอดเลือดฝอยสู่เนื้อเยื่อ ไปยังบริเวณที่มีเชื้อโรค (Diapedesis)

II) เม็ดเลือดขาวสามารถเคลื่อนเข้าไปหาเชื้อโรค โดยการดึงดูดของสารเคมีที่ถูกปล่อยจากเชื้อโรค เช่น แบคทีเรีย (Chemotaxis)

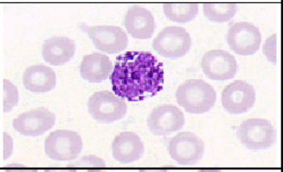
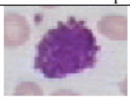
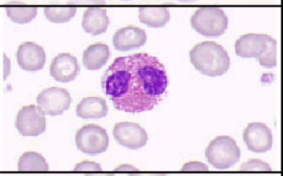
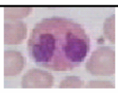
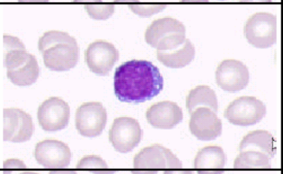
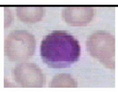
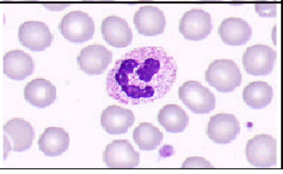
III) เม็ดเลือดขาวสามารถจับกินสิ่งแปลกปลอมโดยวิธีคล้ายอะมีบา เข้าโอบล้อมและย่อยเชื้อโรค หรือสิ่งแปลกปลอมนั้น (Phagocytosis)

ในคนปกติทั่วไปในภาวะ ในภาวะปกติ (Rest) ค่าสัดส่วนของเม็ดเลือดขาวแต่ละชนิดเป็นดังตารางที่ 2-1

ตารางที่ 2-1 จำนวนเม็ดเลือดขาวของคนปกติ

ชนิดเม็ดเลือดขาว	ค่าร้อยละของเม็ดเลือดขาว ที่พบในคนปกติ
นิวโตรฟิล	50-70 %
อีโอสิโนฟิล	1-5 %
เบโสฟิล	0-1 %
โมโนซัยท์	2-10 %
ลิมโฟซัยท์	20-45 %

ตารางที่ 2-2 เม็ดเลือดขาวแต่ละชนิด

Cell Type	Image from Atlas of Blood Cell Differentiation [Cil1]	Image captured for this thesis (shown at similar size for comparison).
Basophil		
Eosinophil		
Lymphocyte		
Monocyte		
Neutrophil		

เม็ดเลือดขาว แบ่งออกเป็น 2 พวกใหญ่ ๆ คือ

2.5.1 เม็ดเลือดขาวชนิดมีแกรนูล (Granulocytes)

คือ เม็ดเลือดขาวที่มีแกรนูลจำเพาะ (Specific Granules) สามารถใช้ในการบอกแยกชนิดกันได้ เม็ดเลือดขาวพวกนี้จะมีนิวเคลียสแยกออกจากกันเป็นหลายก้อน (Lobe) แต่ละก้อนเชื่อมต่อกันด้วยเส้นโครมาติน (Chromatin) บาง ๆ ทำให้มีชื่อเรียกอีกชื่อหนึ่งว่า Polymorphonuclear Leukocytes มีอยู่ด้วยกัน 3 ชนิด คือ

2.5.1.1 นิวโตรฟิล (Neutrophil) มีขนาดเส้นผ่าศูนย์กลางประมาณ 10-15 ไมโครเมตร หรือขนาดประมาณ 2 เท่าของเม็ดเลือดแดง นิวเคลียสมีจำนวน 2-5 ก้อน (ที่พบมากมี 3 ก้อน) โครมาตินติดสีเข้มทึบ แกรนูลจำเพาะมีขนาดเล็กละเอียด ติดสีชมพูอมม่วง เรียกว่า Neutrophilic Granule

2.5.1.2 อีโอสิโนฟิล (Eosinophil) มีขนาดใหญ่กว่านิวโตรฟิลเล็กน้อย (12-17 ไมโครเมตร) มองเห็นนิวเคลียสได้ชัดเจน และมักมีแค่ 2 ก้อน เป็นส่วนมาก โครมาตินติดสีเข้มทึบ แกรนูลจำเพาะมีขนาดใหญ่เท่า ๆ กัน ติดสีส้ม-แดง เรียกว่า Eosinophilic Granules

2.5.1.3 เบโสฟิล (Basophil) มีขนาดใกล้เคียงกับนิวโตรฟิล (10-14 ไมโครเมตร) มองเห็นนิวเคลียสไม่ชัดเจน เนื่องจากถูกบดบังด้วยแกรนูลจำเพาะซึ่งมีขนาดใหญ่บ้างเล็กบ้างไม่เท่ากัน ติดสีม่วงอมดำ เรียกว่า Basophilic Granules

เซลล์ทั้ง 3 ชนิดที่กล่าวถึงแล้วนั้นเป็น Granulocytes ระยะที่เจริญเต็มที่แล้ว ในบางครั้งอาจจะพบเซลล์ในระยะอ่อนกว่านี้ คือ ระยะ Band Form ออกมาในกระแสเลือดได้ เซลล์ในระยะนี้นิวเคลียสมีลักษณะเป็นรูปเกือกม้า ยังไม่แบ่งเป็นก้อน อาจจะพบได้ทั้ง Band Form ของนิวโตรฟิล อีโอสิโนฟิล และ เบโสฟิล แต่ที่พบบ่อยคือ Band Form ของนิวโตรฟิล

2.5.2 เม็ดเลือดขาวชนิดไม่มีแกรนูล (Agranulocytes)

คือเม็ดเลือดขาวที่ไม่มีแกรนูลจำเพาะ (Specific Granules) แต่อาจจะพบ Azurophillic Granules ได้ เม็ดเลือดขาวพวกนี้มีนิวเคลียสก้อนเดียว บางครั้งเรียกว่า Mononuclear Leukocytes ได้แก่ ลิมโฟซัยท์ และโมโนซัยท์

2.5.2.1 ลิมโฟซัยท์ (Lymphocyte) มีนิวเคลียสเป็นรูปกลม รูปไข่ หรือรูปไต โครมาตินหยาบเป็นปื้น (Dense Chromatin) ติดสีม่วงเข้ม ซัยโตพลาซึม ติดสีฟ้าอ่อน และใส โดยทั่วไปแบ่งลิมโฟซัยท์ออกตามขนาดได้เป็น 2 ชนิด คือ

ก) ลิมโฟซัยท์ขนาดเล็ก (Small Lymphocyte) มีขนาดเส้นผ่าศูนย์กลางประมาณ 6-9 ไมโครเมตร ส่วนมากจะมีขนาดใหญ่กว่าเม็ดเลือดแดงเล็กน้อย มีปริมาณของซัยโตพลาซึมน้อยจนบางครั้งแทบจะมองไม่เห็นซัยโตพลาซึม อาจจะพบหรือไม่พบ Azurophillic Granules ก็ได้

ข) ลิมโฟซัยท์ขนาดใหญ่ (Large Lymphocyte) มีขนาดเส้นผ่าศูนย์กลางประมาณ 17-30 ไมโครเมตร หรือขนาดใหญ่กว่าเม็ดเลือดแดงประมาณ 3-4 เท่า มีซัยโตพลาซึมมาก และมักจะพบ Azurophillic Granules

2.5.2.2 โมโนซัยท์ (Monocyte) มีขนาดแตกต่างกันได้มาก คือมีตั้งแต่ขนาดเส้นผ่าศูนย์กลางประมาณ 14-20 ไมโครเมตร จนถึงขนาด 30-40 ไมโครเมตร หรือประมาณ 2-6 เท่าของเม็ดเลือดแดง นิวเคลียสมีรูปร่างคล้ายสมอง หรืออุ้งเท้าสัตว์ บางครั้งอาจจะเห็นรูปร่างคล้ายรูปไต หรือรูปเกือกม้า โครมาตินอยู่กันอย่างหลวม ๆ (Loose Chromatin) เห็นช่องว่างระหว่างโครมาติน (Parachromatin) ได้ชัดเจน (ลักษณะของโครมาตินนี้ช่วยในการจำแนกระหว่างลิมโฟซัยท์ และโมโนซัยท์) ซัยโตพลาซึมมีปริมาณมาก และย้อยสีติดสีฟ้าปนเทา อาจจะพบ Azurophillic Granules ได้

2.6 ลักษณะทั่วไปของเม็ดเลือดขาว

ในการตรวจสเมียร์เลือดคนปกติ เซลล์ที่มักจะเป็นปัญหาสำหรับผู้ที่ยังไม่ชำนาญ คือ ลิมโฟซัยท์ขนาดใหญ่ (Large Lymphocyte) และ โมโนซัยท์ ทั้งนี้เนื่องจากเซลล์ทั้งสองอาจจะมีขนาดใกล้เคียงกัน อาศัยขนาดในการบอกแยกได้ยาก แม้ว่าโมโนซัยท์ จะมีขนาดโต แต่ก็อาจจะพบโมโนซัยท์ขนาดเล็ก (Small Monocyte) เท่าลิมโฟซัยท์ขนาดใหญ่ ได้ ข้อที่ควรจะใช้สังเกตในการแยกชนิดกันคือ

- รูปร่างของนิวเคลียส ลิมโฟซัยท์ นิวเคลียสมีรูปกลม รูปไข่ หรือรูปไต ในขณะที่โมโนซัยท์ นิวเคลียสมักจะมีรูปร่างเป็นลอนซ้อนกัน
- ลักษณะของโครมาตินในนิวเคลียส ลิมโฟซัยท์ มีโครมาตินหยาบ ติดสีย้อมเข้ม (Dense Chromatin) มองเห็นช่องว่างขาว ๆ (Parachromatin) ได้น้อย แต่ Monocyte มีโครมาตินอยู่กันอย่างหลวม ๆ (Loose Chromatin) มองเห็นช่องว่างขาว ๆ (Parachromatin) ได้มาก ให้เปรียบเทียบลักษณะโครมาตินของโมโนซัยท์คล้ายฟองน้ำมีรูพรุนทั่วไป
- การติดสีของซัยโตพลาซึม ลิมโฟซัยท์ ซัยโตพลาซึมติดสีฟ้าอ่อนใส มองดูสะอาด แต่ซัยโตพลาซึมของโมโนซัยท์ ติดสีฟ้าอมเทา มองดูขุ่น ๆ แต่บางครั้งอาจจะใช้ลักษณะการติดสีของซัยโตพลาซึมช่วยแยกชนิดได้ลำบาก

ลักษณะของโครมาติน มีความสำคัญเป็นอย่างมาก เนื่องจากใช้เป็นหลักในการแยกชนิดของเซลล์ โดยเฉพาะในการที่จะบอกว่าเซลล์นั้นเป็นเซลล์อ่อนหรือ Blast Cell จึงควรศึกษาลักษณะและความแตกต่างของโครมาตินให้เข้าใจ

ในสเมียร์เลือดคนปกติ เซลล์ที่โครมาตินหยาบที่สุดคือ ลิมโฟซัยท์ และเซลล์ที่มีโครมาตินละเอียด และอยู่กันอย่างหลวม ๆ คือ โมโนซัยท์

Blast Cell มีโครมาตินละเอียดกว่า Mature Cell และ Myeloblast มีโครมาตินละเอียดที่สุด แผ่นเลือด หรือเกล็ดเลือด (platelet หรือ thrombocyte)

2.7 เกล็ดเลือด (Thrombocyte , platelet)

เป็นองค์ประกอบของเลือดที่มีขนาดเล็กที่สุดประมาณ 2-4 ไมครอน ไม่มีนิวเคลียส ส่วนใหญ่รูปร่างกลม แบน หรือ รูปไข่ ติดสีฟ้าอ่อน มีการพบเห็น อะซูโรฟิลิกแกรนูลติดสีม่วง หรือม่วงแดง กระจายอยู่ทั่วไปกลางเซลล์ ในคนและสัตว์เลี้ยงลูกด้วยนมชนิดอื่นๆ มีต้นกำเนิดมาจากเซลล์เมกะคาริโอไซต์ (megakaryocyte) ในไขกระดูก ในสัตว์มีกระดูกสันหลังชนิดอื่น จะพบองค์ประกอบนี้เป็นเซลล์ที่เรียกว่า ทรอมโบไซต์ (thrombocyte) ทำหน้าที่สำคัญเกี่ยวกับการแข็งตัวของเลือด ช่วยทำให้เลือดหยุดไหลหรือห้ามเลือดเมื่อเกิดบาดแผล

2.8 ประโยชน์ที่ได้รับจากการนับแยกชนิดเม็ดเลือดขาว

การนับแยกชนิดของเม็ดเลือดขาว จะรายงานออกมาเป็นร้อยละของเม็ดเลือดขาวชนิดต่างๆ (ดังนั้นรวมกันทั้งหมดทุกชนิดจะต้องได้ 100 (%) พอดี) ตัวสำคัญหลักๆ ดังนี้

- **Neutrophil** ตัวนี้ ค่าปกติ ประมาณ 50-60% ถ้าสูงมาก (เช่นมากกว่า 80% ขึ้นไป และโดยเฉพาะถ้า สูงและมีปริมาณWBC รวม มากกว่าหมื่น ขึ้นไป จะทำให้นึกถึงภาวะมีการติดเชื้อแบคทีเรีย
- **Lymphocyte** หรือเม็ดน้ำเหลือง พวกนี้ปกติ จะพบน้อยกว่า PMN เล็กน้อย (สองตัวนี้รวมกัน จะได้เกือบ 100 % ของเม็ดเลือดขาวทั้งหมด) ถ้าพบ Lymp ในปริมาณ สัดส่วนสูงขึ้นมามากๆ โดยเฉพาะร่วมกับ ภาวะเม็ดเลือดขาว(WBC)โดยรวมต่ำลง อาจจะเกิดจากการติดเชื้อไวรัส โดยเฉพาะถ้ามี Lymp ที่รูปร่างแปลกๆและตัวโตผิดปกติ ที่เรียกกันว่า Atypical Lymphocyte จำนวนมากร่วมกับ เกล็ดเลือดต่ำ และ Hct สูง จะพบได้บ่อยในคนไข้ ไข้เลือดออก
- **Eosinophil** พวกนี้เป็นเม็ดเลือดขาว ที่ปกติไม่ค่อยพบ (อาจจะพบได้ 1-2%) แต่ถ้าพบสูงมากเช่น 5-10% หรือมากกว่า พวกนี้จะสงสัยว่าเป็น พวกโรคภูมิแพ้ หรือพยาธิในร่างกาย

นอกจากนี้ ยังมีอีกหลายตัว เช่น B หรือ Basophil , M หรือ Monocyte และพวกตัวอ่อนของเม็ดเลือดขาว ซึ่งจะพบในโรคมะเร็งเม็ดเลือดขาว จะรายงานเมื่อพบ และต้องการการตรวจละเอียดเพิ่มต่อไป

บทที่ 3
ความรู้พื้นฐานในการประมวลผลภาพ

3.1 บทนำ

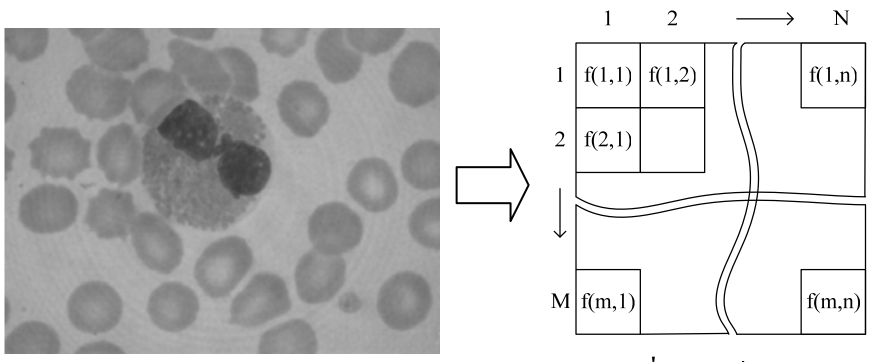
ภาพถ่ายของเม็ดเลือดขาว เป็นภาพที่ได้จากสเมียร์เลือดของคนปกติที่เตรียมโดยวิธีสไลด์ (Slide method) และผ่านการบวนการย้อมสีด้วยวิธีเคมี โดยถ่ายภาพจากกล้องจุลทัศน์และเก็บเป็นภาพสี เป็นที่น่าสนใจว่า คอมพิวเตอร์สามารถแยกแยะภาพเหล่านั้นได้อย่างไร นั่นก็คือต้องอาศัยการประมวลผลภาพดิจิตอล (Digital Image Processing) ซึ่งเป็นวิทยาศาสตร์อีกแขนงหนึ่ง ที่กำลังพัฒนาอย่างต่อเนื่อง และใช้กันอย่างกว้างขวาง เช่น ในการสื่อสาร ทางด้านงานสิ่งพิมพ์ อุตสาหกรรม ทางการแพทย์ และการค้นคว้าทางวิทยาศาสตร์ เป็นต้น สำหรับในบทนี้ จะกล่าวถึงหลักการประมวลผลภาพเบื้องต้น วิธีการหาค่าเทรชโฮลด์ มอร์โฟโลยีและการประยุกต์ใช้งาน

3.2 การประมวลผลภาพเชิงตัวเลข

โดยแทนจุดภาพใดๆ ด้วยฟังก์ชันสองมิติชนิดไม่ต่อเนื่อง $f(x,y)$ ซึ่งได้จากการแบ่งซอยฟังก์ชันต่อเนื่อง $F(x,y)$ เป็นช่วงๆ (Quantized) ผลลัพธ์ที่ได้ประกอบด้วย สององค์ประกอบ คือ

3.2.1 พิกัดตำแหน่งจุดภาพ

โดยการแบ่งภาพที่ต่อเนื่องกันให้เป็นตาราง (Spatial digitization) หรือตะแกรง แต่ละช่องของตารางคือจุดภาพ (Pixel) และแทนตำแหน่งที่อยู่ของจุดภาพด้วยฟังก์ชันสองมิติในระนาบแกน x, y หรือใช้เมตริกซ์สองมิติที่มีขนาด M*N ดังแสดงในรูปที่ 3.1 เรียกวิธีการนี้ว่าการสุ่มจุดภาพ (Image Sampling)



ภาพต้นฉบับ ภาพที่แปลงเป็นดิจิตอล

รูปที่ 3.1 การแทนภาพด้วยเมตริกซ์สองมิติ

3.2.2 มาตรแสดงค่าความสว่าง

คือมาตรแสดงค่าความสว่างของจุดภาพใดๆ จากการวัดแล้วแปลงค่าเป็นตัวเลข (Amplitude digitization) บางครั้งจะเรียกว่าความเข้ม ในกรณีของภาพสี จะหมายถึงค่าระดับของแม่สีที่ผสมกันเป็นสีต่างๆ ส่วนภาพขาวดำจะแสดงค่าระดับความเข้มของสีขาว โดยแทนด้วยเลขจำนวนเต็มบวก L จำนวน การแบ่งขั้นของระดับค่า L จะบอกถึงความละเอียดของภาพในเชิงตัวเลข เช่นภาพที่มีระดับความเข้มหลายระดับจะถูกเรียกว่าภาพระดับสีเทา (Gray scale image) ในคอมพิวเตอร์นิยมแบ่งค่าระดับความเข้ม L ให้เหมาะสมกับจำนวนบิท เช่นภาพระดับสีเทาที่ใช้ในการวิจัยครั้งนี้มีขนาด 8 บิท จึงแบ่งความเข้มออกเป็น 256 ระดับ ($2^8 = 256$) ซึ่งสามารถแสดงได้ดังสมการที่ 3.1

$$f(x, y) = L \quad ,0 \le L \le 2^n - 1 \tag{3.1}$$

โดยที่ x, y คือ พิกัดตำแหน่งจุดภาพ f

n คือ จำนวนบิทของรหัสแทนค่าความเข้มของจุดภาพ

L คือ ค่าแสดงความเข้มจุดภาพ

3.3 การตัดระดับเทรชโฮลด์ (Thresholding)

การตัดระดับเทรชโฮลด์ (Thresholding) เป็นวิธีการเซ็กเมนเตชั่นอีกวิธีหนึ่งที่นิยมใช้กัน เพื่อแยกส่วนที่เป็นวัตถุและพื้นหลังออกจากกัน มีวิธีการคือ นำจุดภาพใดๆ บนภาพต้นฉบับ $f(x, y)$ มาเปรียบเทียบกับค่าแบ่งระดับความเข้ม T หรือเรียกว่าค่า Threshold ถ้าจุดภาพต้นฉบับมีค่าความเข้มมากกว่าหรือเท่ากับค่าแบ่งระดับความเข้ม จะกำหนดให้ภาพผลลัพธ์ $f'(x, y)$ มีค่าเป็น ‘1’ นอกจากนั้นจะให้ค่าเป็น ‘0’ ซึ่งแสดงดังสมการที่ 3.2

$$f'(x, y) = \begin{cases} 1 \text{ if } f(x, y) \ge T \\ 0 \text{ if } f(x, y) < T \end{cases} \tag{3.2}$$

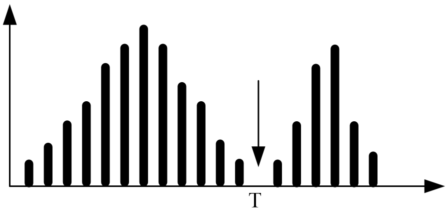
โดยที่ $f'(x, y)$ คือ จุดภาพผลลัพธ์ชนิดความเข้มสองระดับ

T คือ ค่าเทรชโฮลด์

$f(x, y)$ คือ จุดภาพต้นฉบับ

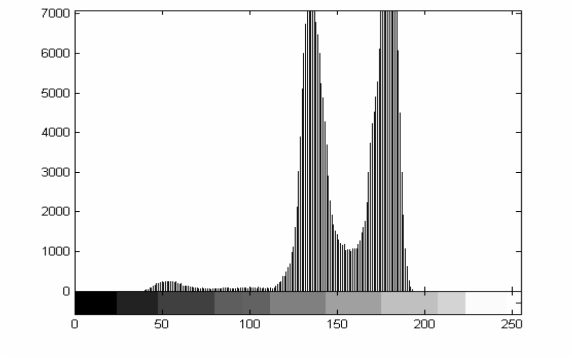
ภาพความเข้มสองระดับจะให้ค่า ‘1’ แทนวัตถุ หรือ เนื้อภาพ (Foreground) และให้ค่า ‘0’ แทนส่วนที่เป็นพื้นหลัง (Background) เนื่องจากการแทนค่าความเข้มด้วยตัวเลขของภาพชนิดนี้ใช้เพียงสองค่าเท่านั้น จึงเรียกภาพชนิดนี้ว่า ภาพไบนารี (Binary Image) คุณภาพของภาพไบนารีย่อมขึ้นอยู่กับค่าเทรชโฮลด์ที่ใช้ ปกติการเลือกค่าเทรชโฮลด์จะได้มาจากค่า ฮิสโตแกรมของภาพ (Histogram) หากฮิสโตแกรมของภาพมีลักษณะเป็นแบบไบโมดอล (bimodal histogram)

ดังรูปที่ 3.2 จะสามารถเลือกค่าเทรชโฮลด์ได้จาก ค่าฮิสโตแกรมจุดต่ำสุดที่อยู่ระหว่างจุดสูงสุด (peak) ดังแสดงในรูปที่ 3.2



รูปที่ 3.2 Bimodal image histogram

แต่สำหรับภาพเม็ดเลือดขาว ไม่สามารถหาค่าเทรชโฮลด์ด้วยวิธีดังกล่าวได้ เนื่องจากจำนวนจุดภาพของวัตถุ และจำนวนจุดภาพของพื้นหลังมีจำนวนแตกต่างกันมากซึ่งไม่สมดุลกัน ฮิสโตแกรมของภาพ จึงไม่มีลักษณะเป็นแบบไบโมดอล ดังแสดงในรูปที่ 3.3 แต่ก็ได้มีการนำเสนอวิธีการหาค่าเทรชโฮลด์ที่เหมาะสมแบบต่างๆ ดังที่จะได้กล่าวต่อไป



รูปที่ 3.3 ฮิสโตแกรมของภาพเม็ดเลือดขาว

3.3.1 วิธีการหาค่าเทรชโฮลด์ของ Otsu

วิธีการนี้สมมติให้ภาพวัตถุ (Foreground) และ พื้นหลัง (Background) อยู่ในเนื้อที่คนละส่วนกัน โดยค่าเทรชโฮลด์จะแบ่งภาพออกเป็นสองกลุ่ม คือ กลุ่ม C0 ซึ่งมีค่าระดับความเข้ม ตั้งแต่ 1 ถึง t หรือเขียนในรูปเซ็ตคือ C0 = {0, 1, …t} และกลุ่ม C1 = {t, t+1, …l-1, l} โดยที่ t คือค่าเทรชโฮลด์ l คือระดับความเข้มสูงสุด(ปกติจะเท่ากับ 256) ซึ่งกลุ่ม C0, C1 จะกำหนดให้เป็นกลุ่มของวัตถุหรือพื้นหลังก็ได้ สำหรับค่าเทรชโฮลด์ t ที่เลือก จะสามารถคำนวณค่าความแปรปรวน(variance) ของแต่ละกลุ่มได้ ค่าเทรชโฮลด์ที่เหมาะสมตามวิธีของ Otsu คือ ค่า t^* ที่ทำให้ค่าความแปรปรวนในกลุ่ม (within-class variance) มีค่าน้อยที่สุด

โดยที่ค่าความแปรปรวนในกลุ่ม คือ ผลรวมน้ำหนักของค่าความแปรปรวนของแต่ละกลุ่มหาได้จาก

$$\sigma_W^2 = q_1(t)\sigma_1^2(t) + q_2(t)\sigma_2^2(t) \tag{3.3}$$

เมื่อ $\sigma_1^2(t)$ คือค่าความแปรปรวนของกลุ่ม C_0 ซึ่งมีค่าระดับความเข้ม 1 ถึง t หาได้จาก

$$\sigma_1^2(t) = \frac{\sum_{i=1}^{t}[i-\mu_1(t)]^2 P(i)}{q_1(t)} \tag{3.4}$$

และ $\sigma_2^2(t)$ คือค่าความแปรปรวนของกลุ่ม C_1 ซึ่งมีค่าระดับความเข้มตั้งแต่ t+1 ถึง l หาได้ คือ

$$\sigma_2^2(t) = \frac{\sum_{i=t+1}^{l}[i-\mu_2(t)]^2 P(i)}{q_2(t)} \tag{3.5}$$

เมื่อ

$$q_1(t) = \sum_{i=1}^{t} P(i) \quad \text{และ} \quad q_2(t) = \sum_{i=t+1}^{l} P(i) \tag{3.6}$$

$$\mu_1(t) = \frac{\sum_{i=1}^{t} iP(i)}{q_1(t)} \quad \text{และ} \quad \mu_2(t) = \frac{\sum_{i=t+1}^{l} iP(i)}{q_2(t)} \tag{3.7}$$

เมื่อ $P(i)$ คือค่าความน่าจะเป็นของฮิสโตแกรม ที่มีค่าระดับความเข้ม $i = 1,...l$ หาได้จาก

$$P(i) = \frac{number\{(r,c) \mid image(r,c) = i\}}{(R \times C)} \tag{3.8}$$

เมื่อ r และ c คือค่าชี้ตำแหน่งแถวและหลักในภาพ ส่วน R และ C คือจำนวนของแถว และหลักของภาพ ตามลำดับ โดยมีวิธีการหา คือ จะคำนวณหาค่าความแปรปรวนในกลุ่ม (σ_W^2) จากทุกๆ ค่า t โดยค่าเทรชโฮลด์ที่เหมาะสมตามวิธีนี้ คือค่า t^* ที่ทำให้ค่า σ_W^2 มีค่าน้อยที่สุด

3.3.2 วิธีการหาค่าเทรชโฮลด์ของ Kittler-Illingworth

Kittler และ Illingworth ได้เสนอวิธีการหาค่าเทรชโฮลด์ โดยอาศัยหลักการแบ่งกลุ่มตามกฎของ Bayes และใช้การกระจายตัวแบบปกติ (Gaussian distribution) ช่วยในการหาค่าเฉลี่ย (mean), ค่าความแปรปรวน (variance) และค่าสัดส่วน (proportion) ของทั้งสองกลุ่มคือ (μ_1, σ_1^2, q_1) และ (μ_2, σ_2^2, q_2) โดยที่เทรชโฮลด์ที่ดีที่สุด คือค่า t ที่ทำให้ ค่า H ในสมการที่ 3.9 มีค่าน้อยที่สุด

$$H = \frac{1+\log 2\pi}{2} - q_1 \log(q_1) - q_2 \log(q_2) + \frac{1}{2}\left(q_1 \log(\sigma_1^2) + q_2 \log(\sigma_2^2)\right) \quad (3.9)$$

โดยที่ ค่า q_1 และ q_2 หาได้ตามสมการที่ 3.6 , σ_1^2 และ σ_2^2 หาได้ตามสมการที่ 3.4 และ 3.5 ตามลำดับ

3.3.3 โลคอลเอนโทรปี (Local Entropy :LE)

การหาค่าเทรชโฮลด์แบบเอนโทรปิก (Entropic thresholding) เป็นวิธีการที่นำค่าเอนโทรปีมาใช้เป็นเกณฑ์ในการหาค่าเทรชโฮลด์ของภาพ โดยแนวความคิดของเอนโทรปี ได้มีการนำไปใช้อย่างกว้างขวางในการบีบอัดข้อมูล เพื่อที่จะวัดข้อมูลที่มีอยู่ในแหล่งข้อมูล สมมติแหล่งกำเนิด X มีข้อมูลตั้งแต่ 1 ถึง L ถูกกำหนดโดยค่าแจกแจงความน่าจะเป็น (probability distribution) $p = (p_1, ..., p_L)$ ข้อมูลที่เกิดจากแหล่งกำเนิด X สามารถเขียนอยู่ในรูปค่าเอนโทรปี คือ

$$H(X) = -\sum_{j=1}^{L} p_j \log p_j \quad (3.10)$$

สำหรับข้อมูลในภาพสามารถแสดงคุณสมบัติโดยค่าเอนโทรปีของฮีสโตแกรมได้ เนื่องจากข้อมูลของภาพอยู่ในรูปของการกระจายความน่าจะเป็น ที่ได้มาจากค่าระดับสีเทา (gray level) ของภาพ Pun และ Kapur ได้ใช้แนวความคิดนี้มาใช้ในวิธี entropic thresholding

กำหนดให้ภาพดิจิตอลขนาด M x N ซึ่งมีค่าระดับสีเทา L ระดับ เขียนแทนโดย $G = \{0,1,...,L-1\}$ และให้ $f(x, y)$ เป็นค่าระดับสีเทาของพิกเซล (x, y) ดังนั้นภาพนี้สามารถเขียนให้อยู่ในรูปของเมตริกซ์ได้ คือ $F = \left[f(x, y)\right]_{M\times N}$ และจะได้ เมตริกซ์ Co-occurrence ขนาด $L \times L$ แทนด้วย $W = [t_{ij}]_{L\times L}$ โดยในแต่ละ element คือจำนวนการเปลี่ยนแปลงระหว่างทุกคู่ของระดับสีเทาใน $G = \{0,1,...,L-1\}$ ในทิศทางเฉพาะซึ่งโดยทั่วไป เมตริกซ์ Co-occurrence ที่ใช้กันจะเป็นแบบเมตริกซ์ไม่สมมาตร (asymmetric) เนื่องจากพิจารณาเฉพาะความเปลี่ยนแปลงของระดับสีเทาระหว่างสองพิกเซลที่ติดกันเท่านั้น กำหนดให้ t_{ij} เป็น element ลำดับที่ (i, j) สามารถหาได้โดย

$$t_{ij} = \sum_{m=1}^{M}\sum_{n=1}^{N} \delta_{mn} \quad (3.11)$$

เมื่อ

$$\delta_{mn} = \begin{cases} 1 \ \ if \begin{cases} f(m,n) = i \ and \ f(m+1,n) = j \ \ and/or \\ f(m,n) = i \ and \ f(m,n+1) = j \end{cases} \\ 0; \ otherwise \end{cases} \quad (3.12)$$

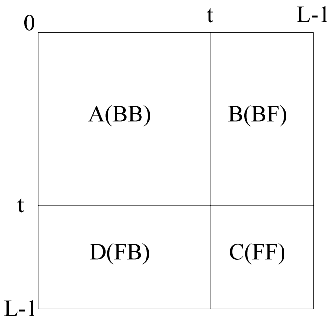
1	1	1	1	1	1	1	1
1	4	2	4	1	6	2	1
1	4	2	3	7	3	1	1
1	3	6	3	4	2	1	1
1	2	1	1	3	1	3	1
1	6	4	2	1	1	2	1
1	1	1	4	3	6	4	1
1	1	1	1	1	1	1	1

(a) ข้อมูลภาพที่ระดับความเข้ม 0-7

	0	1	2	3	4	5	6	7
0	0	0	0	0	0	0	0	0
1	0	39	5	5	6	0	4	1
2	0	7	1	1	3	0	2	0
3	0	6	3	1	1	0	2	1
4	0	5	4	4	1	0	0	0
5	0	0	0	0	0	0	0	0
6	0	3	1	2	2	0	0	0
7	0	0	0	1	1	0	0	0

(b) ค่าเมตริกซ์ Co-occurrence ที่ได้

รูปที่ 3.4 แสดงตัวอย่างการหาค่าเมตริกซ์ Co-occurrence



รูปที่ 3.5 เมตริกซ์ Co-occurrence ที่ถูกแบ่งออกเป็น 4 quadrants ด้วยค่าเทรชโฮลด์ t

ดังในรูปที่ 3.4 แสดงการหาค่าเมตริกซ์ Co-occurrence โดยสมมติให้ข้อมูลภาพมีระดับความเข้ม 0-7 จากนั้นเมื่อ normalize ทุก element ในเมตริกซ์ Co-occurrence จะได้เป็นความน่าจะเป็นของการเปลี่ยนแปลงจากค่าระดับสีเทา i ไปยัง j ได้เป็น

$$p_{ij} = \frac{t_{ij}}{\sum_{k=0}^{L-1}\sum_{l=0}^{L-1} t_{kl}} \tag{3.13}$$

เมื่อให้ t เป็นค่าเทรชโฮลด์ของภาพ ทำให้ค่า t แบ่ง เมตริกซ์ Co-occurrence ออกเป็น 4 ส่วน คือ A , B, C และ D ตามรูปที่ 3.5 เมื่อกำหนดให้พิกเซลที่มีค่าระดับสีเทามากกว่าค่า t เป็นวัตถุ และพิกเซลที่มีค่าเท่ากับหรือน้อยกว่าค่า t เป็นพื้นหลัง ก็จะทำให้ quadrant A และ C คือ ค่า local transition ของพื้นหลัง และวัตถุตามลำดับ ส่วน B กับ D แสดงถึงการเปลี่ยนแปลงช่วงขอบระหว่างวัตถุและพื้นหลัง ค่าความน่าจะเป็นของแต่ละ quadrant หาได้จาก

$$\left.\begin{aligned} P_A^t &= \sum_{i=0}^{t}\sum_{j=0}^{t} p_{ij}, \quad P_B^t = \sum_{i=0}^{t}\sum_{j=t+1}^{L-1} p_{ij}, \\ P_C^t &= \sum_{i=t+1}^{L-1}\sum_{j=0}^{t} p_{ij}, \quad P_D^t = \sum_{i=t+1}^{L-1}\sum_{j=t+1}^{L-1} p_{ij} \end{aligned}\right\} \tag{3.14}$$

และหาค่าความน่าจะเป็นในแต่ละ element จาก

$$p_{ij|A}^t = \frac{p_{ij}}{P_A^t},\ p_{ij|B}^t = \frac{p_{ij}}{P_B^t},\ p_{ij|C}^t = \frac{p_{ij}}{P_C^t},\ p_{ij|D}^t = \frac{p_{ij}}{P_D^t}, \tag{3.15}$$

เนื่องจาก quadrant A และ C ประกอบด้วย local transition จากพื้นหลังไปยังพื้นหลัง (Background to Background :BB) และ จากวัตถุไปยังวัตถุ (Object to Object : FF) ตามลำดับ สามารถหา local entropy ได้โดย

$$H_{BB}(t) = -\sum_{i=0}^{t}\sum_{j=0}^{t} p_{ij|A}^t \log p_{ij|A}^t \tag{3.16}$$

$$H_{FF}(t) = -\sum_{i=t+1}^{L-1}\sum_{j=t+1}^{L-1} p_{ij|C}^t \log p_{ij|C}^t \tag{3.17}$$

โดยที่ $H_{BB}(t)$ คือ ค่าโลคอลเอนโทรปี ของ quadrant A (BB) และ $H_{FF}(t)$ คือ ค่าโลคอล-เอนโทรปี ของ quadrant C (FF) จากนั้น หาโลคอลเอนโทรปี รวม ได้จาก

$$H_{LE}(t) = H_{BB}(t) + H_{FF}(t) \tag{3.18}$$

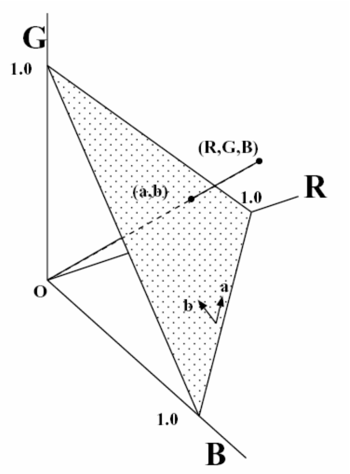
โดยค่าเทรชโฮลด์ที่ดีที่สุด ตามวิธีนี้ คือค่า t ที่ทำให้ ค่า $H_{LE}(t)$ ในสมการที่ 3.18 มีค่าน้อยที่สุด

3.3.4 การแยกส่วนวัตถุที่ต้องการในภาพสี (Segment Color Model)

ภาพสีนั้นมีองค์ประกอบหลักของแม่สีอยู่ 3 สี คือ สีแดง สีเขียว และสีน้ำเงิน ส่วนสีต่างๆที่เกิดขึ้นภายในภาพนั้นเกิดจากอัตราส่วนของการผสมของแม่สีทั้งสาม จากรูปที่ 3.6 แสดงถึงองค์ประกอบของภาพสี ในการพิจารณาวัตถุในภาพสีนั้น จะต้องหาค่าสีของวัตถุที่สนใจภายในภาพ การหาค่าสีนั้นจะต้องทำการแปลงค่าของแม่สีทั้งสามให้อยู่ในรูปแบบของระนาบสองมิติ โดยอาศัยสมการที่ 3.19 และ 3.20 โดย R , G และB คือค่าสีของแม่สี แดง,เขียว และน้ำเงิน ตามลำดับ ส่วนจุดa,b ที่ได้บนระนาบสองมิตินั้นคือค่าสีที่พิจารณาเป็นวัตถุที่สนใจ

$$r = R/(R+G+B) \quad ; \quad g = G/(R+G+B) \tag{3.19}$$

$$a = r + g/2 \quad ; \quad b = \sqrt{3}/2g \tag{3.20}$$



รูปที่ 3.6 ไดอะแกรมของแม่สีทั้งสาม

3.4 ความสัมพันธ์ระหว่างพิกเซล

หลังจากผ่านกระบวนการตัดระดับเทรชโฮลด์ มาแล้วจะได้ภาพไบนารี โดยพิกเซลที่มีค่า ‘1’ แทนส่วนที่เป็นวัตถุ และพิกเซลที่เป็น ‘0’ แทนส่วนที่เป็นพื้นหลัง กำหนดให้ภาพแทนด้วย $f(x,y)$ และเมื่ออ้างถึงพิกเซลใดๆ จะแทนด้วยอักษรตัวเล็ก เช่น p และ q จะมีความสัมพันธ์ระหว่างพิกเซลได้ ดังนี้

3.4.1 จุดรอบข้างของพิกเซล

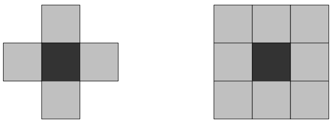
พิกเซล p ที่ตำแหน่ง (x, y) จะมีจุดรอบข้างในแนวตั้งและแนวนอน 4 จุด คือ

$(x+1, y), (x-1, y), (x, y+1), (x, y-1)$

เรียกว่า 4-neighbors ของจุด p แทนด้วย $N_4(p)$ โดยที่แต่ละพิกเซลมีระยะห่างจาก (x, y) 1 หน่วย ส่วนจุดรอบข้างในแนวทแยงมุม ของจุด p คือ

$(x+1, y+1), (x+1, y-1), (x-1, y+1), (x+1, y-1)$

ทั้งสี่จุดนี้ แทนด้วย $N_D P$ และเมื่อรวมกับ 4-neighbors เรียกว่า 8-neighbors ของจุด p แทนด้วย $N_8(p)$ ดังแสดงในรูปที่ 3.7



(a) (b)

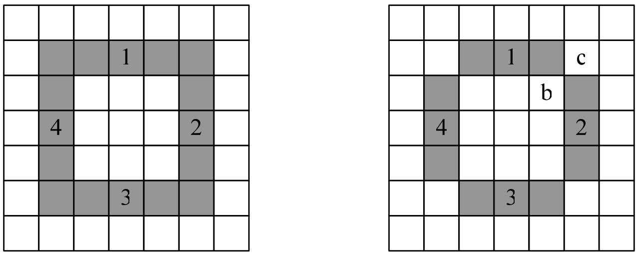
รูปที่ 3.7 (a) จุดรอบข้าง 4-neighbors (b) จุดรอบข้าง 8-neighbors

3.4.2 การเชื่อมต่อ

รูปแบบการเชื่อมต่อ (Connectivity) ระหว่างพิกเซล มีความสำคัญอย่างมากในการหาขอบของวัตถุในภาพ โดยทั่วไปมีการเชื่อมต่อ 2 แบบ คือ

- **4-connectivity** คือ สองพิกเซล p และ q ที่มาค่า ‘1’ จะเชื่อมต่อแบบ 4-connectivity เมื่อ q อยู่ในเซตของ $N_4(p)$
- **8-connectivity** สองพิกเซล p และ q ที่มาค่า ‘1’ จะเชื่อมต่อแบบ 8-connectivity เมื่อ q อยู่ในเซตของ $N_8(p)$

ดังแสดงในรูปที่ 3.8 จากรูป (b) เป็นการเชื่อมต่อชนิด 8-connectivity ทำให้ด้าน 1, 2, 3 และ 4 เชื่อมต่อถึงกัน แต่ก็จะสังเกตเห็นว่าส่วนที่เป็นพื้นหลัง (สังเกตที่จุด b และ c) จะเชื่อมต่อถึงกันด้วย ดังนั้นจึงกำหนดให้วัตถุเชื่อมต่อกันแบบ 8-connectivity และพื้นหลังเชื่อมต่อกันแบบ 4-connectivity



(a) (b)

รูปที่ 3.8 แสดงชนิดของการเชื่อมต่อ (a) แบบ 4-connectivity (b) แบบ 8-connectivity

3.4.3 การใส่เลเบลให้กับจุดที่ติดกัน (connected-component labeling)

กลุ่มข้อมูลของภาพรูปที่ 3.9(a) เป็นภาพไบนารีที่มีข้อมูลอยู่ติดกันเป็นกลุ่มหรือก้อนเดียวกัน หากพิจาณารูปแบบการเชื่อมต่อระหว่างพิกเซล เพื่อกำหนดเลเบลให้กลุ่มก้อนของข้อมูลไบนารี่ ผลลัพธ์ที่ได้จะทำให้ข้อมูลในแต่ละกลุ่มก้อนที่อยู่แยกกันนั้น จะได้เลเบลที่ต่างกัน ดังที่แสดงในรูปที่ 3.9(b) ภาพที่ผ่านการใส่เลเบล

1	1	1	0	0	0	0	0
1	1	1	0	1	1	0	0
1	1	1	0	1	1	0	0
1	1	1	0	0	0	1	0
1	1	1	0	0	0	1	0
1	1	1	0	0	0	1	0
1	1	1	0	0	1	1	0
1	1	1	0	0	0	0	0

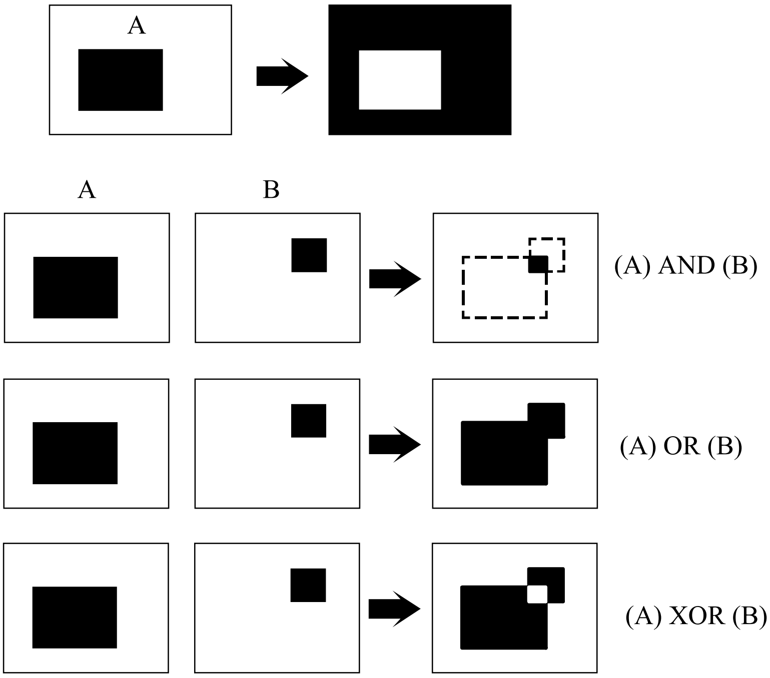
(a)

1	1	1	0	0	0	0	0
1	1	1	0	2	2	0	0
1	1	1	0	2	2	0	0
1	1	1	0	0	0	3	0
1	1	1	0	0	0	3	0
1	1	1	0	0	0	3	0
1	1	1	0	0	3	3	0
1	1	1	0	0	0	0	0

(b)

รูปที่ 3.9 (a) ภาพไบนารี่ต้นฉบับ ; (b) ภาพที่ผ่านการใส่เลเบล

3.4.4 การกระทำทางลอจิก



รูปที่ 3.10 แสดงตัวอย่างการกระทำทางลอจิกของภาพไบนารี

เนื่องด้วยภาพไบนารี มีข้อมูลที่เป็น 0 กับ 1 เท่านั้น เหมือนกับเลขฐานสองในทางดิจิตอล จึงสามารถนำมากระทำทางลอจิกในลักษณะเดียวกันได้ โดยการกระทำทางลอจิกพื้นฐานได้แก่ NOT, AND, OR, และ XOR ดังแสดงตัวอย่างในรูปที่ 3.10

3.5 Morphological Operations

การศึกษารูปแบบโครงสร้างที่เกี่ยวกับพืช และสัตว์ เราเรียกว่ามอร์โฟโลยี(Morphology) วิทยาศาสตร์แขนงนี้ เริ่มปรากฏขึ้นมาจากทฤษฎี Mathematical morphology อธิบายเกี่ยวกับโครงสร้างในรูปแบบของเรขาคณิตในลักษณะ 2 มิติ และ 3 มิติ อย่างไรก็ตามมอร์โฟโลยีกลับถูกประยุกต์ใช้อย่างกว้างขวางในการวิเคราะห์ภาพ ซึ่งทำให้เกิด Image operations ในลักษณะที่มีโครงสร้างเฉพาะในการเปลี่ยนแปลงภาพ Operations เหล่านี้โดยทั่วไปจะถูกเรียกว่า Morphological operations

Mathematical morphology จะอยู่บนพื้นฐานของทฤษฎีเซต ถ้าแทนวัตถุของภาพด้วยเซตจะได้ $A \subset Z^2$

ในกรณีของภาพที่ไบนารีที่มี 2 ระดับ คือ ขาวกับ ดำ Z^2 คือ Orthogonal grid มีโดเมน เป็น {0,1} หากกำหนดให้แต่ละหน่วยใน Z^2 มีค่าเท่ากับ ‘1’ เป็นสมาชิกของ A ดังนั้นจุดภาพที่ไม่เป็นสมาชิกใน A จะมีค่าเท่ากับ ‘0’ ดังสมการที่ 3.21

ถ้า $A \subset Z^2$ แล้ว

$$a_{n,m} = \begin{cases} 1 & \text{if (n, m)} \in \text{A} \\ 0 & \text{: otherwise} \end{cases} \tag{3.21}$$

3.5.1 คำนิยาม และข้อกำหนด

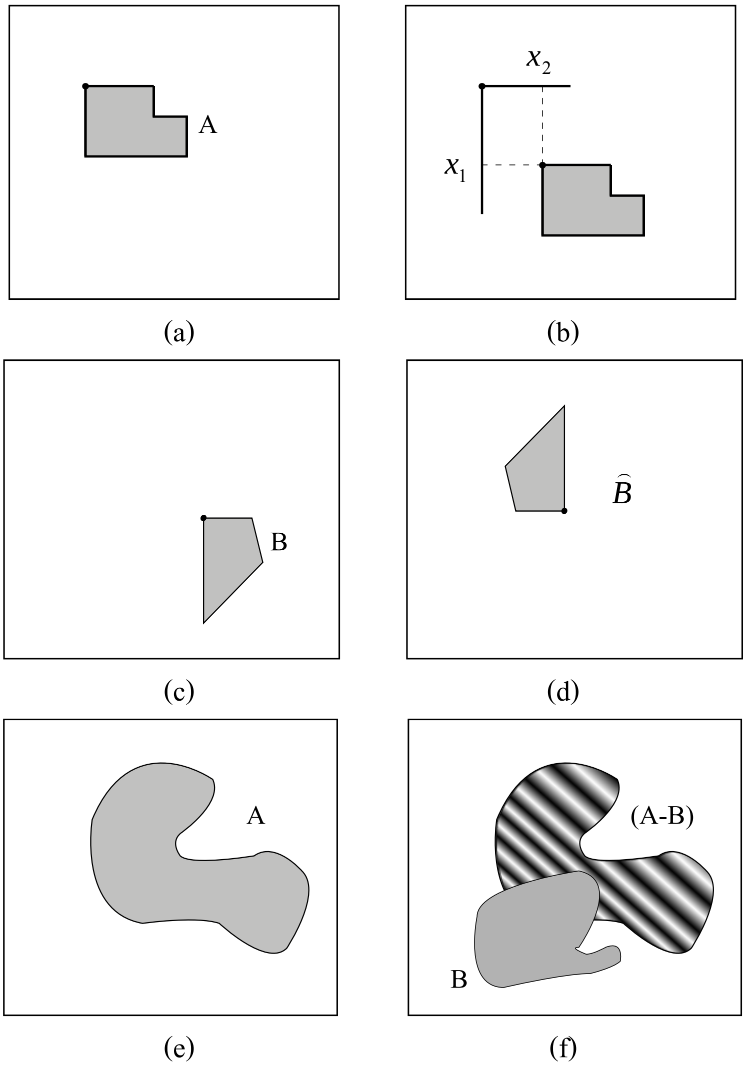
เมื่อกำหนดให้ A และ B เป็นเซ็ตใน Z^2 ซึ่งมีองค์ประกอบ $a = (a_1, a_2)$ และ $b = (b_1, b_2)$ ตามลำดับ แล้วจะได้

- **Region** เป็นการพิจารณาการรวมกันของจุดภาพ จะได้ว่า

$$A = \{a_i \mid i = 1,2...\} \subset Z^2 \tag{3.22}$$

- **Complemen**t ของ region A คือ A^C หมายถึงจุดภายทั้งหมดที่ไม่อยู่ใน A ดั้งนั้นเมื่อ A คือวัตถุ แล้ว A^C จะเป็นพื้นหลัง แทนด้วย

$$A^C = \{x \mid x \notin A\} \tag{3.23}$$



รูปที่ 3.11 (a) เซ็ต A (b) Translation ของ A ด้วย x (c) เซต B (d) reflection ของ B (e) เซต A และ complement ของ A (f) Difference ของ A และ B

- **Translation** ของ A โดย $x = (x_1, x_2)$ คือ $(A)_x$ หรือ $(A + x)$ แทนด้วย

$$(A)_x = \{c \mid c = a + x, \ \text{for}\ a \in A\} \tag{3.24}$$

- **Reflection** ของ B คือ $\hat{B}$ แทนด้วย

$$\hat{B} = \{x \mid x = -b, \ \text{for}\ b \in B\} \tag{3.25}$$

- **Difference** ของ A และ B คือ A-B ได้จาก

$$A - B = \{x \mid x \in A, x \notin B\} = A \cap B^C \tag{3.26}$$

3.5.2 การเซาะ (Erosion)

การเซาะ(Erosion) เป็น operation พื้นฐานของ mathematical morphology มีลักษณะคล้ายกับการย่อภาพ โดยลบข้อมูลบริเวณขอบของภาพออก การ erosion ของภาพ A โดยเทมเพลท B สามารถเขียนได้ดังนี้

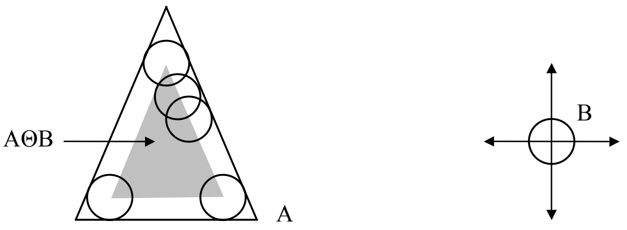
$$A\Theta B = \{x : B + x \subseteq A\} \tag{3.27}$$

จากสมการ 3.27 การทำ erosion ของ A ด้วย B หมายถึง เซตของจุด x ทุกจุด ที่เมื่อ translate B ด้วยค่า x แล้วยังอยู่ในภาพ A ดังตัวอย่างในรูปที่ 3.12 ที่แสดงการทำ erosion ของสามเหลี่ยม A ด้วย เทมเพลทเป็นรูปวงกลม B โดยผลที่ได้คือพื้นที่ในสามเหลี่ยม

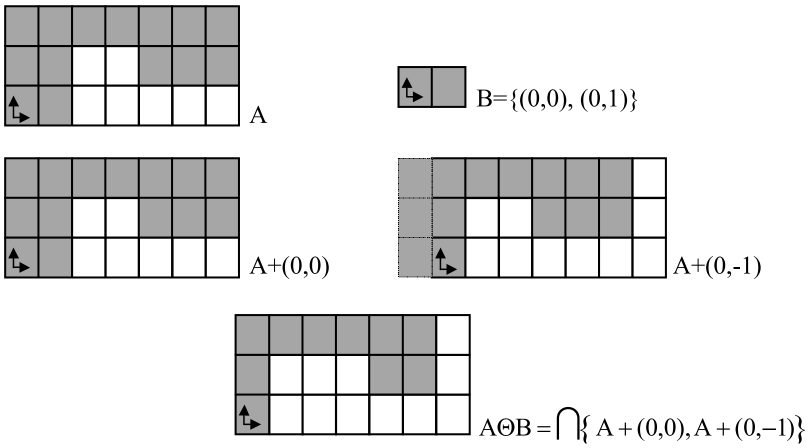
นอกจากนั้น การหา erosion ของภาพ ยังสามารถหาได้จาก การ intersect ของภาพอินพุททุกภาพที่ถูก translates ด้วยค่า reflection ของเทมเพลท ดังสมการที่ 3.28

$$A\Theta B = \bigcap\{A + b : b \in -B\} \tag{3.28}$$

ตัวอย่างของการทำ erosion ตามสมการที่ 3.28 แสดงได้ดังรูปที่ 3.13 เมื่อ ลูกศรแสดงตำแหน่งจุดเริ่มต้น (origin) และจุดที่แรเงาแทนวัตถุ มีค่าเป็น ‘1’



รูปที่ 3.12 แสดงการทำ erosion ของสามเหลี่ยม A ด้วย เทมเพลท B



รูปที่ 3.13 แสดงการหา $A\Theta B$ ตามวิธีในสมการที่ 3.27

3.5.3 การขยาย (Dilation)

Dilation หรือ การขยายภาพ เป็น operation ที่คู่กับ erosion ในที่นี้ dilation ของภาพอินพุท A ด้วยเทมเพลท B สามารถนิยามได้ดังนี้

$$A \oplus B = \bigcup \{B + a : a \in A\} \qquad (3.29)$$

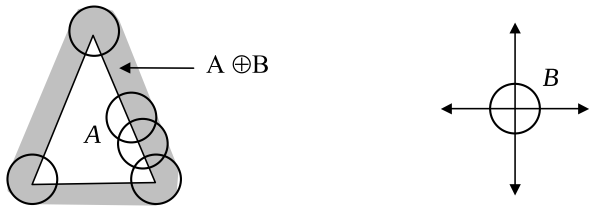
จากสมการ 3.29 $A \oplus B$ หมายถึง การ Union ทุกๆ translation ของเทมเพลท B ที่ถูก translate ด้วยทุก ตำแหน่งของภาพ A ดังตัวอย่างในรูปที่ 3.14 ที่แสดงการทำ dilation ของภาพสามเหลี่ยม A ด้วยเทมเพลทรูปวงกลม B

จากกฎการสลับที่ (commutation) และการเปลี่ยนกลุ่ม (associative) จะได้

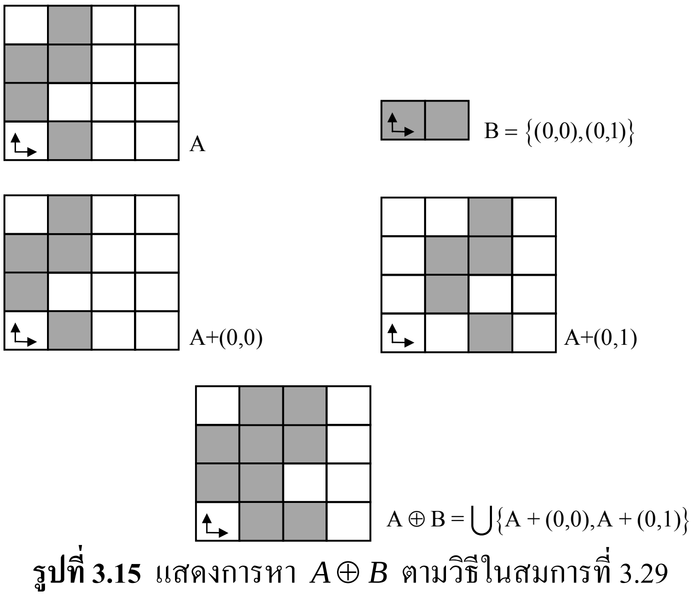
$$A \oplus B = B \oplus A \text{ and } (A \oplus B) \oplus C = A \oplus (B \oplus C) \qquad (3.30)$$

และจากกฎการสลับที่จะได้

$$A \oplus B = \bigcup \{A + b : b \in B\} \qquad (3.31)$$



รูปที่ 3.14 แสดงการทำ dilation ของสามเหลี่ยม A ด้วย เทมเพลท B



รูปที่ 3.15 แสดงการหา $A \oplus B$ ตามวิธีในสมการที่ 3.29

จากสมการที่ 3.31 หมายถึง สามารถหา dilationได้โดย การ Union ของทุกๆ ภาพอินพุทที่ถูก translate ด้วยค่าของเทมเพลททุกจุด ดังแสดงตัวอย่างในรูปที่ 3.15

3.5.4 คุณสมบัติพื้นฐานของ Erosion และ Dilation

1. จุดเริ่มต้น (origin) อยู่ในส่วนของเทมเพลท erosion จะเป็นการย่อภาพ (anti-extensive)

$$0 \in B \Rightarrow A \Theta B \subseteq A$$

ส่วน dilation จะเป็นการขยายภาพ (extensive)

$$0 \in B \Rightarrow A \oplus B \supseteq A$$

2. คุณสมบัติ translation invariant

$$(A + x)\Theta B = (A\Theta B) + x \quad \text{and} \quad (A + x) \oplus B = (A \oplus B) + x$$

3. คุณสมบัติ monotonically increasing

$$A_1 \subseteq A_2 \Rightarrow A_1 \Theta B \subseteq A_2 \Theta B \quad \text{and} \quad A_1 \subseteq A_2 \Rightarrow A_1 \oplus B \subseteq A_2 \oplus B$$

4. คุณสมบัติ dual operations

$$A\Theta B = [A^C \oplus (-B)]^C \quad \text{and} \quad A \oplus B = [A^C \Theta(-B)]^C$$

3.5.5 Opening และ Closing

Opening ของภาพ A โดยเทมเพลท B คือ $A \circ B$

$$A \circ B = (A\Theta B) \oplus B \qquad (3.32)$$

หรือ

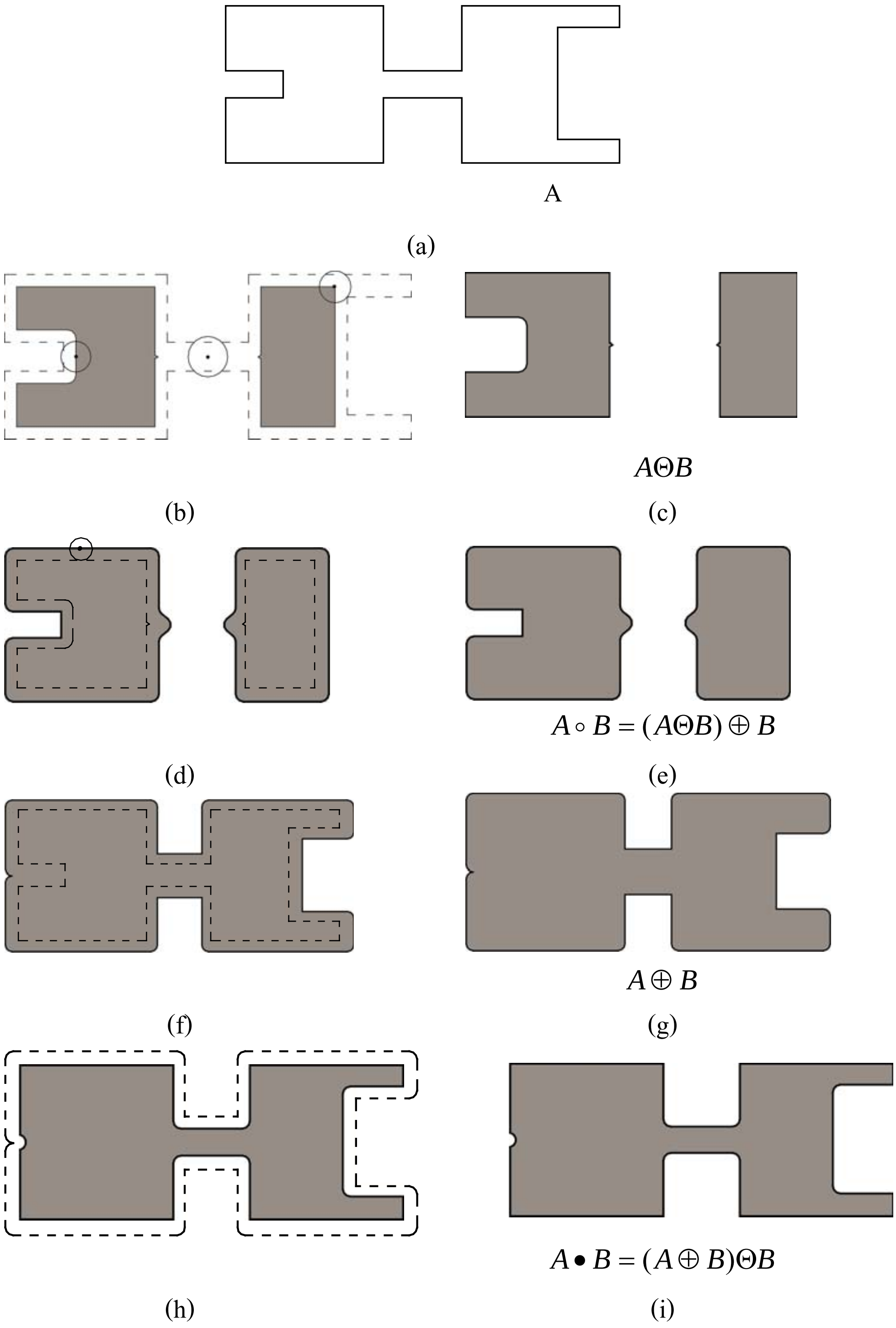
$$A \circ B = \bigcup\{B + x : B + x \subseteq A\} \qquad (3.33)$$

$A \circ B$ ในสมการที่ 3.33 หาได้จากการ union ของทุกๆ translation ของ B ที่ translate ด้วยค่า x แล้วทำให้ $B + x$ อยู่ใน A

Closing ของภาพ A โดยเทมเพลท B คือ $A \bullet B$

$$A \bullet B = (A \oplus B)\Theta B \qquad (3.34)$$

จากสมการที่ 3.33 และสมการที่ 3.34 สามารถแสดงให้เห็นถึงผลการดำเนินการแบบ Opening และ Closing ได้ดังรูปที่ 3.16 โดยกระทำกับรูปเรขาคณิตเพื่อให้สังเกตเห็นผลดำเนินการได้อย่างชัดเจน และ เทมเพลทมีลักษณะเป็นวงกลม



รูปที่ 3.16 แสดงให้เห็นถึงผล และการดำเนินการแบบ Opening และ Closing โดยเทมเพลทมีลักษณะเป็นวงกลม

3.5.6 คุณสมบัติพื้นฐานของ Opening และ Closing

1. Opening เป็นการย่อภาพ (anti-extensive) ส่วน Closing เป็นการขยายภาพ (extensive)

$$A \circ B \subseteq A \quad \text{and} \quad A \bullet B \supseteq A$$

2. คุณสมบัติ translation invariant

$$(A+x) \circ B = (A \circ B) + x \quad \text{and} \quad (A+x) \bullet B = (A \bullet B) + x$$

3. คุณสมบัติ monotonically increasing

$$A_1 \subseteq A_2 \Rightarrow A_1 \circ B \subseteq A_2 \circ B \quad \text{and} \quad A_1 \subseteq A_2 \Rightarrow A_1 \bullet B \subseteq A_2 \bullet B$$

4. คุณสมบัติ dual operations

$$A \circ B = [A^C \bullet (-B)]^C \quad \text{and} \quad A \bullet B = [A^C \circ (-B)]^C$$

5. คุณสมบัติ idempotent

$$(A \circ B) \circ B = A \circ B \quad \text{and} \quad (A \bullet B) \bullet B = A \bullet B$$

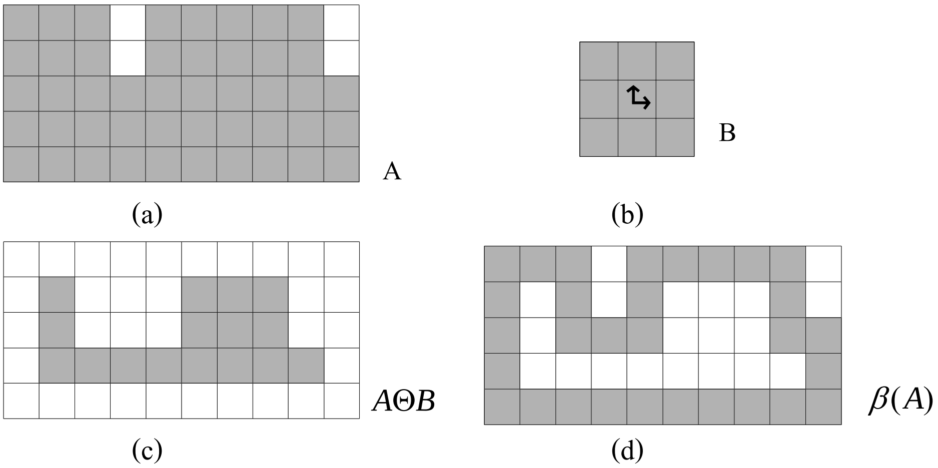
3.6 การประยุกต์ใช้มอร์โฟโลยี

3.6.1 การหาเส้นขอบ (Boundary Extraction)

ขอบของภาพ A แทนด้วย $\beta(A)$ สามารถหาได้โดยผลต่างระหว่าง A กับ erosion ของ A ด้วย B เมื่อ B เป็นเทมเพลท ดังสมการ

$$\beta(A) = A - (A \Theta B) \tag{3.35}$$

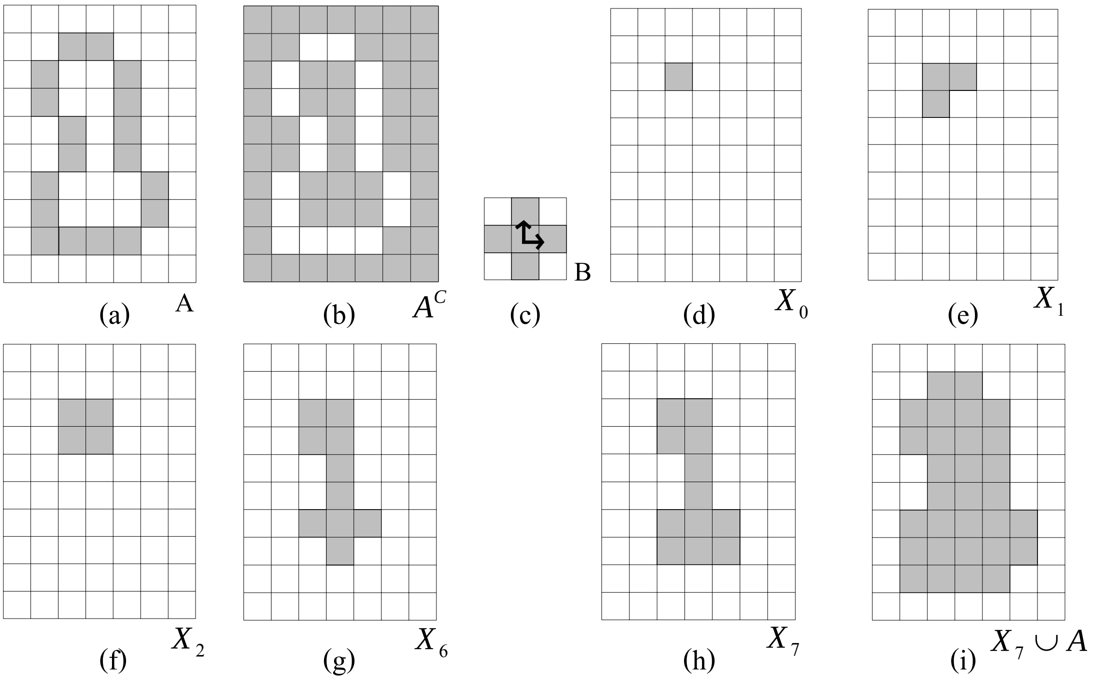
จากรูปที่ 3.17 แสดงขั้นตอนการหาขอบภาพตามสมการที่ 3.35 โดยยกตัวอย่างภาพไบนารีรูปร่างง่ายๆ ในรูป (a) ใช้เทมเพลทขนาด 3x3 ดังรูป (b) ซึ่งเป็นแบบที่นิยมใช้กัน และขอบของภาพที่ได้ แสดงในรูป (d)



รูปที่ 3.17 แสดงกระบวนการหาขอบของภาพไบนารี (a) ภาพต้นฉบับ(เซต A), (b) เทมเพลท B, (c) ผลที่ได้จากการ erosion A ด้วย B, (d) ขอบภาพที่ได้

3.6.2 การเติมบริเวณ (Region Filling)

การทำ Region Filling ในภาพไบนารี สามารถทำได้หลายวิธี แต่ในที่นี้ เป็นวิธีการที่อยู่บนพื้นฐานการทำ dilations, complementation และ intersection ของเซต ในรูปที่ 3.18 (a) แสดงขอบของภาพไบนารี ที่ต่อแบบ 8-connected เริ่มกระบวนการโดยกำหนดให้ทุกจุดที่ไม่ใช่ขอบภาพ มีค่า



(a) (b) (c) (d) (e) (f) (g) (h) (i)

รูปที่ 3.18 แสดงกระบวนการ Region filling (a) ภาพต้นฉบับ(เซต A), (b) complement ของ A, (c) เทมเพลท B, (d) จุดเริ่มต้นภายในขอบ, (e)-(h) ผลที่ได้ในแต่ละรอบ ตามสมการ 3.34 , (i) ผลลัพธ์สุดท้าย

เท่ากับ ‘0’ และกำหนดให้จุด p ซึ่งเป็นจุดที่อยู่ภายในขอบ มีค่าเท่ากับ ‘1’ จากนั้นทำการเติม ‘1’ ภายในบริเวณขอบโดย

$$X_k = (X_{k-1} \oplus B) \cap A^C, \quad k = 1,2,3,... \qquad (3.36)$$

เมื่อ $X_0 = p$ และ B คือเทมเพลทดังรูป 3.17 (c)

จากสมการ ในเทอมของการ dilation จะทำการเติม ‘1’ ให้ทุกจุดโดยไม่ตรวจสอบ แต่การ intersect ในแต่ละรอบด้วย A^C จะช่วยจำกัดให้มีการเติม ‘1’ เฉพาะบริเวณภายในขอบเท่านั้น และกระบวนการจะสิ้นสุดเมื่อ $X_k = X_{k-1}$ และผลลัพธ์สุดท้ายได้จาก การ union ระหว่าง X_k และ A ดังแสดงรายละเอียดในรูปที่ 3.18 ถึงแม้ว่าในตัวอย่างจะมีแค่ 1 พื้นที่ย่อย แต่หลักการนี้ก็สามารถนำไปใช้ได้ในกรณีที่ภาพมีหลายๆ พื้นที่ย่อย

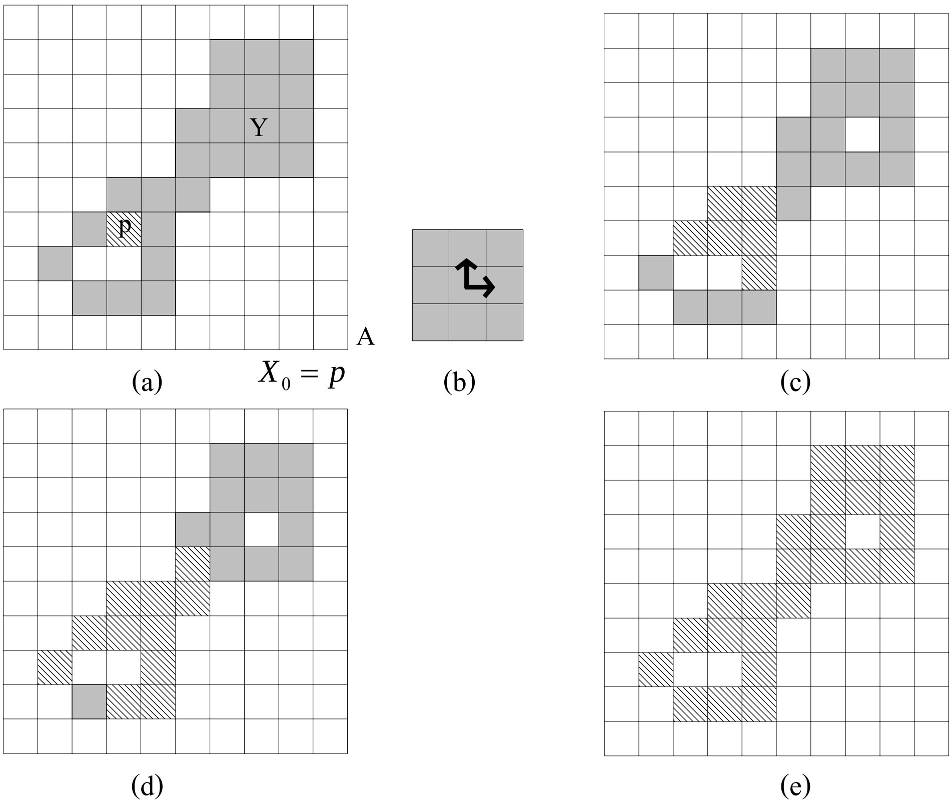
3.6.3 การหาส่วนประกอบที่ต่อกัน (Extraction of connected components)

การแยกบริเวณของวัตถุที่ติดกันในภาพไบนารี เป็นกระบวนการที่สำคัญในการประมวลผลภาพ กำหนดให้ Y แทนวัตถุชิ้นเดียวกัน ซึ่งอยู่ในเซต A และสมมติให้จุด p เป็นจุดๆ หนึ่งในวัตถุ Y จากนั้นทำซ้ำตามสมการที่ 3.35 เพื่อให้ได้ค่าทุกพิกเซลของ Y

$$X_k = (X_{k-1} \oplus B) \cap A, \quad k = 1,2,3,... \tag{3.37}$$

เมื่อ $X_0 = p$ และ B คือเทมเพลทดังรูป 3.18

จะเห็นว่าสมการที่ 3.37 เหมือนกับสมการที่ 3.36 ต่างกันตรงที่ใช้ค่า A แทน A^C เนื่องจากทุกพิกเซลที่ต้องการหามีค่า ‘1’ และในเทอมของการ intersect ด้วย A เพื่อป้องกันการ dilation ไปยังส่วนที่เป็นพื้นหลัง กระบวนการจะสิ้นสุดเมื่อ $X_k = X_{k-1}$ และจะได้ $Y = X_k$ ดังแสดงรายละเอียดในรูปที่ 3.19



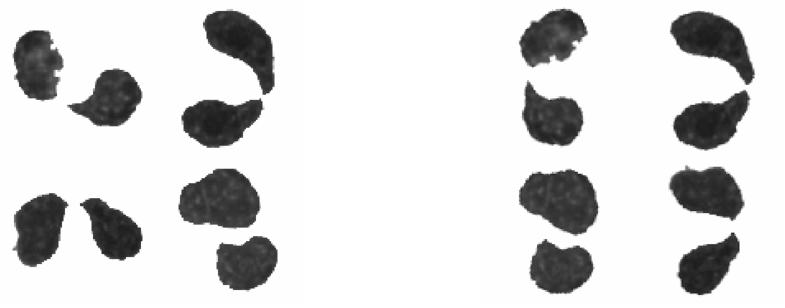
รูปที่ 3.19 แสดงกระบวนการ Extraction of connected components (a)ภาพต้นฉบับ(เซต A) ที่มีวัตถุ Y และจุดที่ทราบค่าภายในวัตถุ (จุด p) , (b) เทมเพลท B, (c) ผลที่ได้ในรอบแรก, (d) ผลที่ได้ในรอบที่สอง, (e) ผลสุดท้าย

บทที่ 4

การวิเคราะห์รูปร่าง(Shape Analysis)

4.1 บทนำ

ภายในบทนี้จะกล่าวถึงเทคนิควิธีที่ใช้ในการจัดเรียงทิศทางให้กับเม็ดเลือดขาว รวมไปถึงแนวความคิดของการวิเคราะห์องค์ประกอบข้อมูล(Component Analysis) เพื่อใช้ในการระบุชนิดเม็ดเลือดขาว ในการวิเคราะห์องค์ประกอบข้อมูลนั้น อาศัยกระบวนการทางเรขาคณิต เพื่อดึงเอาลักษณะเด่นที่ทำให้เห็นถึงความเหมือนหรือความแตกต่างของข้อมูลนั้นๆ มาใช้ในการระบุรูปแบบในส่วนของเม็ดเลือดขาว แต่อย่างไรก็ตามยังมีปัญหาเรื่องการวางตัวของเม็ดเลือดขาวเป็นแบบสุ่ม



(a) (b)

รูปที่ 4.1 ตัวอย่างของการหมุนนิวเคลียส

(a) การวางตัวของเม็ดเลือดขาวปกติเป็นแบบสุ่ม

(b) ภาพถูกจัดเรียงทิศทางเพื่อหาลักษณะเฉพาะของเม็ดเลือดขาว

ซึ่งภายในบทนี้จะกล่าวถึงวิธีจัดเรียงทิศทางเพื่อหาลักษณะเฉพาะดังกล่าวและวิธีการคัดแยกเม็ดเลือดขาว

4.2 โมเมนต์

$$m_{pq} = \sum_{j=1}^{J}\sum_{k=1}^{K} x^p y^q F(j,k) \qquad (4\text{-}1)$$

เมื่อ

$p, q = 0, 1, 2, \ldots$

การวิเคราะห์โมเมนต์ (Moment analysis) ซึ่งเป็นวิธีวิเคราะห์ทางรูปร่างแบบองค์รวม (Systematic method) แนวคิดของโมเมนต์สามารถนำไปใช้กับภาพดิสครีต F(j,k) การคำนวณค่า

โมเมนต์(Moment,m_{pq}) ที่$(p,q)^{th}$โดย pและqคือ อันดับของโมเมนต์ ของภาพดีสครีต ดังสมการที่ 4-1

4.2.1 จุดศูนย์กลางแรงโน้มถ่วงของภาพ (Centroid)

Momentนั้น มีค่าขึ้นอยู่กับขนาดของภาพอย่างมาก เพื่อที่จะลดผลของขนาดภาพ เราได้นิยาม Scaled Moment ได้ดังนี้

$$m_{pq} = \frac{1}{J^q K^p} \sum_{j=1}^{J} \sum_{k=1}^{K} x^p y^q F(j,k) \qquad (4\text{-}2)$$

พิจารณาสมการที่4-2 สามารถเขียนสมการได้ดังนี้

Zero-order Moment

$$m_{(0,0)} = \sum_{j=1}^{J} \sum_{k=1}^{K} F(j,k)$$

First-order row Moment

$$m_{(1,0)} = \frac{1}{K} \sum_{j=1}^{J} \sum_{k=1}^{K} x\ F(j,k)$$

First-order Column Moment

$$m_{(0,1)} = \frac{1}{J} \sum_{j=1}^{J} \sum_{k=1}^{K} y\ F(j,k)$$

ผลที่ได้จาก First-Order Moment และ Zero-Order Moment ถูกนิยามว่าเป็นCentroid ของภาพ โดยที่ Centroid คือจุดศูนย์กลางของแรงโน้มถ่วงของภาพ หรือจุดซึ่งมวลของภาพดิสครีตที่อยู่ด้านเหนือ ใต้ ซ้ายและขวาของภาพมีค่าเท่ากัน ส่วน Zero-order Moment นิยามได้ว่าเป็นการหาพื้นที่ของวัตถุ และสามารถหาCentroidได้จากสมการที่ (4-3)

$$\bar{x} = \frac{m_{(1,0)}}{m_{(0,0)}}, \quad \bar{y} = \frac{m_{(0,1)}}{m_{(0,0)}} \qquad (4\text{-}3)$$

4.2.2 การหามุมของการเรียงตัว(Orientation) ของภาพ

เมื่อเรานิยามCentroidแล้ว ต่อไปเราสามารถนิยาม Scaled Center Moment ของภาพได้ดังนี้

$$U_{pq} = \frac{1}{J^q K^p} \sum_{j=1}^{J} \sum_{k=1}^{K} (x-\bar{x})^p (y-\bar{y})^q F(j,k) \qquad (4\text{-}4)$$

พิจารณาสมการที่4-4 สามารถเขียนสมการได้ดังนี้

Row-Column Cross Moment of Inertia

$$U_{(1,1)} = \frac{1}{J\ K}\sum_{j=1}^{J}\sum_{k=1}^{K}(x-\bar{x})\ (y-\bar{y})\ F(j,k)$$

Second-order Row Moment of Inertia

$$U_{(2,0)} = \frac{1}{K^2}\sum_{j=1}^{J}\sum_{k=1}^{K}(x-\bar{x})^2 F(j,k)$$

Second-order Column Moment of Inertia

$$U_{(0,2)} = \frac{1}{J^2}\sum_{j=1}^{J}\sum_{k=1}^{K}(y-\bar{y})^2 F(j,k)$$

จากข้างต้น Second-order Scaled Center Moment ทั้งสามสมการ สามารถนำมาใช้ในการคำนวณโควาเลนซ์เมตริกซ์ของโมเมนต์ (Moment of Inertia Covariance Matrix)

$$U = \begin{bmatrix} U(2,0) & U(1,1) \\ U(1,1) & U(0,2) \end{bmatrix} \qquad (4\text{-}5)$$

คำนวณหาไอเก้นจะได้ค่าไอเก้นแวลู (Eigen Value, Λ) และไอเก้นเวคเตอร์ (Eigen Vector, E) ของโควาเรียนเมตริกซ์ (Covariant Matrix) โดยที่คอลัมน์ของสมการที่4-6 คือค่าไอเก้นเวคเตอร์ (E) ของโควาเลนซ์เมตริกซ์ของโมเมนต์

$$E = \begin{bmatrix} e_{11} & e_{12} \\ e_{21} & e_{22} \end{bmatrix} \qquad (4\text{-}6)$$

$$\Lambda = \begin{bmatrix} \lambda_1 & 0 \\ 0 & \lambda_2 \end{bmatrix} \qquad (4\text{-}7)$$

ส่วนสมการที่4-7 คือ ค่าไอเก้นแวลู (Eigen Value, Λ) ของโควาเลนซ์เมตริกซ์ของโมเมนต์ ซึ่งสามารถเขียนในรูปฟังก์ชันของ Scaled Moment ได้ดังนี้

$$\lambda_1 = \frac{1}{2}\left[U(2,0) + U(0,2)\right] + \frac{1}{2}\left[U(2,0)^2 + U(0,2)^2 - 2U(2,0)U(0,2) + 4U(1,1)^2\right]^{1/2} \qquad (4\text{-}8)$$

$$\lambda_2 = \frac{1}{2}\left[U(2,0) + U(0,2)\right] - \frac{1}{2}\left[U(2,0)^2 + U(0,2)^2 - 2U(2,0)U(0,2) + 4U(1,1)^2\right]^{1/2} \qquad (4\text{-}9)$$

ให้ λ_M = MAX[λ_1, λ_2] และ λ_N = MAX[λ_1, λ_2] มุมของการเรียงตัว(Orientation) ของภาพสามารถหาได้จากสมการที่ 4-10

$$\theta = \begin{cases} \arctan\left\{\dfrac{e_{21}}{e_{11}}\right\}, & \text{ถ้า } \lambda_M = \lambda_1 \\ \arctan\left\{\dfrac{e_{21}}{e_{11}}\right\}, & \text{ถ้า } \lambda_M = \lambda_2 \end{cases} \tag{4-10}$$

มุมของการเรียงตัว(Orientation) ของภาพสามารถเขียนในรูปฟังก์ชันของ Scaled Moment สามารถหาได้จากสมการที่ 4-11

$$\theta = \arctan\left\{\frac{\lambda_M - \mathrm{U}(0,2)}{\mathrm{U}(1,1)}\right\} \tag{4-11}$$

ค่าไอเก้นแวลู (Eigen Value) มีค่า λ_M และ λ_N กับมุมของการเรียงตัวที่หามาได้เป็นตัวกำหนดคุณสมบัติของวงรี ซึ่งมี Major Axis เท่ากับ λ_M และMinor Axis เท่ากับ λ_N และในส่วนของ Minor Axisของวงรีจะทำมุมเป็น θ กับแกนแนวนอนปกติ (Horizontal Axis) วัตถุรูปร่างวงรีนี้มี Moment of Inertia ตามแกนนอนและแกนดิ่งเท่ากับ Moment of Inertia ของวัตถุรูปร่างใดๆตามแกนของ แกนมาตรฐาน(Principal Axis) ของวัตถุนั้นๆ

4.3 การแปลงเชิงเรขาคณิตแบบเชิงเส้น

ในงานทางด้านคอมพิวเตอร์กราฟิกนั้น บางครั้งจำเป็นต้องมีการเคลื่อนย้ายภาพไปยังตำแหน่งใหม่ ย่อ-ขยายภาพ หรือมีการหมุนภาพให้อยู่ในมุมมองที่เหมาะสม ซึ่งสามารถทำได้โดยใช้การแปลงเชิงเรขาคณิต(Geometric transformation)

ในการพิจารณาการแปลงนั้นจะพิจารณาได้ว่าเป็นการแปลงจุดในปริภูมิสามมิติ และเพื่อความเข้าใจง่ายจึงมักจะเขียนอยู่ในรูปของเมตริกซ์ โดยกำหนดให้จุดที่ต้องการแปลงเป็นจุด P มีพิกัดเป็น (x, y) ใดๆ เมื่อต้องการย้ายตำแหน่งของจุด P ไปยังพิกัดใหม่คือ P' ซึ่งมีพิกัด (x', y') ก็ทำได้โดยการนำพิกัดของจุด P ไปบวกกับเมตริกซ์การแปลงซึ่งก็คือ T สามารถแสดงเมตริกซ์ของการแปลงได้ดังนี้

$$P' = P + T = [x \quad y] + [T_x \quad T_y]$$

นอกจากนี้เมื่อนำพิกัดของจุด P มาคูณกับเมตริกซ์การแปลง T ให้ได้พิกัดใหม่คือ P' นั้นจะเป็นการสเกล การหมุน การสะท้อน หรืออื่นๆ ขึ้นอยู่กับค่าพารามิเตอร์ภายในเมตริกซ์การแปลงนั้นและสามารถเขียนในรูปของเมตริกซ์ต่างๆได้ดังนี้

4.3.1 การเลื่อนพิกัด (Translation)

เมตริกซ์การแปลง (T_T) ที่ใช้สำหรับการแปลงที่ต้องการเลื่อนพิกัดมีลักษณะดังนี้

$$T_T = \begin{bmatrix} 1 & 0 & T_x \\ 0 & 1 & T_y \\ 0 & 0 & 1 \end{bmatrix} \qquad (4\text{-}12)$$

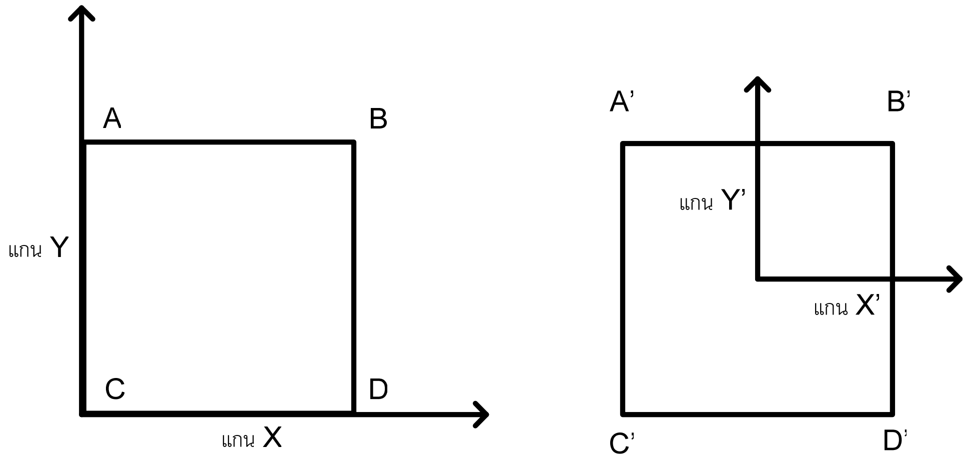
โดยที่ค่า T_x และ T_y แสดงระยะทางที่ต้องการเคลื่อนย้ายตำแหน่งไปในแนวแกน X และ Y ตามลำดับ และพิกัดของจุดในระบบโฮโมจีเนียส (x', y', h) เป็น

$$\begin{bmatrix} x' \\ y' \\ h \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} 1 & 0 & T_x \\ 0 & 1 & T_y \\ 0 & 0 & 1 \end{bmatrix} \cdot \begin{bmatrix} x \\ y \\ 1 \end{bmatrix} \qquad (4\text{-}13)$$

หรือ

$$x' = x + T_x \quad ; \quad y' = y + T_y \qquad (4\text{-}14)$$

การเลื่อนเมตริกซ์เป็นการแปลงที่มีประโยชน์มากในทางคอมพิวเตอร์กราฟิก เนื่องจากข้อมูลภาพต้นฉบับที่นำมาใช้จะมีตำแหน่งอยู่ในด้านบวกเท่านั้น จึงจำเป็นต้องการอาศัยการแปลงแบบนี้เพื่อเลื่อนพิกัดกึ่งกลางของข้อมูลต้นฉบับให้มาอยู่ที่จุดกำเนิด (0,0) เสียก่อน ถือได้ว่าการแปลงแบบเลื่อนพิกัดเป็นพื้นฐานที่สำคัญของการสร้างภาพทางคอมพิวเตอร์กราฟิก



รูปที่ 4.2 การเลื่อนจุดกึ่งกลางของปริมาตรต้นฉบับมายังจุดกำเนิด

4.3.2 การสเกล (Scaling)

การสเกลเป็นการแปลงเพื่อปรับเปลี่ยนขนาดของวัตถุที่ต้องการ มีเมตริกซ์การแปลง (S) ดังนี้

$$S = \begin{bmatrix} S_x & 0 & 0 \\ 0 & S_y & 0 \\ 0 & 0 & 1 \end{bmatrix} \tag{4-15}$$

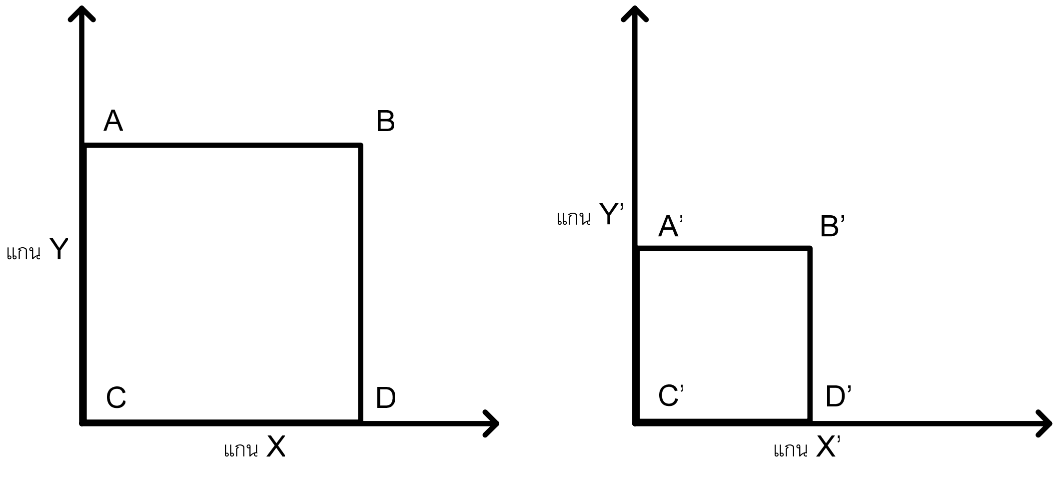
โดยที่ S_x และ S_y เป็นสัมประสิทธิ์การสเกลสำหรับพิกัด X และ Y ตามลำดับ และพิกัดของจุดในระบบโฮโมจีเนียส (x', y', h) เป็น

$$\begin{bmatrix} x' \\ y' \\ h \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} S_x & 0 & 0 \\ 0 & S_y & 0 \\ 0 & 0 & 1 \end{bmatrix} \cdot \begin{bmatrix} x \\ y \\ 1 \end{bmatrix} \tag{4-16}$$

หรือ

$$x' = xS_x \quad ; \quad y' = yS_y \tag{4-17}$$

ค่า S_x, S_y และ S_z จะเป็นตัวกำหนดว่าเป็นการย่อหรือขยายรูป กล่าวคือ ถ้า S มีค่ามากกว่า 1 จะเป็นการขยายภาพและถ้า S มีค่าน้อยกว่า 1 จะเป็นการย่อขนาดภาพ



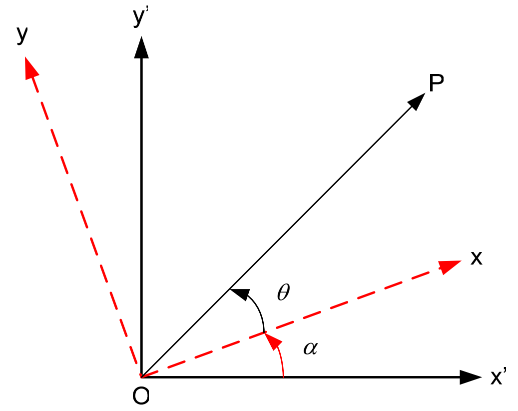
รูปที่ 4.3 การสเกลวัตถุ

4.3.3 การหมุนวัตถุ (Rotation)

ส่วนของเมตริกซ์การแปลง (R) คือ การหมุนของภาพโดย มีเมตริกซ์การแปลง ดังนี้

$$R = \begin{bmatrix} \cos\alpha & -\sin\alpha & 0 \\ \sin\alpha & \cos\alpha & 0 \\ 0 & 0 & 1 \end{bmatrix} \tag{4-18}$$

ซึ่งเราสามารถเข้าใจแนวความคิดของการหมุนได้จากการสมมุติว่าวัตถุของเราคือเวกเตอร์ OP บนแกน X, Y หากแกน X, Y มีการหมุนรอบจุด Origin ไปเป็นแกนใหม่ X’, Y’ คำถามที่เกิดขึ้นก็คือว่า เวกเตอร์ OP บนแกน X, Y จะมี Coordinate ไปเป็นเท่าไรบนแกน X, Y ซึ่งเราสามารถทำการพิสูจน์ได้ดังนี้



แกนxและแกนyเดิม เขียนเป็นสมการได้ว่า:

$$x = OP\cos(\theta) \tag{4-19}$$

$$y = OP\sin(\theta) \tag{4-20}$$

แกนxและแกนyใหม่ เขียนเป็นสมการได้ว่า:

$$x' = OP\cos(\theta + \alpha) \tag{4-21}$$

$$y' = OP\sin(\theta + \alpha) \tag{4-22}$$

จากสูตรตรีโกนมิติผลบวก:

$$\cos(\theta + \alpha) = \cos\theta\cos\alpha + \sin\theta\sin\alpha \tag{4-23}$$

$$\sin(\theta + \alpha) = \cos\theta\sin\alpha + \sin\theta\cos\alpha \tag{4-24}$$

แทนสมการ4-22และ4-23 ลงในสมการแกนxและแกนyใหม่:

$$x' = OP\cos\theta\cos\alpha + OP\sin\theta\sin\alpha \tag{4-25}$$

$$y' = OP\cos\theta\sin\alpha + OP\sin\theta\cos\alpha \tag{4-26}$$

แทนสมการแกนxและแกนyเดิม ลงในสมการ4-24และ4-25 ลงใน:

$$x' = x\cos\alpha + y\sin\alpha \qquad (4\text{-}27)$$

$$y' = x\sin\alpha + y\cos\alpha \qquad (4\text{-}28)$$

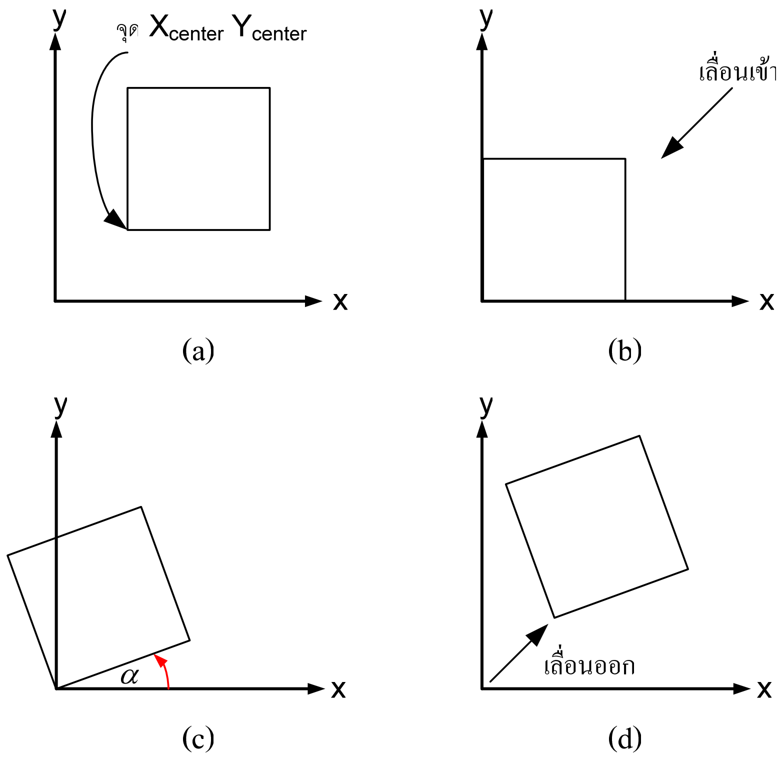
สามารถเขียนในรูปเมตริกซ์ได้ว่า

$$\begin{bmatrix} x' \\ y' \\ h \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} \cos\alpha & -\sin\alpha & 0 \\ \sin\alpha & \cos\alpha & 0 \\ 0 & 0 & 1 \end{bmatrix} \cdot \begin{bmatrix} x \\ y \\ 1 \end{bmatrix} \qquad (4\text{-}29)$$

จากสมการที่ 4-29 นั้นเป็นการหมุนแกนรอบจุด Origin หากเราต้องการหมุนรอบจุด X_{center} , Y_{center} ใดๆ แล้ว เราสามารถที่จะเขียนสมการใหม่ได้ดังนี้

$$\begin{bmatrix} x' \\ y' \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} x_{center} \\ y_{center} \end{bmatrix} + \begin{bmatrix} \cos\alpha & -\sin\alpha \\ \sin\alpha & \cos\alpha \end{bmatrix} \cdot \begin{bmatrix} x - x_{center} \\ y - y_{center} \end{bmatrix} \qquad (4\text{-}30)$$

ผลที่ได้จากสมการที่4-30นั้น ทำให้การหมุนของภาพเกิดการหมุนที่จุด X_{center}, Y_{center}ดังรูปที่4.5



รูปที่ 4.4 การหมุนวัตถุ (a) แสดงจุดหมุน (b) เลื่อนข้อมูล (c) หมุนวัตถุ (d) คืนค่าข้อมูล

4.3.4 การแปลงแบบผสม (Multiple Transformations)

โดยทั่วไปในการใช้งานทางด้านคอมพิวเตอร์กราฟิกจำเป็นต้องใช้การแปลงทานฟอร์มหลายแบบใช้ร่วมกัน วิธีการรวมการแปลง ที่ต้องการใช้ในงานนั้นๆ เข้าร่วมกัน เป็นวิธีที่สะดวกต่อการใช้งานมากกว่า นำภาพไปพิจารณาทีละทานฟอร์ม ในกรณีนี้จะขอยกตัวอย่างการหมุนภาพโดยพิจารณาที่เส้นผ่านศูนย์กลางภาพ ซึ่งต้องใช้การรวมทานฟอร์มสามชนิดเข้าด้วยกัน คือ การเลื่อนข้อมูลมาพิจารณา , การหมุน และ การเลื่อนข้อมูลกลับตำแหน่งเดิม จะได้ว่า

$$M = R.T_T.S$$

เมื่อ

$$T_T = \begin{bmatrix} 1 & 0 & T_x \\ 0 & 1 & T_y \\ 0 & 0 & 1 \end{bmatrix} \qquad T_T = \begin{bmatrix} 1 & 0 & T_x \\ 0 & 1 & T_y \\ 0 & 0 & 1 \end{bmatrix}$$

$$R = \begin{bmatrix} \cos\alpha & -\sin\alpha & 0 \\ \sin\alpha & \cos\alpha & 0 \\ 0 & 0 & 1 \end{bmatrix}$$

เนื่องจากเมตริกซ์ไม่มีคุณสมบัติการสลับที่ ดังนั้นลำดับของเมตริกซ์ของการแปลงจึงมีความสำคัญอย่างยิ่ง

4.4 เทคนิคที่ใช้ในการแปลงพิกัดภาพ

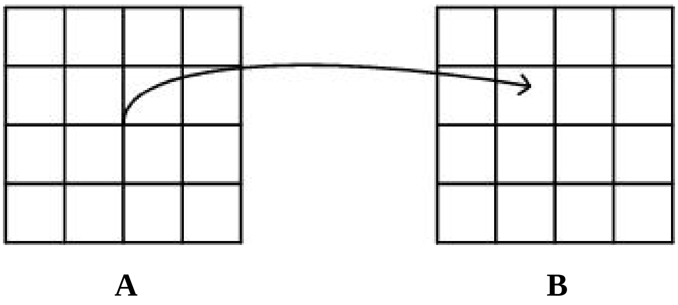
การแปลงพิกัดภาพเชิงเรขาคณิตสามารถทำได้ 2 วิธีคือ แบบส่งไปข้างหน้าและแบบส่งกลับข้างหลัง ซึ่งทั้งสองวิธีจะมีข้อดีข้อเสียต่างกัน

4.4.1 การแปลงพิกัดแบบส่งไปข้างหน้า

หลักการของแบบส่งไปข้างหน้าคือจะทำการหาพิกัดของพิกเซลบนภาพผลลัพธ์จากพิกัดของพิกเซลบนภาพต้นฉบับ จากนั้นจะให้ค่าสีในตำแหน่งที่คำนวณได้ใหม่นั้นมีค่าเท่ากับค่าสีที่ตำแหน่งบนภาพต้นฉบับ

กำหนดให้ x, y เป็นพิกัดของพิกเซลบนภาพต้นฉบับและ u, v เป็นพิกัดใหม่ของพิกเซลบนภาพผลลัพธ์ จะได้ u, v เป็นฟังก์ชันในรูปของ x, y ดังนี้ $u(x, y)$ และ $v(x, y)$ และให้ A เป็นภาพต้นฉบับ B เป็นภาพผลลัพธ์ จะสามารถแทนความสัมพันธ์แบบส่งไปข้างหน้า ได้ดังนี้

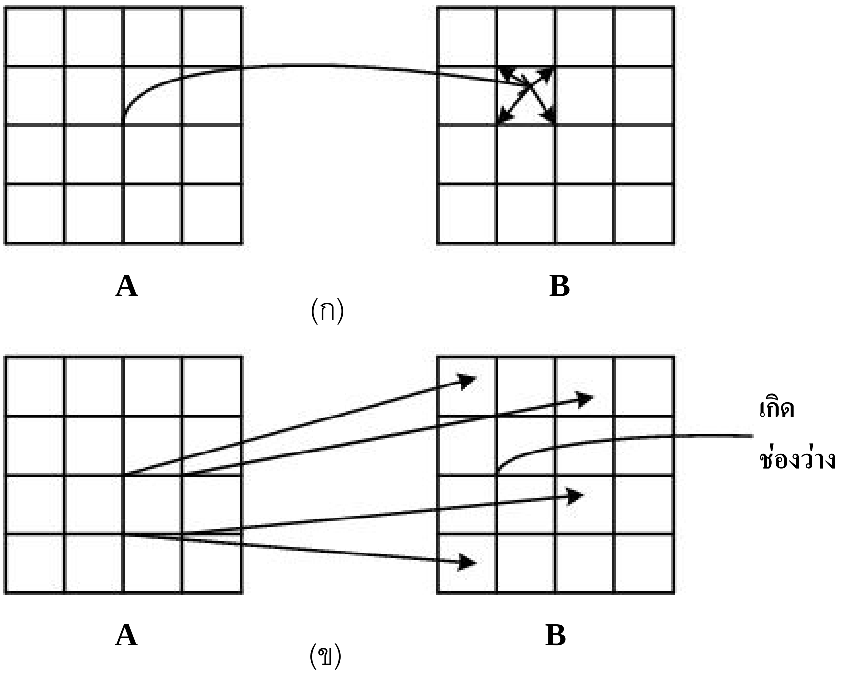
$$B[u(x,y),v(x,y)] = A[x,y] \tag{4-31}$$



รูปที่ 4.5 การแปลงพิกัดแบบส่งไปข้างหน้า

คุณสมบัติของการแปลงพิกัดแบบส่งไปข้างหน้า

1. ตำแหน่งใหม่ที่คำนวณได้นั้นอาจจะไม่ตรงกับตำแหน่งของพิกเซลใดจริงๆ ซึ่งสามารถแก้ไขได้โดยประมาณพิกัดไปยังจุดข้างเคียง พิจารณารูปที่ 4.6 (ก)
2. การแปลงบางกรณีอาจทำให้เกิดตำแหน่งว่างในภาพผลลัพธ์ได้ พิจารณารูปที่ 4.6 (ข)



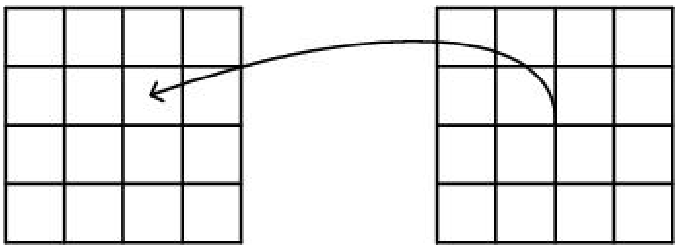
รูปที่ 4.6 แสดงคุณสมบัติของการแปลงพิกัดแบบส่งไปข้างหน้า

4.4.2 การแปลงพิกัดแบบส่งกลับข้างหลัง

หลักการของการแปลงพิกัดแบบส่งกลับข้างหลัง คือจะทำการหาพิกัดของพิกเซลบนภาพต้นฉบับจากพิกัดของพิกเซลบนภาพผลลัพธ์ จากนั้นคำนวณหาค่าสีของตำแหน่งบนภาพผลลัพธ์จากการประมาณค่าของพิกเซลข้างเคียงพิกเซลที่คำนวณได้บนภาพต้นฉบับ

กำหนดให้ x, y เป็นพิกัดของพิกเซลบนภาพต้นฉบับและ u,v เป็นพิกัดใหม่ของพิกเซลบนภาพผลลัพธ์ จะได้ x, y เป็นฟังก์ชันในรูปของ u,v ดังนี้ $x(u,v)$ และ $y(u,v)$ และให้ A เป็นภาพต้นฉบับ B เป็นภาพผลลัพธ์ จะสามารถแทนความสัมพันธ์แบบส่งกลับข้างหลังได้ดังนี้

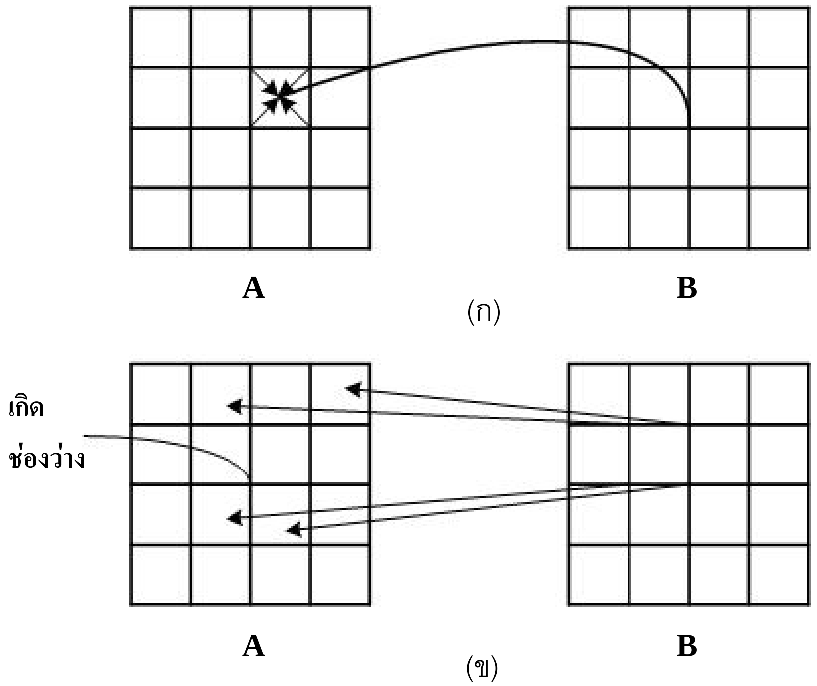
$$B[u,v] = A[x(u,v), y(u,v)] \qquad (4\text{-}32)$$



รูปที่ 4.7 การแปลงพิกัดแบบส่งกลับข้างหลัง

คุณสมบัติของการแปลงพิกัดแบบส่งกลับข้างหลัง

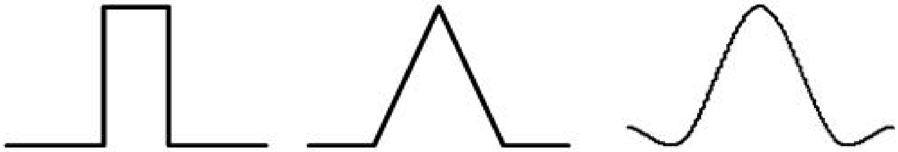
1. ตำแหน่งใหม่ที่คำนวณได้นั้นอาจจะไม่ตรงกับตำแหน่งของพิกเซลใดจริงๆ ซึ่งสามารถแก้ไขได้โดยประมาณค่าสีได้จากจุดข้างเคียงของจุดที่คำนวณได้ พิจารณารูปที่ 4.8(ก)
2. การแปลงบางกรณีอาจทำให้เกิดตำแหน่งว่างในภาพต้นฉบับได้ พิจารณารูปที่ 4.8 (ข)



รูปที่ 4.8 แสดงคุณสมบัติของการแปลงพิกัดแบบส่งกลับข้างหลัง

4.5 การประมาณค่าในช่วง (Interpolation)

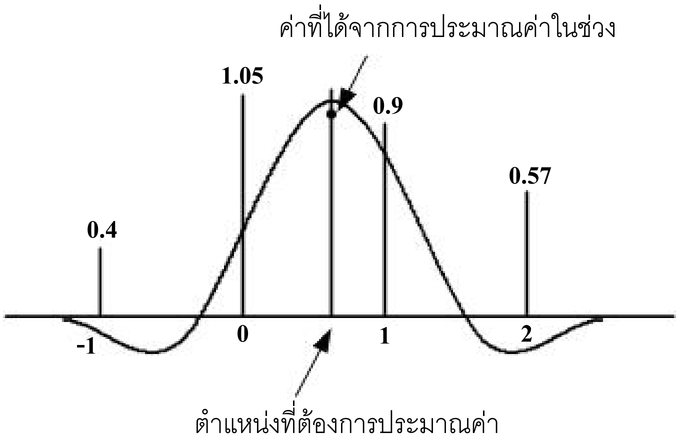
การประมาณค่าในช่วงมีอยู่หลายวิธี ซึ่งแต่ละวิธีจะถูกควบคุมโดยเคอร์เนลของการประมาณค่าในช่วง (Interpolation Kernel) และรูปร่างของเคอร์เนลนี้จะเป็นตัวกำหนดค่าสัมประสิทธิ์สำหรับถ่วงน้ำหนักการบวกและคุณภาพของการประมาณค่าในช่วง โดยรูปร่างของเคอร์เนลของการประมาณค่าในช่วงแบบต่างๆ แสดงดังรูปที่ 4.9



รูปที่ 4.9 เคอร์เนลของการประมาณค่าในช่วงแบบต่างๆ

การคำนวณค่าของฟังก์ชันในตำแหน่งที่ต้องการประมาณค่าในช่วง ทำได้โดยการนำเคอร์เนลของการประมาณค่าในช่วงไปคอนโวลูชันกับฟังก์ชันนั้นๆ ดังตัวอย่างที่ 4.1

ตัวอย่างที่ 4.1 พิจารณารูปที่ 4.10 ค่าของฟังก์ชันเต็มหน่วย (Discrete function) ฟังก์ชันหนึ่งมีค่าเป็น $f(-1)=0.4, f(0)=1.05, f(1)=0.9, f(2)=0.57$ และมีค่าของฟังก์ชันการประมาณค่าในช่วง (Interpolation function) ที่ตำแหน่งเหล่านี้เป็น $-0.02, 0.38, 0.66$ และ -0.07



รูปที่ 4.10 กระบวนการประมาณค่าในช่วง

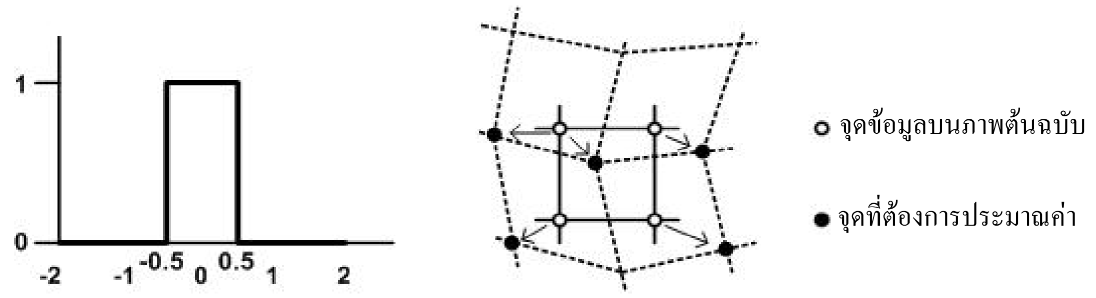
ทำการประมาณค่าในช่วงให้ได้ค่าใหม่ โดยการคูณค่าฟังก์ชันการประมาณค่าในช่วงกับฟังก์ชันนั้น จะได้ $(0.4)\cdot(-0.02)+(1.05)\cdot(0.38)+(0.9)\cdot(0.66)+(0.57)\cdot(-0.07)=0.945$ นั่นคือค่าที่ได้จากการประมาณค่าในช่วงมีค่าเท่ากับ 0.945

เคอร์เนลของการประมาณค่าในช่วงหนึ่งมิติสามารถประยุกต์เพื่อใช้กับการประมาณค่าในช่วงในสองมิติและสามมิติได้ ซึ่งสมการการประมาณค่าในช่วงสองมิติสามารถทำได้ดังนี้

$$f(x,y)=g(x,y)\cdot h(x,y) \tag{4-33}$$

4.5.1 การประมาณค่าในช่วงแบบเนียเรสเนบอร์ (Nearest Neighbor)

การประมาณค่าในช่วงแบบเนียเรสเนเบอร์เป็นวิธีที่ง่ายที่สุด และมีความละเอียดน้อยที่สุด วิธีนี้จะเป็นการนำค่าที่อยู่ใกล้กับจุดที่จะประมาณค่าในช่วงมากที่สุดมาเป็นคำตอบ โดยมีลักษณะของเคอร์เนลของการประมาณค่าในช่วงดังรูปที่ 4.11 (ก) ซึ่งจะเห็นว่ามีค่าเพียงค่าเดียวที่ถูกนำไปใช้ในการประมวลผล ทำให้การคำนวณในแต่ละวงรอบมีน้อยมาก รูปที่ 4.11 (ข) แสดงลักษณะการประมาณค่าในช่วงสองมิติ



รูปที่ 4.11 การประมาณค่าในช่วงแบบเนียเรสเนบอร์

(ก) เคอร์เนลของการประมาณค่าในช่วง

(ข) ลักษณะของการประมาณค่าในช่วงแบบสองมิติ

ปัญหาที่พบในการประมาณค่าในช่วงด้วยวิธีนี้ก็คือ จุดที่อยู่ใกล้กับจุดที่จะประมาณค่าในช่วงมีมากกว่าหนึ่งจุด จึงไม่สามารถระบุได้ว่าจะเลือกจุดใดมาเป็นค่าของการประมาณค่าในช่วง ซึ่งเรียกปัญหานี้ว่า การเกิดอะแลสซิ่ง (Aliasing) และข้อด้อยอีกข้อหนึ่งของวิธีนี้คือ การเลื่อนของภาพ ซึ่งเกิดจากการปัดค่าของเนียเรสเนบอร์ ทำให้ภาพเลื่อนขึ้นไปครึ่งถึงหนึ่งพิกเซล ซึ่งมีผลกระทบอย่างมากในการประมวลผลภาพที่เกี่ยวข้องกับตำแหน่งของวัตถุในภาพ แต่วิธีนี้ก็มีข้อดีในเรื่องของเวลาที่ใช้ประมวลผลเนื่องจากใช้เวลาในการประมวลผลน้อยกว่าวิธีอื่นๆ

4.5.2 การประมาณค่าในช่วงแบบลิเนียร์ (Linear Interpolation)

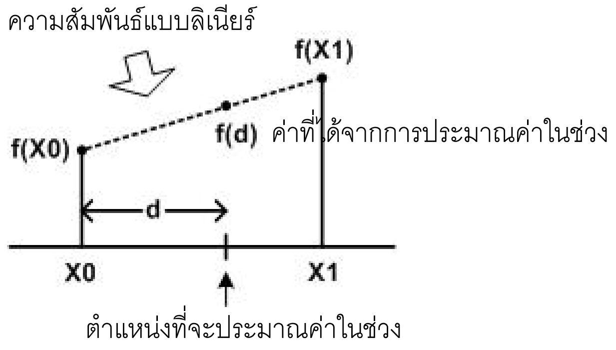
เทคนิคการประมาณค่าในช่วงแบบลิเนียร์เป็นวิธีที่นิยมใช้กันมากที่สุด เมื่อนำไปใช้ในสองมิติจะเรียกวิธีนี้ว่า การประมาณค่าในช่วงแบบไบลิเนียร์ (Bilinear Interpolation) และในทำนองเดียวกันถ้านำไปใช้ในสามมิติเรียกว่า การประมาณค่าในช่วงแบบไตรลิเนียร์ (Trilinear Interpolation) การประมาณค่าในช่วงแบบลิเนียร์นี้จะให้ภาพผลลัพธ์ที่มีคุณภาพดีกว่าการประมาณค่าในช่วงแบบเนียเรสเนบอร์โดยวิธีนี้จะทำการประมาณจากจุด 4 จุดที่ล้อมรอบจุดที่ต้องการ และสมมติให้จุดที่อยู่ล้อมรอบจุดที่ต้องการประมาณค่าในช่วงนี้มีความสัมพันธ์กันแบบเชิงเส้น (Linear relationship) ดังรูปที่ 4.12

จากรูปที่ 4.12 จะพบว่า ค่าที่ถูกประมาณค่าในช่วงจะอยู่บนเส้นที่ลากระหว่างจุดสองจุด ดังสมการที่4.34

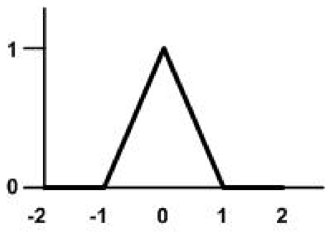
$$f(d) = \frac{f(x_1) - f(x_0)}{x_1 - x_0} \cdot d + f(x_0) \qquad (4\text{-}34)$$

เมื่อ d คือระยะทางระหว่างจุดที่ตำแหน่ง x_0 กับจุดในตำแหน่งที่ต้องการประมาณค่าในช่วง โดยทั่วไปแล้วระยะห่างระหว่าง x_0 และ x_1 จะมีค่าคงที่และเท่ากันตลอด (ปกติมีค่าเท่ากับหนึ่ง) จะ

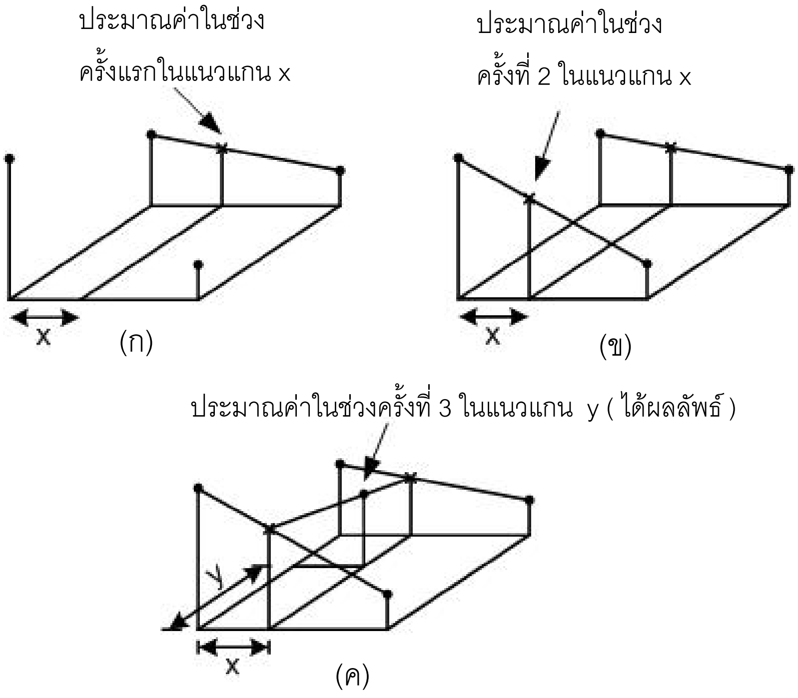
ได้ลักษณะของเคอร์เนลของการประมาณค่าในช่วงแบบลิเนียร์ดังรูปที่ 4.13



รูปที่ 4.12 การประมาณค่าในช่วงแบบลิเนียร์



รูปที่ 4.13 เคอร์เนลของการประมาณค่าในช่วงแบบลิเนียร์

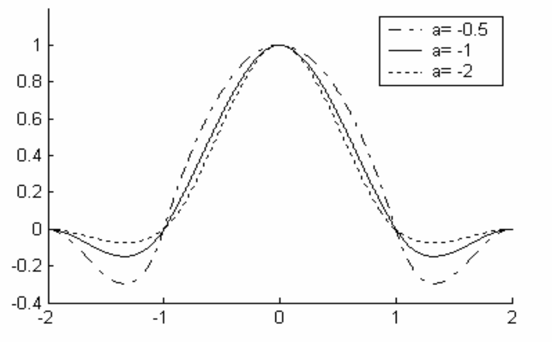


รูปที่ 4.14 ขั้นตอนการประมาณค่าในช่วงแบบไบลิเนียร์ 3 ขั้นตอน

การประมาณค่าในช่วงแบบลิเนียร์สามารถนำไปใช้ในมิติที่สูงขึ้นได้อย่างง่าย พิจารณารูปที่ 4.14 เป็นลักษณะการประมาณค่าในช่วงในสองมิติหรือการประมาณค่าในช่วงแบบไบลิเนียร์ ทำได้โดยเริ่มจากการหาจุดที่ทราบค่า 4 จุดที่อยู่รอบข้างจุดที่ต้องการประมาณค่าในช่วง จากนั้นทำการประมาณค่าในช่วงในแนวแกน X ซึ่งผลลัพธ์ที่ได้จะนำไปใช้ประมาณค่าในช่วงในแนวแกน Y ต่อไป ดังแสดงในรูปที่ 4.14 (ก), 4.14 (ข) และ 4.14 (ค) ตามลำดับ

4.5.3 การประมาณค่าในช่วงแบบคิวบิคคอนโวลูชัน(Cubic Convolution)

การประมาณค่าในช่วงแบบคิวบิคคอนโวลูชันเป็นวิธีที่ให้คุณภาพของภาพผลลัพธ์สูงกว่าการประมาณค่าในช่วงแบบลิเนียร์ แต่ใช้การคำนวณที่มากกว่า รูปที่ 4.15 แสดงลักษณะของเคอร์เนลของการประมาณค่าในช่วงที่ใช้ในการประมาณค่าในช่วงแบบนี้ สังเกตได้ว่าเคอร์เนลมีค่าในช่วงกว้าง 4 หน่วย ในขณะที่แบบลิเนียร์มีเพียง 2 หน่วย นั่นคือ การประมาณค่าในช่วงแบบลิเนียร์จะคำนวณค่าใหม่จากการใช้จุดข้างเคียง 2 จุด ส่วนการประมาณค่าในช่วงแบบคิวบิคคอนโวลูชันจะคำนวณค่าใหม่จากจุดข้างเคียงข้างละ 2 จุด รวมเป็น 4 จุด สำหรับประมาณค่าในช่วงในหนึ่งมิติ



รูปที่ 4.15 เคอร์เนลของการประมาณค่าในช่วงแบบคิวบิคคอนโวลูชัน

การประมาณค่าในช่วงแบบคิวบิคคอนโวลูชันจะมี a เป็นตัวแปรที่สำคัญซึ่งใช้สำหรับควบคุมรูปร่างและความชันของเคอร์เนล โดยลักษณะของเคอร์เนลที่แสดงดังรูปที่ 4.15 จะเห็นได้ว่าเมื่อ a มีค่าเป็นลบเพิ่มขึ้น รูปร่างของเคอร์เนลจะชันและกินบริเวณออกไปด้านข้างมากขึ้น นิยามของฟังก์ชันคิวบิคคอนโวลูชันแสดงดังสมการที่ 4-35

$$f(x)=\begin{cases}(a+2)|x|^3-(a+3)|x|^2+1 & ;\ 0\le x\le 1\\ a|x|^3-5a|x|^2+8a|x|-4a & ;\ 1\le x\le 2\\ 0 & ;\ |x|\ge 2\end{cases} \tag{4-35}$$

ในทางปฏิบัติแล้วค่า a จะอยู่ระหว่าง -3 กับ 0 ซึ่งภาพผลลัพธ์จะเบลอมากขึ้นเมื่อ a มีค่าเข้าใกล้ 0 และจะคมชัดขึ้นเมื่อ a มีค่าเข้าใกล้ -3 โดยปกติเมื่อใช้ $a = -0.5$ จะให้ผลลัพธ์ที่ดีที่สุด พิจารณารูปที่ 4.16 เมื่อ d คือระยะทางระหว่างจุดที่ตำแหน่ง x_0 กับจุดในตำแหน่งที่ต้องการประมาณค่าในช่วง จะได้สมการการประมาณค่าในช่วงในรูปสัมประสิทธิ์ของเคอร์เนลที่จุด d ดังนี้

$$f(d) = c_0 \cdot p_0 + c_1 \cdot p_1 + c_2 \cdot p_2 + c_3 \cdot p_3 \tag{4-36}$$

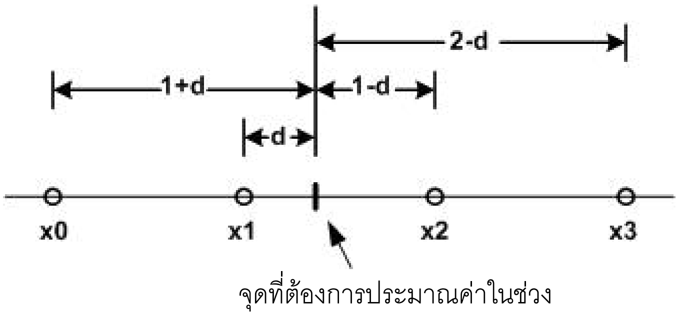
เมื่อ p_0, p_1, p_2 และ p_3 คือค่าของฟังก์ชันที่จุด x_0, x_1, x_2 และ x_3 ส่วน c_0, c_1, c_2 และ c_3 คือค่าสัมประสิทธิ์ของเคอร์เนลซึ่งสามารถคำนวณได้ดังนี้

$$\begin{aligned} c_0 &= a(1+d)^3 - 5a(1+d)^2 + 8a(1+d) - 4a \\ &= ad^3 - 2ad^2 + ad \end{aligned} \tag{4-37}$$

$$c_1 = (a+2)d^3 - (a+3)d^2 + 1 \tag{4-38}$$

$$\begin{aligned} c_2 &= (a+2)(1-d)^3 - (a+3)(1-d)^2 + 1 \\ &= -(a+2)d^3 + (2a+3)d^2 - ad \end{aligned} \tag{4-39}$$

$$\begin{aligned} c_3 &= a(2-d)^3 - 5a(2-d)^2 + 8a(2-d) - 4a \\ &= -ad^3 + ad^2 \end{aligned} \tag{4-40}$$



รูปที่ 4.16 การประมาณค่าในช่วงแบบคิวบิคคอนโวลูชันที่จุด d

4.6 การวิเคราะห์องค์ประกอบหลัก (principal component analysis : PCA)

การวิเคราะห์องค์ประกอบหลัก เป็นวิธีทางสถิติ ซึ่งเคยใช้ในการอธิบายพื้นที่ข้อมูลขนาดใหญ่ร่วมกับการจัดตั้งความสัมพันธ์เล็กๆของเวกเตอร์ PCA เป็นวิธีที่ได้รับความนิยมทั่วไปสำหรับค้นหารูปแบบในข้อมูลที่มีมิติสูง ในหัวข้อนี้เราจะกล่าวถึงหลักการพื้นฐานและการประยุกต์ใช้งานในการจดจำรูปแบบ

4.6.1 หลักการพื้นฐานของการ วิเคราะห์องค์ประกอบหลัก

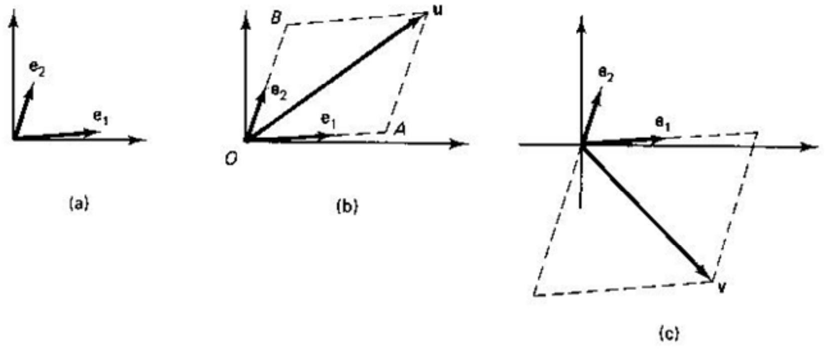
จากทฤษฎีพื้นฐานของเวกเตอร์เราทราบว่าเวคเตอร์ใดในเวกเตอร์สเปซ R^k เราสามารถเขียนอยู่ในรูปผลรวมเชิงเส้นถ่วงน้ำหนักของเวกเตอร์พื้นฐานที่เรียกว่าเบซิกดังสมการ

$$\vec{u} = \alpha_1 \vec{e_1} + \alpha_1 \vec{e_2} + \ldots + \alpha_k \vec{e_k} \qquad (4\text{-}40)$$

โดยที่สัมประสิทธ์ α_k สามารถหาได้จาก

$$\alpha_1 = \frac{\vec{u}.\vec{e_1}}{\vec{e_1}.\vec{e_1}}, \alpha_2 = \frac{\vec{u}.\vec{e_2}}{\vec{e_2}.\vec{e_2}}, \ldots, \alpha_k = \frac{\vec{u}.\vec{e_k}}{\vec{e_k}.\vec{e_k}} \qquad (4\text{-}41)$$

สมการ(4-41) อาจมองว่าสัมประสิทธิ์ α_k ได้จากการโปรเจ็คชันเวกเตอร์ $\vec{u}$ ลงบนเบซิก $\vec{e}_k$ นอร์มอไลซ์ด้วยขนาดของเบซิก $\vec{e}_k$ รูปที่4.17 (a) แสดง 2 เบซิกใน R^k รูปที่4.17 (b) แสดงให้เห็นว่าเวกเตอร์ $\vec{u} = 1.6\vec{e_1} + 2\vec{e_2}$ และรูปที่4.17 (c) แสดงให้เห็นว่าเวคเตอร์ $\vec{v} = 1.6\vec{e_1} + 2\vec{e_2}$



รูปที่ 4.17 เบซิกใน R^k

กรณีที่เบซิก $\left\{\vec{e}_1, \vec{e}_2, ..., \vec{e}_k\right\}$ ที่มีคุณสมบัติออโธกอนอลกล่าว คือ

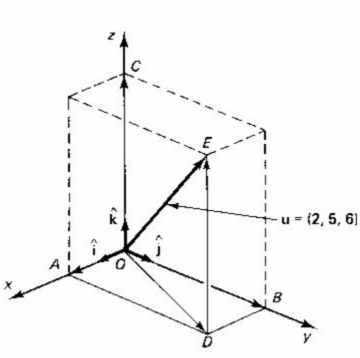
$$\vec{e}_1 . \vec{e}_2 = 0 \tag{4-41}$$

และถ้าขนาดของเบซิกเท่ากับ 1 ด้วยนั่นคือ

$$\left\| \vec{e}_1 . \vec{e}_2 \right\| = 1 \tag{4-42}$$

เรากล่าวว่าเบซิกมีคุณสมบัติออโธนอมอล

ตัวอย่างของเบซิลที่รู้จักดีที่มีคุณสมบัติออโธนอมอลคือ $\vec{i}$, $\vec{j}$ และ $\vec{k}$ ในเวกเตอร์สเปซ R^3



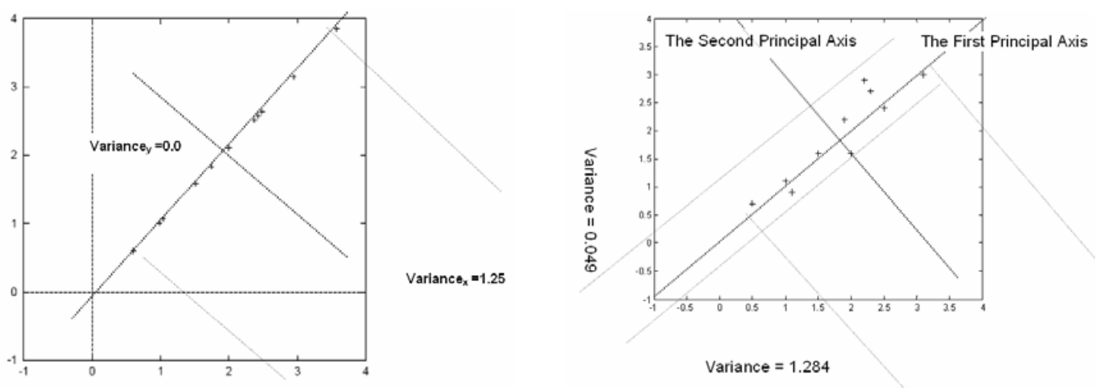
รูปที่ 4.18 เบซิก $\vec{i}$, $\vec{j}$ และ $\vec{k}$

รูปที่ 4.18 แสดงเบซิก $\vec{i}$, $\vec{j}$ และ $\vec{k}$ เราเห็นว่าเวคเตอร์ $\vec{u} = (2,5,6)$ สามารถเขียนในรูปเวคเตอร์

$$\vec{u} = 2\vec{e}_1 + 5\vec{e}_2 + 6\vec{e}_k$$

หาสัมประสิทธิ์จาก

$$\alpha_1 = \vec{u} . \vec{i} = (2,5,6).(1,0,0) = 2$$
$$\alpha_2 = \vec{u} . \vec{j} = (2,5,6).(0,1,0) = 5$$
$$\alpha_3 = \vec{u} . \vec{k} = (2,5,6).(0,0,1) = 6$$



(a) (b)

รูปที่ 4.19 (a) เวคเตอร์สเปซเดิม (b) เวคเตอร์สเปซใหม่

พิจารณาซีเคว็นของเวคเตอร์ในเวคเตอร์สเปซ R^2 ดังแสดงในรูปที่ 4.19 (a) สัมประสิทธิ์ α_1 และ α_2 มีค่าวาเรียนซ์เท่ากับ 0.6166 และ 0.7166 ตามลำดับ หลักการของ PCA ก็คือ เราสามารถเขียนแทนเวคเตอร์ในเวคเตอร์สเปซ R^2 ที่มีเบซิก $\vec{i}$ และ $\vec{j}$ ด้วยเวคเตอร์สเปซ R^2 ใหม่ ที่มีเบซิก เป็น $\vec{e}_1$ และ $\vec{e}_2$ โดยที่เวคเตอร์สเปซใหม่นี้จะมีจุดกำเนิดอยู่จุดศูนย์กลางของเวกเตอร์และทิศทางของ $\vec{e}_1$ ชี้ไปในทิศที่ทำให้ค่าวาเรียนซ์ของสัมประสิทธิ์ α_1 ของเซ็ทเวคเตอร์มีค่าวาเรียนซ์สูงสุด และ $\vec{e}_1 . \vec{e}_2$ มีคุณสมบัติออโธกอนอล และเราเรียก $\vec{e}_1$ ว่าเป็นแกนหลักที่1 และ $\vec{e}_2$ เป็นแกนหลักที่2 รูปที่ 4.19 (b) แสดงเวคเตอร์สเปซใหม่ สัมประสิทธิ์ α_1 และ α_2 ในเวคเตอร์สเปซใหม่ มีค่าวาเรียนเท่ากับ 1.284และ0.049 ตามลำดับ

ในทางปฏิบัติเบซิกใหม่ $\vec{e}_1$ และ $\vec{e}_2$ สามารถหาได้จากการคำนวณไอแกนเวกเตอร์(Eigen Vector) และ ไอแกนแวรลู(Eigen Value) ของโควาเรียนซ์เมทริกซ์ C โดยที่โควาเรียนเมทริกซ์ C ถูกนิยามดังนี้

$$C = \begin{bmatrix} \text{cov}(X,X) & \text{cov}(Y,X) \\ \text{cov}(X,Y) & \text{cov}(Y,Y) \end{bmatrix} \qquad (4\text{-}43)$$

โดยที่

$$X = [X_1, X_2 ..., X_k]^T$$
$$Y = [Y_1, Y_2 ..., Y_k]^T$$

$$\text{cov}(X,Y) = \sum_{i=1}^{k} (x_i - \mu_x)(y_i - \mu_y) \qquad (4\text{-}44)$$

และโดยที่

$$\mu_x = \frac{1}{K}\sum_{i=1}^{k} x_i \ ; \ \mu_y = \frac{1}{K}\sum_{i=1}^{k} y_i \qquad (4\text{-}45)$$

บันทึกไว้ว่า

$$\text{var}\,ince(X) = \sum_{i=1}^{k} (x_i - \mu_x)(x_i - \mu_x)$$

$$\text{cov}(X,X) = \sum_{i=1}^{k} (x_i - \mu_x)(x_i - \mu_x) = \text{var}\,ince(X)$$

ไอแกนเวคเตอร์ที่สอดคล้องกับไอแกนแวลูที่มีค่ามากที่สุดคือ แกนหลักที่1($\vec{e}_1$) และไอแกนเวคเตอร์ที่สอดคล้องกับ กับไอแกนแวลูที่มีค่าน้อยลงมาคือแกนหลักที่2 ($\vec{e}_2$)

4.6.2 การวิเคราะห์องค์ประกอบข้อมูล (Component Analysis)

การวิเคราะห์องค์ประกอบข้อมูล คือ วิธีการระบุรูปแบบและแสดงข้อมูลในวิธีการที่จะเน้นให้เห็นถึงความเหมือนหรือความแตกต่างของข้อมูลนั้นๆ ซึ่งมีวิธีการทำดังต่อไปนี้

4.6.2.1 การสร้างฐานข้อมูลการเรียนรู้เม็ดเลือดขาว (White Blood Cell Data Training)

1. นำข้อมูลของภาพ(พิจารณาที่องค์ประกอบภาพสีเขียว)มาจัดเรียงเป็นเวกเตอร์ตามรูปที่ 4.17 ซึ่งสามารถเขียนเป็นสมการได้ตามสมการที่ 4-46 เห็นได้ว่าข้อมูลจะอยู่ในรูปของเวคเตอร์เรียงจากซ้ายไปขวาและจากบนลงล่างของภาพข้อมูล

$$\begin{bmatrix} f_i(1,1) & f_i(1,2) & f_i(1,3) \\ f_i(2,1) & f_i(2,2) & f_i(2,3) \\ f_i(3,1) & f_i(3,2) & f_i(3,3) \end{bmatrix}$$

$$\Downarrow$$

$$t_i = \begin{bmatrix} f_i(1,1) & f_i(1,2) & f_i(1,3) & f_i(2,1) & f_i(2,2) & f_i(2,3) & f_i(3,1) & f_i(3,2) & f_i(3,3) \end{bmatrix}$$

รูปที่ 4.20 แสดงรูปแบบการจัดวางข้อมูลของการกระจายความเข้ม

$$A = \begin{bmatrix} t_{11} & t_{12} & \cdots & t_{1j} & t_{1M} \\ t_{21} & t_{22} & \cdots & t_{2j} & t_{2M} \\ \vdots & \vdots & \vdots & \vdots & \vdots \\ t_{i1} & t_{i2} & \cdots & t_{ij} & t_{iM} \\ t_{N1} & t_{N2} & \cdots & t_{Nj} & t_{NM} \end{bmatrix}_{N\times M} \quad (4\text{-}46)$$

2. หาค่า ψ ในแต่ละหลักของเมตริกซ์A ในตามสมการที่ 4-47 จะได้เมตริกซ์ ψ ซึ่งมีขนาดเท่ากับ 1 x M เมื่อ ψ คือค่าเฉลี่ยของข้อมูลในแต่ละหลักของเมตริกซ์A

$$\psi = \frac{1}{N}\sum_{i=1}^{N} t_i \quad (4\text{-}47)$$

3. หาค่า ϕ_{ij} จากสมการที่ 4-48 จะได้เมตริกซ์ ϕ ซึ่งมีขนาดเท่ากับเมตริกซ์ A เมื่อ i = 1 ถึง N และ j = 1 ถึง M เมื่อ ϕ_{ij} คือค่าผลต่างระหว่างข้อมูลกับค่าเฉลี่ยข้อมูลในแต่ละหลัก

$$\phi_{ij} = t_{ij} - \psi_j \quad (4\text{-}48)$$

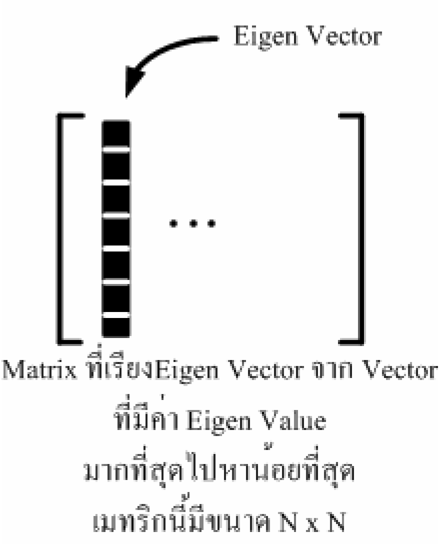
4. สร้างโควาเรียนเมตริกซ์(Covariant Matrix, C) เพื่อใช้ในการคำนวณไอเก้นเมตริกซ์ตามสมการที่ 4-49

$$C = \phi \cdot \phi^{T} \quad (4\text{-}49)$$

5. คำนวณหาไอเก้นจากสมการที่ 4-50 จะได้ค่าไอเก้นแวลู (Eigen Value) และไอเก้นเวคเตอร์ (Eigen Vector) ของโควาเรียนเมตริกซ์(Covariant Matrix) C

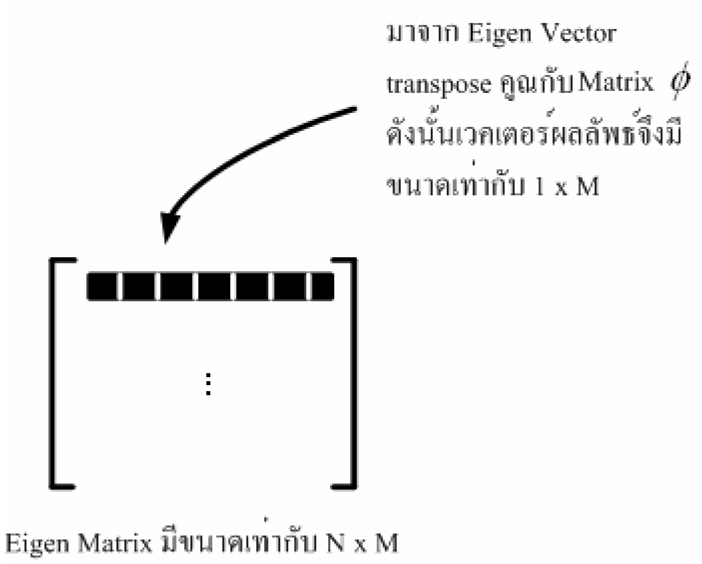
$$C \cdot v_i = \lambda_i \cdot v_i \quad (4\text{-}50)$$

6. ไอเก้นเวคเตอร์ (Eigen Vector) ที่มีค่าไอเก้นแวลู (Eigen Value) ที่มีค่าสูงสุดนั้นคือส่วนประกอบหลักของชุดข้อมูล สร้างเมทริกเฉพาะ (Feature Matrix) โดยจัดรูปแบบของไอเก้นเวคเตอร์ (Eigen Vector) ใหม่โดยเรียงลำดับจากเวคเตอร์ที่มีค่าไอเก้นสูงสุดไปถึงเวคเตอร์ไอเกนที่มีค่าไอเกนต่ำสุด โดยสามารถตัดเวคเตอร์ที่มีค่าไอเก้นน้อยมากๆออกไปได้ ดังรูปที่ 4.21



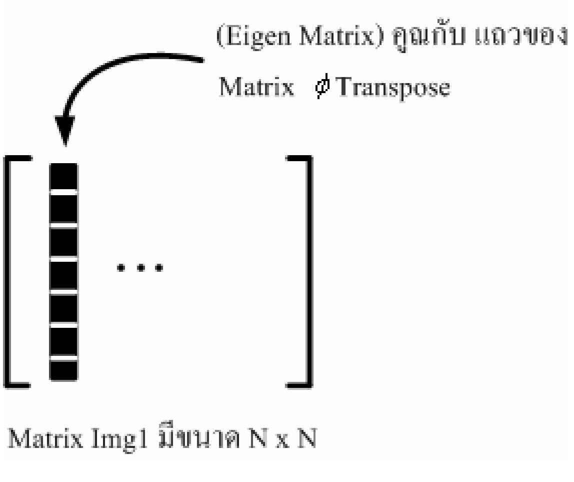
รูปที่ 4.21 เมทริกเฉพาะ (Feature Matrix)

7. สร้างไอเก้นเมตริกซ์(Eigen Matrix) E ใหม่จากรูปที่ 4.22



รูปที่ 4.22 ไอเก้นเมตริกซ์(Eigen Matrix) E

8. สร้างเมตริกซ์Img1 ตามรูปที่ 4.23



รูปที่ 4.23 เมตริกซ์Img1

9. สร้างเมทริกของข้อมูลองค์ประกอบหลัก IMG2 เพื่อใช้เป็นข้อมูลเก็บไว้เพื่อจะนำมาใช้ในการระบุชนิดในการบวนการระบุชนิดตามสมการที่ 4-51

$$IMG2 = \frac{img1_{ij}}{norm} \tag{4-51}$$

เมื่อ

$img1_{ij}$ คือ สมาชิกของเมตริกซ์IMG1 เมื่อ i = 1 ถึง N และ j = 1 ถึง M

$norm = \sqrt{\sum_{i}^{N} \left(img_{ij}\right)^2}$

จากกระบวนการข้างต้นเป็นขั้นตอนในส่วนของการสร้างข้อมูลเรียนรู้เพื่อใช้ในการเปรียบเทียบกับข้อมูลทดสอบที่จะกล่าวในขั้นตอนต่อไป

4.6.2.2 การสร้างข้อมูลภาพทดสอบของเม็ดเลือดขาว (White Blood Cell Data Testing)

การระบุชนิดของภาพทดสอบมีวิธีการดังต่อไปนี้คือ

1. กำหนดให้ภาพข้อมูลทดสอบ(พิจารณาที่องค์ประกอบภาพสีเขียว)ที่ต้องการทราบชนิด จัดเรียงเป็นเวกเตอร์ดังสมการที่ 4-52 เป็นเมตริกซ์B ซึ่งมีขนาด 1 x M

$$B = \lfloor t_1 \quad t_j \quad \ldots \quad t_M \rfloor \text{ เมื่อ } j = 1 \text{ ถึง } M \tag{4-52}$$

2. หาค่าเมตริกซ์D ข้อมูล จากสมการที่ 4-53 เมื่อ D คือผลต่างระหว่างข้อมูลกับค่าเฉลี่ยข้อมูล ψ

$$D = B - \psi \tag{4-53}$$

โดยที่

ψ ค่าเฉลี่ยที่นำมาจากกระบวนการวิเคราะห์หาองค์ประกอบข้อมูล

3. สร้างเมตริกซ์IMG1 ขึ้นใหม่จากสมการที่ 4-54

$$IMG1 = E \times D^{T} \tag{4-54}$$

เมื่อ

E ไอเก้นเมตริกซ์ที่นำมาจากกระบวนการวิเคราะห์หาองค์ประกอบข้อมูล

4. สร้างเมตริกซ์IMG3 จากสมการที่ 4-55 โดยที่ $img1_{ij}$ เป็นสมาชิกของ IMG1 ที่สร้างขึ้นมาใหม่

$$IMG3 = \frac{img1_{ij}}{norm} \tag{4-55}$$

เมื่อ

$img1_{ij}$ คือ สมาชิกของเมตริกซ์IMG1 เมื่อ i = 1 ถึง N และ j = 1 ถึง M

$norm = \sqrt{\sum_{i}^{N} \left(img_{ij}\right)^{2}}$

4.6.2.3 การระบุชนิดเม็ดเลือดขาว (White Blood Cell Identify)

ในการระบุชนิดเม็ดเลือดขาวทำได้โดยอาศัยการหาค่าความแตกต่างของข้อมูลซึ่งสามารถทำได้ 2วิธีได้ดังนี้

ก.) การหาผลรวมสูงสุด เป็นการระบุชนิดของข้อมูลที่นำมาทดสอบได้จากสมการที่ 4-56 โดยเมทริกผลลัพธ์จะมีขนาดเท่ากับ 1 x N ซึ่งตำแหน่งที่มีค่าคำตอบมากที่สุดในเมทริกผลลัพธ์นั้นเป็นตัวระบุชนิด

$$result = IMG3^{T} \times IMG2 \tag{4-56}$$

เมื่อ

result คือ เมทริกซ์ผลลัพธ์ของการวิเคราะห์ข้อมูล

ข.) การหาค่าผลต่าง เป็นการระบุชนิดของข้อมูลที่นำมาทดสอบได้จากสมการที่ 4-57 โดยเมทริกผลลัพธ์จะมีขนาดเท่ากับ 1 x N ซึ่งตำแหน่งที่มีค่าคำตอบน้อยที่สุดในเมทริกผลลัพธ์นั้นเป็นตัวระบุชนิด

$$result^{2} = \left\| IMG3 - IMG2 \right\|^{2} \tag{4-57}$$

เมื่อ

result คือ เมทริกซ์ผลลัพธ์ของการวิเคราะห์ข้อมูล

บทที่ 5
ขั้นตอนการทดลอง

5.1 บทนำ

ในงานวิจัยนี้ได้ทำการพัฒนาโปรแกรมคอมพิวเตอร์โดยใช้เทคนิคและอัลกอริธึมต่าง ๆ ดังที่อธิบายในบทที่ 3 ถึงบทที่ 4 พัฒนาโปรแกรมด้วยภาษา MATLAB Version 6.1 บนระบบปฏิบัติการ Microsoft Windows xp เครื่องคอมพิวเตอร์ที่ใช้พัฒนาและทดสอบโปรแกรมเป็นเครื่อง PC รุ่น Pentium 4 มีหน่วยความจำหลัก 128 MB

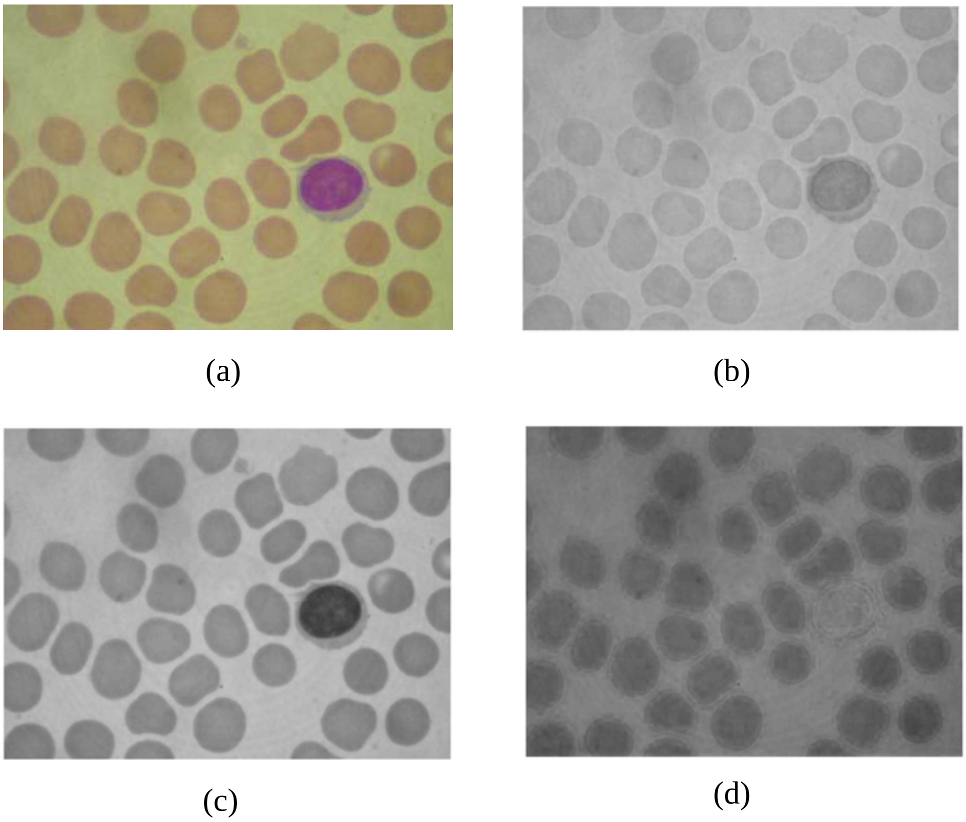
ภาพเม็ดเลือดขาวที่ใช้ในการทดลอง เป็นภาพที่ได้จากสเมียร์เลือดของคนปกติที่เตรียมโดยวิธีสไลด์ (Slide method) และย้อมด้วย Wright's stain May-Grünwald-Giemsa's stain โดยถ่ายภาพจากกล้องจุลทัศน์และเก็บเป็นภาพสี ไฟล์จุด jpg (*.jpg) มีความละเอียดของจุดภาพ 480×640 จุด และระยะโฟกัสเป็น 3.6 เซนติเมตร โดยถ่ายภาพสเมียร์เลือดในบริเวณที่เหมาะสมและเลือกเม็ดเลือดขาวที่นิวเคลียสอยู่ตรงกลางเซลล์ ซึ่งมีเม็ดเลือดขาวหนึ่งเซลล์ในภาพ ชุดของภาพเม็ดเลือดขาวทั้งหมดที่ใช้นั้นได้ทำการจำแนกชนิดไว้ก่อนอย่างถูกต้องโดยผู้เชี่ยวชาญ เพื่อนำมาใช้เป็นตัวอย่างในการทดลอง และใช้เปรียบเทียบกับผลที่ได้จากการทดลอง

โดยมีขั้นตอนการดำเนินงานดังต่อไปนี้

5.2 การแยกภาพเม็ดเลือดขาวออกจากพื้นหลัง (Segmentation)

5.2.1 พิจารณาภาพในแต่ละองค์ประกอบสี

จากแฟ้มข้อมูลภาพ แยกพิจารณาเป็น 3 องค์ประกอบ คือสีแดง สีเขียว และสีน้ำเงินตามลำดับ ผลที่ได้คือ เกรย์สเกล ของแต่ละองค์ประกอบสี เมื่อวิเคราะห์ฮีสโทรแกรมของเกรย์สเกลในแต่ละองค์ประกอบของภาพจำนวน 30 ภาพ ซึ่งครอบคลุมเม็ดเลือดขาวทั้ง 5 ชนิด พบว่าโทนสีเขียวเป็นโทนสีที่เห็นความแตกต่างระหว่างเม็ดเลือดขาวกับส่วนอื่นของภาพชัดเจนที่สุด แสดงได้ดังรูปที่ 5.1



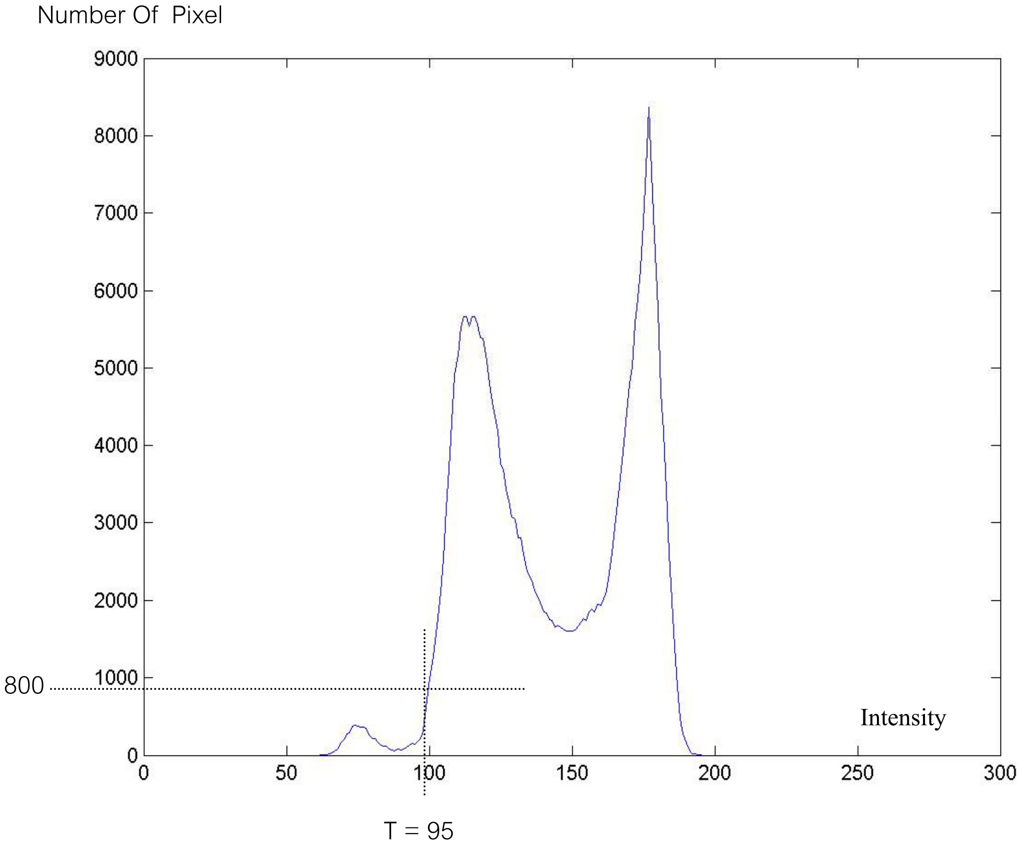
รูปที่ 5.1 ภาพในแต่ละองค์ประกอบสี (a) 3 องค์ประกอบสี (b) องค์ประกอบสีแดง (c) องค์ประกอบสีเขียว (d) องค์ประกอบสีน้ำเงิน

5.2.2 การตัดระดับเทรชโฮลด์

จากภาพถ่ายของเม็ดเลือดขาว ที่เป็นเกรย์สเกลในโทนสีเขียว ซึ่งมีความเข้ม 256 ระดับ โดยค่าที่เก็บในแต่ละจุดภาพ จะเป็นค่าของระดับความสว่างซึ่งจะมีทั้งหมด 256 ระดับเช่นกัน โดยพื้นสีขาวจะแทนด้วยค่าความสว่าง 255 ส่วนสีดำจะมีค่าความสว่างเป็น 0 ดังนั้นบริเวณพื้นหลังของภาพซึ่งเป็นสีขาว จะมีระดับความสว่างสูง ส่วนบริเวณนิวเคลียสซึ่งเป็นสีเทาดำ จะมีระดับความสว่างต่ำ การแยกส่วนของนิวเคลียสออกจากพื้นหลังนั้น ทำได้โดยการกำหนดค่า เทรสโฮลด์ที่เหมาะสม ซึ่งค่าเทรสโฮลด์นี้จะเป็นตัวกำหนดว่าจุดภาพใด ๆ ซึ่งมีความสว่างสูงกว่าค่าเทรชโฮลด์ จะเป็นส่วนของพื้นหลัง ส่วนจุดภาพซึ่งมีความสว่างต่ำกว่าเทรชโฮลด์ จะเป็นส่วนของนิวเคลียสของเม็ดเลือดขาว

วิธีการโดยทั่วไปสำหรับการหาค่าเทรชโฮลด์ของภาพเกรย์สเกล ทำได้โดยสร้างฮีสโตแกรมของค่าความสว่างแต่ละค่าของจุดภาพ โดยนำมาสร้างกราฟแสดงความสัมพันธ์ระหว่าง ระดับของความสว่าง (แกน x) กับจำนวนของจุดภาพ (แกน y) ดังรูปที่ 5.2 การหาค่าเทรชโฮลด์ (T) ที่

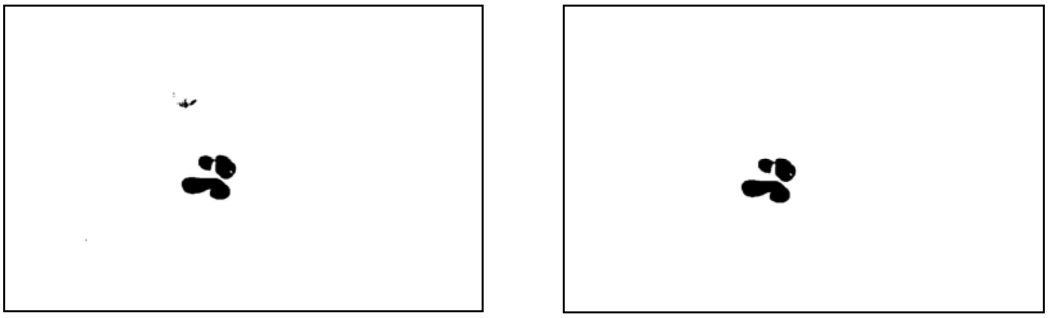
เหมาะสมทำได้โดยใช้เทคนิคการหาค่าระดับความเข้มต่ำที่สุด ซึ่งเป็นจุดเชื่อมต่อระหว่างเส้นกราฟของค่าระดับความเข้มของเม็ดเลือดขาวและค่าระดับความเข้มของเม็ดเลือดแดง



รูปที่ 5.2 การหาค่าเทรชโฮลด์ (T) จากฮีสโตแกรม

5.2.3 การลบข้อมูลส่วนที่ไม่ต้องการ

คือ การลบข้อมูลส่วนที่ไม่ต้องการออกจากภาพ หลังจากการทำเทรชโฮลด์ จะได้บริเวณที่มีสีดำ คือส่วนที่เป็นนิวเคลียส และส่วนที่ไม่ใช่นิวเคลียสติดมาด้วย ดังนั้นเราจึงต้องล้างส่วนที่ไม่ใช่นิวเคลียสออกไป โดยพิจารณาจำนวนจุดภาพแต่ละกลุ่ม ตัวอย่างเช่นถ้ากลุ่มใดมีจำนวนจุดภาพน้อยกว่า 1500 จุดภาพ ให้ล้างออกไป ให้เหลือไว้เฉพาะกลุ่มที่มีจำนวนจุดภาพ 1500 จุดภาพขึ้นไป

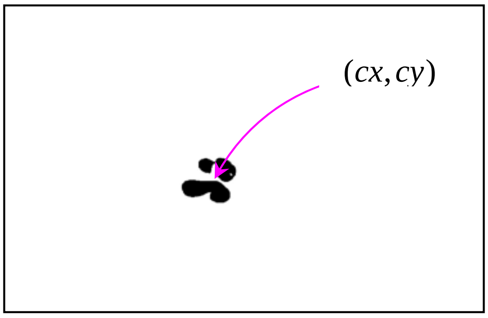


(a) (b)

รูปที่ 5.3 ภาพไบนารีของเม็ดเลือดขาว (a) ภาพหลังจากทำเทรชโฮลด์ (b) ภาพหลังจากการทำ Erosion

5.2.4 หาจุดกึ่งกลางของเม็ดเลือดขาว

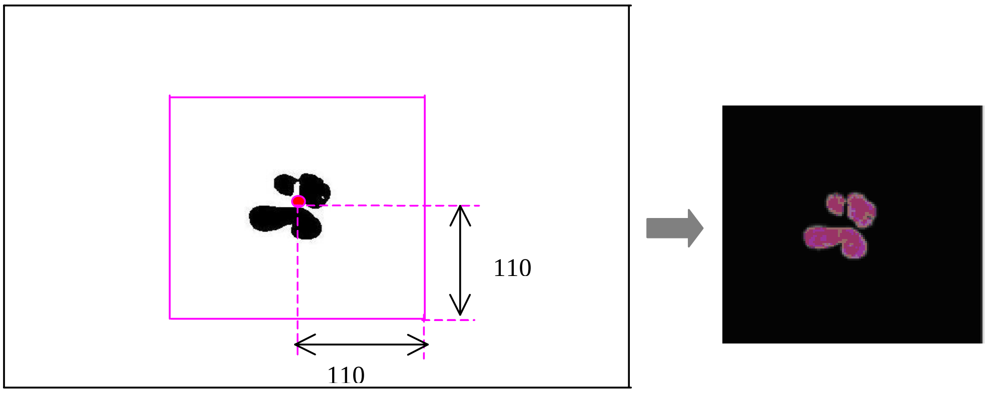
ภาพของนิวเคลียสที่เป็นภาพใน 2 มิติ แต่ละจุดภาพมีพิกัด(x,y) การหาจุดกึ่งกลางของนิวเคลียส (cx,cy) คือการหาตำแหน่งตรงกลางของกลุ่มจุดภาพสีดำนั่นเอง โดย cx เป็นตำแหน่งเฉลี่ยในแนวแกน x และ cy เป็นตำแหน่งเฉลี่ยในแนวแกน y



รูปที่ 5.4 จุดกึ่งกลางของนิวเคลียส

5.2.5 การตัดภาพให้มีขนาดเล็กลง (Extracting small image)

เมื่อรู้ตำแหน่งจุดกึ่งกลางของนิวเคลียสซึ่งเป็นบริเวณที่เราสนใจ ทำการตัดเฉพาะส่วนของนิวเคลียสของเม็ดเลือดขาว เพื่อลดเวลาในการคำนวณ เมื่อทำการพิจารณาภาพต่อไป โดยตัดภาพให้เหลือขนาดเป็น 180×180 จุดภาพ

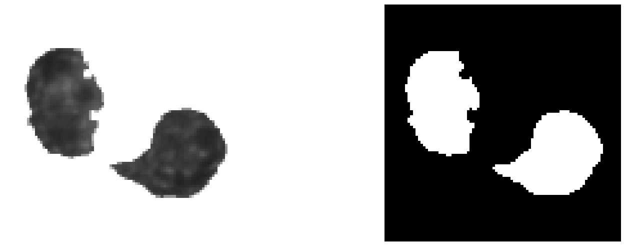


(a) (b)

รูปที่ 5.5 (a) การตัดภาพให้มีขนาดเล็กลง (b) ภาพที่ได้หลังจากทำการแยกบริเวณ

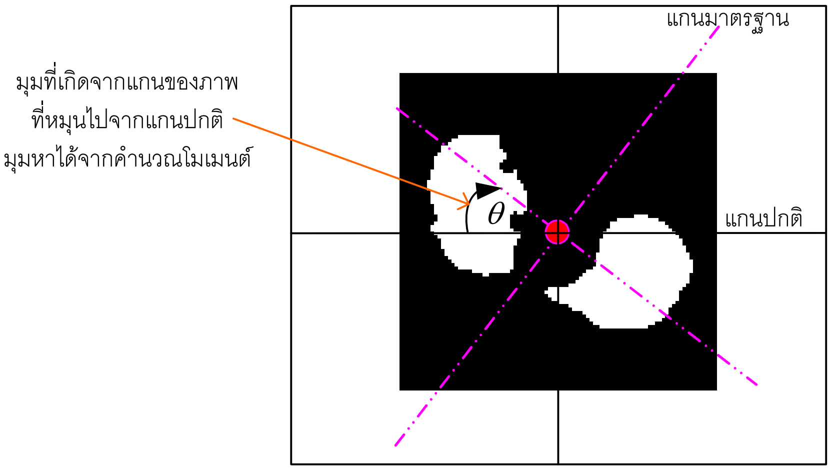
5.3 การจัดเรียงทิศทางให้กับเม็ดเลือดขาว

การจัดเรียงทิศทางของเม็ดเลือดขาว เพื่อทำให้เม็ดเลือดขาวอยู่ในตำแหน่งที่คล้ายคลึงกันนั้น มีความจำเป็นต่อกระบวนการวิเคราะห์องค์ประกอบข้อมูลเนื่องจากกระบวนการ ทำการพิจารณาความเหมือนหรือความแตกต่างของข้อมูล ดังนั้นภายในงานวิจัยนี้จึงนำเอาคุณสมบัติของโมเมนต์เกี่ยวกับระยะทางของภาพแบบไบนารี่มาช่วย ในการจัดเรียงทิศทางโดยการหาแกนมาตรฐานของภาพ



(a) (b)

รูปที่ 5.6 (a)ภาพที่ผ่านการตัดภาพพิจารณาโทนสีเขียว (b)ภาพแบบไบนารี่



รูปที่ 5.7 แสดงแกนของภาพเม็ดเลือดขาว เปรียบเทียบกับแกนปกติ

จากวิธีการของโมเมนต์จะทำให้รู้มุมแกนมาตรฐานของภาพ จากนั้นทำการจัดเรียงทิศทางของให้มีทิศทางคล้ายคลึงกัน โดยเปรียบเทียบกับแกนปกติกับแกนมาตรฐานของภาพ เพื่อทำการหมุนภาพให้แกนของภาพอยู่ในตำแหน่งเดียวกัน ซึ่งส่งผลให้ภาพนั้นมีทิศทางที่เหมือนกันด้วย

5.4 การระบุชนิดของเม็ดเลือดขาวเพื่อนับแยก

ในขั้นตอนนี้จะแบ่งย่อยอีก 2ขั้นตอนคือ การจัดกลุ่มโดยคัดแยกออกเป็นกลุ่มใหญ่ และการวิเคราะห์องค์ประกอบข้อมูล (Component Analysis)

5.4.1 จัดกลุ่มโดยคัดแยกออกเป็นกลุ่มใหญ่

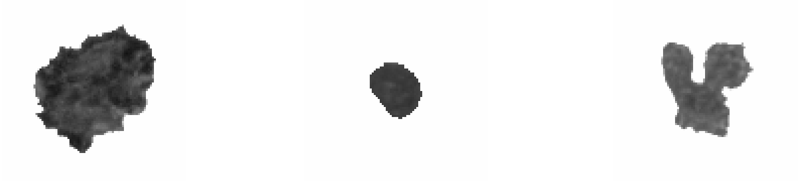
ในขั้นตอนนี้ลักษณะสำคัญของเม็ดเลือดขาว (White Blood Cell Feature) ซึ่งสามารถนำมาใช้ในการแยกชนิดออกเป็นกลุ่มใหญ่นั้น ได้แก่ จำนวนก้อนของนิวเคลียสที่ได้มาจากกระบวนการ ตัดระดับเทรชโฮลด์ ซึ่งสามารถสังเกตจำนวนก้อนของนิวเคลียสได้ชัดเจน จากแนวความคิดของการหาจุดเชื่อมต่อนั้น สามารถใช้วิธีการกำหนดลาเบลของภาพไบนารี(Labeling) เมื่อกำหนดค่าเฉพาะกลุ่มให้กับเม็ดเลือดขาวในภาพนั้นๆ

(a) (b)

(c) (d)

รูปที่ 5.8 (a) ตัวอย่างของภาพไบนารี่ (b) ภาพที่ผ่านกระบวนการกำหนดลาเบล (c)และ(d) ผลที่ได้จากการกำหนดลาเบล

ทำให้เราสามารถแยกเม็ดเลือดขาวออกเป็น2ชนิดใหญ่ คือกลุ่มของ นิวเคลียสก้อนเดี่ยว อันได้แก่ เบโสฟิล (Basophil), ลิมโฟซัยท์ (Lymphocyte) และโมโนซัยท์ (Monocyte) ส่วนที่เหลือเป็นจำพวกที่นิวเคลียสที่มากกว่าหนึ่ง ได้แก่ อีโอสิโนฟิล (Eosinophil) และนิวโตรฟิล (Neutrophil)



(a) (b) (c)

(c) (d)

รูปที่ 5.9 แสดงการแบ่งออกเป็น 2 ประเภท

นิวเคลียสก้อนเดี่ยวได้แก่ (a) เบโสฟิล (b) ลิมโฟซัยท์ (c) โมโนซัยท์

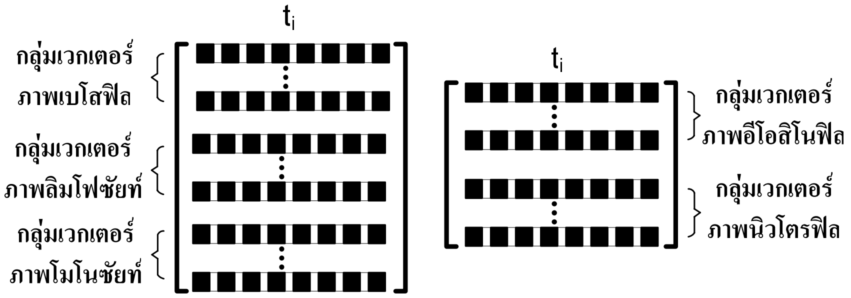
นิวเคลียสที่มากกว่าหนึ่ง ได้แก่ (d) อีโอสิโนฟิล (e) นิวโตรฟิล

5.4.2 ระบุชนิดด้วยการวิเคราะห์องค์ประกอบข้อมูล (Component Analysis)

ในกระบวนการนี้เป็นเป็นส่วนที่ใช้ในการระบุชนิดของเม็ดเลือดขาว เพื่อทำการนับแยก ซึ่งใช้การวิเคราะห์องค์ประกอบข้อมูลแปลงภาพให้อยู่ในลักษณะเด่นเฉพาะตัวของเม็ดเลือดขาวนั้นๆ โดยข้อมูลที่ได้จะเป็นเลขลักษณะเด่นเฉพาะตัวของเม็ดเลือดขาว ขั้นตอนการระบุชนิดเม็ดเลือดขาว แบ่งออกเป็น 3ขั้นตอนหลัก คือ กระบวนการสร้างข้อมูลเรียนรู้ (Training Process), กระบวนการสร้างข้อมูลทดสอบ (Testing Process) และขั้นตอนระบุชนิดด้วยการหาผลต่างข้อมูล

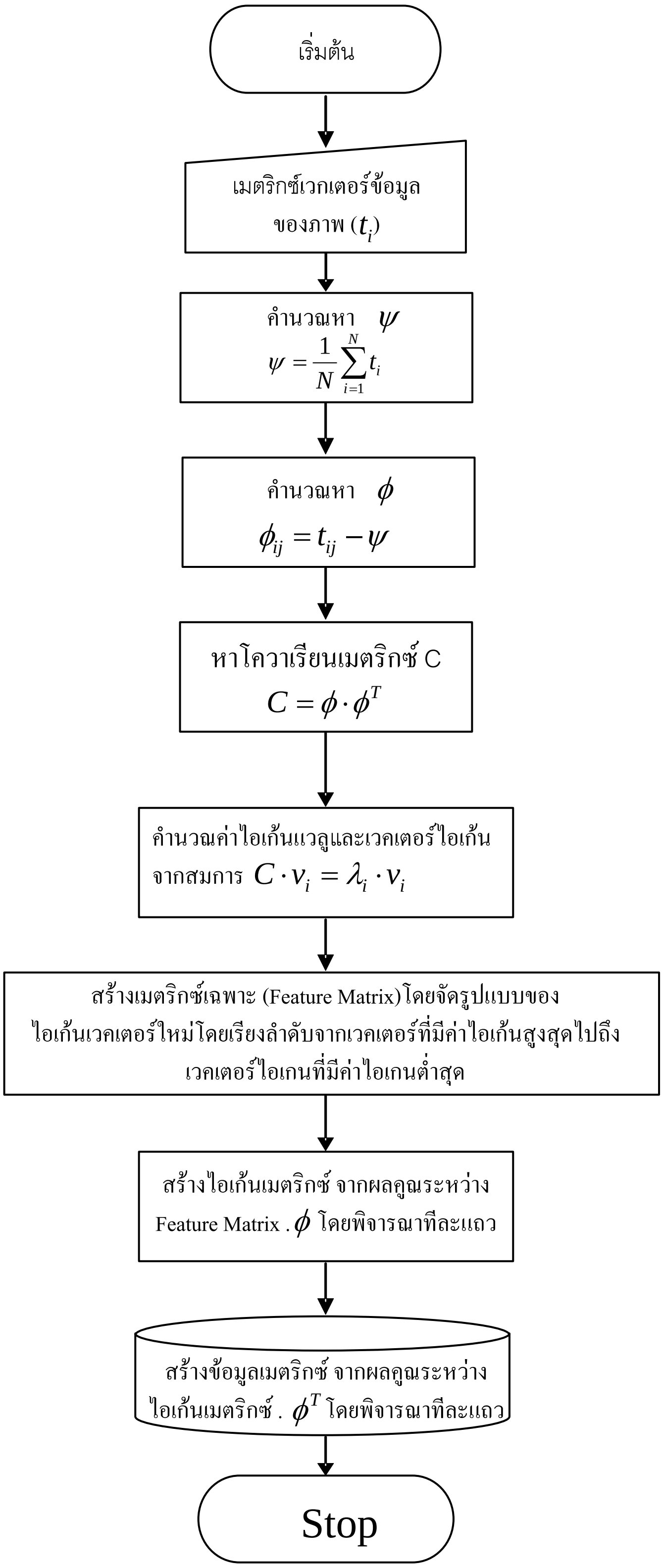
5.4.2.1 กระบวนการเรียนรู้ (Training Process) เป็นส่วนของการจัดเตรียมข้อมูลเม็ดเลือดขาวที่ทราบชนิดมาเข้ากระบวนการสร้างฐานข้อมูลโดยใช้การวิเคราะห์องค์ประกอบข้อมูล ซึ่งมีกระบวนดังนี้

ภาพเม็ดเลือดขาวที่ใช้ในการเรียนรู้นี้ประกอบด้วย 50 ภาพ ภายใน50มี 5ชนิด ชนิดละ10ภาพ เมื่อผ่านกระบวนการคัดแยกออกเป็นกลุ่มใหญ่จะถูกแบ่งออกเป็น2กลุ่มใหญ่คือนิวเคลียสก้อนเดี่ยว 30 ภาพ และนิวเคลียสที่มากกว่าหนึ่ง 20ภาพ ซึ่งจะถูกจัดเรียงเป็นเวกเตอร์ข้อมูลของภาพ



รูปที่ 5.10 แสดงเวกเตอร์ข้อมูลภาพทั้ง 2 ประเภท

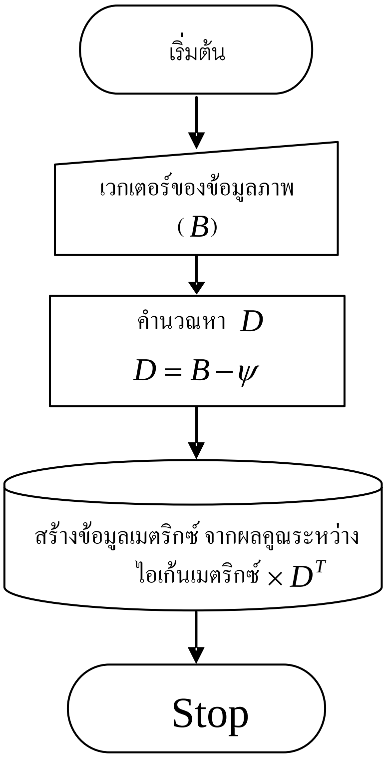
จากนั้นนำเอาเมตริกซ์ที่จัดเรียงได้มา เข้ากระบวนการวิเคราะห์องค์ประกอบข้อมูลตามลำดับขั้นตอนต่างๆ ดังรูปที่ 5.11 เพื่อทำการหารูปแบบ (Pattern) หรือโมเดล (Model) ในการรู้จำชนิดของเม็ดเลือดขาว โดยข้อมูลของเม็ดเลือดขาวจากกลุ่มที่ทราบชนิดที่ได้ออกมานั้นจะอยู่ในลักษณะเมตริกซ์ข้อมูล โดยเมตริกซ์ข้อมูลที่ได้มาจะเป็นลักษณะเฉพาะตัวของเม็ดเลือดขาวตามลำดับชนิด



รูปที่ 5.11 ขั้นตอนการเรียนรู้ Training Process

เมตริกซ์ของข้อมูลองค์ประกอบหลักที่ได้จากกระบวนการเรียนรู้นี้ เก็บไว้เป็นข้อมูลเพื่อจะนำมาใช้ในการระบุชนิดในการบวนการระบุชนิด

5.4.2.2 กระบวนการสร้างข้อมูลทดสอบ (Testing Process) เป็นส่วนของการจัดเตรียมข้อมูลเม็ดเลือดขาวที่ไม่ทราบชนิดมาใช้ในการระบุชนิด โดยนำเอาภาพมาจัดเรียงเป็นเวกเตอร์ข้อมูลของภาพมาเข้ากระบวนการสร้างฐานข้อมูลโดยใช้การวิเคราะห์องค์ประกอบข้อมูล ซึ่งมีกระบวนดังนี้



รูปที่ 5.12 ขั้นตอนสร้างข้อมูลทดสอบ (Testing Process)

ในส่วนของกระบวนการสร้างข้อมูลทดสอบ จากภาพทดสอบที่ต้องการระบุชนิด ซึ่งแสดงแนวความคิดดังจากรูปที่ 5.12 เห็นได้ว่าการคำนวณส่วนของภาพทดสอบจะใช้ข้อมูลที่ได้จากขั้นตอนการเรียนรู้ ได้แก่ ψ และ E นั้นมาใช้ในการสร้างข้อมูลทดสอบ

โดยที่

ψ คือ ค่าเฉลี่ยเมตริกซ์ที่ได้จากกระบวนการเรียนรู้

E คือ ค่าไอเก้นเมตริกซ์ที่ได้จากกระบวนการเรียนรู้

5.4.2.3 กระบวนการระบุชนิดด้วยการหาผลต่างข้อมูล โดยการอาศัยการคำนวณหาผลต่างที่น้อยที่สุดของข้อมูลเมตริกซ์เรียนรู้กับข้อมูลเมตริกซ์ทดสอบ

$$result^2 = \|test_data - training_data\|^2$$

ผลลัพธ์จะมีขนาดเท่ากับ 1 x N ซึ่งตำแหน่งที่มีค่าคำตอบน้อยที่สุด ในเมทริกผลลัพธ์นั้นอยู่ในช่วงของข้อมูลชนิดใดในรูปที่ 5.10 ก็แสดงว่าข้อมูลเม็ดเลือดขาวที่นำมาทดสอบนี้คือเม็ดเลือดขาวชนิดนั้น

บทที่ 6

ผลการทดลอง

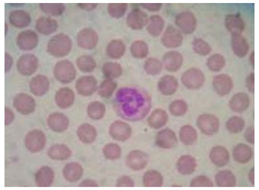
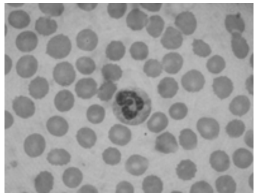
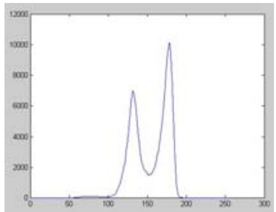
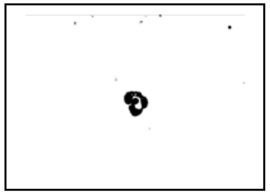
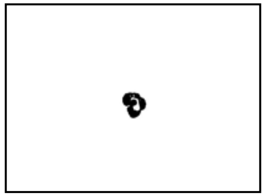
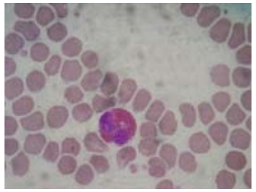
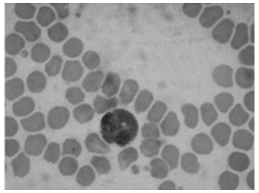
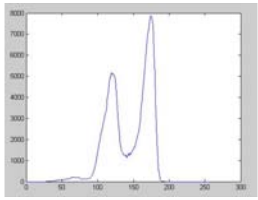
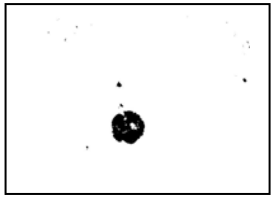
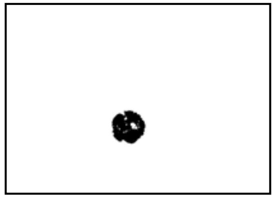
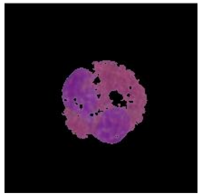
6.1 บทนำ

งานวิจัยนี้ได้พัฒนาและทดสอบเทคนิคและอัลกอริธึมต่างๆ ดังที่กล่าวมาในบทที่ 3 ถึงบทที่ 5 โดยใช้โปรแกรม Matlab version 6.1 โดยทดลองกับภาพเม็ดเลือดขาว จำนวน 160 ภาพ ซึ่งแบ่งเป็น 50 ภาพเป็นภาพต้นแบบ และ 110 ภาพเป็นภาพทดสอบ ซึ่งเปรียบเทียบกับผลการแยกโดยผู้เชี่ยวชาญ ในส่วนของการทดลอง นั้นแบ่งออกเป็น 3 ส่วนหลักๆคือ 1. การคัดแยกภาพเม็ดเลือดขาวออกจากพื้นหลัง ซึ่งพิจารณาบริเวณนิวเคลียสของเม็ดเลือดขาวเป็นจุดสนใจ 2. การจัดเรียงทิศทางให้กับนิวเคลียสของเม็ดเลือดขาวให้มีความคล้ายคลึงกัน โดยใช้โมเมนท์ในการหามุมเพื่อจัดเรียงทิศทาง และ 3. คัดแยกเม็ดเลือดขาว ซึ่งแบ่งย่อยออกเป็น การแบ่งกลุ่มเม็ดเลือดขาวโดยใช้การเชื่อมจุดต่อ ในหาลาเบลของภาพ เพื่อแบ่ง 2 กลุ่มหลัก คือนิวเคลียสเดี่ยวกับนิวเคลียสมากกว่าหนึ่ง และการระบุชนิดของโครโมโซมโดยการวิเคราะห์องค์ประกอบขั้นมูลฐาน

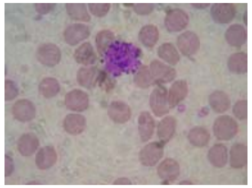
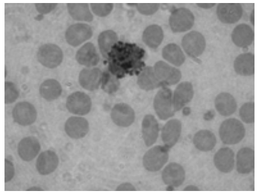
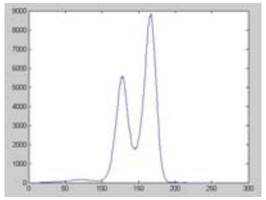
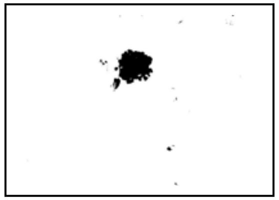
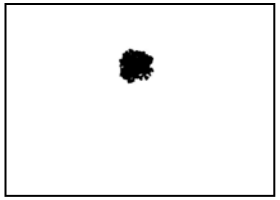
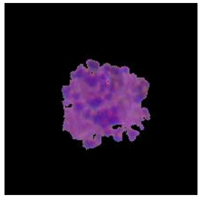
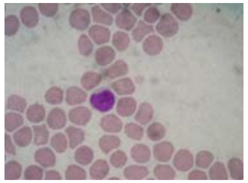
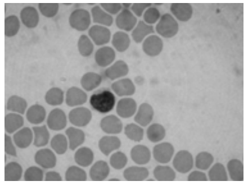
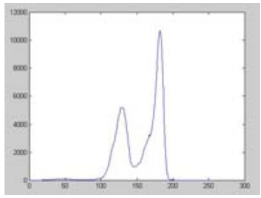
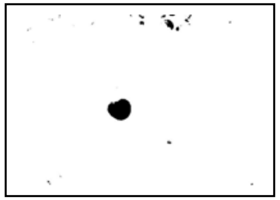
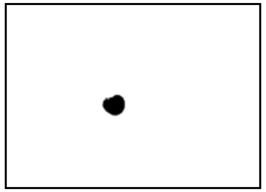
6.2 ผลการแยกเม็ดเลือดขาวจากพื้นหลัง

จากการหาค่าเทรสโฮลด์ เพื่อแยกวัตถุออกจากพื้นหลัง ด้วยวิธี Auto Threshold และล้างจุดภาพที่ไม่ใช่นิวเคลียสออกไป ได้ผลดังตารางที่ 6-1

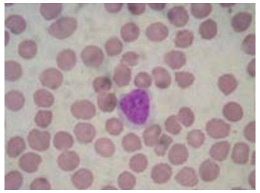
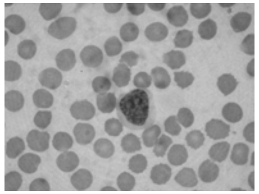
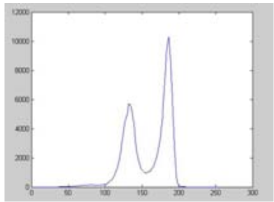
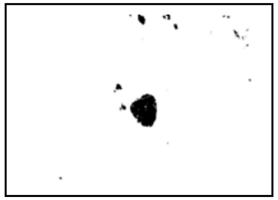
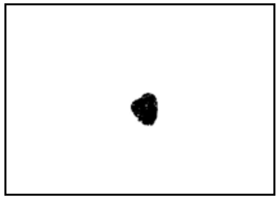
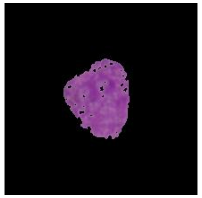
ตารางที่ 6-1 ผลในแต่ละขั้นตอนของการแยกเม็ดเลือดขาวออกจากพื้นหลัง

Neutrophil					
ภาพสเมียร์เลือด	ภาพโทนสีเขียว	ฮีสโตแกรม	ภาพหลังจากทำเทรสโฮลด์	ภาพหลังจาก Erosion	ภาพนิวเคลียสของเม็ดเลือดขาวที่แยกจากพื้นหลัง
					
Eosinophil					
ภาพสเมียร์เลือด	ภาพโทนสีเขียว	ฮีสโตแกรม	ภาพหลังจากทำเทรสโฮลด์	ภาพหลังจาก Erosion	ภาพนิวเคลียสของเม็ดเลือดขาวที่แยกจากพื้นหลัง
					

ตารางที่ 6-1 (ต่อ)

Basophil					
ภาพสเมียร์เลือด	ภาพโทนสีเขียว	ฮีสโตแกรม	ภาพหลังจากทำเทรสโฮลด์	ภาพหลังจาก Erosion	ภาพนิวเคลียสของเม็ดเลือดขาวที่แยกจากพื้นหลัง
					
Lymphocyte					
ภาพสเมียร์เลือด	ภาพโทนสีเขียว	ฮีสโตแกรม	ภาพหลังจากทำเทรสโฮลด์	ภาพหลังจาก Erosion	ภาพนิวเคลียสของเม็ดเลือดขาวที่แยกจากพื้นหลัง
					

ตารางที่ 6-1 (ต่อ)

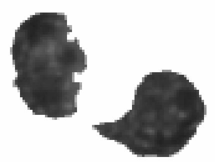
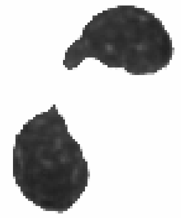
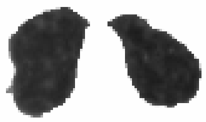
Monocyte					
ภาพสเมียร์เลือด	ภาพโทนสีเขียว	ฮีสโตแกรม	ภาพหลังจากทำเทรสโฮลด์	ภาพหลังจาก Erosion	ภาพนิวเคลียสของเม็ดเลือดขาวที่แยกจากพื้นหลัง
					

6.3 ผลจากการหามุมเพื่อทำการจัดเรียงทิศทาง

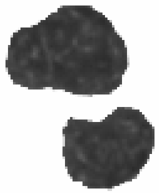
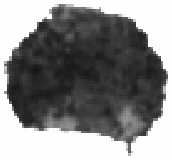
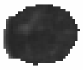
จากแนวคิดหาแกนมาตรฐานโดยใช้โมเมนต์ เพื่อหามุมที่หมุนไปจากแกนปกติ เมื่อทราบมุมแล้วจึงทำการ หมุนภาพเพื่อจัดทิศทางให้เม็ดเลือดขาวมีทิศทางที่คล้ายคลึงกัน โดยมุมที่ใช้ในการจัดเรียงนั้นหาได้จากสมการ6-1

$$\theta = \arctan\left\{\frac{\lambda_M - U(0,2)}{U(1,1)}\right\} \qquad (6\text{-}1)$$

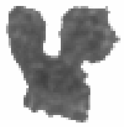
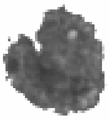
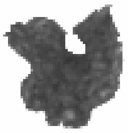
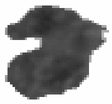
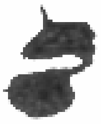
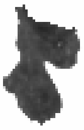
ตารางที่ 6-2 ผลในการหามุมโดยอาศัยการคำนวณค่าโมเมนต์

	ค่าไอเกนเวกเตอร์ $\begin{matrix} e_{11} & e_{12} \\ e_{21} & e_{22} \end{matrix}$	**ค่าไอเกนแวลู** $\begin{matrix} \lambda_1 & 0 \\ 0 & \lambda_2 \end{matrix}$	θ
	**0.41311 -0.91068** **-0.91068 -0.41311**	**34.9996 0** **0 -0.41311**	**-65.5994**
	**-0.85363 -0.52088** **-0.52088 0.85363**	**21.962 0** **0 0.85363**	**31.3912**
	-0.96812 -0.2505 **-0.2505 0.96812**	**47.3639 0** **0 0.96812**	**14.5069**
	**0.019688 -0.99981** **-0.99981 -0.019688**	**31.3855 0** **0 -0.019688**	**-88.8719**
	0.66098 -0.75041 **-0.75041 -0.66098**	**30.7244 0** **0 -0.66098**	**-48.6257**

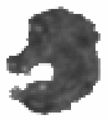
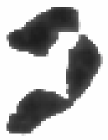
ตารางที่ 6-2 (ต่อ)

	ค่าไอเกนเวกเตอร์ $\begin{matrix} e_{11} & e_{12} \\ e_{21} & e_{22} \end{matrix}$	**ค่าไอเกนแวลู** $\begin{matrix} \lambda_1 & 0 \\ 0 & \lambda_2 \end{matrix}$	θ
	**-0.91989 0.39217** **0.39217 0.91989**	**48.4912 0** **0 0.91989**	**-23.0897**
	0.34388 -0.93901 **-0.93901 -0.34388**	**31.2431 0** **0 -0.34388**	**-69.8867**
	-0.63056 -0.77614 **-0.77614 0.63056**	**50.2976 0** **0 0.63056**	**50.9085**
	**0.17568 -0.98445** **-0.98445 -0.17568**	**67.9613 0** **0 -0.17568**	**-79.8816**
	**-0.17421 -0.98471** **-0.98471 0.17421**	**3.1766 0** **0 0.17421**	**79.9674**
	-0.80285 0.59619 **0.59619 0.80285**	**2.4494 0** **0 0.80285**	**-36.5973**

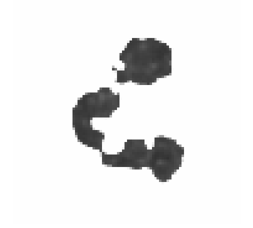
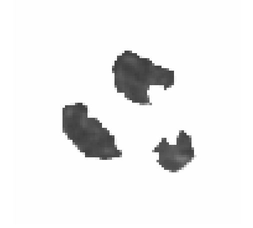
ตารางที่ 6-2 (ต่อ)

	ค่าไอเกนเวกเตอร์ $\begin{matrix} e_{11} & e_{12} \\ e_{21} & e_{22} \end{matrix}$	ค่าไอเกนแวลู $\begin{matrix} \lambda_1 & 0 \\ 0 & \lambda_2 \end{matrix}$	θ
	**-0.98446 -0.17558** **-0.17558 0.98446**	**22.0787 0** **0 0.98446**	**10.1127**
	**-0.98141 0.19194** **0.19194 0.98141**	**18.0612 0** **0 0.98141**	**-11.0659**
	**-0.88423 -0.46705** **-0.46705 0.88423**	**29.1753 0** **0 0.88423**	**27.8431**
	**-0.69444 -0.71955** **-0.71955 0.69444**	**12.1919 0** **0 0.69444**	**46.0177**
	**-0.87501 -0.48411** **-0.48411 0.87501**	**6.4086 0** **0 0.87501**	**28.9539**
	**-0.99308 -0.11742** **-0.11742 0.99308**	**5.5901 0** **0 0.99308**	**6.743**

ตารางที่ 6-2 (ต่อ)

	ค่าไอเกนเวกเตอร์ $\begin{matrix} e_{11} & e_{12} \\ e_{21} & e_{22} \end{matrix}$	ค่าไอเกนแวลู $\begin{matrix} \lambda_1 & 0 \\ 0 & \lambda_2 \end{matrix}$	θ
	**-0.91978 -0.39243** **-0.39243 0.91978**	**12.7845 0** **0 0.91978**	**23.106**
	-0.77187 0.63579 **0.63579 0.77187**	**45.4539 0** **0 0.77187**	**-39.4783**
	**-0.96492 -0.26254** **-0.26254 0.96492**	**11.5676 0** **0 0.96492**	**15.2208**
	-0.501 -0.86545 **-0.86545 0.501**	**27.6534 0** **0 0.501**	**59.9337**
	0.27396 -0.96174 **-0.96174 -0.27396**	**26.6189 0** **0 -0.27396**	**-74.1002**
	-0.57952 -0.81496 **-0.81496 0.57952**	**23.8062 0** **0 0.57952**	**54.5833**

ตารางที่ 6-2 (ต่อ)

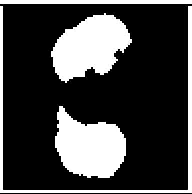
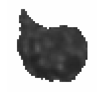
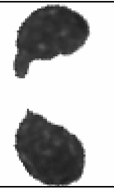
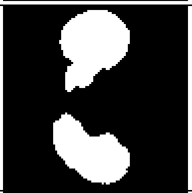
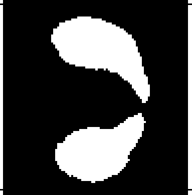
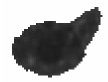
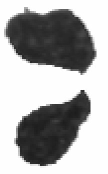
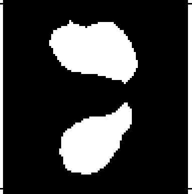
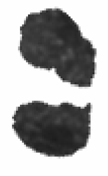
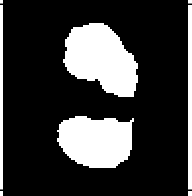
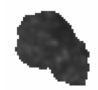
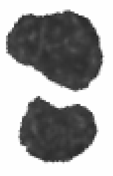
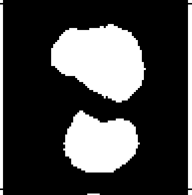
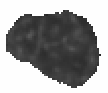
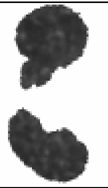
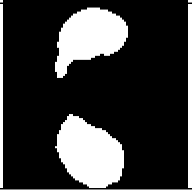
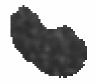
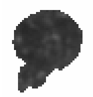
	ค่าไอเกนเวกเตอร์ $\begin{matrix} e_{11} & e_{12} \\ e_{21} & e_{22} \end{matrix}$	ค่าไอเกนแวลู $\begin{matrix} \lambda_1 & 0 \\ 0 & \lambda_2 \end{matrix}$	θ
	**-0.99988 -0.015673** **-0.015673 0.99988**	**19.9876 0** **0 0.99988**	**0.89802**
	**-0.178 -0.98403** **-0.98403 0.178**	**23.178 0** **0 0.178**	**79.7464**

รูปที่ 6.1 แสดงผลที่ได้จากการหมุนภาพให้มีความคล้ายคลึง

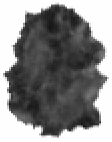
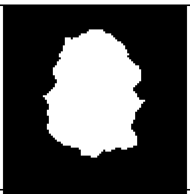
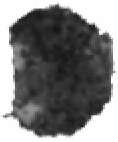
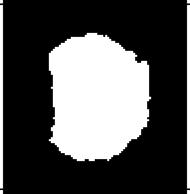
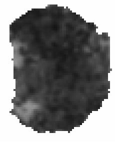
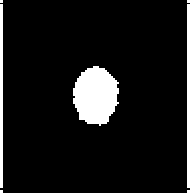
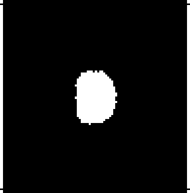
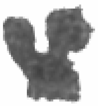
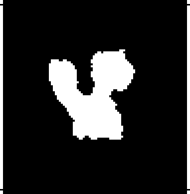
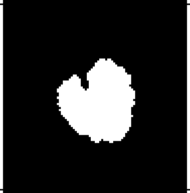
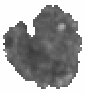
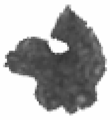
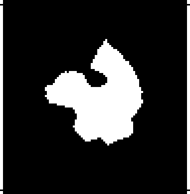
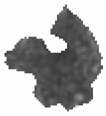
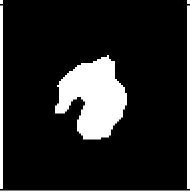
6.4 ผลจากการหากำหนดลาเบลเพื่อแยกออกเป็นกลุ่มใหญ่

ในขั้นตอนของการคัดแยกออกเป็นกลุ่มใหญ่ จะทำการแปลงภาพโทนสีเขียวให้อยู่ในรูปของไบนารี่ จากนั้นทำการเซาะภาพเพื่อให้กลุ่มข้อมูลที่เชื่อมต่อกันบางๆนั้นขาดออกจากกัน แล้วกำหนดลาเบลภาพเพื่อที่สามารถนับกลุ่มก้อนข้อนมูลในภาพนั้น

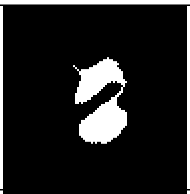
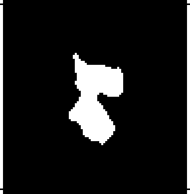
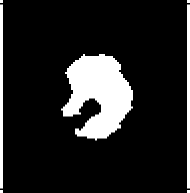
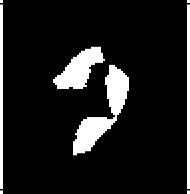
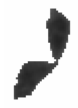
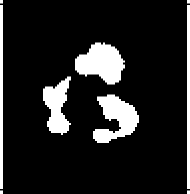
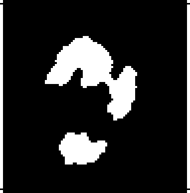
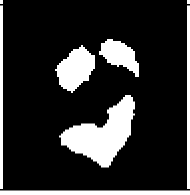
ตารางที่ 6-3 ผลในการนับกลุ่มก้อนนิวเคลียสโดยอาศัยการกำหนดลาเบลภาพ

	ภาพไบนารี่ผ่านการเซาะเพื่อทำให้ขาดจากกัน	กลุ่มที่1	กลุ่มที่2	กลุ่มที่3	จำนวนกลุ่มข้อมูลที่พบ
				-	2
				-	2
				-	2
				-	2
				-	2
				-	2
				-	2

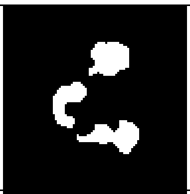
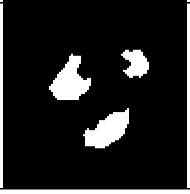
ตารางที่ 6-3 (ต่อ)

	ภาพไบนารี่ผ่านการเซาะเพื่อทำให้ขาดจากกัน	กลุ่มที่1	กลุ่มที่2	กลุ่มที่3	จำนวนกลุ่มข้อมูลที่พบ
			-	-	1
			-	-	1
			-	-	1
			-	-	1
			-	-	1
			-	-	1
			-	-	1
			-	-	1

ตารางที่ 6-3 (ต่อ)

	ภาพใบนารี่ผ่านการเซาะเพื่อทำให้ขาดจากกัน	กลุ่มที่1	กลุ่มที่2	กลุ่มที่3	จำนวนกลุ่มข้อมูลที่พบ
			-	-	1
			-	-	1
			-	-	1
					3
				-	2
					3
				-	2
					3

ตารางที่ 6-3 (ต่อ)

	ภาพไบนารี่ผ่านการเซาะเพื่อทำให้ขาดจากกัน	กลุ่มที่1	กลุ่มที่2	กลุ่มที่3	จำนวนกลุ่มข้อมูลที่พบ
					3
					3

6.5 ผลการแยกชนิดของเม็ดเลือดขาว

6.5.1 ผลการแยกชนิดของเม็ดเลือดขาวที่ใช้ในการเรียนรู้

ในการทดลอง ผู้วิจัยได้แบ่งข้อมูลภาพสเมียร์เลือดออกเป็น 2 ส่วน ดังนี้ คือ ข้อมูลส่วนที่หนึ่งใช้ในการเรียนรู้ (Training) ข้อมูลส่วนที่สองใช้ในการทดสอบ (Testing) และได้นำผลการทดลองมาหาค่าความถูกต้องรวมของงานวิจัยได้ดังสมการที่ (6-2)

$$\text{ค่าความถูกต้อง} = \frac{\text{จำนวนเม็ดเลือดขาวที่ถูกต้อง}}{\text{จำนวนเม็ดเลือดขาวทั้งหมด}} \times 100 \qquad (6\text{-}2)$$

จากสมการที่ (6-2) เมื่อนำไปคำนวณหาค่าความถูกต้องของข้อมูลที่ใช้ในการเรียนรู้ (Training Set) ได้ค่าความถูกต้องดังตารางที่ 6-4

ตารางที่ 6-4 ผลการรู้จำของข้อมูลที่ใช้ในการเรียนรู้ (Training Set)

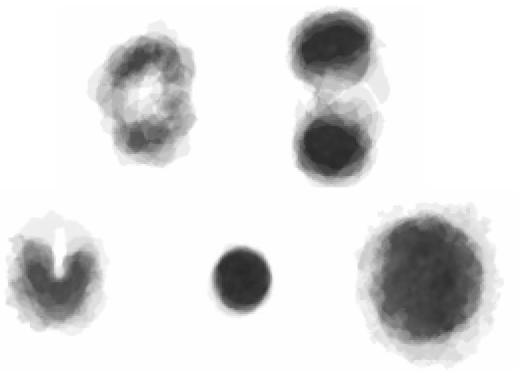
ชนิดเม็ดเลือดขาว	จำนวนทั้งหมด	ถูกต้อง		ไม่ถูกต้อง	
		จำนวน	ร้อยละ	จำนวน	ร้อยละ
นิวโตรฟิล	10	10	100	0	0
อีโอสิโนฟิล	10	10	100	0	0
เบโสฟิล	10	10	100	0	0
ลิมโฟซัยท์	10	10	100	0	0
โมโนซัยท์	10	10	100	0	0
รวม 5 ชนิด	50	50	100	0	0

จากตารางที่ 6-4 สังเกตได้ว่าค่าความถูกต้องของเม็ดเลือดขาวแต่ละชนิดพบว่าไม่มีความผิดพลาดในกลุ่มภาพเม็ดเลือดขาวที่รู้ชนิด โดยมีค่าความถูกต้องร้อยละ 100 โดยหาได้จากการนำเม็ดเลือดขาวทั้งหมดมาคำนวณหาค่าความถูกต้องของข้อมูล ได้ค่าความถูกต้องดังนี้

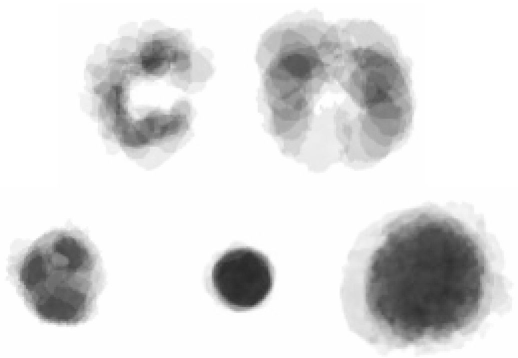
$$\text{ค่าความถูกต้อง} = \frac{50}{50}\times 100$$
$$= 100\ \%$$

6.5.2 ผลการแยกชนิดของเม็ดเลือดขาวที่ใช้ในทดสอบ

ในหัวข้อนี้จะกล่าวถึงการเปรียบเทียบความแตกต่างระหว่าง วิธีการคัดแยกเม็ดเลือดขาวแบบที่จัดเรียงทิศทาง และไม่จัดเรียงทิศทาง จากรูปที่ 6.2 และ6.3 แสดงถึงความแตกต่างของลักษณะการวางตัวระหว่างเม็ดเลือดขาวที่จัดเรียงทิศทาง และไม่จัดเรียงทิศทางตามลำดับ



รูปที่ 6.2 ลักษณะการวางตัวระหว่างเม็ดเลือดขาวที่จัดเรียงทิศทาง



รูปที่ 6.3 ลักษณะการวางตัวระหว่างเม็ดเลือดขาวที่ไม่จัดเรียงทิศทาง

จากสมการที่ (6-1) เมื่อนำไปคำนวณหาค่าความถูกต้องของข้อมูลที่ใช้ในการทดสอบ (Testing Set)ต่างๆ ได้ค่าความถูกต้องดังตารางที่ 6-6

ตารางที่ 6-5 ผลการระบุชนิดของข้อมูลที่ใช้ในการทดสอบโดยไม่ผ่านกระบวนการจัดเรียง

ชนิดเม็ดเลือดขาว	จำนวนทั้งหมด	ถูกต้อง		ไม่ถูกต้อง	
		จำนวน	ร้อยละ	จำนวน	ร้อยละ
นิวโตรฟิล	25	24	96	1	4.00
อีโอสิโนฟิล	25	9	36.00	16	64.00
เบโสฟิล	10	7	70	3	30.00
ลิมโฟซัยท์	25	25	100.00	0	0.00
โมโนซัยท์	25	21	84.00	4	16.00
รวม 5 ชนิด	110	86	78.18	24	21.82

ตารางที่ 6-6 ผลการระบุชนิดของข้อมูลที่ใช้ในการทดสอบโดยผ่านการจัดเรียง

ชนิดเม็ดเลือดขาว	จำนวนทั้งหมด	ถูกต้อง		ไม่ถูกต้อง	
		จำนวน	ร้อยละ	จำนวน	ร้อยละ
นิวโตรฟิล	25	24	96	1	4.00
อีโอสิโนฟิล	25	25	100.00	0	0.00
เบโสฟิล	10	7	70	3	30.00
ลิมโฟซัยท์	25	25	100.00	0	0.00
โมโนซัยท์	25	22	88.00	3	12.00
รวม 5 ชนิด	110	103	93.64	7	6.36

จากตารางที่ 6-7 สังเกตได้ว่าค่าความถูกต้องของเม็ดเลือดขาวในกลุ่มทดสอบแต่ละชนิดโดยรวมมีค่าลดลง โดยแต่ละชนิดมีค่าดังนี้ นิวโตรฟิล มีค่าความถูกต้องร้อยละ 96 อีโอสิโนฟิล มีค่าความถูกต้องร้อยละ 100 เบโสฟิล มีค่าความถูกต้องร้อยละ 70 ลิมโฟซัยท์ มีค่าความถูกต้องร้อยละ 100 และโมโนซัยท์ มีค่าความถูกต้องร้อยละ 88 และเมื่อนำเม็ดเลือดขาวทั้งหมดมาคำนวณหาค่าความถูกต้องของข้อมูล ได้ค่าความถูกต้องดังนี้

$$\text{ค่าความถูกต้อง} = \frac{103}{110} \times 100$$

$$= 93.63\ \%$$

บทที่ 7

สรุปผลการวิจัยและข้อเสนอแนะ

7.1 สรุปผลการวิจัย

การวิจัยนี้ได้ทำการพัฒนาโปรแกรมต้นแบบซึ่งเป็นเครื่องมือสำหรับนับแยกชนิดเม็ดเลือดขาวอย่างอัตโนมัติ โดยมีขั้นตอนการทำงานเริ่มจากอ่านข้อมูลภาพสเมียร์เลือดซึ่งเป็นภาพสี นำมาแปลงเป็นภาพไบนารีโดยวิเคราะห์หาค่าเทรสโฮลด์ที่เหมาะสมเพื่อทำการแยกเม็ดเลือดขาวออกจากพื้นหลัง เพื่อนำไปสู่ขั้นตอนการจัดเรียงทิศทางให้กับเม็ดเลือดขาว ทั้งบริเวณของขนาด ทิศทางการวางตัว ค่าสี และความหยาบละเอียดของเม็ดเลือดขาว ซึ่งเป็นผลที่ใช้ในการระบุชนิดของเม็ดเลือดขาวโดยใช้การวิเคราะห์ส่วนประกอบพื้นฐาน (principal component analysis : PCA) ซึ่งเป็นวิธีการระบุรูปแบบ และแสดงข้อมูลเป็นวิธีการที่มุ่งเน้นให้เห็นถึงความเหมือน หรือความแตกต่างของข้อมูล เมื่อระบุชนิดได้ ก็สามารถนับแยกบอกผลการนับแยกชนิดของเม็ดเลือดขาวเป็นค่าร้อยละ ซึ่งมีความถูกต้องในระดับหนึ่ง จากผลการทดลองโดยเปรียบเทียบผลของการนับแยกที่ได้จากวิธีการทางคอมพิวเตอร์ กับภาพเม็ดเลือดขาวซึ่งทำการนับแยกโดยผู้เชี่ยวชาญ จำนวน 110 ตัวอย่าง ได้ค่าร้อยละความถูกต้องเป็น 93.63

7.2 อภิปรายผลการวิจัย

จากผลการวิจัยข้างต้นนั้น จะเห็นได้ว่างานวิจัยนี้ให้ผลลัพธ์ตรงตามวัตถุประสงค์ของการวิจัย คือ ได้โปรแกรมนับแยกจำนวนเม็ดเลือดขาวอัตโนมัติ ซึ่งแสดงผลลัพธ์ออกมาทางจอภาพ

ผลลัพธ์ของการนับแยกเม็ดเลือดขาวโดยโปรแกรมนั้นมีความถูกต้องโดยเฉลี่ยอยู่ในเกณฑ์ที่สูง แต่ยังมีผลลัพธ์บางส่วนซึ่งไม่สามารถแยกชนิดได้ถูกต้อง และยังมีข้อจำกัดของการใช้งานบางประการ จากการวิเคราะห์ผลจากข้อมูล และเทคนิควิธีการในแต่ละขั้นตอน พบว่าเกิดจากปัจจัยหลายปัจจัยที่ทำให้เกิดผลดังกล่าว ซึ่งสรุปได้ดังนี้ [14]

7.2.1 ข้อมูลภาพสเมียร์เลือดที่นำมาใช้นั้นบางส่วนเป็นภาพสเมียร์ที่ได้มาจากกรรมวิธีที่ไม่ตรงตามข้อกำหนด เช่น ไม่ได้ย้อมสเมียร์ด้วย Wright’s stain หรือ May-Grünwald-Giemsa’s stain ไม่เลือกถ่ายภาพในบริเวณที่เหมาะสม หรือไม่ได้กำหนดระยะโฟกัสเป็น 3.6 เซนติเมตร เป็นต้น ดังนั้นภาพสเมียร์ที่จำนับแยกชนิดเม็ดเลือดขาวด้วยโปรแกรมนี้

7.2.2 ในการแยกเม็ดเลือดขาวออกจากพื้นหลังนั้น เราแยกนิวเคลียสออกมาได้อย่างสมบูรณ์ แต่ไม่ได้แยกส่วนที่เป็นซัยโตพลาซึมออกมาด้วย ทำให้ไม่สามารถพิจารณาค่าลักษณะสำคัญที่ถูกต้องของส่วนอื่นภายในเซลล์ที่ไมใช่นิวเคลียสได้

เอกสารอ้างอิง

[1] จารึก ปลอดภัย. “การแยกโครโมโซมด้วยวิธีการแอคทีฟคอนทัวร์.” วิทยานิพนธ์วิศวกรรมศาสตร์มหาบัณฑิต สาขาวิศวกรรมอิเล็กทรอนิกส์, สถาบันเทคโนโลยีพระจอมเกล้าเจ้าคุณทหารลาดกระบัง. 2548.

[2] ปาริชาติ พฤทธิ์จารุพงศ์. “การประยุกต์ใช้ค่าที่ไม่แปรผันทางเรขาคณิตของขอบภาพในการลงทะเบียนภาพ.” วิศวกรรมศาสตร์มหาบัณฑิต สาขาวิศวกรรมอิเล็กทรอนิกส์, สถาบันเทคโนโลยีพระจอมเกล้าเจ้าคุณทหารลาดกระบัง. 2547.

[3] สุกัญญา หมู่เย็น. “การนับแยกเม็ดเลือดขาวจากภาพถ่ายจากกล้องจุลทรรศน์โดยใช้เครือข่ายประสาทเทียม.” วิทยาศาสตรมหาบัณฑิต สาขาวิชาอุปกรณ์การแพทย์, สถาบันเทคโนโลยีพระจอมเกล้าพระนครเหนือ. 2547.

[4] สุภินันท์ สายเชื้อ. ภาพสีประกอบโลหิตวิทยา. พิมพ์ครั้งที่ 3. กรุงเทพฯ: กรุงสยามพริ้นติ้งกรุ๊พ จำกัด, พ.ศ.2534

[5] จันทร์จิรา สินทนะโยธิน. “การประมวลผลภาพด้วย C++ Builder.” สาร NECTEC. 2546 : 49-55

[6] “เอกสารประกอบรายวิชา Digital Image Processing.” รศ.ดร.ชูชาติ ปิณฑวิรุจน์

[7] Cseke, I. “A Fast Segmentation Scheme for White Blood Cell Images.” IEEE. 1992 : pp. 530-533

[8] Liao, Q. , Deng, Y. “An Accurate Segmentation Method for White Blood Cell Images.” IEEE. 2002 : pp. 245-248

[9] Saeid Sanei,Tracey K.M. Lee. “Cell Recognition Based on PCA and Bayesian Classification.” IEEE. 2003 : pp. 239-243

[10] Tat-Jun Chin, David Suter . “A Study of the Eigenface Approach for Face Recognition.” Department of Electrical and Computer Systems Engineering. 2004

ประวัติผู้เขียน

ชื่อ-นามสกุล	นายภิญโญ แย้มพราย
วัน เดือน ปีเกิด	13 มิถุนายน 2523
ที่อยู่	6/28 ถ.ราชมรรคาใน ต.พระปฐมเจดีย์ อ.เมือง จ.นครปฐม 73000 โทร 034-217386
ประวัติการศึกษา	2548 วิศวกรรมศาสตรบัณฑิต สาขาวิชาอิเล็กทรอนิกส์ สถาบันเทคโนโลยีพระจอมเกล้าเจ้าคุณทหารลาดกระบัง 2544 ประกาศนียบัตรวิชาชีพชั้นสูง สาขาอิเล็กทรอนิกส์ สถาบันเทคโนโลยีราชมงคล วิทยาเขตพระนครเหนือ ประสบการณ์ทำงานและผลงานวิจัย

ผลงานวิจัยที่รับการตีพิมพ์

1. P.Yampri, C.Pintavirooj, M. Sangworasil, S.Teartulakarn, “AUTOMATED CLASSIFICATION OF WHITE BLOOD CELL BASED ON PRINCIPAL COMPONENT ANALYSIS,” The 12th International Conference On Biomedical Engineering 2005, December 7-10, 2005, Singapore.

2. P.Yampri, C.Pintavirooj, S. Daochai, S.Teartulakarn, “White Blood Cell Classification based on the Combination of Eigen Cell and Parametric Feature Detection”, The 1st IEEE Conference on Industrial Electronics and Applications (ICIEA'2006) will be held from 24th May to 26th May 2006, Singapore., pp. 1187-1190