



รายงานวิจัยฉบับสมบูรณ์

การพัฒนาการระบุจำนวนแบบอัตโนมัติสำหรับภาพโครโมโซมถุงน้ำคร่ำ
(Automated Number Determination Development for Amniotic Fluid
Bag Chromosomes Image)

พิเชษ วยะละนุ หัวหน้าโครงการวิจัย

โครงการวิจัยประเภทเงินรายได้
คณะวิทยาการสารสนเทศ
ประจำปีงบประมาณ พ.ศ. 2567
มหาวิทยาลัยบูรพา

สัญญาเลขที่ 04/2567

รายงานวิจัยฉบับสมบูรณ์

การพัฒนาการระบุจำนวนแบบอัตโนมัติสำหรับภาพโครโมโซมถุงน้ำคร่ำ
(Automated Number Determination Development for Amniotic Fluid
Bag Chromosomes Image)

พิเชษ วยะสุน หัวหน้าโครงการวิจัย

คณะวิทยาการสารสนเทศ

ตุลาคม 2567

กิตติกรรมประกาศ

งานวิจัยนี้ได้รับทุนสนับสนุนการวิจัยจากเงินรายได้ คณะวิทยาการสารสนเทศ ประจำปีงบประมาณ พ.ศ.2567 เลขที่สัญญา 04/2567

ผู้วิจัยขอขอบคุณคณะวิทยาการสารสนเทศที่สนับสนุนงบประมาณในการดำเนินการรวมถึงการอำนวยความสะดวกในด้านสถานที่สำหรับการประชุมวางแผนปฏิบัติงานตลอดจนการให้บริการอุปกรณ์วัสดุทัศนูปกรณ์และสาธารณูปโภคต่าง ๆ อันเป็นประโยชน์ต่อการดำเนินงานวิจัย

ท้ายที่สุดนี้ผู้วิจัยขอขอบคุณผู้ช่วยนักวิจัยทุกท่านที่ได้ร่วมแรงร่วมใจในการพัฒนาระบบการระบุจำนวนแบบอัตโนมัติสำหรับภาพโครโมโซมชนิดเซลล์ดุน้ำค้ำรวมทั้งรายงานวิจัยฉบับนี้สำเร็จลุล่วงไปได้ด้วยดี

พฤศจิกายน 2567

บทคัดย่อ

งานวิจัยนี้เป็นการพัฒนาการระบุจำนวนแบบอัตโนมัติสำหรับภาพโครโมโซมชนิด เซลล์ ถุงน้ำค้ำ (Automated Number Determination Development for Amniotic Fluid Bag Chromosomes Image: AND-AFBCI) เพื่อให้วิธีการระบุจำนวนแบบอัตโนมัติมีความถูกต้องและมีประสิทธิภาพ โดยแก้ไขปัญหาการตรวจนับจำนวนจุดตัดผิดพลาดที่เกิดจากความกำกวมของภาพโครโมโซมซึ่งเกิดจากการทับซ้อนกันและการหักงอของโครโมโซม จึงส่งผลให้การระบุจำนวนโครโมโซมไม่ถูกต้อง ดังนั้นงานวิจัยนี้จึงมุ่งเน้นในการพัฒนาวิธีการหาจุดตัดในรูปแบบใหม่ด้วยวิธี (Crosspoint Identification in Chromosomal Structures: A Directional Binary Approach: CICS-DBA) และ (Hybrid Approach for Chromosome Segmentation in Amniotic Fluid Cells Using OTSU, Flood Fill, and Morphological Techniques : HCS-AFC) โดยพัฒนาบนพื้นฐานของภาพ Direct Binary-Scale และวิธี Hit-or-Miss Transformation

จากผลการทดลองพบว่าวิธี AND-AFBCI ส่งผลให้เพิ่มความถูกต้องในการระบุจำนวนโครโมโซมชนิดเซลล์ถุงน้ำค้ำในลักษณะภาพที่โครโมโซมทับซ้อนกัน โดยให้ผลการระบุจำนวนโครโมโซมชนิดเซลล์ถุงน้ำค้ำที่ถูกต้องที่ 81.48%

ABSTRACT

This research focuses on the development of an automated number determination method for amniotic fluid chromosome images (Automated Number Determination Development for Amniotic Fluid Bag Chromosomes Image: AND-AFBCI). The aim is to enhance the accuracy and efficiency of automated chromosome counting by addressing the issue of erroneous crosspoint detection, which arises due to chromosome image ambiguities caused by overlapping and bending chromosomes. These issues often result in incorrect chromosome counts. Therefore, this research seeks to develop a novel crosspoint identification method using the Crosspoint Identification in Chromosomal Structures: A Directional Binary Approach (CICS-DBA) and a Hybrid Approach for Chromosome Segmentation in Amniotic Fluid Cells Using OTSU, Flood Fill, and Morphological Techniques (HCS-AFC). The methods are built on Direct Binary-Scale images and the Hit-or-Miss Transformation technique.

The experimental results show that the AND-AFBCI method improves the accuracy of chromosome counting in overlapping amniotic fluid chromosome images, achieving an accuracy rate of 81.48%.

สารบัญ

1	บทนำ	1
1.1	ที่มาและความสำคัญ.....	1
1.2	วัตถุประสงค์	2
1.3	ขอบเขตของการวิจัย	2
1.4	เครื่องมือที่ใช้ในการพัฒนา.....	2
1.5	ขั้นตอนการดำเนินงาน	3
1.6	ประโยชน์ที่คาดว่าจะได้รับ	3
2	ทฤษฎีและงานวิจัยที่เกี่ยวข้อง.....	4
2.1	ทฤษฎีที่เกี่ยวข้อง.....	4
2.1.1	ภาพโครโมโซมจากการเจาะถุงน้ำค้ำ.....	4
2.1.2	วิธีการประมวลผลภาพ	5
2.1.3	วิธีการระบุจำนวนของโครโมโซม	14
2.1.4	เครื่องมือในการวัดประสิทธิภาพ	15
2.1.5	การปรับปรุงกระตุกภาพ	16
2.2	งานวิจัยที่เกี่ยวข้อง	17
3	วิธีการดำเนินงาน	22
3.1	การศึกษาและวิเคราะห์ปัญหา	22
3.2	ขั้นตอนการดำเนินงาน	22
3.2.1	การปรับปรุงคุณภาพภาพโครโมโซมชนิดเซลล์ถุงน้ำค้ำ.....	23
3.2.2	วิธีการแยกโครโมโซมในถุงน้ำค้ำ	24
3.2.3	การสกัดภาพโครงกระดูกจากภาพโครโมโซมของถุงน้ำค้ำ.....	28
3.2.4	การสกัดคุณสมบัติของจุดปลายโครโมโซมบนภาพโครงกระดูก	29
3.2.5	วิธีการใหม่ในการระบุจุดตัดบนภาพโครงกระดูกโครโมโซมที่ทับซ้อนกัน	31
4	ผลการดำเนินการ	34

4.1	การระบุจำนวนแบบอัตโนมัติสำหรับภาพโครโมโซมชนิดเซลล์ดุน้ำค้ำที่ทับซ้อนกัน	34
4.2	การเปรียบเทียบประสิทธิภาพของภาพโครโมโซมที่มีการทับซ้อน 135 ภาพ.....	37
5	สรุปและวิจารณ์ผลการดำเนินงาน	38
5.1	สรุปผลการดำเนินงาน	38
5.2	ปัญหา อุปสรรค และข้อจำกัด	38
5.3	ข้อเสนอแนะ	39
5.4	บทความวิชาการที่ได้รับการตีพิมพ์.....	39
6	รายการการเงิน	41
7	บรรณานุกรม.....	42
8	ภาคผนวก.....	44
9	ประวัตินักวิจัย	45

สารบัญตาราง

ตารางที่ 1.1 อธิบายสัญลักษณ์และคำย่อ	ฉ
ตารางที่ 1.1 อธิบายสัญลักษณ์และคำย่อ (ต่อ).....	ญ
ตารางที่ 1.1 อธิบายสัญลักษณ์และคำย่อ (ต่อ).....	ฎ
ตารางที่ 4.3 แสดงการเปรียบเทียบความถูกต้องการนำจำนวนภาพโครโมโซมที่มีการทับซ้อนกัน ...	37

สารบัญภาพ

ภาพที่ 1.1 (ก) ตัวอย่างโครโมโซม (ข) ภาพขยายโครโมโซม	2
ภาพที่ 2.1 (ก) ภาพตัวอย่างโครโมโซม (ข) ภาพขยายโครโมโซมถุงน้ำค้ำ.....	4
ภาพที่ 2.2 ภาพโครโมโซมชนิดเซลล์ถุงน้ำค้ำที่มีการทับซ้อนกัน	5
ภาพที่ 2.3 ตัวอย่างผลลัพธ์การใช้วิธี Gamma Correction.....	6
ภาพที่ 2.4 ตัวอย่างผลลัพธ์การใช้วิธี Flood Fill	6
ภาพที่ 2.5 แสดงภาพก่อนและหลังทำวิธี Dilation	7
ภาพที่ 2.6 ก่อนและหลังทำวิธี Unsharp Masking	8
ภาพที่ 2.7 แสดงภาพก่อนและหลังทำวิธี Erosion	8
ภาพที่ 2.8 ภาพระดับสีเทา 6 ระดับและฮิสโตแกรม.....	9
ภาพที่ 2.9 (ก) แสดงชุดข้อมูลชุดที่ 1 (ข) แสดงชุดข้อมูลชุดที่ 2	10
ภาพที่ 2.10 ภาพผลลัพธ์การทำงานของ Otsu Threshold.....	12
ภาพที่ 2.11 โครงกระดูกของภาพสี่เหลี่ยมผืนผ้าที่กำหนดไว้ในแง่ของวงกลมสองวงสัมผัสกัน.....	12
ภาพที่ 2.12 ภาพตัวอย่างการใช้องค์ประกอบโครงสร้างเพื่อเปรียบเทียบพิกเซล	14
ภาพที่ 2.13 (ก) ภาพต้นฉบับ (ข) ภาพที่ผ่านการปรับปรุงกระดูกภาพบริเวณจุดตัด	17
ภาพที่ 2.14 ตัวอย่างแสดงผลของการหาจุดปลาย.....	18
ภาพที่ 2.15 ตัวอย่างแสดงผลของการค้นหาจุดตัด	18
ภาพที่ 2.16 ตัวอย่างองค์ประกอบโครงสร้าง ของ SIPD.....	20
ภาพที่ 2.17 ขั้นตอนการทำงาน Heuristic Algorithm	21
ภาพที่ 3.1 ภาพโครโมโซมชนิดเซลล์ถุงน้ำค้ำ.....	22
ภาพที่ 3.2 ขั้นตอนวิธีการระบุจำนวนแบบอัตโนมัติสำหรับภาพโครโมโซมชนิดถุงน้ำค้ำ.....	23
ภาพที่ 3.3 (ก) ภาพต้นฉบับ (ข) ผลลัพธ์ของวิธี Gamma Correction	24
ภาพที่ 3.4 ขั้นตอนการปรับปรุงคุณภาพภาพโครโมโซมถุงน้ำค้ำ	25
ภาพที่ 3.5 การทำวิธี Gamma Correction และการทำวิธี Otsu Threshold.....	25
ภาพที่ 3.6 การทำวิธี Otsu Threshold และการทำวิธี Flood Fill	26

ภาพที่ 3.7 (ก) ผลลัพธ์ของวิธี Flood Fill (ข) ผลลัพธ์ของวิธี Erosion	27
ภาพที่ 3.8 (ก) ผลลัพธ์ของวิธี Erosion (ข) ผลลัพธ์ของวิธี Unsharp Masking	27
ภาพที่ 3.9 (ก) ผลลัพธ์ของวิธี Unsharp Masking (ข) ผลลัพธ์ของวิธี Dilation.....	28
ภาพที่ 3.10 (ก) ผลลัพธ์ของการทำ Dilation (ข) ผลลัพธ์ของวิธี Thinning	29
ภาพที่ 3.11 ตัวอย่างกระดูกภาพที่ไม่มีจุดเชื่อมทำให้จุดตัดซึ่งมีความขาดหายไปของพิกเซล	29
ภาพที่ 3.12 ตัวอย่างของกระดูกภาพที่มีการหยักของเส้นกระดูกภาพเหมือนจุดตัด	30
ภาพที่ 3.13 องค์ประกอบโครงสร้างที่ใช้ใน Filter2D	30
ภาพที่ 3.14 ผลลัพธ์การหาจุดปลายของกระดูกภาพ	30
ภาพที่ 3.15 องค์ประกอบโครงสร้างขนาด 5x5 พิกเซล.....	31
ภาพที่ 3.17 ผลลัพธ์ของจุดตัด	33
ภาพที่ 4.1 ตัวอย่างภาพโครโมโซมชนิดเซลล์ธัญน้ำค้ำที่มีความสว่างของภาพสูง	34
ภาพที่ 4.2 ตัวอย่างภาพโครโมโซมที่ไม่มีการระบุจุดตัด	36
ภาพที่ 5.1 ตัวอย่างหน้าแรกของบทความวิจัยที่ได้รับการตีพิมพ์.....	40

คำอธิบายสัญลักษณ์และคำย่อ

ตารางที่ 1.1 อธิบายสัญลักษณ์และคำย่อ

ลำดับ	คำศัพท์	ความหมาย
1	โครโมโซม (Chromosome)	สารพันธุกรรมในร่างกายของมนุษย์
2	G-Band	เทคนิคการย้อมสีโครโมโซม
3	เมทาเฟส (Metaphase)	ระยะที่โครโมโซมแต่ละแท่งซึ่งประกอบด้วยโครมาทิด 2 เส้นเคลื่อนที่มาอยู่ตรงกึ่งกลางของเซลล์และเส้นใยสปินเดิลเตรียมพร้อมที่จะดึงโครโมโซมแต่ละแท่งให้แยกออกจากกันไปยังคนละขั้วของเซลล์ซึ่งอยู่ตรงข้าม
4	โครโมโซมร่างกาย (Autosome)	กลุ่มของโครโมโซมที่ควบคุมลักษณะทางพันธุกรรมและลักษณะต่าง ๆ ของร่างกายเช่น ลักษณะของเส้นผม ลักษณะดวงตา เพศ และสีผิว
5	โครโมโซมเพศ (Sex Chromosome)	กลุ่มของโครโมโซมประเภทหนึ่งที่ช่วยกำหนดเพศของสิ่งมีชีวิต
6	พิกเซล (Pixel)	หน่วยพื้นฐานของภาพ คือจุดภาพบนจอแสดงผลหรือจุดภาพในภาพที่รวมกันเป็นภาพขึ้น โดยภาพหนึ่ง ๆ จะประกอบไปด้วยจุดภาพหรือพิกเซลมากมาย และแต่ละภาพที่สร้างขึ้นจะมีความหนาแน่นของจุดภาพ หรือบางครั้งแทนด้วยความละเอียด (ความคมชัด) ที่แตกต่างกันไป จึงใช้ในการบอกคุณสมบัติของภาพ จอภาพ หรืออุปกรณ์แสดงผลภาพได้
7	ภาพไบนารี (Binary Image)	ภาพไบนารีจะมีแค่ความเข้ม 2 ค่าเท่านั้นคือ 0 และ 1 หมายความว่า พิกเซลใดที่มีค่าเป็น 0 ก็จะมีค่าเป็น 1 พิกเซลนั้นแสดงสีดำ พิก-เซลใดที่มีค่าเป็น 1 ก็จะมีค่าเป็น 0 พิกเซลนั้นแสดงสีขาว
8	จุดปลาย (End Point)	จุดของพิกเซลจุดสุดท้ายของปลายกระดูกภาพโครโมโซมในแต่ละเส้น

ตารางที่ 1.1 อธิบายสัญลักษณ์และคำย่อ (ต่อ)

ลำดับ	คำศัพท์	ความหมาย
9	จุดตัด (Intersection Point)	พิกเซลที่อยู่ก่อนการเกิดทางแยกหรือการแตกแขนงออกของกระดูกภาพ
10	ภาพระดับสีเทา (Gray Scale)	ภาพระดับสีเทามีระดับสีทั้งหมด 256 ระดับ โดยนิยมระบุในช่วง 0-1 หรือ 0-255
11	Threshold	ค่าเกณฑ์ที่ใช้สำหรับการแบ่งแยก เช่น แบ่งแยกเม็ดสีหรือพิกเซลของภาพ
12	การเพิ่มคุณค่าหรือการปรับปรุง (Enhancement)	กระบวนการในการปรับปรุงคุณภาพหรือเพิ่มประสิทธิภาพของข้อมูลหรือภาพให้อยู่ในสภาพที่ดีกว่าเดิม เพื่อให้เหมาะสมกับการวิเคราะห์ การประมวลผล หรือการรับรู้ของมนุษย์มากยิ่งขึ้น
13	Gamma Correction	กระบวนการที่ใช้ในการปรับความสว่างของภาพดิจิทัล เพื่อให้การแสดงผลภาพนั้นเป็นไปอย่างถูกต้องตามที่ตามนุษย์รับรู้ได้
14	Otsu Threshold	วิธีการกำหนดค่าเกณฑ์ (Threshold) สำหรับการแบ่งภาพเป็นสองส่วนโดยอัตโนมัติ
15	การสร้างโครงกระดูกภาพ (Skeletonize)	กระบวนการแปลงวัตถุในภาพให้เป็นเส้นโครงกระดูกที่บางที่สุด เพื่อรักษาโครงสร้างหลักและรายละเอียดสำคัญของวัตถุ ช่วยในการวิเคราะห์ภาพทรงและโครงสร้างของวัตถุในภาพได้อย่างมีประสิทธิภาพ
16	Hit-or-Miss Transform	กระบวนการทางสัญฐานวิทยาที่ใช้ในการตรวจจับรูปแบบเฉพาะโดยใช้โครงสร้างเซลล์สองอันในการตรวจจับส่วนที่เป็นวัตถุและพื้นหลัง สามารถวิเคราะห์และศึกษาภาพร่างและโครงสร้างของวัตถุในภาพได้อย่างแม่นยำ

ตารางที่ 1.1 อธิบายสัญลักษณ์และคำย่อ (ต่อ)

ลำดับ	คำศัพท์	ความหมาย
17	(Determine The Number of Complicated Chromosome Image: DNCC)	การตรวจระบุจำนวนภาพโครโมโซมที่มีความซับซ้อนสามารถทำได้โดยการใช้เทคนิคการประมวลผลภาพและการวิเคราะห์รูปแบบ เพื่อระบุและตรวจจับลักษณะที่ซับซ้อนของภาพ เช่น การทับซ้อน ความผิดปกติ หรือการเบลอของโครโมโซม
18	(Automatic Geometric Feature Extraction: AGFE)	กระบวนการที่ใช้เทคโนโลยีคอมพิวเตอร์เพื่อตรวจจับและสกัดลักษณะทางเรขาคณิตอัตโนมัติ โดยไม่ต้องมีความสามารถในการประมวลผลของมนุษย์ เช่น การตรวจจับเส้นรอบภาพ การหาจุดตรงกลาง การวัดความยาว ความกว้าง หรือพื้นที่ของวัตถุ
19	(Skeleton Intersection Filling: SIF)	เทคนิคในการประมวลผลภาพที่ใช้ในการกร่อนข้อมูลในพื้นที่เชิง Super ของ Skeleton ซึ่งเป็นโครงสร้างที่ถูกสร้างขึ้นจากวัตถุที่เราสนใจในภาพ โดยเฉพาะจุดที่ตัดกันของวัตถุหรือโครงสร้างนั้น ๆ
20	(Skeleton Intersection Point Detection: SIPD)	กระบวนการในการตรวจจับจุดตัดกัน (Intersection Points) ในโครงสร้าง Skeleton ของวัตถุหรือโครงสร้างที่ถูกสร้างขึ้นจากภาพดิจิทัล โดยทั่วไปจะใช้ในการวิเคราะห์ภาพทางการแพทย์และภาพวิทยาศาสตร์

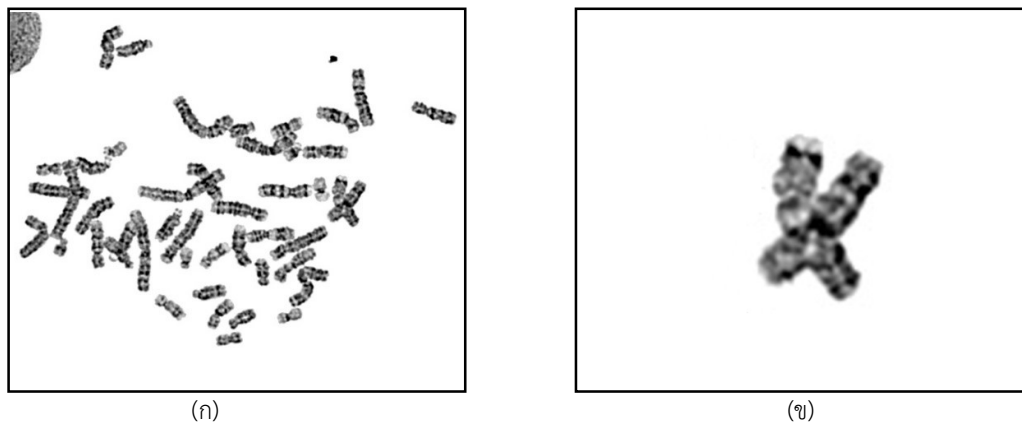
1 บทนำ

1.1 ที่มาและความสำคัญ

การวิเคราะห์ภาพโครโมโซมด้วยการระบุจำนวนโครโมโซม เป็นกระบวนการทางการแพทย์อย่างหนึ่งซึ่งช่วยให้แพทย์สามารถตรวจสอบและวินิจฉัยโรคที่เกี่ยวข้องกับความผิดปกติทางพันธุกรรมได้ ซึ่งโครโมโซมเป็นโครงสร้างที่อยู่ในนิวเคลียสของเซลล์ โดยมีบทบาทสำคัญในการถ่ายทอดข้อมูลทางพันธุกรรมและการเปลี่ยนแปลงในจำนวนหรือโครงสร้างของโครโมโซมสามารถนำไปสู่โรคต่าง ๆ ที่มีความผิดปกติทางพันธุกรรม

ในอดีตการระบุจำนวนโครโมโซมต้องใช้ผู้เชี่ยวชาญที่มีความรู้ความสามารถในการดูและวิเคราะห์ภาพโครโมโซมจากกล้องจุลทรรศน์ อย่างไรก็ตามกระบวนการนี้ใช้เวลานานและมีค่าใช้จ่ายสูง โดยในปัจจุบันมีการนำเทคโนโลยีการประมวลผลภาพเข้ามาช่วยในการวิเคราะห์และระบุจำนวนโครโมโซม เนื่องจากการใช้เทคโนโลยีดังกล่าวสามารถช่วยให้การระบุจำนวนโครโมโซมมีความสะดวก รวดเร็วและลดภาระค่าใช้จ่าย โดยการนำเทคโนโลยีการประมวลผลภาพในการวิเคราะห์และระบุจำนวนโครโมโซมต้องทำการสกัดคุณลักษณะที่สำคัญ อย่างไรก็ตามวิธีการเหล่านี้ถือว่ายังขาดผู้เชี่ยวชาญทางการแพทย์ในการวิเคราะห์ภาพโครโมโซมให้เพียงพอความต้องการของผู้ป่วยและภาพโครโมโซมที่ใช้ในการวิเคราะห์ส่วนใหญ่มักเป็นภาพโครโมโซมจากถุงน้ำค้ำ

ปัจจุบันนี้เทคโนโลยีการประมวลผลภาพถูกนำมาใช้เพื่อช่วยแพทย์ในการวิเคราะห์จำนวนโครโมโซมได้รวดเร็วขึ้นและเทคโนโลยีนี้มีความเกี่ยวข้องกับการดึงคุณลักษณะจากภาพโครงร่างของโครโมโซม โดยจะค้นหาจุดปลายบนเส้นโครงร่างของโครโมโซมและระบุจุดตัดบนโครงร่างโครโมโซมในกรณีที่โครโมโซมที่ทับซ้อนกัน ทำการดึงคุณลักษณะออกมาและถูกนำไปวิเคราะห์เพื่อกำหนดจำนวนโครโมโซมจากภาพ แต่ถึงอย่างไรประสิทธิภาพในการวิเคราะห์จำนวนภาพโครโมโซมยังไม่เป็นที่น่าพอใจ เนื่องจากภาพโครโมโซมจากถุงน้ำค้ำมีความไม่ชัดเจน เช่น มีการทับซ้อนกันของโครโมโซม หากนำไปวิเคราะห์เพื่อหาจุดตัดของโครโมโซม (Intersection Point) จะก่อให้เกิดความผิดพลาดในการค้นหาจุดตัดและจะส่งผลให้ประสิทธิภาพของการวิเคราะห์การระบุจำนวนลดความแม่นยำลง ด้วยเหตุนี้โครงงานวิจัยฉบับนี้จึงได้นำเสนอวิธีการปรับปรุงกระบวนการวิเคราะห์โครโมโซมชนิดเซลล์ถุงน้ำค้ำและการสกัดคุณลักษณะสำคัญของกระดูกภาพ โดยการหาจุดทับซ้อนกันที่เหมาะสมแก่การระบุจำนวนโครโมโซม ซึ่งใช้ภาพโครโมโซมชนิดเซลล์ถุงน้ำค้ำที่ใช้ในการทดลองแสดงในภาพที่ 1.1



ภาพที่ 1.1 (ก) ตัวอย่างโครโมโซมชนิดเซลล์ถุงน้ำค้ำ (ข) ภาพขยายโครโมโซมชนิดเซลล์ถุงน้ำค้ำ

จากภาพที่ 1.1 (ก) คือภาพตัวอย่างโครโมโซมชนิดเซลล์ถุงน้ำค้ำและภาพ (ข) คือภาพขยายโครโมโซมชนิดเซลล์ถุงน้ำค้ำมีโครงสร้างของแท่งโครโมโซมที่มีขนาดใหญ่และมีความหยักบริเวณขอบของแท่งโครโมโซมมาก ดังนั้นโครงงานวิจัยฉบับนี้จึงได้พัฒนาวิธีการค้นหาจุดตัดของโครโมโซมชนิดเซลล์ถุงน้ำค้ำ (Intersection Point) โดยใช้เทคนิค SBIPD ซึ่งพัฒนาบนพื้นฐานของภาพ Direct Binary-Scale และวิธี Hit-or-Miss Transformation ซึ่งวิธีการที่นำเสนอนี้ส่งผลให้สามารถค้นหาจุดตัดที่เหมาะสมและส่งผลให้การระบุจำนวนโครโมโซมชนิดเซลล์ถุงน้ำค้ำมีความถูกต้องแม่นยำมากยิ่งขึ้น

1.2 วัตถุประสงค์

1. เพื่อศึกษาวิธีการระบุจำนวนแบบอัตโนมัติสำหรับภาพโครโมโซมชนิดเซลล์ถุงน้ำค้ำ
2. เพื่อพัฒนาวิธีการระบุจำนวนแบบอัตโนมัติสำหรับภาพโครโมโซมชนิดเซลล์ถุงน้ำค้ำ

1.3 ขอบเขตของการวิจัย

โครงการนี้เป็นการพัฒนาวิธีการระบุจำนวนโครโมโซมชนิดเซลล์ถุงน้ำค้ำให้มีประสิทธิภาพมากยิ่งขึ้น เพื่อเป็นการประยุกต์วิธีการทางคอมพิวเตอร์เพื่อช่วยคัดกรองบุคคลที่มีความผิดปกติทางพันธุกรรม โดยใช้เทคโนโลยีการประมวลผลภาพโดยมีขอบเขตดังนี้

1. สามารถระบุจำนวนโครโมโซมชนิดเซลล์ถุงน้ำค้ำแบบอัตโนมัติ
2. ภาพโครโมโซมที่ใช้เป็นภาพระดับสีเทา มีความหลากหลายในลักษณะการทับซ้อนและการบิดงอของโครโมโซม
3. การทดสอบใช้ภาพโครโมโซมจากเซลล์ถุงน้ำค้ำจำนวน 135 ภาพ แต่ละภาพมีขนาดตั้งแต่ 37x32 พิกเซลขึ้นไป โดยภาพทั้งหมดเป็นระดับสีเทาในรูปแบบไฟล์ .jpg

1.4 เครื่องมือที่ใช้ในการพัฒนา

1.4.1 ด้านฮาร์ดแวร์ (Hardware)

1. คอมพิวเตอร์ส่วนบุคคล
2. เครื่องพิมพ์เอกสาร

1.4.2 ด้านซอฟต์แวร์ (Software)

1. หน่วยประมวลผลกลาง (CPU) Intel® Core™ i7-9750H 2.60 GHz
2. หน่วยความจำหลัก (RAM) 32.0 GB DDR4
3. ฮาร์ดดิสก์ (Hard Disk) ความจุอย่างน้อย 929 GB
4. ระบบปฏิบัติการ Microsoft Windows 11 รุ่น 64 bit
5. โปรแกรม JetBrains PyCharm Community Edition 2019.3
6. โปรแกรมสร้างและแก้ไขข้อความได้แก่ โปรแกรม Visual Studio Code
7. โปรแกรมจัดทำเอกสารได้แก่ โปรแกรม Microsoft Word 2022
8. ภาษาเขียนโปรแกรม Python

1.5 ขั้นตอนการดำเนินงาน

1. เก็บรวบรวมข้อมูลภาพโครโมโซมชนิดเซลล์ธัญน้ำคล้ำ
2. เตรียมข้อมูลภาพและปรับปรุงคุณภาพภาพให้พร้อมในการวิเคราะห์
3. พัฒนาวิธีการสกัดคุณลักษณะสำคัญของภาพโครโมโซมชนิดเซลล์ธัญน้ำคล้ำ
4. วิเคราะห์คุณลักษณะของภาพโครโมโซมชนิดเซลล์ธัญน้ำคล้ำ
5. พัฒนาวิธีการระบุจำนวนภาพโครโมโซมชนิดเซลล์ธัญน้ำคล้ำ
6. ตรวจสอบผลลัพธ์ของวิธีการที่นำเสนอ วิเคราะห์ข้อดีและข้อเสียรวมถึงแก้ไขจุดบกพร่องของโปรแกรมและปรับปรุงวิธีการให้มีประสิทธิภาพที่ดี

1.6 ประโยชน์ที่คาดว่าจะได้รับ

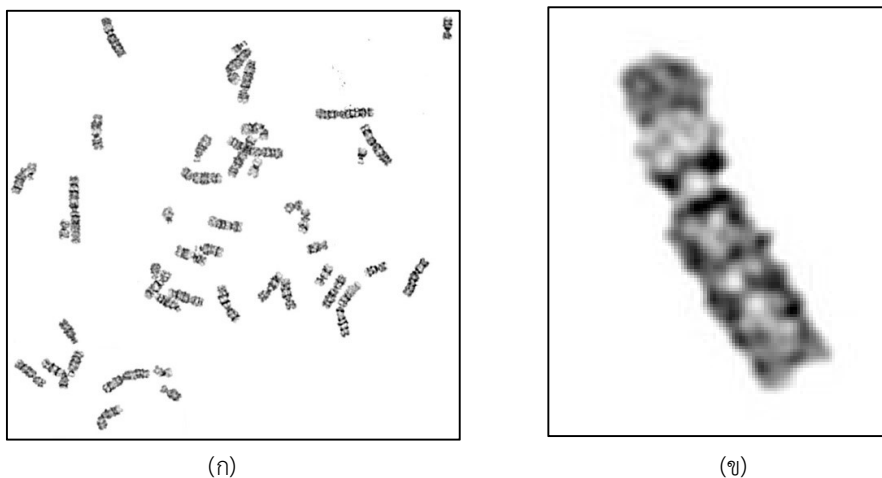
1. สามารถหาจุดตัดของโครโมโซมชนิดเซลล์ธัญน้ำคล้ำที่มีการทับซ้อนกัน
2. สามารถระบุจำนวนโครโมโซมชนิดเซลล์ธัญน้ำคล้ำที่มีการทับซ้อนกันได้
3. ลดระยะเวลาในการวิเคราะห์ภาพโครโมโซม
4. เพิ่มความแม่นยำในการระบุจำนวนโครโมโซม
5. ลดภาระงานของผู้เชี่ยวชาญ

2 ทฤษฎีและงานวิจัยที่เกี่ยวข้อง

2.1 ทฤษฎีที่เกี่ยวข้อง

2.1.1 ภาพโครโมโซมจากการเจาะดุน้ำค้ำ

การเจาะดุน้ำค้ำเป็นกระบวนการทางการแพทย์ที่มักจะดำเนินการระหว่างสัปดาห์ที่ 15 ถึง 20 ของการตั้งครรภ์เพื่อเก็บตัวอย่างน้ำค้ำเพื่อวิเคราะห์โครโมโซมของทารกในครรภ์ โดยใช้เข็มเรียวยาวแทงผ่านผนังช่องท้องโดยมีการช่วยนำทางด้วยอัลตราซาวด์ กระบวนการนี้มักใช้เวลาประมาณ 10 นาที การเจาะก่อนระยะเวลาที่กำหนดอาจเพิ่มความเสี่ยงต่อภาวะแทรกซ้อนจึงควรหลีกเลี่ยงการทำให้เร็วเกินไป ตัวอย่างโครโมโซมที่ได้จะมีลักษณะฟูและขนาดใหญ่ และค่อนข้างหนา ดังภาพที่ 2.1



ภาพที่ 2.1 (ก) ภาพตัวอย่างโครโมโซมที่ได้จากการเจาะดุน้ำค้ำ (ข) ภาพขยายโครโมโซมดุน้ำค้ำ

จากภาพที่ 2.1 ภาพ (ก) คือภาพตัวอย่างโครโมโซมที่ได้จากการเจาะดุน้ำค้ำและภาพ (ข) ภาพขยายโครโมโซมที่ได้จากการเจาะดุน้ำค้ำมีลักษณะแท่งโครโมโซมที่ใหญ่ โดยบริเวณขอบของแท่งโครโมโซมมีความหยาบมากและปลายของแท่งโครโมโซมมีการขยายใหญ่ออก ซึ่งทำให้การสร้างกระดูกภาพเกิดการแตกแขนงมากกว่าภาพโครโมโซมที่ได้จากเซลล์เม็ดเลือดขาวชนิดลิมโฟไซต์

ในการศึกษานี้ ได้ทำการศึกษาภาพโครโมโซมชนิดเซลล์ดุน้ำค้ำที่มีการทับซ้อนกันมากกว่า 1 โครโมโซมขึ้นไป โดยมีจำนวนทั้งหมด 135 ภาพ แต่ละภาพมีขนาดตั้งแต่ 37x32 พิกเซลขึ้นไป ตัวอย่างของภาพโครโมโซมที่มีการทับซ้อนกันนี้สามารถดูได้จากภาพที่ 2.2



ภาพที่ 2.2 ภาพโครโมโซมชนิดเซลล์ถุงน้ำค้ำที่มีการทับซ้อนกัน

จากภาพที่ 2.2 แสดงให้เห็นถึงลักษณะของโครโมโซมในเซลล์ถุงน้ำค้ำที่มีการทับซ้อนกัน โดยมีมากกว่าหนึ่งโครโมโซมในพื้นที่เดียวกัน ซึ่งทำให้เกิดความท้าทายในการวิเคราะห์และตรวจหาจุดตัด ลักษณะที่สังเกตได้จากภาพคือการทับซ้อนของเส้นโครโมโซมที่มีทั้งส่วนที่เชื่อมโยงและแตกแขนงออกไป นอกจากนี้ขอบเขตของโครโมโซมในบางจุดมีลักษณะที่ขาดหายหรือไม่ต่อเนื่อง ทำให้กระบวนการตรวจหาจุดตัดและการระบุจำนวนโครโมโซมยากขึ้น ซึ่งเป็นปัจจัยสำคัญที่ต้องแก้ไขเพื่อเพิ่มความแม่นยำในการวิเคราะห์ภาพโครโมโซมที่มีลักษณะซับซ้อนเหล่านี้

2.1.2 วิธีการประมวลผลภาพ

1. Enhancement

วิธี Enhancement คือการปรับปรุงคุณภาพของภาพถ่าย โดยการพัฒนาการระบุจำนวนอัตโนมัติสำหรับภาพโครโมโซมถุงน้ำค้ำมีการใช้วิธีการในการ Enhancement ดังนี้

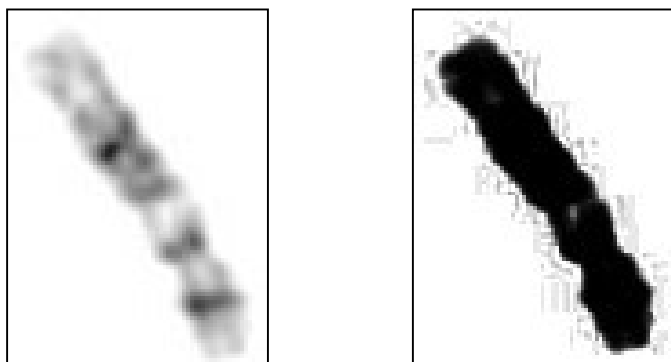
1.1 Gamma Correction

วิธี Gamma Correction (Wang et al., 2023) เป็นที่รู้จักกันอีกชื่อหนึ่งว่า วิธีการ Power Law Transform เป็นวิธีหนึ่งในการเพิ่มประสิทธิภาพของภาพ ซึ่งเป็นวิธีการปรับความเข้มและความสว่างของภาพ โดยวิธี Gamma Correction จะบอกความสัมพันธ์ระหว่างค่าตัวเลขในจุดภาพ (Pixel) และค่าความส่องสว่าง (Luminance) ตามความเป็นจริง ซึ่งขั้นตอนการทำงานของวิธี Gamma Correction ขั้นตอนแรกจะทำการปรับค่าตัวเลขในพิกเซลที่อยู่ในช่วง 0-255 ให้อยู่ในช่วง 0-1.0 หลังจากปรับค่าตัวเลขแล้วจะใช้สมการ (1) ดังต่อไปนี้

$$B = I_a + \left\lceil \frac{I_b}{2} \right\rceil + \left(\frac{I_c}{2} \right) + (I_c \bmod 2) + 1 \quad (1)$$

เมื่อ	I	คือ Input Image
	G	คือ Gamma Values
	O	คือ Output Image

O จะถูกปรับค่าตัวเลขใน พิกเซล ให้อยู่ในช่วง 0-255 ตามเดิม ถ้า Gamma Values มีค่าน้อยกว่า 1 ภาพจะสว่างขึ้น แต่ถ้า Gamma Values มีค่ามากกว่า 1 ภาพจะมีมืดลง ดังภาพที่ 2.3

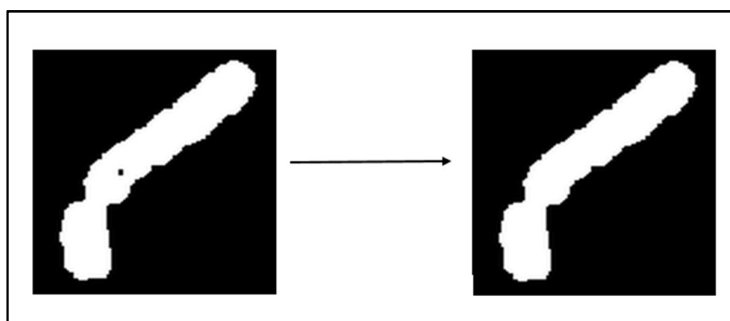


ภาพที่ 2.3 ตัวอย่างผลลัพธ์การใช้วิธี Gamma Correction

จากภาพที่ 2.3 แสดงให้เห็นถึงตัวอย่างก่อนและหลังการใช้วิธี Gamma Correction โดยทำให้ภาพมีความเข้มมากยิ่งขึ้น

1.2 Flood Fill

วิธี Flood Fill (Nadour & Cherroun, 2022) คือวิธีการปรับปรุงข้อมูลภาพที่ขาดหายเนื่องจากภาพที่ผ่านการทำเป็นภาพขาวดำ (Binary Image) ไม่สามารถแยกวัตถุและพื้นหลังได้อย่างชัดเจน ซึ่งวิธี Flood Fill จะทำการเติมสีลงในช่องที่ขาดหายไปบนพื้นที่ของวัตถุ โดยการเติมสีลงไป จะทำการเติมลงในช่องที่มีสีของวัตถุล้อมรอบ ซึ่งจะมีการเลือกจุดในภาพ Seed Point แล้วทั้ง Seed Point และจุดรอบข้างที่มีสีเหมือนกันจะถูกแทนที่ด้วยสีที่กำหนดตัวอย่างผลลัพธ์ ดังภาพที่ 2.4

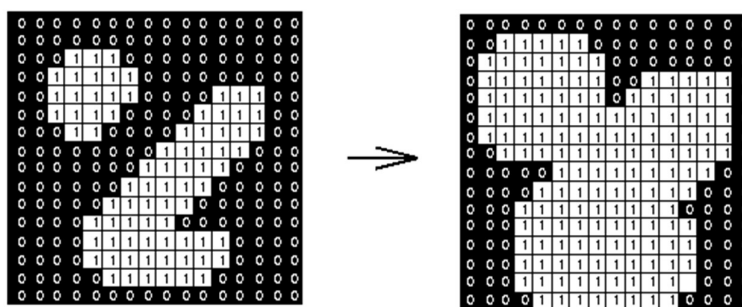


ภาพที่ 2.4 ตัวอย่างผลลัพธ์การใช้วิธี Flood Fill

จากภาพที่ 2.4 แสดงให้เห็นถึงตัวอย่างผลลัพธ์วิธี Flood Fill ซึ่งทำให้ภาพของโครโมโซมนั้นมีความสมบูรณ์ เนื่องจากการเติมส่วนที่ขาดหายไปบนพื้นที่ของวัตถุ

1.3 Dilation

วิธี Dilation (Soille, 1999) เป็นหนึ่งในตัวดำเนินการพื้นฐานในด้านทฤษฎีคณิตศาสตร์ฐานวิทยา (Mathematical Morphology) โดยทั่วไปจะนำมาประยุกต์ใช้กับรูปแบบไบนารี (Binary Image) ซึ่งส่งผลให้เกิดการขยายขอบเขตของพิกเซลที่เป็นพื้นที่ของวัตถุโดยปกติคือพิกเซลสีขาว ซึ่งส่งผลให้พื้นที่ของวัตถุมีขนาดเพิ่มขึ้น ในขณะที่ช่องว่างภายในพื้นที่ที่วัตถุมีขนาดลดลงกระบวนการขยายนี้ใช้ข้อมูลนำเข้า (Input) สองส่วน ได้แก่ ภาพที่ต้องการขยายและชุดพิกัดจุดที่เรียกว่าองค์ประกอบโครงสร้าง โดยองค์ประกอบโครงสร้างนี้มักมีขนาดเป็นเลขคี่ เช่น 3x3 พิกเซล หรือ 5x5 พิกเซล ตัวอย่างผลลัพธ์ของการขยายแสดงดังภาพที่ 2.5



ภาพที่ 2.5 แสดงภาพก่อนและหลังทำวิธี Dilation

จากภาพที่ 2.5 แสดงให้เห็นถึงภาพก่อนและหลังจากทำวิธี Dilation ซึ่งทำให้ภาพเกิดการขยายขอบเขตของพิกเซล

1.4 Unsharp Masking

วิธี Unsharp Masking (Chang et al., 2024) เป็นเทคนิคการเพิ่มความคมชัดของภาพโดยการเน้นรายละเอียดให้เด่นชัดขึ้น กระบวนการนี้เริ่มจากการสร้างภาพเบลออกจากภาพต้นฉบับ จากนั้นนำผลลบออกเพื่อสร้างภาพความต่างโดยจะแสดงถึงรายละเอียดที่สูญหายไปในการบวนการเบลอ เมื่อเสร็จสิ้นจะนำภาพความต่างนี้มาเพิ่มกลับเข้ากับภาพต้นฉบับ การปรับค่าความเข้มของการเบลอและการเพิ่มความคมชัดเป็นปัจจัยสำคัญในการปรับปรุงความชัดเจนของภาพโดยไม่เพิ่มสัญญาณรบกวนมากเกินไป ตัวอย่างผลลัพธ์แสดงดังภาพที่ 2.6

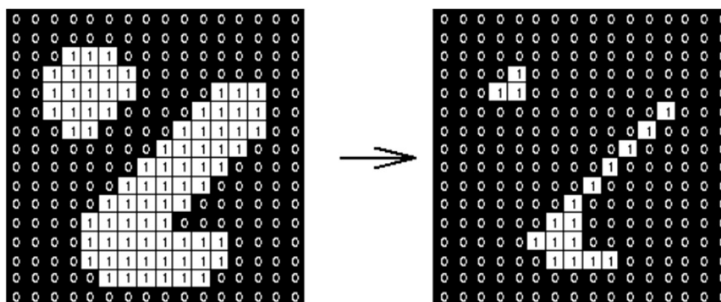


ภาพที่ 2.6 ก่อนและหลังทำวิธี Unsharp Masking

จากภาพที่ 2.6 แสดงให้เห็นถึงภาพก่อนและหลังการทำวิธี Unsharp Masking เพื่อเพิ่มความคมชัดของภาพ

1.5 Erosion

วิธี Erosion (Soille, 1999) เป็นกระบวนการทางคณิตศาสตร์ฐานวิทยาที่ใช้ในการแปลงภาพไบนารี โดยมีวัตถุประสงค์เพื่อลดขนาดพื้นที่วัตถุในภาพ กระบวนการนี้ใช้ตัวดำเนินการกร่อนเพื่อลดขอบเขตของพิกเซลสีขาวและขยายพื้นที่ว่าง โดยอาศัยองค์ประกอบโครงสร้าง (Structuring Element) ซึ่งเป็นชุดข้อมูลที่มีขนาดเป็นเลขคี่ เช่น 3x3 พิกเซล หรือ 5x5 พิกเซล หลักการทำงานของกร่อนคือการเปรียบเทียบแพทเทิร์นขององค์ประกอบโครงสร้างกับภาพไบนารีที่ตำแหน่งต่างๆ หากองค์ประกอบโครงสร้างไม่สามารถทับทับกับพิกเซลวัตถุได้ทั้งหมดพิกเซลกลางจะถูกแทนที่ด้วยค่า 0 ส่งผลให้พื้นที่วัตถุลดขนาดลง กระบวนการนี้มีประโยชน์ในการกำจัดสัญญาณรบกวนและรายละเอียดที่ไม่จำเป็นออกจากภาพ ดังแสดงในภาพที่ 2.7



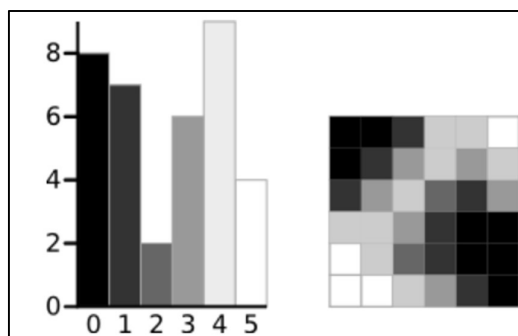
ภาพที่ 2.7 แสดงภาพก่อนและหลังทำวิธี Erosion

จากภาพที่ 2.7 แสดงให้เห็นถึงภาพก่อนและหลังจากทำวิธี Erosion ซึ่งทำให้พื้นที่ภาพโครโมโซมมีขนาดที่ลดลง

2. Segmentation

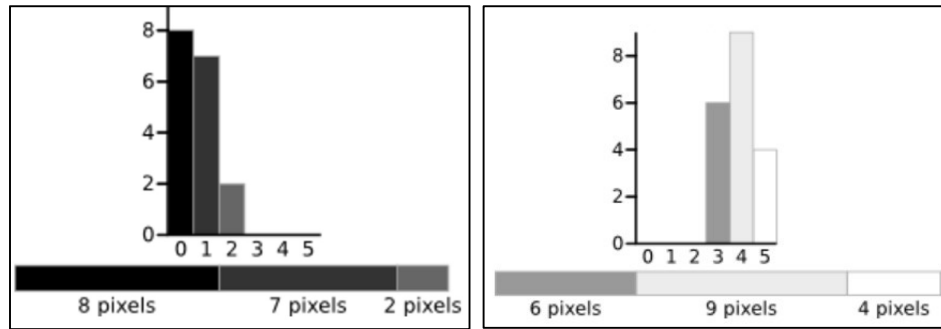
วิธี Segmentation (Bhuvana & Hemalatha, 2024) เป็นกระบวนการแยกวัตถุออกจากพื้นหลังด้วยการสกัดคุณลักษณะสำคัญของภาพโครโมโซมเซลล์ธัญน้ำค้ำเพื่อเพิ่มประสิทธิภาพในการระบุจำนวน ซึ่งมีการใช้วิธี Otsu Threshold (Sheer & Daway, 2024) โดยเทคนิคดังกล่าวระบุเป็นหนึ่งในวิธีการแปลงภาพระดับสีเทาให้เป็นภาพขาวดำที่มีประสิทธิภาพ ซึ่งกระบวนการของวิธี Otsu Threshold จะประกอบด้วยการกำหนดเกณฑ์ขั้นต่ำสำหรับการแบ่งค่าในภาพระดับสีเทา ซึ่งเกี่ยวข้องกับการวนซ้ำผ่านค่าเกณฑ์ที่เป็นไปได้ทั้งหมด พร้อมทั้งการคำนวณการกระจายตัวของค่าสีจากฮิสโตแกรมของภาพโดยอัตโนมัติ โดยจุดมุ่งหมายสำคัญคือการพิจารณาหาค่าที่เหมาะสมที่สุดเพื่อนำมาใช้ในการแบ่งค่าสีของฮิสโตแกรมออกเป็นสองส่วน อันได้แก่ ส่วนของวัตถุและส่วนของพื้นหลังลำดับขั้นตอนดังต่อไปนี้

1. แบ่งข้อมูลออกเป็นสองส่วนจากฮิสโตแกรม โดยแสดงดังภาพที่ 2.8



ภาพที่ 2.8 ภาพระดับสีเทา 6 ระดับและฮิสโตแกรม

จากภาพที่ 2.8 จะเห็นได้ว่าเป็นภาพระดับเทาขนาด 6x6 พิกเซลและฮิสโตแกรมที่แสดงจำนวนพิกเซลในแต่ละระดับสี โดยขั้นตอนแรกวิธี Otsu Threshold จะทำการแบ่งข้อมูลออกเป็น 2 ส่วนจากฮิสโตแกรม โดยจะแบ่งเป็นข้อมูลชุดแรกระดับสีที่ 0-2 และข้อมูลชุดที่ 2 ระดับสีที่ 3-5 ผลลัพธ์แสดง ดังภาพที่ 2.9



ภาพที่ 2.9 (ก) แสดงชุดข้อมูลชุดที่ 1 (ข) แสดงชุดข้อมูลชุดที่ 2

จากภาพที่ 2.9 แสดงให้เห็นข้อมูล 2 ชุด ที่มีระดับสีที่ 0-2 และข้อมูลชุดที่มีระดับสี 3-5 หาผลรวมของแต่ละชุดข้อมูลโดยใช้สมการที่ (2)

$$q(t) = \sum_{i=1}^t P(i) \quad (2)$$

เมื่อ $q(t)$ คือผลรวมของชุดข้อมูล

$P(i)$ คือจำนวนพิกเซลในแต่ละระดับสีของชุดข้อมูล

จากสมการที่ (2) ข้อมูลที่แบ่งออกเป็นสองชุด โดยชุดแรกจะได้จากสมการที่ (2) ข้อมูลที่แบ่งออกเป็นสองชุด ซึ่งชุดแรกจะได้ $q_1 = 17$ และชุดที่สองจะได้ $q_2 = 19$ หลังจากนั้นจะทำการหาค่าเฉลี่ยจากสมการที่ (3) ดังต่อไปนี้

1. หาค่าเฉลี่ยของแต่ละชุดข้อมูลโดยใช้สมการที่ (3)

$$\mu(t) = \sum_{i=1}^t \frac{iP(i)}{q(t)} \quad (3)$$

เมื่อ $\mu(t)$ คือค่าเฉลี่ย

$P(i)$ คือจำนวน Pixel ในแต่ละระดับสีของชุดข้อมูล

$q(t)$ คือผลรวมของชุดข้อมูล

i คือ ค่าระดับสีแต่ละค่าของชุดข้อมูล

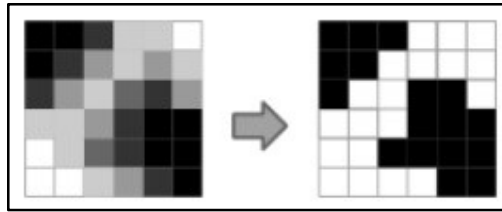
จากสมการที่ (3) เมื่อนำข้อมูลแบ่งออกเป็นสองชุดเข้ามาหาค่าเฉลี่ยจากข้อมูลชุดแรกจะได้ค่าเฉลี่ยเท่ากับ 0.6471 และจากข้อมูลชุดที่สองจะได้ค่าเฉลี่ยเท่ากับ 3.8947 โดยเมื่อได้ค่าเฉลี่ยแล้วจึงนำค่าเฉลี่ยมาหาความแปรปรวนจากสมการดังต่อไปนี้

2. หาค่าความแปรปรวนของแต่ละชุดข้อมูลโดยใช้สมการที่ (4)

$$\sigma^2(t) = \sum_{i=1}^t [i - \mu(t)]^2 \frac{P(i)}{q(t)} \quad (4)$$

เมื่อ	$\sigma^2(t)$	คือค่าความแปรปรวน
	$\mu(t)$	คือค่าเฉลี่ย
	$P(i)$	คือจำนวน Pixel ในแต่ละระดับสีของชุดข้อมูล
	$q(t)$	คือผลรวมของชุดข้อมูล
	i	คือค่าระดับสีแต่ละค่าของชุดข้อมูล

จากสมการที่ (4) เมื่อนำข้อมูลจากข้อมูลที่แบ่งออกเป็นสองชุด โดยชุดแรกจะได้ค่าความแปรปรวนเท่ากับ 0.4637 และชุดที่สองจะได้ค่าความแปรปรวนเท่ากับ 0.5152 หลังจากนั้นจะทำการหาน้ำหนักด้วยการนำ q_1 และ q_2 หารด้วยขนาดของภาพ ซึ่งจะได้น้ำหนักของข้อมูลชุดแรกเท่ากับ 0.4722 และน้ำหนักของข้อมูลชุดที่สองเท่ากับ 0.5278 โดยขั้นตอนสุดท้ายจะทำการรวมผลคูณของน้ำหนักกับค่าความแปรปรวนของข้อมูลชุดแรกและน้ำหนักกับค่าความแปรปรวนของข้อมูลชุดที่สองจะได้ $(0.4722 \times 0.4637) + (0.5278 \times 0.5152) = 0.4909$ ดังนั้นค่าสุดท้ายนี้คือผลรวมของผลต่างถ่วงน้ำหนักสำหรับค่าเกณฑ์ 3 ได้ผลลัพธ์แสดง ดังภาพที่ 2.10



ภาพที่ 2.10 ภาพผลลัพธ์การทำงานของวิธี Otsu Threshold

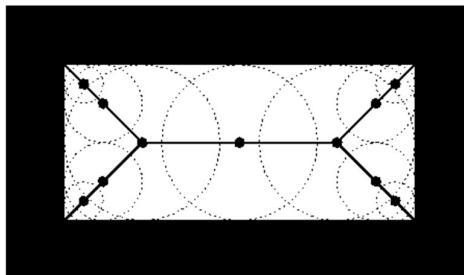
จากภาพที่ 2.10 แสดงภาพผลลัพธ์การทำงานของวิธี Otsu Threshold แสดงให้เห็นการแปลงภาพระดับสีเทาให้เป็นภาพขาวดำ

3. Feature Extraction

Feature Extraction คือการสกัดลักษณะพิเศษของภาพถ่าย ซึ่งการสกัดคุณลักษณะสำคัญของภาพเพื่อทำการระบุจำนวนอัตโนมัติสำหรับภาพโครโมโซมถุงน้ำค้ำ โดยงานวิจัยนี้มีคุณลักษณะที่ใช้ได้แก่ Skeleton, End Point, Intersection Point ซึ่งในงานวิจัยนี้ได้ประยุกต์ใช้วิธีการสกัดดังนี้

3.1 Skeleton

Skeleton (โครงกระดูกภาพ) เป็นคุณลักษณะที่นำมาประยุกต์ใช้เพื่อเพิ่มความแม่นยำในการระบุจำนวนโครโมโซม โดยอาศัยเทคนิค Skeletonize (He et al., 2022) ซึ่งมีหลักการสำคัญคือการลดทอนพื้นที่ของวัตถุในภาพไปจนเหลือเพียงแกนกลางที่มีความหนาเพียง 1 พิกเซล กระบวนการนี้ใช้หลักการ Morphological Thinning ตามวิธี Lee ในการวิเคราะห์พื้นที่ขนาด 3x3 พิกเซล เพื่อกำจัดพิกเซลที่ไม่จำเป็นออกไปจนกระทั่งภาพไม่มีการเปลี่ยนแปลง โดยยังคงรักษาโครงสร้างพื้นฐานของวัตถุเดิมไว้ นอกจากนี้เทคนิคดังกล่าวยังมีประสิทธิภาพในการรักษาขอบเขตและความต่อเนื่องของวัตถุได้ดี ส่งผลให้เกิดการลดทอนภาพร่างทางสัณฐานวิทยาที่มีประสิทธิภาพ ดังแสดงในภาพที่ 2.11



ภาพที่ 2.11 โครงกระดูกของภาพสี่เหลี่ยมผืนผ้าที่กำหนดไว้ในแง่ของวงกลมสองวงสัมผัสกัน

จากภาพที่ 2.11 แสดงภาพโครงกระดูกของภาพสไลม์พื้นผ้าที่กำหนดไว้ในแง่ของวงกลมสองวงสัมผัสกัน

3.2 End Point

End Point (จุดปลาย) เป็นคุณลักษณะที่สกัดด้วยวิธี Filter2D (Pakkeetong et al., 2022) เป็นกระบวนการประมวลผลภาพโดยใช้องค์ประกอบโครงสร้าง (Structuring Element) เพื่อปรับเปลี่ยนคุณลักษณะของภาพ โดยวิธีการนี้เริ่มจากการกำหนดองค์ประกอบโครงสร้างและนำไปวางทับซ้อนบนภาพไบนารี (Binary Image) ที่ต้องการประมวลผลในการดำเนินการโดยวิธี Filter2D จะทำการคูณค่าในองค์ประกอบโครงสร้างกับค่าในภาพไบนารีที่มีตำแหน่งตรงกัน จากนั้นจึงนำผลคูณทั้งหมดมาบวกรวมกัน โดยพื้นที่การคำนวณจะมีขนาดเท่ากับองค์ประกอบโครงสร้างที่กำหนดค่าผลลัพธ์ที่ได้จากการคำนวณจะถูกนำไปแทนที่ในภาพไบนารีที่ตำแหน่งที่สอดคล้องกับจุดศูนย์กลางขององค์ประกอบโครงสร้าง กระบวนการนี้สามารถอธิบายได้ด้วยสมการทางคณิตศาสตร์ ดังแสดงในสมการที่ (5) ต่อไปนี้

$$g(x, y) = \sum_{s=-a}^a \sum_{t=-b}^b w(s, t) f(x + s, y + t) \quad (5)$$

เมื่อ	$g(x, y)$	คือค่าตัวเลขใหม่ของพิกเซลที่สนใจ
	$w(s, t)$	คือค่าตัวเลขในองค์ประกอบโครงสร้าง
	$f(x + s, y + t)$	คือค่าตัวเลขของภาพที่รับเข้ามา

3.3 Intersection Point

Intersection Point (จุดตัด) เป็นคุณลักษณะที่สกัดด้วยวิธี Hit-or-Miss Transform (Das, 2020) เป็นเทคนิคการประมวลผลภาพที่ใช้องค์ประกอบโครงสร้างในการวิเคราะห์และแปลงภาพ โดยอาศัยหลักการปฏิสัมพันธ์ระหว่างองค์ประกอบโครงสร้างกับพิกเซลของภาพดังแสดงในภาพที่ 2.12 โดยเทคนิคนี้เป็นพื้นฐานสำคัญของการดำเนินการทางสัณฐานวิทยา (Morphological Operations) เช่น การขยาย (Dilation) และการกร่อน (Erosion) ในการประมวลผลภาพ ซึ่งในการทำ Hit-or-Miss Transform จะมีแนวคิดสำคัญที่ใช้อธิบายความสัมพันธ์ระหว่างองค์ประกอบโครงสร้างและพิกเซลของภาพดังกล่าวมีความแตกต่างกันและใช้เปรียบเทียบลักษณะของทั้งสองส่วนได้แก่

1. Hit เกิดขึ้นเมื่อองค์ประกอบโครงสร้างทับซ้อนกับพิกเซลของภาพอย่างน้อยหนึ่งจุด เมื่อวางองค์ประกอบโครงสร้างบนตำแหน่งที่กำหนดของภาพ Miss เกิดขึ้นเมื่อไม่มีตำแหน่งใดของภาพที่ตรงกับพิกเซลบนภาพ
2. Miss เกิดขึ้นเมื่อไม่มีส่วนใดของส่วนประกอบโครงสร้างที่ทับซ้อนกับพิกเซลของภาพ ทำให้ไม่เกิดการตัดกันระหว่างส่วนประกอบโครงสร้างและภาพ
3. Fit เกิดขึ้นเมื่อทุกส่วนของส่วนประกอบโครงสร้างครอบคลุมพิกเซลของภาพอย่างสมบูรณ์ ส่งผลให้เกิดความสอดคล้องกันอย่างสมบูรณ์ระหว่างส่วนประกอบโครงสร้างและภาพในบริเวณนั้น

Image										Structuring element		
0	Fit	0	1	1	1				Hit	0	1	0
1	0	1	1	1	1	1	1	1		1	1	1
0	1	1	1	1	0	0	0	0		0	1	0
0	1	1	1	1	0	0	0	0		0	1	0
0	1	1	1	1	1	0	0	0		0	1	0
0	1	0		1	0	1	0	0		0	1	0
0	1	0		0	0	0			Miss	0	1	0
0	1	0		0	0	0				0	1	0

ภาพที่ 2.12 ภาพตัวอย่างการใช้องค์ประกอบโครงสร้างเพื่อเปรียบเทียบพิกเซล

จากภาพที่ 2.12 ภาพตัวอย่างการใช้องค์ประกอบโครงสร้างเพื่อเปรียบเทียบพิกเซลเพื่ออธิบายวิธี Hit-or-Miss Transform

2.1.3 วิธีการระบุจำนวนของโครโมโซม

ในการระบุจำนวนของโครโมโซมในเบื้องต้นจะต้องวิเคราะห์หาจำนวนจุดปลายที่เหมาะสมซึ่งจะได้ผลลัพธ์เป็นจำนวนจุดปลายของกระดูกภาพนั้น ๆ จากนั้นจะทำการนำจำนวนจุดปลายที่เป็นผลลัพธ์มาเข้าสู่สมการระบุจำนวนโครโมโซมจากจุดปลายด้วยวิธี DNCC (Kubola & Wayalun, 2018) ดังสมการดังต่อไปนี้

1. การระบุจำนวนโครโมโซมทับซ้อนโดยใช้จุดปลายโดยแสดงดังสมการ (6)

$$A = \left\lceil \frac{E}{2} \right\rceil \quad (6)$$

เมื่อ A คือผลลัพธ์ของจำนวนโครโมโซม
 E คือจำนวนจุดปลายของกระดูกภาพ

2. การระบุจำนวนโครโมโซมโดยระบุจากจุดตัดของโครโมโซมทับซ้อนโดยแสดงดังสมการ (7)

$$B = I_a + \left\lceil \frac{I_b}{2} \right\rceil + \left(\frac{I_c}{2} \right) + (I_c \bmod 2) + 1 \quad (7)$$

เมื่อ B คือผลลัพธ์ของการระบุจำนวนโครโมโซมจากจุดตัด
 I_a คือจำนวนจุดตัดที่มากกว่าเกณฑ์ค่าคงที่ที่กำหนด T_1
 I_b คือจำนวนจุดตัดที่มีระยะห่างที่น้อยกว่าหรือเท่ากับ T_1
 และมากกว่า T_2
 I_c คือจำนวนจุดตัดที่มีระยะห่างน้อยกว่า T_2
 T คือค่าคงที่ที่กำหนดไว้สำหรับการวิเคราะห์

จากนั้นจะนำผลลัพธ์จากสมการที่ (6) และผลลัพธ์จากสมการที่ (7) มาใช้ในสมการที่ (8) เพื่อหาผลลัพธ์ที่แม่นยำที่สุดโดยแสดงดังสมการที่ (8)

$$N = \int_{\max} (A, B) \quad (8)$$

เมื่อ N คือผลลัพธ์ของจำนวนโครโมโซมทั้งหมด
 A คือผลลัพธ์จากการระบุจำนวนโครโมโซมโดยใช้จุดปลาย
 B คือหมายถึงผลลัพธ์จากการระบุจำนวนโครโมโซมโดยใช้จุดตัด

2.1.4 เครื่องมือในการวัดประสิทธิภาพ

1. Sensitivity

การประเมินประสิทธิภาพของการค้นหาจุดตัดในภาพโครโมโซมธัญน้ำคล้ำ (Kubola & Wayalun, 2018) โดยการประเมินประสิทธิภาพของการระบุจำนวนจุดตัดแบบอัตโนมัติสำหรับภาพโครโมโซมธัญน้ำคล้ำ ซึ่งใช้การเปรียบเทียบประสิทธิภาพด้วยตัวชี้วัด Sensitivity (SE) โดยจุดตัดที่ทำการหาได้ถูกต้องคือ True Positive ในขณะที่จำนวนที่หาจุดตัดไม่ถูกต้องคือ False Negative ซึ่งจะถูกกำหนดโดยจำนวนของการตรวจสอบการระบุโครโมโซมเดี่ยวมากกว่าจำนวนจริงของโครโมโซมเดี่ยวและจะกำหนด SE เป็นการระบุจำนวนจุดตัดโครโมโซมเซลล์ธัญน้ำคล้ำที่ถูกต้อง ดังสมการ (9)

$$SE = \frac{TP}{TP + FN} \times 100 \quad (9)$$

เมื่อ SE คือประสิทธิภาพการระบุจำนวนจุดตัดโครโมโซมเซลล์ธัญน้ำคล้ำที่ถูกต้อง
 TP คือการระบุจำนวนจุดตัดโครโมโซมเซลล์ธัญน้ำคล้ำที่ถูกต้อง
 FN คือการระบุจำนวนจุดตัดโครโมโซมเซลล์ธัญน้ำคล้ำที่ไม่ถูกต้อง

2.1.5 การปรับปรุงกระดูกภาพ

การปรับปรุงกระดูกภาพของโครโมโซมเป็นขั้นตอนสำคัญในกระบวนการประมวลผลภาพ เพื่อเพิ่มความสมบูรณ์และความถูกต้องของภาพโครงร่างกระดูก (Skeleton Image) โดยกระบวนการ Skeletonization ที่ใช้ในการสร้างกระดูกภาพ อาจก่อให้เกิดปัญหาความไม่สมบูรณ์หลายประการ เช่น การหายไปของจุดปลาย (End Point) และจุดทางแยก (Intersection Point) ปัญหาเหล่านี้จะส่งผลให้การวิเคราะห์และประมวลผลภาพต่อไปมีความคลาดเคลื่อน ซึ่งปัญหาสำคัญที่พบในกระดูกภาพประกอบด้วย การหายไปของจุดทางแยก โดยเกิดจากพิกเซลที่เชื่อมเส้นกระดูกภาพในบริเวณจุดทางแยกหายไป ส่งผลให้ข้อมูลในบริเวณนั้นไม่ครบถ้วน นอกจากนี้ยังพบว่ามีความหยักของเส้นกระดูกภาพ ซึ่งอาจถูกตีความผิดว่าเป็นจุดทางแยกอาจส่งผลให้การวิเคราะห์ภาพผิดพลาด ดังนั้นจึงจำเป็นต้องใช้การปรับปรุงกระดูกภาพ (Improve Skeleton) โดยมีขั้นตอนดังต่อไปนี้

เริ่มต้นด้วยการนำค่าพิกเซลของภาพกระดูก (img_skeleton) มาเก็บในตัวแปร img และเก็บขนาดของภาพลงในตัวแปร y และ x จากนั้นทำการตรวจสอบค่าพิกเซลในแต่ละแถวของภาพ โดยตรวจสอบจำนวนพิกเซลที่มีค่า 255 (สีขาว) ในแต่ละแถว หากพบพิกเซลที่มีค่า 255 จะเข้าสู่

กระบวนการตรวจสอบค่าพิกเซลในแต่ละคอลัมน์ต่อไป โดยจะทำการตรวจสอบและเปลี่ยนค่าพิกเซลเพื่อเชื่อมต่อเส้นกระดูกที่ขาดหายไปในแต่ละแถวและคอลัมน์ รวมทั้งตรวจสอบและลบพิกเซลที่ทำให้เส้นกระดูกมีความหยักเหมือนจุดทางแยก โดยวิธีการนี้จะช่วยเพิ่มความสมบูรณ์ของจุดทางแยกที่ขาดหายไปและลบความหยักที่ไม่จำเป็นในเส้นกระดูกภาพ ส่งผลให้กระดูกภาพมีความตรงและถูกต้องมากขึ้นดังภาพที่ 2.13



ภาพที่ 2.13 (ก) ภาพต้นฉบับ (ข) ภาพที่ผ่านการปรับปรุงกระดูกภาพบริเวณจุดตัด

จากภาพที่ 2.13 ภาพ (ก) คือภาพต้นฉบับและภาพ (ข) คือผลลัพธ์จากกระบวนการปรับปรุงกระดูกภาพที่ 2.13 โดยแสดงให้เห็นว่ากระดูกภาพมีการเติมพิกเซลในบริเวณจุดทางแยกที่ขาดหายไปและลบพิกเซลที่ทำให้เส้นกระดูกมีความหยัก ซึ่งช่วยให้การวิเคราะห์โครงสร้างของโครโมโซมมีความถูกต้องและมีประสิทธิภาพมากยิ่งขึ้น ในการปรับปรุงกระดูกภาพจึงเป็นกระบวนการที่สำคัญในการเตรียมภาพสำหรับการวิเคราะห์ทางชีววิทยาและการวิจัยทางการแพทย์ที่ต้องการความแม่นยำสูงในการประมวลผลและวิเคราะห์ข้อมูลภาพทางโครงสร้างของโครโมโซม

2.2 งานวิจัยที่เกี่ยวข้อง

1. งานวิจัยของ Kanuengnij Kubola และ Pichet Wayalun (Kubola & Wayalun, 2018) ได้พัฒนาการกำหนดจำนวนของโครโมโซมชนิด G-band แบบอัตโนมัติขึ้นอยู่กับคุณสมบัติทางเรขาคณิต โดยใช้เทคนิคที่เรียกว่า Determine The Number Of Complicated Chromosome Image (DNCC) (Kubola & Wayalun, 2018) ซึ่งในงานวิจัยฉบับนี้ได้ใช้เทคนิค HAFCO เพื่อทำการการตัดแยกภาพโครโมโซมออกจากพื้นหลัง เมื่อตัดแยกโครโมโซมออกจากพื้นหลังแล้วจึงนำภาพย่อยที่ตัดแยกได้มาทำตามกระบวนการดังต่อไปนี้ Histogram Equalization, OTSU, Flood-Fill, Erosion และ Unsharp Mask Filter จึงจะนำมาทำเป็นกระดูกภาพ Skeleton เมื่อได้ Skeleton จึงนำไปหาจุดปลาย (End Point) แสดงดังภาพที่ 2.14



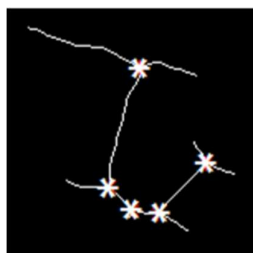
ภาพที่ 2.14 ตัวอย่างแสดงผลลัพธ์ของการหาจุดปลาย

จากภาพที่ 2.14 แสดงให้เห็นว่ามีจุดปลายทั้งหมดจำนวน 7 จุดและนำจำนวนจุดปลายเข้าสมการที่ (10) ดังต่อไปนี้

$$A = \left\lceil \frac{E}{2} \right\rceil \quad (10)$$

เมื่อ A คือผลลัพธ์ของจำนวนโครโมโซม
 E คือจำนวนจุดปลายของกระดูกภาพ

ขั้นตอนต่อมาคือการค้นหาจุดตัด (Intersection Points) แสดงดังภาพที่ 2.15



ภาพที่ 2.15 ตัวอย่างแสดงผลลัพธ์ของการค้นหาจุดตัด

จากภาพที่ 2.15 แสดงให้เห็นว่ามีจุดตัด จำนวน 5 จุดและนำจำนวนจุดตัด โดยแสดงดังสมการที่ (11) ดังต่อไปนี้

$$B = I_a + \left\lceil \frac{I_b}{2} \right\rceil + \left(\frac{I_c}{2} \right) + (I_c \bmod 2) + 1 \quad (11)$$

เมื่อ B คือผลลัพธ์ของการระบุจำนวนโครโมโซมจากจุดตัด
 I_a คือจำนวนจุดตัดที่มากกว่าเกณฑ์ค่าคงที่ที่กำหนด T_1
 I_b คือจำนวนจุดตัดที่มีระยะห่างที่น้อยกว่าหรือเท่ากับ T_1
 และมากกว่า T_2
 I_c คือจำนวนจุดตัดที่มีระยะห่างน้อยกว่า T_2
 T คือค่าคงที่ที่กำหนดไว้สำหรับการวิเคราะห์

โดยจะนำผลลัพธ์ของ A และ B มาเข้าสมการดังต่อไปนี้

$$N = \int_{\max}(A, B) \quad (12)$$

เมื่อ N คือผลลัพธ์ของจำนวนโครโมโซมทั้งหมด
 A คือผลลัพธ์จากการระบุจำนวนโครโมโซมโดยใช้จุดปลาย
 B คือหมายถึงผลลัพธ์จากการระบุจำนวนโครโมโซมโดยใช้จุดตัด

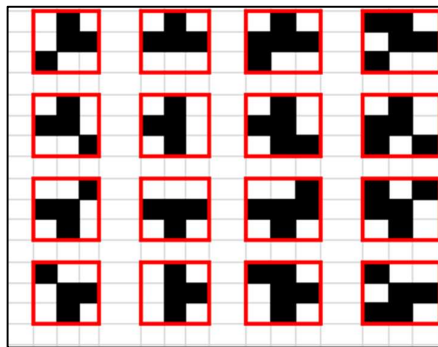
ภาพที่ใช้ในการทดสอบทั้งหมดมีจำนวน 300 ภาพ โดยมีขนาดตั้งแต่ 200 x 200 พิกเซล ขึ้นไป ซึ่งได้มาจาก Bioweb, The University of Wisconsin System โดยวิธี DNCC ที่นำเสนอมีผลลัพธ์ที่น่าพอใจในหลายกรณี โดยสำหรับกลุ่มที่มีโครโมโซมเดี่ยวและกลุ่มที่มีการซ้อนกันของสองโครโมโซมมีความแม่นยำ 100% อย่างไรก็ตาม เมื่อใช้กับกลุ่มที่มีความซับซ้อนของโครโมโซม ผลลัพธ์ลดลงเหลือเพียง 79.12%

อย่างไรก็ตามข้อจำกัดหลักของงานวิจัยนี้คือการขาดการจำแนกประเภทและคุณลักษณะของโครโมโซมอย่างละเอียด โดยทำให้ไม่สามารถระบุได้อย่างชัดเจนว่าวิธี DNCC มีประสิทธิภาพอย่างไรในรูปแบบต่าง ๆ ของโครโมโซมที่มีความซับซ้อน ซึ่งการขาดข้อมูลเชิงลึกนี้ทำให้ยากต่อการประเมินศักยภาพและข้อจำกัดของวิธี DNCC อย่างครอบคลุม หากมีการจำแนกประเภทของโครโมโซมอย่างละเอียดมากขึ้น เช่น การแบ่งตามขนาด ภาพร่าง ลักษณะของแขนโครโมโซมและระดับความซับซ้อนของการทับซ้อนกัน โดยงานวิจัยนี้อาจสามารถแสดงผลลัพธ์ที่แม่นยำและชัดเจนมากขึ้นในแต่ละประเภทของโครโมโซม ซึ่งจะช่วยให้เข้าใจถึงจุดแข็งและจุดอ่อนของวิธี DNCC ได้อย่างลึกซึ้งยิ่งขึ้น นอกจากนี้ การมีข้อมูลที่ละเอียดขึ้นยังช่วยในการพัฒนาวิธีการปรับปรุงประสิทธิภาพของวิธี DNCC สำหรับโครโมโซมประเภทต่าง ๆ ได้อย่างตรงจุด

2. งานวิจัยของ Bussayamas Pakkeetong, Anurak Yutthanawa และ Pichet Wayalun (Pakkeetong & Wayalun, 2019) ได้พัฒนาการสกัดคุณลักษณะสำคัญของภาพโครโมโซมชนิด G-Band ในระยะเมทาเฟส สำหรับการเพิ่มประสิทธิภาพในการระบุจำนวนเพื่อการ

วินิจัยเบื้องต้น ซึ่งเป็นเทคนิคการประมวลผลภาพ โดยปกติกระดูกภาพของโครโมโซมเดี่ยวจะมีจำนวนจุดปลาย 2 จุด ซึ่งการแตกแขนงของกระดูกภาพทำให้มีจำนวนจุดปลายมากกว่า 2 จุดและส่งผลทำให้เกิดการระบุจำนวนโครโมโซม ซึ่งได้นำเสนอวิธีการ (Skeleton Intersection Filling : SIF) และ (Skeleton Intersection Point Detection : SIPD) เพื่อเพิ่มประสิทธิภาพและหาจุดสำคัญจากกระดูกภาพโครโมโซมเพื่อนำมาหาจำนวนจุดปลายและจุดตัดที่เหมาะสมโดยใช้องค์ประกอบโครงสร้าง ซึ่งโครงสร้างองค์ประกอบขนาด 3×3 พิกเซล ไว้ทั้งหมด 33 แบบ ดังภาพที่ 2.16 ตัวอย่างองค์ประกอบโครงสร้าง ของวิธี SIPD โดยวิธีที่นำเสนอช่วยในการระบุจำนวนโครโมโซมจำแนกเป็นรูปแบบได้แก่

1. การทดลองกับกลุ่มภาพโครโมโซมเดี่ยวชนิดเซลล์ถุงน้ำค้ำที่มีความเข้มของภาพสูงให้ค่าประสิทธิภาพในการระบุจำนวนโครโมโซม 86%
2. การทดลองกับกลุ่มภาพโครโมโซมเดี่ยวชนิดเซลล์เม็ดเลือดขาวชนิดลิมโฟไซต์ที่มีความเข้มของภาพสูงให้ค่าประสิทธิภาพในการระบุจำนวนโครโมโซม 100%
3. การทดลองกับกลุ่มภาพโครโมโซมเดี่ยวชนิดเซลล์ถุงน้ำค้ำที่มีความสว่างของภาพสูงให้ค่าประสิทธิภาพในการระบุจำนวนโครโมโซม 100%
4. การทดลองกับกลุ่มภาพโครโมโซมเดี่ยวชนิดเซลล์เม็ดเลือดขาวชนิดลิมโฟไซต์ที่มีความสว่างของภาพสูงให้ค่าประสิทธิภาพในการระบุจำนวนโครโมโซม 100%
5. การทดลองกับกลุ่มภาพโครโมโซมเดี่ยวชนิดเซลล์ถุงน้ำค้ำที่มีความผิดปกติให้ค่าประสิทธิภาพในการระบุจำนวนโครโมโซม 86%
6. การทดลองกับกลุ่มภาพโครโมโซมเดี่ยวชนิดเซลล์เม็ดเลือดขาวชนิดลิมโฟไซต์ที่มีความผิดปกติให้ค่าประสิทธิภาพในการระบุจำนวนโครโมโซม 90%

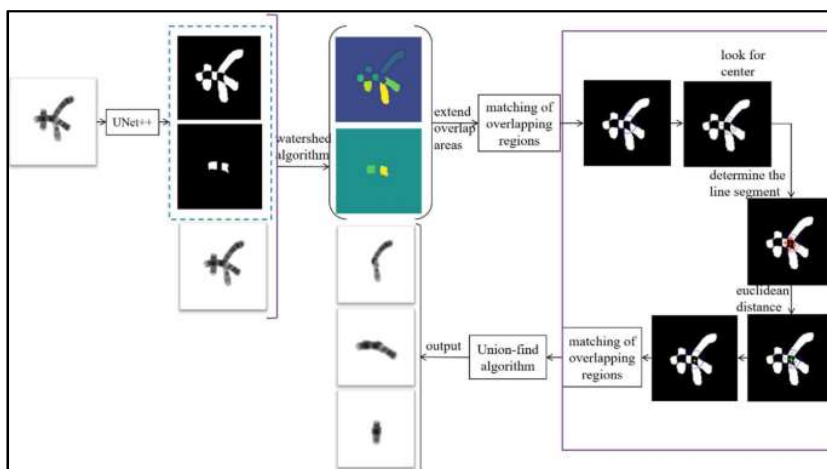


ภาพที่ 2.16 ตัวอย่างองค์ประกอบโครงสร้าง ของ SIPD

จากภาพที่ 2.16 แสดงตัวอย่างองค์ประกอบโครงสร้างของ SIPD ในการระบุจำนวนโครโมโซม อย่างไรก็ตามในการค้นหาจุดตัดของกระดูกภาพโครโมโซมถุงน้ำค้ำสำหรับการวิเคราะห์

จำนวนโครโมโซมที่ความกำกวม โดยวิธีดังกล่าวได้พัฒนาบนพื้นฐานวิธี Hit-or-Miss Transform ซึ่งในงานวิจัยได้พัฒนา Intersection Kernel เป็นจำนวน 33 รูปแบบในการค้นหาจุดตัด โดยการหา กลุ่มพิกเซลที่ตรงกับ Kernel ที่ได้สร้างไว้เพื่อกำหนดจุดตัด อย่างไรก็ตามวิธีดังกล่าวยังให้ ประสิทธิภาพไม่ดีเท่าที่ควรเนื่องจากรูปแบบของจุดตัด บนกลุ่มพิกเซลที่ตรงกับ Kernel ที่ไม่ตรงกัน จึงส่งผลให้การค้นหาจุดตัดมีความผิดพลาดและทำให้การวิเคราะห์จำนวนโครโมโซมขาดความแม่นยำ ไปด้วย

3. งานวิจัยของ Xiangbin Liu และคณะ (Liu, Wang, Lin, & Liu, 2022) ได้นำเสนอ วิธีการใช้ Heuristic Algorithm เพื่อปรับปรุงการแยกโครโมโซมที่ทับซ้อนกัน โดยใช้หลักการ คณิตศาสตร์และเรขาคณิต ซึ่งงานวิจัยนี้ใช้ UNet++ ในการจำแนกภาพให้เป็นบริเวณที่ทับซ้อนและ ไม่ทับซ้อน โดยจะช่วยให้สามารถสกัดคุณลักษณะของโครโมโซมได้อย่างมีประสิทธิภาพ เมื่อทำการ แยกบริเวณได้แล้ว ซึ่งจะคำนวณพิกัดจุดตัดของเส้นขอบของโครโมโซมที่ทับซ้อนกัน โดยใช้เทคนิค ทางเรขาคณิตเพื่อระบุจุดที่เส้นขอบของโครโมโซมตัดกัน เมื่อพิกัดจุดตัดที่เหมาะสมถูกระบุ อัลกอริทึมจะประกอบโครโมโซมให้กลับมาเป็นภาพที่สมบูรณ์ โดยใช้เทคนิคการจับคู่เส้นขอบและการ ประกอบบริเวณที่สอดคล้องกัน ขั้นตอนสำคัญนี้เกี่ยวข้องกับการคำนวณจุดตัดของเส้นขอบเพื่อให้ สามารถแยกโครงสร้างที่ทับซ้อนกันได้อย่างแม่นยำ ดังแสดงในภาพที่ 2.17 อย่างไรก็ตามจุดตัดที่ได้ จากวิธีการนี้เป็นเพียงจุดตัดของเส้นขอบภาพที่มีลักษณะเฉพาะ และไม่สามารถใช้ในการวิเคราะห์ จำนวนโครโมโซมได้โดยตรงดังภาพที่ 2.17



ภาพที่ 2.17 ขั้นตอนการทำงาน Heuristic Algorithm

จากภาพที่ 2.17 นำเสนอวิธีการใช้ Heuristic Algorithm เพื่อปรับปรุงการแยกโครโมโซมที่ ทับซ้อนกันของโครโมโซม

3 วิธีการดำเนินโครงการ

3.1 การศึกษาและวิเคราะห์ปัญหา

ภาพขยายของโครโมโซมชนิดถุงน้ำค้ำแสดงให้เห็นถึงโครงสร้างของแท่งโครโมโซมที่มีขนาดใหญ่และมีความหยักบริเวณขอบ โดยในปัจจุบันการวิเคราะห์และระบุจำนวนโครโมโซมได้มีการนำเทคโนโลยีการประมวลผลภาพเข้ามาช่วยแทนการใช้แพทย์ผู้เชี่ยวชาญ ซึ่งเทคโนโลยีนี้มีส่วนช่วยให้กระบวนการวิเคราะห์และระบุจำนวนโครโมโซมเป็นไปอย่างสะดวก รวดเร็วและสามารถลดค่าใช้จ่ายได้ อย่างไรก็ตาม การใช้เทคโนโลยีการประมวลผลภาพในการสกัดคุณลักษณะสำคัญ เช่น การวิเคราะห์กระดูกภาพ อาจส่งผลให้เกิดข้อผิดพลาดได้ ซึ่งกระดูกภาพของโครโมโซมจะถูกนำมาใช้ในการหาจำนวนจุดปลาย เพื่อใช้สำหรับการระบุจำนวนโครโมโซมดังที่แสดงในภาพที่ 3.1



ภาพที่ 3.1 ภาพโครโมโซมชนิดเซลล์ถุงน้ำค้ำ

จากภาพที่ 3.1 กระดูกภาพของโครโมโซมเดี่ยวปกติจะมีจำนวนจุดปลาย 2 จุด อย่างไรก็ตาม การสกัดกระดูกภาพจากโครโมโซมเดี่ยวด้วยเทคโนโลยีดังกล่าว อาจทำให้เกิดกระดูกภาพที่มีการแตกแขนง โดยเฉพาะอย่างยิ่งกับโครโมโซมชนิดถุงน้ำค้ำ ซึ่งมีลักษณะเป็นแท่งที่มีขนาดใหญ่และขอบไม่เรียบ ทำให้เกิดรอยหยักหรือการเว้าแหว่งบริเวณปลายแท่งโครโมโซม นอกจากนี้ลักษณะปลายของแท่งโครโมโซมชนิดถุงน้ำค้ำที่กว้างและไม่โค้งมนเหมือนกับโครโมโซมชนิดเซลล์เม็ดเลือดขาวชนิดลิมโฟไซต์ ยังส่งผลให้เกิดการแตกแขนงในกระดูกภาพอีกด้วย และจากการศึกษาของปลายโครโมโซมยังเป็นอีกหนึ่งสาเหตุที่ทำให้กระดูกภาพแตกแขนงส่งผลให้การหาจำนวนจุดปลายของกระดูกภาพโครโมโซมเดี่ยวมีความผิดพลาดและส่งผลต่อการระบุจำนวนโครโมโซม

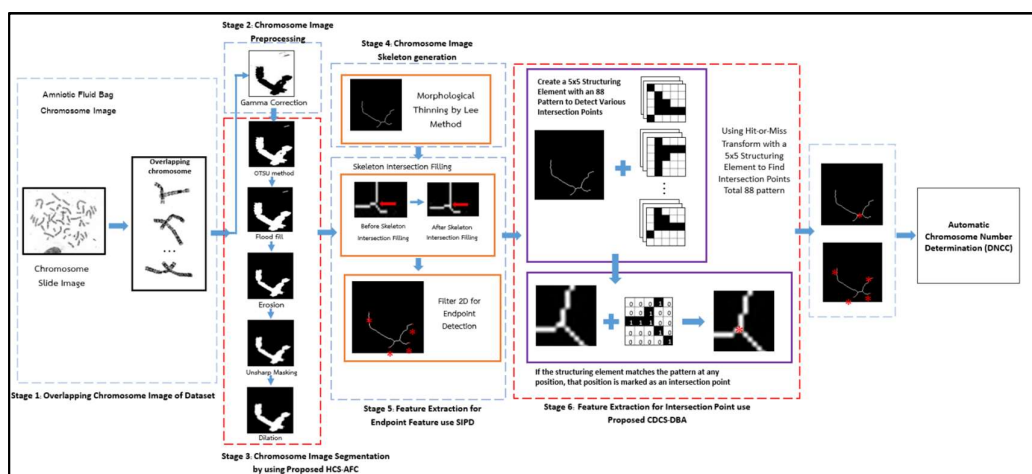
3.2 ขั้นตอนการดำเนินงาน

การวิจัยนี้นำเสนอวิธีการพัฒนาการระบุจำนวนแบบอัตโนมัติสำหรับภาพโครโมโซมชนิดเซลล์ถุงน้ำค้ำ โดยประกอบด้วยวิธีการที่พัฒนาขึ้นมาใหม่ 2 วิธีคือตัดแยกภาพจากพื้นหลัง A Hybrid Approach for Chromosome Segmentation in Amniotic Fluid Cells Using OTSU, Flood Fill, and Morphological Techniques (HCS-AFC) สำหรับการตัดแยกภาพโครโมโซมในเซลล์ถุงน้ำค้ำและวิธีการ Crosspoint Detection in Overlap Chromosomal Structures: A

Directional Binary Approach (CDOCS-DBA) สำหรับการระบุจุดตัดบนภาพโครงกระดูกโครโมโซมดุน้ำค้ำในรูปแบบไบนารีแบบมีทิศทาง โดยทั้งวิธี HCS-AFC และวิธี CDOCS-DBA เป็นส่วนหนึ่งของกระบวนการระบุจำนวนโครโมโซม ซึ่งกระบวนการระบุจำนวนโครโมโซมประกอบด้วย 5 ขั้นตอนดังนี้

1. การปรับปรุงคุณภาพภาพโครโมโซมดุน้ำค้ำ
2. การตัดแยกภาพโครโมโซมดุน้ำค้ำ
3. การสกัดภาพโครงกระดูกจากภาพโครโมโซมดุน้ำค้ำ
4. การสกัดคุณสมบัติของจุดปลายโครโมโซมบนภาพโครงกระดูก
5. การสกัดคุณสมบัติของจุดตัดโครโมโซมบนภาพโครงกระดูก

หลังจากนั้น คุณสมบัติที่ได้จากขั้นตอนที่ 4 และ 5 จะถูกนำมาใช้ในการระบุจำนวนโครโมโซมต่อไป โดยกระบวนการที่นำเสนอได้รับการแสดงในภาพที่ 3.2



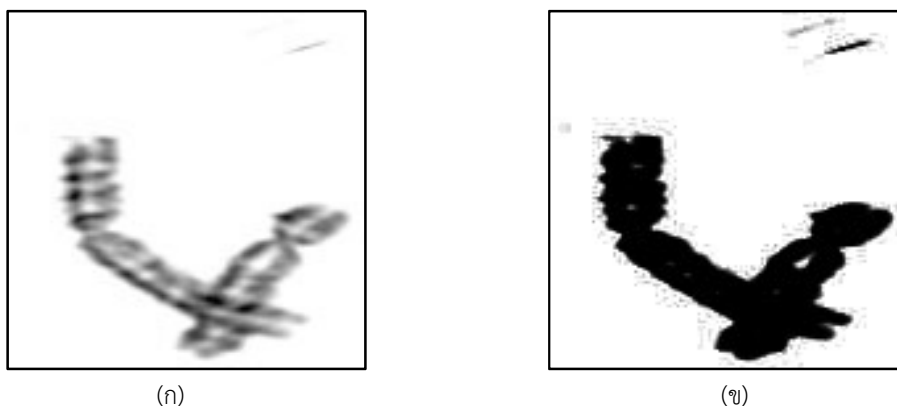
ภาพที่ 3.2 ขั้นตอนวิธีการระบุจำนวนแบบอัตโนมัติสำหรับภาพโครโมโซมชนิดดุน้ำค้ำ

จากภาพที่ 3.2 แสดงขั้นตอนวิธีการระบุจำนวนแบบอัตโนมัติสำหรับภาพโครโมโซมชนิดดุน้ำค้ำ โดยภาพขยายขั้นตอนที่มีขนาดใหญ่และเห็นรายละเอียดชัดเจนนำเสนอในภาคผนวก

3.2.1 การปรับปรุงคุณภาพภาพโครโมโซมดุน้ำค้ำ

ในการปรับปรุงคุณภาพของภาพโครโมโซมในดุน้ำค้ำโดยในงานวิจัยนี้ได้ใช้วิธี Gamma Correction ซึ่งวิธีการดังกล่าวช่วยปรับระดับความสว่างของพิกเซลในภาพให้อยู่ในระดับที่เหมาะสม โดยเฉพาะในกรณีที่ภาพมีความสว่างเกินไปหรือต่ำเกินไป อีกทั้งวิธีการนี้ไม่ทำให้เกิดการขยายของ

ขอบภาพ ดังนั้นจึงเหมาะสำหรับภาพโครโมโซมในถุงน้ำค้ำที่มีความสว่างไม่สม่ำเสมอและขาดความคมชัดโดยมีขั้นตอนดังภาพที่ 3.3



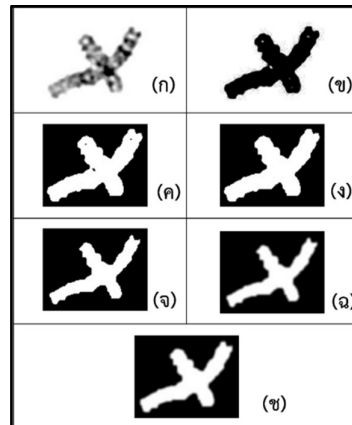
ภาพที่ 3.3 (ก) ภาพต้นฉบับ (ข) ผลลัพธ์ของวิธี Gamma Correction

จากภาพที่ 3.3 ภาพ (ก) คือภาพต้นฉบับและภาพ (ข) คือผลลัพธ์ของวิธี Gamma Correction แสดงให้เห็นถึงการปรับปรุงคุณภาพของภาพโครโมโซมอย่างมีนัยสำคัญ

3.2.2 วิธีใหม่ในการการตัดแยกภาพโครโมโซมถุงน้ำค้ำจากภาพพื้นหลัง (HCS-AFC)

การวิจัยนี้ได้นำเสนอวิธีแบบผสมในการแบ่งส่วนภาพโครโมโซมในเซลล์น้ำค้ำแบบใหม่ โดยใช้วิธี HCS-AFC สำหรับการแยกโครโมโซมในถุงน้ำค้ำ แสดงดังภาพที่ 3.4 ซึ่งประกอบไปด้วย

1. วิธี Otsu Threshold
2. วิธี Flood Fill
3. วิธี Erosion S
4. วิธี Unsharp Masking
5. วิธี Dilation

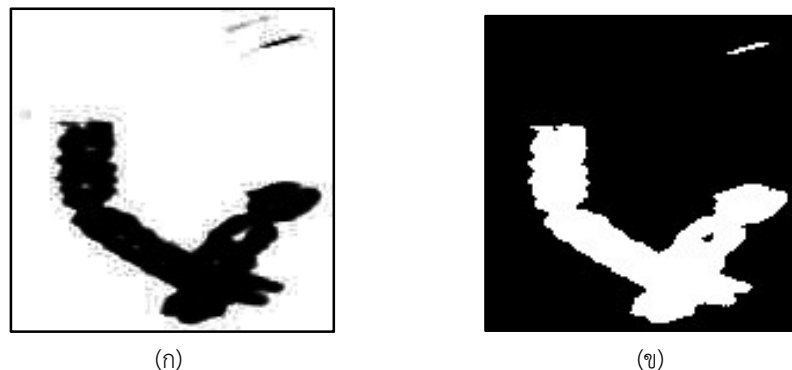


ภาพที่ 3.4 ขั้นตอนการปรับปรุงคุณภาพภาพโครโมโซมอุ้งน้ำค้ำ

จากภาพที่ 3.4 แสดงขั้นตอนการปรับปรุงคุณภาพภาพโครโมโซมอุ้งน้ำค้ำมีทั้งหมด 5 ขั้นตอน ได้แก่

1. การแยกภาพโครโมโซมออกจากพื้นหลังโดยใช้วิธี Otsu Threshold

วิธี Otsu Threshold ใช้ในการแยกวัตถุออกจากพื้นหลัง โดยจะทำการแบ่งค่าเกณฑ์จากการคำนวณอัตโนมัติ ซึ่งในการแยกวัตถุออกจากพื้นหลังนั้นสามารถกำจัดสัญญาณรบกวนบริเวณขอบของแท่งโครโมโซมโดยที่วัตถุไม่เกิดความเสียหายดังภาพที่ 3.5



ภาพที่ 3.5 (ก) ผลลัพธ์ของการทำวิธี Gamma Correction (ข) ผลลัพธ์ของการทำวิธี Otsu Threshold

จากภาพที่ 3.5 ภาพ (ก) คือผลลัพธ์ของการทำวิธี Gamma Correction และภาพ (ข) คือผลลัพธ์ของการทำวิธี Otsu Threshold แสดงให้เห็นถึงการปรับปรุงคุณภาพของภาพโครโมโซมอย่างมีนัยสำคัญ

2. การเติมส่วนที่ขาดหายไปของวัตถุ

ในงานวิจัยนี้ประยุกต์ใช้วิธี Flood Fill ในการเติมส่วนที่ขาดหายไปของวัตถุ ซึ่งวิธีนี้จะทำการเติมสีลงในช่องที่ขาดหายไปบนพื้นที่ของวัตถุ เนื่องจากภาพโครโมโซมที่นำมาทำการทดลอง ซึ่งผ่านกระบวนการวิธี Gamma Correction และวิธี Otsu Threshold ยังมีพื้นที่บนแท่งโครโมโซมที่ขาดหายไป โดยการขาดหายไปของพื้นที่บางส่วนของแท่งโครโมโซมทำให้เกิดแท่งโครโมโซมที่ไม่สมบูรณ์ซึ่งการใช้วิธี Flood Fill จะช่วยเติมแท่งโครโมโซมให้มีความสมบูรณ์ดังภาพที่ 3.6



ภาพที่ 3.6 (ก) ผลลัพธ์ของการทำวิธี Otsu Threshold (ข) ผลลัพธ์ของการทำวิธี Flood Fill

จากภาพที่ 3.6 ภาพ (ก) คือผลลัพธ์ของการทำวิธี Otsu Threshold และภาพ (ข) คือผลลัพธ์ของการทำวิธี Flood Fill แสดงให้เห็นถึงการปรับปรุงคุณภาพของภาพโครโมโซมอย่างมีนัยสำคัญ

3. การกร่อนวัตถุ

ในงานวิจัยนี้ได้ประยุกต์ใช้วิธี Erosion ในการกร่อนวัตถุ ซึ่งจะทำให้พื้นที่ของวัตถุจะมีขนาดเล็กลง โดยงานวิจัยนี้ได้ทำการเลือกใช้วิธีดังกล่าว เนื่องจากภาพโครโมโซมที่นำมาทดลองเมื่อผ่านกระบวนการข้างต้นอาจทำให้แท่งโครโมโซมมีขนาดใหญ่ ดังภาพที่ 3.6 (ก) เพื่อกำจัดสัญญาณรบกวนดังภาพที่ 3.7 (ข) เมื่อวัตถุมีขนาดเล็กลงหรือไม่มีสัญญาณรบกวนจะทำให้ง่ายต่อการสร้างกระดูกภาพ ซึ่งได้ทำการเลือกใช้วิธี Erosion ที่มีองค์ประกอบโครงสร้างขนาด 3x3 พิกเซล เนื่องจากเป็นค่ามาตรฐานที่มักใช้ในกระบวนการ Erosion เพราะมีขนาดเล็กพอที่จะกำจัดสัญญาณรบกวนหรือรายละเอียดที่ไม่จำเป็นในภาพโดยไม่ทำลายโครงสร้างหลักของวัตถุ อีกทั้งยังเหมาะสำหรับการปรับปรุงภาพโครโมโซมที่มีลักษณะขอบไม่เรียบ (Irregular Edges) โดยสามารถลดขนาดขอบที่ไม่ต้องการได้อย่างมีประสิทธิภาพ



(ก)



(ข)

ภาพที่ 3.7 (ก) ผลลัพธ์ของวิธี Flood Fill (ข) ผลลัพธ์ของวิธี Erosion

จากภาพที่ 3.7 ภาพ (ก) คือผลลัพธ์ของวิธี Flood Fill และภาพ (ข) คือผลลัพธ์ของวิธี Erosion แสดงให้เห็นถึงการปรับปรุงคุณภาพของภาพโครโมโซมอย่างมีนัยสำคัญ

4. ปรับปรุงความคมชัดของเส้นขอบภาพ

การปรับปรุงคุณภาพของเส้นขอบภาพให้ชัดยิ่งขึ้นโดยงานวิจัยนี้ได้ประยุกต์ใช้วิธี Unsharp Masking เป็นเทคนิคที่ใช้ในการปรับปรุงความคมชัดของขอบภาพ เนื่องจากวิธีในการทำการขยายวัตถุจะทำให้รายละเอียดของขอบภาพจะเสื่อมลงเนื่องจากเกิดการขยายของพื้นที่ ดังนั้นการใช้วิธี Unsharp Masking หลังจากวิธี Dilation สามารถช่วยเพิ่มความชัดเจนให้กับขอบภาพได้โดยการเน้นเพิ่มความชัดของขอบภาพดังภาพที่ 3.8



(ก)



(ข)

ภาพที่ 3.8 (ก) ผลลัพธ์ของวิธี Erosion (ข) ผลลัพธ์ของวิธี Unsharp Masking

จากภาพที่ 3.8 ภาพ (ก) คือผลลัพธ์ของวิธี Erosion และภาพ (ข) คือผลลัพธ์ของวิธี Unsharp Masking แสดงให้เห็นถึงการปรับปรุงคุณภาพของภาพโครโมโซมอย่างมีนัยสำคัญ

5. การขยายวัตถุ

งานวิจัยนี้ได้ประยุกต์ใช้วิธี Dilation ในการขยายวัตถุ ซึ่งทำให้พื้นที่ของวัตถุจะมีขนาดใหญ่ขึ้น โดยงานวิจัยนี้ได้เลือกใช้วิธีดังกล่าว เนื่องจากภาพโครโมโซมที่นำมาทดลองมีส่วนปลายแท่งโครโมโซมบางส่วนที่ขาดออกจากแท่งโครโมโซม ดังนั้นจึงต้องมีการขยายพื้นที่เพื่อเชื่อมต่อบริเวณปลายที่ขาดเข้าด้วยกันดังภาพที่ 3.9



ภาพที่ 3.9 (ก) ผลลัพธ์ของวิธี Unsharp Masking (ข) ผลลัพธ์ของวิธี Dilation

จากภาพที่ 3.9 ภาพ (ก) คือผลลัพธ์ของวิธี Unsharp Masking และภาพ (ข) คือผลลัพธ์ของวิธี Dilation แสดงให้เห็นถึงการปรับปรุงคุณภาพของภาพโครโมโซมอย่างมีนัยสำคัญ

3.2.3 การสกัดภาพโครงกระดูกจากภาพโครโมโซมถุงน้ำค้ำ

ในงานวิจัยนี้ได้เลือกใช้วิธี Thinning ซึ่งเป็นกระบวนการในการลดพื้นที่ส่วนหน้าในภาพไบนารีให้เหลือเพียง 1 พิกเซล โดยการพัฒนาการสร้างกระดูกภาพโดยมีพื้นฐานของ Morphological Thinning ซึ่งเป็นการสร้างกระดูกรูปแบบสามมิติทำให้ได้กระดูกภาพที่มีลักษณะคล้ายกับภาพโครโมโซม ซึ่งผลลัพธ์แสดงดังภาพที่ 3.10

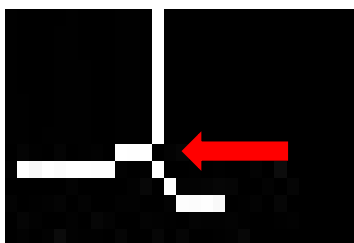


ภาพที่ 3.10 (ก) ผลลัพธ์ของการทำวิธี Dilation (ข) ผลลัพธ์ของการทำวิธี Thinning

จากภาพที่ 3.10 ภาพ (ก) คือผลลัพธ์ของการทำวิธี Dilation และภาพ (ข) คือผลลัพธ์ของการทำวิธี Thinning แสดงให้เห็นถึงการปรับปรุงคุณภาพของภาพโครโมโซมอย่างมีนัยสำคัญ

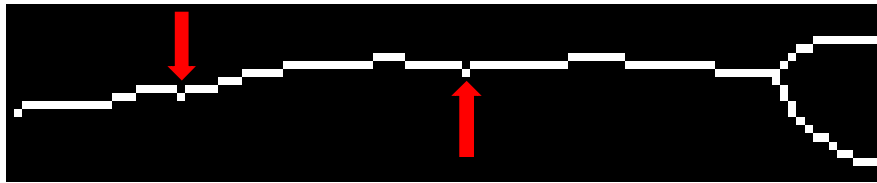
3.2.4 การสกัดคุณสมบัติของจุดปลายโครโมโซมบนภาพโครงกระดูก

ในการวิจัยนี้ได้นำวิธีเพิ่มคุณภาพของภาพโครงกระดูกโครโมโซมและการหาจุดปลายของภาพโครงกระดูกโครโมโซมมาใช้โดยใช้วิธี (Skeleton Intersection Filling : SIF) ซึ่งวิธี SIF สามารถหาทั้งจุดตัดและจุดปลายของภาพโครโมโซมในธัญน้ำค้ำได้ อย่างไรก็ตามหากมีพิกเซลของภาพโครงกระดูกที่ขาดหายไปจะส่งผลให้การหาจุดปลายและจุดตัดของภาพโครงกระดูกไม่ถูกต้อง ดังภาพที่ 3.11



ภาพที่ 3.11 ตัวอย่างกระดูกภาพที่ไม่มีจุดเชื่อมต่อทำให้จุดตัดซึ่งมีความขาดหายไปของพิกเซล

จากภาพที่ 3.11 แสดงให้เห็นถึงตัวอย่างกระดูกภาพที่ไม่มีจุดเชื่อมต่อทำให้จุดตัด ซึ่งมีความขาดหายไปของพิกเซล อย่างไรก็ตามนอกจากจุดตัดแล้วยังมีบริเวณเส้นของกระดูกภาพที่ไม่ใช่จุดตัด แต่มีความหักของเส้นกระดูกภาพที่ทำให้เหมือนกับจุดตัด ดังภาพที่ 3.12



ภาพที่ 3.12 ตัวอย่างของกระดูกภาพที่มีการหยักของเส้นกระดูกภาพเหมือนจุดตัด

จากภาพที่ 3.12 แสดงให้เห็นถึงตัวอย่างของกระดูกภาพที่มีการหยักของเส้นกระดูกภาพเหมือนจุดตัด โดยจากการนำภาพโครโมโซมผ่านวิธีข้างต้นมาทำให้ได้กระดูกภาพที่สามารถนำมาหาจุดปลายได้ โดยวิธีนี้จะใช้วิธี Filter2D ซึ่งจะกำหนดองค์ประกอบโครงสร้างดังภาพที่ 3.13

$$\begin{bmatrix} 1 & 1 & 1 \\ 1 & 10 & 1 \\ 1 & 1 & 1 \end{bmatrix}$$

ภาพที่ 3.13 องค์ประกอบโครงสร้างที่ใช้ในวิธี Filter2D

จากภาพที่ 3.13 แสดงให้เห็นถึงองค์ประกอบโครงสร้างที่ใช้ในวิธี Filter2D โดยนำกระดูกภาพเข้าวิธี Filter2D ซึ่งมีองค์ประกอบโครงสร้างข้างต้นจะทำให้พิกเซลใด ๆ ที่เป็นจุดปลายของกระดูกภาพจะมีผลรวมในพิกเซลนั้น ๆ เท่ากับ 11 แสดงผลลัพธ์การหาจุดปลายดังภาพที่ 3.14



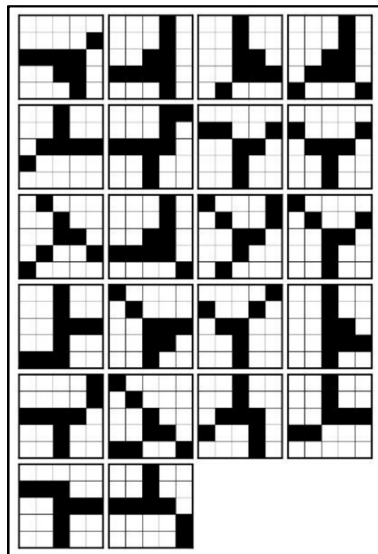
ภาพที่ 3.14 ผลลัพธ์การหาจุดปลายของกระดูกภาพ

จากภาพที่ 3.14 คือผลลัพธ์การหาจุดปลายของกระดูกภาพหลังจากใช้วิธี Filter2D โดยจากภาพจะพบว่ามีจุดปลายอยู่ 4 จุดด้วยกันโดยสีแดงแสดงถึงจุดสิ้นสุดกระดูกภาพ

3.2.5 วิธีการใหม่ในการระบุจุดตัดบนภาพโครโมโซมโครโมโซมในถุงน้ำค้ำที่ทับซ้อนกัน

งานวิจัยนี้ได้นำเสนอวิธีการใหม่ในการระบุจุดตัดในโครงสร้างโครโมโซมที่ทับซ้อนกัน โดยใช้แนวทางที่เรียกว่า (A Directional Binary Approach: CDOCS-DBA) ซึ่งเป็นการหาจุดตัดบนภาพโครโมโซมในถุงน้ำค้ำที่แปลงเป็นไบนารีแบบมีทิศทาง โดยวิธีนี้อ้างอิงจากวิธี Hit-or-Miss Transformation และแบ่งการทำงานออกเป็น 3 ขั้นตอนดังนี้

1. การกำหนดรูปแบบตัวอย่างที่แสดงลักษณะจุดตัดของเส้นภายในภาพโครโมโซม โดยกระบวนการนี้เริ่มต้นด้วยการกำหนดชุดรูปแบบทั้งหมด 22 ชุด ซึ่งแต่ละชุดมีขนาด 5x5 พิกเซล เพื่อใช้ในการแสดงลักษณะจุดตัดของเส้นในภาพโครโมโซม เนื่องจากรูปแบบเหล่านี้ถูกเข้ารหัสด้วยค่าไบนารี โดยที่ค่า 0 แทนข้อมูลที่ไม่สำคัญและค่า 1 แทนข้อมูลที่สำคัญ ทั้งนี้จะใช้องค์ประกอบโครงสร้างในการตรวจจับลักษณะเฉพาะในภาพตัวอย่างขององค์ประกอบโครงสร้างดังกล่าวที่แสดงในภาพที่ 3.15



ภาพที่ 3.15 องค์ประกอบโครงสร้างขนาด 5x5 พิกเซล

จากภาพที่ 3.15 องค์ประกอบโครงสร้างขนาด 5x5 พิกเซลนี้ถูกออกแบบให้มีรูปแบบที่คล้ายคลึงกับจุดตัดของโครโมโซมโครโมโซมเดี่ยว โดยมีลักษณะการแตกแขนงในหลายรูปแบบ และรูปแบบเหล่านี้จะถูกหมุนครบทั้ง 4 มุมเพื่อให้ครอบคลุมทุกทิศทาง โดยเหตุผลที่กำหนดองค์ประกอบโครงสร้างขนาด 5x5 พิกเซล เนื่องจากเหมาะสำหรับการตรวจจับ จุดตัด เนื่องจากพื้นที่ขนาดใหญ่กว่าสามารถครอบคลุมบริเวณที่ซับซ้อนของโครงสร้างโครโมโซมได้ดีขึ้น อีกทั้งยังมีความสามารถในการตรวจจับรูปแบบการเชื่อมโยง

(Connectivity Patterns) และการแตกแขนง (Branching) ของโครงสร้างโครโมโซมที่มีการทับซ้อนกัน

2. การประเมินความสอดคล้องของรูปแบบกับภาพโครงกระดูกโครโมโซม ซึ่งขั้นตอนถัดไปจะเป็นการใช้วิธี Hit-or-Miss Transformation เพื่อตรวจสอบว่ารูปแบบที่กำหนดตรงกับบริเวณใดในภาพโครงกระดูกโครโมโซม โดยในขั้นตอนนี้จะประกอบโครงสร้างที่ใช้จะถูกหมุนในมุมต่าง ๆ ได้แก่ 0, 90, 180 และ 270 องศา เพื่อให้ครอบคลุมทุกทิศทางของโครงสร้างในภาพ
3. การตรวจจับและทำเครื่องหมายจุดตัดในภาพโครงกระดูกโครโมโซมองค์ประกอบโครงสร้างที่ถูกหมุนและกำหนดไว้แล้วจะถูกวางในตำแหน่งต่าง ๆ ภายในภาพโครงกระดูกโครโมโซม หากพบว่าองค์ประกอบโครงสร้างตรงกับการจัดเรียงของพิกเซลในภาพจะถือว่าเป็นการตรวจพบจุดตัด และทำเครื่องหมายจุดตัดนั้นในภาพผลลัพธ์กระบวนการของวิธี CDOCS-DBA นี้ได้มีรายละเอียดใน Algorithm CDOCS-DBA ดังแสดงในภาพที่ 3.16

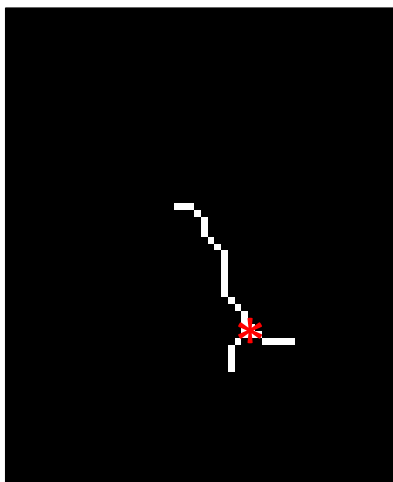
```

Algorithm: CDOCS-DBA
Input:
  input_img: The input image to be processed.
Output:
  img_end: The output image where intersection points will be marked.
Initialization:
  - Create a skeletonized copy of input_img, store it in skel.
  - Generate 20 unique 5x5 matrices, each representing different branch patterns.
  - Create a matrix hm of zeros with the same dimensions as skel.
Hit-Miss Transformation Execution:
For each kernel (branch pattern) in array:
  - Perform the hit-miss operation on skel using the kernel, store the result in hm1.
  - Rotate the kernel by 90 degrees, apply the hit-miss operation, and store the result in hm2.
  - Rotate the kernel by 180 degrees, apply the hit-miss operation, and store the result in hm3.
  - Rotate the kernel by 270 degrees, apply the hit-miss operation, and store the result in hm4.
  - Add the results from hm1, hm2, hm3, and hm4 to the matrix hm.
EndFor
  - Use contour detection on the matrix hm to identify potential intersection points and store the results in contours.
Contour Filtering:
If contours is not empty:
  - Initialize an empty list new_contours.
  For each contour in contours:
    If the contour contains more than one point, store only the first point in new_contours.
    Else, store the entire contour.
    EndIf
  EndFor
  - Replace contours with new_contours.
EndIf
Marking Intersection Points:
  - Set marker_size value of 2.
For each point in contours:
  - Extract the x and y coordinates of the point.
  - Calculate the bounding box based on marker_size.
  - Set the region in img_end defined by the bounding box.
EndFor

```

ภาพที่ 3.16 Algorithm CDOCS-DBA

จากวิธีการดังภาพที่ 3.16 ซึ่งประกอบด้วยสามขั้นตอนนี้ ที่มีเป้าหมายเพื่อเพิ่มความสามารถในการระบุจุดตัดในโครงสร้างโครโมโซมที่ทับซ้อนกัน ซึ่งมีความซับซ้อนและทิศทางหลากหลาย ซึ่งการหมั่นองค์ประกอบโครงสร้างและการประเมินความสอดคล้องช่วยให้การตรวจหาจุดตัดมีความแม่นยำมากยิ่งขึ้น อีกทั้งยังเพิ่มประสิทธิภาพในการประมวลผลโครงสร้างโครโมโซมที่ซับซ้อน โดยมีผลลัพธ์ของการตรวจหาจุดตัดดังแสดงในภาพที่ 3.17



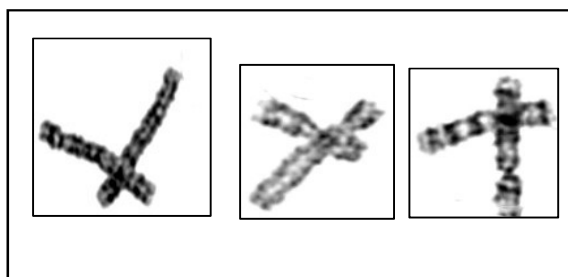
ภาพที่ 3.17 ผลลัพธ์ของจุดตัด

จากภาพที่ 3.17 แสดงให้เห็นถึงผลลัพธ์จากการตรวจหาจุดตัดโดยใช้ Algorithm CDOCS-DBA เพื่อให้การหาจุดตัดมีความแม่นยำมากยิ่งขึ้น นอกจากนี้ยังมีข้อจำกัดในแต่ละเทคนิค เช่น การเลือกค่าพารามิเตอร์ที่เหมาะสมมีความสำคัญต่อประสิทธิภาพการประมวลผลภาพ เช่น การใช้ Erosion ขนาด 3x3 พิกเซล ช่วยลด Noise โดยไม่ลบข้อมูลสำคัญ และการตรวจจับจุดตัดด้วยโครงสร้าง 5x5 พิกเซล ช่วยครอบคลุมลักษณะจุดตัดที่ซับซ้อน การเลือก Threshold เช่น OTSU ใช้ฮิสโตแกรมช่วยกำหนดค่าแบ่งระหว่างวัตถุและพื้นหลัง การเลือกค่าที่ไม่เหมาะสมอาจทำให้สูญเสียข้อมูลสำคัญหรือรวม Noise เข้าไป การปรับแต่งพารามิเตอร์ควรอ้างอิงจากผลลัพธ์ที่ได้และใช้ตัวชี้วัดประสิทธิภาพ เช่น Sensitivity และ Specificity เพื่อตัดสินใจ

4 ผลการดำเนินการ

4.1 ผลการศึกษาการระบุจำนวนแบบอัตโนมัติสำหรับภาพโครโมโซมชนิดเซลล์ถุงน้ำค้ำที่มีการทับซ้อนกัน

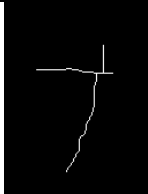
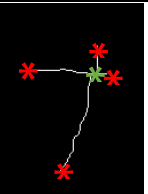
ภาพโครโมโซมจากเซลล์ถุงน้ำค้ำที่มีการทับซ้อนกัน โดยทำการคัดเลือกมาใช้ในการทดลองทั้งหมด 135 ภาพ ซึ่งแต่ละภาพมีการทับซ้อนของโครโมโซมมากกว่า 1 โครโมโซมขึ้นไป โดยภาพทั้งหมดเป็นภาพระดับสีเทาในรูปแบบไฟล์ .jpg และมีขนาดตั้งแต่ 37x32 พิกเซลขึ้นไป ซึ่งภาพตัวอย่างที่ใช้ในการทดลองแสดงดังภาพที่ 4.1



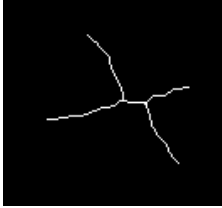
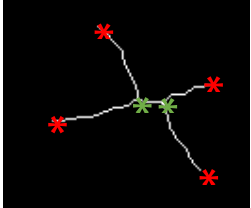
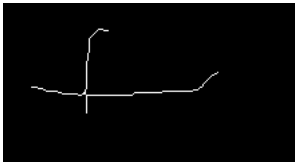
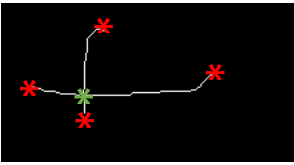
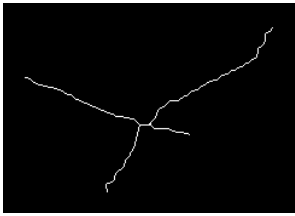
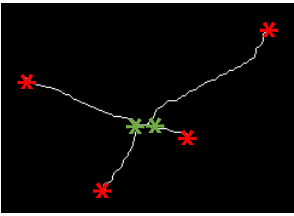
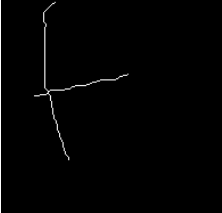
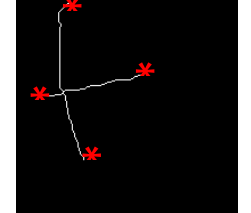
ภาพที่ 4.1 ตัวอย่างภาพโครโมโซมเดี่ยวชนิดเซลล์ถุงน้ำค้ำที่มีความสว่างของภาพสูง

จากภาพที่ 4.1 แสดงให้เห็นถึงกลุ่มภาพโครโมโซมชนิดเซลล์ถุงน้ำค้ำที่มีการทับซ้อนกัน ซึ่งได้ผ่านขั้นตอนกระบวนการเพื่อหาจุดสำคัญนั้น โดยแสดงตัวอย่างผลลัพธ์ในการหาจุดสำคัญ รวมทั้งวิธีการทำงานวิจัยฉบับนี้ได้นำเสนอไว้ในตารางที่ 4.1

ตารางที่ 4.1 ตัวอย่างภาพผลลัพธ์ของการหาจุดสำคัญของภาพโครโมโซมที่มีการทับซ้อนกัน

No.	Original	Skeleton	Interesting Point
1			

ตารางที่ 4.1 ตัวอย่างภาพผลลัพธ์ของการหาจุดสำคัญของภาพโครโมโซมที่มีการทับซ้อนกัน (ต่อ)

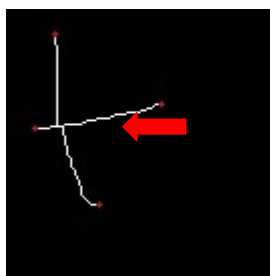
No.	Original	Skeleton	Interesting Point
2			
3			
4			
5			

จากตารางที่ 4.1 แสดงการทดลองกับกลุ่มภาพโครโมโซมชนิดเซลล์ถุงน้ำค้ำที่มีการทับซ้อนกันจำนวน 135 ภาพ ซึ่งผ่านกระบวนการวิเคราะห์เพื่อหาจำนวนจุดปลายที่เหมาะสมของโครงกระดูกภาพและการระบุจำนวนโครโมโซม จากภาพจะพบว่าวิธี AND-AFBCI สามารถค้นหาคุณลักษณะสำคัญได้ดี โดยแสดงจุดสีแดงคือจุดปลายที่ค้นพบและจุดสีเขียวคือจุดซ้อนทับที่ค้นพบ โดยผลการทดลองแสดงให้เห็นว่าคุณลักษณะสำคัญของโครโมโซมมีผลต่อประสิทธิภาพในการระบุจำนวนโครโมโซม โดยแสดงรายละเอียดไว้ดังตารางที่ 4.2

ตารางที่ 4.2 ตารางแสดงประสิทธิภาพการระบุจำนวนของภาพโครโมโซมที่มีการซ้อนทับกัน

Chromosome Type	Number Picture	TP (จำนวน)	FN (จำนวน)	SE (%)
กลุ่มภาพโครโมโซมชนิดเซลล์ธัญน้ำค้ำที่มีการทับซ้อนกัน	135	110	25	81.48

จากตารางที่ 4.2 จะพบว่าประสิทธิภาพในการระบุจำนวนโครโมโซมชนิดเซลล์ธัญน้ำค้ำที่มีการทับซ้อนกันคือ 81.48% ซึ่งแสดงให้เห็นว่าการระบุจำนวนโครโมโซมยังคงมีประสิทธิภาพที่ดี อย่างไรก็ตามค่า FN ยังคงเกิดขึ้น ทั้งนี้เนื่องจากการใช้วิธี Hit-or-Miss Transformation ในส่วนขององค์ประกอบโครงสร้างขนาด 5x5 พิกเซลที่มีการหมุนเพียง 4 องศา ได้แก่ 0, 90, 180 และ 270 องศา ส่งผลให้รูปแบบของโครงสร้างอาจไม่ครอบคลุมทุกจุดตัดของโครโมโซมที่ปรากฏดังภาพที่ 4.2



ภาพที่ 4.2 ตัวอย่างภาพโครโมโซมที่ไม่มีการระบุจุดตัด

จากภาพที่ 4.2 แสดงให้เห็นถึงการหมุนองค์ประกอบโครงสร้างเพียง 4 องศาอาจส่งผลให้บางจุดตัดที่ไม่ได้อยู่ในแนวการหมุนที่กำหนดไว้ไม่ถูกตรวจจับ ซึ่งนำไปสู่การเกิดค่า FN โดยเฉพาะอย่างยิ่งในกรณีที่จุดตัดมีองศาที่แตกต่างจากการหมุนในมุม 0, 90, 180 และ 270 องศา นอกจากนี้ในกลุ่มภาพที่โครโมโซมมีการทับซ้อนกันสูงถึง 81.48% มักพบลักษณะการทับซ้อนที่หลากหลาย อันส่งผลให้การตรวจจับจุดตัดยังมีความยากลำบากมากขึ้น

ด้วยเหตุนี้การปรับปรุงองค์ประกอบโครงสร้างให้มีรูปแบบและการหมุนที่หลากหลายยิ่งขึ้น หรือการพัฒนาเทคนิคที่สามารถครอบคลุมการตรวจจับจุดตัดในทิศทางอื่น ๆ ได้ ซึ่งอาจช่วยลดการเกิดค่า FN และเพิ่มประสิทธิภาพในการระบุจำนวนโครโมโซมได้ดียิ่งขึ้น

4.2 การเปรียบเทียบประสิทธิภาพการระบุจำนวนแบบอัตโนมัติสำหรับภาพโครโมโซมชนิดเซลล์ถุงน้ำค้ำที่มีการทับซ้อนกันจำนวน 135 ภาพ

ในการเปรียบเทียบการระบุจำนวนแบบอัตโนมัติสำหรับภาพโครโมโซมชนิดทั้งหมด 3 วิธี โดยได้ดำเนินการโดยเทียบเคียงกับผลงานวิจัย 2 ฉบับ ได้แก่ พัฒนาการสกัดคุณลักษณะสำคัญของภาพโครโมโซมชนิด G-Band ในระยะเมทาเฟสสำหรับการเพิ่มประสิทธิภาพในการระบุจำนวนเพื่อการวินิจฉัยเบื้องต้น SIPD และ พัฒนาการกำหนดจำนวนของโครโมโซมชนิด G-band แบบอัตโนมัติขึ้นอยู่กับคุณสมบัติทางเรขาคณิต DNCC ดังตารางที่ 4.3

ตารางที่ 4.3 แสดงการเปรียบเทียบความถูกต้องในการระบุจำนวนโครโมโซมที่มีการทับซ้อนกัน

Method	Chromosome Counting Accuracy (%)
SIPD	68.14
DNCC	22.96
วิธีที่นำเสนอ AND-AFBCI	81.48

จากข้อมูลในตารางที่ 4.3 พบว่าประสิทธิภาพในการระบุจำนวนโครโมโซมชนิดเซลล์ถุงน้ำค้ำที่มีการทับซ้อนกันของวิธี AND-AFBCI ที่นำเสนอมีค่าอยู่ที่ 81.48% ซึ่งสูงกว่าวิธี SIPD ที่มีค่าอยู่ที่ 68.14% และวิธี DNCC ที่มีค่าเพียง 22.96% การที่วิธี AND-AFBCI ที่นำเสนอมีประสิทธิภาพสูงกว่าวิธีอื่น ๆ นั้นมีสาเหตุมาจากข้อจำกัดของวิธี DNCC ที่สามารถระบุจุดตัดบนโครงสร้างโครโมโซมได้สำเร็จแต่พบว่ามักตรวจพบจุดตัดหลายจุด และในบางกรณีจุดที่ตรวจพบกลับเป็นจุดปลายมากกว่าจุดตัดที่แท้จริง ส่วนวิธี SIPD นั้นตามที่แสดงในผลการทดลองไม่สามารถตรวจหาจุดตัดใด ๆ บนโครงสร้างโครโมโซมที่ทับซ้อนกันได้อีกทั้งยังสร้างโครงสร้างที่ไม่ถูกต้อง ซึ่งปัญหาจากวิธีการต่าง ๆ ที่กล่าวมาสามารถแก้ไขได้ด้วยวิธีการ AND-AFBCI ที่มีการพัฒนาองค์ประกอบโครงสร้างขนาด 5x5 พิกเซล โดยกระบวนการค้นหาจุดตัดจะทำการหมุนโครงสร้างถึง 4 องศา ส่งผลให้การค้นหาจุดตัดของโครงสร้างโครโมโซมมีความถูกต้องมากยิ่งขึ้น และส่งผลให้ประสิทธิภาพการระบุจำนวนโครโมโซมสูงขึ้นเช่นกัน อย่างไรก็ตามวิธีที่นำเสนอมีข้อดีในการตรวจจับจุดตัดของโครงสร้างโครโมโซมได้แม่นยำในกรณีการทับซ้อนปานกลางและภาพที่ผ่านการปรับคุณภาพ เช่น การใช้ Gamma Correction และ OTSU Threshold อย่างไรก็ตามถึงกระนั้นวิธีที่นำเสนอนี้ยังมีข้อจำกัดในกรณีโครโมโซมที่ทับซ้อนและเชื่อมโยงกันหลายเส้น หรือมีการบิดงอที่ซับซ้อน ทำให้จุดตัดบางจุดไม่ถูกตรวจจับ การเพิ่มรูปแบบองค์ประกอบโครงสร้างและปรับปรุงการจัดการภาพที่คุณภาพต่ำอาจช่วยเพิ่มประสิทธิภาพได้

5 สรุปและวิจารณ์ผลการดำเนินงาน

5.1 สรุปผลการดำเนินงาน

สรุปผลการดำเนินงานพบว่างานวิจัยนี้ได้พัฒนาการระบุจำนวนโครโมโซมแบบอัตโนมัติ

1. ศึกษาการระบุจำนวนแบบอัตโนมัติสำหรับภาพโครโมโซมชนิดเซลล์ถุงน้ำคร่ำแบบอัตโนมัติ (Automated Number Determination Development for Amniotic Fluid Bag Chromosomes Image)
2. สามารถพัฒนาวิธีการระบุจำนวนแบบอัตโนมัติสำหรับภาพโครโมโซมชนิดเซลล์ถุงน้ำคร่ำแบบอัตโนมัติ (Automated Number Determination Development for Amniotic Fluid Bag Chromosomes Image)

5.2 ปัญหา อุปสรรค และข้อจำกัด

1. ขอบเขตของโครโมโซมที่ไม่สม่ำเสมอและขาดหาย เนื่องจากภาพโครโมโซมที่ผ่านการแยกจากพื้นหลังในรูปแบบภาพไบนารีมักมีขอบเขตที่ไม่สมบูรณ์ จึงส่งผลให้โครงสร้างของโครโมโซมที่ได้มีความซับซ้อนและแตกแขนง ซึ่งเป็นอุปสรรคสำคัญต่อการตรวจหาจุดตัดบนโครงกระดูกของโครโมโซม
2. ความซับซ้อนของโครโมโซมที่มีการทับซ้อนกัน ซึ่งการทับซ้อนของโครโมโซมทำให้เกิดจุดตัดหลายจุดในตำแหน่งเดียวกัน ด้วยเหตุนี้ทำให้เกิดความซับซ้อนในการระบุจุดตัดที่แท้จริงและนำไปสู่ความผิดพลาดในการระบุจำนวนโครโมโซม
3. ความไม่แม่นยำของวิธีที่ใช้ในการตรวจหาจุดตัด อันเนื่องมาจากวิธี DNCC และวิธี SIPD ที่นำมาใช้ในการตรวจหาจุดตัดของโครโมโซมที่ทับซ้อนกันยังคงมีความคลาดเคลื่อน และไม่สามารถระบุจุดตัดได้อย่างแม่นยำ ส่งผลให้การระบุจำนวนโครโมโซมมีความผิดพลาด
4. ความท้าทายในการจัดการโครงสร้างที่ซับซ้อน โดยโครงสร้างของโครโมโซมที่ทับซ้อนและสัมผัสกันถือเป็นอุปสรรคสำคัญ ซึ่งส่งผลต่อความแม่นยำในการตรวจหาจุดตัดและประมวลผลการระบุจำนวนโครโมโซมในภาพ
5. ข้อจำกัดของวิธีการในปัจจุบัน ซึ่งวิธีการที่ใช้อยู่ในปัจจุบันยังไม่สามารถจัดการกับการทับซ้อนของโครโมโซมได้อย่างมีประสิทธิภาพ ด้วยเหตุนี้ส่งผลให้การระบุจุดตัดและการระบุจำนวนโครโมโซมยังคงมีความคลาดเคลื่อน

5.3 ข้อเสนอแนะ

เพื่อปรับปรุงประสิทธิภาพในการตรวจหาจุดตัดบนภาพโครโมโซมที่ทับซ้อนกัน งานวิจัยนี้ได้เสนอแนวทางดังต่อไปนี้

1. พัฒนาวิธีการตรวจหาจุดตัดที่สามารถจัดการกับโครโมโซมที่ทับซ้อนได้ดียิ่งขึ้น โดยควรพัฒนาวิธีการตรวจหาจุดตัดที่สามารถรองรับการทับซ้อนและความซับซ้อนของโครโมโซมได้ดียิ่งขึ้น เพื่อเพิ่มความแม่นยำในการระบุจำนวนโครโมโซม
2. ใช้วิธีการที่ผสมผสานหลายเทคนิคเพื่อเพิ่มความแม่นยำ โดยการนำเทคนิค HCS-AFC มาผสมผสานกับ CDOCS-DBA จะช่วยปรับปรุงคุณภาพของภาพโครโมโซม โดยเฉพาะบริเวณที่มีการทับซ้อน ส่งผลให้การสร้างโครโมโซมและการตรวจหาจุดตัดมีความแม่นยำมากขึ้น
3. การวิจัยเพิ่มเติมเกี่ยวกับการปรับปรุงการสร้างโครโมโซมโครโมโซม ซึ่งควรทำการวิจัยเพิ่มเติมเพื่อปรับปรุงกระบวนการสร้างโครโมโซมของโครโมโซมที่ทับซ้อนกันให้มีความถูกต้องมากขึ้น
4. การพัฒนาอัลกอริทึมที่สามารถระบุจุดตัดในโครงสร้างที่ซับซ้อนและมีการทับซ้อนสูง ซึ่งควรเน้นการพัฒนาอัลกอริทึมที่สามารถจัดการกับโครงสร้างโครโมโซมที่มีการทับซ้อนและมีลักษณะที่ซับซ้อน เพื่อให้สามารถตรวจหาจุดตัดได้อย่างแม่นยำ
5. การใช้ข้อมูลเชิงลึกและการวิเคราะห์เพิ่มเติมเพื่อเพิ่มประสิทธิภาพ ซึ่งควรใช้การวิเคราะห์เชิงลึกเกี่ยวกับการจัดเรียงโครโมโซมและการตรวจหาจุดตัด เพื่อเพิ่มความแม่นยำในการระบุและระบุจุดตัดในภาพโครโมโซม

5.4 บทความวิชาการที่ได้รับการตีพิมพ์

บทความวิจัยที่ได้รับการตีพิมพ์จากงานวิจัยฉบับนี้คือเรื่อง “An Intersection Point Detection Method in Direct Binary-Scale Amniotic Fluid Bag Chromosome Images Using Hit-Or-Miss Transformation for Automatic Chromosome Number Determination” ซึ่งได้รับการตีพิมพ์ในงานประชุมวิชาการระดับนานาชาติ InCIT 2024: The 8th International Conference on Information Technology @Faculty of Informatics, Burapha University, Chonburi, Thailand And @Kanazawa (Japan) 14th - 15th November 2024 โดยแสดงตัวอย่างหน้าแรกของบทความดังภาพที่ 5.1

An Intersection Point Detection Method in Direct Binary-Scale Amniotic Fluid Bag Chromosome Images Using Hit-Or-Miss Transformation for Automatic Chromosome Number Determination

Kaewmanee Marasri, Warissara Kanjana, Paweena Chinasri, Pitchayaporn Tawornwong, Ungsumalee Suttapakti, Kanuengnij Kubola, and Pichet Wayalun*
 Faculty of Informatics
 Burapha University
 Chonburi, Thailand
 Corresponding author: pichet.wa@go.buu.ac.th

Abstract—The problem of amniotic chromosome counting errors is caused by chromosomal ambiguity. For example, chromosomal overlap results in misidentification of the overlap point in chromosomal skeleton images. The overlapping points of the chromosomal skeleton images are important features used in counting the amniotic sac chromosomes. Therefore, this research presents a method (Crosspoint Detection in Overlap Chromosomal Structures: A Directional Binary Approach: CDOCS-DBA). This method is developed based on Direct Binary-Scale and Hit-or-Miss Transformation. This method improves the efficiency of identifying overlapping points in amniotic chromosome images. The proposed method can improve the efficiency of amniotic chromosome counting with a yield of 81.48% for ambiguous amniotic chromosomes.

Keywords—chromosome counting, amniotic sac chromosome image, chromosome skeleton intersection, ambiguous chromosome, chromosome skeleton image, hit-or-miss transformation

I. INTRODUCTION

Chromosome counting is a crucial process that aids physicians in the preliminary identification of genetic disorders, such as Down syndrome. Moreover, chromosome counting is also employed in the diagnosis of various other genetic conditions. However, there is currently an insufficient number of specialists capable of analyzing chromosome images to meet the growing demand from patients [1][2][3]. The chromosome images used for counting are obtained from amniotic fluid samples, as shown in Figure 1.

Nowadays, image-processing technology has been applied to help medical professionals analyze chromosome numbers faster and more accurately. In chromosome number analysis important features must be extracted from the chromosomal bone images. The chromosomal skeleton images' important features are the chromosomal skeleton images' overlapping endpoint information and the chromosomal skeletons' intersection point information as shown in Figure 2. We then enter the chromosome endpoint and intersection data into the analysis process to determine the correct number of chromosomes. However, the problem of accurate analysis of the number of chromosomes is still lacking due to the error in extracting important features from

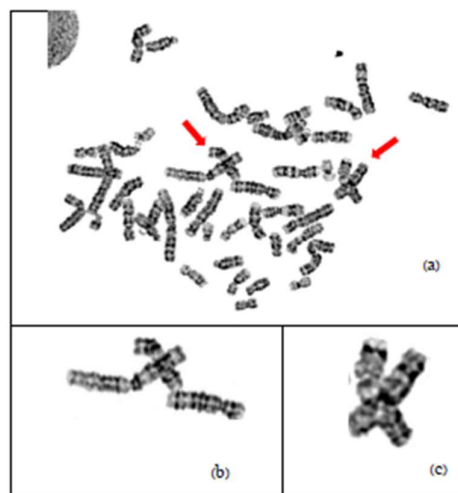


Fig. 1. (a) Amniotic sac chromosome slide image. (b)(c) Overlapping chromosome image

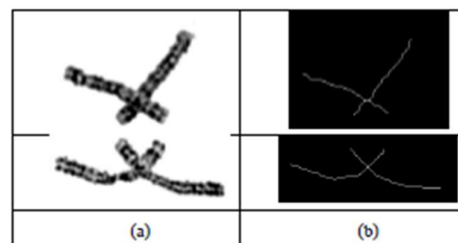


Fig. 2. (a) Overlapping chromosome image. (b) Chromosome skeleton image used to search for intersection point

the chromosomal skeleton images in the intersection point of the overlapping chromosomal skeletons. The error is caused by the complex overlay characteristics of the chromosomal skeleton images and the number of overlapping points being more than one, as shown in Figure 3. In Figure 3, the red points are the endpoints and the green points are the overlap points used as features in the automatic quantification

ภาพที่ 5.1 ตัวอย่างหน้าแรกของบทความวิจัยที่ได้รับการตีพิมพ์

6 รายงานการเงิน

สัญญาเลขที่ 004/2567

โครงการวิจัยประเภทเงินรายได้ คณะวิทยาการสารสนเทศ

ประจำปีงบประมาณ พ.ศ. 2567

ชื่อโครงการ การพัฒนาการระบุจำนวนแบบอัตโนมัติสำหรับภาพโครโมโซมอุ้งน้ำค้ำ

ชื่อหัวหน้าโครงการวิจัยผู้รับทุน พิเศษ วยะลุน

รายงานในช่วงตั้งแต่วันที่ 23 มกราคม 2567 ถึงวันที่ 22 มกราคม 2568

ระยะเวลาดำเนินการ 1 ปี 0 เดือน ตั้งแต่วันที่ 23 มกราคม 2567 ถึงวันที่ 22 มกราคม 2568

รายรับ

จำนวนเงินที่ได้รับ

งวดที่ 1 (50%)	30,000	บาท	เมื่อ 7 กุมภาพันธ์ 2567
งวดที่ 2 (40%)	24,000	บาท	เมื่อ 6 สิงหาคม 2567
งวดที่ 3 (10%)	6,000	บาท	เมื่อ 6 กุมภาพันธ์ 2568
รวม	60,000	บาท	

รายจ่าย

รายการ	งบประมาณที่ตั้งไว้	งบประมาณที่ใช้จริง	จำนวนเงินคงเหลือ/ เกิน
1. ค่าจ้างผู้ช่วยนักวิจัย	47,000.00	47,000.00	0
2. ค่าตอบแทนคณะผู้วิจัย	6,000.00	6,000.00	0
3. ค่าวัสดุสำนักงาน	7,000.00	7,000.00	0
รวม	60,000.00	60,000.00	0



(นายพิเศษ วยะลุน)

หัวหน้าโครงการวิจัยผู้รับทุน

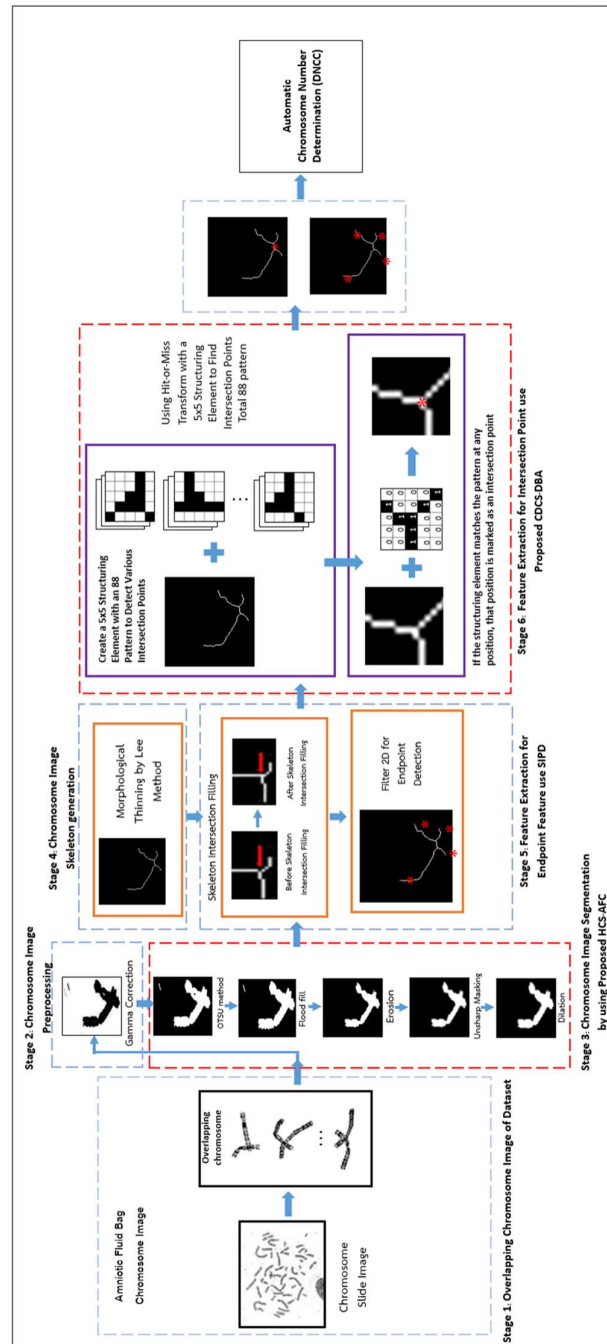
7 บรรณานุกรม

- Y. Wang, Z. Liu, J. Liu, S. Xu, and S. Liu, “Low-Light Image Enhancement with Illumination-Aware Gamma Correction and Complete Image Modelling Network,” in 2023 IEEE/CVF International Conference on Computer Vision (ICCV), Oct. 2023, pp. 13082–13091. doi: 10.1109/ICCV51070.2023.01207.
- M. Nadour and L. Cherroun, “Using flood-fill algorithms for an autonomous mobile robot maze navigation,” *Int. J. Syst. Assur. Eng. Manag.*, vol. 13, no. 1, pp. 546–555, Feb. 2022, doi: 10.1007/s13198-022-01630-4.
- P. Soille, “Erosion and Dilation,” in *Morphological Image Analysis: Principles and Applications*, P. Soille, Ed., Berlin, Heidelberg: Springer, 1999, pp. 49–88. doi: 10.1007/978-3-662-03939-7_3.
- Y. Song, C. Li, S. Xiao, H. Xiao, and B. Guo, “Unsharp masking image enhancement the parallel algorithm based on cross-platform,” *Sci. Rep.*, vol. 12, no. 1, p. 20175, Nov. 2022, doi: 10.1038/s41598-022-21745-9.
- Bhuvana, R., & Hemalatha, R. J. (2024). Enhanced segmentation of ischemic stroke lesion in MRI images using a geometrically customised deep convolution model (GDCM).
- A. H. Sheer and H. G. Daway, “MRI image enhancement using nonlinear mapping and adaptive histogram equalization based segmentation by Otsu’s method,” *AIP Conf. Proc.*, vol. 3097, no. 1, p. 090026, May 2024, doi: 10.1063/5.0209681.
- Y. He, Z.-L. Zhao, K. Cai, J. Kirby, Y. Xiong, and Y. M. Xie, “A thinning algorithm based approach to controlling structural complexity in topology optimization,” *Finite Elem. Anal. Des.*, vol. 207, p. 103779, Sep. 2022, doi:10.1016/j.finel.2022.103779.
- B. Pakkeetong, A. Yutthanawa, and P. Wayalun, “Extracting Key Features of Metaphase G-Band Chromosome Image for Counting Enhancement for Initial Genetic Diseases Diagnosis,” in *The 18th National Conference on Computing and Information Technology (NCCIT2022)*, Bangkok, Thailand, 2022, pp. 13–18.
- D. Das, “A Minutia Detection Approach from Direct Gray-Scale Fingerprint Image Using Hit-or-Miss Transformation,” in *Computational Intelligence in Pattern Recognition*, A. K. Das, J. Nayak, B. Naik, S. K. Pati, and D. Pelusi, Eds.,

- Singapore: Springer, 2020, pp. 195–206. doi: 10.1007/978-981-13-9042-5_17
- K. Kubola and P. Wayalun, “Automatic Determination of The G-band Chromosomes Number based on Geometric Features,” in 2018 15th International Joint Conference on Computer Science and Software Engineering (JCSSE), Jul. 2018, pp. 1–5. doi: 10.1109/JCSSE.2018.8457330.
- X. Liu, S. Wang, J. C.-W. Lin, and S. Liu, “An algorithm for overlapping chromosome segmentation based on region selection,” *Neural Comput. Appl.*, vol. 36, no. 1, pp. 133–142, Jan. 2024, doi: 10.1007/s00521-022-07317-y.

8 ภาคผนวก

แสดงขั้นตอนวิธีการระบุจำนวนแบบอัตโนมัติสำหรับภาพโครโมโซมชนิดดุน้ำคั่ว



9 ประวัตินักวิจัย

ชื่อ - สกุล

ผศ.ดร.พิเชษ วยะยลุน

ชื่อ - สกุล

Asst. Prof. Dr. Pichet Wayalun

ตำแหน่งปัจจุบัน

อาจารย์ประจำคณะวิทยาการสารสนเทศ มหาวิทยาลัย
บูรพา

ที่อยู่ที่สามารถติดต่อได้

คณะวิทยาการสารสนเทศ มหาวิทยาลัยบูรพา ต.แสนสุข
อ.เมือง จ.ชลบุรี 20131 โทรศัพท์ 038-102222
E-mail: pichet.wa@go.buu.ac.th

ประวัติการศึกษา

ปี	คุณวุฒิ	สถานศึกษา
2560	วท.ด. (เทคโนโลยีสารสนเทศ)	มหาวิทยาลัยขอนแก่น
2556	วท.ม. (เทคโนโลยีสารสนเทศ)	มหาวิทยาลัยสารคาม
2547	วท.บ. (วิศวกรรมไฟฟ้า)	มหาวิทยาลัยเทคโนโลยีมหานคร

สาขาที่มีความชำนาญพิเศษ

Image Processing, Medical Image Processing, Computer Graphics, Machine Learning IoT, Embedded Systems

ประสบการณ์ที่เกี่ยวข้องกับการบริหารงานวิจัย

ผู้อำนวยการแผนงานวิจัย : -

หัวหน้าโครงการวิจัย : -

โครงการวิจัยที่ทำเสร็จแล้ว : -

-Kubola, K., & Wayalun, P. (๒๐๑๘). Automatic Determination of G-band Chromosomes Number based on Geometric Features. In Processings of The ๑๕th International joint conference on Computer Science and Software Engineering (JCSSE) (pp.๑-๖). Nakhon Pathom: Thailand.

-Wayalun, P., & Kubola, K. ๒๐๑๙). Adaptive Image Enhancement for Automatic Complicated G-band Chromosome Number Determination. In Processings of The ๑๒th Biomedical Engineering International Conference (BMEiCON) (pp.๑-๕). Ubon Ratchathani: Thailand.

- Kubola, K., & Wayalun, P. (๒๐๒๐). Amniotic Fluid Bag Chromosome

Geometric Features Detection. In Processings Of The ๕th International Conference on Information Technology (InCIT) (pp.๒๙๔-๒๙๙). The Tide Resort, Bangsaen Beach Chonburi: Thailand.

- Wayalun, P., Yutthanawa, A., & Kubola, K. (๒๐๒๓). Contrast Parameter Estimation Based on Polynomial Regression for Amniotic Fluid Chromosome Image. In Processings of The ๘th International Conference on Business and Industrial Research (ICBIR) (pp.๑-๕). Bangkok: Thailand.