



# ขั้นตอนวิธีนับจำนวนเชือบนแผ่นฮีโมไซโตมิเตอร์ ด้วยเทคนิคประมวลผลภาพและดีบีSCAN

## An Algorithm for Hemocytometer Cell Counting based on Image Processing Technique and DBSCAN

เดชาวุฒิ วาณิชสรรพ (Dechawut Wanichsan)\* นิตัน นิลจวี (Nitatt Ninchawee)\*\*

ทวีศักดิ์ รัตนคม (Taweesak Rattanakom)\*\*\* และ พรรณนิการ์ กงจักร (Phannika Kongjuk)\*\*\*\*

### บทคัดย่อ

วัตถุประสงค์หลักของงานวิจัยชิ้นนี้เพื่อประยุกต์เทคนิคการประมวลผลภาพร่วมกับดีบีSCANที่เป็นขั้นตอนวิธีที่ใช้จัดกลุ่มข้อมูลแบบอิงความหนาแน่นเพื่อเพิ่มประสิทธิภาพในการนับจำนวนสปอร์ของเชื้อที่ถูกเพาะบนแผ่นฮีโมไซโตมิเตอร์ด้วยการใช้คอมพิวเตอร์ โดยปกติการนับเชื้อในห้องปฏิบัติการนั้นทำได้โดยการใช้นุษย์ที่นับจำนวนเชื้อด้วยสายตาเนื่องจากมนุษย์มีข้อจำกัดทำให้ไม่สามารถทำงานซ้ำๆ ได้ดีนัก ทำให้การใช้วิธีการนี้อาจก่อให้เกิดความผิดพลาดในการทำงานได้ งานวิจัยชิ้นนี้ได้ทำการทดลองโดยเปรียบเทียบผลการนับเชื้อด้วยวิธีการเดิมที่นับด้วยมนุษย์กับวิธีการที่งานวิจัยชิ้นนี้พัฒนาขึ้น โดยผลการทดลองพบว่าวิธีนี้มีความสามารถในการนับจำนวนสปอร์ได้ใกล้เคียงกับการนับด้วยสายตามนุษย์มาก

**คำสำคัญ:** ฮีโมไซโตมิเตอร์ ดีบีSCAN การจัดกลุ่มข้อมูลแบบอิงความหนาแน่น การประมวลผลภาพถ่ายดิจิทัล

### Abstract

The main objective of this research was to apply image processing technique together with DBSCAN, which is density-based clustering algorithm, so as to increase efficiency of hemocytometer cell counting using a computer. Conventionally, cell counting in laboratory could be done by

\*สาขาวิชาคอมพิวเตอร์ศึกษา คณะวิทยาการคอมพิวเตอร์และเทคโนโลยีสารสนเทศ มหาวิทยาลัยราชภัฏรำไพพรรณี

\*\*สาขาวิชาเทคโนโลยีสารสนเทศ คณะวิทยาการคอมพิวเตอร์และเทคโนโลยีสารสนเทศ มหาวิทยาลัยราชภัฏรำไพพรรณี

\*\*\*สาขาวิชาวิทยาการคอมพิวเตอร์ คณะวิทยาการคอมพิวเตอร์และเทคโนโลยีสารสนเทศ มหาวิทยาลัยราชภัฏรำไพพรรณี

\*\*\*\*สาขาวิชาเศรษฐศาสตร์ คณะวิทยาการจัดการ มหาวิทยาลัยราชภัฏสุรินทร์

human who counts the number of clusters. Due to human limitations, it was not easy to durably work with no mistakes. This work designed experiment with comparing results of cell counting using traditional method, which is counting by human, to those of cell counting using the proposed technique. The promising results revealed that using the method provided slightly different results comparing with counting by human.

**Keyword:** Hemocytometer, DBSCAN, Density-based Clustering, Digital Image Processing.

### 1. บทนำ

วิทยาศาสตร์สามารถแบ่งออกได้เป็นหลายแขนง ทั้งการศึกษาเกี่ยวกับธรรมชาติ สิ่งมีชีวิต ศึกษาคุณสมบัติ และลักษณะของวัตถุทางกายภาพ เทคโนโลยีทางการแพทย์ รวมทั้งการผลิตยารักษาโรค สาขาวิชาเกี่ยวกับสิ่งมีชีวิต เช่น ชีววิทยา ประมง จุลชีววิทยา เป็นต้น จำเป็นต้องมีการทำการทดลองเชื้อต่างๆ และต้องเพาะเลี้ยงเชื้อเพื่อผลลัพธ์ขั้นสูง เช่น ผลิตยารักษาโรค เป็นต้น การทดลองเหล่านี้จึงเป็นการทดลองที่มีความสำคัญ และควรมีข้อผิดพลาดน้อยที่สุด หรือไม่มีความผิดพลาดเกิดขึ้นเลย การเก็บข้อมูลและบันทึกผลการทดลองระหว่างทำการทดลองในห้องปฏิบัติการ จำเป็นต้องมีความถูกต้องและแม่นยำที่สุดเท่าที่จะเป็นไปได้ ในปัจจุบันคอมพิวเตอร์ได้เข้ามามีบทบาทในวงการ

วิทยาศาสตร์มากขึ้น ทางแพทย์มีการใช้กล้องที่เชื่อมต่อกับคอมพิวเตอร์เพื่อผ่าตัดในบริเวณที่ยากต่อการเข้าถึง [1] ซึ่งช่วยให้คนไข้ได้รับความเจ็บปวดที่น้อยลง สามารถพักฟื้นตัวได้เร็ว และง่ายต่อการรักษา ทางด้านเคมีที่คอมพิวเตอร์ช่วยสร้างแบบจำลองของโครงสร้างเกี่ยวกับพันธะทางเคมีให้นักเคมีเห็นภาพง่ายขึ้น ทางฟิสิกส์ที่คอมพิวเตอร์ช่วยลดเวลาในการคำนวณของมนุษย์ และช่วยให้ผลลัพธ์ที่คำนวณได้มีความแม่นยำเพิ่มมากขึ้น ทางด้านชีววิทยาได้มีการใช้คอมพิวเตอร์มาช่วยประมวลผล เช่นการเปรียบเทียบความคล้ายของดีเอ็นเอ (DNA) ทำให้เกิดเป็นศาสตร์ใหม่ที่เรียกว่า ชีวสารสนเทศ (Bioinformatics) การนับจำนวนกลุ่ม (Colony) ของสิ่งมีชีวิตขนาดเล็กที่มนุษย์ไม่สามารถมองเห็นได้ด้วยตาเปล่า เป็นต้น

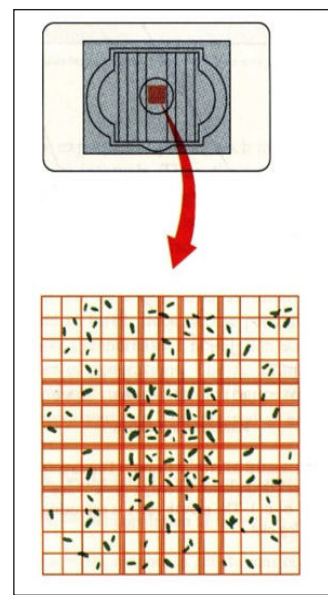
โดยปกติ การนับจำนวนเซลล์ที่เพาะเลี้ยงยังต้องใช้มนุษย์เป็นเครื่องมือหลักในการนับจำนวนเชื้อด้วยการมองผ่านกล้องจุลทรรศน์แล้วนำมาจดบันทึก ด้วยเหตุผลดังกล่าว รวมถึงปัจจุบันราคากล้องจุลทรรศน์ที่เป็นดิจิทัลที่สามารถเชื่อมต่อสัญญาณเข้ากับคอมพิวเตอร์ได้หลายรุ่นที่มีกำลังขยาย 400x มีราคาไม่เกิน 4,000 บาท [2] งานวิจัยนี้จึงได้นำเทคนิคการประมวลผลภาพถ่ายดิจิทัล และดีบีสแกน (DBSCAN) ซึ่งเป็นขั้นตอนวิธีจัดกลุ่มข้อมูลแบบอิงความหนาแน่น เข้ามาร่วมช่วยนับจำนวนกลุ่มของเซลล์ อันจะช่วยลดเวลาในการนับให้น้อยลงแทนวิธีการเดิมที่ใช้มนุษย์นับ ซึ่งอาจเกิดข้อผิดพลาดในการนับเพราะความสะเพร่า ความเหนื่อยล้า และความไม่เอาใจใส่

## 2. ทฤษฎีและงานวิจัยที่เกี่ยวข้อง

### 2.1 การนับจำนวนเซลล์ด้วยอิโมซิโตมิเตอร์

อิโมซิโตมิเตอร์ [3] พัฒนาขึ้นโดย Louis-Charles Malassez เป็นอุปกรณ์ที่ใช้เพื่อนับจำนวนเซลล์ แต่เดิมพัฒนามาเพื่อนับจำนวนเซลล์เม็ดเลือด (Blood Cells) มีลักษณะเป็นแผ่นเพลทแก้วหนาและมีแผ่นปิด โดยแก้วนี้จะมีช่องว่าง หรือแอ่ง (Chamber) สำหรับใส่สารตัวอย่าง พร้อมด้วยตารางหรือกริดที่ประกอบด้วยเส้นตรงตั้งฉากกันหลายเส้นที่ถูกสร้างด้วยเลเซอร์เพื่อแบ่งเป็นพื้นที่นับเซลล์ แสดงดังภาพที่ 1 ที่เป็นภาพตัวอย่างการมองอิโมซิโตมิเตอร์ผ่านเลนส์กล้องจุลทรรศน์กำลังขยาย 40 เท่า สารตัวอย่างจะถูกบรรจุด้วยปริมาตรที่แน่นอน จะทำให้สามารถคำนวณความเข้มข้น

ของเซลล์ในของเหลวได้ ความลึกของแผ่นเพลททุกแผ่นจะมีขนาด 0.1 มิลลิเมตร จุดสีเขียวที่เห็นคือ การนับเซลล์จะกระทำโดยการใช้กล้องจุลทรรศน์ช่วยขยายขนาด แล้วนับได้โดยตรงด้วยการมองผ่านกล้องจุลทรรศน์ หน่วยที่ใช้ในการนับเซลล์จะใช้หน่วยเซลล์ต่อปริมาตร ตารางหรือกริดจะมีหลายขนาดเช่น ขนาด 1x1 0.25x0.25 0.25x0.20 และ 0.20x0.20 มิลลิเมตร เป็นต้น การคำนวณปริมาตรทำได้ด้วยการใช้สมการ กว้างxยาวxสูง ตามปกติ หน่วยที่นับได้จะเป็นเซลล์ต่อมิลลิลิตรซึ่งเป็นหน่วยที่นิยมใช้กับความหนาแน่นของแพลงก์ตอนในห้องปฏิบัติการที่การเพาะแพลงก์ตอนมีความหนาแน่นต่อหน่วยสูงมาก



ภาพที่ 1 ภาพด้านบนของแชมเบอร์

### 2.2 ดีบีสแกน

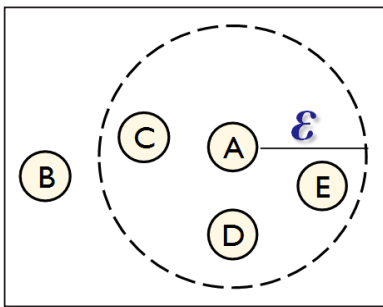
ดีบีสแกน (DBSCAN: Density-based Spatial Clustering of Applications with Noise) คือการจัดกลุ่มข้อมูลแบบอิงความหนาแน่น ถูกคิดขึ้นในปี 1996 โดย Martin Ester Hans-Peter Kriegel, Jörg Sander และ Xiaowei Xu [4] และได้รับรางวัลเกี่ยวกับขั้นตอนวิธีการทำเหมืองข้อมูล (Data Mining) จากงานประชุมวิชาการที่มีชื่อเสียงระดับโลก (SIG KDD) ในปี 2014 [5] จุดเด่นของดีบีสแกนอยู่ที่ผู้ใช้ไม่จำเป็นต้องกำหนดจำนวนคลัสเตอร์ที่ต้องการแบ่งกลุ่มเหมือนขั้นตอนวิธีจัดกลุ่มวิธีอื่นๆ เช่นขั้นตอนวิธีจัดกลุ่มแบบเคมีน (k-mean Clustering Algorithm) เป็นต้น ขั้นตอนวิธีนี้มีพารามิเตอร์ที่ต้องใช้สองตัวเพื่อกำหนดอาณาเขตและจำนวนสมาชิกภายในอาณาเขตนั่นคือเอปไซลอน  $\epsilon$  ที่มักตั้งเป็นชื่อตัวแปร



ว่า *eps* และมินพอยน์ (Minpoint) ที่มักตั้งเป็นชื่อตัวแปรว่า *minpts* โดยพารามิเตอร์ทั้งสองตัวสามารถอธิบายได้ในภาพที่ 2 ที่วงกลมที่มีตัวอักษร A B C D และ E อยู่ข้างในเป็นสัญลักษณ์แทนข้อมูลห้าตัว ในกรณีนี้ ข้อมูล A ถือเป็นข้อมูลหลัก (Core Point) เพราะมีจำนวนเพื่อนบ้านน้อยกว่าหรือเท่ากับค่า *minpts* ซึ่งมีค่าเท่ากับ 3 ภายในค่าเอปไซลอนที่หมายถึงระยะทางที่ห่างจากข้อมูล A ออกไปยังรัศมีที่แสดงด้วยเส้นประ ข้อมูลที่อยู่ภายในค่าระยะทาง เอปไซลอน หมายถึงข้อมูลเพื่อนบ้าน (Neighbor Point) ซึ่งในที่นี้ข้อมูล A มีข้อมูลเพื่อนบ้านทั้งหมดสามตัวคือ CD และ E รหัสเทียมแสดงวิธีการทำงานของดีบีเอสแกน แสดงในตารางที่ 1 ที่ประกอบด้วยรหัสเทียม (Pseudo code) ดีบีเอสแกน และฟังก์ชันย่อยอีกสองฟังก์ชันคือ *expandCluster()* และ *regionQuery()* โดยปกติ การหาความคล้ายระหว่างข้อมูลสองชุดจะใช้วิธีวัดระยะทางแบบยุคลิดที่สามารถใช้หาค่าระยะทางระหว่างข้อมูลสองชุดบนปริภูมิที่มากกว่าสองมิติได้ด้วยการใช้สมการที่ 1

$$dist(a,b) = \sqrt{(a_1 - b_1)^2 + \dots + (a_m - b_m)^2} \quad (1)$$

โดยที่ข้อมูลทั้งสองชุดแทนด้วย  $a = (a_1, a_2, a_3, \dots, a_m)$  และ  $b = (b_1, b_2, b_3, \dots, b_n)$  โดยที่ขนาดมิติของ  $a$  และ  $b$  นั้นคือ  $m$  และ  $n$  จะต้องมีขนาดเท่ากัน



ภาพที่ 2 ข้อมูลห้าตัวและเอปไซลอน

### 3. วิธีดำเนินงานวิจัย

งานวิจัยที่เกี่ยวข้องในหัวข้อก่อนหน้าเป็นประโยชน์ต่อการพัฒนาขั้นตอนวิธีการนับจำนวนเซลล์บนอิโมชิโตมิเตอร์ โดยใช้เทคนิคประมวลผลภาพกับดีบีเอสแกนที่งานวิจัยชิ้นนี้นำเสนอ ซึ่งจะนำผลลัพธ์ที่ได้ไปเปรียบเทียบกับวิธีการนับด้วยวิธีปกติที่นับโดยใช้มนุษย์

### ตารางที่ 1 รหัสเทียมดีบีเอสแกน

```

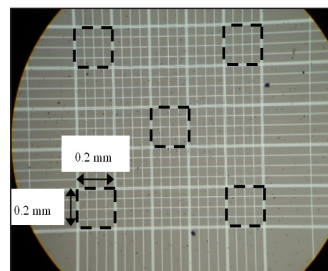
Algorithm: Handwriting Direction Detection
C = 0
FOR each unvisited point P in dataset D
  mark P as visited
  NbrPts = regionQuery(P,eps)
  IF sizeof(NbrPts) < MinPts
    mark P as NOISE
  ELSE
    C = next cluster
    expandCluster(P,NbrPts,C,eps,MinPts)
  END IF
END FOR

//increase number of points in same cluster
FUNCTION expandCluster(P,NbrPts,C,eps,MinPts)
  add P to cluster C
  FOR each point P' in NbrPts
    IF P' is not visited
      mark P' as visited
      NbrPts' = regionQuery(P',eps)
      IF sizeof(NbrPts') >= MinPts
        NbrPts = NbrPts joined with NbrPts'
        IF P' is not yet member of any cluster
          add P' to cluster C
      END IF
    END IF
  END IF
END FOR

//find neighbor points of P
FUNCTION regionQuery(P,eps)
  return all points within P's eps-distance
    
```

### 3.1 การนับจำนวนเซลล์ด้วยวิธีการปกติ

ข้อมูลที่ใช้ในการทำการทดลองคือ การเพาะเลี้ยงเซลล์แพลงก์ตอน (Plankton) ที่มองผ่านเลนส์กล้องจุลทรรศน์ที่ปรับกำลังขยาย 100x หรือ 100 เท่า เพื่อเจาะจงให้อยู่ในส่วนของ 25 ช่องเล็ก เพราะกำลังขยายในระดับนี้จะทำให้มองเห็นจำนวน 25 ช่องเกือบพอดี และมีส่วนเกินเพียงเล็กน้อย แสดงดังภาพที่ 3



ภาพที่ 3 ภาพถ่ายจากเลนส์กล้องจุลทรรศน์กำลังขยาย 100 เท่า



ภาพที่ 3 คือภาพการเพาะเลี้ยงแพลงก์ตอน (Plankton) บนอิโมซิโตมิเตอร์บริเวณเส้นตารางสีขาวคือเส้นแบ่งช่อง จุดสีดำเล็กๆ คือโคโลนี (Colony) หรือกลุ่มของแพลงก์ตอน โดยปกติการนับจำนวนแพลงก์ตอน หรือเชื้อที่เพาะเลี้ยงจะนับด้วยการใช้สายตามองโดยจะนับจำนวนกลุ่มหรือจุดสีดำที่มองเห็น ในช่องที่ 1 5 13 21 และ 25 (ในกรอบเส้นประสีดำ) ซึ่งอยู่ในตำแหน่งสี่มุม และช่องตรงกลาง โดยแต่ละช่องของตารางมีความกว้างและความยาว 0.2 มิลลิเมตรเท่ากัน เหตุผลที่นับเช่นนี้เนื่องจากการนับแบบสุ่มแบบกระจายพื้นที่ เพราะบางครั้งการเพาะจำนวนเชื้อเริ่มต้นอาจทำให้เชื้อเกาะกลุ่มกันอยู่ตรงส่วนใดส่วนหนึ่งของแผ่นเพลต หากจะนับทุกช่องทั้ง 25 ช่อง ก็นับว่าเป็นภาระงานที่ละเอียดและมากเกินไปสำหรับมนุษย์ที่ต้องทำงานนับเชื้อที่เพาะเลี้ยงในห้องปฏิบัติการอย่างซ้ำๆ และอาจก่อให้เกิดความผิดพลาดจากความสะเพร่า ความเหนื่อยล้าและความไม่เอาใจใส่ได้ สมการคำนวณความหนาแน่นของจำนวนเชื้อในกรณีนี้แสดงในสมการที่ 2

$$density = \frac{nColony}{nGrid} \times \frac{1}{4} \times 10^6 \quad (2)$$

โดยที่  $nColony$  คือจำนวนโคโลนีที่นับได้บนแผ่นเพลตในกริดช่องที่สนใจทั้งหมด  $nGrid$  คือจำนวนกริดที่นับ โดยปกติแล้วจะมีค่าเป็นห้า ซึ่งหมายถึงกริดช่องที่ 1 5 13 21 และ 25 ตามลำดับ โดยหน่วยของความหนาแน่นที่ได้คือ เซลล์ต่อมิลลิเมตร [6]

### 3.2 การนับจำนวนเซลล์ด้วยการใช้เทคนิคประมวลผลภาพร่วมกับขั้นตอนวิธีดีบีสแกน

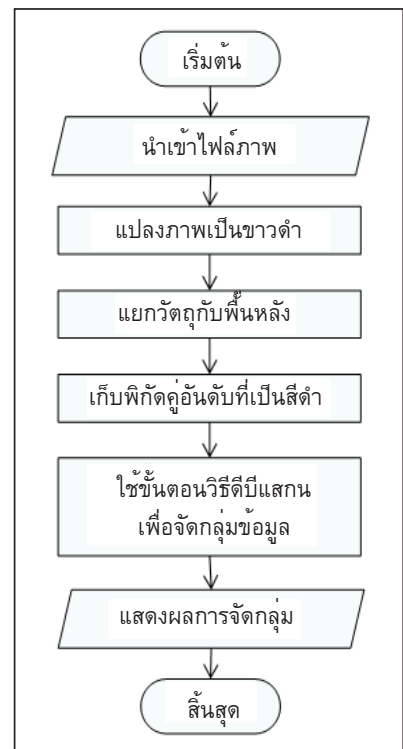
ผังงานที่แสดงกระบวนการทั้งหมดของขั้นตอนวิธีที่งานวิจัยชิ้นนี้เสนอแสดงในภาพที่ 4 ที่แบ่งเป็นขั้นตอนย่อยทั้งหมดหกขั้น โดยขั้นตอนแรกคือ นำเข้าไฟล์ภาพที่ใช้ในการทำการทดลองคือ ภาพถ่ายดิจิทัลที่ถ่ายผ่านเลนส์กล้องจุลทรรศน์ที่ปรับกำลังขยาย 100x ในระบบสีอาร์จีบี (RGB) เพื่อต้องการจะเทียบผลกับการนับจำนวนเซลล์ด้วยวิธีการปกติที่แสดงวิธีคำนวณในหัวข้อที่ 3.1 ภาพที่เป็นข้อมูลนำเข้า (Input Data) นี้แสดงดังภาพที่ 5 และผลลัพธ์จากการแปลงเป็นภาพสเกลสีเทา (Grey Scale Image) แปลงต่ออีกขั้นเพื่อให้ได้ภาพขาวดำ (Image Binarization) และแยกวัตถุ (โคโลนีของแพลงก์ตอน) กับภาพพื้นหลัง (พื้นหลังและตารางของอิโมซิโตมิเตอร์) แสดงในภาพที่ 6

โดยที่ฟังก์ชันที่ใช้สำหรับการแปลงภาพสี RGB ให้เป็นภาพขาวดำแสดงในสมการและฟังก์ชันในสมการที่ 3 และ 4 ตามลำดับ

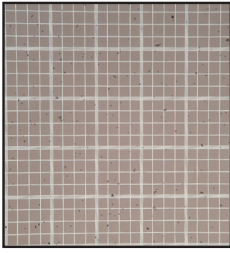
$$grayscale = R \times 0.299 + G \times 0.587 + B \times 0.114 \quad (3)$$

$$intensity = \begin{cases} 1 & grayscale \geq 128 \\ 0 & grayscale < 128 \end{cases} \quad (4)$$

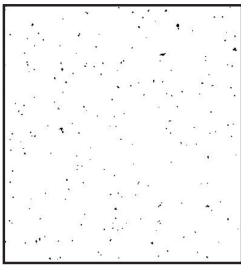
โดยเหตุผลที่ใช้สมการที่ 3 เป็นสมการแปลงภาพสีเป็นภาพสเกลขาวเทาเพราะค่าน้ำหนักของแต่ละแม่สีมีค่าไม่เท่ากัน สีเขียวบริสุทธิ์จะลักษณะความสว่าง (Lightness) มากกว่าสีแดงและสีน้ำเงินบริสุทธิ์ จึงมีค่าน้ำหนักที่สูงกว่า ส่วนสีน้ำเงินซึ่งเป็นสีโทนเข้มและมีค่าความสว่างน้อยกว่าทุกสีจึงได้ค่าน้ำหนักที่ต่ำที่สุด โดยค่าน้ำหนักเหล่านี้เป็นค่าจากช่องสัญญาณวาย (Y) ของระบบสีวายยูวี (YUV Color Space) [7] ซึ่งนิยมใช้ในการเข้ารหัสภาพสีตามการรับรู้จากสายตามนุษย์ ขั้นตอนต่อมาคือการเปลี่ยนข้อมูลภาพขาวดำให้เป็นข้อมูลเชิงปริมาณที่สามารถนำไปยังดีบีสแกนได้ โดยข้อมูลแต่ละระเบียบ (Record) จะมีสองแอททริบิวต์ (Attribute) มีประเภทข้อมูลเป็นเลขจำนวนเต็มบวก คือพิกัดในแกน x และพิกัดในแกน y โดยจะแปลงมาจากพิกเซล (pixel) สีดำในภาพที่ 6 โดยจะดูว่าหากค่า intensity ของพิกเซลใดๆ จากสมการที่ 4 มีค่าเท่ากับหนึ่งจะนับเป็นข้อมูลหนึ่งระเบียบ



ภาพที่ 4 ผังงานที่แสดงการทำงานทั้งหมด



ภาพที่ 5 ตัวอย่างภาพที่ใช้ในการนับจำนวนสปอร์



ภาพที่ 6 ตัวอย่างภาพที่ปรับค่าสีแล้ว

จากนั้นขั้นตอนต่อมาคือการใช้ดีบีเอสแกนในการจัดกลุ่มข้อมูลทุกระเบียงเพื่อหาจำนวนกลุ่มหรือโคโลนีของเซลล์ อย่างไรก็ตาม ดีบีเอสแกนมีพารามิเตอร์ที่จำเป็นต้องได้รับการกำหนดค่าสองค่าคือ *minpts* และ *eps* โดยค่าที่กำหนดให้พารามิเตอร์ในงานวิจัยชิ้นนี้เป็นดังนี้ *eps* มีค่า  $\sqrt{2}$  หรือประมาณ 1.415 เพราะพิกเซลที่อยู่ติดกันในแนวราบ และพิกเซลที่อยู่ติดกันในแนวตั้ง จะห่างกันด้วยค่าระยะทาง 1 หน่วย ซึ่งคำนวณด้วยการใช้สมการที่ 1 กรณีตัวอย่างแสดงในภาพที่ 7

(1,1)	(2,1)	(3,1)	(4,1)	(5,1)	(6,1)
(1,2)	(2,2)	(3,2)	(4,2)	(5,2)	(6,2)
(1,3)	(2,3)	(3,3)	(4,3)	(5,3)	(6,3)
(1,4)	(2,4)	(3,4)	(4,4)	(5,4)	(6,4)
(1,5)	(2,5)	(3,5)	(4,5)	(5,5)	(6,5)

ภาพที่ 7 ตัวอย่างโคโลนีของแพลงก์ตอนในระดับพิกเซล

ภาพที่ 7 แสดงตัวอย่างโคโลนีของแพลงก์ตอนในระดับพิกเซล โดยพิกเซลที่ (2,4) (3,3) (3,4) (4,3) (4,4) และ (5,2) คือพิกเซลที่มีสีดำที่ได้รับการพิจารณาเป็นข้อมูลแต่ละระเบียบ การคำนวณค่าระยะทางระหว่างจุดที่อยู่ติดกันในแนวราบเช่น (3,3) และ (4,3) ที่คำนวณจาก  $\sqrt{(3-4)^2 + (3-3)^2}$  ได้ค่าระยะทางเท่ากับ 1 เป็นต้น จะเห็นได้ว่ากรณีนี้ข้อมูล

เพื่อนบ้าน (Neighbor Point) ซึ่งหมายถึงข้อมูลที่อยู่ห่างจากข้อมูลหลัก (Core Point) ในค่าระยะทาง *eps* จะครอบคลุมแค่กรณีเพื่อนบ้านติดกันในแนวตั้งและแนวราบเท่านั้น ไม่ครอบคลุมถึงเพื่อนบ้านที่อยู่ติดกันแนวทแยงมุม เพราะค่าระยะทางของพิกเซลใดๆ ที่อยู่ติดกันแนวทแยงมุม เช่น (4,3) และ (5,2) ที่คำนวณจาก  $\sqrt{(4-5)^2 + (3-2)^2}$  ทำให้ได้ระยะทางเท่ากับ 1.414 ด้วยเหตุนี้จึงเป็นการเหมาะสมที่จะกำหนดค่าให้พารามิเตอร์ *eps* = 1.415 ดังแสดงเป็นวงกลมที่การรอบจุด (4,3) เพื่อให้ครอบคลุมกรณีพิกเซลข้อมูลเพื่อนบ้านที่เป็นพิกเซลที่อยู่ในแนวทแยงมุม ส่วนค่าของพารามิเตอร์ *minpts* ที่เหมาะสมคือ 4 เพราะข้อมูลหลักควรมีจำนวนสมาชิกเพื่อนบ้านที่อยู่รอบตัวเองอย่างน้อยครึ่งหนึ่งของจำนวนสมาชิกมากที่สุดที่เป็นไปได้ เช่น พิกเซล (4,3) เป็นต้น ที่สามารถมีจำนวนสมาชิกเพื่อนบ้านมากที่สุดที่เป็นไปได้จำนวนแปดตัว และมีจำนวนสมาชิกเพื่อนบ้านจริงจำนวนสี่ตัว ทำให้พิกเซล (4,3) ได้รับการพิจารณาเป็นจุดหลัก และกลุ่มพิกเซลเพื่อนบ้านก็ได้รับการพิจารณาเป็นกลุ่มข้อมูลกลุ่มหนึ่ง เมื่อดีบีเอสแกนทำงานเสร็จสิ้น จำนวนกลุ่มข้อมูลทั้งหมดจะหมายถึงกลุ่มเซลล์ (Colony) ที่นับได้ด้วยคอมพิวเตอร์

#### 4. ผลการดำเนินงาน

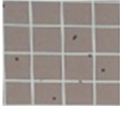

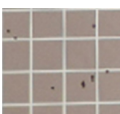

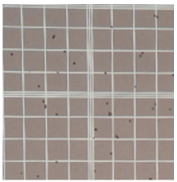
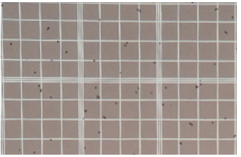
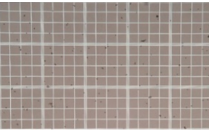

การพัฒนาขั้นตอนวิธีที่ใช้คอมพิวเตอร์ในการนับจำนวนเช็บบนอิโมชิโตมิเตอร์ด้วยเทคนิคประมวลผลภาพและดีบีเอสแกน มีข้อมูลที่ใช้ในการทดลองคือภาพถ่ายเชื้อแพลงก์ตอน และเพื่อเป็นการทดสอบความหลากหลายของขั้นตอนวิธีที่มีความทนทานต่อขนาดข้อมูลที่แตกต่างกันหรือไม่ การทดลองจะใช้ข้อมูลนำเข้าที่แสดงในตารางที่ 2 โดยผลลัพธ์ที่ได้เมื่อเทียบกับการใช้มนุษย์นับพบว่าขั้นตอนวิธีที่น่าเสนอสามารถนับจำนวนกลุ่มของเชื้อมีผลที่ใกล้เคียงกับการใช้มนุษย์จำนวน 3 คนเพื่อนับโดยมีความแตกต่างของจำนวนกลุ่มที่นับได้เพียงเล็กน้อยเท่านั้น ผลการทดลองแสดงในตารางที่ 3

ตารางที่ 2 ตารางข้อมูลนำเข้าแต่ละรูปแบบ

ข้อมูลนำเข้า (0.25 x 0.25 มิลลิเมตร)	จำนวนภาพที่ใช้ทดลอง
ขนาด 1 ช่อง	4
ขนาด 4 ช่อง	1
ขนาด 6 ช่อง	1
ขนาด 15 ช่อง	1
ขนาด 25 ช่อง	1



ตารางที่ 3 ตารางเปรียบเทียบผลการทดลอง

ข้อมูลนำเข้า	จำนวนกลุ่มของเซลล์ที่นับโดย	
	มนุษย์	คอมพิวเตอร์
	6	6
	6-7	6
	8	8
	6	6
	31	31
	50	51
	129	128
	204-210	206

### 5. สรุปผลงานวิจัยและข้อเสนอแนะ

งานวิจัยชิ้นนี้ได้เสนอขั้นตอนวิธีที่ใช้คอมพิวเตอร์เป็นตัวช่วยในการนับจำนวนกลุ่มเซลล์ที่เพาะเลี้ยงบนอีโมซิโตมิเตอร์โดยอาศัยเทคนิคประมวลผลภาพร่วมกับดีพีสแกนที่เป็นขั้นตอนวิธีจัดกลุ่มข้อมูลแบบอิงความหนาแน่น ผลการทดลองแสดงให้เห็นว่าขั้นตอนวิธีที่นำเสนอมีความสามารถในการนับ

จำนวนเซลล์แพลงก์ตอนได้เทียบเท่าหรือใกล้เคียงกับวิธีการปกติที่ใช้มนุษย์นับ การประยุกต์งานชิ้นนี้ต่อเนื่องในอนาคตสามารถทำได้โดยการทดลองใช้กับเซลล์อื่นๆ เช่น เซลล์เม็ดเลือด เป็นต้น การประยุกต์ขั้นสูงในการพัฒนาโปรแกรมประยุกต์ต่อในอนาคตคือ การพัฒนาโมดูลเพื่อตั้งเวลาถ่ายภาพและนับจำนวนเซลล์โดยอัตโนมัติ ซึ่งจะช่วยลดเวลาในการนับเซลล์และเห็นแนวโน้มของพัฒนาการเติบโตของเซลล์ โดยอาจแสดงผลในรูปแบบของกราฟเส้น อันจะช่วยให้นักวิทยาศาสตร์ทำงานได้สะดวกยิ่งขึ้น

### 6. เอกสารอ้างอิง

- [1] R. G. Haaker, M. Stockheim, and M. Kamp. "Computer-assisted navigation increases precision of component placement in total knee arthroplasty." *Clinical Orthopaedics and Related Research*. Vol. 433, pp.152-9, 2005.
- [2] Microscope.in.th. ศูนย์รวมกล้องจุลทรรศน์. Available Online at <http://www.microscope.in.th/product/mda1300>. Mar. 29, 2015.
- [3] Y. Xie, Y. Yang, and X. Kang. "Bioassembly of three-dimensional embryonic stem cell-scaffold complexes using compressed gases." *Biotechnology Progress*. Vol.25, No.2, pp.535-542, 2004.
- [4] T. N. Trana, K. Drabb, and M. Daszykowskib. "Revised DBSCAN algorithm to cluster data with dense adjacent clusters." *Chemometrics and Intelligent Laboratory Systems*. Vol.120, pp.92-96, 2013.
- [5] SIGKDD. *SIGKDD Test of Time Award*. Available Online at <http://www.kdd.org/blog/2014-sigkdd-test-time-award>. Feb. 14, 2015.
- [6] T. L. Hoffman. *Cell Biology. A Laboratory Handbook*. Elsevier Academic Press: San Diego, 2006.
- [7] V. Santhi and A. Thangavelu. "DWT-SVD Combined Full Band Robust Watermarking Technique for Color Images in YUV Color Space." *International Journal of Computer Theory and Engineering*, Vol. 1, No. 4, pp. 424-429, 2009.