

อัลกอริทึมใหม่บนพื้นฐานของจินเนติกอัลกอริทึมและแผนผังจัดการตนเองเชิง  
โครงสร้างแบบปรับตัวได้สำหรับการจำแนกรูปแบบ : กรณีศึกษาการ  
ประยุกต์ใช้งานการวินิจฉัยจำแนกโรคใบองุ่น



นางสาวชมพู ทรัพย์ปทุมสิน

วิทยานิพนธ์นี้เป็นส่วนหนึ่งของการศึกษาตามหลักสูตรปริญญาวิศวกรรมศาสตรดุษฎีบัณฑิต  
สาขาวิชาวิศวกรรมไฟฟ้า  
มหาวิทยาลัยเทคโนโลยีสุรนารี  
ปีการศึกษา 2559

**A PATTERN CLASSIFIER BASED ON A NOVEL  
GA-SASOM ALGORITHM : CASE STUDY OF  
GRAPE LEAF DISEASE DIAGNOSIS  
APPLICATION**

**Chompoo Suppatoomsin**



**A Thesis Submitted in Partial Fulfillment of the Requirements for the  
Degree of Doctor of Philosophy in Electrical Engineering**

**Suranaree University of Technology**

**Academic Year 2016**

อัลกอริทึมใหม่บนพื้นฐานของจินเนติกอัลกอริทึมและแผนผังจัดการตนเองเชิง  
โครงสร้างแบบปรับตัวได้สำหรับการจำแนกรูปแบบ : กรณีศึกษาการประยุกต์ใช้งานการ  
วินิจฉัยจำแนกโรคใบบองุ่น

มหาวิทยาลัยเทคโนโลยีสุรนารี อนุมัติให้บัณฑิตวิทยาลัยเป็นส่วนหนึ่งของการศึกษา  
ตามหลักสูตรปริญญาคุณวุฒิบัณฑิต

คณะกรรมการสอบวิทยานิพนธ์



(รศ. ดร.กิตติ อັตถกิจมงคล)

ประธานกรรมการ



(รศ. ดร.อาทิตย์ ศรีแก้ว)

กรรมการ (อาจารย์ที่ปรึกษาวิทยานิพนธ์)



(ผศ. ดร.วรากร เจริญสุข)

กรรมการ



(ผศ. ร.อ. ดร.ประโยชน์ คำสวัสดิ์)

กรรมการ



(รศ. ดร.นิตยา เกิดประสพ)

กรรมการ



(ศ. ดร.สันติ แม่นศิริ)

รักษาการแทนรองอธิการบดีฝ่ายวิชาการ  
และพัฒนาความเป็นสากล



(รศ. ร.อ. ดร.กนต์ธร ชำนิประศาสน์)

คณบดีสำนักวิชาวิศวกรรมศาสตร์

ชมพู ทรัพย์ปทุมสิน : อัลกอริทึมใหม่บนพื้นฐานของจินเนติกอัลกอริทึมและแผนผังจัดการตนเองเชิงโครงสร้างแบบปรับตัวได้สำหรับการจำแนกรูปแบบ : กรณีศึกษาการประยุกต์ใช้งานการวินิจฉัยจำแนกโรคใบองุ่น (A PATTERN CLASSIFIER BASED ON A NOVEL GA-SASOM ALGORITHM : CASE STUDY OF GRAPE LEAF DISEASE DIAGNOSIS APPLICATION) อาจารย์ที่ปรึกษา : รองศาสตราจารย์ ดร.อาทิตย์ ศรีแก้ว, 131 หน้า

การจำแนกรูปแบบของวัตถุรูปภาพเป็นกระบวนการที่สำคัญอย่างหนึ่งของเทคโนโลยีคอมพิวเตอร์วิทัศน์ งานวิจัยนี้ได้นำเสนออัลกอริทึมใหม่สำหรับการจำแนกรูปแบบของรูปภาพ ซึ่งกระบวนการทำงานของระบบสามารถแบ่งออกเป็น 2 ระบบ คือ (1) ระบบการดึงคุณลักษณะเด่นให้เป็นแผนผังโครโมโซม โดยใช้อัลกอริทึมใหม่บนพื้นฐานของจินเนติกอัลกอริทึม (Genetic Algorithm : GA) และแผนผังจัดการตนเองเชิงโครงสร้างปรับตัวได้ (Structure-Adaptive Self-Organizing Feature Map : SASOM) เรียกว่าอัลกอริทึม GA-SASOM ซึ่งโครงสร้างหลักของระบบได้ใช้โครงสร้างพื้นฐานของ GA ที่มีการพัฒนารูปแบบของโครโมโซมใหม่แตกต่างจากโครโมโซมของ GA แบบดั้งเดิมที่มีรูปแบบเป็นสายอักขระของบิต (bit string) โดยรูปแบบโครโมโซมในงานวิจัยนี้เป็นแผนผังโนด (node map) ที่พัฒนามาจากแผนผังโนดของ SASOM ซึ่งเป็นแผนผังโนดที่แต่ละโนดใช้แทนแต่ละรูปแบบที่ต้องการจำแนก แต่แผนผังโนดของงานวิจัยนี้เรียกว่าแผนผังโครโมโซม (chromosome map) แต่ละแผนผังโนดใช้แทนคุณลักษณะสี และลวดลายของรูปแบบ 1 รูปแบบที่ต้องการจำแนกรูปแบบ ดังนั้นในงานวิจัยนี้แผนผังโครโมโซมถูกนำมาใช้เป็นแบบจำลองคุณลักษณะเด่นของภาพ โดยมีจุดประสงค์เพื่อให้แผนผังโครโมโซมมีวิวัฒนาการไปสู่การเป็นแบบจำลองคุณลักษณะเด่นที่ดีที่สุดของรูปแบบ ผ่านกระบวนการทางสายพันธุ์ที่ปรับปรุงขึ้นใหม่เพื่อรองรับแผนผังโครโมโซมข้างต้น กระบวนการทางสายพันธุ์ที่ปรับปรุงใหม่นี้ประกอบไปด้วยการครอสโอเวอร์ มี 2 ชนิดคือ การครอสโอเวอร์แบบจุดเดียว และการครอสโอเวอร์แบบหลายจุด การมิวเตชัน มี 3 ชนิดคือ การมิวเตชันแบบจุดสี การมิวเตชันแบบเพิ่มโนด และการมิวเตชันแบบลบโนด แผนผังโครโมโซมดังกล่าวยังสามารถใช้แทนรูปแบบต่าง ๆ โดยไม่ขึ้นอยู่กัขนาด (scale invariant) และไม่ขึ้นกับการวางตัว (orientation invariant) (2) ระบบการจำแนกรูปแบบของรูปภาพ ซึ่งได้ใช้แผนผังโครโมโซมที่เป็นตัวแทนของแต่ละรูปแบบในการจำแนกรูปแบบของรูปภาพอินพุตด้วยอัลกอริทึม GA-SASOM งานวิจัยนี้ได้ทำการพิสูจน์การลู่เข้าหาผลเฉลยของอัลกอริทึม GA-SASOM โดยใช้ระเบียบวิธีความน่าจะเป็นในการพิสูจน์ว่าการอัลกอริทึม GA-SASOM มีคุณสมบัติการลู่เข้าหาคำตอบวงกว้าง ภายใต้ नियาม และทฤษฎีบทต่าง ๆ ผลการพิสูจน์แสดงให้เห็นว่าอัลกอริทึม GA-SASOM นี้มีการลู่เข้าหาผลเฉลยแบบวงกว้าง นอกไปจากนั้นแล้ว

งานวิจัยนี้ได้นำเสนอกรณีศึกษาที่ประยุกต์ใช้อัลกอริทึม GASASOM ในการจำแนกรูปแบบของโรคในใบองุ่นเป็นการทดสอบระบบ โรคใบองุ่นที่นำมาทดสอบนั้นแยกออกเป็น ไม่เป็นโรค โรคอิบูบ โรคราสนิม โรคราน้ำค้าง และโรคราแป้ง ซึ่งแต่ละภาพมีขนาด รูปร่างและลักษณะการวางตัวของใบองุ่นที่แตกต่างกัน อยู่ในสภาวะแสงที่ต่างกัน ผลการทดสอบระบบสามารถจำแนกรูปแบบในส่วนของการระบุว่าใบองุ่นไม่เป็นโรคมีค่าความแม่นยำ 95.23 เปอร์เซ็นต์ การจำแนกรูปแบบว่าเป็นโรคอิบูบ โรคราสนิม โรคราน้ำค้าง และโรคราแป้งมีค่าความแม่นยำ 92.46, 94.35, 91.66 และ 86.11 เปอร์เซ็นต์ตามลำดับ อัลกอริทึมใหม่ที่น่าสนใจนี้ จึงสามารถนำไปประยุกต์ใช้งานจริงได้เป็นอย่างดี



สาขาวิชาวิศวกรรมไฟฟ้า

ปีการศึกษา 2559

ลายมือชื่อนักศึกษา \_\_\_\_\_ *gany*

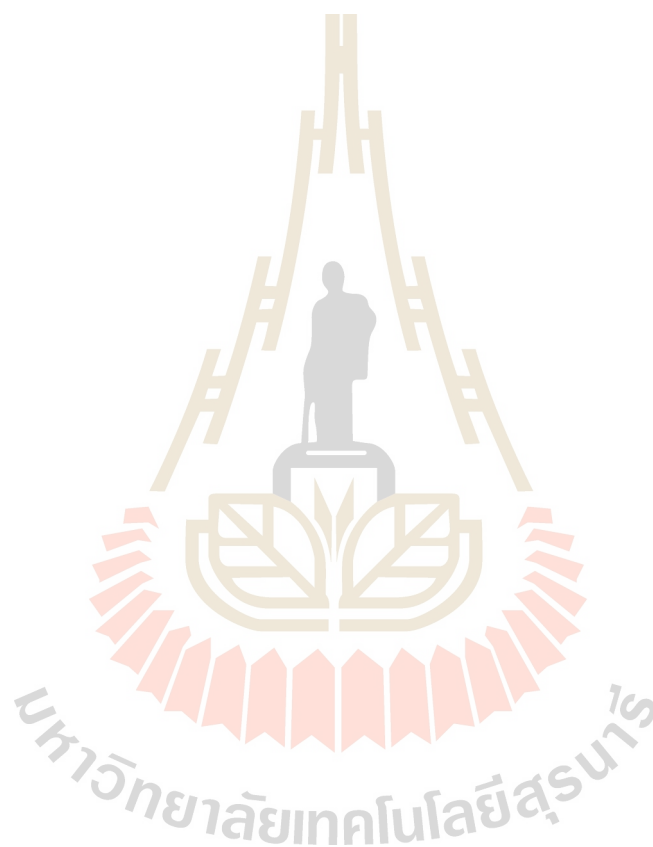
ลายมือชื่ออาจารย์ที่ปรึกษา \_\_\_\_\_ *อนันต์*

CHOMPOO SUPPATOOMSIN : A PATTERN CLASSIFIER BASED ON  
A NOVEL GA-SASOM ALGORITHM : CASE STUDY OF GRAPE LEAF  
DISEASE DIAGNOSIS APPLICATION. THESIS ADVISOR : ASSOC.  
PROF. ARTHIT SRIKEAW, Ph.D., 131 PP.

#### IMAGE CLASSIFICATION/FEATURE EXTRACTION/GENETIC ALGORITHM

Feature extraction and classification algorithms has been one of important topic in the field of computer vision. This work presents a pattern classifier based on a novel GA-SASOM algorithm. The proposed system consists of two main parts: (i) GA-SASOM feature extraction process, which main structure of GA-SASOM is new adapted genetic algorithm (GA) structure which adapts original bit string chromosome of GA to be new chromosome structure. This new chromosome structure is adapted from original node map of structure-adaptive self-organizing maps (SASOM) which each node represents each classified image to be chromosome map which each map represents each classified image pattern. Thus, this work uses chromosome map to be feature extraction model which will evolution to the best feature extraction model of image pattern through new adapted genetic process which consists of 2 crossovers include single crossover and multiple crossover, and 3 mutations include color mutation, addition node mutation and delete node mutation. This chromosome map has scale invariant and orientation invariant properties. (ii) Pattern classification process which uses feature pattern chromosome map to classify image pattern by GA-SASOM algorithm. In order to show the performance of the proposed method, experiments with the grape leaf disease diagnosis from grape leaf image have been applied. These allow the system to sufficiently achieve a desirable grape leaf no disease, scab disease, rust

disease, downy mildew disease and powdery mildew disease have respectively performance up to 95.23%, 92.46%, 94.35%, 91.66% and 86.11% of accuracy for using in the variety of real applications.



School of Electrical Engineering

Academic Year 2016

Student's Signature Jomy

Advisor's Signature [Signature]

## กิตติกรรมประกาศ

วิทยานิพนธ์นี้ดำเนินการสำเร็จลุล่วงด้วยดี ผู้วิจัยขอกราบขอบพระคุณ บุคคลและกลุ่มบุคคลต่าง ๆ ที่ได้กรุณาให้คำปรึกษา แนะนำ ช่วยเหลือ อย่างดียิ่ง ทั้งในด้านวิชาการและการดำเนินงานวิจัย รวมถึงหน่วยงานต่าง ๆ ที่ช่วยอำนวยความสะดวกในการทำงานวิจัย อาทิ

รองศาสตราจารย์ ดร. อาทิตย์ ศรีแก้ว อาจารย์ที่ปรึกษาวิทยานิพนธ์ ที่ได้ให้คำปรึกษา แนะนำและแนะแนวทางอันเป็นประโยชน์ยังต่องานวิจัย รวมถึงได้ช่วยตรวจทานและแก้ไขรายงานวิทยานิพนธ์เล่มนี้จนทำให้มีความสมบูรณ์ยิ่งขึ้น รวมทั้งเป็นกำลังใจให้กับผู้วิจัยเสมอมา

รองศาสตราจารย์ ดร. กิตติ อรรถกิจมงคล ผู้ช่วยศาสตราจารย์ ดร. ประโยชน์ คำสวัสดิ์ และคณาจารย์ประจำสาขาวิชาวิศวกรรมไฟฟ้า สำนักวิชาวิศวกรรมศาสตร์ มหาวิทยาลัยเทคโนโลยีสุรนารีทุกท่าน ที่กรุณาให้คำปรึกษาด้านวิชาการเป็นอย่างดีมาโดยตลอด

ขอขอบคุณอัญชุลี รักด่านกลาง เลขานุการประจำสาขาวิชาวิศวกรรมไฟฟ้า มหาวิทยาลัยเทคโนโลยีสุรนารี ที่อำนวยความสะดวกในการทำงานของข้าพเจ้า

ขอบคุณพี่ ๆ เพื่อน ๆ น้อง ๆ บัณฑิตศึกษาทุกท่าน รวมถึงมิตรสหายที่คอยถามไถ่และให้กำลังใจในการทำวิจัยมาโดยตลอด

ท้ายนี้ผู้วิจัยขอขอบพระคุณอาจารย์ผู้สอนทุกท่าน ที่ประสิทธิ์ประสาทวิชาความรู้ทางด้านต่าง ๆ ทั้งในอดีตและปัจจุบัน ขอกราบขอบพระคุณ คุณทองพูน ทรัพย์ปทุมสิน รวมถึงญาติพี่น้องของผู้วิจัยทุกท่านที่ได้ให้ความรัก กำลังใจ ความอบอุ่น ความหวังใจ การอบรมเลี้ยงดูและให้การสนับสนุนทางด้านการศึกษาอย่างดียิ่งมาโดยตลอด และขอขอบคุณ คุณพัลลภ เสนาคี และเด็กหญิงกัญญาณิศา เสนาคี ที่ได้ให้ความรัก ความหวังใจ ดูแลให้ความช่วยเหลือและความเสียสละทุกอย่าง รวมทั้งเป็นกำลังใจในยามที่ผู้วิจัยท้อและทุกข์ใจช่วยให้มีพลังเข้มแข็งพร้อมเผชิญกับปัญหาอุปสรรคต่าง ๆ จนทำให้ผู้วิจัยประสบความสำเร็จในชีวิตเรื่อยมา

ชมพู่ ทรัพย์ปทุมสิน



# สารบัญ

หน้า

บทคัดย่อ (ภาษาไทย).....	ก
บทคัดย่อ (ภาษาอังกฤษ).....	ค
กิตติกรรมประกาศ.....	จ
สารบัญ.....	ฉ
สารบัญตาราง.....	ญ
สารบัญรูป.....	ฉ
คำอธิบายสัญลักษณ์และคำย่อ.....	ฒ
<b>บทที่</b>	
<b>1 บทนำ</b> .....	<b>1</b>
1.1 ความเป็นมาและความสำคัญของปัญหา.....	1
1.2 วัตถุประสงค์การวิจัย.....	1
1.3 ขีดกลางเบื้องต้น.....	2
1.4 ขอบเขตของการวิจัย.....	2
1.5 ประโยชน์ที่คาดว่าจะได้รับ.....	2
<b>2 ปรัชญาวรรณกรรมและงานวิจัยที่เกี่ยวข้อง</b> .....	<b>3</b>
2.1 กล่าวนำ.....	3
2.2 แบบจำลองสี.....	3
2.2.1 แบบจำลองระดับเทา.....	3
2.2.2 แบบจำลองสี RGB.....	4
2.2.3 แบบจำลองสี HSV.....	5
2.2.4 แบบจำลองสี CIE L*a*b.....	6
2.2.5 แบบจำลองสี CIE L*u*v.....	6
2.2.6 แบบจำลองสี YCbCr.....	7
2.2.7 แบบจำลองสี YIQ.....	8

## สารบัญ (ต่อ)

หน้า

2.3	แผนผังคุณลักษณะการจัดการตนเอง.....	9
2.4	แผนผังคุณลักษณะการจัดการตนเองแบบโครงสร้าง.....	16
2.5	จินเนติกอัลกอริทึม.....	23
2.6	การโปรแกรมจินเนติก.....	25
2.6.1	ตัวแทนโครโมโซม.....	26
2.6.2	ฟังก์ชันค่าความเหมาะสม.....	27
2.6.3	ปฏิบัติการทางสายพันธุ์.....	27
2.7	ปริทัศน์วรรณกรรมและงานวิจัยที่เกี่ยวข้อง.....	32
2.8	สรุป.....	34
<b>3</b>	<b>ระบบการดึงคุณลักษณะเด่นและการจำแนกรูปแบบ.....</b>	<b>35</b>
3.1	กล่าวนำ.....	35
3.2	กระบวนการประมวลผลก่อน.....	35
3.2.1	การปรับระดับสีและแสงภายในภาพแบบอัตโนมัติ.....	36
3.2.2	การแยกส่วนคุณลักษณะสีออกจากพื้นหลัง.....	36
3.2.3	กระบวนการทางรูปร่าง.....	37
3.3	ระบบการดึงคุณลักษณะเด่นและการจำแนกรูปแบบ.....	37
3.3.1	อินพุตของระบบ.....	37
3.3.2	โครงสร้างของแผนผังโครโมโซม.....	39
3.3.3	การสร้างประชากรเริ่มต้น.....	42
3.3.4	การประเมินค่าความเหมาะสม.....	43
3.3.5	กระบวนการทางสายพันธุ์.....	45
3.3.6	กระบวนการจำแนกรูปแบบ.....	47
3.4	การพิสูจน์การรู้เข้าหาผลเฉลยของ GA-SASOM.....	53
3.5	สรุป.....	59

## สารบัญ (ต่อ)

หน้า

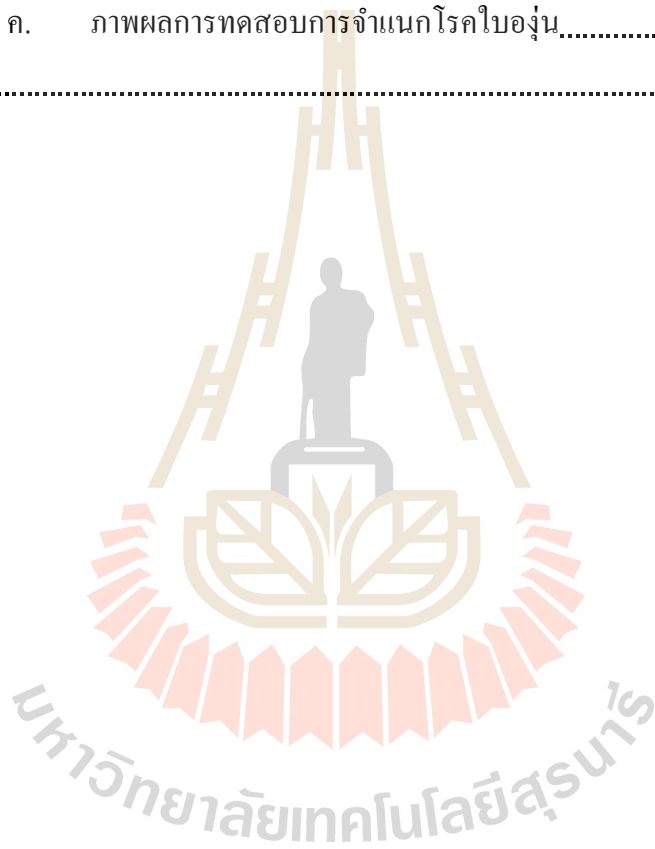
<b>4</b>	<b>กรณีศึกษาการประยุกต์ใช้งานระบบการจำแนกโรคใบองุ่น.....</b>	<b>62</b>
4.1	กล่าวนำ.....	62
4.2	ลักษณะอาการของโรคใบองุ่น.....	62
4.3	กระบวนการประมวลผลก่อนสำหรับการจำแนกโรคใบองุ่น.....	64
4.4	กระบวนการจำแนกโรคใบองุ่นด้วยอัลกอริทึม GA-SASOM.....	67
4.5	คุณสมบัติของแผนผังรูปแบบของอัลกอริทึม GA-SASOM.....	75
4.5.1	คุณสมบัติการเลื่อนแกน.....	75
4.5.2	คุณสมบัติการย่อขยาย.....	76
4.5.3	คุณสมบัติการหมุนได้.....	76
4.6	ตัวอย่างผลการทดสอบการจำแนกโรคใบองุ่นด้วยอัลกอริทึม GA-SASOM.....	78
4.7	สรุป.....	81
<b>5</b>	<b>ผลการทดสอบและวิเคราะห์ระบบการจำแนกรูปแบบ.....</b>	<b>82</b>
5.1	กล่าวนำ.....	82
5.2	พารามิเตอร์ของประสิทธิภาพของระบบ.....	82
5.3	ผลการทดสอบประสิทธิภาพของระบบ.....	83
5.4	ผลการทดสอบผลของพารามิเตอร์ของอัลกอริทึม GA-SASOM.....	88
5.5	ผลการทดสอบการคู่เข้าของอัลกอริทึม GA-SASOM.....	98
5.6	การเปรียบเทียบผลการทดสอบระบบกับอัลกอริทึมอื่น ๆ.....	100
5.7	สรุป.....	102
<b>6</b>	<b>สรุปงานวิจัย องค์ความรู้ทางวิชาการ และข้อเสนอแนะ.....</b>	<b>105</b>
6.1	สรุปงานวิจัย.....	105
6.2	องค์ความรู้ทางวิชาการ.....	110
6.3	ข้อเสนอแนะ.....	112
	รายงานอ้างอิง.....	113

## สารบัญ (ต่อ)

หน้า

ภาคผนวก

ภาคผนวก ก.	ภาพต้นแบบที่เป็นสีไวบองุ่นและสีจุดโรคที่ใช้ในการฝึกสอน โครงข่ายประสาทเทียมแบบแพร่กลับ.....	117
ภาคผนวก ข.	ภาพต้นแบบจุดโรคไวบองุ่นที่ใช้ฝึกสอนระบบ.....	119
ภาคผนวก ค.	ภาพผลการทดสอบการจำแนกโรคไวบองุ่น.....	123
ประวัติผู้เขียน.....		131



## สารบัญตาราง

ตารางที่	หน้า
5.1 ประสิทธิภาพของระบบ.....	84
5.2 confusion matrix ของระบบการจำแนกรูปแบบโดยใช้อัลกอริทึม GA-SASOM.....	87
5.3 ผลการทดสอบการจำแนกรูปแบบโดยใช้จำนวนโครโมโซม 50 โครโมโซม จำนวนรอบสูงสุดเท่ากับ 50 รอบ.....	89
5.4 ผลการทดสอบการจำแนกรูปแบบโดยใช้จำนวนโครโมโซม 100 โครโมโซม จำนวนรอบสูงสุดเท่ากับ 50 รอบ.....	90
5.5 ผลการทดสอบการจำแนกรูปแบบโดยใช้จำนวนโครโมโซม 200 โครโมโซม จำนวนรอบสูงสุดเท่ากับ 50 รอบ.....	91
5.6 ผลการทดสอบการจำแนกรูปแบบโดยใช้จำนวนโครโมโซม 50 โครโมโซม จำนวนรอบสูงสุดเท่ากับ 100 รอบ.....	92
5.7 ผลการทดสอบการจำแนกรูปแบบโดยใช้จำนวนโครโมโซม 100 โครโมโซม จำนวนรอบสูงสุดเท่ากับ 100 รอบ.....	93
5.8 ผลการทดสอบการจำแนกรูปแบบโดยใช้จำนวนโครโมโซม 200 โครโมโซม จำนวนรอบสูงสุดเท่ากับ 100 รอบ.....	94
5.9 ผลการทดสอบการจำแนกรูปแบบโดยใช้จำนวนโครโมโซม 50 โครโมโซม จำนวนรอบสูงสุดเท่ากับ 200 รอบ.....	95
5.10 ผลการทดสอบการจำแนกรูปแบบโดยใช้จำนวนโครโมโซม 100 โครโมโซม จำนวนรอบสูงสุดเท่ากับ 200 รอบ.....	96
5.11 ผลการทดสอบการจำแนกรูปแบบโดยใช้จำนวนโครโมโซม 200 โครโมโซม จำนวนรอบสูงสุดเท่ากับ 200 รอบ.....	97
5.12 การเปรียบเทียบผลการทดสอบอัตราการเรียนรู้แบบที่ถูกต้อง.....	101

## สารบัญรูป

รูปที่	หน้า
2.1	คำระดับเทา .....4
2.2	ลูกบาศก์ของแบบจำลองภาพสี RGB .....4
2.3	กรวยของแบบจำลองภาพสี HSV .....5
2.4	ตัวอย่างของการกำหนดครีสมิของ โนดข้างเคียง .....10
2.5	การปรับตัวของน้ำหนักประสาทเพื่อใช้แทนกลุ่มข้อมูลแต่ละกลุ่ม .....10
2.6	ไบนารีทรีของการจัดกลุ่มสี .....14
2.7	โครงข่ายประสาทเทียมแบบ SOM .....15
2.8	แผนผังของ SASOM ตัวเลขในวงกลมแสดงประเภทที่สัมพันธ์กับแต่ละ โนด .....17
2.9	การแบ่ง โนดของ SASOM .....18
2.10	โครงสร้างของแผนผังที่เปลี่ยนไปตามรอบของการฝึกสอน .....18
2.11	โครงข่ายประสาทเทียมแบบหลายโครงข่าย .....19
2.12	โครงสร้างของโครงข่ายที่ใช้ในกระบวนการค้นหาข้อมูลที่มีประโยชน์จากเว็บ .....21
2.13	ตัวอย่างการแบ่ง โนด .....21
2.14	อัลกอริทึมของ SASOM .....22
2.15	ขั้นตอนทั่วไปของ GA กับการเชื่อมโยงเข้ากับระบบ .....25
2.16	โครโมโซมโปรแกรม .....26
2.17	แผนผังการทำงานของ GP .....29
2.18	แผนผังการทำงานของระบบการจัดกลุ่มแบบ GCUK .....31
3.1	แผนผังการทำงานของกระบวนการประมวลผลก่อน .....35
3.2	แผนภาพแสดงรายละเอียดของการดึงคุณลักษณะเด่นของอัลกอริทึม GA-SASOM .....38
3.3	ตัวอย่างจุดอ้างอิงของแผนผังโครโมโซม .....40
3.4	โครงสร้างของแผนผังโครโมโซม .....41
3.5	ตัวอย่างการสุ่มค่าจำนวน จุดสี และตำแหน่งของแต่ละ โนดในแผนผังโครโมโซม .....42
3.6	ตัวอย่างการสุ่มตัวเลขที่แทนค่าของ โนดหลัก .....42
3.7	ตัวอย่างของการสุ่มขนาดของ โนดย่อย .....43

## สารบัญรูป (ต่อ)

รูปที่	หน้า
3.8 ตัวอย่างของการเทียบตำแหน่งของแผนผังโครโมโซมกับคุณลักษณะสีอินพุต .....	43
3.9 ตัวอย่างกระบวนการครอสโอเวอร์ .....	46
3.10 ตัวอย่างกระบวนการทำมิวเตชันแบบต่าง ๆ .....	47
3.11 โครงสร้างการทำงานของระบบการจำแนกรูปแบบของอัลกอริทึม GA-SASOM .....	48
3.12 โครงสร้างการทำงานของระบบการฝึกสอนแผนผังโครโมโซม .....	49
4.1 ลักษณะปกติของใบองุ่นที่ไม่เป็นโรค .....	62
4.2 ลักษณะอาการของโรคอีบูนในใบองุ่น .....	63
4.3 อาการของโรคราสนิมในใบองุ่น .....	63
4.4 อาการของโรคราน้ำค้างในใบองุ่น .....	63
4.5 อาการของโรคราแป้งขาวบนใบองุ่น .....	64
4.6 ตัวอย่างภาพใบองุ่นก่อนและหลังการปรับระดับสีและแสงภายในภาพแบบอัตโนมัติ .....	65
4.7 รูปคู่อินพุตและเป้าหมายที่ป้อนให้กับโครงข่ายประสาทเทียม .....	66
4.8 ตัวอย่างผลการแยกส่วนจุดโรคของใบองุ่นออกจากภาพพื้นหลังก่อนและหลังการทำ กระบวนการทางรูปร่าง .....	67
4.9 ตัวอย่างแผนผังโครโมโซมในการกำเนิดประชากรประชากรเริ่มต้น .....	68
4.10 ตัวอย่างผลการทดสอบการครอสโอเวอร์แบบจุดเดียว .....	69
4.11 ตัวอย่างผลการทดสอบการครอสโอเวอร์แบบหลายจุด .....	69
4.12 ตัวอย่างผลการทดสอบการมิวเตชันแบบจุดสี .....	70
4.13 ตัวอย่างผลการทดสอบการมิวเตชันแบบการลดโนด .....	70
4.14 ตัวอย่างผลการทดสอบการมิวเตชันแบบการเพิ่มโนด .....	71
4.15 ตัวอย่างแผนผังโครโมโซมที่มีค่าความเหมาะสมมากที่สุดของโรคอีบูน .....	71
4.16 ตัวอย่างแผนผังโครโมโซมที่มีค่าความเหมาะสมมากที่สุดของโรคราน้ำค้าง .....	72
4.17 ตัวอย่างแผนผังโครโมโซมที่มีค่าความเหมาะสมมากที่สุดของโรคราสนิม .....	72
4.18 ตัวอย่างแผนผังโครโมโซมที่มีค่าความเหมาะสมมากที่สุดของโรคราแป้ง .....	72
4.19 ตัวอย่างรูปภาพอินพุตที่นำมาทำเป็นแผนผังแม่แบบของโรคอีบูน .....	73
4.20 ตัวอย่างรูปภาพอินพุตที่นำมาทำเป็นแผนผังแม่แบบของโรคราสนิม .....	73

## สารบัญรูป (ต่อ)

รูปที่	หน้า
4.21 ตัวอย่างรูปภาพอินพุตที่นำมาทำเป็นแผนผังแม่แบบของโรคราแป้ง .....	74
4.22 ตัวอย่างรูปภาพอินพุตที่นำมาทำเป็นแผนผังแม่แบบของโรคราน้ำค้าง .....	74
4.23 แสดงคุณสมบัติการเลื่อนแกนของแผนผังรูปแบบ.....	75
4.24 ตัวอย่างผลการจำแนกรูปแบบของจุดโรคที่อยู่ตำแหน่งต่างกัน.....	75
4.25 การทดสอบคุณสมบัติการย่อขยายของแผนผังรูปแบบ.....	76
4.26 ตัวอย่างผลการทดสอบระบบการจำแนกรูปแบบของรูปภาพที่มีขนาดจุดโรคต่างกัน.....	76
4.27 การทดสอบคุณสมบัติการหมุนได้ของแผนผังรูปแบบ.....	77
4.28 ตัวอย่างผลการทดสอบการจำแนกรูปแบบของจุดโรคที่มีมุมการหมุนต่างกัน.....	77
4.29 ตัวอย่างผลการจำแนกรูปแบบใบองุ่นที่เป็นโรคอิบูบ.....	78
4.30 ตัวอย่างผลการจำแนกรูปแบบใบองุ่นที่เป็นโรคราสนิม.....	79
4.31 ตัวอย่างผลการจำแนกรูปแบบใบองุ่นที่เป็นโรคราน้ำค้าง.....	80
4.32 ตัวอย่างผลการจำแนกรูปแบบใบองุ่นที่เป็นโรคราแป้ง.....	81
5.1 ความสัมพันธ์ของรูปแบบที่จำแนกได้ถูกต้องของจุดโรคอิบูบ.....	85
5.2 ความสัมพันธ์ของรูปแบบที่จำแนกได้ถูกต้องของจุดโรคราสนิม.....	85
5.3 ความสัมพันธ์ของรูปแบบที่จำแนกได้ถูกต้องของจุดโรคราน้ำค้าง.....	86
5.4 ความสัมพันธ์ของรูปแบบที่จำแนกได้ถูกต้องของจุดโรคราแป้ง.....	86
5.5 กราฟ ROC เมื่อจำนวนโครโมโซม 50 โครโมโซม จำนวนรอบสูงสุด 50 รอบ.....	89
5.6 กราฟ ROC เมื่อจำนวนโครโมโซม 100 โครโมโซม จำนวนรอบสูงสุด 50 รอบ.....	90
5.7 กราฟ ROC เมื่อจำนวนโครโมโซม 200 โครโมโซม จำนวนรอบสูงสุด 50 รอบ.....	91
5.8 กราฟ ROC เมื่อจำนวนโครโมโซม 50 โครโมโซม จำนวนรอบสูงสุด 100 รอบ.....	92
5.9 กราฟ ROC เมื่อจำนวนโครโมโซม 100 โครโมโซม จำนวนรอบสูงสุด 100 รอบ.....	93
5.10 กราฟ ROC เมื่อจำนวนโครโมโซม 200 โครโมโซม จำนวนรอบสูงสุด 100 รอบ.....	94
5.11 กราฟ ROC เมื่อจำนวนโครโมโซม 50 โครโมโซม จำนวนรอบสูงสุด 200 รอบ.....	95
5.12 กราฟ ROC เมื่อจำนวนโครโมโซม 100 โครโมโซม จำนวนรอบสูงสุด 200 รอบ.....	96
5.13 กราฟ ROC เมื่อจำนวนโครโมโซม 200 โครโมโซม จำนวนรอบสูงสุด 200 รอบ.....	97
5.14 กราฟแสดงค่าความเหมือนของแผนผังโครโมโซมเทียบกับอินพุตของจุดโรคอิบูบ.....	98



## สารบัญรูป (ต่อ)

รูปที่	หน้า
5.15	กราฟแสดงค่าความเหมือนของแผนผังโครโมโซมเทียบกับอินพุตของจุดโรคราสนิม.....99
5.16	กราฟแสดงค่าความเหมือนของแผนผังโครโมโซมเทียบกับอินพุตของจุดโรคราน้ำค้าง....99
5.17	กราฟแสดงค่าความเหมือนของแผนผังโครโมโซมเทียบกับอินพุตของจุดโรคราแป้ง ..... 100
6.1	แผนผังโนดแบบดั้งเดิมและแผนผังโนดที่ใช้แทนคุณลักษณะเด่นของรูปแบบ .....110
6.2	โครโมโซมแบบดั้งเดิมและแผนผังโครโมโซมของอัลกอริทึม GA-SASOM .....111
ก. 1	ภาพสีไบอูงุ่นที่ใช้ในการฝึกสอนโครงข่ายประสาทเทียมแบบแพร่กลับ..... 118
ก. 2	ภาพสีจุดโรคที่ใช้ในการฝึกสอนโครงข่ายประสาทเทียมแบบแพร่กลับ.....118
ข. 1	ภาพจุดโรคอินบูบที่ใช้ในการฝึกสอนระบบ.....120
ข. 2	ภาพจุดโรคราสนิมที่ใช้ในการฝึกสอนระบบ..... 120
ข. 3	ภาพจุดโรคราน้ำค้างที่ใช้ในการฝึกสอนระบบ.....121
ข. 4	ภาพจุดโรคราแป้งที่ใช้ในการฝึกสอนระบบ..... 121
ค. 1	ภาพผลการทดสอบระบบ.....123

## คำอธิบายสัญลักษณ์และคำย่อ

$a^*$	คือ	ระดับของสีจากสีเขียวไปถึงสีแดง
$A_{ud,l}$	คือ	พื้นที่ที่อยู่นอกเขตของแผนผังโครโมโซม
$b^*$	คือ	ระดับของสีจากสีน้ำเงินไปถึงสีเหลือง
$b_k$	คือ	ค่าจุดสีน้ำเงินที่ผ่านการทำให้เป็นมาตรฐานเดียวกันแล้ว
$B$	คือ	องค์ประกอบสีน้ำเงิน
$c$	คือ	โนดผู้ชนะ
$col_{max}$	คือ	ค่าหลักที่มากที่สุดของคุณลักษณะสีอินพุต
$col_{min}$	คือ	ค่าหลักที่น้อยที่สุดของคุณลักษณะสีอินพุต
$col_{ratio}$	คือ	ค่าอัตราส่วนการทำให้เป็นมาตรฐานเดียวกันของหลัก
$C_{p,l}$	คือ	สีของโนด
$C_{sim,l}$	คือ	ค่าความแตกต่างของคุณลักษณะสีอินพุต
$C_b$	คือ	ค่าความอึมตัวสีขององค์ประกอบสีน้ำเงิน
$CIE$	คือ	Commission International de l'Eclairage
$CMap_l$	คือ	แผนผังโครโมโซมลำดับที่ $l$
$Cr$	คือ	ค่าความอึมตัวสีขององค์ประกอบสีแดง
$d_i$	คือ	ระยะทางระหว่างจุดอ้างอิงและจุดศูนย์กลางโนด
$d_j$	คือ	ระยะทางแบบยุคลิด
$DB_j$	คือ	ค่าความเหมาะสม
$err_{j,n}$	คือ	ผลรวมของค่าความผิดพลาดของรูปภาพทั้งหมด
$f(x,y)$	คือ	ภาพระดับเทา
$f_{i,j}$	คือ	ฟังก์ชันตรวจจับ
$fc_k$	คือ	คุณลักษณะสีที่แยกส่วนแล้วที่จุดสีที่ $k$
$F_l$	คือ	ค่าเฉลี่ยระหว่างค่าความแม่นยำของระบบกับค่าการจำแนกรูปแบบที่ถูกต้อง
$FC$	คือ	รูปแบบของคุณลักษณะสีอินพุตที่แยกส่วนแล้ว
$Fit_l$	คือ	ค่าความเหมาะสมของโครโมโซม

## คำอธิบายสัญลักษณ์และคำย่อ (ต่อ)

$FN$	คือ	สถานะจริงเป็นรูปแบบแต่จำแนกได้ว่าไม่เป็นรูปแบบ
$FP$	คือ	สถานะจริงไม่เป็นตามรูปแบบที่จำแนกได้
$g_k$	คือ	ค่าจุดสีเขียวที่ผ่านการทำให้เป็นมาตรฐานเดียวกันแล้ว
$G$	คือ	องค์ประกอบสีเขียว
$h_{ci}(t)$	คือ	ฟังก์ชันข้างเคียงที่อยู่รอบ ๆ โหนดผู้ชนะ
$hit\_ratio_i$	คือ	ค่าอัตราส่วนการชน
$H$	คือ	ค่าสีส้ม
$HSV$	คือ	แบบจำลองภาพสีเอชเอสวี
$i(x, y)$	คือ	องค์ประกอบความสว่าง
$I$	คือ	ระดับความเข้มของแสงสว่าง
$I(n)$	คือ	ข้อมูลภาพระดับเทาของแต่ละระนาบปริภูมิสี YIQ
$j_c$	คือ	โหนดผู้ชนะ
$k$	คือ	กลุ่มย่อย
$l$	คือ	ค่าระดับเทา
$L^*$	คือ	ระดับความเข้มของแสงสว่าง
$L$	คือ	ขนาดของกลุ่มประชากร
$[L_{min}, L_{max}]$	คือ	สเกลระดับเทา
$M$	คือ	ขนาดของเวกเตอร์อินพุต
$n$	คือ	จำนวนรอบ
$N$	คือ	ขนาดของเวกเตอร์เอาต์พุต
$N_c(t)$	คือ	รัศมีของโนดข้างเคียง
$NV_l$	คือ	จำนวนของโนดในแผนผังโครโมโซม
$Node_{minor,l}$	คือ	เซตของโนดย่อยทั้งหมดในแผนผังโครโมโซมลำดับที่ $l$
$Node_{pri,l}$	คือ	เซตของโนดหลักทั้งหมดในแผนผังโครโมโซมลำดับที่ $l$
$NP_l$	คือ	จำนวนของโนดหลักในแผนผังโครโมโซม
$NS_j$	คือ	ขนาดรัศมีของโนดย่อย
$NS_l$	คือ	จำนวนของโนดย่อยในแผนผังโครโมโซม

## คำอธิบายสัญลักษณ์และคำย่อ (ต่อ)

$NS_{y,max}$	คือ	รัศมีของโนดที่มีค่าแฉวมมากที่สุดใแผนผ้งโครโมโซม
$NS_{y,min}$	คือ	รัศมีของโนดที่มีค่าแฉวน้อยสุดใแผนผ้งโครโมโซม
$p_i$	คือ	จุดศูนย์กลางของโนดหลัก
$p_{y,max}$	คือ	ตำแหน่งของคู่อันดับ $y$ ของโนดที่มีค่าแฉวมมากที่สุดใแผนผ้งโครโมโซม
$p_{y,min}$	คือ	ตำแหน่งของคู่อันดับ $y$ ของโนดที่มีค่าแฉวน้อยที่สุดใแผนผ้งโครโมโซม
$P(c_j n_i)$	คือ	ตัวบ่งชี้ค่าสัดส่วนของตัวอย่างที่ถูกทำเครื่องหมาย
$\mathbf{P}(n)$	คือ	ประชากรรุ่น $n$
$P_{p,l}$	คือ	ตำแหน่งของโนด
$PRE$	คือ	ค่าประสิทธิภาพใการจำแนกรูปแบบของระบบใด้ตรงกับรูปแบบจริง
$Q$	คือ	ค่าความอึมตัวลี
$R$	คือ	องค์ประกอบสีแดง
$RGB$	คือ	แบบจำลองภาพสีอาร์จีบี
$r(x, y)$	คือ	องค์ประกอบการสะท้อนของแสง
$r_k$	คือ	ค่าจุดสีแดงที่ผ่านการทำให้เป็นมาตรฐานเดียวกันแล้ว
$rc_k$	คือ	คู่อันดับของแฉวและหลักของจุดสีที่ $k$
$row_{max}$	คือ	ค่าแฉวที่มากที่สุดของคุณลักษณะสีอินพุต
$row_{min}$	คือ	ค่าแฉวที่น้อยที่สุดของคุณลักษณะสีอินพุต
$row_{ratio}$	คือ	ค่าอัตราส่วนการทำให้เป็นมาตรฐานเดียวกันของแฉว
$REC$	คือ	ค่าประสิทธิภาพของกรจำแนกรูปแบบที่ถูกต้อง
$S$	คือ	ความอึมตัวลี
$\mathbf{S}$	คือ	ปริภูมิการค้นหา
$S_{m,l}$	คือ	ขนาดของโนด
$Sim_t$	คือ	ค่าความเหมือนของแผนผ้งแม่แบบกับแผนผ้งโครโมโซม
$t$	คือ	เวลา
$t_{bg}$	คือ	เป้าหมายของพื้นหลัง
$t_{fc}$	คือ	เป้าหมายของคุณลักษณะสี
$T$	คือ	จุดเริ่มเปลี่ยน

### คำอธิบายสัญลักษณ์และคำย่อ (ต่อ)

$T_c$	คือ	กระบวนการคอรัส โอเวอร์
$T_e$	คือ	กระบวนการคัดเลือกคำตอบที่เหมาะสมที่สุด
$T_m$	คือ	กระบวนการมิวเทชัน
$T_s$	คือ	กระบวนการคัดเลือก
$TMap_1$	คือ	แผนผังแม่แบบ
$TP$	คือ	สถานะจริงเป็นรูปแบบที่จำแนกและจำแนกได้ตามจริง
$TSP_1$	คือ	เซตของจุดตัวอย่างของแผนผังแม่แบบ
$u^*$	คือ	ระดับสี
$v^*$	คือ	ระดับสี
$V$	คือ	ค่าที่ใช้บอกระดับความสว่างของภาพ
$w_{cl}$	คือ	แผนผังน้ำหนักประสาท
$w_{iw}$	คือ	โนดผู้ชนะ
$w_j$	คือ	เวกเตอร์น้ำหนักประสาท
$WSP$	คือ	เซตของจุดตัวอย่างของแผนผังน้ำหนักประสาท
$x$	คือ	เวกเตอร์อินพุต
$X_{bg}$	คือ	อินพุตของภาพพื้นหลัง
$X_{fc}$	คือ	อินพุตของคุณลักษณะสี
$Y$	คือ	ระดับความเข้มของแสงสว่าง
$Y_1^k$	คือ	โครโมโซมพ่อแม่
$Y_i'(n+1)$	คือ	โครโมโซมลูกหลาน
$\Lambda(i_w)$	คือ	ฟังก์ชันในการระบุ โหนดข้างเคียงของ โหนดผู้ชนะ
$\alpha$	คือ	ค่าคงที่การเรียนรู้
$\beta(t)$	คือ	ฟังก์ชันของ โหนดข้างเคียง
$\delta$	คือ	ค่าเกณฑ์ของความเหมือน
$\theta_i$	คือ	มุมระหว่างจุดอ้างอิงกับจุดศูนย์กลางของ โหนด
$\theta_{l,best}$	คือ	มุมการหมุนที่ดีที่สุดของแผนผังแม่แบบ

## คำอธิบายสัญลักษณ์และคำย่อ (ต่อ)

$\mu_c$	คือ	ค่าอัตราส่วนการคอรัสโอเวอร์
$\mu_{im}$	คือ	ค่าเฉลี่ยของข้อมูลภาพที่ต้องการปรับระดับสีและความสว่าง
$\mu_m$	คือ	ค่าอัตราส่วนการมีเวชัน
$\mu_{tar}$	คือ	ค่าเฉลี่ยของข้อมูลภาพอ้างอิงและภาพระดับเทา



# บทที่ 1

## บทนำ

### 1.1 ความเป็นมาและความสำคัญของปัญหา

การประมวลผลภาพ (image processing) เป็นเทคโนโลยีที่มีการขยายตัวและมีการเปลี่ยนแปลงตลอดเวลา ซึ่งเป็นเทคโนโลยีที่ได้เข้ามามีบทบาทในชีวิตประจำวันของเรามากขึ้น เช่น ทางด้าน วงการแพทย์ การสำรวจอวกาศ (space exploration) การตรวจตรา (surveillance) อุตสาหกรรมการตรวจสอบแบบอัตโนมัติ (automated industry inspection) และทางด้านอื่น ๆ อีกมากมาย อัลกอริทึมของการประมวลผลภาพส่วนใหญ่มีพื้นฐานอยู่บนคุณลักษณะสำคัญของภาพ (local image features) ซึ่งจำเป็นต้องใช้จุดภาพ (pixels) จำนวนมากให้เป็นอินพุตของระบบในการคำนวณ การเพิ่มขึ้นอย่างรวดเร็วของเทคโนโลยีทางคอมพิวเตอร์ในทศวรรษที่ผ่านมาได้ทำให้เกิดเทคโนโลยีการประมวลผลภาพขึ้นเป็นจำนวนมาก

การจำแนกรูปแบบของภาพ (image classification) เป็นปัญหาที่สำคัญปัญหาหนึ่งของเทคโนโลยีการประมวลผลภาพ เพราะเป็นกระบวนการที่ซับซ้อนซึ่งได้รับผลกระทบจากหลายปัจจัย จุดประสงค์หลักของการจำแนกประเภทของภาพคือการคัดแยกจุดภาพทั้งหมดในภาพให้กลายเป็นหมวดหมู่ใด หมวดหมู่หนึ่งของหลาย ๆ หมวดหมู่ในภาพ โดยที่จุดภาพที่จัดหมวดหมู่แล้วนี้ จะมีการนำไปใช้ในการหาใจความสำคัญของภาพ เช่น การคัดแยกวัตถุในภาพ (object classification) การแยกส่วนภาพ (image segmentation) เป็นต้น

สำหรับงานวิจัยนี้นำเสนอการสร้างตัวจำแนกรูปแบบของรูปภาพโดยได้ประยุกต์รวมโครงสร้างของโครงข่ายประสาทเทียมชนิดแผนผังคุณลักษณะการจัดการตัวเองแบบโครงสร้างปรับค่าได้ (Structure Self-Organizing Feature Map) กับจินเนติกอัลกอริทึม (Genetic Algorithm) ซึ่งทำให้ได้โครงสร้างใหม่ที่สามารถคัดแยกภาพได้อย่างอัตโนมัติ เพื่อนำไปประยุกต์ใช้ในงานด้านการจดจำภาพ (pattern recognition) โดยมีกรณีศึกษาเป็นการแยกประเภทของโรคจากภาพใบองุ่น

### 1.2 วัตถุประสงค์การวิจัย

1.2.1 เพื่อพัฒนาอัลกอริทึมใหม่ในการจำแนกรูปแบบภาพอย่างอัตโนมัติในหลายมิติ

1.2.2 สามารถนำอัลกอริทึมที่ได้ ไปประยุกต์ใช้ในงานด้านการจดจำภาพ

### 1.3 ข้อตกลงเบื้องต้น

1.3.1 พัฒนาอัลกอริทึมด้วยโปรแกรม MATLAB

### 1.4 ขอบเขตของงานวิจัย

1.4.1 สร้างอัลกอริทึมใหม่ในการจำแนกรูปภาพภาพอย่างอัตโนมัติในหลายมิติ

1.4.2 ทำการพิสูจน์การรู้เข้าของอัลกอริทึม

1.4.3 นำอัลกอริทึมที่ได้ ไปประยุกต์ใช้ในงานด้านการจำแนกรูปแบบของภาพ กรณีศึกษา การจำแนกประเภทของโรคใบอ่อนจากภาพถ่ายใบอ่อน โดยจะวินิจฉัยโรคของใบอ่อนทั้งหมด 5 ประเภทประกอบด้วยโรคอีบูน โรคราสนิม โรคราน้ำค้าง โรคราแป้งขาว และไม่เป็นโรค

### 1.5 ประโยชน์ที่คาดว่าจะได้รับ

1.5.1 เพื่อเป็นระบบต้นแบบในการจำแนกรูปภาพอย่างอัตโนมัติในหลายมิติ

1.5.2 เพื่อนำไปใช้เป็นระบบการวินิจฉัยโรคใบอ่อนจากภาพสีแบบอัตโนมัติ

1.5.3 เพื่อเป็นแนวทางในการประยุกต์ใช้เป็นระบบกลไกกรรมแบบชาญฉลาด (intelligence farming system) สำหรับช่วยเหลือเกษตรกร อาทิเช่น เป็นระบบเตือนภัยในการป้องกันและกำจัดโรคแมลง ศัตรูพืชหรือเป็นระบบเก็บเกี่ยวผลผลิตทางการเกษตร เพื่อลดต้นทุนในการใช้จ่ายให้น้อยลง เป็นต้น



## บทที่ 2

### ปริทัศน์วรรณกรรมและงานวิจัยที่เกี่ยวข้อง

#### 2.1 กล่าวนำ

เนื้อหาในบทนี้ได้กล่าวถึงทฤษฎีที่เกี่ยวข้องกับการประมวลผลภาพ การแบ่งกลุ่มข้อมูล การจำแนกประเภทข้อมูลและการหาคำตอบที่เหมาะสมที่สุด ซึ่งเป็นวิธีการที่วิทยานิพนธ์นี้ใช้สำหรับสร้างอัลกอริทึมในการคัดแยกภาพ นอกจากนี้ยังได้ทำการสำรวจปริทัศน์วรรณกรรมและงานวิจัยที่เกี่ยวข้องเพื่อให้ทราบถึงแนวทางการวิจัย ระเบียบวิธีการที่เคยมีการใช้งานมาก่อน ผลการดำเนินงาน ข้อเสนอแนะต่าง ๆ จากงานวิจัยตั้งแต่อดีตเป็นต้นมาซึ่งจากผลการสำรวจสืบค้นงานวิจัยดังกล่าวสามารถใช้เป็นแนวทางสำหรับการประยุกต์และพัฒนาเข้ากับการพัฒนาอัลกอริทึมการคัดแยกภาพ

#### 2.2 แบบจำลองสี (Color model)

แบบจำลองสีของภาพ หมายถึง แบบจำลองทางคณิตศาสตร์ (mathematical model) ที่อธิบายถึงเทคนิคการผสมสีที่สามารถแสดงออกมาเป็นลำดับของตัวเลข เพื่อแสดงออกมาทางจอภาพ แบบจำลองสีของภาพมีหลายชนิดดังนี้

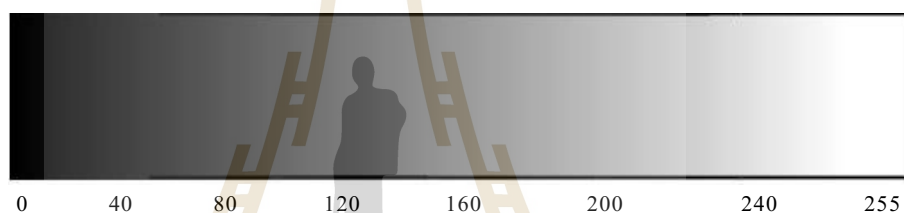
**2.2.1 แบบจำลองภาพระดับเทา (Gray scale model)** ภาพระดับเทาสามารถเขียนแทนด้วย  $f(x,y)$  โดยที่ขนาดของ  $f$  ที่ตำแหน่ง  $(x,y)$  คือค่าความเข้มของภาพที่จุดนั้น ๆ โดยที่ค่า  $f(x,y)$  จะต้องไม่เป็นศูนย์และมีค่าจำกัด ซึ่งสามารถแยกองค์ประกอบได้เป็น 2 ส่วน คือ องค์ประกอบความสว่าง (illumination component :  $i(x,y)$ ) และองค์ประกอบการสะท้อนของแสง (reflectance component :  $r(x,y)$ ) โดยที่  $f(x,y)$  เกิดจากการคูณกันขององค์ประกอบทั้งสองดังสมการที่ 2.1

$$f(x,y) = i(x,y) \cdot r(x,y) \quad (2.1)$$

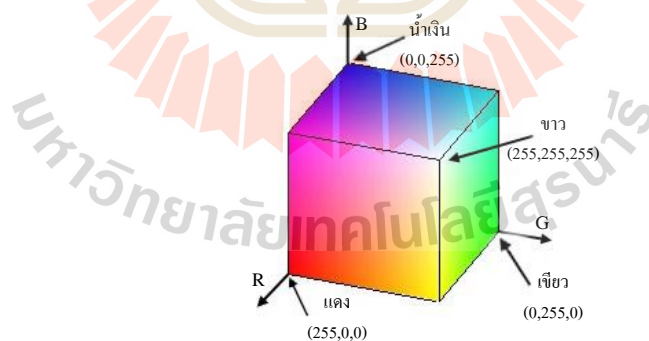
โดยที่  $i(x,y)$  จะต้องมีค่ามากกว่าศูนย์และมีค่าจำกัด ส่วน  $r(x,y)$  จะต้องมีค่ามากกว่าศูนย์และน้อยกว่าหนึ่ง ภาพ  $f$  เป็นภาพที่มีเจดสีเดียว ดังนั้นความเข้มของ  $f$  ที่ตำแหน่ง  $(x, y)$  เรียกว่าระดับเทา (gray level :  $l$ ) ของภาพในตำแหน่งนั้น โดยที่ระดับเทาจะอยู่ในช่วง

$$L_{\min} \leq l \leq L_{\max} \quad (2.2)$$

เรียกช่วง  $[L_{\min}, L_{\max}]$  ว่าสเกลระดับเทา (gray scale) โดยปกติจะเลื่อนช่วงนี้ให้มีค่าเป็น  $[0, L]$  โดยที่  $l$  เป็นศูนย์ คือจุดภาพที่มีสีดำ และที่  $l$  เท่ากับ 255 คือจุดภาพที่มีสีขาว ส่วนจุดภาพที่มีค่า  $l$  ระหว่างนี้จะแสดงระดับสีของสีเทาแสดงดังรูปที่ 2.1



รูปที่ 2.1 ค่าระดับเทา



รูปที่ 2.2 ลูกบาศก์ของแบบจำลองภาพสี RGB (The MathWorks, 2004)

**2.2.2 แบบจำลองภาพสี RGB** เป็นแบบจำลองที่ประกอบไปด้วยองค์ประกอบสเปกตรัมของ 3 แม่สีปฐมภูมิ (primary spectral components) ได้แก่ สีแดง (red : R) สีเขียว (green : G) และสีน้ำเงิน (blue : B) ซึ่งแต่ละสีอยู่บนระนาบภาพ (image planes) ที่เป็นอิสระต่อกันบนพื้นฐานของระบบพิกัดคาร์ทีเซียนดังแสดงในรูปที่ 2.2 กล้องสีส่วนมากที่ใช้ในการรับภาพดิจิทัล นิยมใช้

แบบจำลองภาพสี RGB เป็นรูปแบบในการรับภาพ ดังนั้น แบบจำลองภาพสี RGB จึงเป็นแบบจำลองที่สำคัญในการประมวลผลภาพ

**2.2.3 แบบจำลองภาพสี HSV** เป็นแบบจำลองที่ประกอบไปด้วย 3 องค์ประกอบคือ ค่า H (hue) คือค่าสีล้วน (pure color) ค่า S (saturation) คือความอิ่มตัวสี เป็นตัวบอกระดับสีเมื่อเทียบกับค่าสีล้วนและค่า V (value) คือค่าที่ใช้บอกระดับความสว่างของภาพ ดังแสดงในรูปที่ 2.3 แบบจำลองภาพสี HSV นี้สามารถหาได้โดยการแปลงมาจากแบบจำลองภาพสี RGB ดังสมการที่ 2.3-2.5

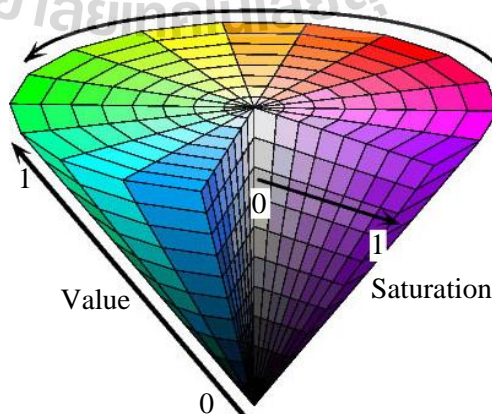
$$H = \begin{cases} H_1 & \text{ถ้า } B \leq G \\ 360^\circ - H_1 & \text{ถ้า } B > G \end{cases} \quad (2.3)$$

โดยที่

$$H_1 = \cos^{-1} \left\{ \frac{0.5[(R - G) + (R - B)]}{\sqrt{(R - G)(R - G) + (R - B)(G - B)}} \right\} \quad (2.4)$$

$$S = \frac{\max(R, G, B) - \min(R, G, B)}{\max(R, G, B)} \quad (2.5)$$

$$V = \frac{\max(R, G, B)}{255} \quad (2.6)$$



รูปที่ 2.3 กรวยของแบบจำลองภาพสี HSV (The MathWorks, 2004)

**2.2.4 แบบจำลองสี CIE L\*a\*b** เป็นแบบจำลองของ CIE (Commission International de l'Eclairage) เพื่อเป็นมาตรฐานการวัดสีที่ครอบคลุมทุกแบบจำลองสี และสามารถใช้ได้กับสีที่เกิดจากอุปกรณ์ทุกประเภท อาทิเช่น จอคอมพิวเตอร์ เครื่องพิมพ์ เครื่องสแกน เป็นต้น สำหรับค่าสีของแบบจำลองสี CIE L\*a\*b คือ การแยกสี แดง เขียวและน้ำเงินตามแม่สีของแบบจำลองสี RGB ซึ่งช่วงค่าสีของแบบจำลองสี CIE L\*a\*b มีความกว้างมากกว่าแบบจำลองสี RGB และค่อนข้างเที่ยงตรง โดยแบบจำลองสี CIE L\*a\*b ประกอบด้วย 3 องค์ประกอบคือ

ค่า  $L^*$  คือ ระดับความสว่าง มีค่า 0 – 100

ค่า  $a^*$  คือ ระดับของสีจากสีเขียวไปถึงสีแดง มีค่า -120 ถึง +120

ค่า  $b^*$  คือ ระดับของสีจากสีน้ำเงินไปถึงสีเหลือง มีค่า -120 ถึง +120

ซึ่งแบบจำลองสี CIE L\*a\*b สามารถหาได้จากการแปลงแบบจำลองสี RGB โดยเริ่มจากการแปลงแบบจำลองสี RGB เป็นแบบจำลองสี XYZ ดังสมการที่ 2.7

$$\begin{bmatrix} X \\ Y \\ Z \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} 0.049 & 0.310 & 0.200 \\ 0.177 & 0.813 & 0.011 \\ 0.000 & 0.010 & 0.990 \end{bmatrix} \begin{bmatrix} R \\ G \\ B \end{bmatrix} \quad (2.7)$$

จากนั้นจึงนำค่าแบบจำลองสี XYZ มาทำการแปลงเป็นแบบจำลองสี CIE L\*a\*b ดังสมการที่ 2.8-2.10

$$L^* = 116f(Y/Y_n)^{1/3} - 16 \quad (2.8)$$

$$a^* = 500[f(X/X_n) - f(Y/Y_n)] \quad (2.9)$$

$$b^* = 200[f(Y/Y_n) - f(Z/Z_n)] \quad (2.10)$$

**2.2.5 แบบจำลองสี CIE L\*u\*v** เป็นแบบจำลองที่พัฒนาขึ้นโดย CIE ซึ่งเป็นอีกรูปแบบหนึ่งที่สามารถสื่อความหมายและสอดคล้องกับการแสดงความรู้สึกของมนุษย์ได้ ซึ่งแบบจำลองสี CIE L\*u\*v ประกอบด้วย 3 องค์ประกอบคือ

ค่า  $L^*$  คือ ระดับความสว่าง

ค่า  $u^*$  คือ ระดับสี

ค่า  $v^*$  คือ ระดับสี

การแปลงค่าจากแบบจำลองสี RGB เป็นแบบจำลองสี CIE  $L^*u^*v^*$  จะต้องทำการแปลงค่าจากแบบจำลองสี RGB เป็นแบบจำลองสี XYZ ดังสมการที่ 2.7 จากนั้นจึงนำค่าแบบจำลองสี XYZ มาทำการแปลงเป็นแบบจำลองสี CIE  $L^*u^*v^*$  ดังสมการที่ 2.11–2.13

$$L^* = 116f(Y/Y_n)^{1/3} - 16 \quad (2.11)$$

$$u^* = 13(L^*)(u' - u'_o) \quad (2.12)$$

$$v^* = 13(L^*)(v' - v'_o) \quad (2.13)$$

โดยที่

$$u' = \frac{4X}{X + 15Y + 3Z}$$

$$v' = \frac{9Y}{X + 15Y + 3Z}$$

**2.2.6 แบบจำลองสี YCbCr** เป็นแบบจำลองสีที่เป็นมาตรฐานในการใช้งานดิจิทัลวิดีโอ โดยแบบจำลองสีนี้มีความไวต่อการรับรู้ต่อสายตามนุษย์ ในส่วนของการส่องสว่าง (luminance) ของภาพมากกว่าในส่วนของการส่องสว่าง (chrominance) โดยแบบจำลองสี YCbCr ประกอบด้วย 3 องค์ประกอบคือ

ค่า Y คือ ระดับความเข้มของแสงสว่าง

ค่า Cb คือ ระดับความอิ่มตัวขององค์ประกอบสีน้ำเงิน

ค่า Cr คือ ระดับความอิ่มตัวขององค์ประกอบสีแดง

โดยแบบจำลองสี YCbCr หาได้จากการแปลงแบบจำลองสี RGB ดังสมการที่ 2.14

$$\begin{bmatrix} Y \\ Cb \\ Cr \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} 0.299 & 0.587 & 0.114 \\ -0.169 & -0.331 & 0.500 \\ 0.500 & -0.419 & -0.081 \end{bmatrix} \begin{bmatrix} R \\ G \\ B \end{bmatrix} \quad (2.14)$$

**2.2.7 แบบจำลองสี YIQ** เป็นแบบจำลองสีที่เป็นมาตรฐานในการใช้งานแพร่ภาพสัญญาณโทรทัศน์ในระบบ NTSC (National Television Committee) และกล้องวิดีโอ ข้อดีอย่างมากของแบบจำลองสี YIQ คือ ข้อมูลระดับเทาจะแยกจากข้อมูลสี ดังนั้นข้อมูลสัญญาณจึงสามารถใช้ได้ทั้งชุดข้อมูลสีและชุดข้อมูลขาวดำ ซึ่งแบบจำลองสี YIQ ประกอบด้วย 3 องค์ประกอบคือ

ค่า Y คือ ระดับความเข้มของแสงสว่าง

ค่า I คือ ค่าสีส้ม

ค่า Q คือ ระดับความอิ่มตัวสี

โดยองค์ประกอบระดับความเข้มของแสงสว่างเป็นชุดข้อมูลระดับเทา ในขณะที่องค์ประกอบที่เหลือเป็นชุดข้อมูลสี แบบจำลองสี YIQ สามารถหาได้โดยการแปลงมาจากแบบจำลองสี RGB ดังสมการที่ 2.15

$$\begin{bmatrix} Y \\ I \\ Q \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} 0.299 & 0.587 & 0.114 \\ -0.169 & -0.331 & 0.500 \\ 0.500 & -0.419 & -0.081 \end{bmatrix} \begin{bmatrix} R \\ G \\ B \end{bmatrix} \quad (2.15)$$

ดังนั้นเห็นได้ว่าสีเป็นองค์ประกอบที่สำคัญของการมองเห็นต่อสายตามนุษย์ ภายใต้เงื่อนไขการส่องสว่างของแสงปกติ (normal illumination) นั้นระบบการมองเห็นของมนุษย์จะมีความไวต่อการรับรู้ค่าสีมากกว่าค่าความสว่าง ซึ่งตามธรรมชาติสีของวัตถุที่ตามนุษย์สามารถรับรู้ได้นั้นเกิดจากการที่แสงสีนั้นส่องกระทบวัตถุ แต่วัตถุไม่สามารถดูดซึมแสงสีดังกล่าวได้

แสงสีที่มองเห็นจะทำให้เกิดความรู้สึกที่สำคัญอยู่ 3 ประการคือ เกิดความรู้สึกในเรื่องสีส้ม (hue) เกิดความรู้สึกในเรื่องการส่องสว่าง (brightness) และเกิดความรู้สึกในเรื่องแสงสีอิ่มตัว (saturation หรือ chroma) โดยความรู้สึกในเรื่องแสงสีจะทำให้สายตาสามารถแยกแยะออกได้ว่าแสงสีที่มองเห็นเป็นแสงสีแดงเข้ม สว่าง หรือมืด สำหรับความรู้สึกในเรื่องแสงสีอิ่มตัวนั้นจะทำให้สามารถรู้ความบริสุทธิ์ของแสงสีได้ว่าเป็นสีน้ำเงินชัดเจนหรือสีน้ำเงินจาง

ดังนั้นเห็นได้ว่าสีมีความสำคัญสำหรับการประมวลผลภาพ เนื่องจากสีสามารถอธิบายเอกลักษณ์ของวัตถุและดึงลักษณะของวัตถุจากเหตุการณ์ต่าง ๆ ได้ นอกจากนี้จากที่กล่าวไว้ข้างต้น

มนุษย์ไม่สามารถแยกความแตกต่างของเฉดสีและระดับความสว่างจำนวนล้านเฉดสีได้ มนุษย์สามารถพิจารณาเปรียบเทียบความแตกต่างของระดับเฉดสีเพียง 12 เฉดสีเท่านั้น ด้วยสาเหตุนี้จึงเป็นเหตุผลสำคัญสำหรับการวิเคราะห์ภาพตามหลักการมองเห็นของมนุษย์

### 2.3 แผนผังคุณลักษณะการจัดการตัวเอง (self-organizing feature map)

แผนผังคุณลักษณะการจัดการตัวเอง หรือ SOM เป็นโครงข่ายประสาทเทียมที่ใช้หลักการเรียนรู้แบบแข่งขัน (competitive learning) ซึ่งเป็นโครงข่ายที่ไม่ต้องมีผู้ฝึกสอน โดยโครงข่ายสามารถรับอินพุต แล้วทำการคัดแยกอินพุตได้ด้วยโครงสร้างภายในตัวเอง โครงสร้างการทำงานดังกล่าวมีหลักการคล้ายคลึงกับประสาทตาของสิ่งมีชีวิต ซึ่งสามารถแยกแยะรายละเอียดสภาพแวดล้อมได้ ถึงแม้ว่าจะไม่เคยเห็นมาก่อนก็ตาม ดังนั้นโครงข่ายแบบนี้จึงสามารถค้นหาโครงสร้าง รูปแบบหรือคุณลักษณะจากสถานะแวดล้อมได้โดยตรง และเนื่องจากการเรียนรู้ของโครงข่ายใช้การเรียนรู้แบบแข่งขัน โดยที่โนดเอาต์พุตจะทำการแข่งขันกับโนดอื่น ๆ อย่างสัมพันธ์ต่อการตอบสนองกับอินพุตที่ป้อนเข้าสู่ระบบ โหนดที่ชนะและโนดข้างเคียงจะเป็นผู้ที่ได้รับการปรับค่าโดยการกระตุ้น (excitatory) ในขณะที่โนดอื่นที่แพ้การแข่งขันจะถูกปรับค่าให้ถูกยับยั้ง (inhibitory)

แผนผังคุณลักษณะการจัดการตัวเองใช้โครงสร้างพื้นฐานของโครงข่ายโคโฮเนน (Kohonen network) คือนำค่าน้ำหนักประสาทเริ่มต้นที่ได้จากการสุ่มค่ามาหาผู้ชนะ โดยวิธีการหาผู้ชนะใช้การหาระยะทางแบบยูคลิดระหว่างเวกเตอร์น้ำหนักประสาท  $\mathbf{w}_j$  กับเวกเตอร์อินพุต  $\mathbf{x}$  ดังความสัมพันธ์ต่อไปนี้

$$d_j = \|\mathbf{x} - \mathbf{w}_j\| \quad (2.16)$$

$$d_j = \left[ \sum_{i=1}^M (x_{ij} - w_{ij})^2 \right]^{1/2} \quad (2.17)$$

โดยที่  $M$  คือขนาดของเวกเตอร์อินพุตซึ่งมีขนาดเท่ากับเวกเตอร์น้ำหนักประสาท ถ้าสองเวกเตอร์มีความคล้ายกันมาก ค่าระยะทางแบบยูคลิดจะมีค่าน้อย กำหนดให้โนดผู้ชนะคือโนดที่  $j_c$  ซึ่งมีความสัมพันธ์ดังนี้

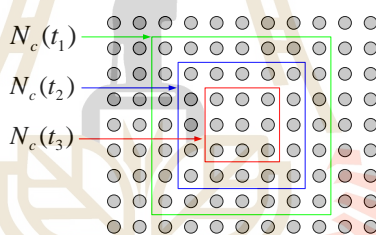
$$j_c = \min \|\mathbf{x} - \mathbf{w}_j\|, \quad j = 1, 2, \dots, N \quad (2.18)$$



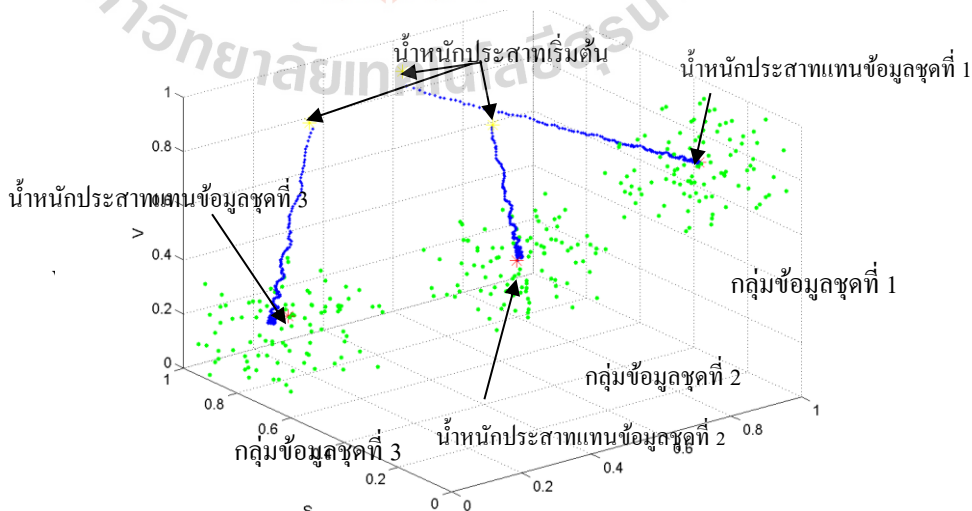
โดยที่  $N$  คือจำนวนโหนดในชั้นเอาต์พุต เมื่อได้โหนดผู้ชนะแล้ว การปรับค่าน้ำหนักประสาท จะกระทำต่อโหนดผู้ชนะ  $i_w$  และ โหนดข้างเคียง ตามกฎการเรียนรู้ของโคโฮเนน (Kohonen) ดังนี้

$$\mathbf{w}_i^{new} \begin{cases} \mathbf{w}_i^{old} + \alpha(\mathbf{x} - \mathbf{w}_i^{old}), & i \in \Lambda(i_w) \\ \mathbf{w}_i^{old} & \text{อื่นๆ} \end{cases} \quad (2.19)$$

โดยที่  $\alpha$  เป็นค่าคงที่การเรียนรู้โดยปกติจะมีค่าอยู่ระหว่าง  $0 < \alpha < 1$  และฟังก์ชัน  $\Lambda(i_w)$  คือฟังก์ชันในการระบุโหนดข้างเคียงของโหนดผู้ชนะ  $\mathbf{w}_{i_w}$  นั่นคือโหนดผู้ชนะและโหนดข้างเคียงผู้ชนะ เท่านั้นที่จะทำการเรียนรู้ในรอบนั้น ๆ การระบุโหนดข้างเคียงสามารถทำได้หลายวิธี เช่น การกำหนด โหนดข้างเคียงโดยใช้รัศมีของวงกลม ใช้รูปแบบสี่เหลี่ยม หรือหกเหลี่ยม เป็นต้น นอกจากนี้แล้ว รัศมีของโหนดข้างเคียงยังสามารถออกแบบให้แปรผันตามเวลาได้ด้วย ซึ่งจะทำการลู่อู่เข้าสู่ค่าตอบได้เร็วยิ่งขึ้นด้วย โดยการกำหนด  $N_c$  ในช่วงแรกของการปรับค่าน้ำหนักประสาทให้มีขนาดกว้าง และลดลงอย่างเป็นระดับกับเวลาดังแสดงในรูปที่ 2.4



รูปที่ 2.4 ตัวอย่างของการกำหนดรัศมีของโหนดข้างเคียง  $N_c(t)$  โดยที่  $t_1 < t_2 < t_3$



รูปที่ 2.5 การปรับตัวของน้ำหนักประสาทเพื่อใช้แทนกลุ่มข้อมูลแต่ละกลุ่ม



ประสิทธิภาพของโครงข่ายจะไม่ขึ้นอยู่กับรูปแบบของการกำหนดโนดข้างเคียงนี้แต่อย่างใด SOM นี้มีจุดเด่นที่ความสามารถในการปรับโครงสร้างภายในให้สอดคล้องกับรูปแบบอินพุตที่ป้อนเข้าสู่โครงข่าย ทำให้สามารถนำไปประยุกต์ใช้งานได้อย่างหลากหลาย โดยเฉพาะงานทางด้านการคัดแยกหรือจำแนกรูปแบบของข้อมูลได้อย่างอัตโนมัติ เมื่อป้อนอินพุตเข้าสู่โครงข่ายทั้งหมดแล้ว โครงข่ายจะทำการปรับค่าน้ำหนักประสาทไปเรื่อย ๆ จนได้ค่าน้ำหนักประสาทที่เหมาะสมที่สุดที่จะใช้แทนกลุ่มข้อมูล ดังแสดงในรูปที่ 2.5 โดยที่รูปจุดสีเขียวแทนกลุ่มข้อมูลแต่ละกลุ่ม รูปดอกจันทร์สีเหลืองคือ ค่าน้ำหนักประสาทเริ่มต้นก่อนการเรียนรู้ รูปจุดสีน้ำเงินคือค่าน้ำหนักประสาทที่ได้รับการปรับค่าแล้วในแต่ละรอบการเรียนรู้ รูปจุดสีน้ำเงินคือค่าน้ำหนักประสาทที่แสดงเป็นค่าน้ำหนักประสาทหลังการเรียนรู้เสร็จสิ้น และใช้แทนค่าของกลุ่มข้อมูลแต่ละกลุ่ม

แผนผังคุณลักษณะการจัดการตัวเองนี้ถูกนำไปใช้ในงานวิจัยในหลายด้าน โดยเฉพาะงานทางด้านการประมวลผลภาพ (image processing) เช่น การแยกส่วนภาพ (image segmentation) การจำแนกประเภทภาพ (image classification) การรู้จำภาพ (image recognition) ดังมีรายละเอียดดังต่อไปนี้

Dong และ Xie (2005) ได้เสนอวิธีการจัดกลุ่มสีและการเรียนรู้สำหรับการแยกส่วนภาพบนพื้นฐานของโครงข่ายประสาทเทียม โดยงานวิจัยนี้ได้ใช้ปริภูมิสีแบบ  $L^*u^*v^*$  (CIELUV color space) ระบบการแยกส่วนภาพประกอบไปด้วย การแยกส่วนภาพแบบไม่ต้องการฝึกสอน (unsupervised segmentation) และการแยกส่วนภาพแบบที่ต้องการฝึกสอน (supervised segmentation) โดยที่การแยกส่วนภาพที่ไม่มีการฝึกสอนได้ใช้วิธีการสองระดับ (two-level approach) ได้แก่การลดค่าสี (color reduction) และการรวมเป็นกลุ่มของสี (color clustering) สำหรับส่วนของการลดค่าสีได้ใช้วิธีการฉายภาพสีลงบนชุดต้นแบบขนาดเล็ก (small set of prototypes) โดยใช้ SOM ในส่วนของการรวมเป็นกลุ่มสีได้ใช้วิธีการจำลองการอบอ่อน (simulated annealing หรือ SA) หากกลุ่มสีที่ดีที่สุดจากชุดต้นแบบของ SOM ซึ่งวิธีการสองระดับนี้ได้ใช้ประโยชน์จาก SOM และ SA โดยทำให้สามารถบรรลุผลในการแยกส่วนภาพได้ใกล้เคียงกับค่าที่เหมาะสมที่สุด โดยใช้การคำนวณที่น้อย ในส่วนของการแยกส่วนภาพแบบมีการฝึกสอนก็เกี่ยวข้องกับการเรียนรู้ของสี (color learning) และการจำแนกประเภทของจุดภาพ (pixel classification) ซึ่งการเรียนรู้ของสีนั้นต้นแบบของสี (color prototype) กำหนดให้นำเสนอเป็นขอบเขตที่เป็นรูปวงกลม (spherical region) ในปริภูมิสี ขั้นตอนของการจัดระบบการเรียนรู้ต้นแบบตามลำดับขั้น (hierarchical prototype learning หรือ HPL) ใช้เพื่อผลิตต้นแบบสีที่มีขนาดแตกต่างกันจากสีของวัตถุตัวอย่าง ซึ่งต้นแบบสีนี้ทำให้การประมาณค่าของสีของวัตถุได้ดี จุดภาพของภาพสามารถจำแนกประเภทได้โดยการจับคู่

(matching) กับต้นแบบสี ซึ่งผลการทดลองของงานวิจัยนี้ได้แสดงให้เห็นว่าระบบมีความสามารถในการแยกส่วนภาพจากภาพสีในงานหลายด้านได้ตามที่ต้องการ

สำหรับงานวิจัยของ Dong และ Xie นี้ได้ใช้ SOM ในส่วนของการลดค่าสีโดยการฉายค่าสีของพิกัดสีที่เป็น 3 มิติไปยังตัวแทนที่มีมิติต่ำกว่าโดยใช้การเปลี่ยนรูป  $T$  ดังสมการที่ (2.20)

$$\mathbf{X} \in \mathcal{R}^3 \xrightarrow{T} \mathbf{Y} \in \mathcal{R}^d, \quad d < 3 \quad (2.20)$$

การเปลี่ยนรูป  $T$  นี้ได้ใช้เทคนิค SOM ที่มีความสามารถในการฉายแบบไม่เป็นเชิงเส้นและการรักษารูปทรงของต้นแบบ โดยกำหนดให้เซตของพิกัดสีเป็น  $\mathbf{X} = \{x_1, x_2, \dots, x_n\}$  ในปริภูมิสี  $L^*u^*v^*$  เขียนแทนได้ด้วย  $\mathcal{R}_{uv}^3$  จะถูกฝึกสอนให้ฉายค่า  $\mathbf{X}$  ลงในตัวแปรชุดขนาด 2 มิติ (2-D array) ของโนด  $M$  ซึ่งโครงสร้างของ SOM เป็นโครงข่ายประสาทเทียมที่มี 2 ชั้น และมีรูปทรงเป็นสี่เหลี่ยมมุมฉากดังแสดงในรูปที่ 2.3 โดยที่อินพุตทั้งสามตัว ( $L^*$ ,  $u^*$  และ  $v^*$ ) มีการเชื่อมต่อถึงกันหมดไปยังโนดในระนาบสองมิติ แต่ละโนด  $i$  เป็นหน่วยที่ใช้บรรจุค่าต้นแบบ (template) ที่ใช้เปรียบเทียบว่าจะจับคู่กับอินพุตตัวใด โดยต้นแบบนี้เป็นค่าน้ำหนักของโนด  $i$  ซึ่งเขียนแสดงได้ด้วย  $\mathbf{w}_i = [w_{i1}, w_{i2}, w_{i3}]^T$  ขั้นตอนในการฝึกสอนระบบของ SOM แสดงดังนี้

1) การเตรียมข้อมูลเบื้องต้น (Initialization) : กำหนดค่าแผนผังของ SOM โดยให้ค่าเวกเตอร์น้ำหนักประสาท (weight vector)  $\mathbf{w}_i(0)$  ของโนดตัวที่  $i$  เริ่มต้นด้วยการสุ่มค่า โดยค่าเริ่มต้นจะกำหนดขนาดของแผนผัง SOM ให้มีขนาด  $16 \times 16$  โดยมีผังเป็นรูปสี่เหลี่ยมมุมฉาก การหาค่าโนดข้างเคียงเป็นแบบเกาส์ (Gaussian) การฝึกสอนของ SOM จะดำเนินการอย่างต่อเนื่องเป็น 2 ขั้นตอน คือ รัศมีของโนดข้างเคียง  $r = 16, 5$  และอัตราส่วนการเรียนรู้ (learning rate)  $\alpha = 0.05, 0.02$  ค่าเวกเตอร์น้ำหนักประสาทของแผนผังจะเรียงลำดับในขั้นตอนแรก และได้รับการปรับแต่งในขั้นตอนที่สอง

2) อินพุตของระบบ (Input) : สีของภาพถูกใช้ในการฝึกสอนโครงข่ายอย่างซ้ำ ๆ 2-3 ครั้งระหว่างการฝึกสอนแต่ละพิกัดสี  $\mathbf{x}$  ถูกเลือกเป็นวงโคจรจากเซตของข้อมูล และถูกนำเสนอไปยังทุกโนดที่ฉายพร้อม ๆ กัน

3) กระบวนการแข่งขัน (Competitive Process) : ที่เวลา  $t$  พิกัดสี  $\mathbf{x}(t) = [l(t), u(t), v(t)]^T$  ถูกป้อนให้กับโครงข่ายแล้วทำการหาโนดผู้ชนะ  $c$  ด้วยการแข่งขันหาระยะทางที่น้อยที่สุดระหว่างพิกัดสีกับเวกเตอร์น้ำหนักประสาทดังสมการที่ 2.21

$$\|\mathbf{x}(t) - \mathbf{w}_c(t)\| = \min \{\|\mathbf{x}(t) - \mathbf{w}_i(t)\|\} \quad (2.21)$$

โดยที่  $c = \arg \min_i \{\|\mathbf{x}(t) - \mathbf{w}_i(t)\|\}$

4) กระบวนการการทำงานร่วมกัน (Cooperative Process) : ปฏิภูมิรูปทรงของ โหนดข้างเคียงของโหนดผู้ชนะ  $c$  ถูกคำนวณโดยใช้ฟังก์ชันของเกาส์ที่มีจุดศูนย์กลางอยู่ที่โหนด  $c$  และขอบเขตที่มีประสิทธิภาพ  $R_c(t)$

5) กระบวนการปรับตัวได้ (Adaptive Process) : น้ำหนักประสาทของ “โหนดผู้ชนะ”  $c$  และ โหนดข้างเคียงที่อยู่ภายในบริเวณใกล้เคียง (neighborhood) เท่านั้นที่ถูกปรับค่าดังสมการที่ 2.22

$$\mathbf{w}_i(t+1) = \begin{cases} \mathbf{w}_i(t) + \alpha(t)h_{ci}(t)[\mathbf{x}(t) - \mathbf{w}_i(t)] & \text{ถ้า } i \in R_c(t) \\ \mathbf{w}_i(t) & \text{อื่นๆ} \end{cases} \quad (2.22)$$

โดยที่  $\alpha(t)$  เป็นอัตราการเรียนรู้ (learning factor) และ  $h_{ci}(t)$  เป็นฟังก์ชันข้างเคียงที่อยู่รอบ ๆ โหนดผู้ชนะ  $c$

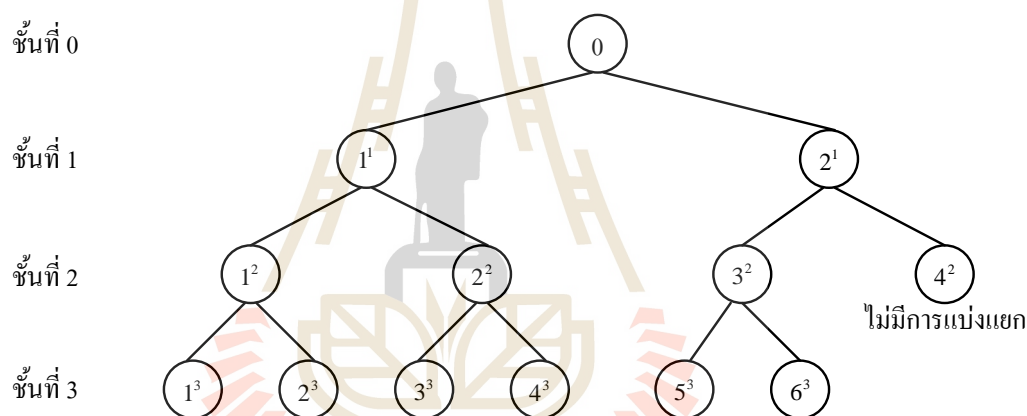
6) การวนซ้ำ (Iteration) : เมื่อพิกัดสีถัดไปจะถูกป้อนให้กับเครือข่ายที่เวลา  $t+1$  ค่าอัตราการเรียนรู้  $\alpha$  ลดลงอย่างเป็นเชิงเส้นตามฟังก์ชัน  $\alpha(t+1) = \alpha(0)(1.0 - t/T)$  รัศมีของโหนดข้างเคียง  $R$  ลดระดับอย่างเป็นเชิงเส้นตามฟังก์ชัน  $R(t+1) = R(0)(2.0 - t/T)$  โดยที่  $T$  เป็นจำนวนของพิกัดสีที่ใช้ในการฝึกสอนระบบ โหนดใหม่ของผู้ชนะถูกเลือกแทนที่ไปเรื่อย ๆ วนซ้ำไปตามกระบวนการตั้งแต่ขั้นตอนที่ 2 จนกระทั่งการวนซ้ำสิ้นสุดเมื่อ  $(t = T, \alpha = 0, R = 1)$

แผนผังคุณลักษณะที่ได้รับการฝึกสอนแล้วเป็นแผนผังปฏิภูมิที่จัดเรียงแล้ว โดยที่ตำแหน่งของโหนดในตารางมีความสัมพันธ์กับเซตย่อยเฉพาะของพิกัดสีในแบบจำลองสี และ Sammon mapping ถูกนำมาใช้เพื่อให้ได้ความสัมพันธ์เชิงพื้นที่ของโหนด ในการลดค่าสีนี้ทุกพิกัดสีถูกนำป้อนให้กับแผนผังของ SOM และการจับคู่ของโหนดที่ดีที่สุดค้นหาจากแผนผัง ซึ่งทำให้แต่ละพิกัดสีแสดงลักษณะพิเศษด้วยโหนด 1 โหนด

Zhang และ Hu (2009) นำเสนอเทคนิคการแยกส่วนแบบอัตโนมัติสำหรับภาพสีบนพื้นฐานของโครงข่ายประสาทเทียมชนิด SOM โดยเริ่มจากใช้กระบวนการจัดกลุ่มแบบไบนารีทรี (binary tree clustering) ในการจัดกลุ่มของสีในภาพ ในแต่ละ โหนดของทรี (tree) นั้นโครงข่ายประสาทเทียม SOM ถูกใช้เป็นตัวจัดแบ่งประเภทโดยการป้อนค่าภาพสีให้กับโครงข่าย โหนดเอาต์พุตของโครงข่าย SOM ที่ได้กำหนดเป็นระดับสี (color classes) สำหรับแต่ละ โหนด สำหรับเทคนิคของงานวิจัยนี้จำนวนของระดับสีในแต่ละ โหนดกำหนดให้เป็น 2 ระดับ แต่ละ โหนดของทรีนั้นได้ใช้การแปลงแบบโฮเทลลิง (Hotelling transform) ในการกำหนดว่าระดับสีปัจจุบันควรจะแยก ระดับหรือไม่ และเมื่อทุกสีในภาพถูกจัดกลุ่มแล้วระบบจะแยกส่วนภาพเป้าหมายโดยการวิเคราะห์

คุณลักษณะของสีในภาพ วิธีการนี้ไม่ขึ้นอยู่กับรูปแบบสี ดังนั้นสามารถนำไปประยุกต์ใช้ได้กับภาพสีใด ๆ ก็ได้ กระบวนการในการจัดกลุ่มสีของงานวิจัยของ Zhang และ Hu มีรายละเอียดดังต่อไปนี้

ภาพสีหนึ่งภาพถูกพิจารณาให้เป็นเซตของจุดภาพ (pixels) โดยที่สีของแต่ละจุดภาพเป็นตำแหน่งในแบบจำลองสี ซึ่งมีหลายแบบจำลองสีที่สามารถใช้ได้สำหรับภาพสี โดยที่แบบจำลองสีถูกพิจารณาให้เป็นปริภูมิเวกเตอร์ 3 มิติ โดยที่แต่ละจุดภาพ  $(x,y)$  แสดงค่าเป็น 3 องค์ประกอบสี แต่ละองค์ประกอบสีแสดงค่าความเข้ม (intensity) ซึ่งแปรค่าจากศูนย์ไปจนถึงค่าสูงสุด เช่นแบบจำลองสี RGB การแบ่งส่วนของสีถูกกำหนดให้อยู่บนพื้นผิวของลูกบาศก์ที่มีจุดตรงข้ามกันอยู่ที่จุด  $(0,0,0)$  และ  $(255,255,255)$  กระบวนการการจัดกลุ่มแบบปรับตัวได้ออยู่ในรูปแบบของไบนารีทรี โดยแบ่งเป็นชั้น (layer) และเป็นโนด ดังแสดงในรูปที่ 2.6

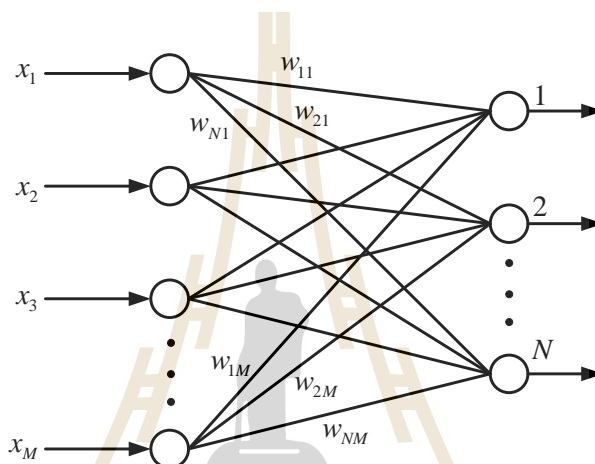


รูปที่ 2.6 ไบนารีทรีของการจัดกลุ่มสี (Zhang et al., 2009)

เทคนิคของการจัดกลุ่มสีรูปแบบนี้ได้นำไปใช้ในแต่ละชั้น โดยเริ่มจากโนดต่ำสุดไปจนทุกโนดของทรีได้ถูกพิจารณา ในแต่ละโนด สีของแต่ละโนดแบ่งแยกออกเป็น 2 ระดับ ดังนั้นจุดสีของหนึ่งในสองระดับจะถูกคัดแยกเพิ่มขึ้น โดยเทคนิคการจัดกลุ่มสี และถ้าระดับของโนดสามารถแบ่งแยกได้สภาวะการแบ่งแยก (split condition) จะถูกกำหนดให้กับระดับนั้น แต่ละโนดของทรีเป็นโครงข่ายประสาทเทียมแบบ SOM ซึ่งมีอินพุตเป็นค่าสี โดยหลังจากการฝึกสอนระบบแล้วเอาต์พุตของ SOM จะเป็นระดับของคุณลักษณะที่เหมาะสม (the proper feature classes) ซึ่งเป้าหมายสำคัญของโครงข่าย SOM คือเพื่อแบ่งแยกเซตของเวกเตอร์ให้กลายเป็นเมตริกซ์ขนาด 1 หรือ 2 มิติ โดยโครงข่ายทำการเปลี่ยนอินพุตของมิติใด ๆ (arbitrary dimension) ให้กลายเป็นแผนผังต่อเนื่อง 1

หรือ 2 มิติ (1D or 2D discrete map) ซึ่งขึ้นอยู่กับข้อจำกัดของรูปทรงปริภูมิ (topological constraint) การทำงานของโครงข่าย SOM มีดังต่อไปนี้

1) โครงสร้างของ SOM : โครงสร้างของ SOM สำหรับงานวิจัยของ Zhang และ Hu นี้ แสดงดังรูปที่ 2.7 ซึ่งโครงสร้างของ SOM มีอินพุต  $M$  โหนด และ เอาท์พุต  $N$  โหนดจัดเตรียมอยู่ในตาราง 1 มิติ (1D grid) ค่าสีถูกป้อนให้กับโหนดอินพุต แต่ละโหนดในชั้นแข่งขันแสดงค่าเป็น 1 ระดับ โหนดเอาท์พุตมีความสัมพันธ์กับโหนดอินพุตโดยทางค่า  $w_{j,i}$  โดยที่  $i=1,2,\dots,M$  และ  $j=1,2,\dots,N$  ซึ่งในงานวิจัยของ Zhang และ Hu นี้  $N$  มีค่าเท่ากับ 2 เสมอ



รูปที่ 2.7 โครงข่ายประสาทเทียมแบบ SOM (Zhang et al., 2009)

2) การฝึกสอนของ SOM : โครงข่าย SOM เป็นการฝึกสอนแบบแข่งขันที่ขึ้นอยู่กับฟังก์ชันของการปรับค่าน้ำหนักประสาทดังต่อไปนี้

$$w_{j,i}(t+1) = \begin{cases} w_{j,i}(t) + \alpha(t)[x_i^k - w_{j,i}(t)] & \text{เมื่อ } j \in \beta(t) \\ w_{j,i}(t) & \text{อื่นๆ} \end{cases} \quad (2.23)$$

โดยที่  $\alpha(t)$  เป็นค่าอัตราการเรียนรู้ และ  $\alpha(t) = \alpha_0 e^{-t/T}$  ค่า  $\beta(t)$  เป็นฟังก์ชันของโหนดข้างเคียง และ  $\beta(t) = \beta_0(1-t/T)$  โดยทั้งสองค่าเป็นฟังก์ชันลด ค่าของพารามิเตอร์ต่าง ๆ ถูกลดให้เป็นศูนย์ระหว่างกระบวนการเรียนรู้  $T$  เป็นจำนวนครั้งของการฝึกสอนรวมทั้งหมด

เมื่อทำการฝึกสอนพบว่าถ้าจุดภาพที่มีสีคล้ายกันปรากฏขึ้นอย่างต่อเนื่อง ผลลัพธ์ที่ได้มีแนวโน้มเข้าสู่สีนี้ ดังนั้นเพื่อแก้ปัญหานี้งานวิจัยนี้ได้พัฒนาระบบการจัดเรียงใหม่ (rearrangement method หรือ REARG) เพื่อจัดเรียงลำดับจุดสีและลดผลกระทบของการมีสีคล้ายกันปรากฏขึ้นอย่าง

ต่อเนื่อง ซึ่งมีวิธีการดังนี้ เริ่มต้นด้วยการสร้างเมตริกซ์แบบสุ่มค่า จากนั้นเรียงลำดับจำนวนที่อยู่ในเมตริกซ์นี้เพื่อไม่ให้มีจำนวนเต็มบวกที่ซ้ำกันโดยเรียงจากน้อยไปมาก

แผนผังคุณลักษณะการจัดการตัวเองเป็นแผนผังที่เหมาะสมอย่างมากในการนำมาใช้งานในลักษณะของการจัดกลุ่มข้อมูล ทั้งในลักษณะของการเรียนรู้แบบมีผู้ฝึกสอนและไม่มีผู้ฝึกสอน ทั้งนี้ยังสามารถนำมาใช้ในการลดขนาดของข้อมูลได้อีกด้วย

## 2.4 แผนผังคุณลักษณะการจัดการตัวเองแบบโครงสร้างปรับค่าได้

แผนผังคุณลักษณะการจัดการตัวเองแบบโครงสร้างปรับค่าได้ (Structure-adaptive self-organizing feature map) หรือเรียกว่า SASOM ได้ถูกพัฒนาขึ้นโดย Cho (1997) โดยนำ SOM พื้นฐานมาปรับโครงสร้างใหม่ให้โครงสร้างของ SOM สามารถปรับตัวเองได้เหมือนกับค่าน้ำหนักประสาท ซึ่งทำได้โดยการทำให้โนดของโครงข่าย SOM สามารถแยกตัวเองได้ (dynamic node-splitting) ผลที่ได้ทำให้แผนผังของโครงข่ายสามารถปรับค่าตัวเองไปเรื่อย ๆ ในแต่ละรอบของการฝึกสอน

แผนผังคุณลักษณะการจัดการตัวเองแบบโครงสร้างปรับค่าได้ เป็นแผนผังคุณลักษณะการจัดการตัวเองที่มีแบบแผนในการแยก โหนดที่สามารถปรับเปลี่ยนได้ (dynamic node splitting scheme) โดยที่สามารถคำนวณหาจำนวนของ โหนดที่เหมาะสมและการเชื่อมต่อของน้ำหนักประสาทระหว่าง โหนดอินพุตกับเอาต์พุตในแผนผังคุณลักษณะการจัดการตัวเองได้พร้อมกัน ซึ่งมีแนวคิดพื้นฐานอย่างง่าย ๆ ดังนี้

1) เริ่มต้นด้วย SOM แบบพื้นฐาน โดยใช้แผนผัง (map) ขนาด 4x4 สำหรับทุก ๆ โหนดโดยที่มีการเชื่อมต่อไปยังโนดอินพุตทุกโนด

2) ฝึกสอนโครงข่ายนี้ด้วยกฎการเรียนรู้ของโฮโคเนน

3) ปรับเปลี่ยนโครงข่ายโดยใช้ความรู้จากแบบแผนของอินพุตกับเอาต์พุต (I/O patterns)

ในการคำนวณเพื่อพิจารณา

- โหนดที่จะถูกแทนที่ด้วยแผนผังย่อยที่มีหลายโนด (ในกรณีนี้ใช้แผนผังขนาด 2x2)

- โหนดที่จะถูกลบทิ้ง

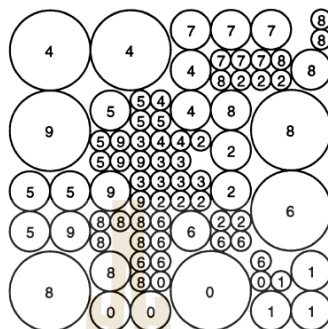
4) จนกระทั่งแต่ละ โหนดแสดงค่าเพียง 1 ชนิด ก็ให้กลับไปทำขั้นตอนที่ 2

ให้สังเกตขั้นตอนที่ 3 เป็นขั้นตอนที่ปรับค่าโครงสร้างของแผนผังปัจจุบันเพื่อให้แต่ละ โหนดแสดงค่าเป็นเพียง 1 ชนิดเท่านั้นสำหรับการคัดแยก สำหรับแบบแผนนี้ น้ำหนักประสาทของ โหนดใหม่ถูกกำหนดเริ่มต้นโดยการแทรก (interpolating) ค่าน้ำหนักประสาทของ โหนดข้างเคียง

โครงสร้างของโครงข่ายนี้มีความคล้ายกับแผนผังคุณลักษณะการจัดการตัวเองของ โฮโคเนน ยกเว้นเพียงการเชื่อมต่อกันที่ไม่เป็นระเบียบในแผนผัง รูปที่ 2.8 แสดงตัวอย่างของโครงข่าย



ซึ่งแต่ละ โหนดแสดงชนิดเพียง 1 ชนิด ทุก ๆ โหนดจะเชื่อมต่อไปยังโหนดอินพุตทั้งหมดและน้ำหนักประสาทที่เหมือนกัน แผนผังเริ่มต้นของเครือข่ายประกอบไปด้วย โหนดจำนวน  $4 \times 4$  เวกเตอร์น้ำหนักประสาทของโหนด  $i$  เขียนแสดงโดย  $w_i \in \mathcal{R}^n$



รูปที่ 2.8 แผนผังของ SASOM ตัวเลขในวงกลมแสดงประเภทที่สัมพันธ์กับแต่ละ โหนด (Cho, 1997)

ตัววัดการวิเคราะห์ที่ง่ายที่สุดคือ ระยะทางยูคลิดีเนียน (Euclidean distance) ระหว่างค่า  $x$  กับค่า  $w_i$  ค่าระยะทางที่น้อยที่สุดแสดงว่าเป็นผู้ชนะ  $w_c$  ถ้าได้กำหนดค่าเซตของ โหนดข้างเคียง  $N_c$  รอบ ๆ โหนด  $c$  ในแต่ละรอบของการเรียนรู้ โหนดทั้งหมดที่อยู่ใน  $N_c$  จะถูกปรับค่า ในขณะที่โหนดที่อยู่รอบ  $N_c$  จะไม่ได้รับการปรับค่า โหนดข้างเคียงนี้เป็น โหนดที่อยู่รอบ ๆ โหนดที่เป็น โหนดที่มีค่าเหมาะสมที่สุดกับอินพุต  $x$  ซึ่งหาได้ดังสมการต่อไปนี้

$$\|x - w_c\| = \min\{\|x - w_i\|\} \quad (2.24)$$

ระยะห่างหรือรัศมีของ  $N_c$  สามารถแปรผันตามเวลาได้ เพื่อให้ระบบลู่เข้าสู่คำตอบ จึงควรกำหนดให้  $N_c$  มีความกว้างมากในช่วงเริ่มต้น และลดความกว้างลงเรื่อยๆ ตามระยะเวลาที่ผ่านมา กระบวนการปรับข้อมูลทำได้ดังนี้

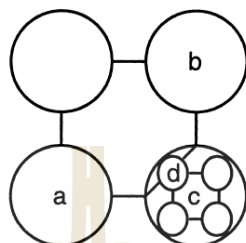
$$w_i(t+1) = \begin{cases} w_i(t) + \alpha(t)[x(t) - w_i(t)] & \text{ถ้า } i \in N_c(t) \\ w_i(t) & \text{ถ้า } i \notin N_c(t) \end{cases} \quad (2.25)$$

เมื่อ  $\alpha(t)$  เป็นค่าอัตราการเรียนรู้ (learning rate) โดยที่  $0 < \alpha(t) < 1$

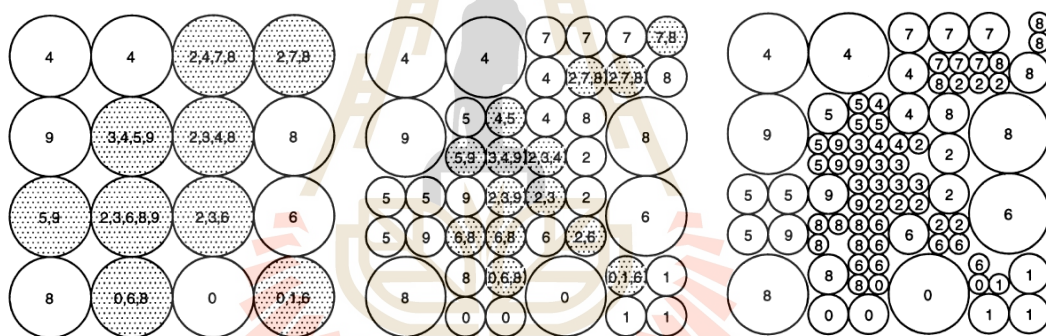
หลังจากปรับตัวแล้ว โหนดใดที่เป็นตัวแทนของหลายหมวดหมู่จะถูกแทนที่ด้วย โหนดหลาย โหนดแทน (ในกรณีนี้ใช้แผนผังย่อยของ โหนดจำนวน  $2 \times 2$  โหนด) รูปที่ 2.9 แสดงให้เห็นตัวอย่างของ

การแบ่งโนด โดยที่โนด  $c$  ถูกแทนที่ด้วยแผนผังย่อยของ โหนดขนาด  $2 \times 2$  โหนด ในกรณีนี้ น้ำหนักประสาทใหม่  $d$  จะหาค่าเริ่มต้นได้จากสมการ  $d = (a + b + 2c) / 4$

จากรูปที่ 2.10 แสดงให้เห็นถึงการเปลี่ยนโครงสร้างของ โหนดบางโนดที่เป็นตัวแทนของหลายหมวดหมู่ได้ถูกแทนที่ด้วยโนดหลายโนดไปจนกระทั่งสิ้นสุดกระบวนการ



รูปที่ 2.9 การแบ่ง โหนดของ SASOM (Cho, 1997)



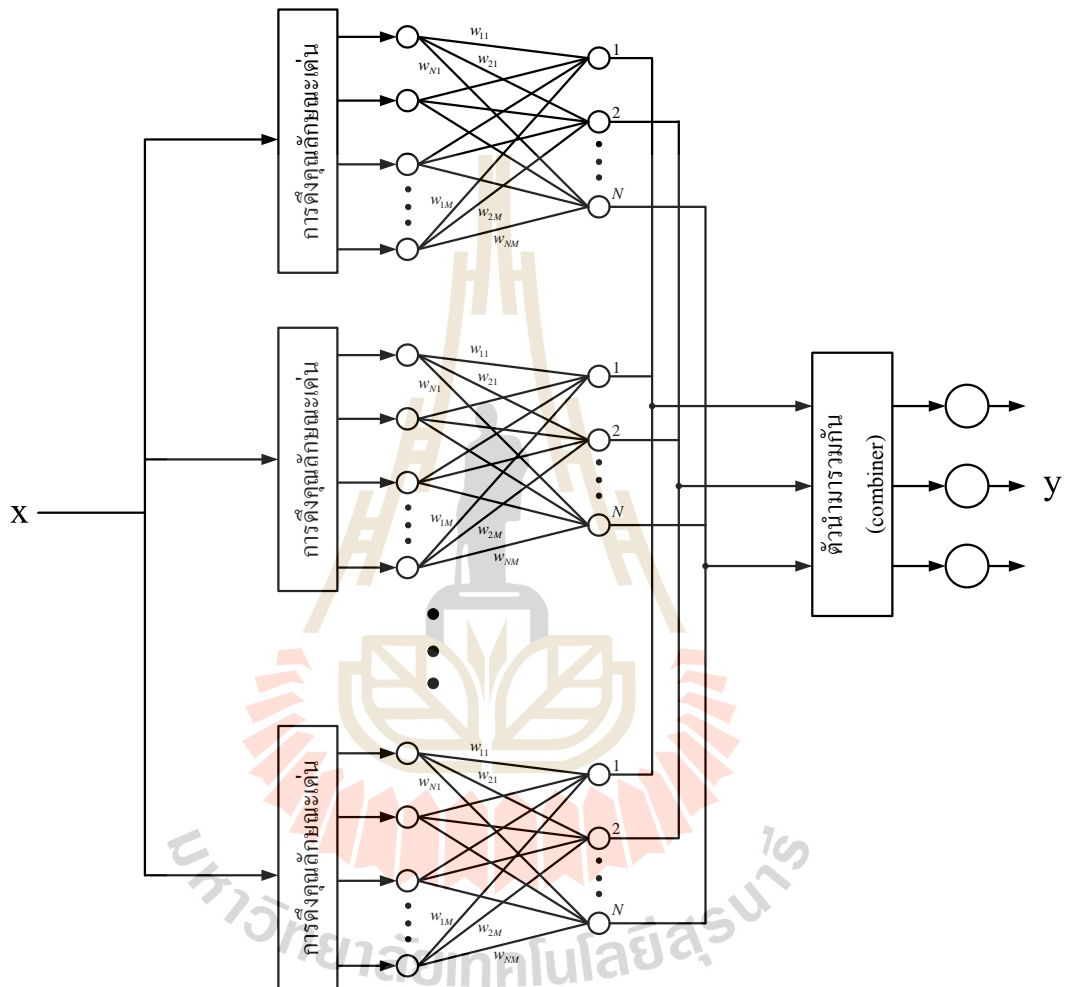
รูปที่ 2.10 โครงสร้างของแผนผังที่เปลี่ยนไปตามรอบของการฝึกสอน (Cho, 1997)

ความคิดพื้นฐานของการสร้างโครงข่ายสำหรับแยกหมวดหมู่หลายโครงข่ายคือ สร้างโครงข่ายประสาทเทียมสำหรับการฝึกสอน  $n$  โครงข่ายที่เป็นอิสระต่อกันด้วยคุณลักษณะพิเศษ แล้วให้การแยกหมวดหมู่รูปแบบอินพุตที่ป้อนให้กับโครงข่ายแต่ละโครงข่ายโดยการป้อนอินพุตเหมือนกันให้แต่ละโครงข่าย และเพื่อให้ได้โครงข่ายสำหรับแยกหมวดหมู่ที่ดีทำได้โดยการใช้วิธีการรวมกัน (utilizing combination methods) ในรูปที่ 2.11 แสดงแผนภาพทั้งหมดของโครงข่ายประสาทเทียมแบบหลายโครงข่าย วิธีที่ใช้ในการรวมแผนผังของโครงข่ายประสาทเทียมเพื่อให้มีความเหมาะสมที่สุดที่มีพื้นฐานอยู่บนการรวมการประมาณการมีหลายวิธี เช่น การส่งเสริม (boosting) การแข่งขันอย่างชาญฉลาด (competing experts) การเฉลี่ยทั้งมวล (ensemble averaging) การถดถอยแบบซ้อนกัน (stacked regression)



ผลลัพธ์ทั่วไปจากงานก่อนหน้านี้อคือการรวมโครงข่ายที่แยกกันเข้าไว้ด้วยกันเพื่อพัฒนาประสิทธิภาพของการทำงานของโครงข่ายโดยคำนึงถึงผลของค่าผิดพลาดกำลังสองเฉลี่ย (mean squared error)

ตัวแยกหมวดหมู่ของอินพุต  $X$  ซึ่งมีค่าที่อยู่บนพื้นฐานของเซตของการวัดค่าจริง



รูปที่ 2.11 โครงข่ายประสาทเทียมแบบหลายโครงข่าย (Cho, 1997)

$$P(\omega_i|X), 1 \leq i \leq c \quad (2.26)$$

สมการที่ 2.26 แสดงค่าความน่าจะเป็นของ  $\omega_i$  ที่มาจากแต่ละหมวดหมู่  $c$  ภายใต้เงื่อนไขของ  $X$  ในรูปแบบของการรวมกันของโครงข่าย แต่ละโครงข่าย  $k$  ประมาณค่าโดยตัวเอง เซตของค่าประมาณของค่าจริงเหล่านี้แสดงได้ดังสมการที่ 2.27

$$P_k(\omega_i|X), 1 \leq i \leq c, 1 \leq k \leq n \quad (2.27)$$

เทคนิคที่ถูกเลือกพิจารณาจากผลของแต่ละโครงข่ายว่าโครงข่ายใดให้ผลการคัดแยกที่ดีที่สุด มีวิธีการในการเลือกโครงข่ายที่ดีที่สุดหลายวิธีซึ่งสามารถประยุกต์ได้จากทฤษฎีต่าง ๆ ดังนี้ การยอมรับเป็นเอกฉันท์ (unanimity) เสียงข้างมาก (majority) การนับแบบบอร์ดา (Borda count) และอื่น ๆ วิธีที่ง่ายที่สุดและมีผลมากที่สุดคือการเลือกแบบเสียงข้างมาก (majority voting) ซึ่งสามารถสร้างเอาท์พุทของหมวดหมู่ที่ให้ค่าจำนวนผู้สนับสนุนที่มากที่สุดของโครงข่าย

แผนผังคุณลักษณะการจัดการตัวเองแบบโครงสร้างปรับค่าได้นี้ถูกนำไปใช้ในงานวิจัย ดังมีรายละเอียดดังต่อไปนี้

Kim และ Cho (2004) ได้นำ SASOM เข้ามาใช้ในกระบวนการค้นหาข้อมูลที่มีประโยชน์ จากข้อมูลที่อยู่ในเว็บ (web content mining) สำหรับสร้างรายละเอียดของผู้ใช้ (user profile) จากเอกสาร HTML และบันทึกการตั้งค่าของผู้ใช้ (user's preference record) โดยได้ใช้ SASOM ในการประมาณค่ารายละเอียดของผู้ใช้ และแต่ละ SASOM แต่ละโครงข่ายถูกฝึกสอนให้เป็นอิสระต่อกัน โดยใช้เซตของคุณลักษณะที่แตกต่างกัน จากนั้นได้ใช้ การรวมแบบฟัซซี่ (fuzzy integral) ที่อยู่บนพื้นฐานของ SASOM ทั้งหมดเพื่อประมาณค่ารายละเอียดของผู้ใช้จากเอกสาร HTML แล้วทำเครื่องหมายไว้ว่าผู้ใช้ “ชอบ” หรือ “ไม่ชอบ” รูปภาพที่ 2.12 แสดงการอธิบายคร่าว ๆ ของโครงข่าย

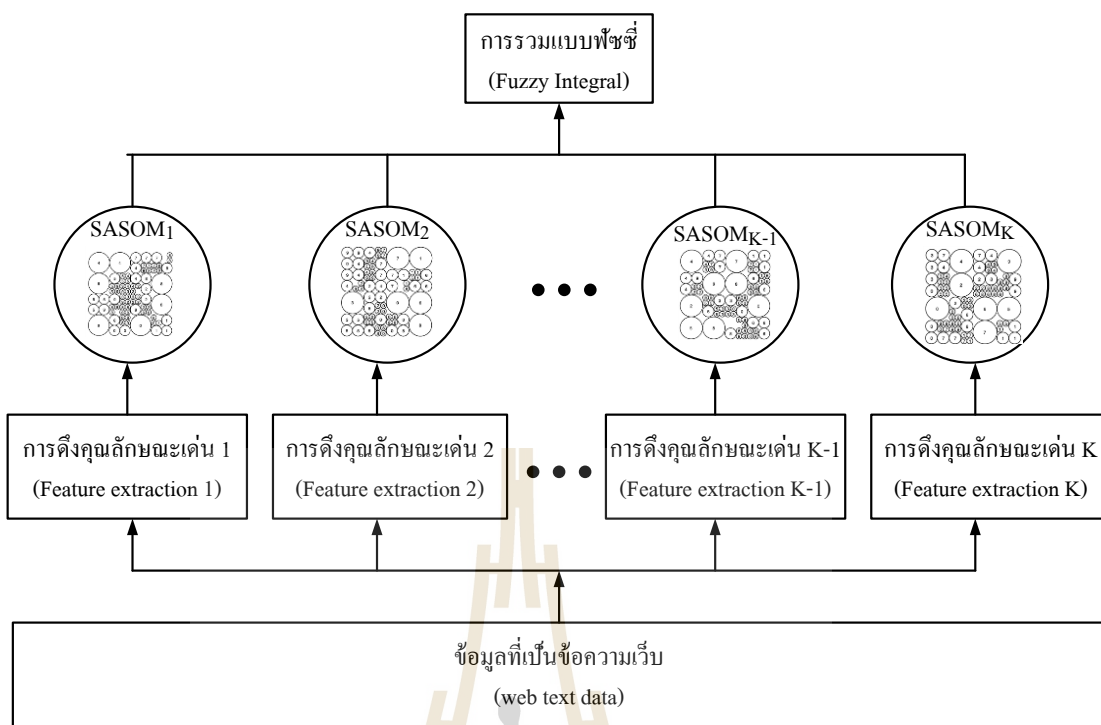
ขั้นตอนในการฝึกสอนโครงข่าย SASOM ของงานวิจัยนี้ใช้ขั้นตอนเดียวกับโครงสร้างของ SASOM ดังที่ได้แสดงรายละเอียดดังได้กล่าวมาแล้ว ยกเว้นการแบ่งค่าของน้ำหนักประสาทของโนดผู้ชนะ  $c$  ได้คำนวณหาตามสมการที่ 2.28

$$C = \frac{(P \times 2) + \sum N_c}{S} \quad (2.28)$$

โดยที่  $N_c$  เป็นค่าโนดข้างเคียงของโนดผู้ชนะ และ  $S$  เป็นจำนวนของ  $N_c + 2$  รูปที่ 2.13 แสดงค่าตัวอย่างของการแบ่งโนด ซึ่งในกรณีนี้ น้ำหนักประสาทของ  $C_0$  คำนวณได้ดังนี้

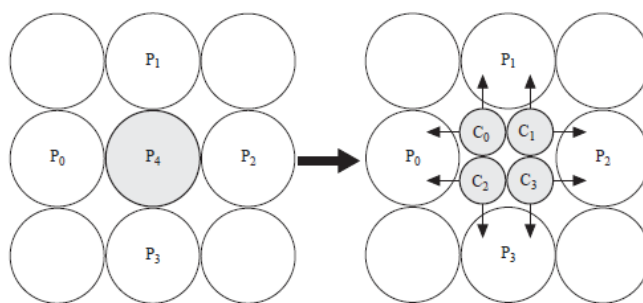
$$C_0 = \frac{(P_4 \times 2) + P_0 + P_1}{4} \quad (2.29)$$

เมื่อทำการฝึกสอนโครงข่าย SASOM จนเสร็จแล้ว งานวิจัยนี้ได้ใช้การรวมแบบฟัซซี่ ในการรวมโครงข่ายเข้าด้วยกันเพื่อให้โครงข่ายสามารถแบ่งหมวดหมู่ได้หลายหมวดหมู่

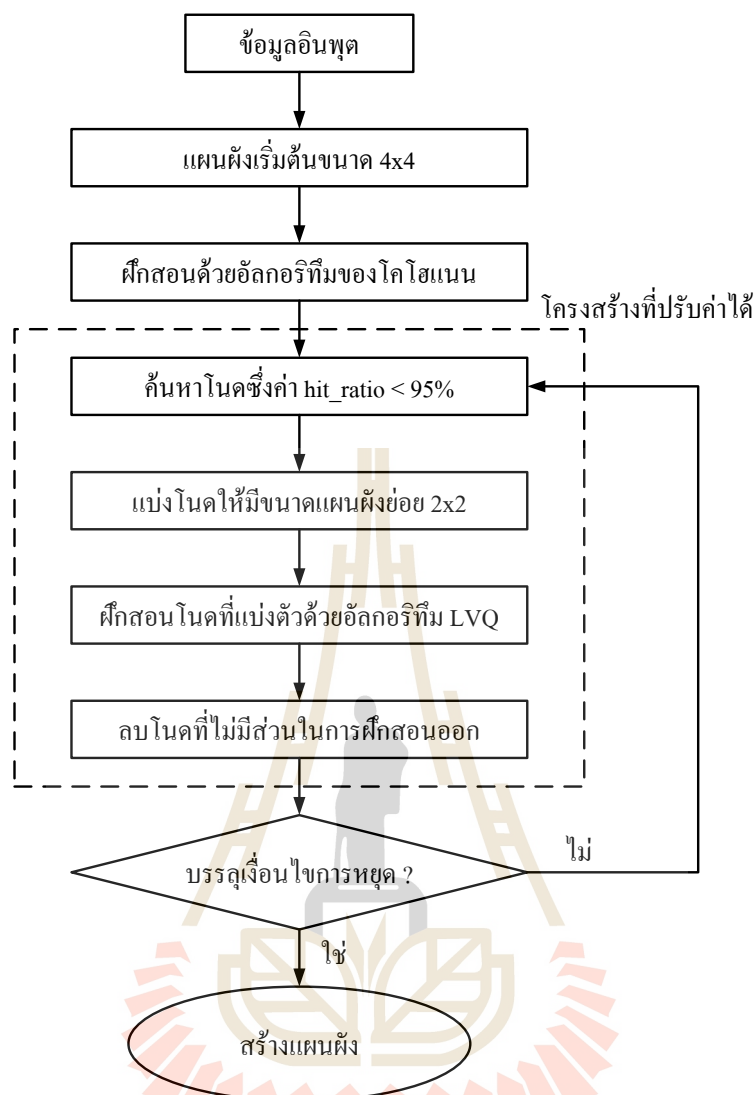


รูปที่ 2.12 โครงสร้างโครงข่ายในกระบวนการค้นหาข้อมูลจากเว็บ (Kim และ Cho, 2004)

Cho (2002) ได้ใช้โครงข่ายประสาทเทียม SASOM ทำการคัดแยกเพศของมนุษย์จากการเคลื่อนไหว (biological motion) โดยนำข้อมูลการเคลื่อนไหวของมนุษย์ที่ได้จากการใช้ระบบการวิเคราะห์ตำแหน่งแบบ 3 มิติ (3D position analysis system) ซึ่งวัดจากตำแหน่งของขมับ ไหล่ ขวามือ ข้อมือ และข้อต่อของกระดูกข้อมือข้อที่หนึ่งและสี่ โดยบันทึกไว้ที่ความถี่ 60 Hz ขณะที่คนกำลังเคลื่อนไหว โดยให้เคลื่อนไหวในลักษณะของการเคาะ การโบกมือ และการเคลื่อนไหวขณะยกของ เป็นต้น



รูปที่ 2.13 ตัวอย่างการแบ่งโนด (Kim และ Cho, 2004)



รูปที่ 2.14 อัลกอริทึมของ SASOM (Kim และ Cho, 2004)

สำหรับโครงข่าย SASOM ที่ใช้ในงานวิจัยของ Kim และ Cho นี้แสดงดังรูปที่ 2.14 ระบบเริ่มต้นด้วยการสร้างแผนผังรูปสี่เหลี่ยมขนาด 4x4 และใช้การเรียนรู้ของโคโฮเนน จากนั้นใช้ค่าอัตราส่วนการชน (hit ratio) ซึ่งเป็นค่าแบ่งระดับ เพื่อนำเป็นค่าที่ใช้บอกว่าโนดนี้ต้องมีการแบ่งตัวหรือไม่ กำหนดให้  $n_i$  เป็น โหนดตัวที่  $i$  ของชั้นเอาต์พุตของแผนผัง และ  $c_j$  เป็นตัวอย่างที่อยู่ในชั้นที่  $j$  โดยค่าอัตราส่วนการชนของ  $n_i$  หาได้ดังต่อไปนี้

$$hit\_ratio_i = \max_j P(c_j | n_i) \quad (2.30)$$

โดยที่  $i = 1, 2, \dots, M$  และ  $j = 1, 2, \dots, N$  ค่า  $P(c_j | n_i)$  เป็นตัวบ่งชี้ค่าสัดส่วนของตัวอย่างที่ถูกทำเครื่องหมายให้อยู่ในชั้น  $c_j$  ในโนด  $n_i$  ในงานวิจัย Kim และ Cho นี้ โหนดที่มีค่าอัตราส่วนการชนน้อยกว่า 95% จะถูกแบ่งโนด ซึ่งถ้าค่าอัตราส่วนการชนนี้มีขนาดใหญ่เกินไปก็จำเป็นต้องมีการปรับค่า ดังนั้นแผนผังจะถูกฝึกสอนอย่างเหมาะสมเพราะ SASOM อาจมีการเรียนรู้ข้อมูลได้ดีเกินไปในระหว่างการฝึกสอนแต่เกิดข้อผิดพลาดอย่างมากในการทดสอบ (overfit) ขั้นตอนต่อไปทำการเลือกโนดที่ต้องการมีการแบ่งโนด และแทนที่ด้วยแผนผังขนาด  $2 \times 2$  โดยที่น้ำหนักประสาทของโนดตัวลูก (child nodes) ได้ค่าเริ่มต้นจากน้ำหนักประสาทของโนดพ่อแม่ (parent nodes) และโนดข้างเคียง (neighborhood nodes) เมื่อโนดพ่อแม่  $P$  ถูกแบ่งตัวเป็นโนดลูก  $C$  น้ำหนักประสาทเริ่มต้นของ  $C$  คำนวณหาได้จากสมการที่ 2.29 โดยที่  $N_c$  เป็นค่าน้ำหนักประสาทของโนดข้างเคียง และ  $S$  เป็นค่าจำนวนรวมของโนดทั้งหมดที่มีส่วนในการปรับค่าน้ำหนักประสาทเริ่มต้นของ  $C$  รัศมีของ  $N_c$  สามารถแปรค่าไปตามเวลาได้ ซึ่งจะเป็นการดีที่ให้รัศมีมีขนาดใหญ่ในขณะเริ่มต้น และลดลงอย่างเป็นระดับกับเวลา

แผนผังคุณลักษณะการจัดการตัวเองแบบโครงสร้างปรับค่าได้นี้ถูกนำไปใช้ในงานวิจัยที่ยังไม่หลากหลายมากนัก สำหรับงานวิจัยเล่มนี้ได้้นำการฝึกสอนแบบ SASOM มาใช้ในการจัดกลุ่มรูปแบบของรูปภาพโดยไม่จำเป็นต้องมีการฝึกสอนมาก่อน

## 2.5 จินเนติกอัลกอริทึม

จินเนติกอัลกอริทึม (Genetic Algorithm) หรือ GA เป็นวิธีการค้นหาคำตอบที่ดีที่สุดโดยใช้หลักการคัดเลือกแบบธรรมชาติและหลักการทางสายพันธุ์ ประกอบไปด้วย 3 กระบวนการที่สำคัญได้แก่ การคัดเลือกสายพันธุ์ (selection) ซึ่งเป็นขั้นตอนในการคัดเลือกประชากรที่ดีในระบบไปเป็นต้นกำเนิดสายพันธุ์เพื่อให้กำเนิดลูกหลานในรุ่นถัดไป ปฏิบัติการทางสายพันธุ์ (genetic operation) ซึ่งเป็นกรรมวิธีการเปลี่ยนแปลงโครโมโซมด้วยวิธีการทางสายพันธุ์ และการแทนที่ (replacement) ซึ่งเป็นขั้นตอนการนำเอาลูกหลานกำเนิดใหม่ไปแทนที่ประชากรเก่าในรุ่นก่อน กระบวนการภายในของ GA ทำให้คำตอบของระบบที่มีอยู่เกิดวิวัฒนาการในตัวเองอันจะนำไปสู่การปรับตัวให้กลายเป็นคำตอบที่ดีกว่าและดีที่สุดได้

GA เป็นขั้นตอนในการค้นหาคำตอบให้กับระบบ โดยสามารถมอง GA เป็นเครื่องมือในการช่วยคำนวณอย่างหนึ่งที่คอยทำงานอยู่ข้าง ๆ ระบบ วัฏจักรของ GA ประกอบไปด้วย 3 กระบวนการที่สำคัญได้แก่

- 1) การคัดเลือกสายพันธุ์ (selection) คือขั้นตอนในการคัดเลือกประชากรที่ดีในระบบไปเป็นต้นกำเนิดสายพันธุ์เพื่อให้กำเนิดลูกหลานในรุ่นถัดไป

2) ปฏิบัติการทางสายพันธุ์ (genetic operation) คือกรรมวิธีการเปลี่ยนแปลงโครโมโซมด้วยวิธีการทางสายพันธุ์ เป็นขั้นตอนการสร้างลูกหลาน ซึ่งได้จากการรวมพันธุ์ของต้นกำเนิดสายพันธุ์เพื่อให้ได้ลูกหลานที่มีส่วนผสมผสานมาจากพ่อแม่ หรือได้จากการแปรผันยีนของพ่อแม่เพื่อให้ได้ลูกหลานสายพันธุ์ใหม่เกิดขึ้น

3) การแทนที่ (replacement) คือขั้นตอนการนำลูกหลานกำเนิดใหม่ไปแทนที่ประชากรเก่าในรุ่นก่อน เป็นขบวนการในการคัดเลือกกว่าควรเอาลูกหลานในกลุ่มใด จำนวนเท่าไร ไปแทนประชากรเก่าในกลุ่มใด

จากวัฏจักรของ GA จะเห็นว่ากระบวนการภายในของ GA ทำให้คำตอบของระบบที่มีอยู่เกิดวิวัฒนาการในตัวเองอันจะนำไปสู่การปรับตัวให้กลายเป็นคำตอบที่ดีกว่าและดีที่สุดได้ รายละเอียดต่าง ๆ ขององค์ประกอบในวัฏจักรของ GA มีดังนี้

- ประชากร (population) ประกอบไปด้วยกลุ่มของโครโมโซม (chromosome) ซึ่งเป็นตัวแทนของคำตอบในระบบที่ต้องการค้นหา

- ต้นกำเนิดสายพันธุ์ (parents) กลุ่มประชากรที่ถูกคัดเลือกเพื่อเป็นตัวแทนในการให้กำเนิดสายพันธุ์ใหม่ในรุ่นถัดไป (next generation) ประชากรกลุ่มนี้จะเปรียบเสมือนกับเป็น “พ่อแม่” สำหรับใช้ในการสืบทอดสายพันธุ์ใหม่ให้ลูกหลานต่อไป

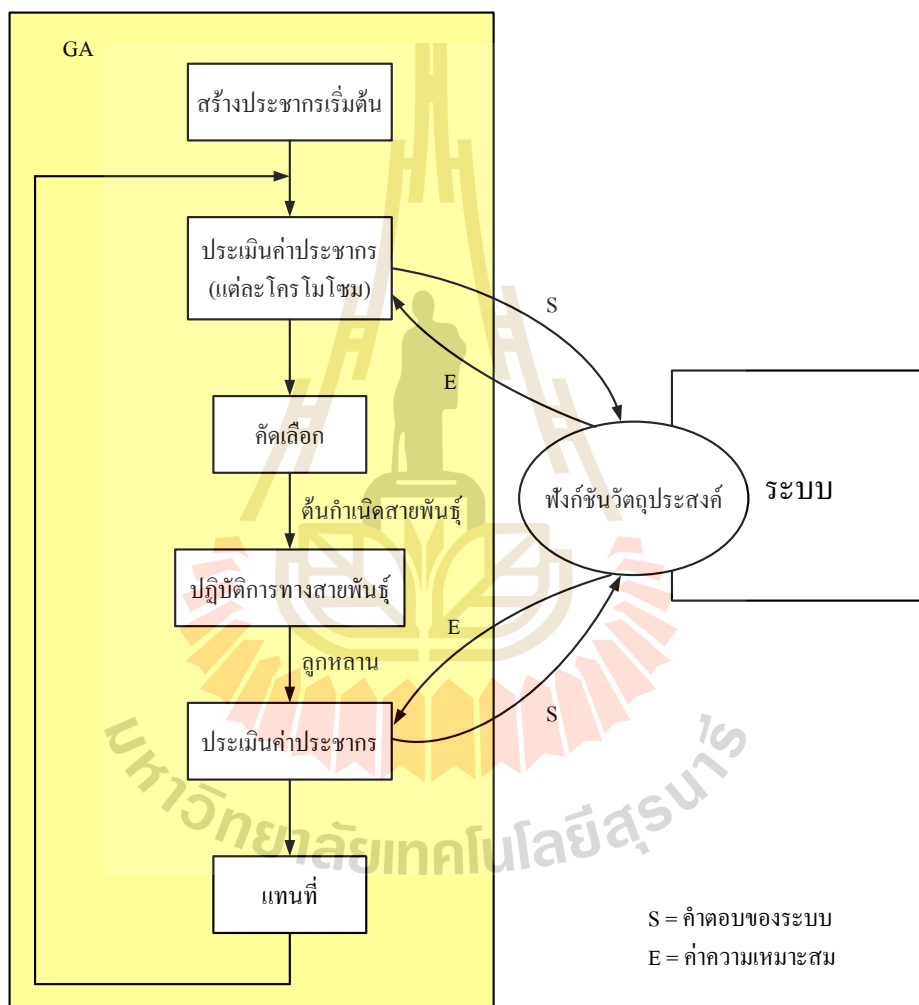
- สายพันธุ์ใหม่ (offspring) หรือ “ลูกหลาน” เป็นประชากรกลุ่มใหม่ที่ได้รับการถ่ายทอดสายพันธุ์มาจากพ่อแม่ โดยคาดหวังที่จะได้รับสายพันธุ์ที่ดีที่สุดเพื่อถ่ายทอดต่อ ๆ กันในประชากรรุ่นถัดไป

ขั้นตอนการทำงานของ GA แสดงดังแผนภาพในรูปที่ 2.15 ซึ่งแสดงขั้นตอนทั่วไปของ GA และการเชื่อมโยงเข้ากับระบบในโลกจริงเพื่อทำการค้นหาคำตอบที่ต้องการ ขั้นตอนการทำงานทั่วไปของ GA มีดังนี้

- 1) สร้างประชากร โดยปกติจะใช้การสุ่ม (random)
- 2) ประเมินค่าโครโมโซมของกลุ่มประชากรทั้งหมดด้วยฟังก์ชันวัตถุประสงค์ เนื่องจากระบบไม่สามารถเข้าใจค่าของโครโมโซมภายใน GA ดังนั้นโครโมโซมจะต้องผ่านการถอดรหัสก่อนที่จะนำไปทำการคำนวณด้วยฟังก์ชันวัตถุประสงค์ได้
- 3) คำนวณหาค่าความเหมาะสมแล้วส่งกลับไปยัง GA
- 4) ใช้ค่าความเหมาะสมสำหรับการคัดเลือกโครโมโซมบางกลุ่ม เพื่อนำมาเป็นต้นกำเนิดสายพันธุ์ ซึ่งจะใช้เป็นตัวแทนในการถ่ายทอดสายพันธุ์ให้กับรุ่นถัดไป
- 5) นำต้นกำเนิดสายพันธุ์มาทำการสร้างลูกหลาน ด้วยปฏิบัติการทางสายพันธุ์ โครโมโซมที่ได้ในขั้นตอนนี้ก็คือโครโมโซมลูกหลาน
- 6) คำนวณหาค่าความเหมาะสมของโครโมโซมลูกหลาน โดยใช้ขั้นตอนเดียวกับข้อ 3)

7) โครโมโซมในประชากรเดิมจะถูกแทนที่ด้วยลูกหลานที่ได้จากข้อ 5) ประชากรเพียงบางส่วนเท่านั้นที่จะถูกแทนที่ด้วยกลวิธีเฉพาะสำหรับขั้นตอนของการแทนที่โดยใช้ค่าความเหมาะสมในการตัดสินใจ

8) เริ่มต้นทำซ้ำจากขั้นตอนในข้อ 2) ไปเรื่อย ๆ จนกระทั่งได้คำตอบที่ต้องการ คำตอบที่ได้จะมาจากโครโมโซมที่ดีที่สุดในกลุ่มประชากรนั่นเอง โดยที่สามารถใช้ค่าจากฟังก์ชันวัตถุประสงค์เพื่อเป็นการประเมินว่าคำตอบที่ได้เป็นที่ต้องการแล้วหรือไม่



รูปที่ 2.15 ขั้นตอนทั่วไปของ GA กับการเชื่อมโยงเข้ากับระบบ

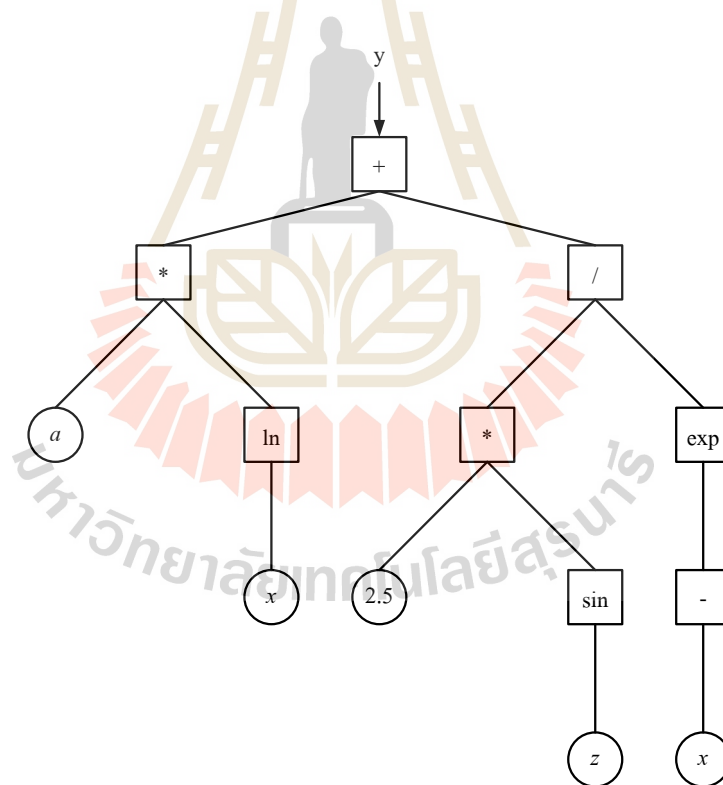
## 2.6 การโปรแกรมจิ้นเนติก (Genetic Programming)

การโปรแกรมจิ้นเนติก หรือ GP คือจิ้นเนติกอัลกอริทึมในรูปแบบพิเศษ ซึ่งมีขั้นตอนการวิวัฒนาการในรูปแบบจีโนไทป์ (genotype) สิ่งที GP ต่างไปจาก GA คือรูปแบบของโครโมโซม ใน



GA โครโมโซมมีรูปแบบเป็นสายอักขระของบิต ในขณะที่ GP มีโครโมโซมในรูปรหัสโปรแกรมบนโครงสร้างต้นไม้ จุดประสงค์หลักของ GP คือการทำให้โปรแกรมคอมพิวเตอร์มีวิวัฒนาการไปสู่คำตอบที่ต้องการได้ ในแต่ละรุ่น โครโมโซมโปรแกรมจะถูกประเมินเพื่อวัดประสิทธิภาพในโดเมนของปัญหานั้น ๆ ผลจากการวัดประสิทธิภาพของโปรแกรมคอมพิวเตอร์ที่มีวิวัฒนาการ จะถูกใช้ในการกำหนดค่าความเหมาะสมของโครโมโซมโปรแกรมนั้น ๆ ปฏิบัติการทางสายพันธุ์ใน GP ยังคงคล้ายคลึงกันกับ GA ดังรายละเอียดต่อไปนี้

**2.6.1 ตัวแทนโครโมโซม (Chromosome Representation)** รูปแบบโครโมโซมของ GP ประกอบไปด้วยชิ้นส่วนของโปรแกรมคอมพิวเตอร์ หรือเรียกว่า โครโมโซมโปรแกรม ซึ่งประกอบไปด้วยองค์ประกอบหลัก ๆ คือ เซตปลายทาง (terminal set) ประกอบไปด้วยตัวแปร (variable) และค่าคงที่ (constant) ทั้งหมด และ เซตฟังก์ชัน (function set) ประกอบไปด้วยฟังก์ชันที่ใช้กับองค์ประกอบในเซตปลายทาง รูปที่ 2.16 แสดงตัวอย่างของโครโมโซมโปรแกรมของ GP



รูปที่ 2.16 โครโมโซมโปรแกรมของ  $y = a * \ln(x) + 2.5 * \sin(z) / \exp(-x)$

เมื่อแต่ละส่วนของโครโมโซมโปรแกรมจากเซตปลายทางและเซตฟังก์ชันเชื่อมโยงกัน เรียกว่าเป็นไวยากรณ์ (grammar) ที่จำเป็นสำหรับใช้แก้ปัญหาที่ต้องการ แต่ละโครโมโซมใน GP เป็นตัวแทน



ของส่วน โปรแกรมซึ่งเป็นองค์ประกอบของปริภูมิโปรแกรมที่ประกอบไปด้วยส่วนของโปรแกรมทั้งหมด ที่สามารถประกอบกันเป็นไวยากรณ์ที่ต้องการได้ จุดประสงค์หลักของ GP คือการค้นหาโปรแกรมในปริภูมิโปรแกรมที่ให้ผลการประมาณที่ดีที่สุดของโปรแกรมวัตถุประสงค์ (objective program) การกำหนดค่าเริ่มต้นให้กับประชากรจะทำโดยขั้นตอนการสุ่ม

**2.6.2 ฟังก์ชันค่าความเหมาะสม (Fitness Function)** ฟังก์ชันค่าความเหมาะสมของ GP นั้น จะมีความแตกต่างกันไปตามแต่ละปัญหา โดยจะถูกใช้ในการประเมินค่าความเหมาะสมของแต่ละโครโมโซม โปรแกรม โดยมักจะทำการทดสอบกับเป้าหมายตัวอย่างในโลกของปัญหาจริง ๆ พร้อมทั้งใช้ค่าการวัดประสิทธิภาพของตัวอย่างนั้น ๆ และยังใช้ในการลงโทษโครโมโซมที่มีโครงสร้างที่ไม่เหมาะสมได้ด้วย

**2.6.3 ปฏิบัติการทางสายพันธุ์ (Genetic Operators)** ประกอบไปด้วยทั้งครอสโอเวอร์และมิวเทชัน หลักการของปฏิบัติการทางสายพันธุ์ทั้งสองยังคงมีแนวคิดเหมือนกันกับการคำนวณเชิงวิวัฒนาการทั่ว ๆ ไป ดังรายละเอียดต่อไปนี้

1) ครอสโอเวอร์ (crossover) GP ทำการคัดเลือกต้นกำเนิดสายพันธุ์สำหรับทำครอสโอเวอร์จำนวน 2 โครโมโซม ทำการครอสโอเวอร์ของ GP แบ่งออกได้เป็น 2 ประเภทตามจำนวนลูกหลานที่ได้ คือ ครอสโอเวอร์ให้กำเนิดลูกหลานโครโมโซมเดี่ยว โหนดจะถูกสุ่มเลือกจากโครโมโซมของต้นกำเนิดสายพันธุ์ กระบวนการครอสโอเวอร์จะทำการแทนที่ต้นไม้อายุย่อยของโหนดนั้น ๆ ด้วยต้นไม้อายุย่อยจากอีกต้นกำเนิดสายพันธุ์หนึ่ง และครอสโอเวอร์ให้กำเนิดลูกหลานโครโมโซมคู่ ซึ่งจะคล้ายคลึงกับวิธีแรกแตกต่างเพียงการแทนที่ต้นไม้อายุย่อยจะเปลี่ยนเป็นการสลับต้นไม้อายุย่อยที่ได้จากแต่ละต้นกำเนิดสายพันธุ์

2) มิวเทชัน (mutation) ปฏิบัติการมิวเทชันใน GP มีหลายวิธีดังรายละเอียดต่อไปนี้

- มิวเทชันของ โหนดฟังก์ชัน (function node mutation) คือการทำมิวเทชันกับโหนดที่ไม่ใช่ฟังก์ชัน โหนดดังกล่าวจะถูกสุ่มเลือกฟังก์ชันใหม่จากเซตฟังก์ชันเพื่อมาแทนที่ฟังก์ชันในโหนดนั้น ๆ

- มิวเทชันของ โหนดปลายทาง (terminal node mutation) คือการทำมิวเทชันกับโหนดปลายทาง โหนดดังกล่าวจะถูกสุ่มเลือกใหม่จากเซตปลายทาง แล้วนำมาแทนที่โหนดนั้น ๆ

- มิวเทชันแบบสลับที่ (swapping mutation) คือการทำมิวเทชันกับฟังก์ชัน โหนดที่สุ่มได้ โดยการสลับที่อาร์กิวเมนต์ของฟังก์ชันนั้น ๆ

- มิวเทชันแบบแตกกิ่ง (grow mutation) คือการทำมิวเทชันกับโหนดที่สุ่มได้ แล้วแทนที่โหนดนั้น ๆ ด้วยต้นไม้อายุย่อยที่ได้จากการสุ่มเช่นกัน

- มิวเทชันแบบเกาส์เซียน (Gaussian mutation) ปกติแล้วมิวเทชันแบบนี้จะกระทำกับโหนดที่เป็นค่าคงที่แล้วทำมิวเทชันโดยการเพิ่มค่าสุ่มแบบเกาส์เซียนกับค่าคงที่ในโหนดนั้น ๆ

- มิวเทชันแบบตัดกึ่ง (truncate mutation) คือการสุ่มตัด โหนดฟังก์ชันแล้วแทนที่ด้วย โหนดปลายทาง การทำมิวเทชันแบบนี้เป็นการทำให้โครโมโซมพurun

การโปรแกรมจินเนติก เป็นการคำนวณเชิงวิวัฒนาการที่มีรูปแบบและโครงสร้างที่แตกต่างไปจาก GA โดย GP มีจุดประสงค์ที่จะค้นหาคำตอบในรูปของฟังก์ชันหรือรหัสต้นฉบับของโปรแกรม แล้วนำเอาฟังก์ชันหรือรหัสต้นฉบับของโปรแกรมนั้น ๆ ไปใช้แก้ปัญหาที่ต้องการได้ และ GP ยังสามารถนำไปประยุกต์ใช้งานด้านอื่น ๆ อีกมากมายเช่น การจัดกลุ่ม การประมวลผลภาพ แบบจำลองระบบ การหาค่าเหมาะที่สุด การจดจำรูปแบบ เป็นต้น

จินเนติกอัลกอริทึม หรือ GA และการโปรแกรมจินเนติก หรือ GP นี้ถูกนำไปใช้ในงานวิจัยในหลายด้าน ดังมีรายละเอียดดังต่อไปนี้

Bozorgtabar และ Rad (2011) ได้ใช้ GP ในการจดจำภาพใบหน้าคน โดยใช้การวิเคราะห์องค์ประกอบหลัก (Principal Component Analysis หรือ PCA) ในการดึงลักษณะเด่นของภาพ แล้วจากนั้นใช้ GP ในการแยกประเภทภาพใบหน้าคนให้เป็นกลุ่ม โดยประยุกต์ GP เข้ากับคุณลักษณะเด่นของภาพ ด้วยการฝึกสอนเป็นกลุ่ม และค้นหาความสัมพันธ์ที่เป็นไปได้ระหว่างคุณลักษณะเด่นของภาพที่จะใช้ในการแยกประเภทภาพใหม่ และเพื่อพัฒนาผลการทดลองให้ดีขึ้นได้ใช้ leveraging scheme เข้าช่วย โดยการใช้ GP เหมือนกับเป็นผู้ฝึกสอนที่ไม่มีประสิทธิภาพ (weak learner) และรวมผลการแยกประเภทของ GP หลาย ๆ โปรแกรมเข้าไว้เป็น โปรแกรมแยกประเภทหนึ่ง โปรแกรมที่มีประสิทธิภาพ (single strong classifier)

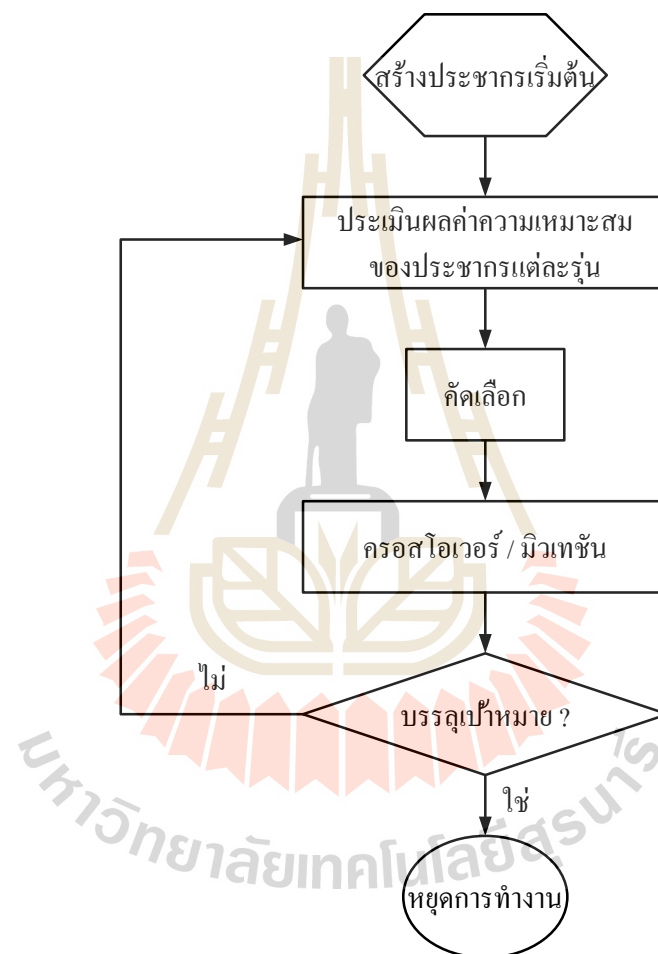
ขั้นตอนการทำงานของ GP สำหรับงานวิจัยของ Bozorgtabar และ Rad นี้แสดงดังภาพที่ 2.17 สำหรับการแยกประเภทของข้อมูลที่ให้มา เมื่อทำการแยกความแตกต่างของภาพหน้าคนออกเป็นแต่ละประเภทแล้วจึงใช้ GP ในการหาค่าฟังก์ชันที่จะให้เอาที่พุดที่มีค่าแตกต่างกันสำหรับข้อมูลแต่ละประเภท ดังสมการที่ 2.30

$$f(X) = \begin{cases} 0 & X \in C_0 \\ 1 & X \in C_1 \\ \dots & \dots \\ n & X \in C_n \end{cases} \quad (2.30)$$

ซึ่งจากการทำการทดลอง ได้ผลว่าเป็นการยากมากที่จะได้ผลดังสมการที่ 2.32 แต่ GP สามารถใช้เพื่อหาฟังก์ชัน 1 ฟังก์ชันในแต่ละประเภท เพื่อแยกข้อมูลประเภทเดียวกันออกจากข้อมูลประเภทอื่น ๆ เท่านั้น ดังสมการที่ 2.31

$$f_i(X) = \begin{cases} 1 & X \in C_i \\ 0 & X \notin C_i \end{cases} \quad (2.31)$$

วิธีการนี้สร้างฟังก์ชันที่แตกต่างกัน  $N$  ฟังก์ชันสำหรับประเภทข้อมูล  $N$  ประเภท รูปภาพที่ใช้ในการทดสอบระบบจะถูกทดสอบเทียบกับฟังก์ชันทีละฟังก์ชัน และฟังก์ชันแรกที่ให้ค่าที่ไม่เป็นศูนย์จะถูกใช้เป็นประเภทของภาพนั้น



รูปที่ 2.17 แผนผังการทำงานของ GP (Bozorgtabar และ Rad, 2011)

งานวิจัยของ Bozorgtabar และ Rad นี้ได้ใช้วิธีการ leveraging กับผลที่มีหลายค่าเพื่อพัฒนาการค้นหา โดยอัลกอริทึมของ leveraging ได้ใช้ระบบการแยกประเภทหลาย ๆ ระบบที่ไม่มีประสิทธิภาพให้กลายเป็นระบบการแยกประเภทระบบเดียวที่มีประสิทธิภาพ ซึ่งมีวิธีการดังนี้ แทนที่จะใช้รูปภาพในการฝึกสอนทั้งหมดเป็นอินพุตของระบบ ก็ให้แบ่งประเภทของรูปภาพ

ออกเป็นกลุ่มย่อยที่แตกต่างกัน  $k$  กลุ่ม ฟังก์ชันตรวจจับ (detector function)  $f_{i,j}$  หาได้จากฟังก์ชันที่สามารถตรวจจับประเภทที่อยู่ในกลุ่ม  $i$  จากกลุ่มประเภทอื่นที่อยู่ในกลุ่ม  $j$  เพื่อพัฒนาผลลัพธ์ของการแยกประเภท อัลกอริทึมข้างต้นนี้ควรจะทำซ้ำ  $N$  ครั้ง สำหรับรูปภาพ  $X$  ผลลัพธ์ของการแยกประเภทแสดงดังสมการที่ 2.32

$$C = \sum_{j,n} f_{j,n}(P) \times \frac{1}{1 + \frac{1}{N} err_{j,n}} \quad (2.32)$$

โดยที่  $f_{j,n}$  เป็นผลลัพธ์ของรอบที่  $n$  ที่อยู่ในกลุ่ม  $j$

$n$  เป็นจำนวนรอบจากรอบทั้งหมด  $N$  รอบ

$err_{j,n}$  เป็นผลรวมของค่าความผิดพลาดของรูปภาพทั้งหมดในกลุ่มการฝึกสอน  $j$  ของรอบที่  $n$

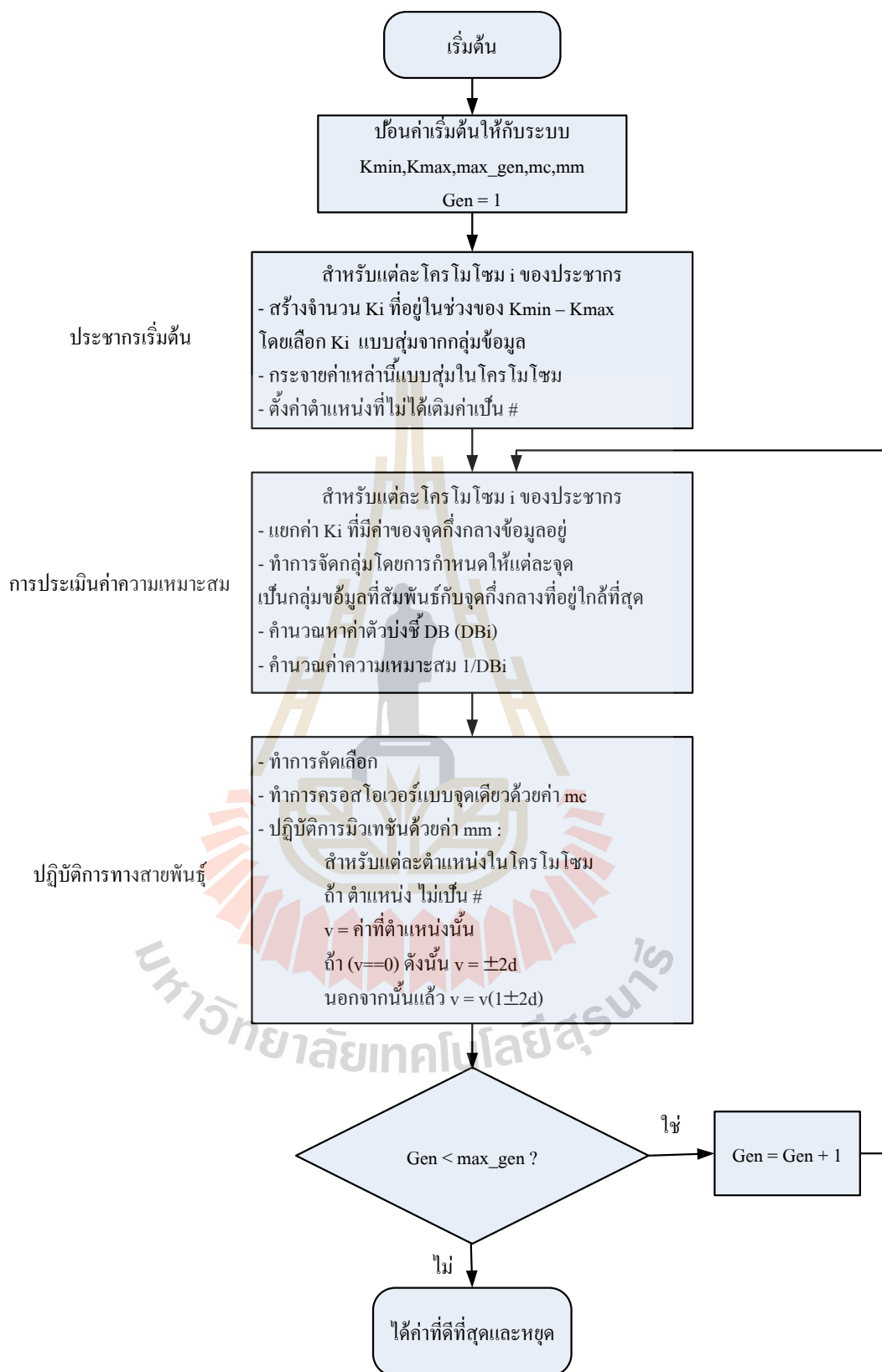
และเพื่อการหารูปภาพที่เป็นประเภทใหม่ ค่าทั้งหมดของรูปภาพที่ได้จากสมการที่ 2.34 จะถูกนำมาเปรียบเทียบกัน ประเภทที่มีค่า  $C$  มากที่สุดจะถูกนำมาเป็นตัวเลือกให้เป็นประเภทใหม่ โดยต้องกำหนดค่าขีดเปลี่ยนระดับไว้

Bandyopadhyay และ Maulik (2002) ได้พัฒนาจินเนติกอัลกอริทึมสำหรับการจัดกลุ่ม (Genetic clustering) หรือ GCUK เพื่อใช้ในการจัดกลุ่มแบบอัตโนมัติ และได้ทำการประยุกต์ใช้สำหรับการคัดแยกประเภทของภาพ โดยแผนผังการทำงานของระบบการจัดกลุ่มแบบ GCUK นี้แสดงดังรูปที่ 2.18 โดยมีรายละเอียดของระบบดังนี้

ค่าที่ใช้เป็นสายสตริงโครโมโซม (String representation) สำหรับโครโมโซมของระบบนี้ใช้ตัวเลขจำนวนจริง (โดยนำเสนอเป็นเลขคู่อันดับของจุดศูนย์กลาง) ค่า  $K$  กำหนดให้เป็นค่าที่อยู่ในเรนจ์ของ  $[K_{min}, K_{max}]$

ค่าประชากรเริ่มต้น (Population initialization) สำหรับสายสตริง  $i$  ในประชากร (โดยที่  $i = 1, 2, 3, \dots, P$  ซึ่ง  $P$  เป็นขนาดของจำนวนประชากร) สร้างค่า  $K_i$  ที่สุ่มจากค่าในเรนจ์  $[K_{min}, K_{max}]$  โดยที่สายสตริงนี้ถูกกำหนดให้เป็นจุดศูนย์กลางของกลุ่ม  $K_i$  สำหรับเริ่มต้นโดยจุดศูนย์กลาง  $K_i$  นี้เลือกแบบสุ่มจากกลุ่มข้อมูล แล้วทำการกระจายจุดเหล่านี้แบบสุ่มในโครโมโซม

การคำนวณค่าความเหมาะสม (Fitness computation) สำหรับระบบนี้ได้หาค่าความเหมาะสมของโครโมโซม  $j$  มีค่าดังสมการที่ 2.33 โดยที่  $DB_j$  เป็นค่าดรชณีของ Davies-Bouldin ที่คำนวณมาจากค่าของแต่ละโครโมโซม โดยที่ถ้าต้องการให้ค่าความเหมาะสมมีค่ามากที่สุดจะต้องทำให้ค่าดรชณี  $DB$  มีค่าน้อยที่สุด



รูปที่ 2.18 แผนผังของระบบการจัดกลุ่มแบบ GCUK (Bandyopadhyay และ Maulik, 2002)

$$\text{ค่าความเหมาะสม} = \frac{1}{DB_j} \quad (2.33)$$

ปฏิบัติการทางสายพันธุ์ (Genetic operations) ระบบนี้กระทำปฏิบัติการทางสายพันธุ์กับประชากรของสายสตรงสำหรับแต่ละรุ่นดังนี้

- การคัดเลือกสายพันธุ์ ใช้การคัดเลือกด้วยการแบ่งเป็นสัดส่วน (Proportionate selection)

- การครอสโอเวอร์ ใช้การทำครอสโอเวอร์ให้กับจุดศูนย์กลางของกลุ่มที่ถูกพิจารณาให้เป็นโครโมโซมพ่อแม่ ด้วยการทำครอสโอเวอร์แบบจุดเดียว (single point crossover) โดยสุ่มใช้กับค่าความน่าจะเป็น  $m_c$

- การมิวเทชัน ทุก ๆ ตำแหน่งที่มีค่าจะถูกเปลี่ยนค่าด้วยความน่าจะเป็น  $m_m$  ด้วยกระบวนการดังต่อไปนี้ จำนวน  $d$  ที่อยู่ในช่วง  $[0, 1]$  ถูกสร้างให้กระจายตัวอย่างสม่ำเสมอ ถ้าค่าของตำแหน่งเป็น  $v$  ดังนั้นหลังจากมิวเทชันแล้วจะกลายเป็น  $v \times (1 \pm 2d)$  เมื่อ  $v \neq 0$  และมีค่าเป็น  $\pm 2d$  เมื่อ  $v = 0$  เครื่องหมาย '+' หรือ '-' จะเกิดขึ้นกับความน่าจะเป็นที่เท่ากัน

การสิ้นสุดการทำงาน (Termination criterion) ในบทความนี้กระบวนการของการคำนวณค่าความเหมาะสม การคัดเลือกสายพันธุ์ การครอสโอเวอร์ และการมิวเทชันจะดำเนินการจนกระทั่งครบรอบตามการวนรอบซ้ำสูงสุดที่ได้ตั้งค่าไว้ สายสตรงที่ดีที่สุดคือสายสตรงที่มีค่าความเหมาะสมมากที่สุด

จินเนติกอัลกอริทึมเป็นอัลกอริทึมที่มีการใช้งานอย่างแพร่หลาย โดยมีทั้งการนำจินเนติกอัลกอริทึมแบบดั้งเดิมไปให้เป็นเครื่องมือในการค้นหาคำตอบที่ดีที่สุดของระบบ หรือนำมาปรับปรุงโครงสร้างใหม่เพื่อเป็นเครื่องมือใหม่ในการใช้งานด้านอื่น ๆ เช่นการจัดกลุ่มข้อมูลเป็นต้น สำหรับงานวิจัยเล่มนี้ ได้นำโครงสร้างของจินเนติกอัลกอริทึมมาปรับปรุงใหม่ โดยสร้างโครโมโซมของ GA ให้เป็นแผนผัง SASOM รายละเอียดของระบบแสดงรายละเอียดในบทที่ 3

## 2.7 ปรัชญ่วรรณกรรมและงานวิจัยที่เกี่ยวข้อง

สำหรับการดึงคุณลักษณะเด่นของรูปภาพ และการจำแนกรูปแบบนั้น ได้มีการทำการวิจัยมาตั้งแต่อดีตจนถึงปัจจุบันอย่างหลากหลาย ทำให้มีทฤษฎี หลักการ และการดำเนินงานวิจัยต่าง ๆ มากมาย ในวิทยานิพนธ์นี้ทำการนำเสนอปรัชญ่วรรณกรรมและงานวิจัยที่เกี่ยวข้อง ตั้งแต่อดีตจนถึงปัจจุบันของการดึงคุณลักษณะเด่น (feature extraction) การเลือกคุณลักษณะเด่น (feature selection) และการจำแนกรูปแบบ (classification) ของรูปภาพ โดยใช้ทฤษฎี หรือหลักการของจินเนติกอัลกอริทึมเท่านั้น โดยได้ทำการเรียบเรียงและคัดสรรงานวิจัยบางส่วน สำหรับการดึงคุณลักษณะ



เด่นจากภาพและการจำแนกรูปแบบของรูปภาพชนิดต่าง ๆ โดยใช้จินเนติกอัลกอริทึมมาประยุกต์ใช้ ดังนี้

Li, Wu, Wan และ Zhu (2011) ได้นำเสนอระบบแบบพันทางที่ใช้จินเนติกอัลกอริทึม ร่วมกับ เครื่องเวกเตอร์แบบเกือหนุน (support vector machine) ในการจำแนกรูปแบบของรูปภาพที่ได้จากเครื่องกวาดภาพช่วงคลื่นละเอียดสูง (hyperspectral image) โดยวิธีการเลือกลักษณะเด่น (feature selection) ซึ่งมีหลักการคือทำการรวมรูปภาพที่ได้จากแถบคลื่นที่มีเงื่อนไขร่วมกันไปเป็นจุดแบ่งของแถบคลื่นที่แยกจากกันของปริภูมิการค้นหาเพื่อให้ได้เซตของแถบคลื่นที่ไม่ซ้ำกันและลดขนาดของปริภูมิการค้นหาด้วย จากนั้นใช้จินเนติกอัลกอริทึมที่ทำงานร่วมกับเครื่องเวกเตอร์เกือหนุนในการค้นหาจุดที่เหมาะสมที่สุดในการรวมกันของแถบคลื่น แล้วทำการจำแนกข้อมูล

Lin, Chen และ Wu (2014) ได้นำเสนอระบบการกู้คืนและจำแนกรูปภาพโดยการเลือกคุณลักษณะเด่นด้วยจินเนติกอัลกอริทึม (genetic algorithm feature selection หรือ GAFS) การเลือกคุณลักษณะเด่นแบบไปหน้า (sequential forward selection หรือ SFS) และการเลือกคุณลักษณะเด่นแบบกลับหลัง (sequential backward selection หรือ SBS) โดยทั้งสามวิธีนี้ทำให้ปริภูมิการเลือกคุณลักษณะเด่นมีขนาดเล็กลง และพัฒนาอัตราการจดจำรูปแบบ

Nagarajan, Minu, Muthukumar, Vedanarayanan และ Sundarsingh (2016) ได้นำเสนอระบบแบบพันทางที่ประกอบไปด้วยจินเนติกอัลกอริทึมในการดึงคุณลักษณะเด่น และเลือกคุณลักษณะเด่นของรูปภาพทางการแพทย์ (medical image) โดยงานวิจัยนี้ได้ทำการดึงคุณลักษณะเด่นด้วยวิธีการหาเกรเดียนต์ของเส้นแสดงรูปร่าง (contour gradient) จากนั้นทำการบ่งชี้เวกเตอร์คุณลักษณะเด่นที่มีศักยภาพ (potential feature vector) ด้วยจินเนติกอัลกอริทึม โดยการคัดเลือกคุณลักษณะเด่น แล้วใช้อัลกอริทึมแบบพันทางที่ประกอบไปด้วย Branch and bound algorithm และ อาณานิคมผึ้งเทียม (artificial bee colony algorithm) ในการจำแนกรูปแบบของรูปมะเร็งเต้านม มะเร็งสมอง และ โรคไตรอยด์

Hu, Y.Liu, M.Liu และ Nie (2016) ได้นำเสนอระบบการจำแนกรูปภาพของจุดดำหนิบนพื้นผิวของแถบเหล็กขนาดใหญ่แบบเรียลไทม์ โดยใช้จินเนติกอัลกอริทึมแบบโครโมโซมพันทาง (hybrid chromosome) ซึ่งระบบได้ทำการดึงคุณลักษณะเด่นของรูปภาพออกมาแล้วนำคุณลักษณะเด่นนี้ไปฝึกสอนระบบโดยจินเนติกอัลกอริทึมที่มีโครงสร้างของโครโมโซมแบบพันทางซึ่งถูกออกแบบให้เป็นการรวมกันระหว่างฟังก์ชันของเคอเนล (kernel function), คุณลักษณะที่ตามองเห็น (visual features) และพารามิเตอร์ของแบบจำลอง (model parameters) ได้ทำการคัดเลือกคุณลักษณะเด่นที่ดีที่สุด แล้วทำการจำแนกรูปแบบด้วยเครื่องเวกเตอร์เกือหนุน

Aydogan, Karaoglan และ Pardalos (2012) ได้นำเสนอระบบการจำแนกกลุ่มข้อมูลทางภาษาศาสตร์ที่มีหลายมิติแบบกฎของฟัซซี่ (high-dimensional classification problems in linguistic fuzzy rule-based) โดยระบบประกอบไปด้วยเงินเนติกอัลกอริทึมร่วมกับสูตรโปรแกรมแบบจำนวนเต็ม (integer-programming formulation) ซึ่งใช้โครโมโซมเป็นตัวแทนของกฎที่จำแนกรูปแบบแต่ละรูปแบบ โดยที่เงินเนติกอัลกอริทึมใช้ในการผลิตกฎที่หลากหลายสำหรับแต่ละประเภทของข้อมูล และสูตรโปรแกรมแบบจำนวนเต็มใช้ในการเลือกกฎที่หลากหลายนั้น งานวิจัยนี้ได้ทดสอบระบบกับฐานข้อมูลมาตรฐาน 17 ฐานข้อมูล ผลที่ได้แสดงให้เห็นว่าระบบมีความแม่นยำในการจำแนกข้อมูลที่สูงมาก

## 2.8 สรุป

บทที่ 2 นี้ ได้นำเสนอทฤษฎี และหลักการต่าง ๆ ที่ต้องใช้ในการทำการวิจัยระบบการดึงลักษณะเด่นและการจำแนกรูปแบบของรูปภาพในวิทยานิพนธ์ฉบับนี้ ได้แก่ แบบจำลองสี่ แผนผังคุณลักษณะการจัดการตัวเอง แผนผังคุณลักษณะการจัดการตัวเองแบบโครงสร้าง และเงินเนติกอัลกอริทึม นอกจากนี้ยังได้ทำการรายงานผลการสืบค้นวรรณกรรมวิจัยย้อนหลังที่เกี่ยวข้องกับงานวิจัยที่จะดำเนินการ จากฐานข้อมูล IEEE IEE ScienceDirect และอื่น ๆ ซึ่งทำให้ทราบถึงแนวทางการวิจัยที่เกี่ยวข้อง ระเบียบวิธีที่ผู้วิจัยอื่น ๆ ได้นำมาใช้ ผลการดำเนินงาน ข้อเสนอแนะต่าง ๆ จากคณະนักวิจัยตั้งแต่อดีตจนถึงปัจจุบัน



## บทที่ 3

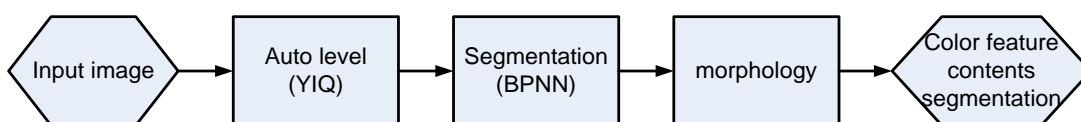
### ระบบการดึงคุณลักษณะเด่นและการจำแนกรูปแบบ

#### 3.1 กล่าวนำ

ในวิทยานิพนธ์นี้นำเสนอระบบการดึงคุณลักษณะเด่น และการจำแนกรูปแบบด้วย อัลกอริทึมใหม่ ที่มีหลักการพื้นฐานของจินเนติกอัลกอริทึม (Genetic Algorithm) หรือ GA ร่วมกับ แผนที่คุณลักษณะเด่นแบบโครงสร้างปรับตัวได้ (Structure-Adaptive Self-Organizing Maps) หรือ SASOM โดยที่โครงสร้างหลักของระบบได้ใช้โครงสร้างพื้นฐานของ GA ที่มีการพัฒนารูปแบบของโครโมโซมใหม่ซึ่งแตกต่างจากโครโมโซมของ GA แบบดั้งเดิมที่มีรูปแบบเป็นสายอักขระของบิต (bit string) โดยรูปแบบโครโมโซมของวิทยานิพนธ์นี้มีรูปแบบโครโมโซมเป็นแผนผังโนด (node map) ซึ่งพัฒนามาจากแผนผังโนด ของ SASOM เรียกโครโมโซมที่เป็นแผนผังโนดนี้ว่า แผนที่โครโมโซม (chromosome map) ซึ่งใช้เป็นแบบจำลองคุณลักษณะเด่นของภาพ โดยมีจุดประสงค์เพื่อให้แผนผังโนดมีวิวัฒนาการไปสู่การเป็นแบบจำลองคุณลักษณะเด่นที่ดีที่สุดของรูปแบบเป็นอินพุตให้กับระบบ แล้วนำแผนผังโนดที่ได้นี้ไปทำการจำแนกรูปแบบของรูปภาพต่อไป โดยโครงสร้างของระบบมีรายละเอียด ดังต่อไปนี้

#### 3.2 กระบวนการประมวลผลก่อน (Preprocessing)

ก่อนนำภาพเข้าไปในขั้นตอนการจำแนกรูปแบบของภาพ ต้องผ่านกระบวนการประมวลผลก่อน เพื่อลดข้อจำกัดทางด้านแสงสว่างของภาพ ความแตกต่างของช่วงเวลาที่ทำการบันทึกข้อมูลภาพ และความแตกต่างของกล้องที่ใช้บันทึกข้อมูล แผนที่แสดงขั้นตอนการทำงาน ของระบบแสดงดังรูปที่ 3.1



รูปที่ 3.1 แผนที่การทำงานของกระบวนการประมวลผลก่อน

รายละเอียดของการประมวลผลก่อนมีขั้นตอนดังต่อไปนี้

**3.2.1 การปรับระดับสีและแสงภายในภาพแบบอัตโนมัติ** เนื่องจากปัญหาของการบันทึกภาพในช่วงเวลาและสภาวะแวดล้อมที่ต่างกันทำให้ข้อมูลของสีและแสงของวัตถุภายในภาพที่ได้แตกต่างกัน ทำให้การจำแนกรูปแบบได้ผลไม่ดีนัก ดังนั้นเพื่อแก้ปัญหานี้ งานวิจัยนี้จึงใช้วิธีการปรับระดับความเหมาะสมของสีและแสงในภาพแบบอัตโนมัติ โดยนำภาพต้นแบบมาทำการแปลงปริภูมิสีจาก RGB เป็น YIQ แล้วหาความสัมพันธ์ในการปรับระดับสีและแสงดังสมการที่ 3.1 - 3.3 เมื่อทำการปรับระดับสีและแสงแล้วจึงแปลงปริภูมิสีกลับเป็น RGB

$$\mu_{im} = \frac{1}{m \times n} \sum_{n=1}^{m \times n} I(n) \quad (3.1)$$

$$\mu_{new} = \mu_{tar} - \mu_{im} \quad (3.2)$$

$$I_{new} = I(n) + \mu_{new} \quad (3.3)$$

โดยที่  $I(n)$  คือ ข้อมูลภาพระดับเทาของแต่ละระนาบปริภูมิสี YIQ

$\mu_{im}$  คือ ค่าเฉลี่ยของข้อมูลภาพที่ต้องการปรับระดับสีและความสว่าง

$\mu_{tar}$  คือ ค่าเฉลี่ยของข้อมูลภาพอ้างอิงและภาพระดับเทาที่มีเมทริกซ์ขนาด  $m \times n$

**3.2.2 การแยกส่วนคุณลักษณะสีออกจากพื้นหลัง** ในงานวิจัยนี้ใช้โครงข่ายประสาทเทียมแบบแพร่กลับในการแยกส่วนคุณลักษณะสีออกจากพื้นหลัง โดยมีการนำเสนออินพุตตัวอย่างให้กับโครงข่ายในรูปของกลุ่มอินพุตและเป้าหมายที่ต้องการให้โครงข่ายตอบสนอง แล้วระบบทำการเปรียบเทียบอินพุตกับเป้าหมาย ทำการปรับค่าน้ำหนักประสาทและไบอัสตามกฎการเรียนรู้ เพื่อให้เอาต์พุตของโครงข่ายเข้าสู่เป้าหมายที่ต้องการ โดยงานวิจัยนี้ใช้ค่า RGB ของภาพในช่วงที่เป็นคุณลักษณะสีที่ต้องการ ระบุเป้าหมายให้มีค่าเท่ากับ 1 และค่า RGB ของภาพในช่วงที่เป็นภาพพื้นหลัง ระบุเป้าหมายให้มีค่าเท่ากับ 0 มาทำการฝึกสอนโครงข่าย ดังสมการที่ 3.4

$$\begin{aligned} \{X_{fc} = \{x_a = (r_a, g_a, b_a) \mid a = 1, \dots, A\}, t_{fc} = 1\} \text{ และ} \\ \{X_{bg} = \{x_c = (r_c, g_c, b_c) \mid c = 1, \dots, C\}, t_{bg} = 0\} \end{aligned} \quad (3.4)$$

เมื่อระบบมีการนำเสนออินพุตและเป้าหมายให้โครงข่ายเรียนรู้ เอาต์พุตที่ได้ถูกนำไปเปรียบเทียบกับเป้าหมาย เพื่อให้ค่าความผิดพลาดของเอาต์พุตและเป้าหมายมีค่าน้อยที่สุด ซึ่งค่า

ความผิดพลาดระหว่างเอาต์พุตและเป้าหมายเป็นตัวชี้ประสิทธิภาพของระบบ ซึ่งงานวิจัยนี้ได้ใช้ค่าความผิดพลาดแบบกำลังสองเฉลี่ย (mean-square error) เป็นตัวชี้ประสิทธิภาพ

**3.2.3 กระบวนการทางรูปร่าง (morphology)** หลังจากทำการแยกส่วนคุณลักษณะสีที่ต้องการออกจากภาพพื้นหลัง ตามขั้นตอนเบื้องต้นแล้ว ในการแยกส่วนภาพพื้นหลังยังคงมีส่วนที่เป็นข้อมูลจุดเล็ก ๆ ที่ไม่สามารถแยกส่วนออกได้ด้วยกระบวนการแยกส่วนทางสีเป็นผลให้การจำแนกรูปแบบมีประสิทธิภาพลดลง ดังนั้นเพื่อเพิ่มประสิทธิภาพให้กับระบบจึงต้องทำการกำจัดบริเวณดังกล่าวออกด้วยกระบวนการทางรูปร่าง โดยการลดขอบภาพ แปลงเป็นภาพขาวดำ (binary image) ลบบริเวณที่เป็นจุดเล็ก ๆ ที่ไม่ต้องการออก แปลงภาพกลับเป็นภาพสี

### 3.3 ระบบการดึงคุณลักษณะเด่นและการจำแนกรูปแบบ

วิทยานิพนธ์นี้ใช้อัลกอริทึม GA-SASOM เพื่อทำการดึงคุณลักษณะเด่นให้อยู่ในรูปของแบบจำลองแผนผังคุณลักษณะเด่น (feature model map) เพื่อใช้แผนผังนี้ในการจำแนกรูปแบบของรูปภาพ โดยอัลกอริทึม GA-SASOM นี้เป็นโครงสร้างใหม่ที่มีโครงสร้างในลักษณะเดียวกับจินเนติกอัลกอริทึม โดยอัลกอริทึมใหม่นี้ มีกระบวนการที่เหมือนจินเนติกอัลกอริทึมแบบพื้นฐาน ได้แก่ การสร้างโครโมโซมใหม่ การคัดเลือกโครโมโซม กระบวนการทางสายพันธุ์ และการแทนที่โครโมโซม แต่ในส่วนของโครโมโซม นั้นอัลกอริทึมใหม่นี้ ได้ใช้โครโมโซมที่มีลักษณะของแผนผังโนด (node map) เรียกว่า แผนผังโครโมโซม (chromosome map) ซึ่งได้พัฒนามาจาก แผนผังโนดของแผนผังการจัดการตัวเองแบบโครงสร้างปรับตัวได้ (structure-adaptive self-organizing map หรือ SASOM) นอกจากนี้ ในส่วนของกระบวนการทางสายพันธุ์ วิทยานิพนธ์นี้ได้นำเสนอกระบวนการทางสายพันธุ์แบบใหม่สำหรับแผนผังโครโมโซมอีกด้วย สำหรับอัลกอริทึมนี้ได้แบ่งออกเป็น 2 ระบบ คือ ระบบการดึงคุณลักษณะเด่นของรูปภาพให้กลายเป็นแผนผังโครโมโซม และระบบการจำแนกรูปแบบของรูปภาพ สำหรับในส่วนของระบบการดึงคุณลักษณะเด่นให้เป็นแผนผังโครโมโซมแสดงได้แสดงดังรูปที่ 3.2 และรายละเอียดของอัลกอริทึมนำเสนอดังต่อไปนี้

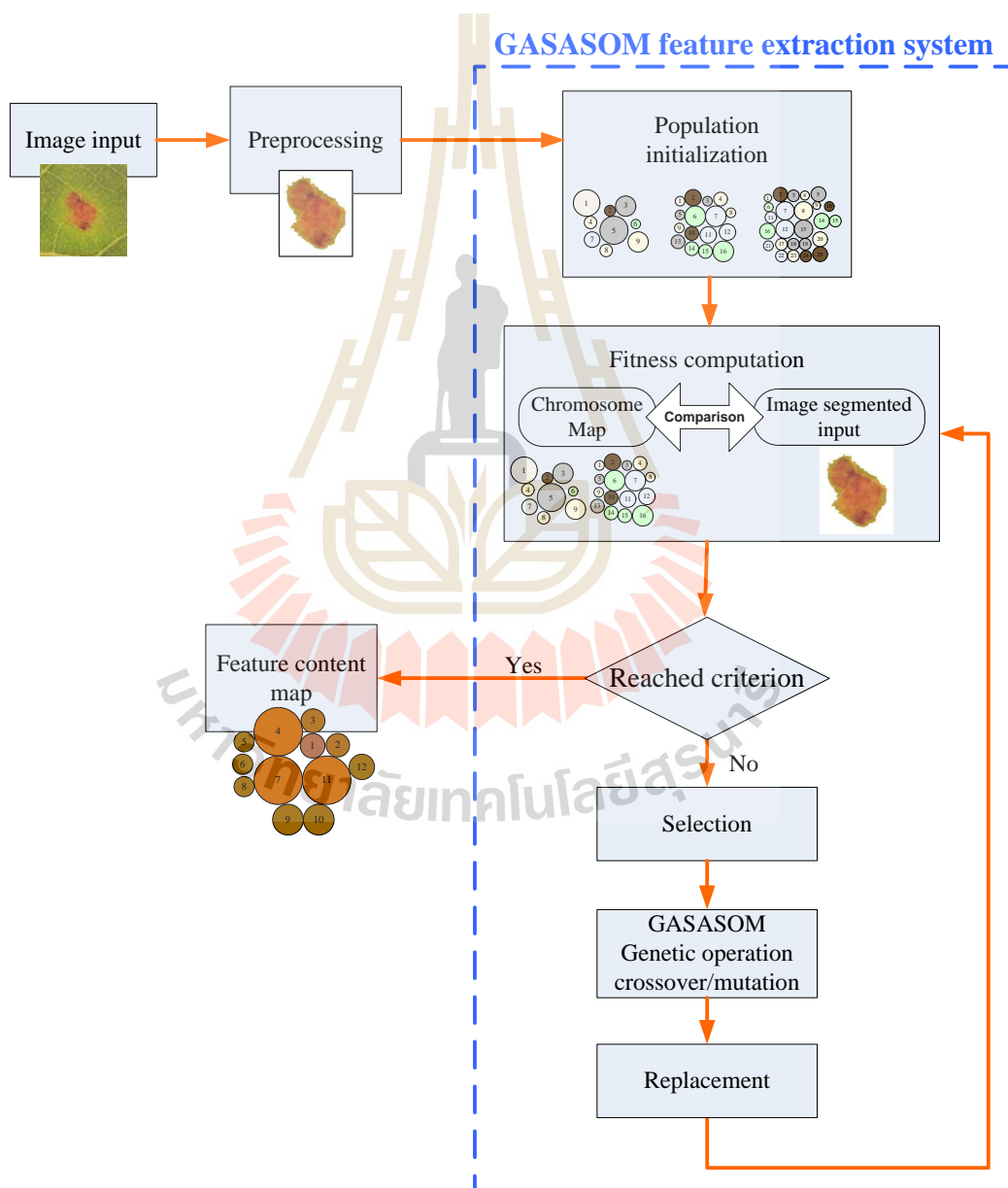
**3.3.1 อินพุตของระบบ** สำหรับอินพุตของระบบนั้น ได้ใช้รูปแบบของคุณลักษณะสีอินพุตที่แยกส่วนแล้ว หรือ  $FC$  ดังแสดงในหัวข้อที่ 3.2 โดยอินพุตของระบบแสดงในรูปแบบของเซตดังสมการที่ 3.5

$$FC = \left\{ \begin{array}{l} fc_k = \{r_k, g_k, b_k\} \\ rc_k = \{row_k, col_k\} \end{array} \right\} \quad (3.5)$$

โดยที่  $fc_k$  คือ คุณสมบัติที่แยกส่วนแล้วที่จุดสีที่  $k$  ซึ่งประกอบไปด้วยค่าจุดสีแดง เขียว และน้ำเงินที่ผ่านการทำให้เป็นมาตรฐานเดียวกัน (normalization) แล้ว ดังสมการที่ 3.6

$$r_k = \frac{R_k}{255}, g_k = \frac{G_k}{255} \text{ และ } b_k = \frac{B_k}{255} \quad (3.6)$$

และ  $rc_k$  คือ คู่อันดับของแถว (row) และ หลัก (column) ของจุดสีที่  $k$  ของคุณสมบัติอินพุตที่แยกส่วนแล้ว



รูปที่ 3.2 แผนภาพแสดงรายละเอียดของการดึงคุณลักษณะเด่นของอัลกอริทึม GA-SASOM

**3.3.2 โครงสร้างของแผนผังโครโมโซม** (chromosome map structure) สำหรับโครงสร้างของแผนผังโครโมโซมที่วิทยานิพนธ์นี้นำเสนอ นั้น ประกอบไปด้วย โหนด 2 รูปแบบ คือ โหนดหลัก (primary node) และ โหนดย่อย (minor node) โดยที่โหนดหลัก คือ โหนดที่มีขนาดใหญ่ที่สุดในแผนผัง โหนด และ โหนดย่อย คือ โหนดที่เหลือที่ไม่ใช่โหนดหลัก ซึ่งแผนผังโครโมโซมนี้นำเสนอโดยใช้เลขจำนวนจริงที่ใช้แทนค่าของตำแหน่ง สี และ ขนาดของแต่ละโหนด ดังแสดงในสมการที่ 3.7

$$CMap_l = \left\{ \begin{array}{l} Node_{pri,l} = \{P_{p,l}, C_{p,l}\} \\ Node_{minor,l} = \{P_{m,l}, C_{m,l}, S_{m,l}\} \end{array} \right\} \quad (3.7)$$

โดยที่  $l$  คือ ลำดับที่  $l$  ของแผนผังโครโมโซมในจำนวนประชากร (populations),  $Node_{pri,l}$  คือ เซตของโหนดหลักทั้งหมดในแผนผังโครโมโซมลำดับที่  $l$  ประกอบไปด้วย ตำแหน่งของโหนด  $\{P_{p,l}\}$  และ สีของโหนด  $\{C_{p,l}\}$ ,  $Node_{minor,l}$  คือ เซตของโหนดย่อยทั้งหมดในแผนผังโครโมโซมลำดับที่  $l$  ประกอบไปด้วย ตำแหน่งของโหนด  $\{P_{m,l}\}$  สีของโหนด  $\{C_{m,l}\}$  และ ขนาดของโหนด  $\{S_{m,l}\}$  โดยที่รายละเอียดของโครงสร้างทั้งหมดนี้ แสดงดังต่อไปนี้

- ตำแหน่งของโหนดหลักของแผนผังโครโมโซมลำดับที่  $l$  คือ จุดศูนย์กลางของแต่ละโหนดหลัก โดยแสดงเป็นเซต ดังนี้

$$P_{p,l} = \{p_i = (p_{i,x}, p_{i,y}) \mid i = 1, \dots, N\} \quad (3.8)$$

$$p_{i,x} = d_i \cos \theta_i \quad (3.9)$$

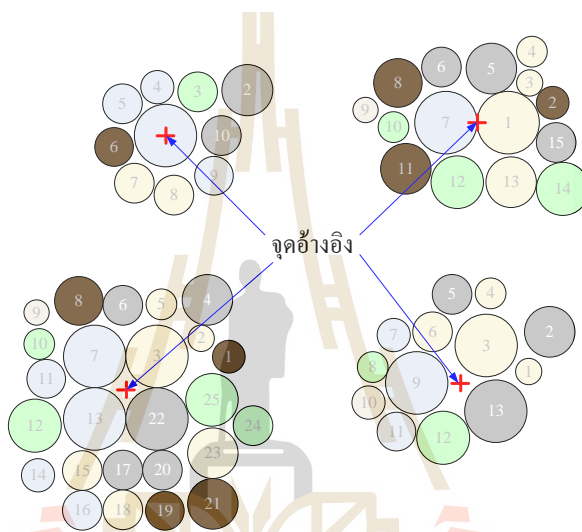
$$p_{i,y} = d_i \sin \theta_i \quad (3.10)$$

โดยที่  $p_i$  คือ จุดศูนย์กลางของโหนดหลักลำดับที่  $i$  ประกอบไปด้วยคู่ลำดับ  $(p_{i,x}, p_{i,y})$  โดยที่  $i$  เรียงลำดับจากตำแหน่งของจุดศูนย์กลางของโหนดหลักที่ใกล้จุดอ้างอิง (reference point) ที่สุดไปยังจุดที่ไกลที่สุด โดยเรียงลำดับจากค่ามุมจาก  $0-2\pi$  เรเดียน การกำหนดจุดอ้างอิงของแผนผังโครโมโซมนั้น ถ้าเป็นแผนผังโครโมโซมที่มีโหนดหลักเพียงโหนดเดียว ให้ใช้จุดศูนย์กลางของโหนดหลักเป็นจุดอ้างอิง ถ้าเป็นแผนผังโครโมโซมที่มีโหนดหลักหลายโหนด ให้ใช้จุดเซนทรอยด์ (centroid point) ของทุกโหนดหลักเป็นจุดอ้างอิง ดังแสดงในรูป 3.3 ตัวแปร  $d_i$  และ  $\theta_i$  แทนค่าของระยะทางและมุมระหว่างจุดอ้างอิง และจุดศูนย์กลางของโหนดหลักลำดับที่  $i$

- คุณลักษณะสีของแต่ละ โหนดหลักในแผนผังโครโมโซมลำดับที่  $l$  คือ ค่าจุดสีที่ทำให้เป็นมาตรฐานเดียวกันของแต่ละ โหนดหลัก แสดงเป็นเซตได้ดังสมการที่ 3.11

$$C_{p,l} = \{c_i = (r_i, g_i, b_i) | i = 1, \dots, N\} \quad (3.11)$$

โดยที่  $c_i$  เป็นค่าจุดสีของ โหนดหลัก ประกอบไปด้วย ค่าจุดสี RGB ที่ทำให้เป็นมาตรฐานเดียวกันแล้ว ดังแสดงในสมการ 3.6



รูปที่ 3.3 ตัวอย่างจุดอ้างอิงของแผนผังโครโมโซม

- ตำแหน่งของแต่ละ โหนดย่อยในแผนผังโครโมโซมลำดับที่ 1 คือ จุดศูนย์กลางของแต่ละ โหนดย่อย ซึ่งแสดงค่าเป็นเซต ดังสมการต่อไปนี้

$$P_{m,l} = \{p_j = (p_{j,x}, p_{j,y}) | j = 1, \dots, M\} \quad (3.12)$$

$$p_{j,x} = d_j \cos \theta_j \quad (3.13)$$

$$p_{j,y} = d_j \sin \theta_j \quad (3.14)$$

โดยที่  $p_j$  คือ จุดศูนย์กลางของ โหนดย่อย ลำดับที่  $j$  ประกอบไปด้วยคู่ลำดับ  $(p_{j,x}, p_{j,y})$  โดยที่  $j$  เรียงลำดับจากตำแหน่งของจุดศูนย์กลางของ โหนดย่อยที่ใกล้จุดอ้างอิงที่สุด ไปยังจุดที่ไกลที่สุด โดย

เรียงลำดับจากค่ามุม  $0-2\pi$  เรเดียน ตัวแปร  $d_j$  และ  $\theta_j$  คือระยะทาง และ มุม ระหว่างจุดศูนย์กลางของโนดย่อยที่  $j$  ไปยังจุดอ้างอิง

- คุณลักษณะสี่ของแต่ละโนดย่อยในแผนผังโครโมโซมลำดับที่  $l$  คือ ค่าจุดสีที่ทำให้เป็นมาตรฐานเดียวกันของแต่ละโนดย่อย แสดงเป็นเซตได้ดังสมการที่ 3.11

$$C_{m,l} = \{c_j = (r_j, g_j, b_j) \mid j = 1, \dots, M\} \quad (3.15)$$

โดยที่  $c_j$  เป็นค่าจุดสีของโนดย่อย ประกอบไปด้วย ค่าจุดสี RGB ที่ทำให้เป็นมาตรฐานเดียวกันแล้ว ดังแสดงในสมการ 3.6

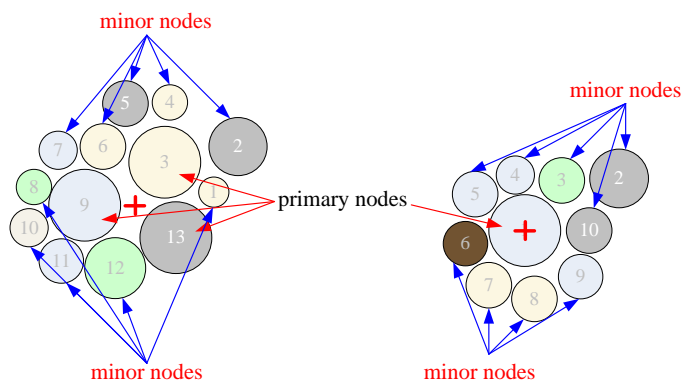
- ขนาดของแต่ละโนดย่อยในแผนผังโครโมโซมลำดับที่ 1 คือค่ารัศมีของโนดย่อย ที่ผ่านการทำให้เป็นมาตรฐานเดียวกันแล้ว ดังแสดงในสมการที่ 3.16

$$S_{m,l} = \{s_j \mid j = 1, \dots, M\} \quad (3.16)$$

โดยที่  $s_j$  คือขนาดของโนดย่อยลำดับที่  $j$  ซึ่งเป็นขนาดของรัศมีของโนดย่อยที่ผ่านการทำให้เป็นมาตรฐานเดียวกันแล้วดังสมการที่ 3.17

$$s_j = \frac{NS_j}{100} \quad (3.17)$$

โดยที่  $NS_j$  คือขนาดรัศมีของโนดย่อยลำดับที่  $j$  และ ค่า 100 คือขนาดของโนดหลักที่วิทยานิพนธ์นี้ ตั้งค่าไว้ โครงสร้างแผนผังโครโมโซม แสดงดังรูปที่ 3.4

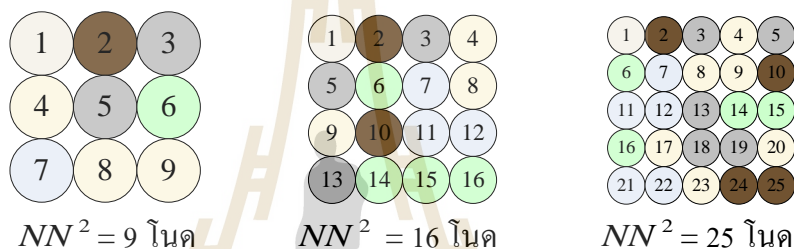


รูปที่ 3.4 โครงสร้างของแผนผังโครโมโซม



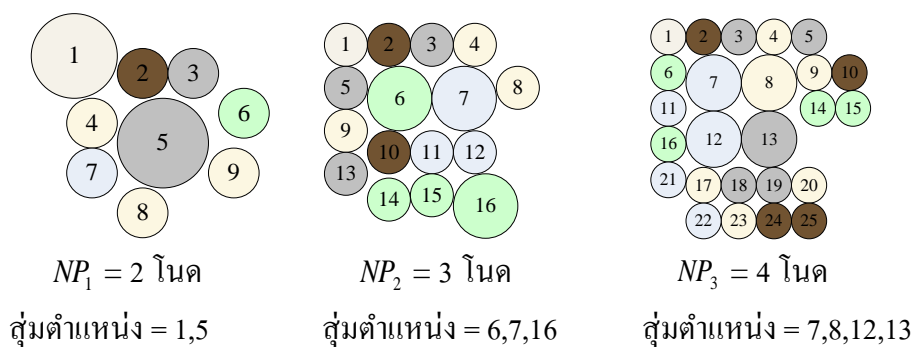
**3.3.3 การสร้างประชากรเริ่มต้น (Population initialization)** สำหรับแต่ละแผนผังโครโมโซมลำดับที่  $l$  ของกลุ่มประชากร (population) โดยที่  $l = 1, \dots, L$  เมื่อ  $L$  เป็นขนาดของกลุ่มประชากร ลำดับขั้นตอนของการสร้างประชากรเริ่มต้นแสดงรายละเอียดดังนี้

**ขั้นตอนที่ 1** สุ่มเลขจำนวนเต็มบวก  $NN_l$  ตามขนาดของกลุ่มประชากร ให้อยู่ในช่วงของ  $[NN_{\min}, NN_{\max}]$  โดยตัวเลขนี้กำหนดให้เป็นจำนวนของโนดในแผนผังโครโมโซมลำดับที่  $l$  ซึ่งมีจำนวนโนดเท่ากับ  $NN_l^2$  และสุ่มตัวเลขที่แทนค่าจุดสี RGB ที่ผ่านการทำให้เป็นมาตรฐานเดียวกันแล้วให้กับแต่ละโนด โดยสุ่มค่าจุดสีจากจุดสีในคุณลักษณะสีที่แบ่งแยกแล้วของรูปอินพุต ซึ่งค่าที่ได้จะอยู่ในช่วง  $[0, 1]$  และแต่ละโนดมีค่าตัวเลขจำนวนเต็มที่ใช้แทนตำแหน่งของโนด ดังแสดงในรูปที่ 3.5



รูปที่ 3.5 ตัวอย่างการสุ่มค่าจำนวน จุดสี และตำแหน่งของแต่ละโนดในแผนผังโครโมโซม

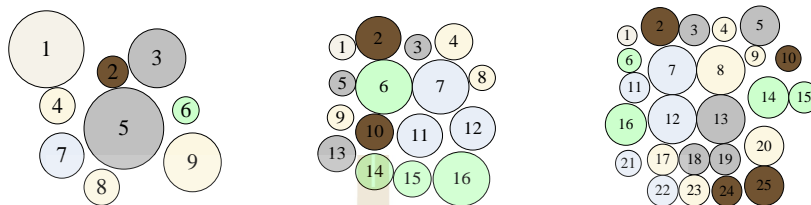
**ขั้นตอนที่ 2** สุ่มตัวเลขจำนวนเต็มบวก  $NP_l$  ให้อยู่ในช่วงของ  $[NP_{\min}, NP_{\max}]$  โดยตัวเลขนี้กำหนดให้เป็นจำนวนของโนดหลักในแผนผังโนดลำดับที่  $l$  ซึ่ง ค่า  $NP_{\max}$  จะต้องมีค่าน้อยกว่าหรือเท่ากับค่า  $NN^2$  หลังจากนั้นให้สุ่มตัวเลขที่ใช้แทนตำแหน่งของโนดหลัก ตามค่าของ  $NP_l$  กำหนดขนาดของโนดหลักเหล่านี้ให้มีขนาดรัศมี เท่ากับ 100 พิกเซล ตัวอย่างการสุ่มจำนวน และตำแหน่งของโนดหลักแสดงดังรูปที่ 3.6



รูปที่ 3.6 ตัวอย่างการสุ่มตัวเลขที่แทนค่าของโนดหลัก



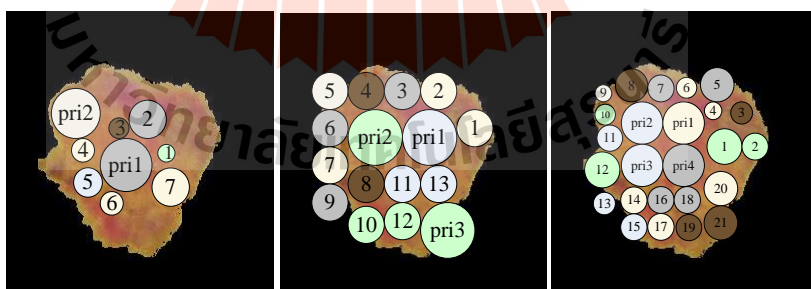
ขั้นตอนที่ 3 กำหนดให้โหนดที่เหลือทั้งหมดเป็น โหนดย่อย จากนั้นทำการสุ่มตัวเลขจำนวนเต็มบวก  $NS_i$  ให้อยู่ในช่วง  $[NS_{min}, NS_{max}]$  ตามจำนวนโหนดที่เหลือทั้งหมด โดยค่าตัวเลขนี้ใช้แทนขนาดรัศมีของแต่ละโหนดย่อย โดยที่ค่า  $NS_{max}$  ต้องมีค่าน้อยกว่า 100 พิกเซล ตัวอย่างของการสุ่มค่าขนาดของโหนดย่อยแสดงดังรูปที่ 3.7



รูปที่ 3.7 ตัวอย่างของการสุ่มขนาดของโหนดย่อย

ขั้นตอนที่ 4 สำหรับแต่ละแผนผังโครโมโซมที่ได้จากขั้นตอนข้างต้นแล้ว ให้แปลงค่าของแต่ละแผนผังโครโมโซมให้อยู่ในรูปของเซตของโครงสร้างแผนผังโครโมโซม ดังที่นำเสนอในหัวข้อ 3.3.2

3.3.4 การประเมินค่าความเหมาะสม (Fitness computation) การประเมินค่าความเหมาะสมของประชากรในวิทยานิพนธ์นี้ ใช้การวัดค่าความเหมือน (similarity) ของแผนผังโครโมโซมกับคุณลักษณะสีอินพุต โดยในการวัดค่าความเหมือนนี้วัดโดยการวางแผนผังโครโมโซมแต่ละแผนผังเทียบกับคุณลักษณะสีอินพุต ดังแสดงในรูปที่ 3.8



รูปที่ 3.8 ตัวอย่างของการเทียบตำแหน่งของแผนผังโครโมโซมกับคุณลักษณะสีอินพุต

หลังจากวางตำแหน่งแผนผังโหนดเทียบกับคุณลักษณะสีอินพุตแล้ว ในการวัดค่าความเหมือนของแผนผังโหนด กับ คุณลักษณะสีอินพุตนั้น ต้องทำการหาค่าตำแหน่งของแต่ละโหนดในแผนผังโครโมโซม ว่าตรงกับจุดสีในตำแหน่งแถว (row) และ หลัก (column) ใดในคุณลักษณะสีอินพุต ขั้นตอนการคำนวณค่าความเหมาะสมของประชากร มีรายละเอียดดังต่อไปนี้

**ขั้นตอนที่ 1** คำนวณหาค่าอัตราส่วนการทำให้เป็นมาตรฐานเดียวกันของแถว ( $row_{ratio}$ ) และค่าอัตราส่วนการทำให้เป็นมาตรฐานเดียวกันของหลัก ( $col_{ratio}$ ) ซึ่งค่าเหล่านี้ใช้เพื่อให้แผนผังโครโมโซมที่ได้มีขนาดเป็นมาตรฐานเดียวกับคุณลักษณะสีอินพุต ดังสมการต่อไปนี้

$$row_{ratio} = \frac{row_{max} - row_{min}}{(p_{y,max} + NS_{y,max}) - (p_{y,min} + NS_{y,min})} \quad (3.18)$$

$$col_{ratio} = \frac{col_{max} - col_{min}}{(p_{x,max} - NS_{x,max}) - (p_{x,min} - NS_{x,min})} \quad (3.19)$$

โดยที่  $row_{max}$  คือ ค่าแถวที่มากที่สุดของคุณลักษณะสีอินพุต,  $row_{min}$  คือ ค่าแถวลำดับต่ำสุดของคุณลักษณะสีอินพุต,  $p_{y,max}$  คือ ตำแหน่งของกลุ่มอันดับ  $y$  ของโนดที่มีค่าแถวมากที่สุดในแผนผังโครโมโซม,  $NS_{y,max}$  คือ รัศมีของโนดที่มีค่าแถวมากที่สุดในแผนผังโครโมโซม,  $p_{y,min}$  คือ ตำแหน่งของกลุ่มอันดับ  $y$  ของโนดที่มีค่าแถวลำดับต่ำสุดในแผนผังโครโมโซม,  $NS_{y,min}$  คือ รัศมีของโนดที่มีค่าแถวลำดับต่ำสุดในแผนผังโครโมโซม,  $col_{max}$  คือ ค่าหลักที่มากที่สุดของคุณลักษณะสีอินพุต,  $col_{min}$  คือ ค่าหลักที่มีค่าต่ำสุดของคุณลักษณะสีอินพุต,  $p_{x,max}$  คือ ตำแหน่งของกลุ่มอันดับ  $x$  ของโนดที่มีค่าหลักมากที่สุดในแผนผังโครโมโซม,  $NS_{x,max}$  คือ รัศมีของโนดที่มีค่าหลักมากที่สุดในแผนผังโครโมโซม,  $p_{x,min}$  คือ ตำแหน่งของกลุ่มอันดับ  $x$  ของโนดที่มีค่าหลักต่ำที่สุดในแผนผังโครโมโซม และ  $NS_{x,min}$  คือ รัศมีของโนดที่มีค่าหลักต่ำสุดในแผนผังโครโมโซม

**ขั้นตอนที่ 2** คำนวณหาตำแหน่งของจุดอ้างอิงของคุณลักษณะสีอินพุต  $\{row_{ref}, col_{ref}\}$  ดังสมการต่อไปนี้

$$row_{ref} = p_{y,ref} \cdot row_{ratio} \quad (3.20)$$

$$col_{ref} = p_{x,ref} \cdot col_{ratio} \quad (3.21)$$

โดยที่  $p_{y,ref}$  คือ ตำแหน่งกลุ่มอันดับ  $y$  ของจุดอ้างอิงในแผนผังโครโมโซม และ  $p_{x,ref}$  คือ ตำแหน่งกลุ่มอันดับ  $x$  ของจุดอ้างอิงในแผนผังโครโมโซม

**ขั้นตอนที่ 3** คำนวณจุดตัวอย่าง (sample points) ของคุณลักษณะสีอินพุต ที่สัมพันธ์กับตำแหน่งของแผนผังโครโมโซม ดังสมการต่อไปนี้

$$row_{fc,k} = p_{y,k} \cdot row_{ratio} \quad (3.22)$$

$$col_{fc,k} = p_{x,k} \cdot col_{ratio} \quad (3.23)$$

โดยที่  $\{row_{fc,k}, col_{fc,k}\}$  คือ แถว และ หลัก ที่  $k$  ของคุณลักษณะสีอินพุตที่สัมพันธ์กับคู่อันดับ  $\{p_{y,k}, p_{x,k}\}$  ซึ่งเป็นจุดศูนย์กลางของโนดที่  $k$  ในแผนผังโครโมโซม

ขั้นตอนที่ 4 กำหนดหาค่าความเหมาะสมของโครโมโซมลำดับที่  $l$  ดังสมการ 3.24

$$Fit_l = \frac{1}{C_{sim}} + \frac{1}{A_{ud,l}} \quad (3.24)$$

$$C_{sim,l} = \frac{1}{K} \left[ \sum_{k=1}^K \|fc_k - c_k\| \right] \quad (3.25)$$

$$A_{ud,l} = \frac{\|A_{fc} - A_{map}\|}{A_{map}} \quad (3.26)$$

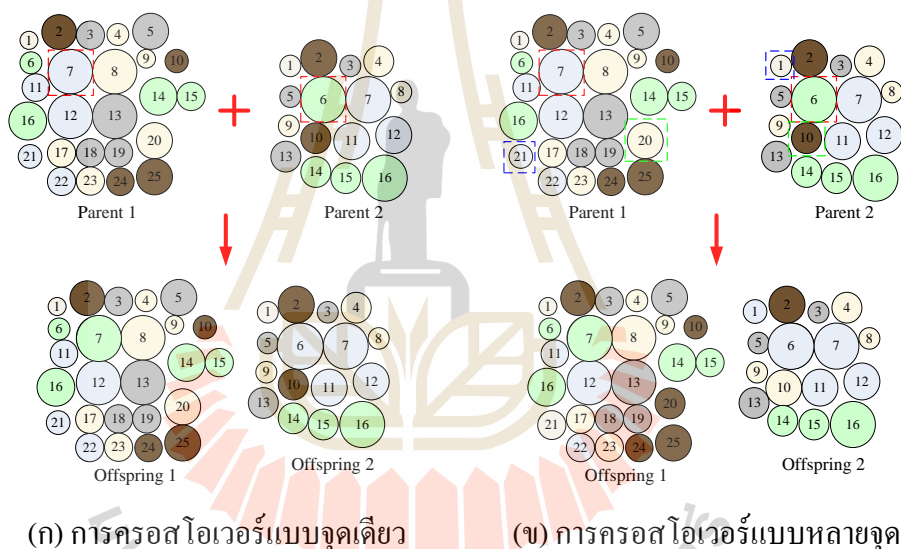
โดยที่  $C_{sim,l}$  คือ ค่าความแตกต่างของคุณลักษณะสีอินพุต  $\{fc_k\}$  ซึ่งสัมพันธ์กับคู่อันดับของแถว และหลัก ดังแสดงในสมการที่ 3.22 – 3.23 เทียบกับค่าของจุดสีของแต่ละโนดในแผนผังโครโมโซม  $\{c_k\}$ ,  $A_{ud,l}$  คือ พื้นที่ที่อยู่นอกเขตของแผนผังโครโมโซม (undefined area) ซึ่งเป็นค่าผลต่างของจำนวนจุดภาพของคุณลักษณะสีอินพุต  $\{A_{fc}\}$  กับจำนวนจุดภาพที่แปลงมาจากพื้นที่ทั้งหมดของแผนผังโครโมโซม  $\{A_{map}\}$

จุดมุ่งหมายคือต้องได้ค่าความแตกต่างของคุณลักษณะสีอินพุตกับแผนผังโครโมโซม  $\{C_{sim,l}\}$  ที่มีค่าน้อยที่สุด และค่าพื้นที่นอกเขตที่มีค่าน้อยที่สุด ดังนั้นการกำหนดหาค่าความเหมาะสมของโครโมโซมลำดับที่  $l$   $\{Fit_l\}$  ดังสมการที่ 3.24 ค่าความแตกต่างของคุณลักษณะสีอินพุตและพื้นที่นอกเขตที่มีค่าน้อย จะให้ค่าความเหมาะสมที่มีค่ามาก

**3.3.5 กระบวนการทางสายพันธุ์ (Genetic operations) สำหรับอัลกอริทึม GA-SASOM** นี้ ได้พัฒนากระบวนการทางสายพันธุ์แบบครอสโอเวอร์ และแบบมิวเตชันของจินเนติกอัลกอริทึมแบบดั้งเดิม เพื่อให้เหมาะสมกับแผนผังโครโมโซม ดังนี้

**การครอสโอเวอร์ (crossover) :** อัลกอริทึม GA-SASOM มีการทำครอสโอเวอร์ 2 แบบด้วยกัน คือ การครอสโอเวอร์แบบจุดเดียว (single-point crossover) และการครอสโอเวอร์แบบหลาย

จุด (multiple-point crossover) โดยสำหรับขั้นตอนกระบวนการทางสายพันธุ์นั้น ระบบได้ทำการคัดเลือกแผนผังโครโมโซม เพื่อเป็นโครโมโซมพ่อแม่ (parents) สำหรับการครอสโอเวอร์แบบจุด เดียวนั้น ระบบทำการสุ่มเลือกโนด 1 โนด จากแต่ละแผนผังโครโมโซมพ่อแม่ แล้วทำการสลับโนด โดยนำโนดที่เลือกในแผนผังโครโมโซมพ่อแม่ที่หนึ่ง ไปใส่ในตำแหน่งของโนดที่เลือกในแผนผังโครโมโซมพ่อแม่ที่สอง แล้วนำโนดที่เลือกในแผนผังโครโมโซมพ่อแม่ที่สองไปใส่ในตำแหน่งของโนดที่เลือกในแผนผังโครโมโซมพ่อแม่ที่หนึ่ง ดังแสดงภาพตัวอย่างในรูปที่ 3.10 (ก) และ สำหรับการครอสโอเวอร์แบบหลายจุดนั้น ระบบทำการสุ่มเลือกจำนวนเต็มบวก  $\alpha$  เพื่อใช้เป็นจำนวนโนดที่ต้องทำการครอสโอเวอร์ แล้วทำการสุ่มเลือกโนดจากแผนผังโครโมโซมพ่อแม่ทั้งสองแผนผัง ตามจำนวน  $\alpha$  จุด แล้วสลับโนดทั้งหมดของแผนผังโครโมโซมพ่อแม่ ภาพแสดงการครอสโอเวอร์แบบหลายจุดแสดงดังรูปที่ 3.9 (ข)



รูปที่ 3.9 ตัวอย่างกระบวนการครอสโอเวอร์

**การมิวเตชัน (mutation) :** อัลกอริทึม GA-SASOM ได้นำเสนอการมิวเตชันด้วยกันทั้งหมด 3 แบบ คือ การมิวเตชันจุดสี (color mutation) การมิวเตชันแบบลบโนด (delete node mutation) และ การมิวเตชันแบบเพิ่มโนด (addition node mutation) โดยรายละเอียดของการทำมิวเตชันแบบต่าง ๆ มีดังต่อไปนี้

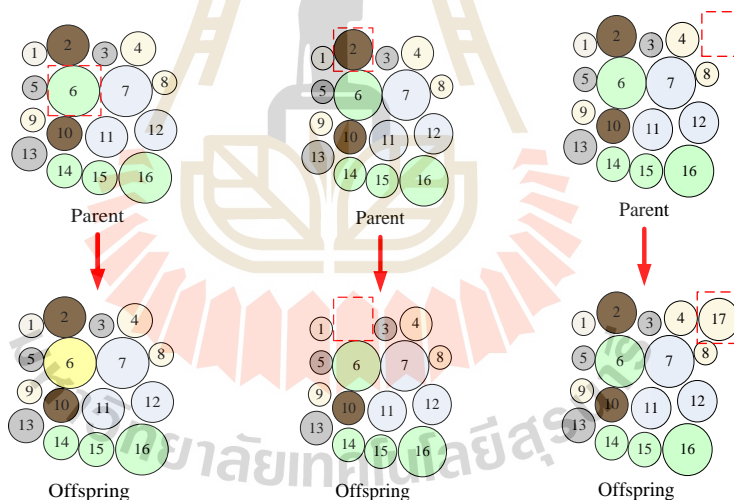
- การทำมิวเตชันแบบจุดสี มีกระบวนการดังนี้คือ ทำการสุ่มเลือกโนด 3 โนด จากแผนผังโครโมโซมพ่อแม่ 1 แผนผัง แล้วทำการกลายพันธุ์ (mutate) ค่าจุดของของโนดนั้น โดยการสุ่มค่าเซต  $[\sigma \ \beta \ \gamma]$  โดยสุ่มตัวเลขที่อยู่ในช่วง  $[0, 1]$  หลังจากนั้นให้ทำการกลายพันธุ์ค่าของจุดสี  $\{c_{j,mu}\}$  ของโนด  $j$  ซึ่งเป็น โนดที่ถูกสุ่มขึ้นมา ดังสมการที่ 3.27

$$c_{j,mu} = (r_j \pm (\sigma \cdot r_j), g_j \pm (\beta \cdot g_j), b_j \pm (\gamma \cdot b_j)) \quad (3.27)$$

โดยที่ เครื่องหมาย '+' หรือ '-' เกิดขึ้นด้วยความน่าจะเป็นที่เท่ากัน รูปภาพแสดงตัวอย่างของการมิวเตชันแบบจุดสี แสดงดังรูปที่ 3.10 (ก)

- การทำมิวเตชันแบบลดโนด มีกระบวนการคือ ทำการสุ่มค่าโนด 1 โหนดจากแผนผังโครโมโซมพ่อแม่ 1 แผนผัง แล้วลบโนดนั้นทิ้งไป รูปภาพแสดงตัวอย่างของการมิวเตชันแบบลดโนด แสดงดังรูปที่ 3.10 (ข)

- การทำมิวเตชันแบบเพิ่มโนด มีกระบวนการคือ ทำการสุ่มค่าจุดสีคุณลักษณะสีอินพุตที่อยู่ในพื้นที่ที่อยู่นอกเขตของแผนผังโครโมโซมพ่อแม่ จากนั้นสร้างโนดใหม่ขึ้นมา 1 โหนด โดยกำหนดให้ค่าจุดสีของคุณลักษณะสีอินพุตที่สุ่มได้นี้เป็น ค่าสีของโนดใหม่ และตำแหน่งของจุดสีเป็นตำแหน่งของจุดศูนย์กลางของโนดใหม่ ส่วนขนาด หรือ รัศมีของโนดใหม่ ให้ใช้ระยะทางจากจุดศูนย์กลางของโนดใหม่ไปยังโนดในแผนผังโครโมโซมพ่อแม่ที่ใกล้กับโนดใหม่ที่สุด รูปภาพแสดงตัวอย่างของการมิวเตชันแบบเพิ่มโนด แสดงดังรูปที่ 3.10 (ค)



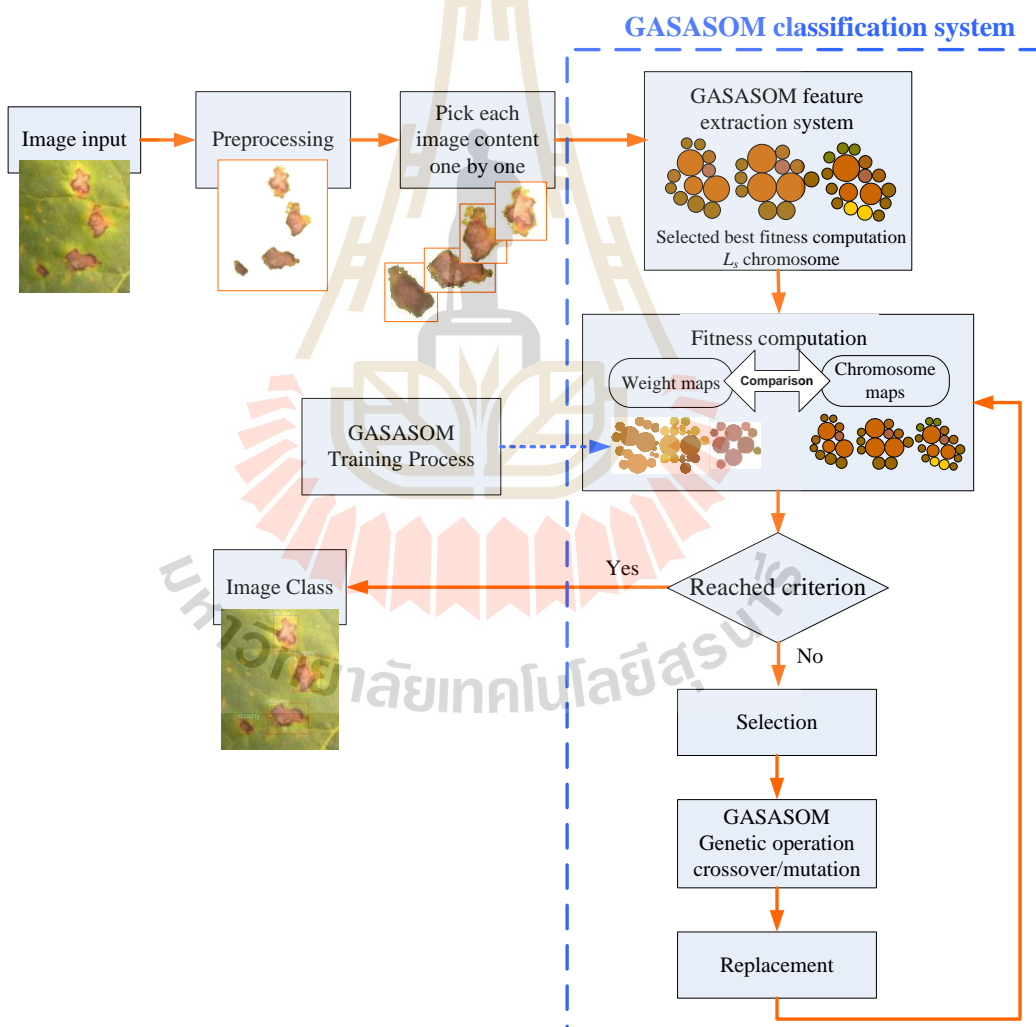
(ก) การมิวเตชันจุดสี (ข) การมิวเตชันแบบลดโนด (ค) การมิวเตชันแบบเพิ่มโนด

รูปที่ 3.10 ตัวอย่างกระบวนการทำมิวเตชันแบบต่าง ๆ

**3.3.6 กระบวนการจำแนกรูปแบบ (classification process)** สำหรับการจำแนกรูปภาพอินพุต อัลกอริทึมนี้ได้ใช้ แผนผังแม่แบบ (template maps) ซึ่งเป็นแผนผังแม่แบบที่ได้จากแม่แบบของคุณลักษณะสีอินพุตแล้วนำมาทำการดึงคุณลักษณะเด่นด้วยอัลกอริทึม GA-SASOM ตามกระบวนการที่กล่าวมาข้างต้น โดยแผนผังโครโมโซมสุดท้ายที่ได้จากกระบวนการคำนวณหาค่า

ความเหมาะสม การคัดเลือกสายพันธุ์ และผ่านกระบวนการทางสายพันธุ์ จนค่าความเหมาะสมถึงค่าที่ตั้งไว้ หรือจนกระทั่งวนรอบครบตามจำนวนรอบสูงสุดแล้วนั้น นำมาเป็นแผนผังแม่แบบ และใช้ในการฝึกสอน โครงข่ายของการจำแนกรูปแบบ โดยนำแผนผังแม่แบบนี้มาทำการปรับค่าโครงสร้างของแผนผังน้ำหนักประสาท (weight map) ที่ใช้เป็นตัวแทนของรูปภาพแต่ละแบบ

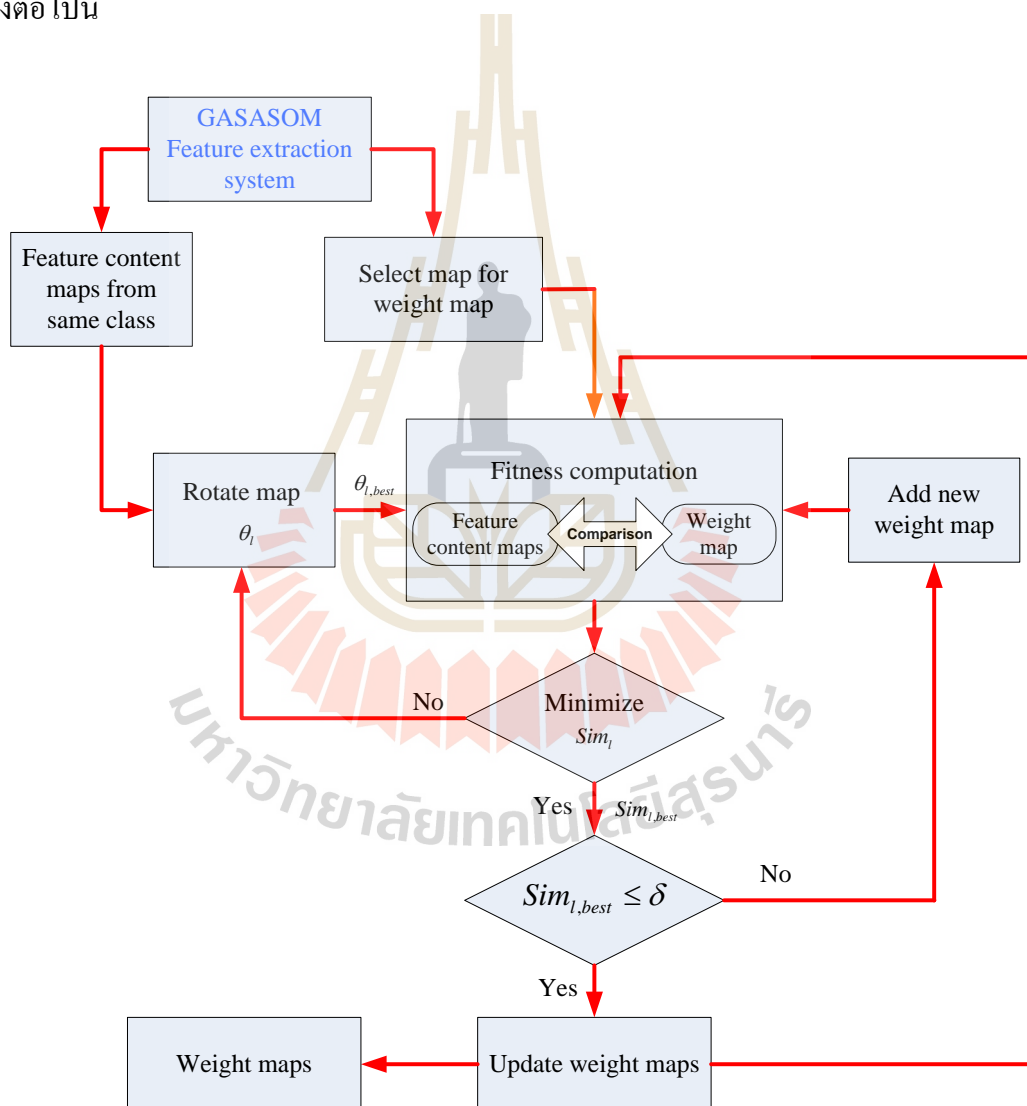
โครงสร้างของโครงข่ายการจำแนกรูปแบบนี้ พัฒนาขึ้นมาจาก แผนผังการจัดการตัวเองของ Kohonen โดยแผนผังน้ำหนักประสาทของอัลกอริทึม GA-SASOM นี้ ได้ใช้ โครงสร้างของแผนผังโนด แบบเดียวกับโครงสร้างของแผนผังโครโมโซม ดังแสดงในรูปที่ 3.4 ไม่ได้ใช้เวกเตอร์น้ำหนักประสาทเหมือนกับแผนผังการจัดการตัวเองของ Kohonen รายละเอียดขั้นตอนการทำงานของระบบการจำแนกรูปแบบของอัลกอริทึม GA-SASOM แสดงดังรูปที่ 3.11



รูปที่ 3.11 โครงสร้างการทำงานของระบบการจำแนกรูปแบบของอัลกอริทึม GA-SASOM

สำหรับกระบวนการจำแนกรูปแบบรูปภาพนี้ อัลกอริทึมนี้ได้แบ่งการทำงานออกเป็น 2 โหมดด้วยกัน คือ โหมดการฝึกสอน (training mode) และโหมดการจำแนกรูปแบบ (classify mode) ซึ่งรายละเอียดของแต่ละโหมด แสดงดังต่อไปนี้

**โหมดการฝึกสอน :** โหมดนี้ใช้แผนผังโครโมโซมที่แทนคุณลักษณะเด่นของแต่ละรูปแบบที่ได้จากขั้นตอนการดึงคุณลักษณะเด่นด้วยอัลกอริทึม GA-SASOM มาใช้ในการฝึกสอนแผนผังแม่แบบ ให้เป็นแผนผังน้ำหนักประสาท เพื่อใช้ในการจำแนกรูปแบบของรูปภาพ รายละเอียดขั้นตอนการทำงานของระบบในโหมดการฝึกสอนแสดงดังรูปที่ 3.12 ขั้นตอนของการฝึกสอนมีดังต่อไปนี้



รูปที่ 3.12 โครงสร้างการทำงานของระบบการฝึกสอนแผนผังโครโมโซม



**ขั้นตอนที่ 1** เลือกแผนผังแม่แบบ เพื่อให้เป็นแผนผังน้ำหนักประสาทรเริ่มต้น  $\{w_{cl}\}$  แสดงดังสมการที่ 3.28

$$w_{cl} = \left\{ \begin{array}{l} \text{Node}_{pri,w-cl} = \{P_{p,w-cl}, C_{p,w-cl}\} \\ \text{Node}_{minor,w-cl} = \{P_{m,w-cl}, C_{m,w-cl}, S_{m,w-cl}\} \end{array} \right\} \quad (3.28)$$

**ขั้นตอนที่ 2** กำหนดให้  $\{TMap_l\}$  เป็นแผนผังแม่แบบลำดับที่  $l$  ดังแสดงในสมการที่ 3.29 โดยแม่แบบนี้เป็นแม่แบบที่มาจากรูปภาพอินพุตรูปแบบเดียวกันกับแผนผังน้ำหนักประสาทรเริ่มต้น

$$TMap_l = \left\{ \begin{array}{l} \text{Node}_{pri,l} = \{P_{p,l}, C_{p,l}\} \\ \text{Node}_{minor,l} = \{P_{m,l}, C_{m,l}, S_{m,l}\} \end{array} \right\} \quad (3.29)$$

**ขั้นตอนที่ 3** กำหนดจุดอ้างอิงของแผนผังแม่แบบลำดับที่  $l$  ให้เป็นจุดเดียวกับ จุดอ้างอิงของแผนผังน้ำหนักประสาท ทำการหมุนแผนผังแม่แบบลำดับที่  $l$  ด้วยมุม  $\theta_l$  เรเดียน ทำให้ตำแหน่งของแต่ละโนดหลักในแผนผังแม่แบบที่แสดงในสมการที่ 3.8 – 3.10 และตำแหน่งของโนดย่อยในแผนผังแม่แบบที่แสดงในสมการที่ 3.12 – 3.14 เปลี่ยนไปดังนี้

$$P'_{p,l} = \{p'_i = (p'_{i,x}, p'_{i,y}) \mid i = 1, \dots, N\} \quad (3.30)$$

$$p'_{i,x} = d_i \cos(\theta_i - \theta_l) \quad (3.31)$$

$$p'_{i,y} = d_i \sin(\theta_i - \theta_l) \quad (3.32)$$

$$P'_{m,l} = \{p'_{j'} = (p'_{j',x}, p'_{j',y}) \mid j' = 1, \dots, M'\} \quad (3.33)$$

$$p'_{j',x} = d_{j'} \cos(\theta_{j'} - \theta_l) \quad (3.34)$$

$$p'_{j',y} = d_{j'} \sin(\theta_{j'} - \theta_l) \quad (3.35)$$



ขั้นตอนที่ 4 คำนวณค่าความเหมือนของแผนผังแม่แบบลำดับที่  $l$  เทียบกับแผนผังน้ำหนักประสาท โดยค่าความเหมือนนี้คำนวณ โดยการเทียบจุดตัวอย่าง (sample points) ของแผนผังแม่แบบ เทียบกับแผนผังน้ำหนักประสาท โดยกำหนดจุดตัวอย่างเป็นจุด 5 จุดของแต่ละโนดในแผนผัง คือ จุดศูนย์กลาง จุดบนสุด จุดล่างสุด จุดซ้ายสุด และจุดขวาสุด แล้วเรียงลำดับจุดตัวอย่างเหล่านี้โดย เทียบกับระยะทางจากจุดอ้างอิงจากน้อยไปมาก เรียงจากมุม  $0-2\pi$  เรเดียน ดังแสดงในสมการต่อไป

$$WSP = \{P_{k,w}, C_{k,w}\} \quad (3.36)$$

$$TSP_l = \{P'_{k,l}, C_{k,l}\} \quad (3.37)$$

โดยที่  $WSP$  คือ เซตของจุดตัวอย่างของแผนผังน้ำหนักประสาท ประกอบไปด้วย ตำแหน่งของจุดตัวอย่าง  $\{P_{k,w}\}$  ซึ่งเป็นค่าคู่อันดับ  $(x, y)$  ของจุดตัวอย่างที่  $k$  ซึ่งวัดเทียบกับจุดอ้างอิง  $k = 1, 2, \dots, K$  และจุดสี  $\{C_{k,w}\}$  ของแต่ละจุดตัวอย่าง และ  $TSP_l$  คือ เซตของจุดตัวอย่างของแผนผังแม่แบบลำดับที่  $l$  คำนวณหาค่าความเหมือน  $\{Sim_l\}$  ของทั้งสองแผนผังจากจุดตัวอย่าง ดังสมการต่อไป

$$C_{cl-l} = \frac{1}{K} \left[ \sum_{k=1}^K \|C_{k,w-cl} - C_{k,l}\| \right] \quad (3.38)$$

$$A_{cl-l} = \frac{\|A_{w-cl} - A_l\|}{A_{w-cl}} \quad (3.39)$$

$$Sim_l = \frac{C_{cl-l} + A_{cl-l}}{2} \quad (3.40)$$

ขั้นตอนที่ 5 คำนวณหามุมการหมุนที่ดีที่สุดของแผนผังแม่แบบลำดับที่  $l$  โดยที่มุมการหมุนที่ดีที่สุดของแผนผังแม่แบบลำดับที่  $l$   $\{\theta_{l,best}\}$  นั้นสามารถหาได้จากค่ามุมการหมุนที่ทำให้ได้ค่าความเหมือนของแผนผังแม่แบบเทียบกับแผนผังน้ำหนักประสาทได้น้อยที่สุด ดังสมการที่ 3.41

$$\theta_{l,best} = \min_{\theta_l}(Sim_l) \quad (3.41)$$

ดังนั้น ค่า  $\{Sim_{l,best}\}$  คือค่าความเหมือนที่ได้จากค่ามุมการหมุนที่ดีที่สุด กำหนดให้เป็นค่าความเหมือนของแผนผังแม่แบบลำดับที่  $l$

ขั้นตอนที่ 6 ปรับค่าแผนผังน้ำหนักประสาท ดังสมการที่ 3.42

$$WSP_{cl-n}(t+1) = \begin{cases} w_{cl-n}(t) + \alpha(t)[TSP_l - WSP_{cl-n}(t)] & \text{if } Sim_l \leq \delta \\ w_{cl-n}(t) & \text{if } Sim_l > \delta \end{cases} \quad (3.42)$$

โดยที่  $WSP_{cl-n}$  คือ จุดตัวอย่างของแผนผังน้ำหนักประสาทของรูปแบบที่  $cl$  ลำดับที่  $n$ ,  $\alpha(t)$  คือค่าอัตราการเรียนรู้ของระบบ มีค่าอยู่ในช่วง  $0 < \alpha(t) < 1$  และ  $\delta$  คือค่าเกณฑ์ของความเหมือน (similarity criterion) เนื่องจากในการเรียนรู้ของระบบเพื่อปรับค่าน้ำหนักประสาทนี้ ได้ใช้วิธีการฝึกสอนรูปแบบทีละรูปแบบ ดังนั้นในการฝึกสอนแต่ละรูปแบบได้ใช้แผนผังแม่แบบของรูปแบบเดียวกันทั้งหมดในการฝึกสอนระบบ ซึ่งสำหรับรูปแบบใดที่มีค่าความเหมือนน้อยกว่าค่า  $\delta$  ให้ทำการปรับค่าน้ำหนักประสาทของแผนผังน้ำหนักประสาท แต่ถ้าแผนผังแม่แบบใดที่มีค่าความเหมือนมากกว่าค่า  $\delta$  จะไม่มีการปรับค่าน้ำหนักประสาทของแผนผังน้ำหนักประสาทปัจจุบัน แต่จะทำการนำแผนผังแม่แบบนี้ มาเพิ่มเป็นแผนผังน้ำหนักประสาทของรูปแบบที่  $cl$  ลำดับที่  $n+1$  แทน และสำหรับการปรับค่าแผนผังน้ำหนักประสาทของแผนผังแม่แบบรอบถัดไป ต้องทำการเปรียบเทียบแผนผังแม่แบบ กับแผนผังน้ำหนักประสาททั้งหมดก่อน ว่าแผนผังแม่แบบอินพุตมีความเหมือนกับแผนผังน้ำหนักประสาทไหนที่สุด โดยคำนวณหาสิ่งที่นำเสนอในขั้นตอนที่ 1 - 5 ซึ่งทำให้ได้ค่าความเหมือนของแผนผังแม่แบบอินพุต เทียบกับแผนผังน้ำหนักประสาททั้งหมด แล้วหาแผนผังน้ำหนักประสาทที่มีค่า  $\{Sim_{l-n}\}$  น้อยที่สุด ดังสมการที่ 3.43 เป็นแผนผังน้ำหนักประสาทผู้ชนะ ให้ทำการปรับค่าแผนผังน้ำหนักประสาทผู้ชนะดังสมการที่ 3.42

$$n_{winner} = \min_n \{Sim_{l-n}\}, n = 1, 2, \dots, N \quad (3.43)$$

หลังจากทำการปรับค่าน้ำหนักประสาทครบตามรอบที่กำหนด และครบแผนผังแม่แบบทั้งหมดแล้ว แผนผังน้ำหนักประสาทที่ได้จากขั้นตอนการฝึกสอนนี้ นำไปเก็บไว้ในระบบเพื่อใช้ในการจำแนกรูปแบบรูปภาพต่อไป

โหมดการจำแนกรูปแบบ : โหมดนี้ใช้ในการจำแนกรูปแบบของรูปภาพ โดยใช้แผนผังน้ำหนักประสาทของแต่ละรูปแบบในการจำแนกรูปแบบของรูปภาพอินพุต โดยกำหนดให้

$$W = \{\{w_{1-1}, \dots, w_{1-n1}\}, \{w_{2-1}, \dots, w_{2-n2}\}, \dots, \{w_{cl-1}, \dots, w_{cl-nm}\}\} \quad (3.44)$$

เป็นเซตของแผนผังน้ำหนักระสาท โดยที่  $w_{cl-nm}$  คือ แผนผังน้ำหนักระสาทของรูปแบบ  $cl$  ลำดับที่  $nm$  ซึ่ง แต่ละรูปแบบมีจำนวนแผนผังน้ำหนักระสาทไม่เท่ากัน แล้วนำแผนผังอินพุต  $\{Map\}$  ที่ได้จากการดึงลักษณะเด่น โดยใช้อัลกอริทึม GA-SASOM มาคำนวณหาค่าความเหมือนกับทุกค่าแผนผังน้ำหนักระสาทในเซตของแผนผังน้ำหนักระสาท โดยทำการคำนวณตามขั้นตอนที่ 3 – 6 ในหัวข้อโหมดการฝึกสอน และแผนผังน้ำหนักระสาทผู้ชนะที่ได้ก็คือรูปแบบของรูปภาพอินพุต

### 3.4 การพิสูจน์การลู่เข้าหาผลเฉลยของอัลกอริทึม GA-SASOM

การพิสูจน์การลู่เข้าหาผลเฉลยของอัลกอริทึม GA-SASOM ใช้ระเบียบวิธีความน่าจะเป็น (probabilistic approach) ในการพิสูจน์ว่าการอัลกอริทึม GA-SASOM มีคุณสมบัติการลู่เข้าหาคำตอบวงกว้าง ภายใต้เงื่อนไข และทฤษฎีบท ดังรายละเอียดต่อไปนี้

กำหนดให้  $S$  เป็นปริภูมิการค้นหา (search space) และฟังก์ชัน  $f: S \rightarrow R$  ของปัญหาการหาผลเฉลย  $\arg \max_{X \in S} f(X)$  โดยตัวแปรตัดสินใจ (decision variables)  $X$  ถอดรหัสเป็นสายสตริง (string) ของเลขจำนวนจริง ที่อยู่ในช่วง  $[0, 1]$  ซึ่งความยาวของสายสตริงมีค่าเป็น  $l_1, l_2, \dots, l_M$  และ  $f(X)$  เป็นฟังก์ชันค่าความเหมาะสมของ GA-SASOM

อัลกอริทึมของ GA-SASOM ที่ทำการพิสูจน์การลู่เข้าหาผลเฉลยในวิทยานิพนธ์นี้ ประกอบไปด้วยขั้นตอน ดังต่อไปนี้

**ขั้นตอนที่ 1** สร้างกลุ่มประชากรเริ่มต้น  $P(0)$  ของแผนผังโครโมโซมจำนวน  $M$  แผนผัง

**ขั้นตอนที่ 2** ทำการคัดเลือกแผนผังโครโมโซมในประชากรรุ่นปัจจุบัน  $P(n)$  เพื่อให้เป็นกลุ่มแผนผังโครโมโซมพ่อแม่  $Y_1^k, Y_2^k$  โดยที่  $k = 1, 2, \dots, M - 1$

**ขั้นตอนที่ 3** ทำการครอสโอเวอร์กับกลุ่มแผนผังโครโมโซมพ่อแม่ที่คัดเลือกไว้ในขั้นตอนที่ 2 ทำให้ได้แผนผังโครโมโซมลูกหลาน (offspring)  $Y_i'(n+1)$  โดยที่  $1 \leq i \leq M - 1$  แล้วทำการมิวเตชันกับแผนผังโครโมโซมลูกหลานทั้งหมด ทำให้เกิดกลุ่มประชากรในรุ่นถัดไปเป็นดังสมการ

$$P'(n+1) = \{Y_i'(n+1), 1 \leq i \leq M - 1\} \quad (3.45)$$

และสำหรับกลุ่มประชากรรุ่นปัจจุบัน  $P(n)$  โดยที่

$$j_0 = \max \left\{ \arg \min_j (X_j(n)) \right\} \quad (3.46)$$

เป็นคำตอบที่ดีที่สุดที่ระบบการคัดเลือกคำตอบที่ดีที่สุด (elitist) ของ GA-SASOM ได้ทำการเลือกไว้แล้วได้นำคำตอบที่ดีที่สุด  $X_{j_0}(n)$  นี้ไปรวมไว้ในกลุ่มประชากรในรุ่นถัดไป ดังนี้

$$\mathbf{P}(n+1) = \{Y_1(n+1), \dots, Y_{M-1}(n+1), X_{j_0}(n)\} \quad (3.47)$$

**ขั้นตอนที่ 4** ถ้าคำตอบที่ดีที่สุดถึงค่าเกณฑ์ยุติการค้นหา (termination criteria) ให้หยุดกระบวนการค้นหา ถ้ายังไม่ใช่ให้ดำเนินการซ้ำตั้งแต่ขั้นตอนที่ (2) ถึงขั้นตอนที่ (4) จนกระทั่งได้คำตอบที่ดีที่สุดตามค่าเกณฑ์ยุติการค้นหาที่กำหนดไว้

นิยามและทฤษฎีบทที่ใช้ในการพิสูจน์การหาคำตอบของอัลกอริทึม GA-SASOM มีรายละเอียดดังต่อไปนี้

**นิยาม 1** กำหนดให้ แผนผังโครโมโซม  $X$  ถอดรหัส (encode) เป็นสายสตริงของเลขจำนวนจริงดังนี้

$$\begin{bmatrix} N_1^{x_1} \\ N_2^{x_1} \\ \vdots \\ N_{l_1}^{x_1} \end{bmatrix}, \begin{bmatrix} N_1^{x_2} \\ N_2^{x_2} \\ \vdots \\ N_{l_2}^{x_2} \end{bmatrix}, \dots, \begin{bmatrix} N_1^{x_M} \\ N_2^{x_M} \\ \vdots \\ N_{l_M}^{x_M} \end{bmatrix} \quad \text{โดยที่ } N_k^{x_i} \in [0,1]$$

ให้  $\mathbf{S}$  เป็นปริภูมิการค้นหา,  $\mathbf{M}$  เป็นขนาดจำนวนประชากร (population size) ดังนั้น  $\mathbf{S}^M = \{X = (X_1, X_2, \dots, X_M), X_i \in \mathbf{S}\}$  เป็นปริภูมิการค้นหาของประชากร (population search space)

**นิยาม 2** ฟังก์ชันการประเมินค่าความเหมาะสม (fitness function) คู่เข้าจำนวนจริงบวก  $f: \mathbf{S} \rightarrow \mathbf{R}^+$  และกำหนดให้  $\mathbf{S}^*$  เป็นเซตของคำตอบที่เหมาะสมที่สุดแบบวงกว้างในปริภูมิการค้นหา กำหนดค่าดังนี้  $\mathbf{S}^* = \{X; \forall Y \in \mathbf{S}, f(X) \geq f(Y)\}$

**นิยาม 3** กำหนดให้  $T_s$  เป็นกระบวนการคัดเลือกที่  $T_s: \mathbf{S}^M \rightarrow \mathbf{S}^2$  ถ้า  $\mathbf{P} \in \mathbf{S}^M$  แล้วค่าความน่าจะเป็นของกลุ่มแผนผังโครโมโซม  $X_i, X_j \in \mathbf{S}$  จะถูกเลือกให้เป็นแผนผังโครโมโซมพ่อแม่เวียนแทนได้ดังนี้

$$P\{T_s(\mathbf{P}) = (X_i, X_j)\} \quad (3.48)$$

**นิยาม 4** กำหนดให้  $T_c$  เป็นกระบวนการครอสโอเวอร์แบบโนคเดียว  $T_c : \mathbf{S}^2 \rightarrow \mathbf{S}$  เมื่อแผนผังโครโมโซมลูกหลาน  $Y$  เกิดขึ้นจากการครอสโอเวอร์โดยการสลับโนคระหว่าง แผนผังโครโมโซมพ่อแม่  $X_i$  และ  $X_j$  ดังนั้น ค่าความน่าจะเป็นที่แผนผังโครโมโซมลูกหลาน  $Y$  เกิดจากการครอสโอเวอร์ระหว่าง แผนผังโครโมโซมพ่อแม่  $X_i$  และ  $X_j$  เขียนแทนได้ดังนี้

$$P\{T_c(X_i, X_j) = Y\} \quad (3.49)$$

**นิยาม 5** กำหนดให้  $T_m$  เป็นกระบวนการมิวเตชันที่แปลงค่า (map) จากปริภูมิการค้นหา  $\mathbf{S}$  ไปยังปริภูมิการค้นหา  $\mathbf{S}$  นั่นคือ  $T_m : \mathbf{S} \rightarrow \mathbf{S}$  โดยที่เป็นการแปลงค่าแผนผังโครโมโซมพ่อแม่  $X_i$  ให้เป็นโครโมโซมลูกหลาน  $Y$  ดังนั้นค่าความน่าจะเป็นของการมิวเตชันแผนผังโครโมโซมพ่อแม่  $X_i$  เขียนแทนได้ดังนี้

$$P\{T_m(X_i) = Y\} \quad (3.50)$$

**นิยาม 6** กำหนดให้  $T_e$  เป็นกระบวนการคัดเลือกคำตอบที่เหมาะสมที่สุด ซึ่งเป็นการแปลงค่า (map) จากปริภูมิการค้นหาของกลุ่มประชากร  $\mathbf{S}^M$  ไปยัง  $\mathbf{S}^M$  นั่นคือ  $T_e : \mathbf{S}^M \rightarrow \mathbf{S}^M$  โดยที่กลุ่มประชากรรุ่นที่  $n$  และรุ่นที่  $n+1$  อยู่ในปริภูมิการค้นหาของกลุ่มประชากร  $\mathbf{S}^M$  เขียนได้เป็น  $\mathbf{P}(n), \mathbf{P}(n+1) \in \mathbf{S}^M$  และกลุ่มประชากรรุ่นที่  $n+1$  ที่เกิดจากกระบวนการคัดเลือก กระบวนการครอสโอเวอร์ และกระบวนการมิวเตชันของกลุ่มประชากรในรุ่นที่  $n$  อยู่ในปริภูมิการค้นหาของกลุ่มประชากร  $\mathbf{S}^{M-1}$  หรือเขียนได้เป็น  $\mathbf{P}'(n+1) \in \mathbf{S}^{M-1}$  ดังนั้น

$$\mathbf{P}'(n+1) = \{X_i(n+1) \mid X_i(n+1) = (T_m \circ T_c \circ T_s)_i(\mathbf{P}(n)), \quad i = 1, 2, \dots, M-1\} \quad (3.51)$$

กำหนดให้ แผนผังโครโมโซมลำดับที่  $j_0$  เป็นแผนผังโครโมโซมที่ให้ค่าความเหมาะสมที่ดีที่สุดของกลุ่มประชากรในรุ่นที่  $n$  ดังสมการ

$$j_0 = \max \left\{ \arg \min_j (f(X_j(n))); X_j(n) \in \mathbf{P}(n) \right\} \quad (3.52)$$

ดังนั้นกลุ่มประชากรรุ่นถัดไป หรือ รุ่น  $n+1$  คือ กลุ่มประชากรรุ่นที่  $n+1$  ที่เกิดจากกระบวนการคัดเลือก กระบวนการครอสโอเวอร์ และกระบวนการมิวเตชันของกลุ่มประชากรในรุ่นที่  $n$  และแผนผังโครโมโซมที่ให้ค่าความเหมาะสมที่ดีที่สุดของกลุ่มประชากรในรุ่นที่  $n$  ดังสมการที่ 3.53

$$\mathbf{P}(n+1) = (\mathbf{P}'(n+1), X_{j_0}(n)) \quad (3.53)$$

**ทฤษฎีบท ก.** ถ้า  $\mathbf{P}(n)$  เป็นลำดับของกลุ่มประชากรรุ่นปัจจุบันของอัลกอริทึม GA-SASOM โดยที่  $n \geq 0$  ดังนั้นความน่าจะเป็นของประชากรรุ่นปัจจุบัน  $\{\mathbf{P}(n); n \geq 0\}$  ขึ้นอยู่กับประชากรรุ่นก่อนหน้า

**พิสูจน์** จากขั้นตอนของอัลกอริทึม GA-SASOM,  $\mathbf{S}^M$  เป็นปริภูมิการค้นหาแบบปริภูมิจำกัด และจากสมการที่ 3.51 โดยที่  $\mathbf{P}(n+1)$  ซึ่งคือกลุ่มประชากรในรุ่น  $n+1$  มีความสัมพันธ์กับ  $\mathbf{P}(n)$  ซึ่งเป็นประชากรในรุ่นก่อนหน้า หรือรุ่น  $n$  เท่านั้น ดังนั้นลำดับของกลุ่มประชากรประชากรรุ่นที่  $n$  หรือรุ่นปัจจุบัน  $\{\mathbf{P}(n); n \geq 0\}$  ขึ้นอยู่กับกลุ่มประชากรรุ่นก่อนหน้า เมื่อกลุ่มประชากรทั้งหมดอยู่ในปริภูมิการค้นหาของกลุ่มประชากร หรือเขียนได้เป็น  $\forall \mathbf{P}_x, \mathbf{P}_y \in \mathbf{S}^M$  และแผนผังโครโมโซมลูกหลานลำดับที่  $j$  ของกลุ่มประชากรรุ่นที่  $n+1$  อยู่ในปริภูมิการค้นหา หรือเขียนได้เป็น  $Y_j(n+1) \in \mathbf{S}$

กำหนดให้  $\mathbf{P}(n) = \mathbf{P}_x$  เป็นกลุ่มประชากรพ่อแม่รุ่นที่  $n$  และกำหนดให้  $Y_j(n+1)$  แทนค่าเป็นแผนผังโครโมโซมลูกหลานลำดับที่  $j$  ในรุ่น  $n+1$  ที่เกิดจากกลุ่มประชากรรุ่น  $n$  ที่ผ่านกระบวนการคัดเลือกกลุ่มแผนผังโครโมโซมจากกลุ่มประชากรพ่อแม่รุ่นที่  $n$   $\{T_s(\mathbf{P}_x) = (Y_1^{(j)}, Y_2^{(j)})\}$  นำคู่แผนผังโครโมโซม  $(Y_1^{(j)}, Y_2^{(j)})$  ที่ได้จากการคัดเลือกมาผ่านกระบวนการครอสโอเวอร์ทำให้ได้แผนผังโครโมโซมใหม่ดังนี้  $\{T_c(Y_1^{(j)}, Y_2^{(j)}) = Z_j\}$  และนำแผนผังโครโมโซม  $Z_j$  มาทำกระบวนการมิวเตชันดังนี้  $\{T_m(Z_j) = Y_j(n+1)\}$  ดังนั้น

$$(T_m \circ T_c \circ T_s)_j(\mathbf{P}(n)) = Y_j(n+1) \quad (3.54)$$

ถ้า  $j \neq M$  แล้วค่าความน่าจะเป็นของโครโมโซมลูกหลานลำดับที่  $j$  ในรุ่น  $n+1$  ที่เกิดจากแผนผังโครโมโซมพ่อแม่ในรุ่นที่  $n$  มีค่าดังต่อไปนี้

$$\begin{aligned}
P\{Y_j(n+1) | \mathbf{P}(n)\} &= \sum_{(Y_1^{(j)}, Y_2^{(j)}) \in \mathbf{S}^2, Z_j \in \mathbf{S}} P\{T_s(\mathbf{P}_x)\} \cdot P\{T_c(Y_1^{(j)}, Y_2^{(j)})\} \cdot P\{T_m(Z_j)\} \\
&= \sum_{(Y_1^{(j)}, Y_2^{(j)}) \in \mathbf{S}^2, Z_j \in \mathbf{S}} P\{Y_1^{(j)}, Y_2^{(j)}\} \cdot P\{Z_j\} \cdot P\{Y_j(n+1)\} \\
&> 0
\end{aligned}$$

ถ้า  $j = M$  แล้วกระบวนการ  $T = T_m \circ T_c \circ T_s$  ไม่มีความสัมพันธ์กับ  $n$  ดังนี้

$$P\{Y_M(n+1) | \mathbf{P}(n)\} = \begin{cases} 1 & \text{เมื่อ } Y_M(n+1) = X_{j_0}(n) \\ 0 & \text{เมื่อ } Y_M(n+1) \neq X_{j_0}(n) \end{cases}$$

ดังนั้นสรุปได้ว่าลำดับของกลุ่มประชากรรุ่นที่  $n$  หรือ  $\mathbf{P}(n)$  ขึ้นอยู่กับกลุ่มประชากรรุ่นก่อนหน้า

**ทฤษฎีบท ข.** กำหนดให้  $\mathbf{P}(n)$  เป็นกลุ่มประชากรรุ่นที่  $n$  โดยที่  $n \geq 0$  และ  $\mathbf{S}^*$  เป็นเซตของคำตอบที่เหมาะสมที่สุดแบบวงกว้างในปริภูมิการค้นหา ถ้ากลุ่มประชากร  $\mathbf{P}(n)$  พบคำตอบที่เหมาะสมที่สุดแบบวงกว้างแล้ว ค่าความน่าจะเป็นที่จะไม่พบคำตอบที่เหมาะสมที่สุดแบบวงกว้างในกลุ่มประชากร  $\mathbf{P}(n+1)$  มีค่าเป็นศูนย์ หรือเรียกว่า  $\mathbf{P}(n)$  มีคุณสมบัติการอิ่มตัว (satisfies) เขียนแทนได้ดังสมการที่ 3.55

$$P(\mathbf{P}(n+1) \cap \mathbf{S}^* = \emptyset | \mathbf{P}(n) \cap \mathbf{S}^* \neq \emptyset) = 0 \quad (3.55)$$

พิสูจน์ จากทฤษฎีบท ก. แสดงให้เห็นว่าลำดับของกลุ่มประชากรรุ่นที่  $n$  หรือ  $\mathbf{P}(n)$  ขึ้นอยู่กับกลุ่มประชากรรุ่นก่อนหน้า กำหนดให้  $\mathbf{S}^*$  เป็นเซตของคำตอบที่เหมาะสมที่สุดแบบวงกว้างในปริภูมิการค้นหา โดยที่  $\mathbf{S}^* = \{X \in \mathbf{S}; f(X) \geq f(Y), Y \in \mathbf{S}\}$  จากนิยาม 6 แสดงให้เห็นว่า  $\mathbf{P}(n) \cap \mathbf{S}^* \neq \emptyset$  และ  $X_{j_0}(n)$  เป็นแผนผังโครโมโซมที่ให้ค่าความเหมาะสมมากที่สุดในกลุ่มประชากร  $\mathbf{P}(n)$  เขียนได้ดังนี้  $X_{j_0}(n) = \max_j \{f(X_j(n)), X_j(n) \in \mathbf{P}(n)\}$  ดังนั้น  $X_{j_0}(n)$  อยู่ในเซตของคำตอบที่เหมาะสมที่สุดแบบวงกว้างในปริภูมิการค้นหา หรือเขียนได้ดังนี้  $X_{j_0}(n) \in \mathbf{S}^*$  และ  $X_{j_0}(n)$  ยังอยู่ในกลุ่มประชากรรุ่นที่  $n+1$  หรือเขียนดังนี้  $X_{j_0}(n) \in \mathbf{P}(n+1)$  เพราะฉะนั้น



$$P(\mathbf{P}(n+1) \cap \mathbf{S}^* = \phi)$$

$$P(\mathbf{P}(n+1) \cap \mathbf{S}^* \neq \phi | \mathbf{P}(n) \cap \mathbf{S}^* \neq \phi) = 1 \quad (3.56)$$

$$P(\mathbf{P}(n+1) \cap \mathbf{S}^* = \phi | \mathbf{P}(n) \cap \mathbf{S}^* \neq \phi) = 0$$

ดังนั้นสรุปได้ว่า  $\mathbf{P}(n)$  มีคุณสมบัติการอิมตัว

**ทฤษฎีบท ก.** กำหนดให้  $\mathbf{P}(n)$  เป็นประชากรรุ่นที่  $n$  โดยที่  $n \geq 0$  และ  $\mathbf{S}^*$  เป็นเซตของคำตอบที่เหมาะสมที่สุดแบบวงกว้างในปริภูมิการค้นหา กำหนดให้  $\mu(n)$  เป็นค่าความน่าจะเป็นที่ไม่พบคำตอบที่เหมาะสมที่สุดในกลุ่มประชากรรุ่นที่  $n$  แต่พบคำตอบที่เหมาะสมที่สุดในกลุ่มประชากรรุ่นที่  $n+1$  หรือเขียนแทนได้เป็น  $\mu(n) = P\{\mathbf{P}(n+1) \cap \mathbf{S}^* \neq \phi | \mathbf{P}(n) \cap \mathbf{S}^* = \phi\}$  และ  $\lambda(n)$  เป็นค่าความน่าจะเป็นที่จะพบคำตอบที่เหมาะสมที่สุดแบบวงกว้างในกลุ่มประชากรรุ่นที่  $n$  หรือสามารถเขียนได้ดังนี้  $\lambda(n) = P\{\mathbf{P}(n) \cap \mathbf{S}^* \neq \phi\}$  เนื่องจากกลุ่มประชากร  $\mathbf{P}(n)$  มีคุณสมบัติการอิมตัวดังนั้น  $\mu(n) \geq 0$  และ  $\lim_{n \rightarrow +\infty} \prod_{i=0}^n [1 - \mu(i)] = 0$  ดังนั้นถ้า  $\lim_{n \rightarrow \infty} \lambda(n) = 1$  แล้ว  $\mathbf{P}(n)$  จะลู่เข้าหาคำตอบแบบวงกว้าง

**พิสูจน์** จากกฎของความน่าจะเป็นรวม (total probability formula) สำหรับทุกค่า  $n$  หรือ  $\forall n = 1, 2, \dots$

$$\begin{aligned} \lambda(n) &= \lambda(n-1)P\{\mathbf{P}(n) \cap \mathbf{S}^* \neq \phi | \mathbf{P}(n-1) \cap \mathbf{S}^* \neq \phi\} \\ &\quad + (1 - \lambda(n-1))P\{\mathbf{P}(n) \cap \mathbf{S}^* \neq \phi | \mathbf{P}(n-1) \cap \mathbf{S}^* = \phi\} \end{aligned} \quad (3.57)$$

จากทฤษฎีบท ข. แสดงให้เห็นว่า กลุ่มประชากร  $\mathbf{P}(n)$  มีคุณสมบัติการอิมตัว ดังนั้นแทนค่าสมการที่ 3.56 ลงในสมการ 3.57 ได้ดังสมการที่ 3.58

$$\lambda(n) = \lambda(n-1) + (1 - \lambda(n-1))P\{\mathbf{P}(n) \cap \mathbf{S}^* \neq \phi | \mathbf{P}(n-1) \cap \mathbf{S}^* = \phi\} \quad (3.58)$$

แทนค่า  $\mu(n)$  ลงในสมการที่ 3.56 ได้ดังนี้

$$\lambda(n) = \lambda(n-1) + (1 - \lambda(n-1))\mu(n-1)$$

$$\begin{aligned} 1 - \lambda(n) &= 1 - \lambda(n-1) + (1 - \lambda(n-1))\mu(n-1) \\ &= (1 - \lambda(n-1))(1 - \mu(n-1)) \end{aligned}$$

และ  $1 - \lambda(n-1) = (1 - \lambda(n-2))(1 - \mu(n-2))$

เพราะฉะนั้น

$$\begin{aligned} 1 - \lambda(n) &= (1 - \lambda(n-1)) \cdot (1 - \mu(n-1)) \\ &= (1 - \lambda(n-2)) \cdot (1 - \mu(n-2)) \cdot (1 - \mu(n-1)) \\ &= (1 - \lambda(0)) \prod_{i=0}^{n-1} (1 - \mu(i)) \end{aligned}$$

เพราะฉะนั้น  $\lim_{n \rightarrow +\infty} (1 - \lambda(n)) = (1 - \lambda(0)) \lim_{n \rightarrow +\infty} \prod_{i=0}^{n-1} (1 - \mu(i))$  (3.59)

แทนค่า  $\lim_{n \rightarrow +\infty} \prod_{i=0}^n [1 - \mu(i)] = 0$  ลงในสมการที่ 3.59 ได้ดังสมการ

$$\lim_{n \rightarrow +\infty} (1 - \lambda(n)) = 0$$

$$\lim_{n \rightarrow +\infty} (1) - \lim_{n \rightarrow +\infty} \lambda(n) = 0$$

เพราะฉะนั้น  $\lim_{n \rightarrow +\infty} \lambda(n) = 1$  นั่นคือ  $\lim_{n \rightarrow +\infty} P\{\mathbf{P}(n) \cap \mathbf{S}^* \neq \emptyset\} = 1$  แสดงว่า  $\mathbf{P}(n)$  เข้าสู่คำตอบแบบวงกว้าง

### 3.5 สรุป

บทที่ 3 นี้ได้นำเสนอขั้นตอน และหลักการในการดึงคุณลักษณะเด่นของภาพสี และการจำแนกรูปแบบของภาพโดยใช้อัลกอริทึม GA-SASOM ซึ่งมีขั้นตอนดังนี้

กระบวนการประมวลผลก่อน เพื่อลดข้อจำกัดทางด้านแสงสว่างของภาพ ความแตกต่างของช่วงเวลาที่ทำการบันทึกข้อมูลภาพ และความแตกต่างของกล้องที่ใช้บันทึกข้อมูล มีทั้งหมด 3 ขั้นตอน ดังนี้ การปรับระดับสีและแสงภายในภาพแบบอัตโนมัติ โดยใช้การหาค่าเฉลี่ยของข้อมูลอินพุต การแยกส่วนคุณลักษณะสีออกจากพื้นหลัง โดยใช้โครงข่ายประสาทเทียมแบบแพร่กลับ และกระบวนการทางรูปร่าง โดยการลดขอบภาพลบบริเวณที่เป็นจุดเล็ก ๆ ที่ไม่ต้องการออก

ระบบการดึงคุณลักษณะเด่นให้เป็นแผนผังโครโมโซม ได้ใช้รูปแบบของคุณลักษณะสีอินพุตที่แยกส่วนแล้วให้เป็นอินพุตของระบบ โดยค่าจุดสีที่ใช้ต้องทำให้เป็นมาตรฐานเดียวกันก่อนแล้วนำไปสร้างประชากรเริ่มต้น ที่ประกอบไปด้วยแผนผังโครโมโซม นำแผนผังโครโมโซมเหล่านี้มาทำการประเมินค่าความเหมาะสมของประชากร ใช้การวัดค่าความเหมือนของแผนผังโครโมโซมกับคุณลักษณะสีอินพุต โดยการวางแผนผังโครโมโซม แต่ละแผนผังเทียบกับคุณลักษณะสีอินพุต เมื่อได้ความเหมาะสมของแต่ละแผนผังโครโมโซมทำการคัดเลือกแผนผังโครโมโซมที่มีค่าความเหมาะสมมากมาเป็น แผนผังโครโมโซมพ่อแม่ แล้วนำมาทำกระบวนการทางสายพันธุ์ ที่ประกอบไปด้วย การครอสโอเวอร์ มี 2 ชนิดคือ การครอสโอเวอร์แบบจุดเดียว และการครอสโอเวอร์แบบหลายจุด การมิวเตชัน มี 3 ชนิดคือ การมิวเตชันแบบจุดสี การมิวเตชันแบบเพิ่ม โหนด และการมิวเตชันแบบลบ โหนด แล้วทำการหาค่าความเหมาะสมของแต่ละแผนผังโครโมโซม ทำซ้ำขั้นตอนไปจนกระทั่งได้แผนผังโครโมโซมที่เหมาะสมที่สุดเพื่อใช้แทนคุณลักษณะเด่นของอินพุต เรียกว่า แผนผังแม่แบบ

ระบบการฝึกสอนใช้แผนผังแม่แบบมาทำการฝึกสอน โครงข่ายของการจำแนกรูปแบบ โดยนำแผนผังแม่แบบนี้มาทำการปรับค่าโครงสร้างของแผนผังน้ำหนักประสาทที่ใช้เป็นตัวแทนของรูปภาพแต่ละแบบ โครงสร้างของโครงข่ายการจำแนกรูปแบบนี้ พัฒนาขึ้นมาจาก แผนผังการจัดการตัวเองของ Kohonen โดยแผนผังน้ำหนักประสาทของอัลกอริทึม GA-SASOM นี้ ได้ใช้โครงสร้างของแผนผังโนด แบบเดียวกับโครงสร้างของแผนผังโครโมโซม หลังจากทำการปรับค่าน้ำหนักประสาทครบตามรอบที่กำหนด และครบแผนผังแม่แบบทั้งหมดแล้ว แผนผังน้ำหนักประสาทที่ได้จากขั้นตอนการฝึกสอนนี้ นำไปเก็บไว้ในระบบเพื่อใช้ในการจำแนกรูปแบบรูปภาพต่อไป

ระบบการจำแนกรูปแบบของรูปภาพใช้แผนผังน้ำหนักประสาทของแต่ละรูปแบบในการจำแนกรูปแบบของรูปภาพอินพุต นำแผนผังอินพุตได้จากการดึงลักษณะเด่นโดยใช้อัลกอริทึม GA-SASOM มาคำนวณหาค่าความเหมือนกับทุกค่าแผนผังน้ำหนักประสาทในเซตของแผนผังน้ำหนักประสาท ตามโหมดการฝึกสอน และแผนผังน้ำหนักประสาทผู้ชนะที่ได้ก็คือรูปแบบของรูปภาพอินพุต

การพิสูจน์การรู้เข้าหาผลเฉลยของอัลกอริทึม GA-SASOM ใช้ระเบียบวิธีที่น่าจะเป็นในการพิสูจน์ว่าการอัลกอริทึม GA-SASOM มีคุณสมบัติการรู้เข้าหาคำตอบวงกว้าง ภายใต้ नियาม และทฤษฎีบทต่าง ๆ ผลการพิสูจน์แสดงให้เห็นว่าอัลกอริทึม GA-SASOM นี้มีการรู้เข้าหาผลเฉลยแบบวงกว้าง



## บทที่ 4

### กรณีศึกษาการประยุกต์ใช้งานระบบการจำแนกโรคใบองุ่น

#### 4.1 กล่าวนำ

ในส่วนของบทนี้ ได้นำเสนอกรณีศึกษาการประยุกต์ใช้งานการวินิจฉัยจำแนกโรคใบองุ่น จากภาพถ่ายใบองุ่นด้วยอัลกอริทึม GA-SASOM โดยวินิจฉัยโรคของใบองุ่นทั้งหมด 5 ประเภท ประกอบไปด้วยโรคอีบูน โรคราสนิม โรคราน้ำค้าง โรคราแป้ง และไม่เป็นโรค รายละเอียดของการประยุกต์ใช้งานอัลกอริทึม GA-SASOM ในการวินิจฉัยจำแนกโรคใบองุ่น มีดังต่อไปนี้

#### 4.2 ลักษณะอาการของโรคใบองุ่น

เนื่องจากโรคของใบองุ่นมีคุณลักษณะเฉพาะของโรคที่ชัดเจน และมีความแตกต่างจากลักษณะปกติของใบองุ่นอย่างชัดเจน ซึ่งลักษณะปกติของใบองุ่นที่ไม่เป็นโรค แสดงดังรูปที่ 4.1



รูปที่ 4.1 ลักษณะปกติของใบองุ่นที่ไม่เป็นโรค

ดังนั้นในการวินิจฉัยโรคของใบองุ่นสามารถพิจารณาลักษณะอาการของโรคได้จากภาพถ่ายดิจิทัล โดยรายละเอียดลักษณะอาการของโรคใบองุ่นมีดังต่อไปนี้

1. โรคอีบูน (Scab) มีลักษณะเป็นจุดสีน้ำตาลดำขอบแผลสีเข้ม เกิดกระจัดกระจาย ทำให้ใบอ่อนหงิกงอเนื่องจากเนื้อเยื่อตาย การเจริญของผิวใบไม่สม่ำเสมอ ใบที่แก่มักแตกกลางจุด ทำให้เนื้อเยื่อที่แห้งฉีกยุ่ยทำให้บริเวณกลางจุดเป็นรู ซึ่งจุดดำอาจเชื่อมกันทำให้ลักษณะใบไหม้แห้งตาย ตัวอย่างลักษณะอาการของโรคอีบูน แสดงดังรูปที่ 4.2



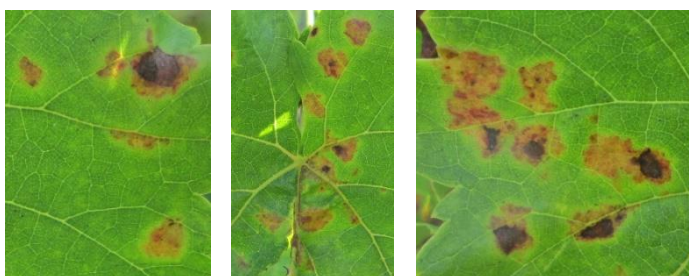
รูปที่ 4.2 ลักษณะอาการของโรคอินบูนในใบองุ่น

2. โรคราสนิม (Rust) ใบองุ่นมีลักษณะเป็นจุดสีเหลืองเล็ก ๆ ด้านบนใบ จุดเกิดเป็นกลุ่ม ๆ หรือกระจัดกระจายทั่วไป ด้านใต้ใบจะมีกลุ่มเชื้อราสีเหลืองส้ม ตัวอย่างลักษณะอาการของโรคราสนิม แสดงดังรูปที่ 4.3



รูปที่ 4.3 อาการของโรคราสนิมในใบองุ่น

3. โรคราน้ำค้าง (Downy mildew) ใบองุ่นที่ถูกโรคทำลายในระยะแรกจะเห็นเพียงจุดเล็กๆ สีเหลืองปนเขียวทางด้านบนของใบ ต่อมาจะขยายเป็นแผลโตขึ้นขนาดของรอยแผลไม่แน่นอน ในระยะนี้ถ้าดูด้านล่างของใบตรงที่เป็นแผลจะพบเชื้อราสีขาวอยู่เป็นกลุ่มอย่างเห็นได้ชัด ตัวอย่างลักษณะอาการของโรคราน้ำค้าง แสดงดังรูปที่ 4.4



รูปที่ 4.4 อาการของโรคราน้ำค้างในใบองุ่น



4. โรคราแป้ง (Powdery mildew) ด้านบนของใบจะเห็นผลสีขาวเป็นหย่อมๆ หรือทั่วไป ต่อมาผงสีขาวจะเปลี่ยนเป็นสีเทาและดำ บริเวณใบที่ถูกเชื้อราเข้าทำลายจะมีสีเหลืองอ่อนในระยะแรก ต่อมาจะเปลี่ยนเป็นสีน้ำตาลหรือดำ ถ้าเป็นโรครามากๆ ใบจะมีอาการม้วนงอได้ ตัวอย่างลักษณะอาการของโรคราแป้ง แสดงดังรูปที่ 4.5



รูปที่ 4.5 อาการของโรคราแป้งบนใบองุ่น

#### 4.3 กระบวนการประมวลผลก่อนสำหรับการจำแนกโรคใบองุ่น

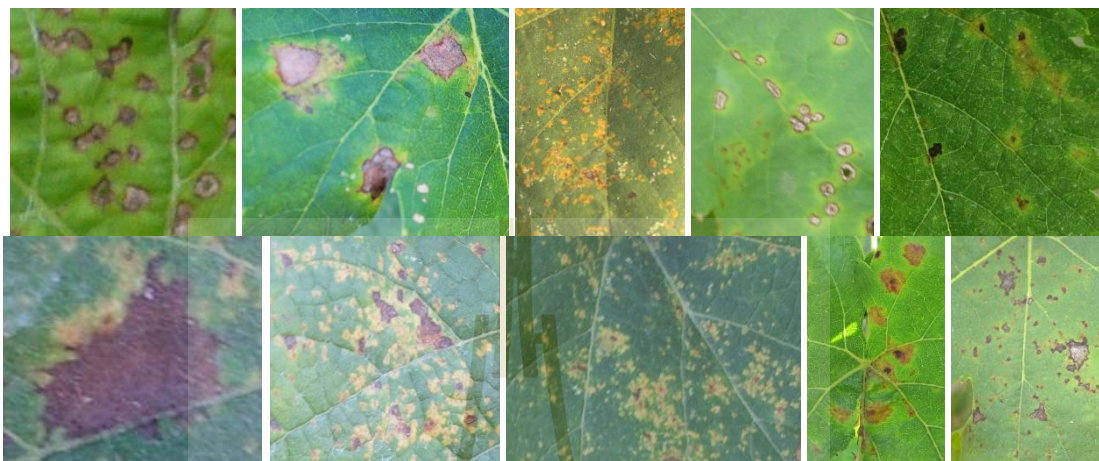
เนื่องจากการประยุกต์ใช้อัลกอริทึม GA-SASOM ในการดึงคุณลักษณะเด่นและการจำแนกรูปแบบ ต้องมีขั้นตอนการประมวลผลก่อนเพื่อให้สามารถจำแนกรูปแบบได้มีประสิทธิภาพมากขึ้น ซึ่งขั้นตอนของการประมวลผลก่อนของวิทยานิพนธ์นี้ประกอบไปด้วย 3 ขั้นตอน คือ การปรับระดับสีและแสงภายในภาพแบบอัตโนมัติ การแยกส่วนคุณลักษณะสีออกจากภาพพื้นหลัง และกระบวนการทางรูปร่าง

สำหรับขั้นตอนการปรับระดับสีและแสงภายในภาพแบบอัตโนมัติ ได้อธิบายรายละเอียดไว้แล้วในหัวข้อที่ 3.2.1 ซึ่งขั้นตอนนี้มีเพื่อลดปัญหาของความแตกต่างของสภาพแสงในขณะถ่ายภาพ และความแตกต่างของกล้องที่ใช้ในการบันทึกภาพ จึงต้องทำการปรับระดับสีและแสงภายในภาพแบบอัตโนมัติ เพื่อให้ได้คุณลักษณะสีของภาพที่เป็นมาตรฐานเดียวกัน ตัวอย่างภาพใบองุ่นก่อนและหลังการปรับระดับสีและแสงภายในภาพแบบอัตโนมัติ แสดงได้ดังรูปที่ 4.6 จากตัวอย่างภาพก่อนและหลังการปรับระดับสีและแสงภายในภาพแบบอัตโนมัติ จะเห็นว่าจากภาพก่อนการปรับระดับสีและแสง มีความแตกต่างกันอย่างเห็นได้ชัด และเมื่อทำการปรับระดับสีและแสงภายในภาพแบบอัตโนมัติทำให้ภาพที่ได้มีระดับสีและแสงที่เป็นมาตรฐานเดียวกัน

หลังจากทำการปรับระดับสีและแสงภายในภาพแล้ว ขั้นตอนต่อไปคือการแยกส่วนคุณลักษณะสีที่ต้องการออกจากภาพพื้นหลัง ในวิทยานิพนธ์นี้ได้ใช้โครงข่ายประสาทเทียมแบบแพร่กลับในการแยกส่วนคุณลักษณะสีที่ต้องการออกจากภาพพื้นหลัง ซึ่งรายละเอียดของระบบได้



นำเสนอไว้แล้วในหัวข้อที่ 3.2.2 โดยระบบได้ใช้ คุณลักษณะสีของจุดโรคของใบองุ่น และภาพใบองุ่นปกติที่ไม่เป็นโรค เป็นคู่อินพุต ให้กับระบบ โดยระบบเป้าหมายของคุณลักษณะสีของจุดโรคมีค่าเป็น 1 และภาพใบองุ่นที่ไม่เป็นโรคมีค่าเป็น 0 ตัวอย่างรูปภาพที่ใช้เป็นคู่อินพุต แสดงดังรูปที่ 4.7

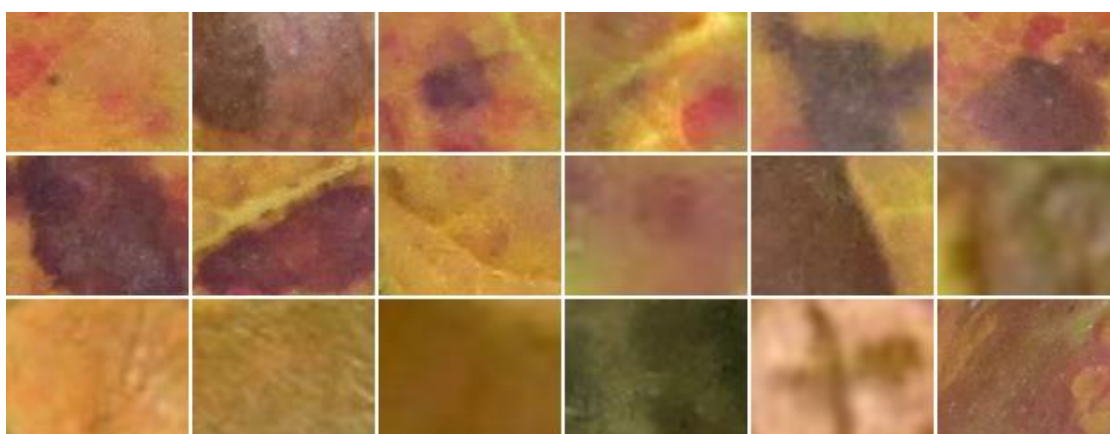


(ก) ตัวอย่างภาพใบองุ่นที่เป็นโรคที่ได้ในสภาพแสงที่ต่างกัน และภาพจากกล้องต่างกัน

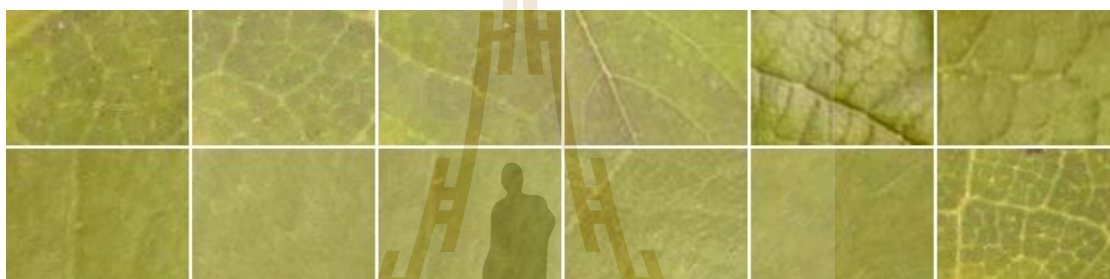


(ข) ตัวอย่างภาพใบองุ่นที่เป็นโรคหลังการปรับระดับสีและแสงภายในภาพแบบอัตโนมัติ

รูปที่ 4.6 ตัวอย่างภาพใบองุ่นก่อนและหลังการปรับระดับสีและแสงภายในภาพแบบอัตโนมัติ



$$\{X_{fc} = \{x_a = (r_a, g_a, b_a) \mid a = 1, \dots, A\}, t_{fc} = 1\}$$

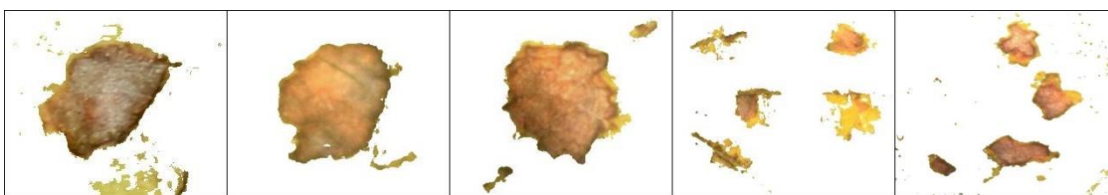


$$\{X_{bg} = \{x_c = (r_c, g_c, b_c) \mid c = 1, \dots, C\}, t_{bg} = 0\}$$

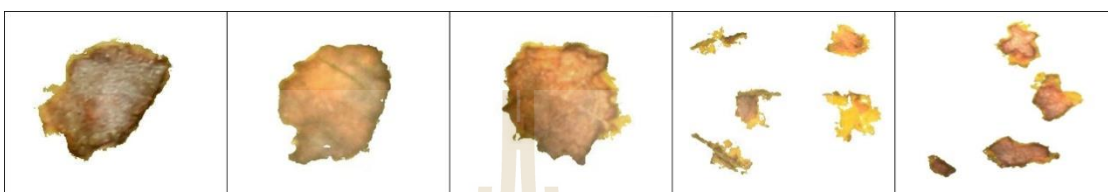
รูปที่ 4.7 รูปคู่อินพุตและเป้าหมายที่ป้อนให้กับโครงข่ายประสาทเทียม

เมื่อฝึกสอนระบบแล้ว ทำการป้อนรูปภาพอินพุตที่ต้องการแยกส่วน ซึ่งในขั้นตอนนี้ เราสามารถจำแนกใบองุ่นที่ไม่เป็นโรค กับใบองุ่นที่เป็นโรคได้ ตัวอย่างผลการทดสอบระบบการแยกส่วนคุณลักษณะสีของใบองุ่นที่เป็นโรค แสดงดังรูปที่ 4.8 (ก)

หลังจากทำการแยกส่วนคุณลักษณะสีที่ต้องการออกจากภาพพื้นหลังแล้ว ยังคงมีส่วนที่เป็นข้อมูลจุดเล็ก ๆ ที่ไม่สามารถแยกส่วนออกได้ เป็นผลให้การจำแนกรูปแบบมีประสิทธิภาพลดลง ดังนั้นเพื่อเพิ่มประสิทธิภาพให้กับระบบจึงต้องทำการกำจัดบริเวณดังกล่าวออกด้วยกระบวนการทางรูปร่าง โดยการลดขอบภาพ แปลงเป็นภาพขาวดำ ลบบริเวณที่เป็นจุดเล็ก ๆ ที่ไม่ต้องการออก แปลงภาพกลับเป็นภาพสี ตัวอย่างผลการทดสอบการแยกส่วนคุณลักษณะสีของใบองุ่นก่อนและหลังการทำการกระบวนการทางรูปร่าง แสดงดังรูปที่ 4.8



(ก) ตัวอย่างการแยกส่วนคุณลักษณะสีของใบองุ่นก่อนการทำกระบวนการทางรูปร่าง



(ข) ตัวอย่างการแยกส่วนคุณลักษณะสีของใบองุ่นหลังการทำกระบวนการทางรูปร่าง

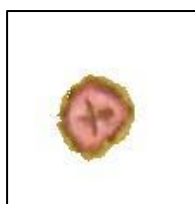
รูปที่ 4.8 ตัวอย่างผลการแยกส่วนจุดโรคของใบองุ่นออกจากภาพพื้นหลังก่อนและหลังการทำกระบวนการทางรูปร่าง

เมื่อผ่านขั้นตอนการประมวลผลก่อนแล้ว รูปภาพใบองุ่นที่ไม่เป็นโรคจะถูกจำแนกออกมาจากใบองุ่นที่เป็นโรคได้ หลังจากนั้น นำคุณลักษณะสีของจุดโรคเหล่านี้ ไปทำการจำแนกว่าเป็นโรคใด โดยใช้อัลกอริทึมของ GA-SASOM ดังต่อไปนี้

#### 4.4 กระบวนการจำแนกโรคใบองุ่นด้วยอัลกอริทึม GA-SASOM

สำหรับขั้นตอนการจำแนกวินิจฉัยโรคใบองุ่นนั้น ต้องนำจุดโรคของใบองุ่นแต่ละชนิดมาทำการดึงคุณลักษณะเด่นให้เป็นแผนผังคุณลักษณะเด่นแม่แบบ (feature contents template map) ของแต่ละจุดโรค โดยใช้อัลกอริทึมของ GA-SASOM ดังที่นำเสนอรายละเอียดของอัลกอริทึมไปแล้วในหัวข้อ 3.3 ในบทที่ 3 โดยผลการทดสอบระบบแสดงเป็นรูปภาพแผนผังโครโมโซมแต่ละขั้นตอนดังนี้

ตัวอย่างการสร้างประชากรเริ่มต้น และค่าความเหมาะสมของแต่ละแผนผังโครโมโซมแสดงดังรูปที่ 4.9

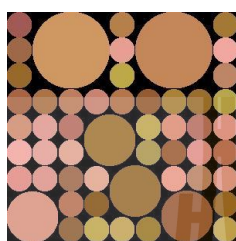


(ก) ตัวอย่างคุณลักษณะสีอินพุตที่แยกส่วนแล้ว



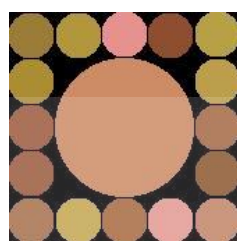
ค่าความเหมาะสม

0.7666



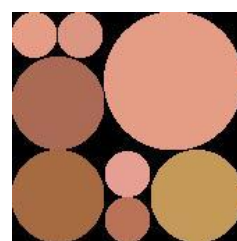
ค่าความเหมาะสม

0.9996



ค่าความเหมาะสม

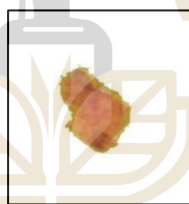
1.0027



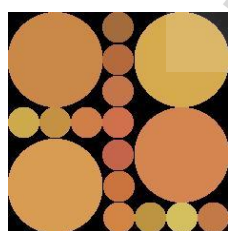
ค่าความเหมาะสม

1.1854

(ข) ตัวอย่างแผนผังโครโมโซมเริ่มต้นและค่าความเหมาะสมที่ได้จากอินพุตในข้อ ก.

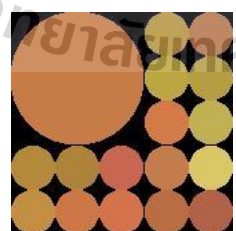


(ค) ตัวอย่างคุณลักษณะสีอินพุตที่แยกส่วนแล้ว



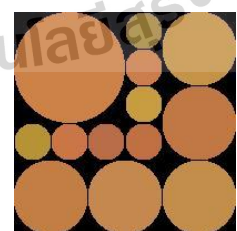
ค่าความเหมาะสม

1.0852



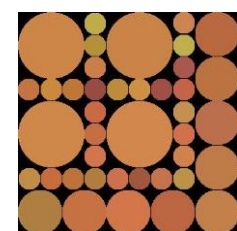
ค่าความเหมาะสม

0.9638



ค่าความเหมาะสม

1.0119



ค่าความเหมาะสม

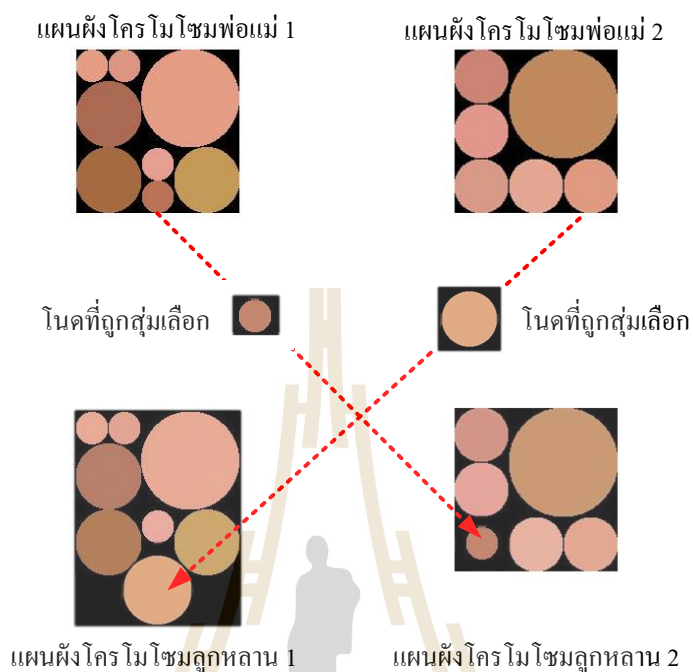
1.0115

(ง) ตัวอย่างแผนผังโครโมโซมเริ่มต้นและค่าความเหมาะสมที่ได้จากอินพุตในข้อ ค.

รูปที่ 4.9 ตัวอย่างแผนผังโครโมโซมในการกำเนิดประชากรประชากรเริ่มต้นและค่าความเหมาะสม

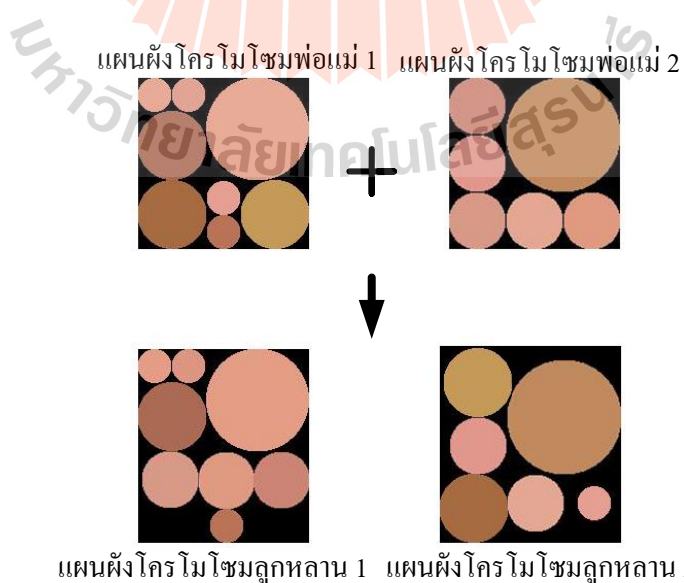


ตัวอย่างผลการทดสอบการนำคู่แผนผังโครโมโซมพ่อแม่มาทำกระบวนการครอสโอเวอร์แบบจุดเดี่ยว แสดงดังรูปที่ 4.10



รูปที่ 4.10 ตัวอย่างผลการทดสอบการครอสโอเวอร์แบบจุดเดี่ยว

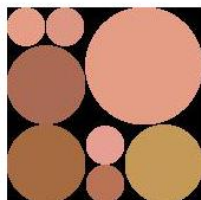
ตัวอย่างผลการทดสอบการนำคู่แผนผังโครโมโซมพ่อแม่มาทำกระบวนการครอสโอเวอร์แบบหลายจุด แสดงดังรูปที่ 4.11



รูปที่ 4.11 ตัวอย่างผลการทดสอบการครอสโอเวอร์แบบหลายจุด

ตัวอย่างผลการทดสอบการนำแผนผังโครโมโซมพ่อแม่มาทำกระบวนการมิวเตชันแบบ  
จุดสี แสดงดังรูปที่ 4.12

แผนผังโครโมโซมพ่อแม่



แผนผังโครโมโซมลูกหลาน

รูปที่ 4.12 ตัวอย่างผลการทดสอบการมิวเตชันแบบจุดสี

ตัวอย่างผลการทดสอบการนำแผนผังโครโมโซมพ่อแม่มาทำกระบวนการมิวเตชันแบบ  
การลดโนด แสดงดังรูปที่ 4.13

แผนผังโครโมโซมพ่อแม่

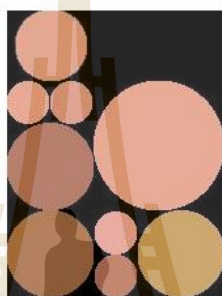
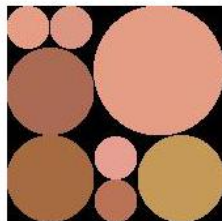


แผนผังโครโมโซมลูกหลาน

รูปที่ 4.13 ตัวอย่างผลการทดสอบการมิวเตชันแบบการลดโนด

ตัวอย่างผลการทดสอบการนำแผนผังโครโมโซมพ่อแม่มาทำกระบวนการมิวเตชันแบบการเพิ่มโนด แสดงดังรูปที่ 4.14

แผนผังโครโมโซมพ่อแม่



แผนผังโครโมโซมลูกหลาน

รูปที่ 4.14 ตัวอย่างผลการทดสอบการมิวเตชันแบบการเพิ่มโนด

ตัวอย่างผลการทดสอบระบบเมื่อผ่านการวนซ้ำ เพื่อให้ได้แผนผังโครโมโซมที่มีค่าเหมาะสมที่สุดที่จะใช้เป็นแผนผังแม่แบบของรูปภาพอินพุต แสดงดังรูปที่ 4.15 – 4.18



ภาพอินพุต



รอบที่ 1

ค่าความเหมาะสม

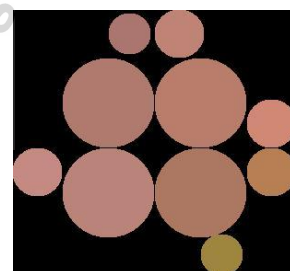
1.1854



รอบที่ 100

ค่าความเหมาะสม

1.7657



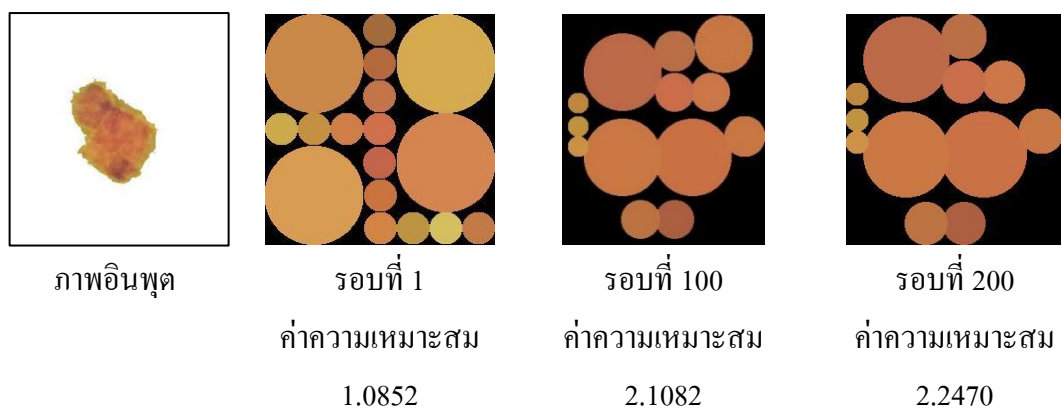
รอบที่ 200

ค่าความเหมาะสม

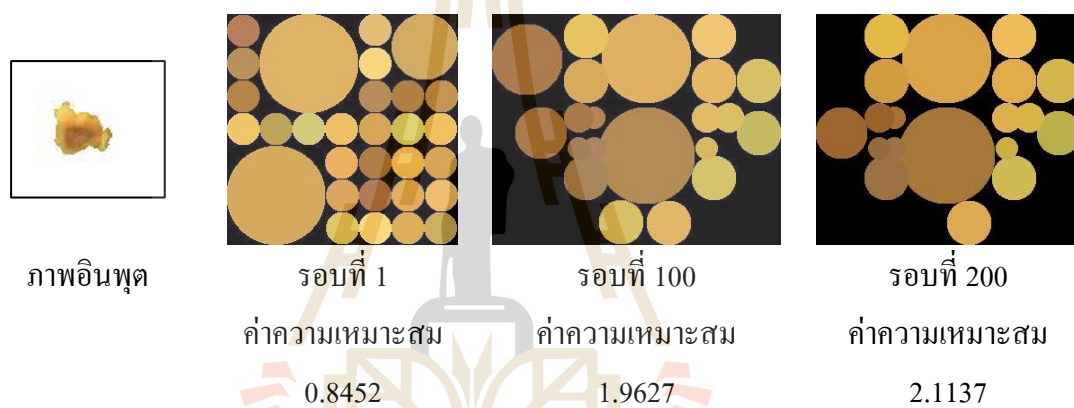
2.0124

รูปที่ 4.15 ตัวอย่างแผนผังโครโมโซมที่มีค่าความเหมาะสมมากที่สุดในแต่ละวนรอบการค้นหาของรูปภาพอินพุตโรคอีโบลา

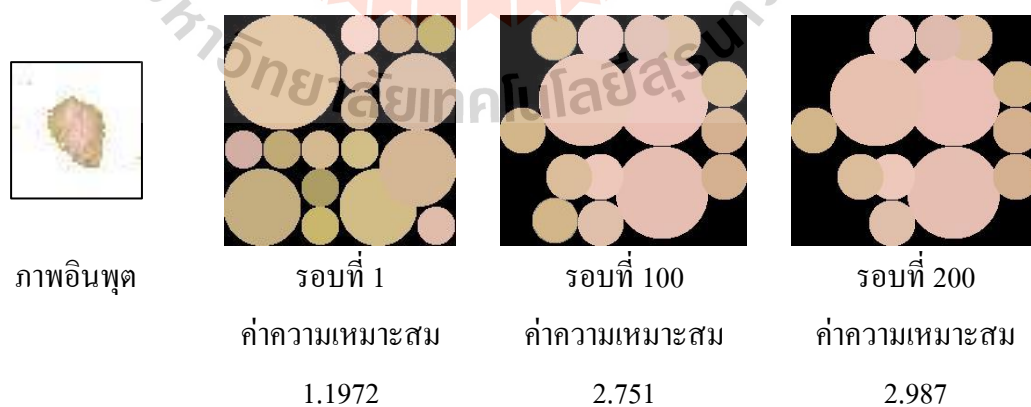




รูปที่ 4.16 ตัวอย่างแผนผังโครโมโซมที่มีค่าความเหมาะสมมากที่สุดในแต่ละวนรอบการค้นหาของรูปภาพอินพุตโครรอน้ำค้าง



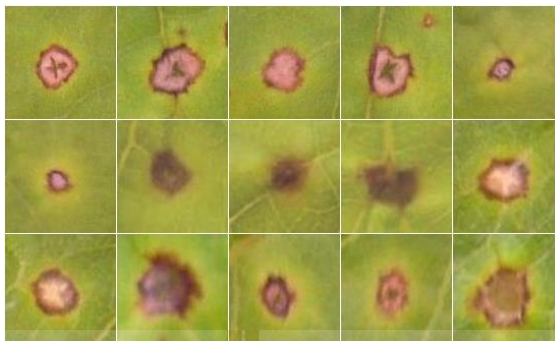
รูปที่ 4.17 ตัวอย่างแผนผังโครโมโซมที่มีค่าความเหมาะสมมากที่สุดในแต่ละวนรอบการค้นหาของรูปภาพอินพุตโครราสนิม



รูปที่ 4.18 ตัวอย่างแผนผังโครโมโซมที่มีค่าความเหมาะสมมากที่สุดในแต่ละวนรอบการค้นหาของรูปภาพอินพุตโครราแป้ง

ตัวอย่างรูปภาพที่นำมาใช้เป็นแผนผังแม่แบบของแต่ละรูปแบบของจุดโรค แสดงดังรูปที่

4.19 – 4.22



(ก) ตัวอย่างรูปภาพจุดโรคแอนทราคโนสที่ใช้เป็นแผนผังแม่แบบ

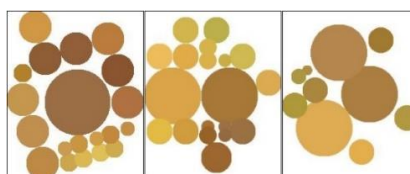


(ข) แผนผังน้ำหนักประสาทที่ใช้แทนรูปแบบโรคแอนทราคโนสที่ได้จากการฝึกสอนระบบ มี 3 รูปแบบ

รูปที่ 4.19 ตัวอย่างรูปภาพอินพุตที่นำมาทำเป็นแผนผังแม่แบบของโรคแอนทราคโนส



(ก) ตัวอย่างรูปภาพจุดโรคราสนิมที่ใช้เป็นแผนผังแม่แบบ

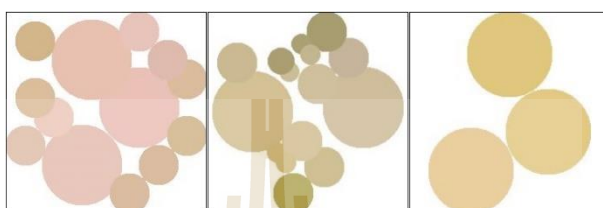


(ข) แผนผังน้ำหนักประสาทที่ใช้แทนรูปแบบโรคราสนิมที่ได้จากการฝึกสอนระบบมี 3 รูปแบบ

รูปที่ 4.20 ตัวอย่างรูปภาพอินพุตที่นำมาทำเป็นแผนผังแม่แบบของโรคราสนิม



(ก) ตัวอย่างรูปภาพจุดโรคราแป้งที่ใช้เป็นแผนผังแม่แบบ

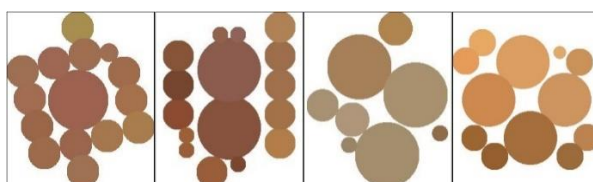


(ข) แผนผังน้ำหนักประสาทที่ใช้แทนรูปแบบโรคราแป้งที่ได้จากการฝึกสอนระบบ มี 3 รูปแบบ

รูปที่ 4.21 ตัวอย่างรูปภาพอินพุตที่นำมาทำเป็นแผนผังแม่แบบของโรคราแป้ง



(ก) ตัวอย่างรูปภาพจุดโรคราน้ำค้างที่ใช้เป็นแผนผังแม่แบบ



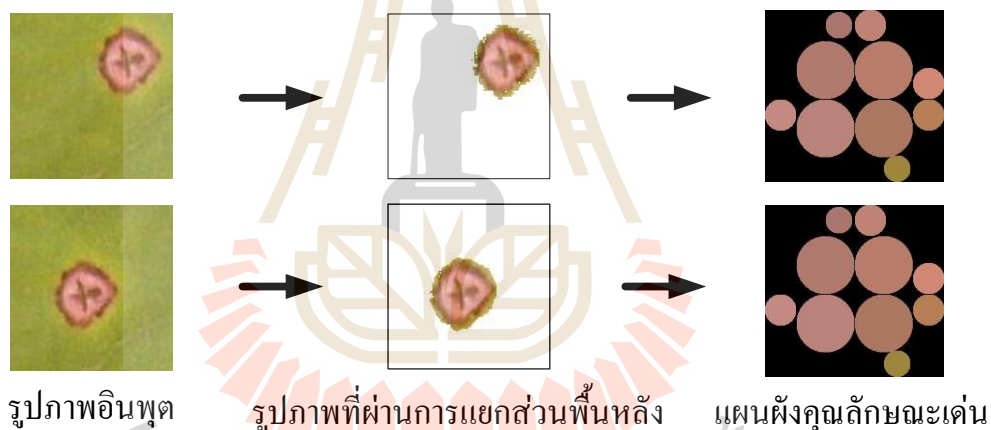
(ข) แผนผังน้ำหนักประสาทที่ใช้แทนรูปแบบโรคราน้ำค้างที่ได้จากการฝึกสอนระบบมี 4 รูปแบบ

รูปที่ 4.22 ตัวอย่างรูปภาพอินพุตที่นำมาทำเป็นแผนผังแม่แบบของโรคราน้ำค้าง

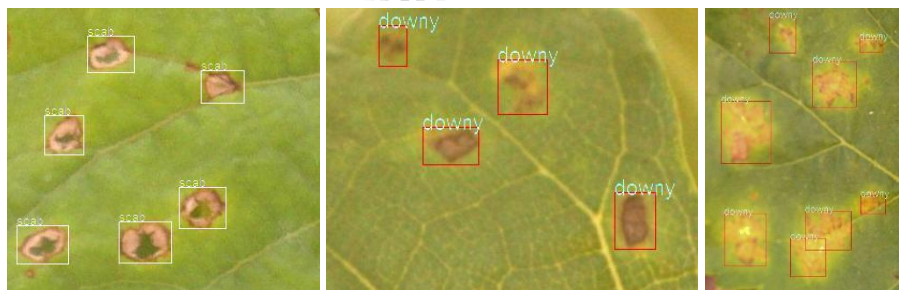
### 4.5 คุณสมบัติของแผนผังรูปแบบของอัลกอริทึม GA-SASOM

เนื่องจากรูปภาพที่ต้องทำการจำแนกนั้น มีความแตกต่างกันทั้งทางด้านขนาด ทิศทางการหมุน และ ตำแหน่งของคุณลักษณะเด่น ซึ่งคุณสมบัติของแผนผังรูปแบบที่ได้จากดึงคุณลักษณะเด่นของสีและรูปร่าง โดยใช้อัลกอริทึม GA-SASOM นี้สามารถประยุกต์ใช้กับรูปภาพที่มีความหลากหลายด้านขนาด ทิศทางการหมุน และการเลื่อนตำแหน่ง ดังนี้

**4.5.1 คุณสมบัติการเลื่อนแกน (translational properties)** เนื่องจากเพื่อให้สามารถประยุกต์ใช้ได้กับทุกตำแหน่งของคุณลักษณะเด่นของรูปภาพ สำหรับอัลกอริทึมนี้ ได้แก้ปัญหานี้โดยใช้วิธีการแยกส่วนภาพก่อน โดยทำการแยกส่วนของคุณลักษณะเด่นของสีออกมาจากภาพพื้นหลัง ดังที่ได้นำเสนอไปในบทที่ 3 หัวข้อที่ 3.2 ตัวอย่างผลการทดสอบคุณสมบัติการเลื่อนแกน ได้ทดสอบการตัดภาพที่ใช้ทดสอบในตำแหน่งต่างกัน ผลการดึงคุณลักษณะเด่นของอินพุต แสดงดังรูปที่ 4.23 – 4.24



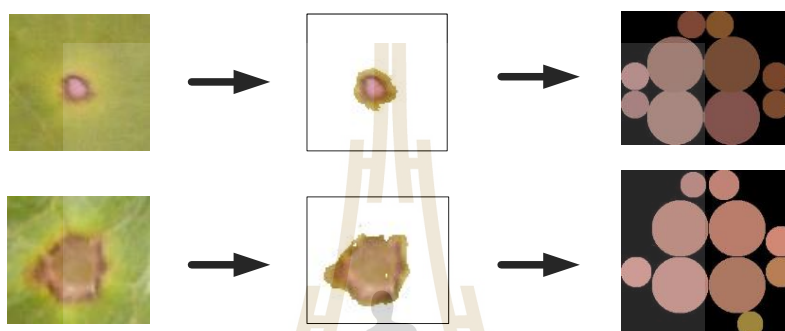
รูปที่ 4.23 แสดงคุณสมบัติการเลื่อนแกนของแผนผังรูปแบบ



รูปที่ 4.24 ตัวอย่างผลการจำแนกรูปแบบของจุดโรคที่อยู่ตำแหน่งต่างกัน



**4.5.2 คุณสมบัติการย่อขยาย (scaling properties)** แผนผังรูปแบบที่ใช้แทนคุณลักษณะเด่นของวิทยานิพนธ์นี้ มีคุณสมบัติการย่อขยาย กล่าวคือ ในขั้นตอนการสร้างแผนผังโครโมโซมนั้น ได้มีขั้นตอนในการทำขนาดของโนดให้เป็นมาตรฐานเดียวกัน โดยใช้ขนาดของโนดหลักของทุกโนดในทุกแผนผังโครโมโซมมีขนาดเท่ากัน ดังได้กล่าวไว้แล้วในบทที่ 3 หัวข้อที่ 3.3 ทำให้แผนผังรูปแบบที่ได้จากรูปภาพอินพุตที่มีขนาดต่างกัน ให้แผนผังรูปแบบที่มีขนาดเท่ากัน ดังแสดงตัวอย่างการทดสอบคุณสมบัติการย่อขยายในรูปที่ 4.25 – 4.26



รูปภาพอินพุต รูปภาพที่ผ่านการแยกส่วนพื้นหลัง แผนผังคุณลักษณะเด่น

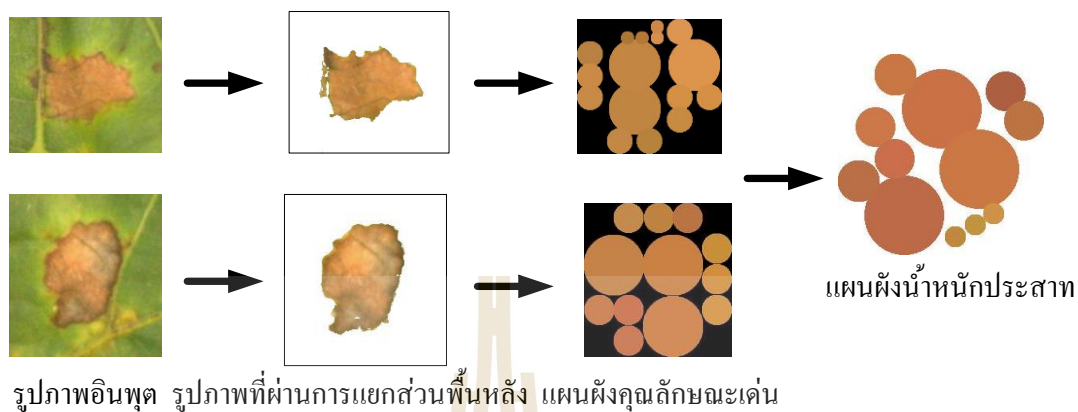
รูปที่ 4.25 การทดสอบคุณสมบัติการย่อขยายของแผนผังรูปแบบ



รูปที่ 4.26 ตัวอย่างผลการทดสอบระบบการจำแนกรูปแบบของรูปภาพที่มีขนาดจุดโรคต่างกัน

**4.5.3 คุณสมบัติการหมุนได้ (orientation properties)** เพื่อให้แผนผังรูปแบบสามารถใช้ได้กับรูปภาพในลักษณะการวางตัวที่ต่างกันได้ ในขั้นตอนของการหาจำแนกแผนผังรูปแบบว่าแผนผังรูปแบบเป็นแผนผังรูปแบบใดนั้น ได้มีขั้นตอนในการหมุนแผนผังรูปแบบเพื่อให้การวางตัวของแผนผังรูปแบบได้มุมการหมุนที่เหมาะสมที่สุด เพื่อให้ได้ค่าความเหมาะสมมากที่สุด ดังที่ได้นำเสนอไปแล้วในบทที่ 3 หัวข้อย่อยที่ 3.3.6 ดังนั้นสามารถกล่าวได้ว่า แผนผังรูปแบบของ

อัลกอริทึม GA-SASOM นี้ มีคุณสมบัติการหมุนได้ ตัวอย่างผลการทดสอบคุณสมบัติการหมุนได้ของแผนผังรูปแบบ แสดงดังรูปที่ 4.27 – 4.28



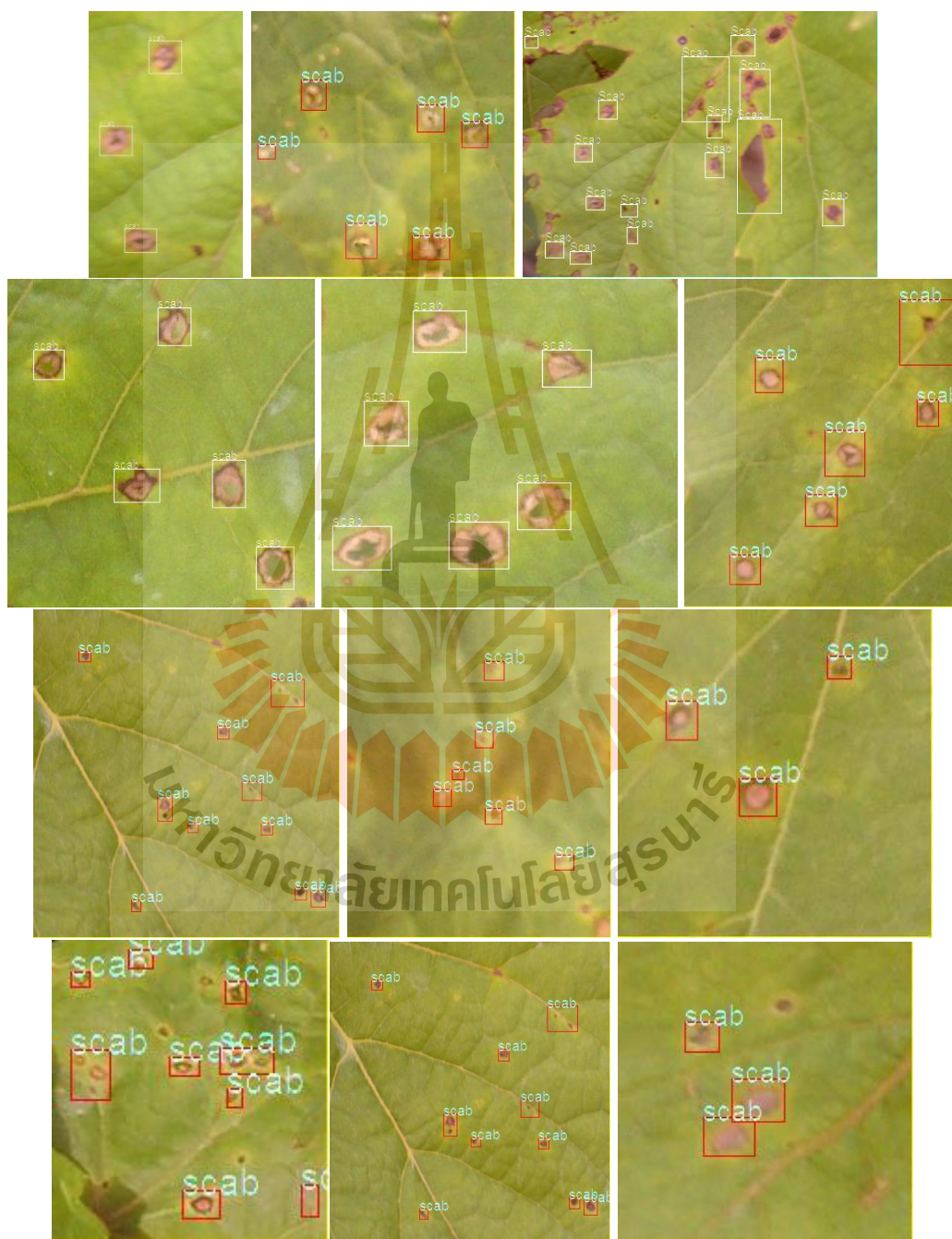
รูปที่ 4.27 การทดสอบคุณสมบัติการหมุนได้ของแผนผังรูปแบบ



รูปที่ 4.28 ตัวอย่างผลการทดสอบการจำแนกรูปแบบของจุดโรคที่มีมุมการหมุนต่างกัน

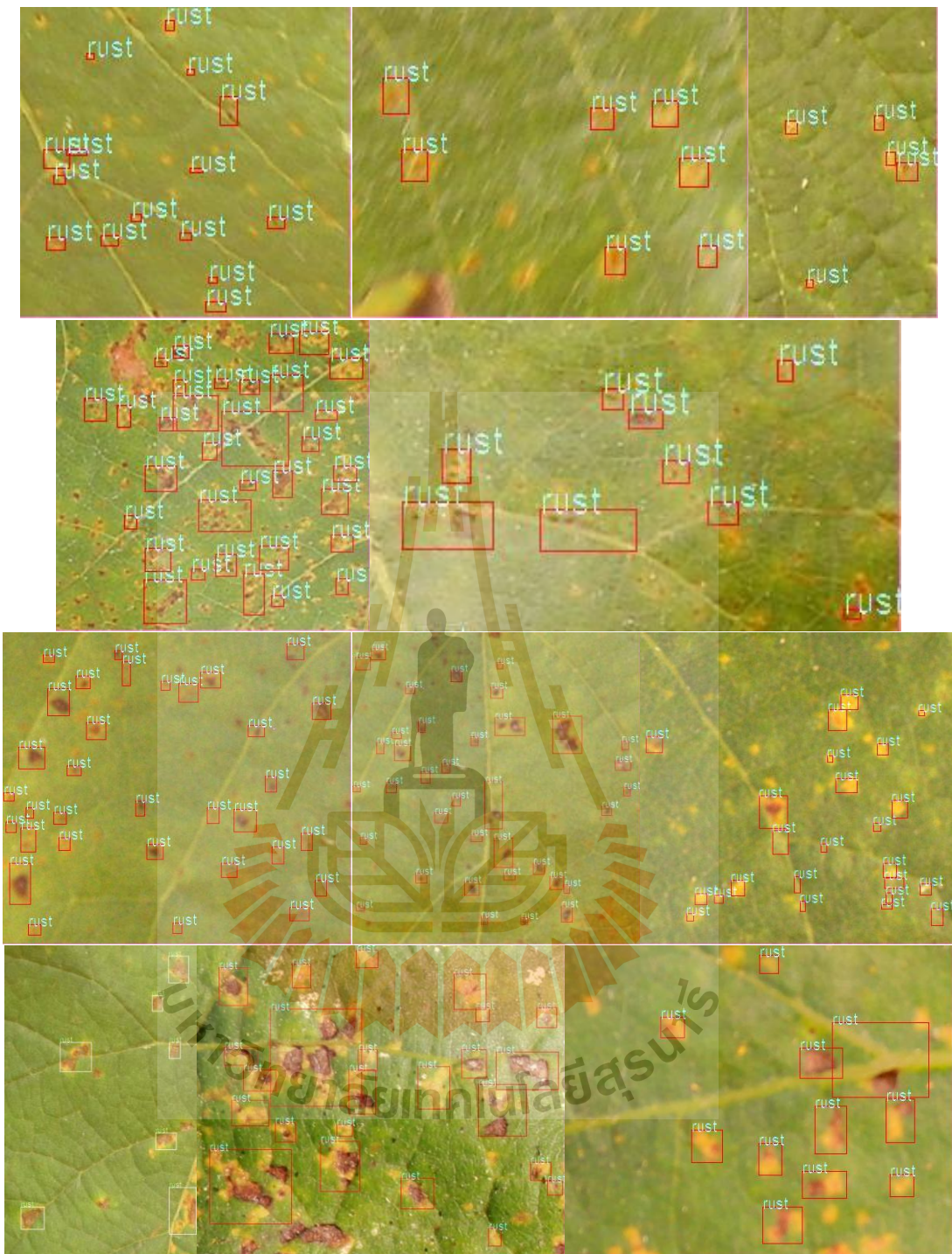
#### 4.6 ตัวอย่างผลการทดสอบการจำแนกโรคใบองุ่นด้วยอัลกอริทึม GA-SASOM

ตัวอย่างผลการทดสอบระบบการจำแนกโรคใบองุ่นด้วยอัลกอริทึม GA-SASOM สำหรับในบทนี้ นำเสนอเพียงรูปภาพผลลัพธ์ที่ได้จากระบบในการจำแนกโรคพืช ดังรูปที่ 4.29 – 4.32 เท่านั้น ส่วนประสิทธิภาพ และผลการวิเคราะห์ระบบแบบละเอียด ได้นำเสนอไว้ในบทที่ 5 ต่อไป

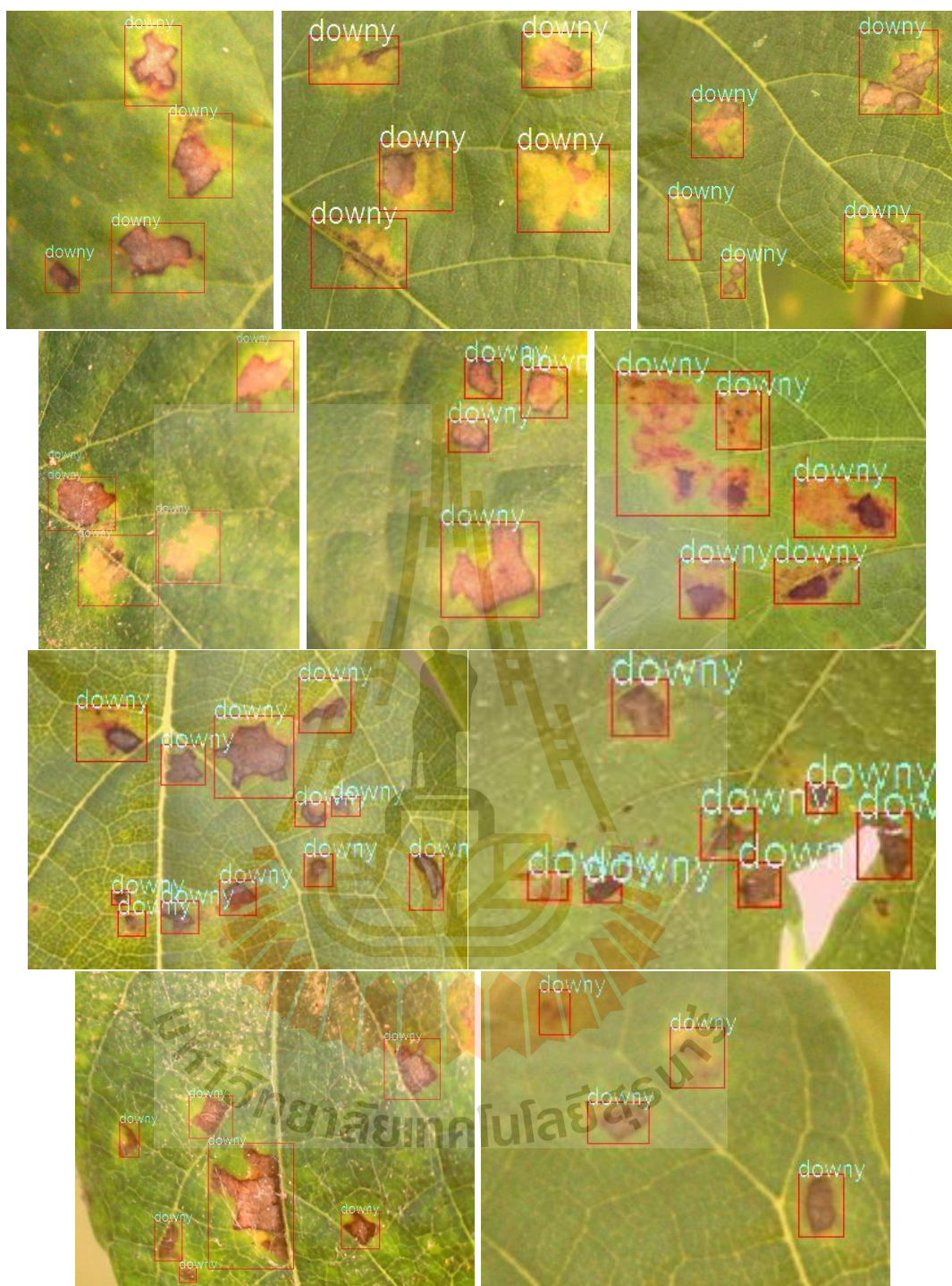


รูปที่ 4.29 ตัวอย่างผลการจำแนกรูปแบบใบองุ่นที่เป็นโรคอินบูบ



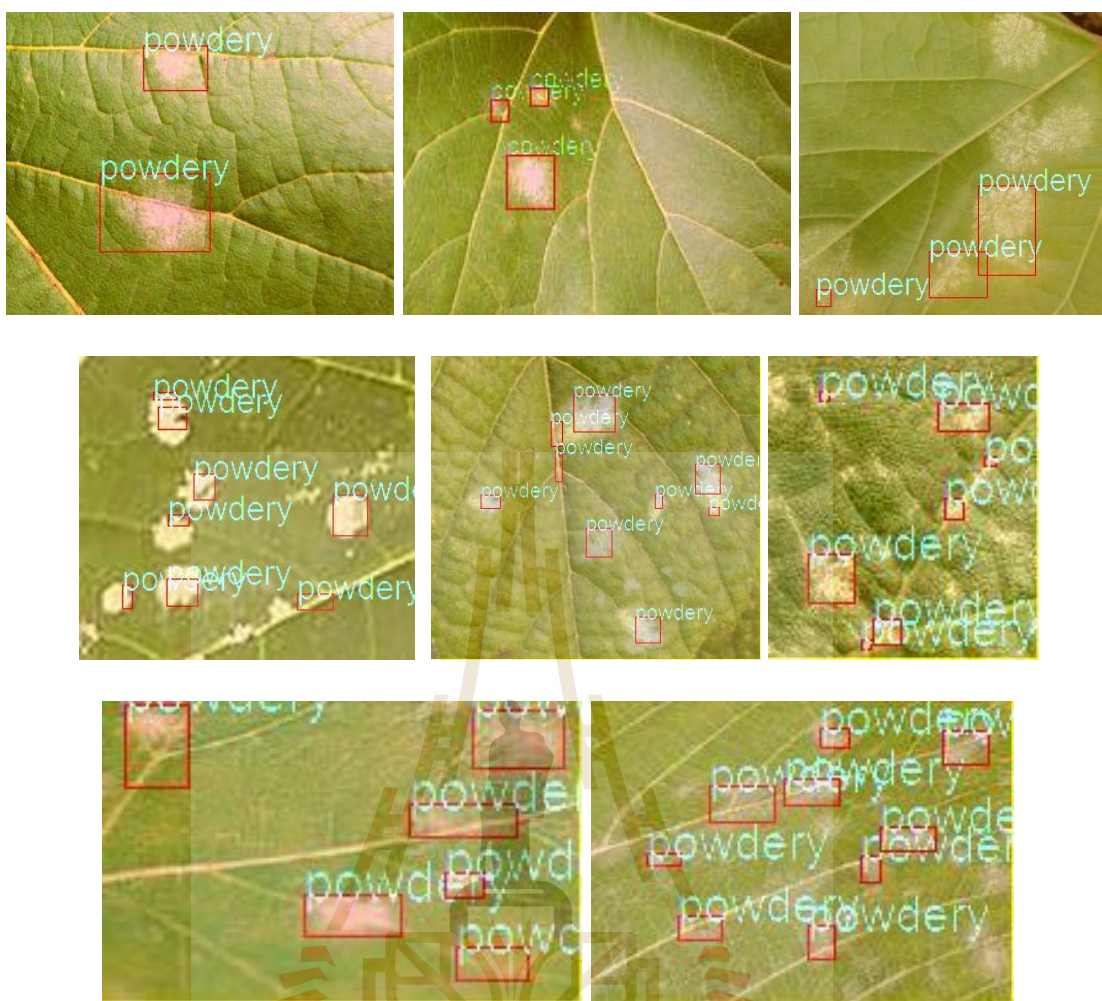


รูปที่ 4.30 ตัวอย่างผลการจำแนกรูปแบบใบองุ่นที่เป็นโรคราสนิม



รูปที่ 4.31 ตัวอย่างผลการจำแนกรูปแบบใบองุ่นที่เป็นโรคน้ำค้าง





รูปที่ 4.32 ตัวอย่างผลการจำแนกรูปแบบใบของุ่นที่เป็นโรคราแป้ง

#### 4.7 สรุป

บทที่ 4 ได้นำเสนอกรณีศึกษา โดยการใช้การจำแนกรูปแบบของโรคใบของุ่นมาทดสอบระบบ โดยโรคใบของุ่นที่นำมาทดสอบนั้นแยกออกได้เป็น ไม่เป็นโรค โรครีบบุบ โรคราสนิม โรคราน้ำค้าง และโรคราแป้ง ผลการทดสอบที่ได้มีดังนี้

กระบวนการประมวลผลก่อนสำหรับการจำแนกโรคใบของุ่น ประกอบไปด้วย 3 ขั้นตอน คือ การปรับระดับสีและแสงภายในภาพแบบอัตโนมัติ การแยกส่วนคุณลักษณะสีออกจากภาพพื้นหลัง และกระบวนการทางรูปร่าง สำหรับการปรับระดับสีและแสงภายในภาพแบบอัตโนมัติเพื่อลดปัญหาของความแตกต่างของสภาพแสงในขณะที่ถ่ายภาพ และความแตกต่างของกล้องที่ใช้ในการบันทึกภาพ เพื่อให้ได้คุณลักษณะสีของภาพที่เป็นมาตรฐานเดียวกัน จากตัวอย่างภาพก่อนและหลังการปรับระดับสีและแสงภายในภาพแบบอัตโนมัติ พบว่าจากภาพก่อนการปรับระดับสีและ

แสง มีความแตกต่างกันอย่างเห็นได้ชัด และเมื่อทำการปรับระดับสีและแสงภายในภาพแบบอัตโนมัติทำให้ภาพที่ได้มีระดับสีและแสงที่เป็นมาตรฐานเดียวกัน การแยกส่วนคุณลักษณะสีที่ต้องการออกจากภาพพื้นหลังใช้โครงข่ายประสาทเทียมแบบแพร่กลับในการแยกส่วนคุณลักษณะสีที่ต้องการออกจากภาพพื้นหลัง โดยใช้คุณลักษณะสีของจุดโรคของใบองุ่น และภาพใบองุ่นปกติที่ไม่เป็นโรค ทำการฝึกสอนระบบ แล้วทำการแยกส่วนคุณลักษณะสีของใบองุ่นที่เป็นโรคออกจากภาพพื้นหลัง แล้วนำมาทำกระบวนการทางรูปร่างโดยการลดขอบภาพ แปลงเป็นภาพขาวดำ ลบบริเวณที่เป็นจุดเล็ก ๆ ที่ไม่ต้องการออก แปลงภาพกลับเป็นภาพสี เมื่อผ่านขั้นตอนการประมวลผลก่อนแล้ว รูปภาพใบองุ่นที่ไม่เป็นโรคจะถูกจำแนกออกมาจากใบองุ่นที่เป็นโรคได้

กระบวนการจำแนกโรคใบองุ่นด้วยอัลกอริทึม GA-SASOM นำจุดโรคของใบองุ่นแต่ละชนิดมาทำการดึงคุณลักษณะเด่นให้เป็นแผนผังคุณลักษณะเด่นแม่แบบของแต่ละจุดโรค โดยใช้อัลกอริทึมของ GA-SASOM โดยผลการทดสอบระบบตามแต่ละขั้นตอน ได้แก่ การหาค่าประชากรเริ่มต้น การคัดเลือกแผนผังโครโมโซมที่มีค่าความเหมาะสมมากให้เป็นแผนผังโครโมโซมพ่อแม่กระบวนการทางสายพันธุ์ทั้งการครอสโอเวอร์และมิวเตชัน ทำซ้ำจนได้แผนผังโครโมโซมที่เหมาะสมที่สุดของแต่ละรูปแบบ ผลที่ได้มีดังนี้ แผนผังรูปแบบของโรคอินบัพที่ได้จากการฝึกสอนระบบ มี 3 รูปแบบ โรคราสนิมมี 3 รูปแบบ โรคราแป้งมี 3 รูปแบบ และโรคราน้ำค้างมี 4 รูปแบบ

คุณสมบัติของแผนผังรูปแบบของอัลกอริทึม GA-SASOM มีดังนี้ คุณสมบัติการเลื่อนแกนเพื่อให้สามารถประยุกต์ใช้ได้กับทุกตำแหน่งของคุณลักษณะเด่นของรูปภาพ สำหรับอัลกอริทึมนี้ได้แก้ปัญหานี้โดยการใช้วิธีการแยกส่วนภาพก่อน ผลการทดสอบระบบแสดงให้เห็นว่าแผนผังรูปแบบมีคุณสมบัติการเลื่อนแกน

คุณสมบัติการย่อขยาย ในขั้นตอนการสร้างแผนผังโครโมโซมนั้น ได้มีขั้นตอนในการทำขนาดของโนดให้เป็นมาตรฐานเดียวกัน โดยใช้ขนาดของโนดหลักของทุกโนดในทุกแผนผังโครโมโซมมีขนาดเท่ากัน จากผลการทดสอบแสดงให้เห็นว่าแผนผังรูปแบบมีคุณสมบัติการย่อขยาย

คุณสมบัติการหมุนได้ เพื่อให้แผนผังรูปแบบสามารถใช้ได้กับรูปภาพในลักษณะการวางตัวที่ต่างกันได้ในขั้นตอนของการหาจำแนกแผนผังรูปแบบว่าแผนผังรูปแบบเป็นแผนผังรูปแบบใดนั้น ได้มีขั้นตอนในการหมุนแผนผังรูปแบบเพื่อให้การวางตัวของแผนผังรูปแบบได้มุมการหมุนที่เหมาะสมที่สุด เพื่อให้ได้ค่าความเหมาะสมมากที่สุด จากผลการทดสอบแสดงให้เห็นว่าแผนผังรูปแบบของอัลกอริทึม GA-SASOM นี้ มีคุณสมบัติการหมุนได้

## บทที่ 5

### ผลการทดสอบและวิเคราะห์ระบบการจำแนกรูปแบบ

#### 5.1 กล่าวนำ

ในบทนี้ได้นำเสนอผลการทดสอบประสิทธิภาพของอัลกอริทึม GA-SASOM ผลการทดสอบพารามิเตอร์ต่างของอัลกอริทึมที่มีผลต่อประสิทธิภาพของระบบ และผลการทดสอบการรู้เข้าของอัลกอริทึม GA-SASOM โดยใช้กรณีศึกษาเป็นการจำแนกวินิจฉัยโรคพืชจากรูปภาพของใบอ่อนทั้งหมด 5 ประเภท ประกอบไปด้วยโรคอิบบูบ โรคราสนิม โรคราน้ำค้าง โรคราแป้ง และไม่เป็นโรค ดังได้กล่าวไปแล้วในบทที่ 4 สำหรับบทนี้ได้นำเสนอผลการทดสอบดังรายละเอียดต่อไปนี้

#### 5.2 พารามิเตอร์สำหรับประสิทธิภาพของระบบ

วิธีการประเมินประสิทธิภาพของการจำแนกรูปแบบของอัลกอริทึม GA-SASOM ในงานวิจัยนี้ได้ใช้การคำนวณค่าที่ใช้บอกประสิทธิภาพของระบบดังต่อไปนี้

5.2.1 ความแม่นยำของระบบ (precision) หรือ *PRE* เป็นค่าที่แสดงถึงประสิทธิภาพในการจำแนกรูปแบบของระบบได้ตรงกับรูปแบบจริง ซึ่งคำนวณหาได้ดังสมการที่ 5.1

$$PRE = \frac{TP}{TP + FP} \quad (5.1)$$

โดยที่ *TP* (true positive) หมายถึงสถานะจริงเป็นภาพโรคพืชตามรูปแบบที่จำแนกและจำแนกได้ว่าเป็นภาพโรคพืชตามจริง *FP* (false positive) หมายถึงสถานะจริงไม่เป็นภาพโรคพืชตามจริงและจำแนกได้ว่าเป็นโรคพืช ซึ่งค่า *PRE* เป็นค่าที่บอกประสิทธิภาพของการจำแนกรูปแบบที่ตรงกับรูปแบบจริง ค่าที่ดีที่สุดคือมีค่าเท่ากับ 1 หรือคิดเป็น 100 เปอร์เซ็นต์ ยิ่งค่า *PRE* ใกล้เคียง 1 มากเท่าใด แสดงว่าประสิทธิภาพความแม่นยำของการจำแนกรูปแบบของระบบมีมากไปด้วย

5.2.2 ค่าอัตราการจำแนกรูปแบบที่ถูกต้อง (true positive rate, recall, sensitivity, hit rate) หรือ *REC* เป็นค่าที่ใช้แสดงถึงประสิทธิภาพของการจำแนกรูปแบบที่ถูกต้อง ซึ่งค่าที่ดีที่สุดคือมีค่าเท่ากับ 1 หรือคิดเป็น 100 เปอร์เซ็นต์ ซึ่งค่า *REC* ใกล้เคียง 1 มากเท่าใด แสดงว่าประสิทธิภาพการตรวจจับรูปแบบของระบบมีความถูกต้องตามจริงมาก คำนี้นหาได้ดังสมการที่ 5.2

$$REC = \frac{TP}{TP + FN} \quad (5.2)$$

โดยที่  $FN$  (false negative) หมายถึงสถานะจริงเป็นภาพโรคพืชตามจริงแต่จำแนกได้ว่าไม่เป็นโรคพืชตามจริง

**5.2.3 ค่าคะแนนเอฟ (F-score) หรือ  $F_1$**  เป็นค่าเฉลี่ยระหว่างค่าความแม่นยำของระบบ กับ ค่าอัตราการจำแนกรูปแบบที่ถูกต้อง สามารถหาค่าได้ดังสมการที่ 5.3

$$F_1 = 2 \cdot \frac{PRE \cdot REC}{PRE + REC} \quad (5.3)$$

### 5.3 ผลการทดสอบประสิทธิภาพของระบบ

ในการทดสอบประสิทธิภาพของระบบ ในวิทยานิพนธ์นี้ได้ใช้รูปภาพใบอ่อนที่ไม่เป็นโรคพืช และใบอ่อนที่เป็นโรคพืช 4 ชนิด ที่ได้มาจากการใช้กล้องต่างชนิดกัน และถ่ายในสภาพแสงที่แตกต่างกันมาทำการทดสอบระบบ โดยที่มีรูปที่ใช้ในการฝึกสอนแผนผังน้ำหนักประสาท มีรูปแบบโรคอินบ 20 รูป โรคราสนิม 20 รูป โรคราน้ำค้าง 20 รูป และโรคราแป้ง 10 รูป โดยที่รูปที่ฝึกสอนมีขนาดแตกต่างกัน โดยมีขนาดตั้งแต่ 82x76 พิกเซล จนถึง 512x446 พิกเซล ซึ่งรูปภาพใบอ่อนที่ใช้ในการทดสอบระบบ ใน 1 ภาพ จะมีจุดโรคพืชหลายจุด จำนวนรูปภาพที่ใช้ทดสอบระบบ มีดังนี้ รูปภาพใบอ่อนที่ไม่เป็นโรคจำนวน 20 รูป รูปภาพใบอ่อนที่เป็นโรคอินบมีจำนวน 30 รูป ซึ่งมีรูปจุดโรคอินบย่อยอยู่ 294 จุดโรค รูปภาพใบอ่อนที่เป็นโรคราสนิมมีจำนวน 23 รูป ซึ่งมีรูปจุดโรคราสนิมย่อยอยู่ 437 จุดโรค รูปภาพใบอ่อนที่เป็นโรคราน้ำค้างมีจำนวน 37 รูป ซึ่งมีรูปจุดโรคราน้ำค้างย่อยอยู่ 192 จุดโรค และรูปภาพใบอ่อนที่เป็นโรคราแป้งมีจำนวน 12 รูป โดยมีรูปจุดโรคราแป้งย่อยอยู่ 70 รูป โดยรูปภาพจุดโรคในแต่ละรูป มีมุมการหมุน และขนาดที่แตกต่างกัน

**5.3.1 ผลการทดสอบประสิทธิภาพของระบบโดยรวม** แสดงในตารางที่ 5.1 โดยจำนวนรูปทั้งหมดที่ใช้ในการทดสอบมีทั้งหมด 122 รูป และมีรูปจุดโรครวมทั้งหมด 993 จุดโรค ( $n = 993$ ) ซึ่งสำหรับระบบการจำแนกรูปแบบได้แบ่งเป็น 2 ส่วน คือ ในส่วนที่จำแนกรูปแบบของใบอ่อนที่เป็นโรค ออกจากใบอ่อนที่ไม่เป็นโรค ซึ่งในขั้นตอนนี้เป็นขั้นตอนจำแนกในช่วงของการประมวลผลก่อน โดยดูจากการแยกส่วนโรคพืชออกจากพื้นหลัง และนำใบอ่อนที่เป็นโรคพืชมาทำการจำแนกรูปแบบของจุดโรคว่าเป็นรูปแบบใดโดยใช้อัลกอริทึมแบบ GA-SASOM ซึ่งสำหรับผลการทดสอบในตารางนี้ ใช้จำนวนโครโมโซมทั้งหมด 200 โครโมโซม ใช้จำนวนรอบสูงสุด 200 รอบ ค่าอัตราการครอสโอเวอร์เป็น 0.2 ค่าอัตราการมิวเตชันเป็น 0.2 ผลการทดสอบประสิทธิภาพ

ของระบบโดยรวม แสดงดังตารางที่ 5.1 จากตารางผลการทดสอบค่า  $TP$ ,  $FP$  และ  $FN$  เป็นผลการทดสอบโดยการนับจำนวนของจุดโรค หน่วยเป็น รูป และในส่วนของค่า  $PRE$ ,  $REC$  และ  $F_1$  เป็นค่าที่ได้จากการคำนวณในสมการที่ 5.1 – 5.3 แล้วนำมาคิดเป็นเปอร์เซ็นต์

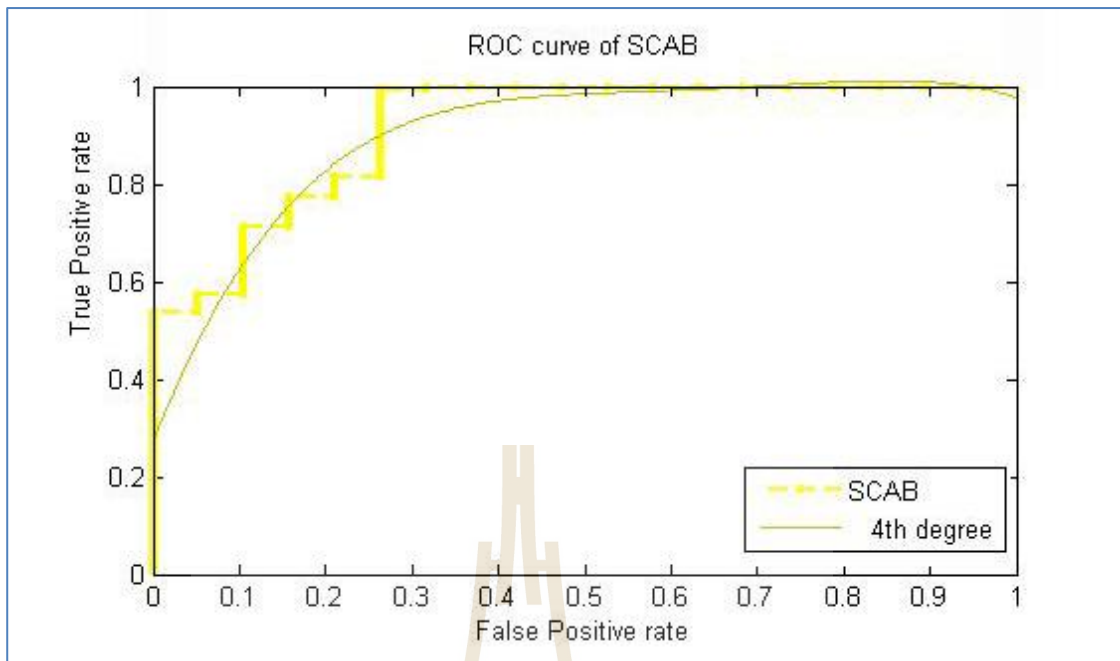
ตารางที่ 5.1 ผลการทดสอบประสิทธิภาพโดยรวมของระบบ

โรคพืช	จำนวนรูปของจุดโรค	ผลการจำแนกรูปแบบ					
		จำนวนรูป			เปอร์เซ็นต์		
		$TP$	$FN$	$FP$	$PRE$	$REC$	$F_1$
ไม่เป็นโรค	-	20	0	1	95.23	100	97.55
โรคอิบุม	294	233	61	19	92.46	79.25	85.34
โรคราสนิม	437	368	69	22	94.35	84.21	88.99
โรคราน้ำค้าง	192	176	16	16	91.66	91.66	91.66
โรคราแป้ง	70	62	8	10	86.11	88.57	87.32

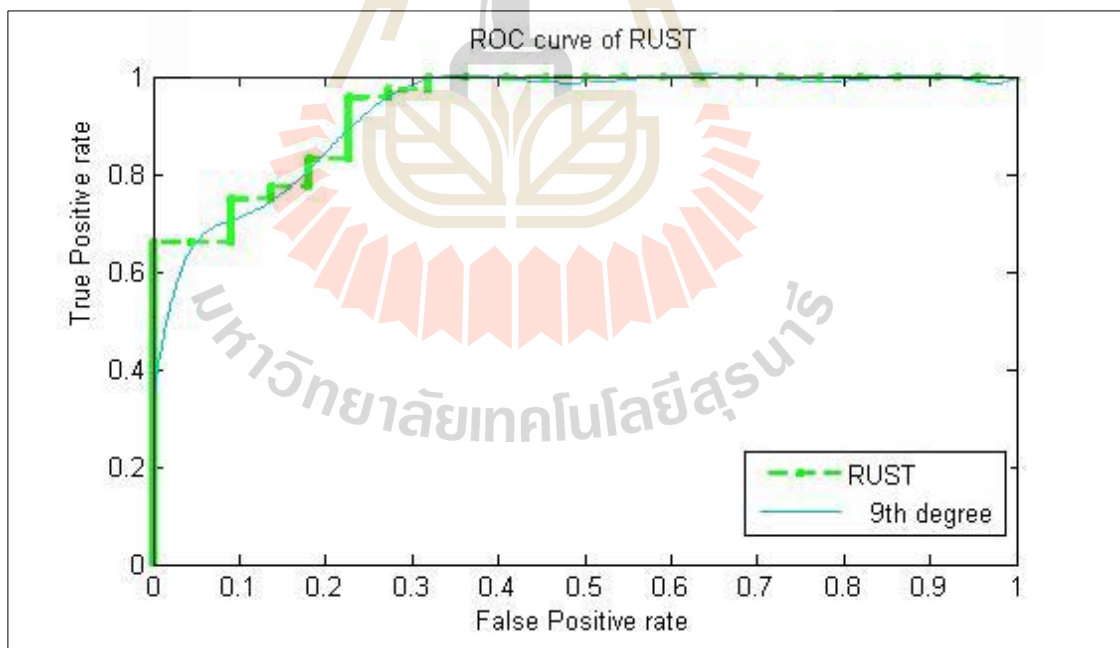
5.3.2 วิเคราะห์ผลการทดสอบประสิทธิภาพโดยรวมของระบบ จากตารางผลการทดสอบประสิทธิภาพโดยรวมของระบบ เห็นว่าผลการจำแนกรูปแบบในส่วนของการระบุว่าเป็นโรค หรือ ไม่เป็นโรค ได้ค่าความแม่นยำคิดเป็น 95.23 เปอร์เซ็นต์ ค่าอัตราการจำแนกรูปแบบถูกต้อง 100 เปอร์เซ็นต์ และค่าคะแนนเอฟ หรือค่าเฉลี่ยระหว่างค่าความแม่นยำ กับค่าอัตราการจำแนกรูปแบบมีค่าเป็น 97.55 เปอร์เซ็นต์

สำหรับในส่วนของผลการจำแนกรูปแบบจุดโรคของใบองุ่น ได้ผลดังนี้ โรคอิบุมมีค่าความแม่นยำ 92.46 เปอร์เซ็นต์ ค่าอัตราการจำแนกรูปแบบ 79.25 เปอร์เซ็นต์ ค่าคะแนนเอฟ 85.34 เปอร์เซ็นต์ โรคราสนิม มีค่าความแม่นยำ 94.35 เปอร์เซ็นต์ ค่าอัตราการจำแนกรูปแบบ 84.21 เปอร์เซ็นต์ และค่าคะแนนเอฟ 88.99 เปอร์เซ็นต์ โรคราน้ำค้าง มีค่าความแม่นยำ 91.66 เปอร์เซ็นต์ ค่าอัตราการจำแนกรูปแบบ 91.66 เปอร์เซ็นต์ และค่าคะแนนเอฟ 91.66 เปอร์เซ็นต์ และโรคราแป้งมีค่าความแม่นยำ 86.11 เปอร์เซ็นต์ ค่าอัตราการจำแนกรูปแบบ 88.57 เปอร์เซ็นต์ และค่าคะแนนเอฟมีค่า 87.32 เปอร์เซ็นต์ เพื่อให้เห็นภาพประสิทธิภาพโดยรวมของระบบชัดเจน งานวิจัยนี้ได้นำเอาผลที่ได้ไปวาดกราฟความสัมพันธ์ระหว่างรูปแบบที่จำแนกได้ถูกต้อง ( $TP$ ) เทียบกับรูปแบบที่จำแนกได้ไม่ถูกต้อง ( $FP$ ) (Receiver Operating Characteristics หรือ ROC curve) ของแต่ละรูปแบบดังแสดงในรูปที่ 5.1 – 5.4

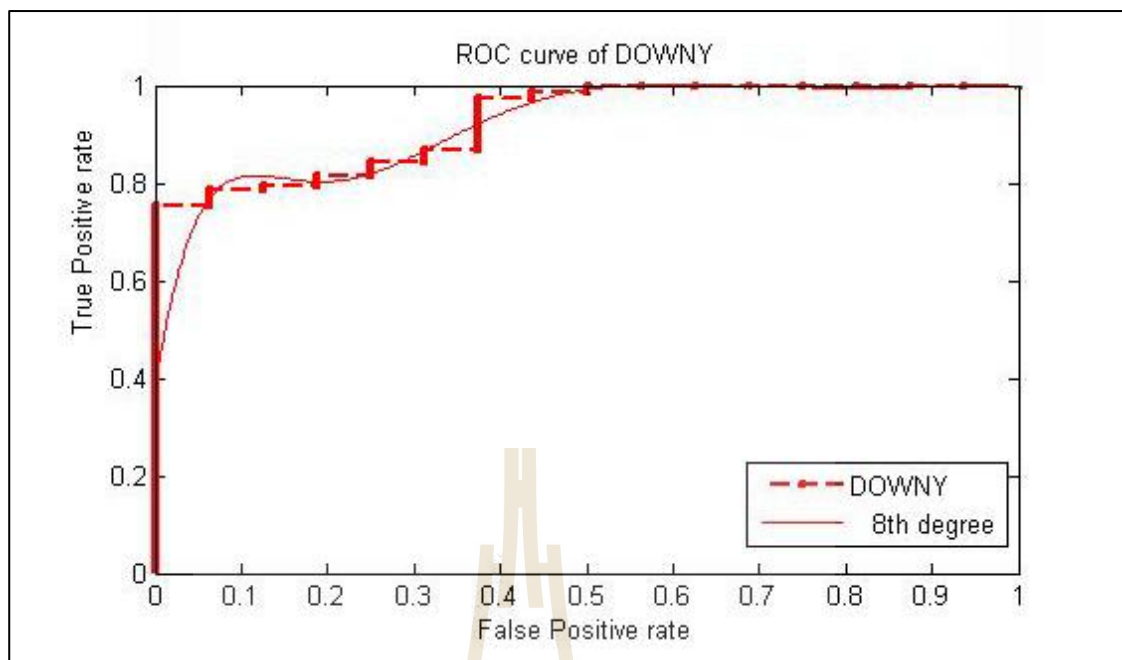




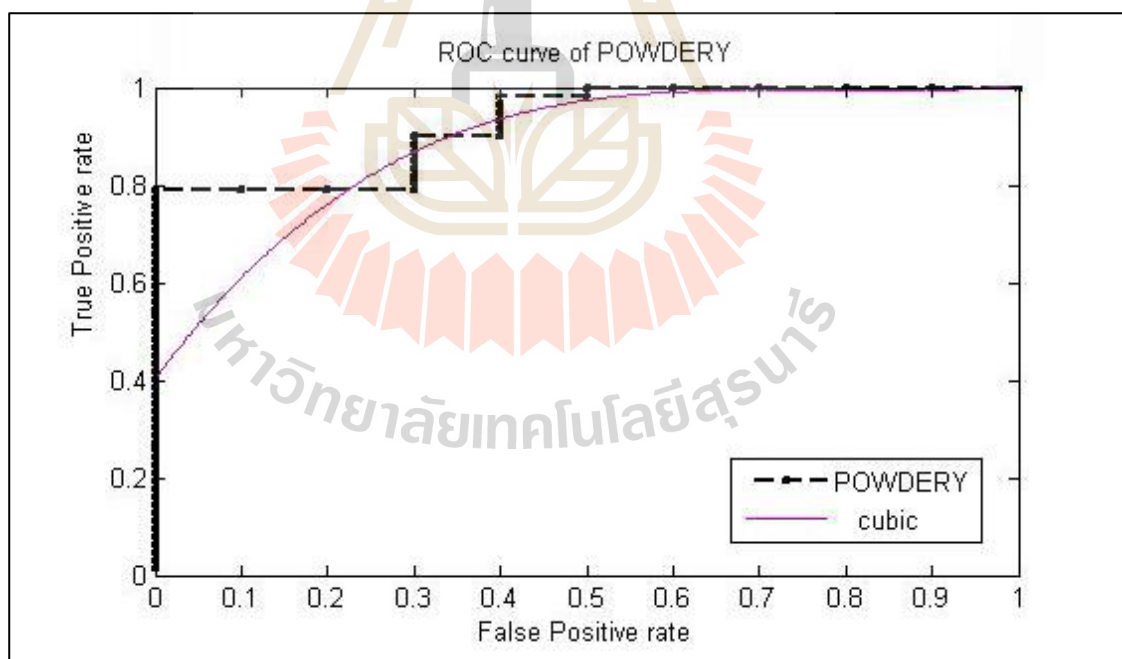
รูปที่ 5.1 ความสัมพันธ์ของรูปแบบที่จำแนกได้ถูกต้องกับจำแนกได้ไม่ถูกต้องของจุดโรคอิบบ



รูปที่ 5.2 ความสัมพันธ์ของรูปแบบที่จำแนกได้ถูกต้องกับจำแนกได้ไม่ถูกต้องของจุดโรคราสนิม



รูปที่ 5.3 ความสัมพันธ์ของรูปแบบที่จำแนกได้ถูกต้องกับจำแนกได้ไม่ถูกต้องของจุดโรคราน้ำค้าง



รูปที่ 5.4 ความสัมพันธ์ของรูปแบบที่จำแนกได้ถูกต้องกับจำแนกได้ไม่ถูกต้องของจุดโรคราแป้ง

จากกราฟแสดงความสัมพันธ์ระหว่างรูปแบบที่จำแนกได้ถูกต้องกับรูปแบบที่จำแนกได้ไม่ถูกต้องของแต่ละจุดโรค พบว่ากราฟที่ได้ มีลักษณะของประสิทธิภาพที่ดีในทุกรูปแบบ และเมื่อแต่ละกราฟที่ได้มาคำนวณหาพื้นที่ใต้กราฟ (Area under curve หรือ AUC) ได้ผลดังนี้ รูปแบบจุดโรคอีบูนมีค่าพื้นที่ใต้กราฟเท่ากับ 0.8697 โรคราสนิมมีพื้นที่ใต้กราฟเท่ากับ 0.8922 โรคราน้ำค้างมีพื้นที่ใต้กราฟเท่ากับ 0.8654 และโรคราแป้งมีพื้นที่ใต้กราฟเท่ากับ 0.8290 ซึ่งค่าพื้นที่ใต้กราฟที่ได้ มีความสอดคล้องกับค่าประสิทธิภาพโดยรวมของระบบที่แสดงในตารางที่ 5.1 จากผลที่ได้ในตาราง เป็นผลการทดสอบแบบแบบหนึ่งรูปแบบต่อทุกรูปแบบ (one vs all หรือ OVA) เพื่อให้เห็นภาพรวมของประสิทธิภาพของระบบทั้งระบบ ในงานวิจัยนี้ได้ทำการหาค่าประสิทธิภาพแบบ micro-average และแบบ macro-average ซึ่งสามารถหาค่าได้ดังสมการที่ 5.4 และ 5.5

$$PRE_{micro} = \frac{TP_1 + \dots + TP_k}{TP_1 + \dots + TP_k + FP_1 + \dots + FP_k} \quad (5.4)$$

$$PRE_{macro} = \frac{PRE_1 + \dots + PRE_k}{k} \quad (5.5)$$

จากผลการคำนวณ ค่าประสิทธิภาพโดยรวมของระบบนี้ มีค่า  $PRE_{micro} = 0.9260$  หรือ 92.60 เปอร์เซ็นต์ และค่า  $PRE_{macro} = 0.9114$  หรือ 91.14 เปอร์เซ็นต์ เมื่อทำการนำผลที่ได้มาวิเคราะห์พบว่าประสิทธิภาพของการจำแนกรูปแบบที่ได้ บางส่วนเกิดจากผลของการแยกส่วนจุดโรคออกจากพื้นหลัง บางจุดโรคหายไปในส่วนนี้ ดังนั้นงานวิจัยนี้จึงได้ทำการหาค่าประสิทธิภาพโดยใช้ตาราง confusion matrix ซึ่งเป็นตารางสำหรับประเมินผลลัพธ์ของการจำแนกรูปแบบเปรียบเทียบกับผลลัพธ์จริงของรูปแบบ ผลที่ได้แสดงดังตารางที่ 5.2

ตารางที่ 5.2 confusion matrix ของระบบการจำแนกรูปแบบโดยใช้อัลกอริทึม GA-SASOM

ผลการจำแนกรูปแบบ	รูปแบบตามจริง				จำนวนรวมที่จำแนกได้
	อีบูน	ราสนิม	ราน้ำค้าง	ราแป้ง	
อีบูน	233	3	2	0	238
ราสนิม	4	368	7	0	379
ราน้ำค้าง	7	3	176	0	186
ราแป้ง	1	2	1	62	66
จำนวนรวมรูปแบบตามจริง	245	376	186	62	

ซึ่งผลที่ได้ในตารางนี้มีเฉพาะรูปแบบที่แยกส่วนจุดโรคออกจากภาพพื้นหลังได้ถูกต้องเท่านั้น จากผลการทดสอบที่ได้ นำมาหาค่าความแม่นยำของแต่ละรูปแบบ และค่าอัตราการจำแนกรูปแบบของแต่ละรูปแบบโดยใช้สมการดังนี้

$$PRE_i = \frac{TP_i}{TotalPredicted_i} \quad (5.6)$$

$$REC_i = \frac{TP_i}{TotalLabel_i} \quad (5.7)$$

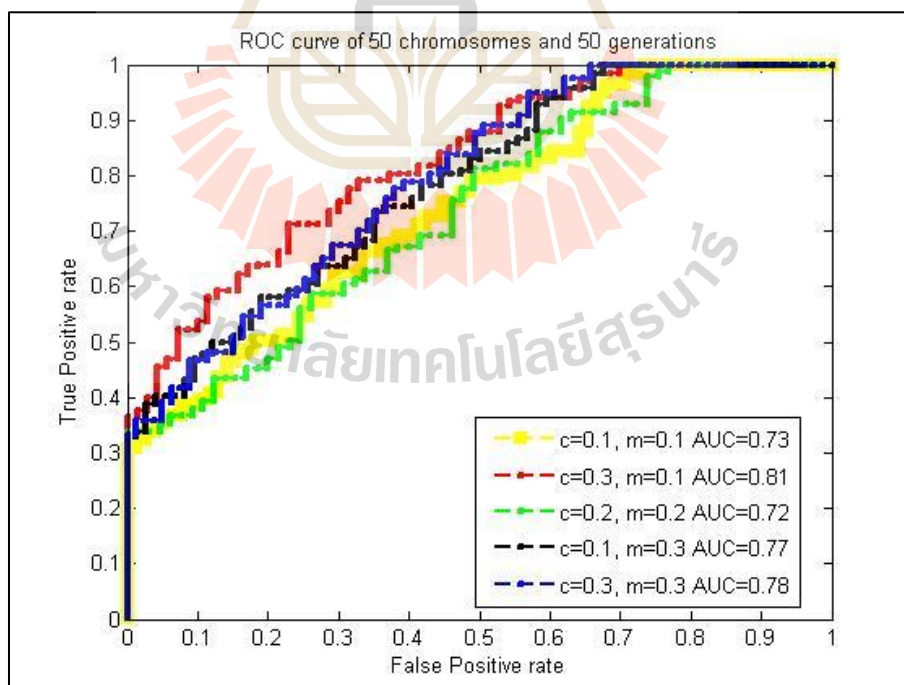
ดังนั้น จากตารางได้ค่าความแม่นยำและค่าอัตราการจำแนกรูปแบบของแต่ละรูปแบบ คือ โรคอีโบลา มีค่าความแม่นยำ 97.89 เปอร์เซ็นต์ ค่าอัตราการจำแนกรูปแบบ 95.10 เปอร์เซ็นต์ โรคราสนิมมีค่าความแม่นยำ 97.09 เปอร์เซ็นต์ ค่าอัตราการจำแนกรูปแบบ 97.87 เปอร์เซ็นต์ โรคราน้ำค้างมีค่าความแม่นยำ 94.62 เปอร์เซ็นต์ ค่าอัตราการจำแนกรูปแบบ 94.62 เปอร์เซ็นต์ และ โรคราแป้งมีค่าความแม่นยำ 93.93 เปอร์เซ็นต์ ค่าอัตราการจำแนกรูปแบบ 100 เปอร์เซ็นต์ และเมื่อนำค่าความแม่นยำและค่าอัตราการจำแนกรูปแบบที่ได้มาทำการหาค่าประสิทธิภาพแบบ micro-average และแบบ macro-average ดังสมการที่ 5.4 – 5.5 ทำให้ได้ค่าประสิทธิภาพโดยรวมของระบบคือ  $PRE_{micro} = 0.9655$  หรือคิดเป็น 96.55 เปอร์เซ็นต์ และค่า  $PRE_{macro} = 0.9588$  หรือคิดเป็น 95.88 เปอร์เซ็นต์

#### 5.4 ผลการทดสอบผลของพารามิเตอร์ของอัลกอริทึม GA-SASOM

วิทยานิพนธ์นี้ได้ทำการทดสอบพารามิเตอร์ของอัลกอริทึมนี้ โดยการนำรูปภาพจุดโรคทั้งหมด 993 จุดโรค ซึ่งประกอบไปด้วย โรคอีโบลาจำนวน 294 จุดโรค โรคราสนิมจำนวน 437 จุดโรค โรคราน้ำค้างจำนวน 192 จุดโรค และ โรคราแป้งจำนวน 70 จุดโรค มาทำการทดสอบพารามิเตอร์ของอัลกอริทึม GA-SASOM โดยได้ทำการปรับเปลี่ยนจำนวนโครโมโซม จำนวนรอบสูงสุด ค่าอัตราการครอสโอเวอร์ ( $\mu_c$ ) และค่าอัตราการมิวเตชัน ( $\mu_m$ ) แล้วนำผลที่ได้มาทำการคำนวณหาค่าความแม่นยำ และค่าอัตราการจำแนกรูปแบบ เพื่อเปรียบเทียบผลของพารามิเตอร์แต่ละค่า ผลที่ได้แสดงรายละเอียดดังตารางที่ 5.3 – 5.11 เมื่อได้ผลการทดสอบแล้ว ได้นำค่าที่ได้มาทำการเขียนกราฟความสัมพันธ์ระหว่างรูปแบบที่จำแนกได้ถูกต้องเทียบกับรูปแบบที่จำแนกได้ไม่ถูกต้อง เพื่อหาค่าพื้นที่ใต้กราฟของแต่ละค่าพารามิเตอร์ เพื่อเปรียบเทียบผลของพารามิเตอร์ ดังรายละเอียดต่อไปนี้

ตารางที่ 5.3 ผลการทดสอบการจำแนกรูปแบบโดยใช้จำนวนโครโมโซม 50 โครโมโซม จำนวนรอบสูงสุดเท่ากับ 50 รอบ

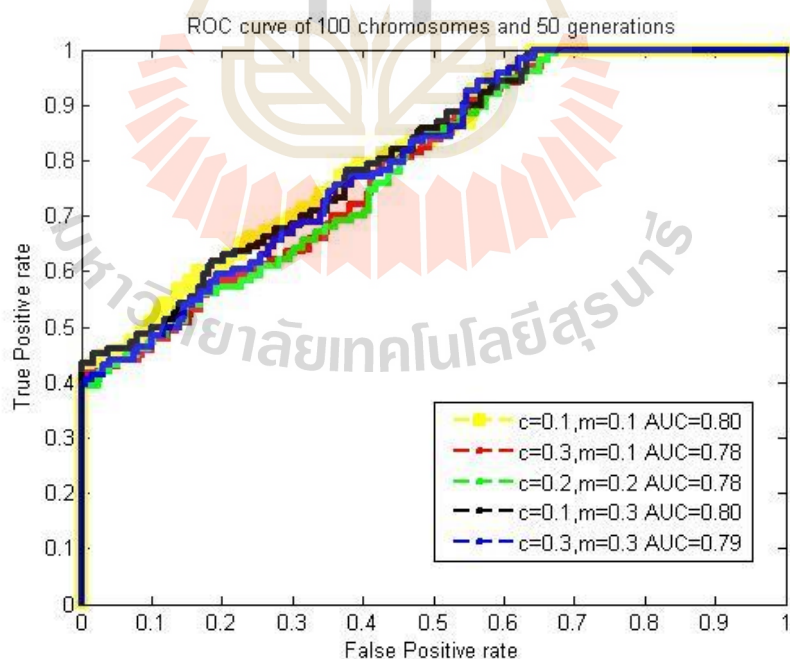
ค่าพารามิเตอร์		ผลการจำแนกรูปแบบ					
อัตราการครอสโอเวอร์ ( $\mu_c$ )	อัตราการมิวเตชัน ( $\mu_m$ )	จำนวนรูป			เปอร์เซ็นต์		
		TP	FN	FP	PRE	REC	AUC
0.1	0.1	598	395	78	88.46	60.22	73.31
0.2	0.1	602	391	69	89.71	60.62	70.96
0.3	0.1	600	393	70	89.55	60.42	81.11
0.1	0.2	587	406	75	88.67	59.11	73.68
0.2	0.2	611	382	65	90.38	61.53	72.25
0.3	0.2	605	388	68	89.89	60.92	73.39
0.1	0.3	576	417	74	88.61	58.00	77.06
0.2	0.3	581	412	69	89.38	58.50	75.17
0.3	0.3	577	416	79	87.95	58.10	78.06



รูปที่ 5.5 กราฟ ROC เมื่อจำนวนโครโมโซม 50 โครโมโซม จำนวนรอบสูงสุด 50 รอบ

ตารางที่ 5.4 ผลการทดสอบการจำแนกรูปแบบโดยใช้จำนวนโครโมโซม 100 โครโมโซม จำนวนรอบสูงสุดเท่ากับ 50 รอบ

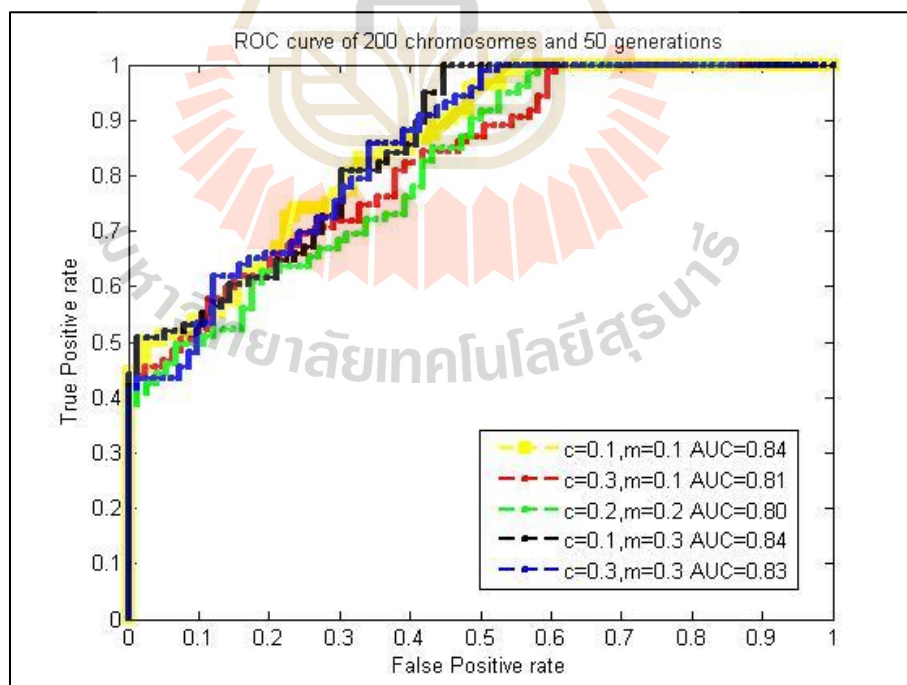
ค่าพารามิเตอร์		ผลการจำแนกรูปแบบ					
อัตราการครอสโอเวอร์ ( $\mu_c$ )	อัตราการมิวเตชัน ( $\mu_m$ )	จำนวนรูป			เปอร์เซ็นต์		
		TP	FN	FP	PRE	REC	AUC
0.1	0.1	652	341	79	89.19	65.65	80.92
0.2	0.1	675	318	75	90.00	67.97	79.00
0.3	0.1	684	309	70	90.71	68.88	78.74
0.1	0.2	625	368	76	89.15	62.94	77.97
0.2	0.2	690	303	68	91.02	69.48	78.45
0.3	0.2	685	308	65	91.33	68.98	80.72
0.1	0.3	641	352	80	88.90	64.55	80.64
0.2	0.3	639	354	77	89.24	64.35	80.42
0.3	0.3	644	349	81	88.82	64.85	79.85



รูปที่ 5.6 กราฟ ROC เมื่อจำนวนโครโมโซม 100 โครโมโซม จำนวนรอบสูงสุด 50 รอบ

ตารางที่ 5.5 ผลการทดสอบการจำแนกรูปแบบโดยใช้จำนวนโครโมโซม 200 โครโมโซม จำนวนรอบสูงสุดเท่ากับ 50 รอบ

ค่าพารามิเตอร์		ผลการจำแนกรูปแบบ					
อัตราการ ครอสโอเวอร์ ( $\mu_c$ )	อัตราการ มิวเตชัน ( $\mu_m$ )	จำนวนรูป			เปอร์เซ็นต์		
		TP	FN	FP	PRE	REC	AUC
0.1	0.1	699	294	85	89.15	70.39	84.09
0.2	0.1	720	273	82	89.77	72.51	83.02
0.3	0.1	705	288	79	89.92	71.00	81.31
0.1	0.2	704	289	75	90.37	70.90	82.37
0.2	0.2	722	271	74	90.70	72.71	80.22
0.3	0.2	718	275	80	89.97	72.31	81.33
0.1	0.3	710	283	76	90.33	71.50	84.17
0.2	0.3	709	284	81	89.74	71.40	79.66
0.3	0.3	703	290	82	89.55	70.80	83.81

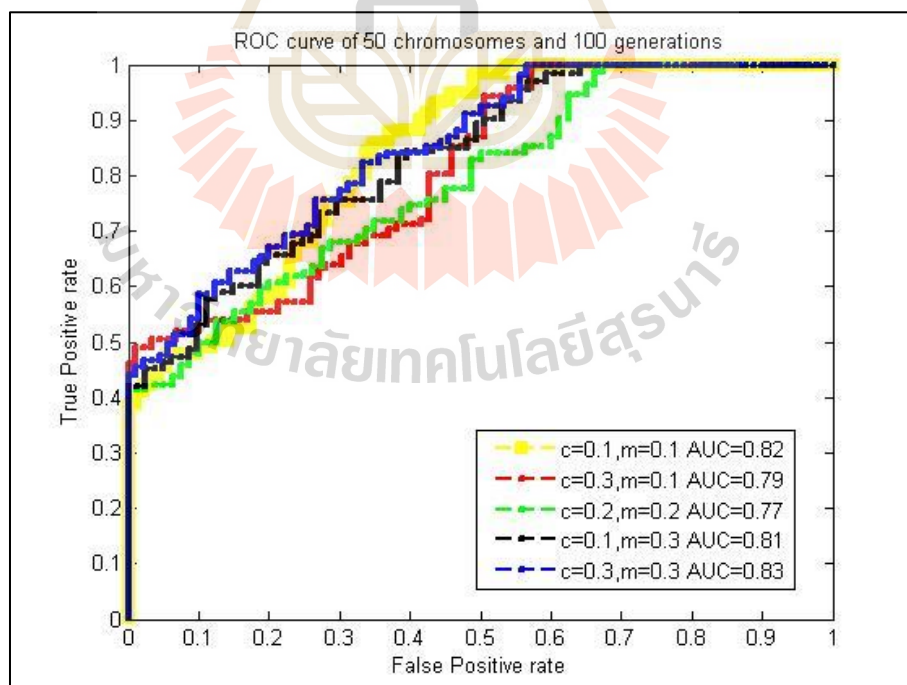


รูปที่ 5.7 กราฟ ROC เมื่อจำนวนโครโมโซม 200 โครโมโซม จำนวนรอบสูงสุด 50 รอบ



ตารางที่ 5.6 ผลการทดสอบการจำแนกรูปแบบโดยใช้จำนวนโครโมโซม 50 โครโมโซม จำนวนรอบสูงสุดเท่ากับ 100 รอบ

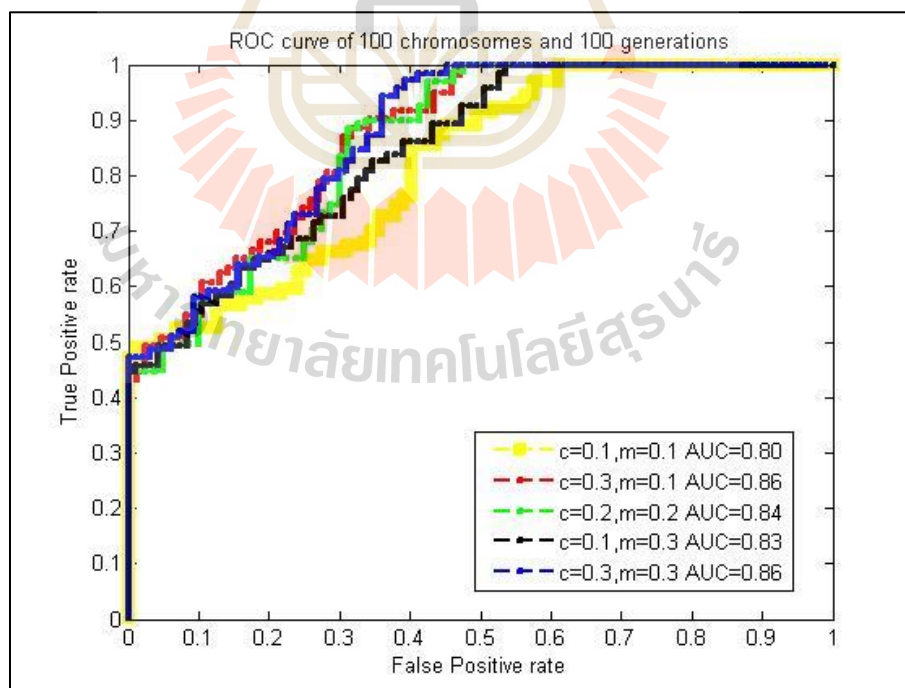
ค่าพารามิเตอร์		ผลการจำแนกรูปแบบ					
อัตราการ ครอสโอเวอร์ ( $\mu_c$ )	อัตราการ มิวเตชัน ( $\mu_m$ )	จำนวนรูป			เปอร์เซ็นต์		
		<i>TP</i>	<i>FN</i>	<i>FP</i>	PRE	REC	AUC
0.1	0.1	597	396	92	86.64	60.12	82.99
0.2	0.1	600	393	87	87.33	60.42	80.62
0.3	0.1	611	382	89	87.28	61.53	79.78
0.1	0.2	609	384	85	87.75	61.33	78.15
0.2	0.2	624	369	80	88.63	62.84	77.61
0.3	0.2	616	377	86	87.74	62.03	84.20
0.1	0.3	605	388	81	88.19	60.93	81.79
0.2	0.3	612	381	88	87.42	61.63	82.12
0.3	0.3	607	386	90	87.08	61.13	83.52



รูปที่ 5.8 กราฟ ROC เมื่อจำนวนโครโมโซม 50 โครโมโซม จำนวนรอบสูงสุด 100 รอบ

ตารางที่ 5.7 ผลการทดสอบการจำแนกรูปแบบโดยใช้จำนวนโครโมโซม 100 โครโมโซม จำนวนรอบสูงสุดเท่ากับ 100 รอบ

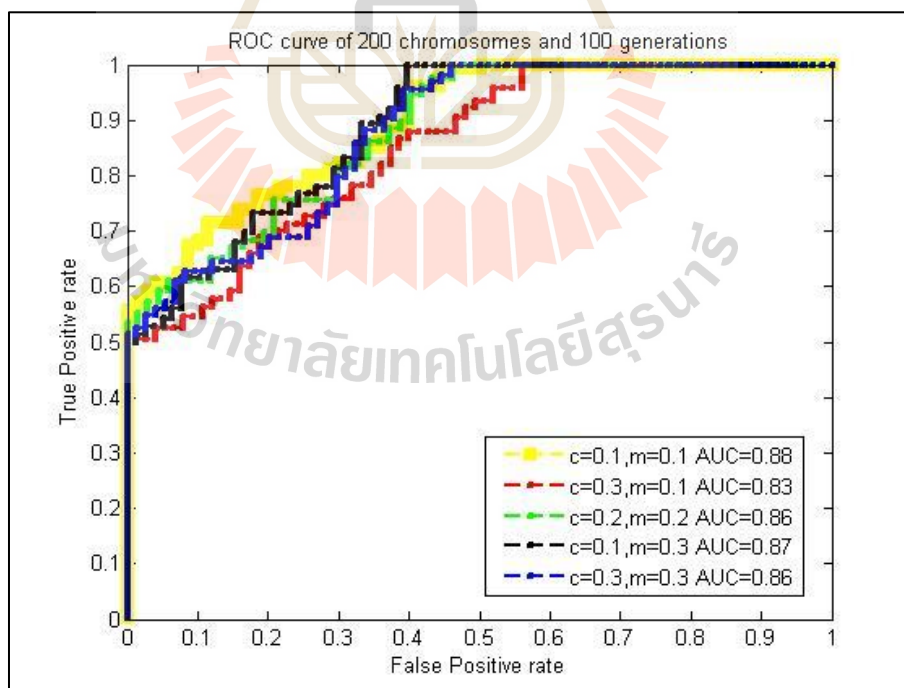
ค่าพารามิเตอร์		ผลการจำแนกรูปแบบ					
อัตราการ ครอสโอเวอร์ ( $\mu_c$ )	อัตราการ มิวเตชัน ( $\mu_m$ )	จำนวนรูป			เปอร์เซ็นต์		
		TP	FN	FP	PRE	REC	AUC
0.1	0.1	701	292	87	88.95	70.59	80.91
0.2	0.1	709	284	92	88.51	71.40	86.18
0.3	0.1	710	283	85	89.30	71.50	86.02
0.1	0.2	709	284	86	89.18	71.40	84.94
0.2	0.2	714	279	80	89.92	71.90	84.83
0.3	0.2	711	282	79	90.00	71.60	79.13
0.1	0.3	708	285	95	88.16	71.30	83.67
0.2	0.3	705	288	91	88.56	71.00	81.93
0.3	0.3	697	296	97	87.78	70.19	86.20



รูปที่ 5.9 กราฟ ROC เมื่อจำนวนโครโมโซม 100 โครโมโซม จำนวนรอบสูงสุด 100 รอบ

ตารางที่ 5.8 ผลการทดสอบการจำแนกรูปแบบโดยใช้จำนวนโครโมโซม 200 โครโมโซม จำนวนรอบสูงสุดเท่ากับ 100 รอบ

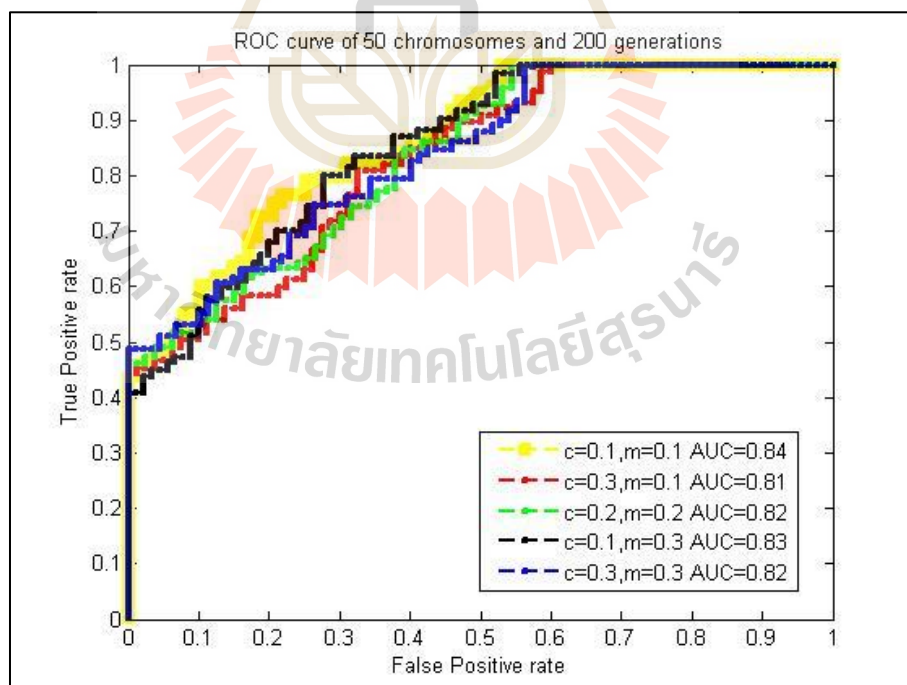
ค่าพารามิเตอร์		ผลการจำแนกรูปแบบ					
อัตราการ ครอสโอเวอร์ ( $\mu_c$ )	อัตราการ มิวเตชัน ( $\mu_m$ )	จำนวนรูป			เปอร์เซ็นต์		
		TP	FN	FP	PRE	REC	AUC
0.1	0.1	750	243	70	91.46	75.53	88.11
0.2	0.1	768	225	72	91.42	77.34	84.64
0.3	0.1	771	222	75	91.13	77.64	83.85
0.1	0.2	798	195	69	92.04	80.36	86.07
0.2	0.2	839	154	67	92.60	84.49	86.68
0.3	0.2	820	173	66	92.55	82.58	87.81
0.1	0.3	822	171	78	91.33	82.78	87.31
0.2	0.3	829	164	71	92.11	83.48	86.83
0.3	0.3	819	174	74	91.71	82.48	86.40



รูปที่ 5.10 กราฟ ROC เมื่อจำนวนโครโมโซม 200 โครโมโซม จำนวนรอบสูงสุด 100 รอบ

ตารางที่ 5.9 ผลการทดสอบการจำแนกรูปแบบโดยใช้จำนวนโครโมโซม 50 โครโมโซม จำนวนรอบสูงสุดเท่ากับ 200 รอบ

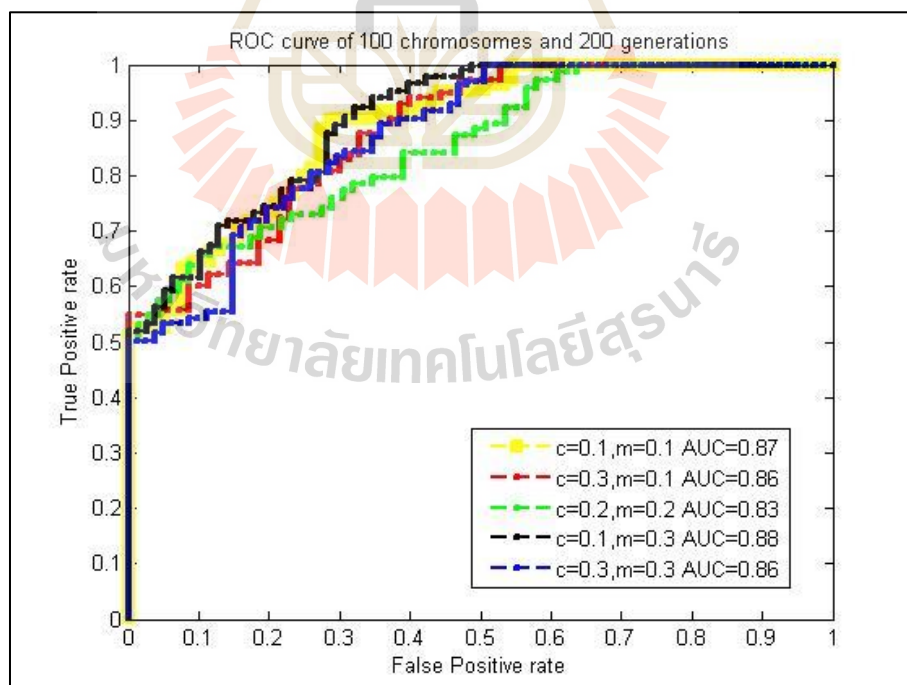
ค่าพารามิเตอร์		ผลการจำแนกรูปแบบ					
อัตราการ ครอสโอเวอร์ ( $\mu_c$ )	อัตราการ มิวเตชัน ( $\mu_m$ )	จำนวนรูป			เปอร์เซ็นต์		
		TP	FN	FP	PRE	REC	AUC
0.1	0.1	609	384	87	87.50	61.33	84.98
0.2	0.1	605	388	89	87.17	60.93	78.02
0.3	0.1	618	375	80	88.53	62.24	81.55
0.1	0.2	620	373	86	87.81	62.44	82.14
0.2	0.2	638	355	79	88.98	64.25	82.17
0.3	0.2	624	369	80	88.63	62.84	84.08
0.1	0.3	619	374	90	87.30	62.34	83.95
0.2	0.3	621	372	84	88.08	62.54	83.49
0.3	0.3	607	386	87	87.46	61.13	82.59



รูปที่ 5.11 กราฟ ROC เมื่อจำนวนโครโมโซม 50 โครโมโซม จำนวนรอบสูงสุด 200 รอบ

ตารางที่ 5.10 ผลการทดสอบการจำแนกรูปแบบโดยใช้จำนวนโครโมโซม 100 โครโมโซม จำนวนรอบสูงสุดเท่ากับ 200 รอบ

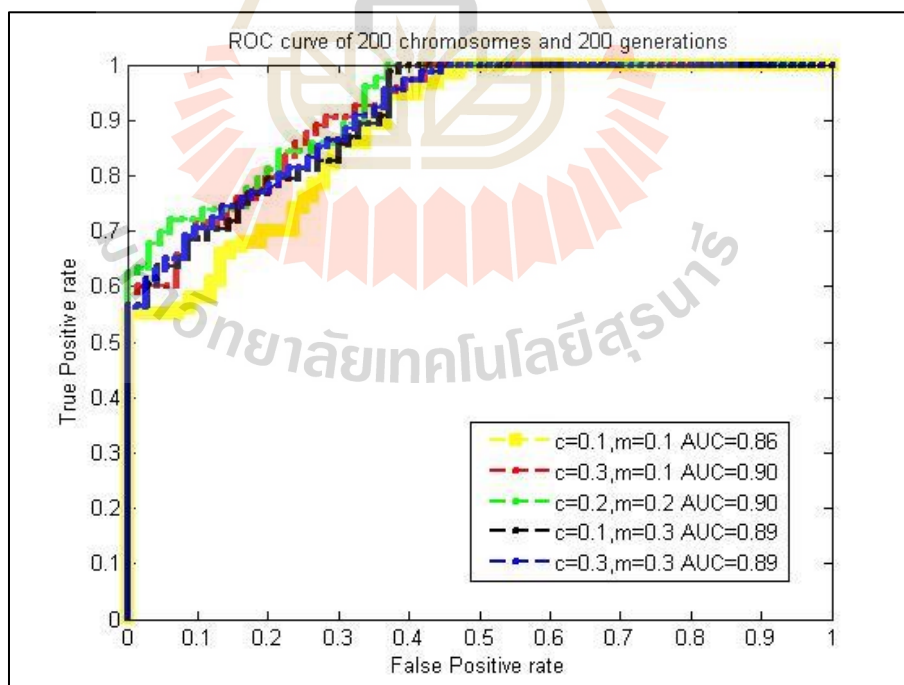
ค่าพารามิเตอร์		ผลการจำแนกรูปแบบ					
อัตราการ ครอสโอเวอร์ ( $\mu_c$ )	อัตราการ มิวเตชัน ( $\mu_m$ )	จำนวนรูป			เปอร์เซ็นต์		
		TP	FN	FP	PRE	REC	AUC
0.1	0.1	720	273	77	90.33	72.51	87.58
0.2	0.1	724	269	79	90.16	72.91	86.71
0.3	0.1	722	271	70	91.16	72.71	86.40
0.1	0.2	730	263	75	90.68	73.51	84.89
0.2	0.2	745	248	69	91.52	75.03	83.99
0.3	0.2	739	254	72	91.12	74.42	89.18
0.1	0.3	729	264	78	90.33	73.41	88.57
0.2	0.3	740	253	71	91.24	74.52	86.07
0.3	0.3	738	255	81	90.10	74.32	86.13



รูปที่ 5.12 กราฟ ROC เมื่อจำนวนโครโมโซม 100 โครโมโซม จำนวนรอบสูงสุด 200 รอบ

ตารางที่ 5.11 ผลการทดสอบการจำแนกรูปแบบโดยใช้จำนวนโครโมโซม 200 โครโมโซม จำนวนรอบสูงสุดเท่ากับ 200 รอบ

ค่าพารามิเตอร์		ผลการจำแนกรูปแบบ					
อัตราการ ครอสโอเวอร์ ( $\mu_c$ )	อัตราการ มิวเตชัน ( $\mu_m$ )	จำนวนรูป			เปอร์เซ็นต์		
		TP	FN	FP	PRE	REC	AUC
0.1	0.1	800	193	68	92.16	80.56	86.91
0.2	0.1	798	195	67	92.25	80.36	90.06
0.3	0.1	812	181	71	91.95	81.77	90.02
0.1	0.2	828	165	65	92.72	83.38	88.75
0.2	0.2	845	148	65	92.85	85.10	90.72
0.3	0.2	842	151	67	92.62	84.78	89.85
0.1	0.3	840	153	70	92.30	84.59	89.29
0.2	0.3	829	164	72	92.00	83.48	90.12
0.3	0.3	830	163	74	91.81	83.59	89.69



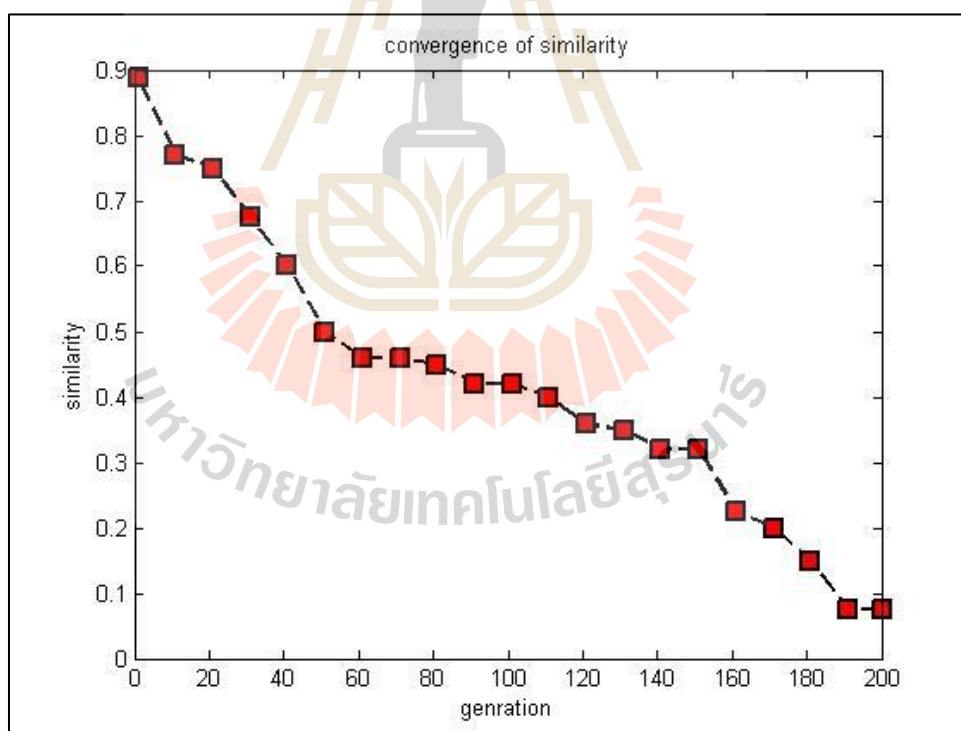
รูปที่ 5.13 กราฟ ROC เมื่อจำนวนโครโมโซม 200 โครโมโซม จำนวนรอบสูงสุด 200 รอบ



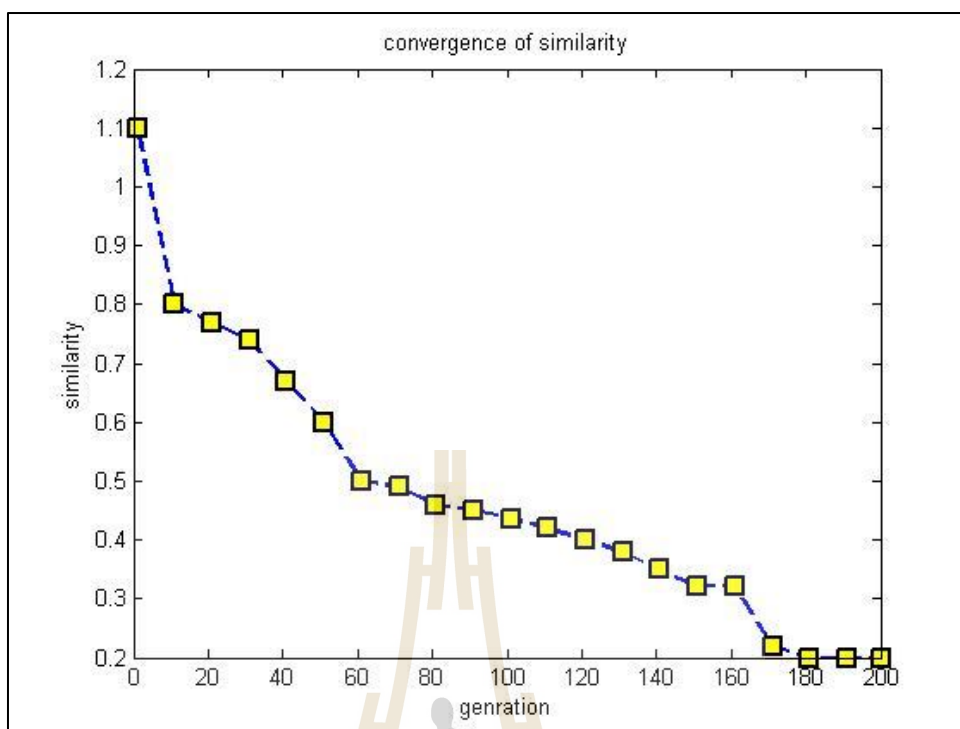
จากผลการทดสอบพารามิเตอร์ของ GA-SASOM ที่แสดงในตาราง พบว่าค่าพารามิเตอร์ที่ให้ผลการจำแนกรูปแบบดีที่สุดคือ จำนวนโครโมโซม 200 โครโมโซม จำนวนรอบสูงสุด 200 รอบ ค่าอัตราการครอสโอเวอร์ 0.2 และค่าอัตราการมิวเตชัน 0.2 ซึ่งค่าความแม่นยำมีค่าเป็น 92.85 เปอร์เซ็นต์ ค่าอัตราการจำแนกรูปแบบเป็น 85.10 เปอร์เซ็นต์ และค่าพื้นที่ใต้กราฟมีค่าเป็น 90.72 เปอร์เซ็นต์ ค่าพิสัย (range) ของพารามิเตอร์ของ GA มีดังนี้ ค่าอัตราส่วนการครอสโอเวอร์ อยู่ระหว่าง 0.1 – 0.4 ค่าอัตราส่วนการมิวเตชันอยู่ระหว่าง 0.05 – 0.3 ค่าจำนวนประชากรที่อยู่ระหว่าง 100 – 500 โครโมโซม จำนวนรอบสูงสุดอยู่ที่ 100 – 1000 รอบ

### 5.5 ผลการทดสอบการลู่เข้าของอัลกอริทึม GA-SASOM

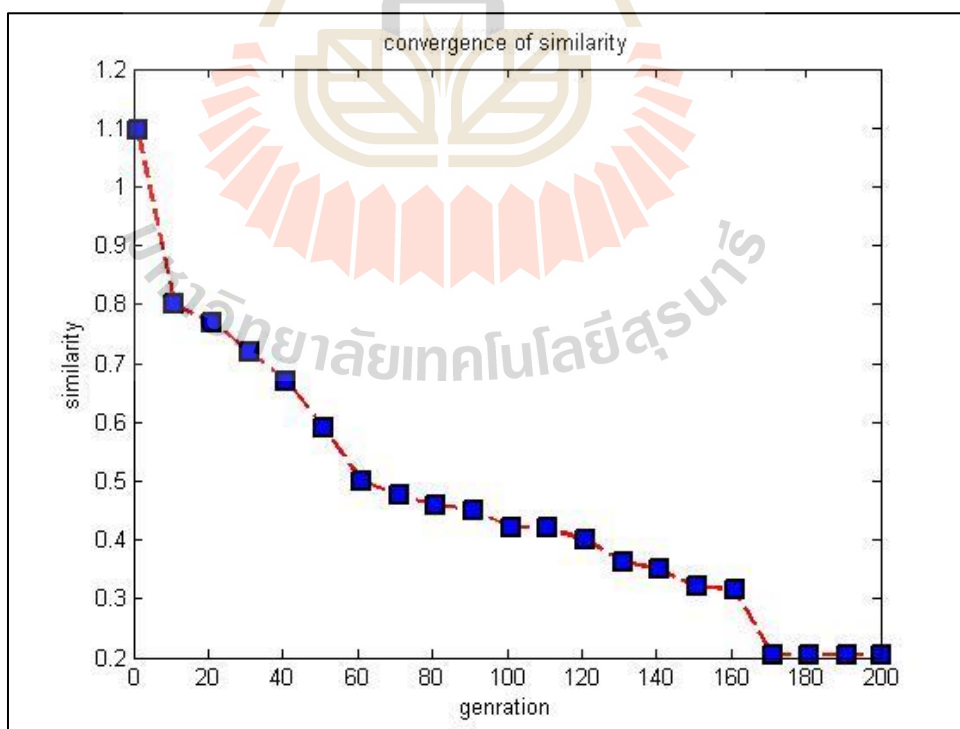
งานวิจัยนี้ได้ทำการทดสอบการลู่เข้าของอัลกอริทึม โดยทำการเขียนกราฟค่าความเหมือนของแผนผังโครโมโซมที่ดีที่สุดของกลุ่มประชากรในแต่ละรอบการค้นหาค้นหาของรูปแบบจุดโรคทั้ง 4 รูปแบบ ดังแสดงในรูปที่ 5.1 – 5.4



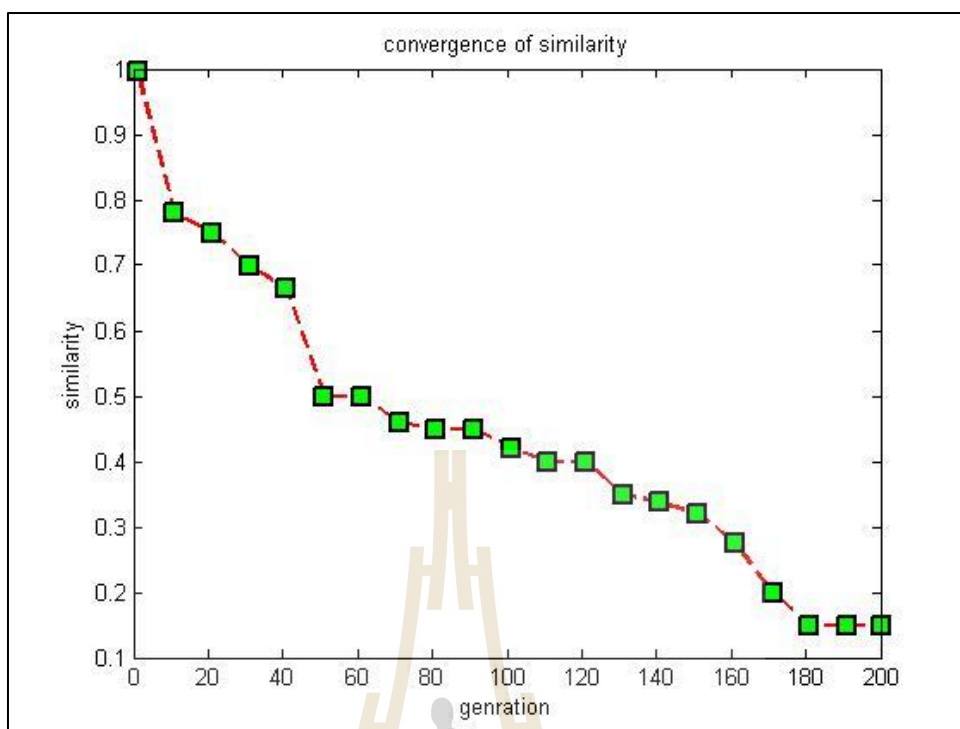
รูปที่ 5.14 กราฟแสดงค่าความเหมือนของแผนผังโครโมโซมเทียบกับอินพุตของจุดโรคอีบบ



รูปที่ 5.15 กราฟแสดงค่าความเหมือนของแผนผังโครโมโซมเทียบกับอินพุตของจุดโรคราสนิม



รูปที่ 5.16 กราฟแสดงค่าความเหมือนของแผนผังโครโมโซมเทียบกับอินพุตของจุดโรคราน้ำค้าง



รูปที่ 5.17 กราฟแสดงค่าความเหมือนของแผนผังโครโมโซมเทียบกับอินพุตของจุดโรคราแป้ง

จากผลการทดสอบพบว่า อัลกอริทึม GA-SASOM มีการลู่เข้าสู่คำตอบ โดยคำตอบที่ได้เริ่มคงที่ที่รอบการค้นหามากกว่า 180 – 200 รอบ

## 5.6 การเปรียบเทียบผลการทดสอบระบบกับอัลกอริทึมอื่น ๆ

วิทยานิพนธ์นี้ได้ทำการปรับทัศนวิสัยการวิจัยที่เกี่ยวข้องกับการจำแนกรูปแบบของโรคพืช เพื่อนำผลการทดสอบระบบมาเปรียบเทียบกับผลที่ได้จากอัลกอริทึม GA-SASOM โดยทำการเปรียบเทียบกับ 5 งานวิจัยดังนี้

- 1) S.Zhang, Wu, You และ L.Zhang (2017) ได้นำเสนอการจดจำรูปแบบของโรคที่พบบนใบแตงกวา โดยใช้วิธีการแทนแบบ sparse representation หรือ SR
- 2) Rumpf et al. (2010) ได้นำเสนอการตรวจจับและจำแนกรูปแบบของโรคพืชด้วยวิธีการเครื่องเวกเตอร์แบบเกือหนุน (support vector machines หรือ SVM)
- 3) Al-Bashish, Braik และ Bani-Ahmad (2011) ได้นำเสนอการตรวจจับและจำแนกรูปแบบของโรคพืชที่เกิดบนใบด้วยวิธีการแยกส่วนด้วยวิธี K-means และการจำแนกรูปแบบด้วย

โครงข่ายประสาทเทียม (K-means based segmentation followed by neural network based classification หรือ KMSNN)

4) Arivazhagan et al. (2013) ได้นำเสนอการตรวจจับและจำแนกรูปแบบของโรคที่เกิดบนใบของพืชด้วยวิธีการดึงคุณลักษณะเด่นของพื้นผิว (texture features หรือ TF)

5) Zhang et al. (2015) ได้นำเสนอการจดจำรูปแบบของโรคพืชที่เกิดบนใบ (plant leaf image หรือ PLI)

การทดสอบระบบของงานวิจัยทั้ง 5 นี้ ได้ใช้โรคพืชที่พบบนใบแตงกวาทำการทดสอบจำแนกรูปแบบของโรคพืชทั้งหมด 7 รูปแบบ แต่ในวิทยานิพนธ์นี้ได้นำมาเปรียบเทียบเพียง 3 รูปแบบ ได้แก่ โรคอีบบุบ โรคราน้ำค้าง และโรคราแป้ง โดยในงานวิจัยทั้ง 5 งานวิจัยที่กล่าวมาได้ใช้ทดสอบกับรูปภาพระดับเทาที่มีขนาด  $128 \times 128$  พิกเซล จำนวนรูปแบบละ 60 รูป นำมาเปรียบเทียบกับผลการทดสอบระบบของงานวิจัยในวิทยานิพนธ์นี้ โดยใช้ทดสอบกับรูปภาพสีขนาดตั้งแต่  $82 \times 76$  พิกเซล จนถึง  $512 \times 446$  พิกเซล รูปภาพใบองุ่นที่เป็นโรคอีบบุบมีจำนวน 30 รูป ซึ่งมีรูปจุดโรคอีบบุบย่อยอยู่ 294 จุดโรค โรคราน้ำค้างมีจำนวน 37 รูป ซึ่งมีรูปจุดโรคราน้ำค้างย่อยอยู่ 192 จุดโรค และรูปภาพใบองุ่นที่เป็นโรคราแป้งมีจำนวน 12 รูป โดยมีรูปจุดโรคราแป้งย่อยอยู่ 70 รูป โดยรูปภาพจุดโรคในแต่ละรูป มีมุมการหมุน และขนาดที่แตกต่างกัน ผลการทดสอบได้ใช้ค่าอัตราการจำแนกรูปแบบที่ถูกต้อง หรือ REC เป็นเครื่องมือวัดประสิทธิภาพของระบบ ผลการทดสอบระบบของงานวิจัยทั้ง 5 เทียบกับของอัลกอริทึม GA-SASOM แสดงดังตารางที่ 5.12

ตารางที่ 5.12 การเปรียบเทียบผลการทดสอบอัตราการจำแนกรูปแบบที่ถูกต้อง

วิธีการ โรคพืช	อัตราการจำแนกรูปแบบที่ถูกต้อง (เปอร์เซ็นต์)					
	SVM	KMSNN	TF	PLI	SR	GA-SASOM
โรคอีบบุบ	73.16	70.85	73.62	73.07	83.12	79.25
โรคราน้ำค้าง	81.25	82.12	81.13	82.51	88.43	91.66
โรคราแป้ง	77.37	77.62	74.56	83.21	86.24	86.57

จากตารางผลการเปรียบเทียบอัตราการจำแนกรูปแบบที่ถูกต้องพบว่า อัตราการจำแนกรูปแบบของอัลกอริทึม GA-SASOM ของวิทยานิพนธ์นี้ มีผลการทดสอบโดยรวมที่มีค่ามากกว่าผลการทดสอบโดยใช้วิธีการ SVM, KMSNN, TF, PLI และ SR ดังปรากฏในงานวิจัยของ Zhang et al. (2017)

## 5.7 สรุป

บทที่ 5 นี้ แสดงผลการทดสอบระบบการจำแนกรูปแบบของรูปภาพ โดยใช้รูปแบบของรูปภาพใบองุ่นที่ไม่เป็นโรคพืช และใบองุ่นที่เป็นโรคพืช 4 ชนิด ที่ได้มาจากการใช้กล้องต่างชนิดกัน และถ่ายในสภาพแสงที่แตกต่างกันมาทำการทดสอบระบบ รูปที่ใช้ในการฝึกสอนมีดังนี้ รูปแบบโรคอิบุน 20 รูป โรคราสนิม 20 รูป โรคราน้ำค้าง 20 รูป และโรคราแป้ง 10 รูป ที่มีขนาดแตกต่างกัน โดยมีขนาดตั้งแต่ 82x76 พิกเซล จนถึง 512x446 พิกเซล และจำนวนรูปภาพที่ใช้ทดสอบระบบมีดังนี้ รูปภาพใบองุ่นที่ไม่เป็นโรคจำนวน 20 รูป รูปภาพใบองุ่นที่เป็นโรคอิบุนมีจำนวน 30 รูป มีจุดโรคอิบุนย่อยอยู่ 294 จุดโรค โรคราสนิมมีจำนวน 23 รูป มีจุดโรคราสนิมย่อยอยู่ 437 จุดโรค โรคราน้ำค้างมีจำนวน 37 รูป มีจุดโรคราน้ำค้างย่อยอยู่ 192 จุดโรค และโรคราแป้งมีจำนวน 12 รูป มีจุดโรคราแป้งย่อยอยู่ 70 รูป โดยรูปภาพจุดโรคในแต่ละรูป มีมุมการหมุน และขนาดที่แตกต่างกัน ผลการทดสอบที่ได้มีดังต่อไปนี้

ผลการทดสอบประสิทธิภาพของระบบโดยรวม จำนวนรูปทั้งหมดที่ใช้ในการทดสอบมีทั้งหมด 122 รูป และมีรูปจุดโรครวมทั้งหมด 993 จุดโรค ใช้จำนวนโครโมโซมทั้งหมด 200 โครโมโซม ใช้จำนวนรอบสูงสุด 200 รอบ ค่าอัตราการครอสโอเวอร์เป็น 0.2 ค่าอัตราการมิวเตชันเป็น 0.2 ผลการทดสอบประสิทธิภาพของระบบโดยรวม พบว่าผลการจำแนกรูปแบบในส่วนของ การระบุว่าใบองุ่นเป็นโรค หรือ ไม่เป็นโรค ได้ค่าความแม่นยำคิดเป็น 95.23 เปอร์เซ็นต์ ค่าอัตราการจำแนกรูปแบบถูกต้อง 100 เปอร์เซ็นต์ และค่าคะแนนเอฟ หรือค่าเฉลี่ยระหว่างค่าความแม่นยำกับค่าอัตราการจำแนกรูปแบบมีค่าเป็น 97.55 เปอร์เซ็นต์ การจำแนกรูปแบบจุดโรคอิบุนมีค่าความแม่นยำ 92.46 เปอร์เซ็นต์ ค่าอัตราการจำแนกรูปแบบ 79.25 เปอร์เซ็นต์ ค่าคะแนนเอฟ 85.34 เปอร์เซ็นต์ โรคราสนิม มีค่าความแม่นยำ 94.35 เปอร์เซ็นต์ ค่าอัตราการจำแนกรูปแบบ 84.21 เปอร์เซ็นต์ และค่าคะแนนเอฟ 88.99 เปอร์เซ็นต์ โรคราน้ำค้าง มีค่าความแม่นยำ 91.66 เปอร์เซ็นต์ ค่าอัตราการจำแนกรูปแบบ 91.66 เปอร์เซ็นต์ และค่าคะแนนเอฟ 91.66 เปอร์เซ็นต์ และโรคราแป้งมีค่าความแม่นยำ 86.11 เปอร์เซ็นต์ ค่าอัตราการจำแนกรูปแบบ 88.57 เปอร์เซ็นต์ และค่าคะแนนเอฟมีค่า 87.32 เปอร์เซ็นต์

กราฟแสดงความสัมพันธ์ระหว่างรูปแบบที่จำแนกได้ถูกต้องกับรูปแบบที่จำแนกได้ไม่ถูกต้องของแต่ละจุดโรค พบว่ากราฟที่ได้ มีลักษณะของประสิทธิภาพที่ดีในทุกรูปแบบ ค่าพื้นที่ใต้กราฟได้ผลดังนี้ โรคอิบุนมีค่าพื้นที่ใต้กราฟเท่ากับ 0.8697 โรคราสนิมมีพื้นที่ใต้กราฟเท่ากับ 0.8922 โรคราน้ำค้างมีพื้นที่ใต้กราฟเท่ากับ 0.8654 และโรคราแป้งมีพื้นที่ใต้กราฟเท่ากับ 0.8290 ซึ่งค่าพื้นที่ใต้กราฟที่ได้ มีความสอดคล้องกับค่าประสิทธิภาพโดยรวมของระบบ

การหาค่าประสิทธิภาพแบบ micro-average และแบบ macro-average ค่าประสิทธิภาพโดยรวมของระบบนี้ มีค่า  $PRE_{micro} = 0.9260$  หรือ 92.60 เปอร์เซ็นต์ และค่า  $PRE_{macro} = 0.9114$  หรือ 91.14 เปอร์เซ็นต์ เมื่อทำการนำผลที่ได้มาวิเคราะห์ พบว่าประสิทธิภาพของการจำแนกรูปแบบที่ได้ บางส่วนเกิดจากผลของการแยกส่วนจุดโรคออกจากพื้นหลัง บางจุดโรคหายไปในส่วนนี้ ค่าความแม่นยำและค่าอัตราการจำแนกรูปแบบของแต่ละรูปแบบ คือ โรคอินุบ มีค่าความแม่นยำ 97.89 เปอร์เซ็นต์ ค่าอัตราการจำแนกรูปแบบ 95.10 เปอร์เซ็นต์ โรคราสนิมมีค่าความแม่นยำ 97.09 เปอร์เซ็นต์ ค่าอัตราการจำแนกรูปแบบ 97.87 เปอร์เซ็นต์ โรคราน้ำค้างมีค่าความแม่นยำ 94.62 เปอร์เซ็นต์ ค่าอัตราการจำแนกรูปแบบ 94.62 เปอร์เซ็นต์ และโรคราแป้งมีค่าความแม่นยำ 93.93 เปอร์เซ็นต์ ค่าอัตราการจำแนกรูปแบบ 100 เปอร์เซ็นต์ ค่าประสิทธิภาพโดยรวมของระบบคือ  $PRE_{micro} = 0.9655$  หรือคิดเป็น 96.55 เปอร์เซ็นต์ และค่า  $PRE_{macro} = 0.9588$  หรือคิดเป็น 95.88 เปอร์เซ็นต์

ผลการทดสอบผลของพารามิเตอร์ของอัลกอริทึม GA-SASOM ได้ทำการปรับเปลี่ยนจำนวนโครโมโซม จำนวนรอบสูงสุด ค่าอัตราการครอสโอเวอร์ และค่าอัตราการมิวเตชัน จากผลการทดสอบพบว่าค่าพารามิเตอร์ที่ให้ผลการจำแนกรูปแบบดีที่สุดคือ จำนวนโครโมโซม 200 โครโมโซม จำนวนรอบสูงสุด 200 รอบ ค่าอัตราการครอสโอเวอร์ 0.2 และค่าอัตราการมิวเตชัน 0.2 ซึ่งค่าความแม่นยำมีค่าเป็น 92.85 เปอร์เซ็นต์ ค่าอัตราการจำแนกรูปแบบเป็น 85.10 เปอร์เซ็นต์ และค่าพื้นที่ใต้กราฟมีค่าเป็น 90.72 เปอร์เซ็นต์ ค่าพิสัย (range) ของพารามิเตอร์ของ GA มีค่าดังนี้ ค่าอัตราส่วนการครอสโอเวอร์ อยู่ระหว่าง 0.1 – 0.4 ค่าอัตราส่วนการมิวเตชันอยู่ระหว่าง 0.05 – 0.3 ค่าจำนวนประชากรที่อยู่ระหว่าง 100 – 500 โครโมโซม จำนวนรอบสูงสุดอยู่ที่ 100 – 1000 รอบ

การทดสอบการลู่เข้าของอัลกอริทึม โดยทำการเขียนกราฟค่าความเหมือนของแผนผังโครโมโซมที่ดีที่สุดของกลุ่มประชากรในแต่ละรอบการค้นหาค้นหาของรูปแบบจุดโรคทั้ง 4 รูปแบบ จากผลการทดสอบพบว่า อัลกอริทึม GA-SASOM มีการลู่เข้าสู่ค่าตอบ โดยค่าตอบที่ได้เริ่มคงที่ที่รอบการค้นหาค้นหาประมาณ 180 – 200 รอบ

การเปรียบเทียบผลการทดสอบระบบกับอัลกอริทึมอื่น ๆ วิทยานิพนธ์นี้ได้ใช้ผลการทดสอบรูปภาพสีขนาดตั้งแต่ 82x76 พิกเซล จนถึง 512x446 พิกเซล รูปภาพใบองุ่นที่เป็นโรคอินุบมีจำนวน 30 รูป ซึ่งมีรูปจุดโรคอินุบย่อยอยู่ 294 จุดโรค โรคราน้ำค้างมีจำนวน 37 รูป ซึ่งมีรูปจุดโรคราน้ำค้างย่อยอยู่ 192 จุดโรค และรูปภาพใบองุ่นที่เป็นโรคราแป้งมีจำนวน 12 รูป โดยมีรูปจุดโรคราแป้งย่อยอยู่ 70 รูป โดยรูปภาพจุดโรคในแต่ละรูป มีมุมการหมุน และขนาดที่แตกต่างกัน มาเปรียบเทียบกับผลการทดสอบโดยใช้วิธีการ SVM, KMSNN, TF, PLI และ SR ดังปรากฏในงานวิจัยของ Zhang et al. (2017) ที่ทดสอบโรคพืชที่พบบนใบแตงกวามาทำการทดสอบจำแนก



รูปแบบของโรคพืชทั้งหมด 7 รูปแบบ แต่ในวิทยานิพนธ์นี้ได้นำมาเปรียบเทียบเพียง 3 รูปแบบ ได้แก่ โรคอินุบ โรคราน้ำค้าง และโรคราแป้ง โดยทดสอบกับรูปภาพระดับเทาที่มีขนาด  $128 \times 128$  พิกเซล จำนวนรูปแบบละ 60 รูป ผลการเปรียบเทียบอัตราการจำแนกรูปแบบที่ถูกต้องพบว่า อัตราการจำแนกรูปแบบของอัลกอริทึม GA-SASOM ของวิทยานิพนธ์นี้ มีผลการทดสอบโดยรวมที่มีค่ามากกว่าผลการทดสอบโดยใช้วิธีการ SVM, KMSNN, TF, PLI และ SR



## บทที่ 6

### สรุปงานวิจัย องค์ความรู้ทางวิชาการ และข้อเสนอแนะ

#### 6.1 สรุปงานวิจัย

งานวิจัยนี้ได้ดำเนินการศึกษาและพัฒนาโครงสร้างระบบการดึงคุณลักษณะเด่นและการจำแนกรูปแบบของรูปภาพ เพื่อเป็นระบบต้นแบบสำหรับการประยุกต์ใช้งานในด้านการจำแนกและจดจำรูปแบบของรูปภาพ ซึ่งระบบที่พัฒนาขึ้นประกอบไปด้วยโครงสร้างของจินเนติกอัลกอริทึมและแผนผังคุณลักษณะการจัดการตนเองแบบโครงสร้างปรับค่าได้ การดำเนินงานวิจัยวิทยานิพนธ์ดังกล่าวสำเร็จลุล่วงตามวัตถุประสงค์ โดยสามารถสรุปผลการศึกษาวิจัยและพัฒนาทางวิศวกรรมได้ดังต่อไปนี้

การปรับพารามิเตอร์และงานวิจัยที่เกี่ยวข้อง ได้รับการรายงานไว้ในบทที่ 2 ซึ่งพบว่าการจำแนกรูปแบบของรูปภาพได้นำจินเนติกมาใช้เป็นเครื่องมืออย่างแพร่หลาย แต่เป็นการนำจินเนติกมาใช้เป็นเครื่องมือในการหาค่าที่เหมาะสมที่สุด สำหรับในวิทยานิพนธ์นี้ได้ใช้โครงสร้างของจินเนติกอัลกอริทึมมาดัดแปลงในส่วนของโครโมโซมให้กลายเป็นแผนผังโครโมโซมที่ใช้แทนคุณลักษณะเด่นของรูปภาพได้ทั้งในส่วนของคุณลักษณะสี และคุณลักษณะรูปร่างของรูปภาพ ซึ่งแผนผังโครโมโซมที่ได้ยังมีคุณสมบัติการเลื่อนแกน การย่อขยาย และการหมุน

บทที่ 3 นี้ได้นำเสนอขั้นตอน และหลักการในการดึงคุณลักษณะเด่นของภาพสี และการจำแนกรูปแบบของภาพโดยใช้อัลกอริทึม GA-SASOM ซึ่งมีขั้นตอนดังนี้

กระบวนการประมวลผลก่อน เพื่อลดข้อจำกัดทางด้านแสงสว่างของภาพ ความแตกต่างของช่วงเวลาที่ทำการบันทึกข้อมูลภาพ และความแตกต่างของกล้องที่ใช้บันทึกข้อมูล มีทั้งหมด 3 ขั้นตอน ดังนี้ การปรับระดับสีและแสงภายในภาพแบบอัตโนมัติ โดยการใช้การหาค่าเฉลี่ยของข้อมูลอินพุต การแยกส่วนคุณลักษณะสีออกจากพื้นหลังโดยใช้โครงข่ายประสาทเทียมแบบแพร่กลับ และกระบวนการทางรูปร่าง โดยการลดขอบภาพลบบริเวณที่เป็นจุดเล็ก ๆ ที่ไม่ต้องการออก

ระบบการดึงคุณลักษณะเด่นให้เป็นแผนผังโครโมโซม ได้ใช้รูปแบบของคุณลักษณะสีอินพุตที่แยกส่วนแล้วให้เป็นอินพุตของระบบ โดยค่าจุดสีที่ใช้ต้องทำให้เป็นมาตรฐานเดียวกันก่อน แล้วนำไปสร้างประชากรเริ่มต้น ที่ประกอบไปด้วยแผนผังโครโมโซม นำแผนผังโครโมโซมเหล่านี้มาทำการประเมินค่าความเหมาะสมของประชากร ใช้การวัดค่าความเหมือนของแผนผังโครโมโซมกับคุณลักษณะสีอินพุต โดยการวางแผนผังโครโมโซม แต่ละแผนผังเทียบกับ

คุณลักษณะสีอินพุต เมื่อได้ความเหมาะสมของแต่ละแผนผังโครโมโซมทำการคัดเลือกแผนผังโครโมโซมที่มีค่าความเหมาะสมมากมาเป็น แผนผังโครโมโซมพ่อแม่ แล้วนำมาทำกระบวนการทางสายพันธุ์ ที่ประกอบไปด้วย การครอสโอเวอร์ มี 2 ชนิดคือ การครอสโอเวอร์แบบจุดเดียว และการครอสโอเวอร์แบบหลายจุด การมิวเตชัน มี 3 ชนิดคือ การมิวเตชันแบบจุดสี การมิวเตชันแบบเพิ่มโนด และการมิวเตชันแบบลบโนด แล้วทำการหาค่าความเหมาะสมของแต่ละแผนผังโครโมโซม ทำซ้ำขั้นตอนไปจนกระทั่งได้แผนผังโครโมโซมที่เหมาะสมที่สุดเพื่อใช้แทนคุณลักษณะเด่นของอินพุต เรียกว่าแผนผังแม่แบบ

ระบบการฝึกสอนใช้แผนผังแม่แบบมาทำการฝึกสอนโครงข่ายของการจำแนกรูปแบบ โดยนำแผนผังแม่แบบนี้มาทำการปรับค่าโครงสร้างของแผนผังน้ำหนักประสาทที่ใช้เป็นตัวแทนของรูปภาพแต่ละแบบ โครงสร้างของโครงข่ายการจำแนกรูปแบบนี้ พัฒนาขึ้นมาจาก แผนผังการจัดการตัวเองของ Kohonen โดยแผนผังน้ำหนักประสาทของอัลกอริทึม GA-SASOM นี้ ได้ใช้โครงสร้างของแผนผังโนด แบบเดียวกับโครงสร้างของแผนผังโครโมโซม หลังจากทำการปรับค่าน้ำหนักประสาทครบตามรอบที่กำหนด และครบแผนผังแม่แบบทั้งหมดแล้ว แผนผังน้ำหนักประสาทที่ได้จากขั้นตอนการฝึกสอนนี้ นำไปเก็บไว้ในระบบเพื่อใช้ในการจำแนกรูปแบบรูปภาพต่อไป

ระบบการจำแนกรูปแบบของรูปภาพใช้แผนผังน้ำหนักประสาทของแต่ละรูปแบบในการจำแนกรูปแบบของรูปภาพอินพุต นำแผนผังอินพุตได้จากการดึงลักษณะเด่นโดยใช้อัลกอริทึม GA-SASOM มาคำนวณหาค่าความเหมือนกับทุกค่าแผนผังน้ำหนักประสาทในเซตของแผนผังน้ำหนักประสาท ตามโหมดการฝึกสอน และแผนผังน้ำหนักประสาทผู้ชนะที่ได้ก็คือรูปแบบของรูปภาพอินพุต

บทที่ 4 ได้นำเสนอกรณีศึกษา โดยใช้การจำแนกรูปแบบของโรคในใบองุ่นมาทดสอบระบบ โดยโรคใบองุ่นที่นำมาทดสอบนั้นแยกออกได้เป็น ไม่เป็นโรค โรคอีนูบ โรคราสนิม โรคราน้ำค้าง และโรคราแป้ง ผลการทดสอบที่ได้มีดังนี้

กระบวนการประมวลผลก่อนสำหรับการจำแนกโรคใบองุ่น ประกอบไปด้วย 3 ขั้นตอนคือ การปรับระดับสีและแสงภายในภาพแบบอัตโนมัติ การแยกส่วนคุณลักษณะสีออกจากภาพพื้นหลัง และกระบวนการทางรูปร่าง สำหรับการปรับระดับสีและแสงภายในภาพแบบอัตโนมัติมีเพื่อลดปัญหาของความแตกต่างของสภาพแสงในขณะที่ถ่ายภาพ และความแตกต่างของกล้องที่ใช้ในการบันทึกภาพ เพื่อให้ได้คุณลักษณะสีของภาพที่เป็นมาตรฐานเดียวกัน จากตัวอย่างภาพก่อนและหลังการปรับระดับสีและแสงภายในภาพแบบอัตโนมัติ พบว่าจากภาพก่อนการปรับระดับสีและแสง มีความแตกต่างกันอย่างเห็นได้ชัด และเมื่อทำการปรับระดับสีและแสงภายในภาพแบบ

อัตโนมัติทำให้ภาพที่ได้มีระดับสีและแสงที่เป็นมาตรฐานเดียวกัน การแยกส่วนคุณลักษณะสีที่ต้องการออกจากภาพพื้นหลังใช้โครงข่ายประสาทเทียมแบบแพร่กลับในการแยกส่วนคุณลักษณะสีที่ต้องการออกจากภาพพื้นหลัง โดยใช้คุณลักษณะสีของจุดโรคของไบออน และภาพไบออนปกติที่ไม่เป็นโรค ทำการฝึกสอนระบบ แล้วทำการแยกส่วนคุณลักษณะสีของไบออนที่เป็นโรคออกจากภาพพื้นหลัง แล้วนำมาทำกระบวนการทางรูปร่าง โดยการลดขอบภาพ แปลงเป็นภาพขาวดำ ลบบริเวณที่เป็นจุดเล็ก ๆ ที่ไม่ต้องการออก แปลงภาพกลับเป็นภาพสี เมื่อผ่านขั้นตอนการประมวลผลก่อนแล้ว รูปภาพไบออนที่ไม่เป็นโรคจะถูกจำแนกออกมาจากไบออนที่เป็นโรคได้

กระบวนการจำแนกโรคไบออนด้วยอัลกอริทึม GA-SASOM นำจุดโรคของไบออนแต่ละชนิดมาทำการดึงคุณลักษณะเด่นให้เป็นแผนผังคุณลักษณะเด่นแม่แบบของแต่ละจุดโรค โดยใช้อัลกอริทึมของ GA-SASOM โดยผลการทดสอบระบบตามแต่ละขั้นตอน ได้แก่ การหาค่าประชากรเริ่มต้น การคัดเลือกแผนผังโครโมโซมที่มีค่าความเหมาะสมมากให้เป็นแผนผังโครโมโซมพ่อแม่ กระบวนการทางสายพันธุ์ทั้งการครอสโอเวอร์และมิวเตชัน ทำซ้ำจนได้แผนผังโครโมโซมที่เหมาะสมที่สุดของแต่ละรูปแบบ ผลที่ได้มีดังนี้ แผนผังรูปแบบของโรคอีโบลาที่ได้จากการฝึกสอนระบบ มี 3 รูปแบบ โรคราสนิมมี 3 รูปแบบ โรคราแป้งมี 3 รูปแบบ และโรคราน้ำค้างมี 4 รูปแบบ

คุณสมบัติของแผนผังรูปแบบของอัลกอริทึม GA-SASOM มีดังนี้ คุณสมบัติการเลื่อนแกนเพื่อให้สามารถประยุกต์ใช้ได้กับทุกตำแหน่งของคุณลักษณะเด่นของรูปภาพ สำหรับอัลกอริทึมนี้ ได้แก้ปัญหาโดยใช้วิธีการแยกส่วนภาพก่อน ผลการทดสอบระบบแสดงให้เห็นว่าแผนผังรูปแบบมีคุณสมบัติการเลื่อนแกน

คุณสมบัติการย่อขยาย ในขั้นตอนการสร้างแผนผังโครโมโซมนั้น ได้มีขั้นตอนในการทำขนาดของโนดให้เป็นมาตรฐานเดียวกัน โดยใช้ขนาดของโนดหลักของทุกโนดในทุกแผนผังโครโมโซมมีขนาดเท่ากัน จากผลการทดสอบแสดงให้เห็นว่าแผนผังรูปแบบมีคุณสมบัติการย่อขยาย

คุณสมบัติการหมุนได้ เพื่อให้แผนผังรูปแบบสามารถใช้ได้กับรูปภาพในลักษณะการวางตัวที่ต่างกันได้ในขั้นตอนของการหาจำแนกแผนผังรูปแบบว่าแผนผังรูปแบบเป็นแผนผังรูปแบบใดนั้น ได้มีขั้นตอนในการหมุนแผนผังรูปแบบเพื่อให้การวางตัวของแผนผังรูปแบบได้มุมการหมุนที่เหมาะสมที่สุด เพื่อให้ได้ค่าความเหมาะสมมากที่สุด จากผลการทดสอบแสดงให้เห็นว่าแผนผังรูปแบบของอัลกอริทึม GA-SASOM นี้ มีคุณสมบัติการหมุนได้

บทที่ 5 นี้ แสดงผลการทดสอบระบบการจำแนกรูปแบบของรูปภาพ โดยใช้รูปแบบของรูปภาพไบออนที่ไม่เป็นโรคพืช และไบออนที่เป็นโรคพืช 4 ชนิด ที่ได้มาจากการใช้กล้องต่างชนิดกัน และถ่ายในสภาพแสงที่แตกต่างกันมาทำการทดสอบระบบ รูปที่ใช้ในการฝึกสอนมีดังนี้

รูปแบบโรคอีบับ 20 รูป โรคราสนิม 20 รูป โรคราน้ำค้าง 20 รูป และโรคราแป้ง 10 รูป ที่มีขนาดแตกต่างกัน โดยมีขนาดตั้งแต่ 82x76 พิกเซล จนถึง 512x446 พิกเซล และจำนวนรูปภาพที่ใช้ทดสอบระบบมีดังนี้ รูปภาพใบองุ่นที่ไม่เป็นโรคจำนวน 20 รูป รูปภาพใบองุ่นที่เป็นโรคอีบับมีจำนวน 30 รูป มีจุดโรคอีบับย่อยอยู่ 294 จุดโรค โรคราสนิมมีจำนวน 23 รูป มีจุดโรคราสนิมย่อยอยู่ 437 จุดโรค โรคราน้ำค้างมีจำนวน 37 รูป มีจุดโรคราน้ำค้างย่อยอยู่ 192 จุดโรค และโรคราแป้งมีจำนวน 12 รูป มีจุดโรคราแป้งย่อยอยู่ 70 รูป โดยรูปภาพจุดโรคในแต่ละรูป มีมุมการหมุน และขนาดที่แตกต่างกัน ผลการทดสอบที่ได้มีดังต่อไปนี้

ผลการทดสอบประสิทธิภาพของระบบโดยรวม จำนวนรูปทั้งหมดที่ใช้ในการทดสอบมีทั้งหมด 122 รูป และมีรูปจุดโรครวมทั้งหมด 993 จุดโรค ใช้จำนวนโคโรโมโซมทั้งหมด 200 โคโรโมโซม ใช้จำนวนรอบสูงสุด 200 รอบ ค่าอัตราการครอสโอเวอร์เป็น 0.2 ค่าอัตราการมิวเตชันเป็น 0.2 ผลการทดสอบประสิทธิภาพของระบบโดยรวม พบว่าผลการจำแนกรูปแบบในส่วนของ การระบุว่าใบองุ่นเป็นโรค หรือ ไม่เป็นโรค ได้ค่าความแม่นยำคิดเป็น 95.23 เปอร์เซ็นต์ ค่าอัตรา การจำแนกรูปแบบถูกต้อง 100 เปอร์เซ็นต์ และค่าคะแนนเอฟ หรือค่าเฉลี่ยระหว่างค่าความแม่นยำ กับค่าอัตราการจำแนกรูปแบบมีค่าเป็น 97.55 เปอร์เซ็นต์ การจำแนกรูปแบบจุดโรคอีบับมีค่าความแม่นยำ 92.46 เปอร์เซ็นต์ ค่าอัตราการจำแนกรูปแบบ 79.25 เปอร์เซ็นต์ ค่าคะแนนเอฟ 85.34 เปอร์เซ็นต์ โรคราสนิม มีค่าความแม่นยำ 94.35 เปอร์เซ็นต์ ค่าอัตราการจำแนกรูปแบบ 84.21 เปอร์เซ็นต์ และค่าคะแนนเอฟ 88.99 เปอร์เซ็นต์ โรคราน้ำค้าง มีค่าความแม่นยำ 91.66 เปอร์เซ็นต์ ค่าอัตราการจำแนกรูปแบบ 91.66 เปอร์เซ็นต์ และค่าคะแนนเอฟ 91.66 เปอร์เซ็นต์ และโรคราแป้ง มีค่าความแม่นยำ 86.11 เปอร์เซ็นต์ ค่าอัตราการจำแนกรูปแบบ 88.57 เปอร์เซ็นต์ และค่าคะแนน เอฟมีค่า 87.32 เปอร์เซ็นต์

กราฟแสดงความสัมพันธ์ระหว่างรูปแบบที่จำแนกได้ถูกต้องกับรูปแบบที่จำแนกได้ไม่ ถูกต้องของแต่ละจุดโรค พบว่ากราฟที่ได้ มีลักษณะของประสิทธิภาพที่ดีในทุกรูปแบบ ค่าพื้นที่ใต้ กราฟได้ผลดังนี้ โรคอีบับมีค่าพื้นที่ใต้กราฟเท่ากับ 0.8697 โรคราสนิมมีพื้นที่ใต้กราฟเท่ากับ 0.8922 โรคราน้ำค้างมีพื้นที่ใต้กราฟเท่ากับ 0.8654 และโรคราแป้งมีพื้นที่ใต้กราฟเท่ากับ 0.8290 ซึ่ง ค่าพื้นที่ใต้กราฟที่ได้ มีความสอดคล้องกับค่าประสิทธิภาพโดยรวมของระบบ

การหาค่าประสิทธิภาพแบบ micro-average และแบบ macro-average ค่าประสิทธิภาพ โดยรวมของระบบนี้ มีค่า  $PRE_{micro} = 0.9260$  หรือ 92.60 เปอร์เซ็นต์ และค่า  $PRE_{macro} = 0.9114$  หรือ 91.14 เปอร์เซ็นต์ เมื่อทำการนำผลที่ได้มาวิเคราะห์ พบว่าประสิทธิภาพของการจำแนกรูปแบบ ที่ได้ บางส่วนเกิดจากผลของการแยกส่วนจุดโรคออกจากพื้นหลัง บางจุดโรคหายไปในส่วนนี้ ค่า ความแม่นยำและค่าอัตราการจำแนกรูปแบบของแต่ละรูปแบบ คือ โรคอีบับ มีค่าความแม่นยำ

97.89 เปอร์เซ็นต์ ค่าอัตราการจำแนกรูปแบบ 95.10 เปอร์เซ็นต์ โรคราสนิมมีค่าความแม่นยำ 97.09 เปอร์เซ็นต์ ค่าอัตราการจำแนกรูปแบบ 97.87 เปอร์เซ็นต์ โรคราน้ำค้างมีค่าความแม่นยำ 94.62 เปอร์เซ็นต์ ค่าอัตราการจำแนกรูปแบบ 94.62 เปอร์เซ็นต์ และโรคราแป้งมีค่าความแม่นยำ 93.93 เปอร์เซ็นต์ ค่าอัตราการจำแนกรูปแบบ 100 เปอร์เซ็นต์ ค่าประสิทธิภาพโดยรวมของระบบคือ  $PRE_{micro} = 0.9655$  หรือคิดเป็น 96.55 เปอร์เซ็นต์ และค่า  $PRE_{macro} = 0.9588$  หรือคิดเป็น 95.88 เปอร์เซ็นต์

ผลการทดสอบผลของพารามิเตอร์ของอัลกอริทึม GA-SASOM ได้ทำการปรับเปลี่ยนจำนวนโครโมโซม จำนวนรอบสูงสุด ค่าอัตราการครอสโอเวอร์ และค่าอัตราการมิวเทชัน จากผลการทดสอบพบว่าค่าพารามิเตอร์ที่ให้ผลการจำแนกรูปแบบดีที่สุดคือ จำนวนโครโมโซม 200 โครโมโซม จำนวนรอบสูงสุด 200 รอบ ค่าอัตราการครอสโอเวอร์ 0.2 และค่าอัตราการมิวเทชัน 0.2 ซึ่งค่าความแม่นยำมีค่าเป็น 92.85 เปอร์เซ็นต์ ค่าอัตราการจำแนกรูปแบบเป็น 85.10 เปอร์เซ็นต์ และค่าพื้นที่ใต้กราฟมีค่าเป็น 90.72 เปอร์เซ็นต์ ค่าพิสัย (range) ของพารามิเตอร์ของ GA มีค่าดังนี้ ค่าอัตราส่วนการครอสโอเวอร์ อยู่ระหว่าง 0.1 – 0.4 ค่าอัตราส่วนการมิวเทชันอยู่ระหว่าง 0.05 – 0.3 ค่าจำนวนประชากรที่อยู่ระหว่าง 100 – 500 โครโมโซม จำนวนรอบสูงสุดอยู่ที่ 100 – 1000 รอบ

การทดสอบการลู่เข้าของอัลกอริทึม โดยทำการเขียนกราฟค่าความเหมือนของแผนผังโครโมโซมที่ดีที่สุดของกลุ่มประชากรในแต่ละรอบการค้นหาค้นหาของรูปแบบจุดโรคทั้ง 4 รูปแบบ จากผลการทดสอบพบว่า อัลกอริทึม GA-SASOM มีการลู่เข้าสู่ค่าตอบ โดยค่าตอบที่ได้เริ่มคงที่ที่รอบการค้นหาค้นหาประมาณ 180 – 200 รอบ

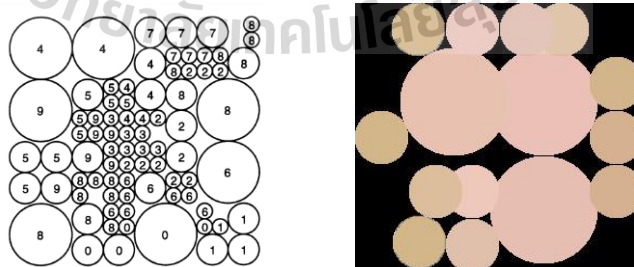
การเปรียบเทียบผลการทดสอบระบบกับอัลกอริทึมอื่น ๆ วิทยานิพนธ์นี้ได้ใช้ผลการทดสอบรูปภาพสีขนาดตั้งแต่ 82x76 พิกเซล จนถึง 512x446 พิกเซล รูปภาพใบองุ่นที่เป็นโรคอีบูนมีจำนวน 30 รูป ซึ่งมีรูปจุดโรคอีบูนย่อยอยู่ 294 จุดโรค โรคราน้ำค้างมีจำนวน 37 รูป ซึ่งมีรูปจุดโรคราน้ำค้างย่อยอยู่ 192 จุดโรค และรูปภาพใบองุ่นที่เป็นโรคราแป้งมีจำนวน 12 รูป โดยมีรูปจุดโรคราแป้งย่อยอยู่ 70 รูป โดยรูปภาพจุดโรคในแต่ละรูป มีมุมการหมุน และขนาดที่แตกต่างกัน มาเปรียบเทียบกับผลการทดสอบโดยใช้วิธีการ SVM, KMSNN, TF, PLI และ SR ดังปรากฏในงานวิจัยของ Zhang et al. (2017) ที่ทดสอบโรคพืชที่พบบนใบแดงกวามาทำการทดสอบจำแนกรูปแบบของโรคพืชทั้งหมด 7 รูปแบบ แต่ในวิทยานิพนธ์นี้ได้นำมาเปรียบเทียบเพียง 3 รูปแบบ ได้แก่ โรคอีบูน โรคราน้ำค้าง และโรคราแป้ง โดยทดสอบกับรูปภาพระดับเทาที่มีขนาด 128x128 พิกเซล จำนวนรูปแบบละ 60 รูป ผลการเปรียบเทียบอัตราการจำแนกรูปแบบที่ถูกต้องพบว่า อัตราการจำแนกรูปแบบของอัลกอริทึม GA-SASOM ของวิทยานิพนธ์นี้ มีผลการทดสอบโดยรวมที่มีค่ามากกว่าผลการทดสอบโดยใช้วิธีการ SVM, KMSNN, TF, PLI และ SR



## 6.2 องค์ความรู้ทางวิชาการ

จากการดำเนินงานวิจัยวิทยานิพนธ์ที่ผ่านมาและผลการทดสอบระบบก่อให้เกิดองค์ความรู้ทางวิชาการใหม่ (significant contribution to knowledge) ดังนี้

1. **แผนผังโนดที่ใช้แทนคุณลักษณะเด่นของสีและลวดลายของรูปแบบ (color and texture feature node map)** วิทยานิพนธ์นี้ได้ประยุกต์แผนผัง โนดของแผนผังการจัดการตัวเองแบบโครงสร้างปรับค่าได้ หรือ SASOM ให้กลายเป็นแผนผัง โนดรูปแบบใหม่ ซึ่งแผนผัง โนดแบบดั้งเดิมของ SASOM ถูกใช้เป็นแผนผัง โนดที่แต่ละ โนดแทนรูปแบบแต่ละรูปแบบที่จะทำการจำแนกรูปแบบ ดังนั้นใน 1 แผนผัง โนดแบบดั้งเดิมของ SASOM ประกอบไปด้วย โนดที่เป็นเวกเตอร์น้ำหนักประสาทที่ใช้แทนรูปแบบที่ต้องการจำแนกรูปแบบทุกรูปแบบ และแผนผัง โนดแบบดั้งเดิมใช้เป็นเครื่องมือในการจำแนกรูปแบบ แต่ในวิทยานิพนธ์นี้ได้นำแผนผัง โนดมาปรับใหม่ โดยแต่ละแผนผัง โนดจะใช้แทน 1 รูปแบบที่ต้องการจำแนกรูปแบบ แต่ละ โนดในแผนผัง โนดถูกทำให้เป็นแผนผัง โนดที่ใช้แทนคุณลักษณะเด่นของรูปแบบที่ต้องการจำแนก ซึ่งใน 1 แผนผัง โนดประกอบไปด้วย โนดที่เป็นคุณลักษณะสี (color feature) และลวดลาย (texture feature) ของรูปแบบ ดังนั้น แผนผัง โนดของวิทยานิพนธ์นี้ถูกใช้แทนรูปแบบที่ต้องการจำแนก ความแตกต่างของแผนผัง โนดแบบดั้งเดิมกับแผนผัง โนดที่ใช้แทนคุณลักษณะเด่นของรูปแบบแสดงดังรูปที่ 6.1 โดยที่แผนผัง โนดแบบดั้งเดิมของ SASOM ในรูป 6.1 (ก) นั้น ใน 1 แผนผัง โนดประกอบไปด้วย โนดที่แทนแต่ละรูปแบบที่ต้องการจำแนก ดังจะเห็นได้จากตัวเลขของแต่ละ โนด ซึ่งแสดงถึงรูปแบบที่โนดนั้น ๆ เป็นตัวแทน ในขณะที่แผนผัง โนดของ GA-SASOM นี้ แสดงดังรูปที่ 6.1 (ข) ซึ่งแสดง 1 แผนผัง โนดประกอบไปด้วย โนดต่าง ๆ ที่ใช้แทนคุณลักษณะสีและลวดลายของของ 1 รูปแบบที่ต้องการจำแนก



(ก) แผนผัง โนดแบบดั้งเดิม (ข) แผนผัง โนดที่ใช้แทนคุณลักษณะเด่นของรูปแบบ

รูปที่ 6.1 แผนผัง โนดแบบดั้งเดิมและแผนผัง โนดที่ใช้แทนคุณลักษณะเด่นของรูปแบบ

2. **แผนผังโครโมโซม** (chromosome map) สำหรับกลุ่มประชากรของ GA แบบดั้งเดิมนั้น เป็นโครโมโซมที่อยู่ในรูปแบบของเวกเตอร์ หรือ ตัวเลข ที่ใช้แทนค่าพารามิเตอร์ที่ต้องการหาค่าความเหมาะสม ดังแสดงในรูปที่ 6.2 (ก) ซึ่งเป็นรูปภาพสายสตริงของเลขไบนารีเพื่อใช้แทนค่าโครโมโซม แต่ในวิทยานิพนธ์นี้กลุ่มประชากรได้ใช้แผนผังโนดซึ่งเป็นตัวแทนของคุณลักษณะสีและลวดลายของรูปแบบมาใช้เป็นโครโมโซมที่ต้องการหาค่าความเหมาะสม เรียกว่า แผนผังโครโมโซม โดยวิทยานิพนธ์นี้ได้พัฒนาอัลกอริทึมในการสร้างค่ากลุ่มประชากรเริ่มต้นที่เป็นแผนผังโครโมโซม และใช้กลไกของจินเนติกอัลกอริทึมในการหาค่าของแผนผังโครโมโซมที่เหมาะสมที่สุดเพื่อใช้แทนคุณลักษณะเด่นของแต่ละรูปแบบ ดังแสดงในรูปที่ 6.2 (ข)



(ก) สายสตริงของโครโมโซมแบบดั้งเดิม



(ข) แผนผังโครโมโซมของอัลกอริทึม GA-SASOM

รูปที่ 6.2 โครโมโซมแบบดั้งเดิมและแผนผังโครโมโซมของอัลกอริทึม GA-SASOM

3. **กระบวนการทางสายพันธุ์แบบใหม่** วิทยานิพนธ์นี้ได้พัฒนากระบวนการทางจินเนติกแบบใหม่เพื่อให้เหมาะสมกับแผนผังโครโมโซมที่นำเสนอในวิทยานิพนธ์นี้ ได้แก่การครอสโอเวอร์ของแผนผังโครโมโซมแบบจุดเดียว และแบบหลายจุด และการมิวเตชันของแผนผังโครโมโซมแบบการมิวเตชันจุดสี การมิวเตชันแบบลดโนด และการมิวเตชันแบบเพิ่มโนด

4. **อัลกอริทึมใหม่ที่ใช้ในการดึงคุณลักษณะเด่นที่เป็นตัวแทนของรูปแบบ** (pattern feature map) วิทยานิพนธ์นี้ได้พัฒนาอัลกอริทึมที่มีพื้นฐานของจินเนติกอัลกอริทึม และ แผนผังการจัดการตัวเองแบบโครงสร้างปรับตัวได้ ที่สามารถดึงคุณลักษณะเด่นของรูปแบบของรูปภาพที่มีขนาดตำแหน่ง และ มุมที่แตกต่างกันได้

5. อัลกอริทึมใหม่ที่สามารถประยุกต์ใช้ในการจำแนกรูปแบบของวัตถุในภาพที่มีประสิทธิภาพเพียงพอในการนำไปใช้งานได้จริง ดังกรณีศึกษาที่ได้นำเสนอในวิทยานิพนธ์นี้ สามารถจำแนกรูปแบบของรูปภาพที่มีสภาวะแสงต่างกัน ขนาดต่างกัน ตำแหน่ง และ มุมที่ต่างกัน ได้

### 6.3 ข้อเสนอแนะ

จากการดำเนินงานวิจัยวิทยานิพนธ์ที่ผ่านมาและผลการทดสอบระบบก่อให้เกิดแนวคิด และข้อเสนอแนะในการดำเนินงานวิจัยต่อไปในอนาคต ดังต่อไปนี้

1. เพื่อให้ระบบสามารถใช้งานได้หลากหลายจำเป็นต้องมีข้อมูลที่ใช้ในการฝึกสอนที่หลากหลายและมีจำนวนเพียงพอที่จะใช้แทนกลุ่มข้อมูลได้ทุกกลุ่ม

3. ประสิทธิภาพของระบบการจำแนกรูปแบบของรูปภาพสามารถปรับปรุงได้ โดยการปรับปรุงการดึงคุณลักษณะเด่นของโรคให้เกิดความแตกต่างระหว่างข้อมูลของโรคแต่ละประเภทให้เพิ่มมากขึ้นทำให้ระบบสามารถจำแนกรูปแบบได้ง่ายและมีประสิทธิภาพเพิ่มขึ้น

4. ระบบการจำแนกรูปภาพสามารถนำไปประยุกต์สำหรับการจำแนกรูปภาพอื่นได้ โดยทำการปรับปรุงกระบวนการที่นำเสนอให้สัมพันธ์กับคุณลักษณะของรูปภาพและการเพิ่มข้อมูลในการฝึกสอนตามชนิดของรูปภาพประเภทนั้น ๆ

5. เพื่อพัฒนาระบบการจำแนกรูปภาพให้สามารถใช้งานตามเวลาจริง (real time) ควรนำวิธีการที่ได้นำเสนอในงานวิจัยนี้ซึ่งใช้การประมวลผลค่อนข้างสูงนำไปพัฒนาด้วยโปรแกรมที่มีการประมวลผลที่เร็ว เช่น การเขียนโปรแกรมด้วยภาษาซี เป็นต้น เพื่อให้สามารถคำนวณและแสดงผลการจำแนกรูปภาพตามเวลาจริงได้

6. ระบบงานวิจัยนี้ในกรณีศึกษาการจำแนกโรคพืชของใบองุ่นสามารถพัฒนาควบคู่กับระบบฮาร์ดแวร์และรถจักรกลที่ทำการติดตั้งระบบ GPS สำหรับการพิจารณาลักษณะอาการของโรคพืชของใบองุ่นเป็นผลให้สามารถทราบตำแหน่งแผนที่ของพื้นที่พืชผลที่เกิดโรคของพืชภายในไร่ นาและสวน เพื่อทำการพิจารณาปริมาณสารเคมีที่พอเหมาะสำหรับการควบคุมพื้นที่ที่เกิดโรคของพืชในระยะเริ่มต้น ซึ่งสามารถช่วยไม่ให้เกิดการแพร่ระบาดของโรคพืชไปสู่พื้นที่ทางการเกษตรกรรมใกล้เคียง ช่วยลดการสูญเสียของทรัพยากร ช่วยรักษาสภาพแวดล้อมและเพิ่มคุณภาพของผลผลิตให้ดีขึ้นตามลำดับ

## รายการอ้างอิง

- อังกัญญ์ เหมือนแก้วจินดา. 2550. การวินิจฉัยโรคใบอ่อนจากภาพสีด้วยวิธีการทางปัญญาประดิษฐ์แบบไฮบริด. วิทยานิพนธ์มหาบัณฑิต สาขาวิชาวิศวกรรมไฟฟ้า สำนักวิชาวิศวกรรมศาสตร์ มหาวิทยาลัยเทคโนโลยีสุรนารี. 252 น.
- อาทิตย์ ศรีแก้ว. 2552. ปัญญาเชิงคำนวณ. จรัสสินทวงศ์การพิมพ์, กรุงเทพมหานคร. 528 น.
- Alexandre, Cuadra, Salcedo-Sanz, Pastor-Sanchez and Casanova-Mateo. (2015). **Hybridizing Extreme Learning Machines and Genetic Algorithms to select acoustic features in vehicle classification applications.** Neurocomputing, Vol.152, pp.58-68.
- Alharbi and Tchier. (2017). **Using a genetic-fuzzy algorithm as a computer aided diagnosis tool on Saudi Arabian breast cancer database.** Mathematical Biosciences, Vol.286, pp.39-48.
- Arivazhagan, NewlinShebiah, Ananthi and Varthini. (2013). **Detection of unhealthy region of plant leaves and classification of plant leaf diseases using texture features.** Agric. Eng. Int.: CIGR J. 15(1), pp. 211-217.
- Aydogan, Karaoglan and Pardalos. (2012). **hGA: Hybrid genetic algorithm in fuzzy rule-based classification systems for high-dimensional problems.** Applied Soft Computing, vol.12, pp.800-806.
- Bandyopadhyay, S. and Maulik, U. (2002). **Genetic clustering for automatic evolution of clusters and application to image classification.** Pattern Recognition. 35, pp. 1197-1208.
- Bashish, Braik and Bani-Ahmad. (2011). **Detection and classification of leaf diseases using K-means-based segmentation and neural networks based classification.** Inform. Technol. J., pp. 267-275.
- Bozorgtabar, B. and Rad, G..aR. (2011). **A Genetic programming-PCA hybrid face recognition algorithm.** Journal of Signal and Information Processing. 2, pp. 170-174.
- Cho, S.B. (1997). **Self-organizing map dynamical node splitting : application to handwritten digit recognition.** Neural Computation. 9, pp. 1345-1355.

- Cho, S.B. (2000). **Ensemble of structure-adaptive self-organizing maps for high performance classification**. Information Sciences, 123, pp. 103-114.
- Cho, S.B. (2002). **Structure-adaptive SOM to classify 3-dimensional point light actors'gender**. The 9<sup>th</sup> International Conference on Neural Information Processing, 2, pp. 949-953.
- Deep, K. and Thakur, M. (2007). **A new crossover operator for real coded genetic algorithms**. Applied Mathematics and Computation. 188, pp. 895-912.
- Deep, K. and Thakur, M. (2007). **A new mutation operator for real coded genetic algorithms**. Applied Mathematics and Computation. 193, pp. 211-230.
- Deep, K., Singh, K.P., Kansal, M.L. and Mohan, C. (2009). **A real coded genetic algorithm for solving integer and mixed integer optimization problems**. Applied Mathematics and Computation. 212, pp. 505-518.
- Dong, G. and Xie, M. (2005). **Color clustering and learning for image segmentation based on neural networks**. IEEE Transactions on Neural Network, Vol.16, pp. 925-936.
- Eroglu and Kilic. (2017). **A novel Hybrid Genetic Local Search Algorithm for feature selection and weighting with an application in strategic decision making in innovation management**. Information Sciences, Vol.405, pp.18-32.
- Hu, Liu, Liu and Nie. (2016). **Surface defect classification in large-scale strip steel image collection via hybrid chromosome genetic algorithm**. Neurocomputing, Vol.181, pp.86-95.
- Jie, Liu, Sun and Teng. (2017). **Hybrid fuzzy clustering methods based on improved self-adaptive cellular genetic algorithm and optimal-selection-based fuzzy c-means**. Neurocomputing, Vol.249, pp.140-156.
- Kim, K.J. and Cho, S.B. (2004). **Fuzzy integration of structure adaptive SOMs for web content mining**. Fuzzy Sets and Systems. 148, pp. 43-60.
- Li, Wan and Zhu. (2011). **An effective feature selection method for hyperspectral image classification based on genetic algorithm and support vector machine**. Knowledge-Based Systems, Vol.24, pp.40-48.
- Lin, Chen and Wu. (2014). **Study of image retrieval and classification based on adaptive features using genetic algorithm feature selection**. Expert Systems with Applications,

Vol.41, pp.6611-6621.

Meunkaewjinda, Kumsawat, Attakitmongcol and Srikaew. (2008). **Grape leaf disease detection from color imagery using hybrid intelligent system**. Proceedings of ECTI-CON 2008, pp.513-516.

Nagarajan, Minu, Muthukumar, Vedanarayanan and Sundarsingh. (2016). **Hybrid Genetic Algorithm for Medical Image Feature Extraction and selection**. Procedia Computer Science, Vol.85, pp.455-462.

Pourpanah, Lim and Saleh. (2016). **A hybrid model of fuzzy ARTMAP and genetic algorithm for data classification and rule extraction**. Expert Systems with Applications, Vol.49, pp.74-85.

Rumpf, Mahlein and Steiner. (2010). **Early detection and classification of crop diseases with support vector machines based on hyperspectral reflectance**. Comput. Electron. Agric. 74(1), pp. 91-94.

Shanthi and Pap.a (2017). **An artificial intelligence based improved classification of two-phase flow patterns with feature extracted from acquired images**. ISA Transactions, Vol.68, pp.425-432.

Sugeno, M. (1977). **Fuzzy measures and fuzzy integrals : a survey**. Fuzzy Automata and Decision Processes, pp. 89-102.

Wang, Feng, Sa, Lu, Ding, Zhang and Hu. (2017). **Pattern recognition and classification of two cancer cell lines by diffraction imaging at multiple pixel distances**. Pattern Recognition, Vol.61, pp.234-244.

Yiqiang, Yanbin, Zhengshan, Jun and Luyan. (2010). **Remote sensing image classification by the Chaos Genetic Algorithm in monitoring land use changes**. Mathematical and Computer Modelling, Vol.51, pp.1408-1416.

Zhang, and Hu. (2009). **An automatic segmentation technique for color images based on SOFM neural network**. International Joint Conference on Neural Networks, pp. 3528-3533.

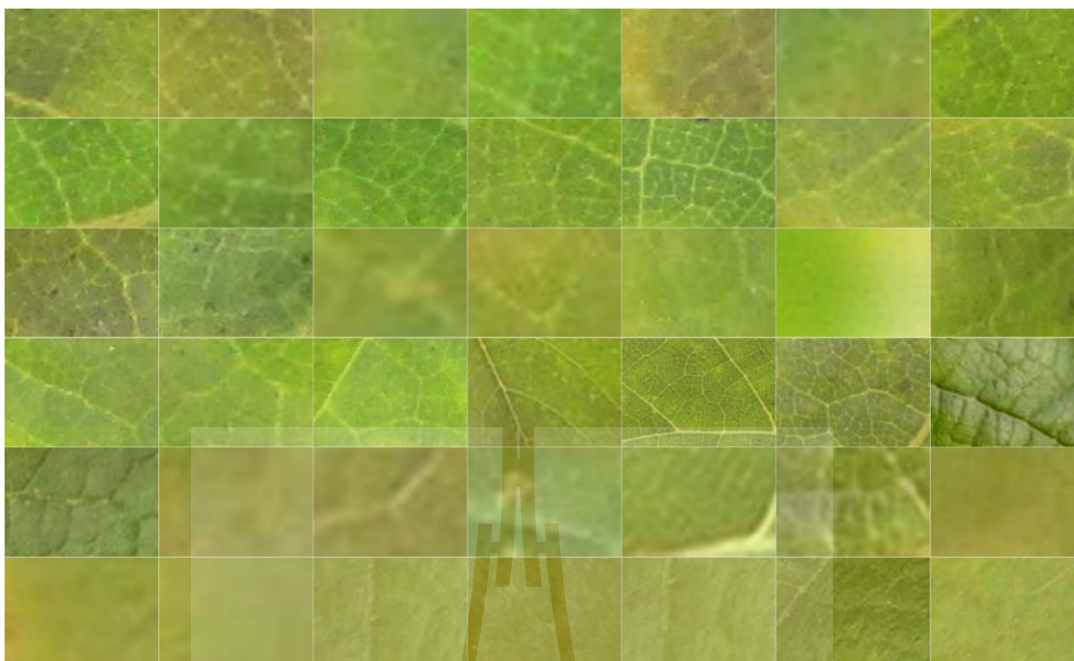


Zhang, Shang and Wang. (2015). **Plant disease recognition based on plant leaf image**. J. Animal Plant Sci. 25(3), pp. 42-45.

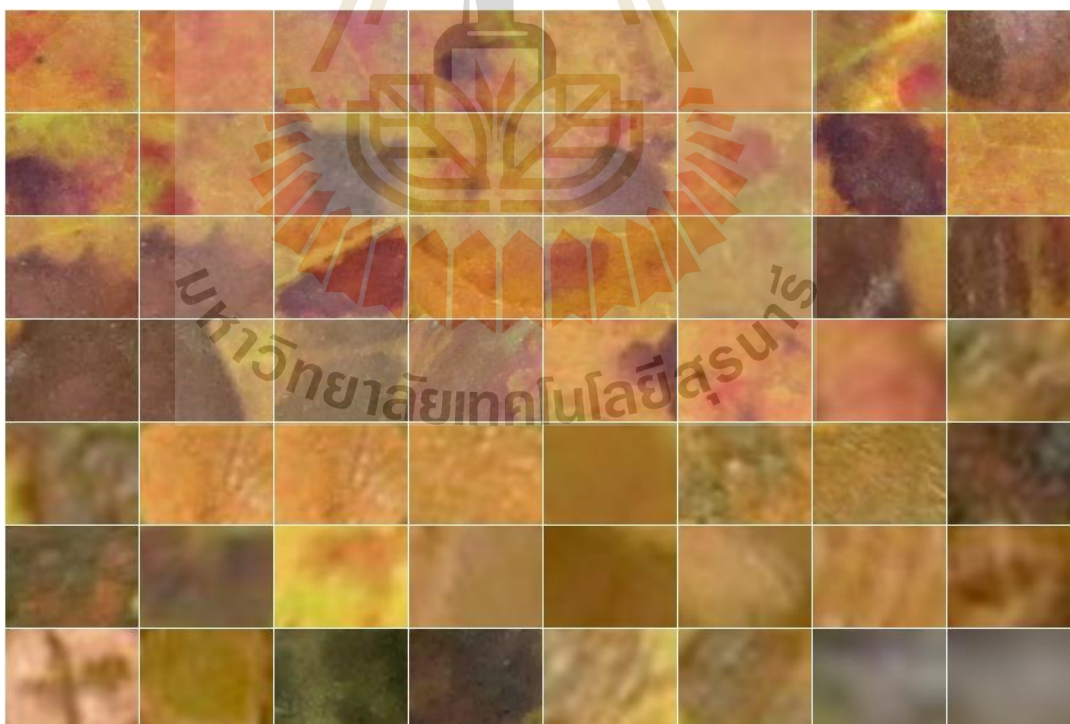
Zhang, Wu, You and Zhang. (2017). **Leaf image based cucumber disease recognition using sparse representation classification**. Computers and Electronics in Agriculture, pp. 135-141.







รูปที่ ก.1 ภาพสีใบอ่อนที่ใช้ในการฝึกสอน โครงข่ายประสาทเทียมแบบแพร่กลับ

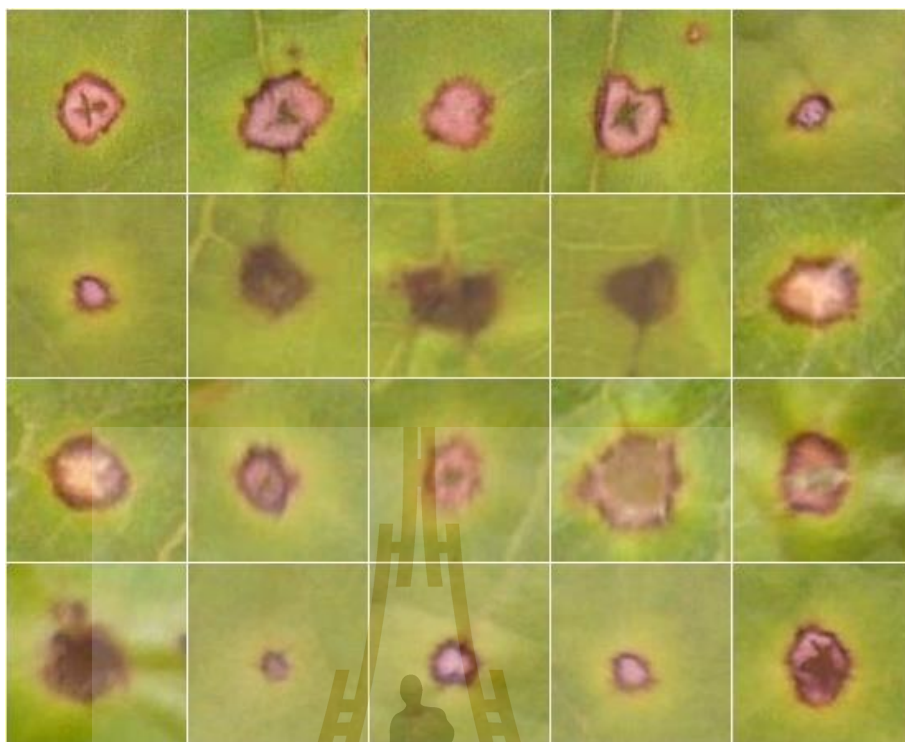


รูปที่ ก.2 ภาพสีจุดโรคที่ใช้ในการฝึกสอน โครงข่ายประสาทเทียมแบบแพร่กลับ

ภาคผนวก ข

ภาพต้นแบบที่เป็นจุดโรคแต่ละประเภทของโรคใบอ่อนที่ใช้ฝึกสอนระบบ

มหาวิทยาลัยเทคโนโลยีสุรนารี



รูปที่ ข.1 ภาพจุดโรคอินบที่ใช้ในการฝึกสอนระบบ



รูปที่ ข.2 ภาพจุดโรคราสนิมที่ใช้ในการฝึกสอนระบบ



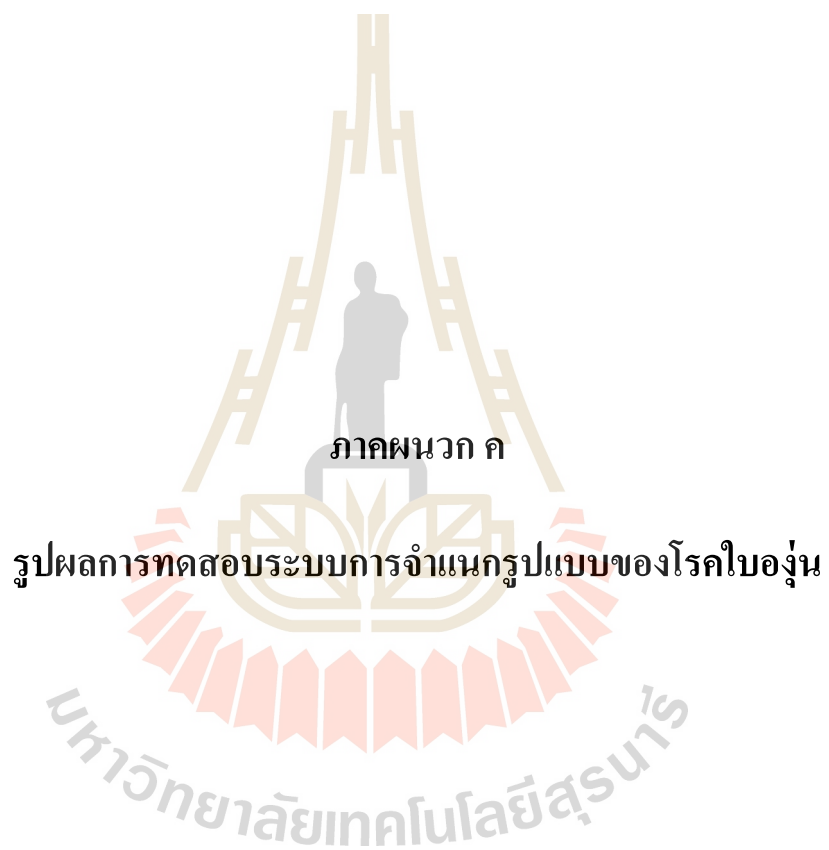


รูปที่ ข.3 ภาพจุดโรคราน้ำค้างที่ใช้ในการฝึกสอนระบบ



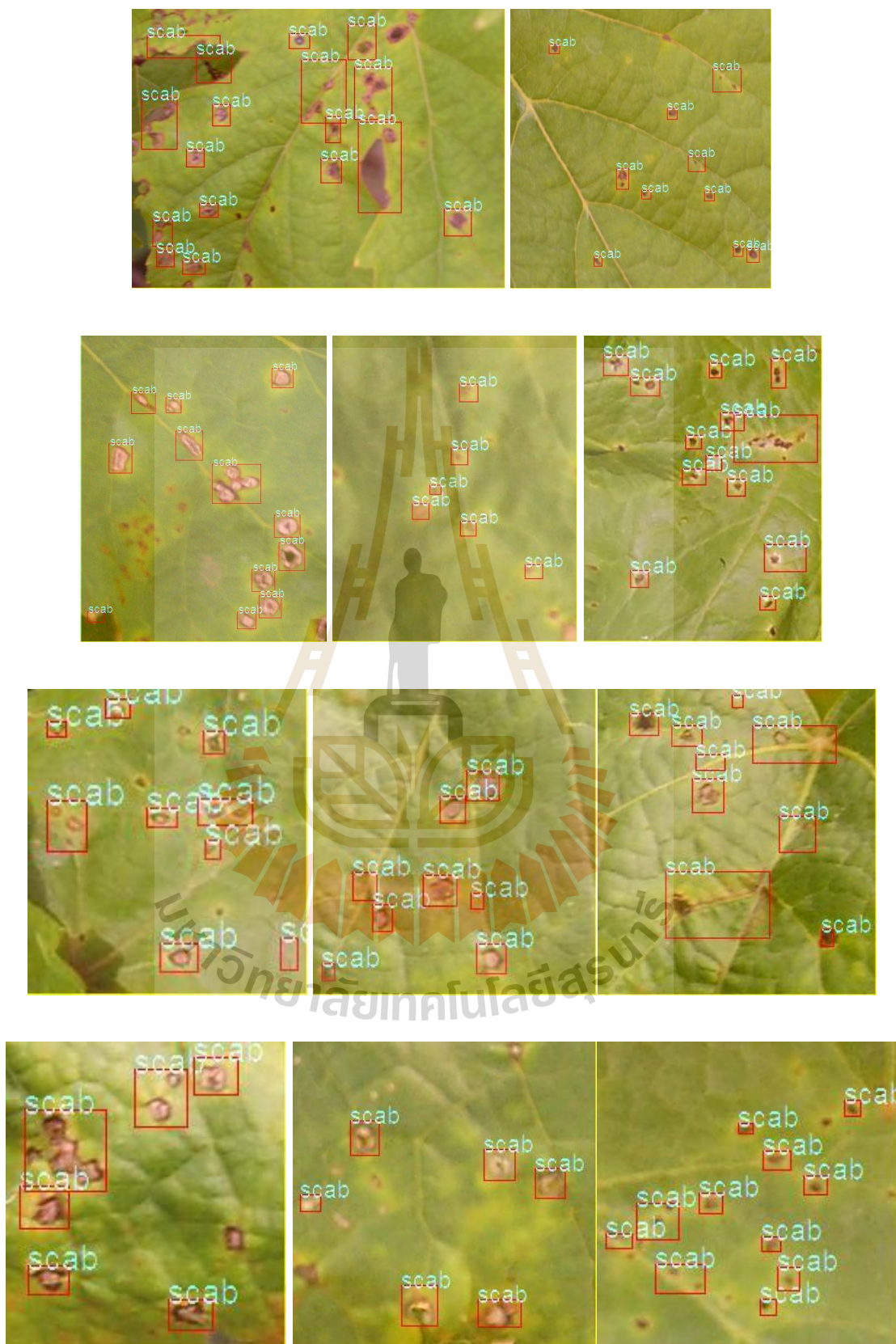
รูปที่ ข.4 ภาพจุดโรคราน้ำค้างที่ใช้ในการฝึกสอนระบบ





ภาคผนวก ค

รูปผลการทดสอบระบบการจำแนกรูปแบบของโรคไบองุ่น



รูปที่ ค.1 ภาพผลการทดสอบระบบ

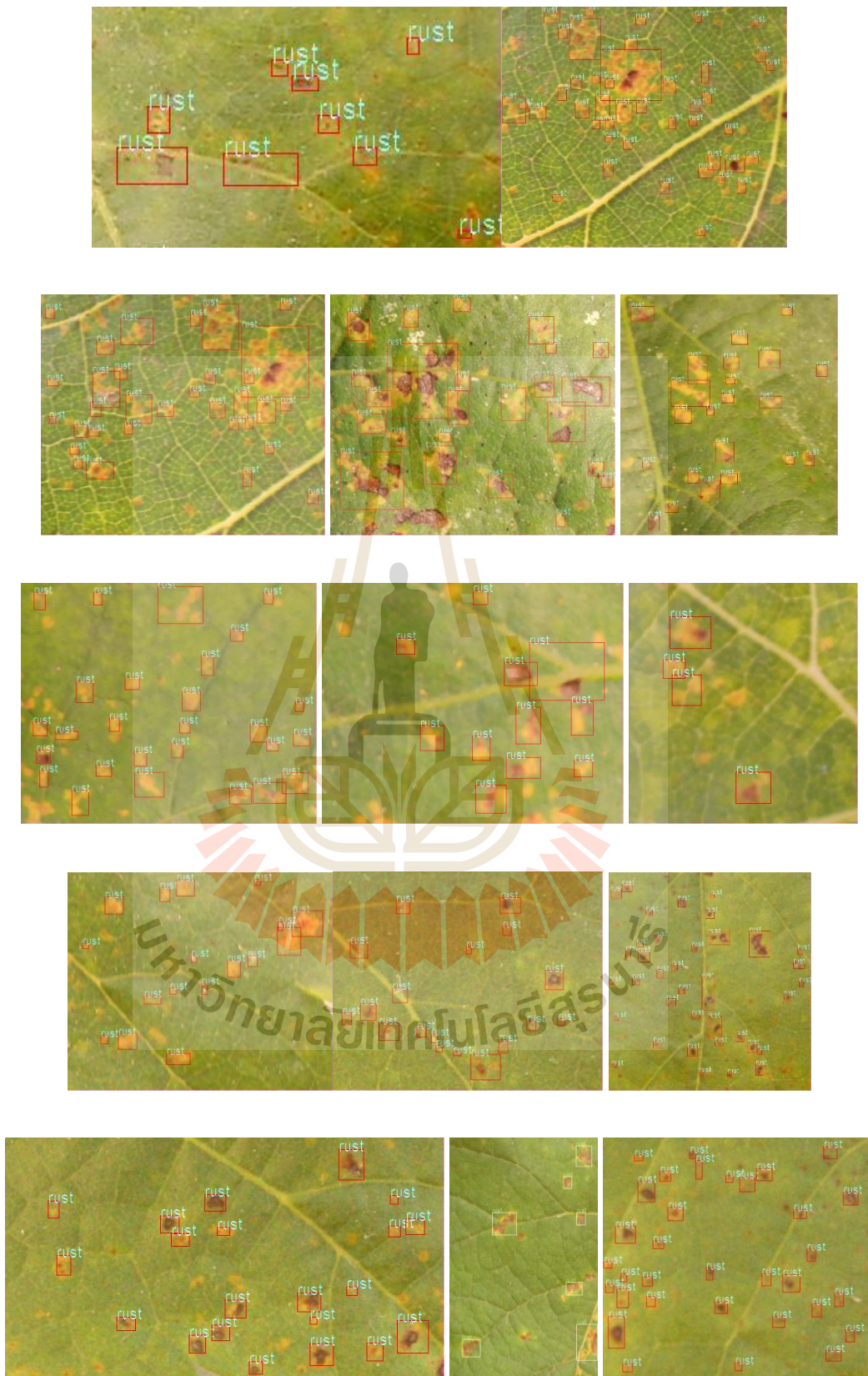


รูปที่ ค.1 ภาพผลการทดสอบระบบ (ต่อ)





รูปที่ ค.1 ภาพผลการทดสอบระบบ (ต่อ)



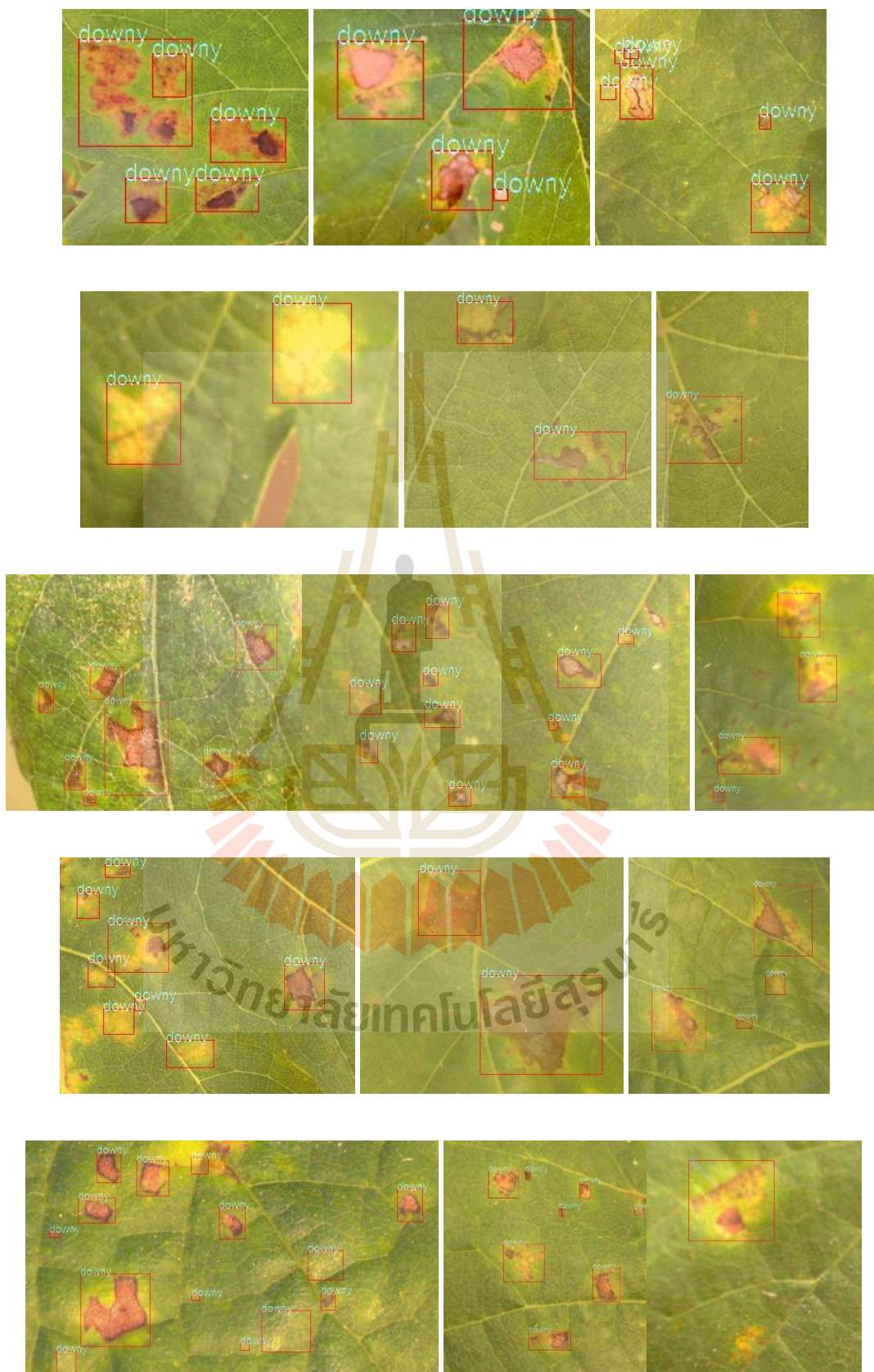
รูปที่ ค.1 ภาพผลการทดสอบระบบ (ต่อ)



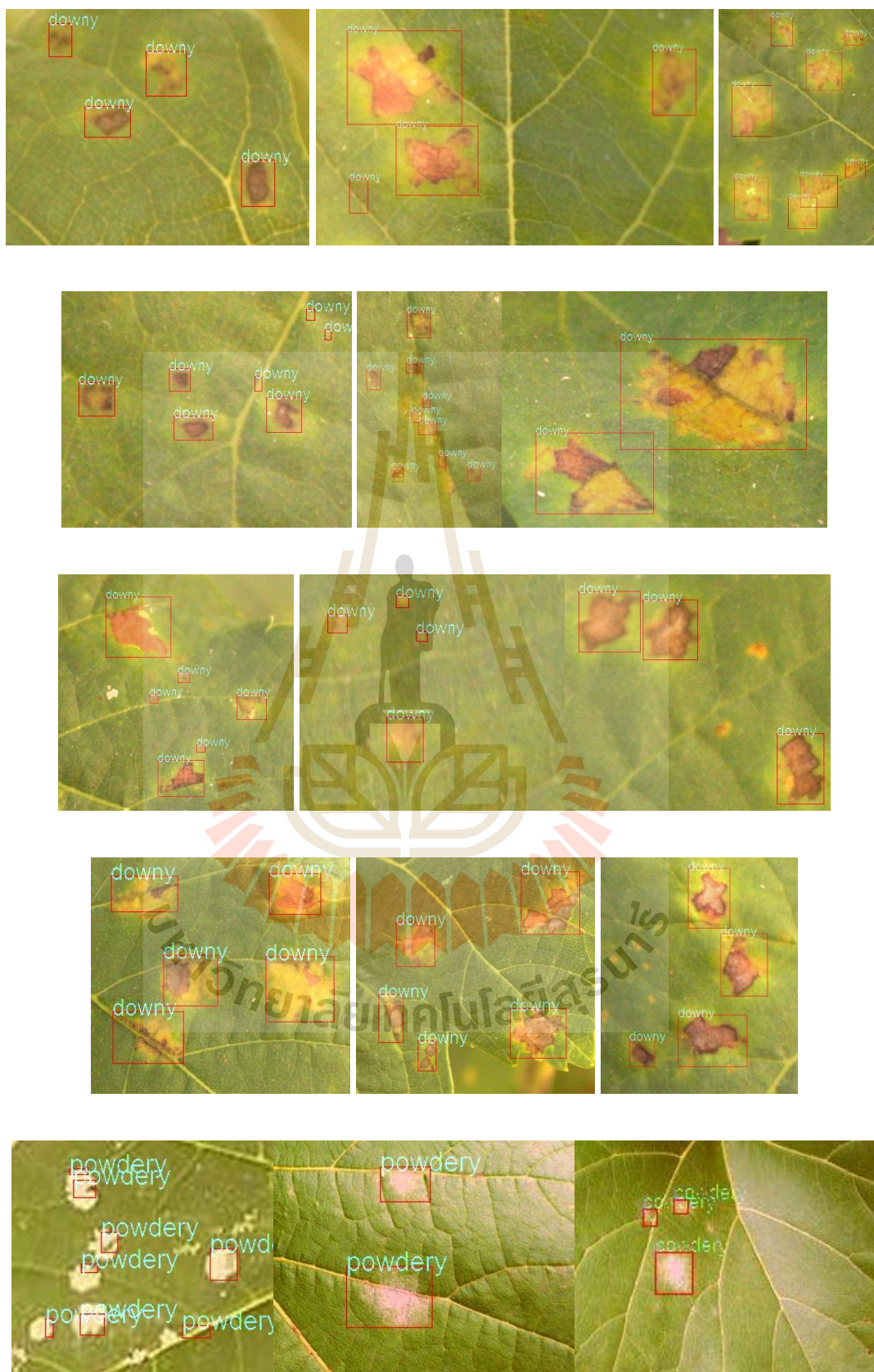


รูปที่ ค.1 ภาพผลการทดสอบระบบ (ต่อ)





รูปที่ ค.1 ภาพผลการทดสอบระบบ (ต่อ)



รูปที่ ค.1 ภาพผลการทดสอบระบบ (ต่อ)





รูปที่ ค.1 ภาพผลการทดสอบระบบ (ต่อ)

## ประวัติผู้เขียน

นางสาวชมพู่ ทรัพย์ปทุมสิน เกิดเมื่อวันที่ 29 ตุลาคม พ.ศ. 2519 เริ่มศึกษาชั้นประถมที่โรงเรียนบ้านคอนด่านใน ชั้นมัธยมศึกษาปีที่ 1 - 6 ที่โรงเรียนมัธยมด่านขุนทด และสำเร็จการศึกษา ระดับปริญญาตรี สาขาวิชาวิศวกรรมไฟฟ้า มหาวิทยาลัยเทคโนโลยีสุรนารี จังหวัดนครราชสีมา เมื่อปี พ.ศ. 2542 สำเร็จการศึกษาระดับปริญญาโท สาขาวิชาวิศวกรรมไฟฟ้า มหาวิทยาลัยเทคโนโลยีสุรนารี เมื่อปี พ.ศ. 2549

ปี พ.ศ. 2554 เข้าศึกษาต่อในระดับปริญญาเอก สาขาวิชาวิศวกรรมไฟฟ้า มหาวิทยาลัยเทคโนโลยีสุรนารี ปัจจุบัน เป็นอาจารย์ประจำสาขาวิชาวิศวกรรมไฟฟ้า มหาวิทยาลัยวงษ์ชวลิตกุล จังหวัดนครราชสีมา

