

การสกัดคุณลักษณะด้วย CNN ที่ผ่านการฝึกฝนล่วงหน้าเพื่อการระบุลักษณะทางสัณฐานของอะแคนทามีบาแบบอัตโนมัติ

Pre-trained CNN-based feature extraction for automatic morphological identification of *Acanthamoeba* spp.

ศรีสุภางค์ ทิวสุวรรณ¹, ธิติพร ประมวน¹, ทีฆพันธ์ เจริญพงษ์ และเพชร ตั้งตระกูลวงศ์³

Srisupang Thewsuan¹, Thitiporn Pramoun¹, Theekapun Charoenpong² and Potchara Tangtragulwong³

Received: 28 February 2025 ; Revised: 19 June 2025 ; Accepted: 9 July 2025

บทคัดย่อ

อะแคนทามีบา (*Acanthamoeba* spp.) เป็นอะมีบาที่ดำรงชีวิตเป็นอิสระในสิ่งแวดล้อม และเป็นโปรโตซัวชนิดฉวยโอกาสที่มีศักยภาพในการส่งผลกระทบต่อสุขภาพของมนุษย์ การระบุชนิดและสายพันธุ์ของอะแคนทามีบาจึงมีความสำคัญอย่างยิ่งสำหรับการวินิจฉัยและการรักษาโรค หนึ่งในวิธีการพื้นฐานของการจำแนกสายพันธุ์คือการประเมินขนาดและรูปร่างของผนังชั้นใน (endocyst) และ ผนังชั้นนอก (ectocyst) ของซิสต์ ซึ่งสามารถจำแนกกลุ่มตามคุณลักษณะทางสัณฐานวิทยาออกเป็น 3 กลุ่ม (GI, GII, GIII) อย่างไรก็ตาม กระบวนการระบุลักษณะทางสัณฐานนั้นมักต้องใช้เวลาและความเชี่ยวชาญเฉพาะด้าน งานวิจัยนี้จึงมีวัตถุประสงค์เพื่อพัฒนาระบบวิเคราะห์ภาพแบบอัตโนมัติสำหรับการจำแนกกลุ่มซิสต์ของ *Acanthamoeba* spp. โดยใช้เทคนิคการสกัดคุณลักษณะด้วยโครงข่ายประสาทเทียมแบบคอนโวลูชันที่ผ่านการฝึกฝนล่วงหน้า (Pre-trained CNN) ร่วมกับตัวจำแนกประเภท Support Vector Machine (SVM) เพื่อเพิ่มความแม่นยำในการวินิจฉัยทางพยาธิวิทยาและลดข้อผิดพลาดในการจำแนกกลุ่ม การสกัดคุณลักษณะนั้นดำเนินการโดยนำโมเดล CNN ที่ผ่านการฝึกฝนล่วงหน้าจาก ImageNet (Xception, EfficientNet-B0, EfficientNet-B1, VGG16, ResNet50, ResNet101, MobileNet, Inception-V3 และ InceptionResNet-V2) มาสกัดคุณลักษณะ จากนั้นนำผ่านตัวจำแนก SVM เพื่อจำแนกกลุ่มซิสต์ (GI, GII, GIII) พร้อมกับการเปรียบเทียบประสิทธิภาพกับวิธีการสกัดคุณลักษณะด้วยวิธีดั้งเดิม ผลการทดลองพบว่า ระบบที่ใช้ Pre-trained CNN ร่วมกับ SVM สามารถจำแนกซิสต์ของ *Acanthamoeba* spp. ได้อย่างมีประสิทธิภาพด้วยค่าความถูกต้องสูงกว่า 95% โดยที่ ResNet50 และ ResNet101 แสดงผลลัพธ์ที่ดีที่สุดตามลำดับ ผลลัพธ์ดังกล่าวสามารถยืนยันถึงศักยภาพของการสกัดคุณลักษณะด้วย Pre-trained CNN เพื่อการจำแนกกลุ่มซิสต์ตามลักษณะทางสัณฐานวิทยาที่ซับซ้อนและสามารถนำไปประยุกต์ใช้ในงานวินิจฉัยทางคลินิกได้อย่างมีประสิทธิภาพ

คำสำคัญ: อะแคนทามีบา, การระบุลักษณะทางสัณฐานวิทยา, CNN ที่ผ่านการฝึกฝนล่วงหน้า, การสกัดคุณลักษณะ

Abstract

Acanthamoeba spp. are free-living protozoa and are known to cause severe infections in humans. Traditional morphological identification relies on assessing the size and shape of the inner (endocyst) and outer (ectocyst) walls of cysts, which are categorized into three groups (GI, GII, GIII). However, this method is time-consuming and requires skilled experts. This study aims to develop an automated image analysis system for the classification of *Acanthamoeba* spp. cysts by employing a pre-trained convolutional neural network (CNN)-based feature extraction approach combined with a Support Vector Machine (SVM) classifier to increase diagnostic accuracy in pathology and reduce classification

¹ ภาควิชาวิศวกรรมคอมพิวเตอร์ คณะวิศวกรรมศาสตร์ มหาวิทยาลัยศรีนครินทรวิโรฒ นครนายก

² ภาควิชาวิศวกรรมชีวการแพทย์ คณะวิศวกรรมศาสตร์ มหาวิทยาลัยศรีนครินทรวิโรฒ นครนายก

³ ภาควิชาวิศวกรรมโยธาและสิ่งแวดล้อม คณะวิศวกรรมศาสตร์ มหาวิทยาลัยศรีนครินทรวิโรฒ นครนายก

¹ Department of Computer Engineering, Faculty of Engineering, Srinakharinwirot University, Nakhon Nayok

² Department of Biomedical Engineering, Faculty of Engineering, Srinakharinwirot University, Nakhon Nayok

³ Department of Civil and Environmental Engineering, Faculty of Engineering, Srinakharinwirot University, Nakhon Nayok

* Corresponding author: Email: srisupang@g.swu.ac.th

errors. The feature extraction is performed using various CNN models pre-trained on ImageNet, including Xception, EfficientNet-B0, EfficientNet-B1, VGG16, ResNet50, ResNet101, MobileNet, Inception-V3, and InceptionResNet-V2, to extract high-level global features from microscope images of cysts. These extracted features are then input into an SVM for classifying the cysts into groups GI, GII, and GIII. Additionally, the performance of this approach is compared with that of conventional feature extraction methods. Experimental results demonstrated that the system employing pre-trained CNNs combined with SVM achieved an accuracy exceeding 95%, with ResNet50 and ResNet101 yielding the best results, respectively. These findings validate the potential of using pre-trained CNN-based feature extraction for the robust and efficient classification of complex morphological cyst groups, thereby offering a promising tool for enhancing clinical diagnostic procedures.

Keywords: *Acanthamoeba* spp., morphological identification, pre-trained CNN, feature extraction

บทนำ

Acanthamoeba spp. เป็นอะมีบาที่อาศัยอยู่ตามธรรมชาติทั่วไป (Free-living amoebae: FLA) มักพบได้ทั้งสภาพแวดล้อมตามธรรมชาติและสภาพแวดล้อมที่มนุษย์สร้างขึ้น อะมีบาเหล่านี้เป็นโปรโตซัวชนิดอวกาศ และสาเหตุของการติดเชื้อในมนุษย์ที่รุนแรงเช่น โรคกระจกตาอักเสบ (*Acanthamoeba* Keratitis: AK) ภาวะเยื่อหุ้มสมองอักเสบชนิด Granulomatous Encephalitis (GAE) และโรคผิวหนังชนิดเฉียบพลัน (*Acanthamoeba* Skin Infection) (Possamai et al., 2018; Buppan et al., 2018) อะแคนทามีบาสามารถแบ่งวงจรการเจริญเติบโตออกเป็น 2 ระยะคือ ระยะโทรโฟซอइट (trophozoites) และระยะซิสต์ (cysts) โดยระยะโทรโฟซอइटจะมีขนาดเส้นผ่านศูนย์กลาง 12-35 ไมโครเมตร มีส่วนยื่นคล้ายขาเทียมที่มีลักษณะคล้ายหนาม (*Acanthopodia*) ส่วนระยะของซิสต์จะมีขนาดเส้นผ่านศูนย์กลาง 10-20 ไมโครเมตร มีผนังหุ้ม 2 ชั้น ได้แก่ ผนังชั้นนอก (ectocyst) และ ผนังชั้นใน (endocyst) ที่สามารถมองเห็นด้วยตาเปล่าและสามารถแยกออกจากกันได้อย่างชัดเจน สามารถจัดจำแนกกลุ่มของอะแคนทามีบาในระยะซิสต์ตามลักษณะทางสัณฐานวิทยาออกได้เป็น 3 กลุ่มตามการจัดจำแนกของ Pussard and Pons (1977)

ดังแสดงได้ดัง Figure 1 คือ ซิสต์กลุ่มที่ I (GI) จะมีขนาดใหญ่ ผนังชั้นนอกและชั้นในของซิสต์มีระยะใกล้กันมาก โดยผนังชั้นนอกจะมีผิวเรียบหรือหยักเป็นรอยหย่นเล็กน้อย ผนังชั้นในมีลักษณะเป็นแฉก คล้ายรูปร่างดาว ซิสต์กลุ่มที่ 2 (GII) จะมีผนังชั้นนอกและในอยู่ชิดหรือห่างกัน ผนังชั้นในจะมีรูปร่างหลายแบบ เช่น สามเหลี่ยม หลายเหลี่ยม แฉก กลม หรือรูปไข่ แต่มักจะเห็นแขนหรือแฉกไม่ชัดเจน และซิสต์กลุ่มที่ 3 (GIII) จะมีลักษณะรูปร่างค่อนข้างกลม ผนังชั้นนอกเรียบและบางหรือเป็นคลื่นเล็กน้อย โดยผนังชั้นในนั้นมักเห็นเป็นลักษณะกลมอาจจะเห็นเป็นมุม 3-5 มุม (จิตรกุล สุวรรณเจริญ และวัชรพงษ์ ศรีชุม, 2017)

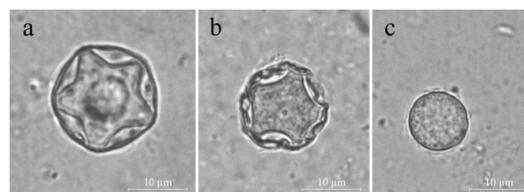


Figure 1 *Acanthamoeba* spp. categorizes the isolates into groups I, II, and III, according to the shape of the inner (endocyst) and outer wall (ectocyst) and size of the cysts (Possamai et al., 2018)

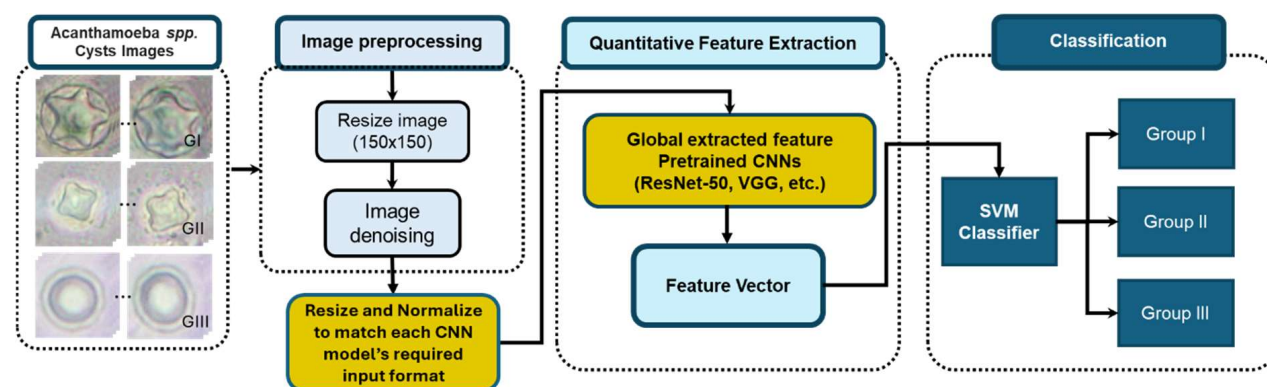


Figure 2 Overview of the proposed system

ระบบวิเคราะห์ภาพอัตโนมัติของกล้องจุลทรรศน์ในห้องปฏิบัติการทางคลินิก สามารถช่วยให้การประเมินลักษณะทางสัณฐานวิทยาของงานทางด้านพยาธิวิทยามีความแม่นยำและถูกต้องมากขึ้น (Chen *et al.*, 2012) การประเมินลักษณะสัณฐานวิทยาของ อะแคนทามีบาด้วยการวิเคราะห์ภาพ (image analysis) สามารถประยุกต์ใช้ในการจำแนกลักษณะกลุ่มซิสต์ โดยการเปลี่ยนค่าพารามิเตอร์เชิงคุณภาพทางเซลล์วิทยาให้เป็นค่าเชิงปริมาณ เช่น ความยาว พื้นที่ รูปร่าง และจำนวนเซลล์ กระบวนการจำแนกซิสต์นั้นจะอาศัยการสกัดตัวแทนที่มีลักษณะเฉพาะ (feature extraction) เชิงรูปร่างและคุณลักษณะเฉพาะเชิงพื้นผิวของซิสต์เพื่อกำหนดคุณสมบัติเชิงปริมาณที่สามารถระบุลักษณะของตัวแปรทางเซลล์วิทยา โดยมีขั้นตอนหลัก 3 ขั้นตอน ได้แก่ (i) การเก็บรวบรวมภาพและการประมวลผลเบื้องต้น (ii) การแบ่งส่วน (Chen *et al.*, 2012) และ (iii) การสกัดข้อมูลเชิงปริมาณ (Barata *et al.*, 2019)

การสกัดคุณลักษณะเฉพาะทางสัณฐานวิทยาร่วมกับกระบวนการการเรียนรู้ของเครื่อง ได้ถูกพัฒนาขึ้นเพื่อการจำแนกกลุ่มซิสต์ของ *Acanthamoeba* spp. (ศรีสุรางค์ ทิวสุวรรณ และภัทรกร บุปผัน, 2566) โครงสร้างของระบบดังกล่าวถูกออกแบบมาเพื่อวิเคราะห์รูปร่างและพื้นผิวของซิสต์โดยตัวแทนที่มีลักษณะเฉพาะนั้นจะถูกสกัดออกโดยใช้วิธี Histogram of Oriented Gradients (HOG) และ Local Binary Pattern (LBP) จากผลลัพธ์ทำให้เห็นถึงศักยภาพของเทคนิคการวิเคราะห์ภาพขั้นสูงและการเพิ่มประสิทธิภาพการจำแนก *Acanthamoeba* spp. อย่างไรก็ตามเทคนิคการวิเคราะห์ด้วยภาพ ยังจำเป็นต้องปรับปรุงทั้งความแม่นยำ (precision) และค่าความไว (recall) ให้ดียิ่งขึ้น การปรับปรุงนี้มีความสำคัญเพื่อให้ได้ผลการวิเคราะห์ที่น่าเชื่อถือและมีประสิทธิภาพมากขึ้น ในการลดค่าผลบวกปลอม (false positive) และผลลบปลอม (false negative) โดยเฉพาะอย่างยิ่ง การจำแนกซิสต์ระหว่างกลุ่ม GI กับกลุ่ม GII ยังคงเป็นเรื่องท้าทาย เนื่องจากรูปร่างที่ไม่สม่ำเสมอของกลุ่ม GII และความแปรปรวนภายในกลุ่มที่มีความแตกต่างกัน

Tajbakhsh *et al.* (2017) ได้ค้นพบว่าการสกัดตัวแทนที่มีลักษณะเฉพาะ ด้วยโครงข่ายคอนโวลูชันที่ผ่านการฝึกฝนล่วงหน้า (pre-trained CNNs) สามารถให้ผลลัพธ์ด้านการจำแนกที่ดี โดยเฉพาะในกรณีที่มีปริมาณข้อมูลอย่างจำกัด เนื่องจากน้ำหนักของโครงข่ายยังคงสามารถสะท้อนคุณลักษณะทั่วไปได้จากชุดข้อมูลขนาดใหญ่ได้ เช่น Image Net อย่างไรก็ตามเทคนิค Fine-Tuning ซึ่งเป็นการปรับค่าน้ำหนักบางส่วนโครงข่ายให้สอดคล้องกับลักษณะของปัญหาใหม่

มักให้ผลลัพธ์ที่ดีกว่า เมื่อประยุกต์ใช้กับชุดข้อมูลที่มีขนาดใหญ่และหลากหลาย จากแนวโน้มดังกล่าว จึงมีการพัฒนาเทคนิคการเรียนรู้เชิงลึกเพื่อการสกัดคุณลักษณะเฉพาะในกรณีที่ข้อมูลมีปริมาณจำกัด (Jogin *et al.*, 2018; Puls *et al.*, 2023) ที่สามารถนำมาใช้ในกระบวนการจำแนกประเภทของภาพได้อย่างมีประสิทธิภาพและรวดเร็ว โดยไม่จำเป็นต้องพึ่งพาการสกัดคุณลักษณะเฉพาะด้วยเทคนิคทำมือ (Hand-Crafted Feature Extraction) อีกทั้งการใช้โครงข่ายประสาทแบบคอนโวลูชันยังแสดงให้เห็นถึงศักยภาพในการรักษาเอกลักษณ์ของข้อมูล (preserve similarity) (Atasoy & Kutlu, 2025) แม้ว่าจะมีการแปลงข้อมูลจากปริภูมิต้นฉบับ (input space) ไปยังปริภูมิตัวแทนที่มีมิติสูง (high-dimensional feature space) ก็ตาม

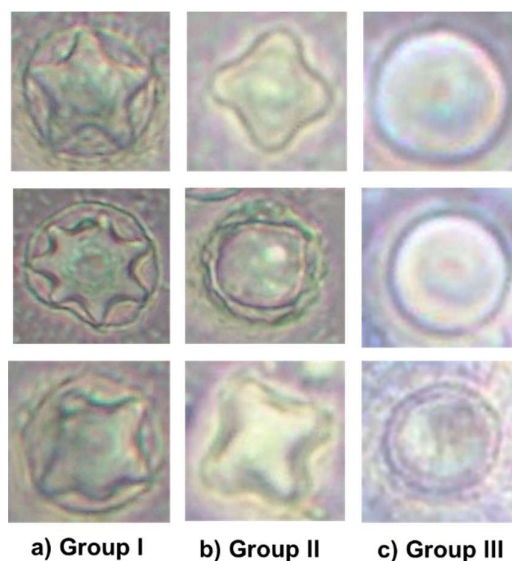


Figure 3 Example images of the *Acanthamoeba* spp. dataset which divides into three groups: a) cyst's morphology as group I, b) group II and c) group III

งานวิจัยนี้จึงนำเสนอระบบวิเคราะห์ภาพสำหรับการจำแนกซิสต์ของ *Acanthamoeba* spp. ด้วยโครงข่ายประสาทแบบคอนโวลูชัน ที่ผ่านการฝึกฝนล่วงหน้าในการหาคุณลักษณะเด่นภาพรวม (Global features) เพื่อตรวจจับความแปรปรวนทางรูปทรงที่ซับซ้อนของ *Acanthamoeba* spp. จากนั้นใช้กระบวนการการเรียนรู้ของเครื่องเข้ามาทำการคัดแยกกลุ่มของซิสต์ออกเป็นทั้งหมด 3 กลุ่ม ด้วยระบบอัตโนมัติตามหลักเกณฑ์ของ Pussard and Pons (1977) ผลการศึกษาพบว่า งานวิจัยนี้สามารถใช้เป็นแนวทางในการพัฒนาระบบที่ส่งเสริมการทำงานของผู้เชี่ยวชาญในห้องปฏิบัติการทางคลินิกต่อไป

วัตถุประสงค์การวิจัย

การพัฒนากระบวนการวิเคราะห์ภาพเพื่อเพิ่มประสิทธิภาพในการจำแนกซิสต์ (cyst) ของ *Acanthamoeba* spp. ด้วยเทคนิคการสกัดคุณลักษณะด้วยสถาปัตยกรรมโครงข่ายประสาทเทียมแบบคอนโวลูชัน Convolutional Neural Networks (CNNs) ที่ผ่านการฝึกฝนล่วงหน้า

เปรียบเทียบประสิทธิภาพของเวกเตอร์คุณลักษณะจากโครงข่ายประสาทเทียมแบบคอนโวลูชัน ที่ผ่านการฝึกฝนล่วงหน้า

วิธีการดำเนินงาน

จาก Figure 2 ภาพรวมของระบบงานวิจัยนี้สามารถแบ่งออกเป็น 3 ขั้นตอนหลัก ได้แก่ 1. ข้อมูลภาพซิสต์ *Acanthamoeba* spp. และการประมวลผลภาพเบื้องต้น, 2. การสกัดคุณลักษณะเด่นด้วยโครงข่ายประสาทเทียมแบบคอนโวลูชัน และ 3. การจำแนกกลุ่มของซิสต์ *Acanthamoeba* spp.

1. ชุดข้อมูลภาพซิสต์ *Acanthamoeba* spp. และการประมวลผลภาพเบื้องต้น

ชุดข้อมูลภาพซิสต์ของอะแคนตามีบา (Buppan et al., 2018) ถูกบันทึกจากกล้องจุลทรรศน์ด้วยกำลังขยาย 400 เท่า โดยผู้วิจัยได้ระบุตำแหน่งของซิสต์ในแต่ละภาพ และจัดกลุ่มตามลักษณะทางสัณฐานวิทยาออกเป็น 3 กลุ่ม ได้แก่ GI, GII และ GIII รวมจำนวนทั้งสิ้น 1,800 ภาพ ดังตัวอย่างใน Figure 3 สำหรับการประเมินประสิทธิภาพของระบบ ชุดข้อมูลถูกแบ่งออกเป็น 2 ส่วน ได้แก่ ข้อมูลการฝึกสอน (training set) ประกอบด้วย 80% ของภาพทั้งหมด (1,200 ภาพ) โดยการฝึกสอนใช้การตรวจสอบความสมเหตุสมผลแบบไขว้ 10 ส่วน (10-fold cross-validation) และข้อมูลการทดสอบภายนอก (external testing set) ประกอบด้วย 20% ของภาพทั้งหมด (600 ภาพ) การแบ่งข้อมูลใช้วิธีการสุ่มโดยควบคุมไม่ให้ภาพจากกลุ่มใดกลุ่มหนึ่งมีอคติหรือความไม่สมดุลระหว่างกลุ่มภายในชุดข้อมูลฝึกและทดสอบ

กระบวนการประมวลผลภาพเบื้องต้น เป็นการเตรียมภาพให้อยู่ในรูปแบบที่เหมาะสมสำหรับการวิเคราะห์ด้วยโมเดล CNN และสกัดคุณลักษณะเด่นของภาพ ซึ่งประกอบด้วย 2 กระบวนการหลักคือ (i) การปรับขนาดของภาพเบื้องต้นให้เป็น 150×150 พิกเซล เพื่อจัดมาตรฐานให้กับข้อมูลภาพที่มีขนาดแตกต่างกันในเบื้องต้น ก่อนที่จะมีการปรับขนาดอีกครั้งให้เหมาะสมกับข้อกำหนดของอินพุตในแต่ละโมเดล CNN ที่ใช้งาน ตามที่แสดงรายละเอียดใน Table 1 และ (ii) การลดสิ่งเจือปนบนภาพ โดยใช้วิธีการกรองภาพโดยการใส่ตัวกรองสัญญาณเกาส์เซียน (Gaussian filter)

ขนาด 55 เพื่อเพิ่มความชัดเจนของขอบซิสต์และลดสัญญาณรบกวน

2. การสกัดคุณลักษณะเด่นด้วยโครงข่ายประสาทเทียมแบบคอนโวลูชัน (ConvNet as fixed feature extractor)

โครงข่ายประสาทเทียมแบบคอนโวลูชัน (Convolutional Neural Networks: CNNs/ConvNet) ที่ผ่านการฝึกฝนล่วงหน้าบนชุดข้อมูล ImageNet (Deng et al., 2009) ได้ถูกนำมาใช้สำหรับการสกัดคุณลักษณะเฉพาะภาพซิสต์อะแคนตามีบา โดยทำการสกัดคุณลักษณะจากชั้นเชื่อมต่อแบบสมบูรณ์ (fully connected layers) และชั้นการสกัดคุณลักษณะเฉพาะ ตัวอย่างเช่น ชั้น FC6 หรือ FC7 ของสถาปัตยกรรม AlexNet (Deng et al., 2009) เป็นต้น ซึ่งผลลัพธ์จะถูกแสดงออกมาในรูปแบบของเวกเตอร์คุณลักษณะที่มีมิติสูง จากนั้นเวกเตอร์จะถูกนำไปใช้เป็นอินพุตให้กับตัวจำแนก Support Vector Machine (SVM) เพื่อทำหน้าที่ตัดสินใจว่า ภาพนั้นจัดอยู่ในประเภทหรือกลุ่มใด

งานวิจัยนี้มีการเลือกใช้สถาปัตยกรรมที่ผ่านการฝึกฝนล่วงหน้าบนชุดข้อมูล ImageNet ทั้งหมด 9 แบบ ได้แก่ Xception, EfficientNetB0, EfficientNetB1 VGG16, ResNet50, ResNet101, MobileNet, InceptionV3 และ InceptionResNetV2 โดยนำมาสกัดคุณลักษณะเฉพาะจากชั้น Global Average Pooling (GAP) Table 1 แสดงรายละเอียดความแตกต่างของขนาดเวกเตอร์คุณลักษณะที่สกัดได้ของแต่ละโมเดล ซึ่งจะถูกนำมาเปรียบเทียบเพื่อประเมินประสิทธิภาพในการวิเคราะห์เชิงสัณฐานวิทยา และสามารถอธิบายความแตกต่างของแต่ละสถาปัตยกรรมได้ดังนี้

Xception (Chollet, 2017) และ MobileNet (Howard et al., 2017; Sandler et al., 2018) เป็นสถาปัตยกรรมที่ออกแบบโดยใช้หลักการคอนโวลูชันแบบแยกตามความลึก (depthwise separable convolutions) ซึ่งช่วยลดจำนวนพารามิเตอร์และเพิ่มประสิทธิภาพในการประมวลผล จึงเหมาะสำหรับการใช้งานในระบบที่มีข้อจำกัดด้านทรัพยากร ขณะที่ EfficientNet-B0 และ EfficientNet-B1 (Tan & Le, 2019) ใช้แนวคิด compound scaling ซึ่งพิจารณาร่วมกันทั้ง ความลึกของโครงข่าย ความกว้างของฟีเจอร์ และความละเอียดของภาพอินพุต เพื่อเพิ่มประสิทธิภาพการเรียนรู้ ทั้งสองรุ่นจะใช้โครงสร้าง Inverted Bottleneck MBConv (Sandler et al., 2018) ที่ช่วยให้การสกัดคุณลักษณะเด่นมีความรวดเร็วและมีประสิทธิภาพ

VGG (Simonyan & Zisserman, 2014) เป็นสถาปัตยกรรมที่ได้รับความนิยมอย่างแพร่หลาย ด้วย

โครงสร้างที่เรียบง่ายแต่ลึก และการใช้ฟิลเตอร์ขนาด 3×3 อย่างต่อเนื่องในแต่ละชั้น Convolution จึงทำให้เอื้อต่อการจับลักษณะเชิงพื้นผิวและรายละเอียดที่ซับซ้อนในภาพ ในขณะที่ ResNet (He *et al.*, 2016) จะใช้ Residual learning ด้วยการเชื่อมต่อแบบข้ามชั้น (skip connection) สำหรับการแก้ปัญหา vanishing gradient จึงทำให้สามารถฝึกฝนโมเดลที่มีความลึกได้อย่างมีประสิทธิภาพ งานวิจัยนี้กำหนดใช้โมเดล VGG16 ที่มีความลึก 16 ชั้น ResNet50 ที่มีความลึก 50 ชั้น และ ResNet101 ที่มีความลึก 101 ชั้น ของแต่ละการทดลอง

Table 1 Overview of selected CNN Architectures

Model	Input Size	Output Features	Depth
Xception	299 x 299	2048	71
EfficientNet-B0	224 x 224	1280	237
EfficientNet-B1	240 x 240	1280	240
VGG16	224 x 224	512	16
ResNet50	224 x 224	2048	50
ResNet101	224 x 224	2048	101
MobileNet	224 x 224	1024	28
Inception-V3	299 x 299	2048	48
Inception-ResNet-V2	299 x 299	1536	164

InceptionV3 (Szegedy *et al.*, 2016) และ Inception ResNetV2 (Szegedy *et al.*, 2017) เน้นการผสมผสานแนวคิดจาก Multi-scale filter และการเชื่อมต่อแบบ residual (Residual Connections) ซึ่งช่วยให้ง่ายต่อการฝึกฝนเครือข่ายที่มีความลึกมากขึ้น และสามารถเพิ่มประสิทธิภาพในการจำแนกภาพที่มีคุณลักษณะที่ซับซ้อน การใช้โมเดลเหล่านี้ช่วยให้สามารถสำรวจความแตกต่างของลักษณะสถาปัตยกรรมที่มีผลต่อประสิทธิภาพของความแม่นยำในการจำแนกและการวิเคราะห์ลักษณะทางสัณฐานวิทยาของอะแคนตามีบา

3. การจำแนกกลุ่มของชีสต์ *Acanthamoeba* spp.

การจำแนกกลุ่มชีสต์อะแคนตามีบาโดยใช้วิธีการเรียนรู้ของเครื่องเป็นขั้นตอนสำคัญในการพัฒนาระบบวิเคราะห์อัตโนมัติ หลังจากสกัดคุณลักษณะที่โดดเด่นจากภาพออกมาแล้ว คุณลักษณะเหล่านี้จะถูกส่งผ่านตัวจำแนก (classifier) เพื่อทำนายประเภทกลุ่มของข้อมูล SVM (Furey *et al.*, 2000) ถูกนำมาใช้สำหรับจำแนกกลุ่มชีสต์ของ *Acanthamoeba* spp. ตามเกณฑ์ของ Pussard and Pons (1977) ร่วมกับแนวทางการจำแนกแบบ One-vs-All (OVA) โดยตั้งค่า kernel เป็นแบบเชิงเส้น (linear) และเลือกใช้ค่า hyperparameter เริ่มต้นของแบบจำลอง เพื่อให้สามารถประเมินประสิทธิภาพในเชิงเปรียบเทียบได้อย่างเหมาะสม โดยเฉพาะในบริบทของการเปรียบเทียบกระบวนการสกัดคุณลักษณะเด่นของแต่ละโมเดล

4. เกณฑ์การประเมินประสิทธิภาพ

เพื่อประเมินประสิทธิภาพความถูกต้องและความแม่นยำของงานวิจัยนี้ใช้ตัวชี้วัดที่ด้านประสิทธิภาพที่ประกอบไปด้วยค่า Accuracy Precision, Recall และ F1-Score (Sokolova & Lapalme, 2009) โดยผ่านการวิเคราะห์ด้วย confusion matrix ได้ตามสมการดังต่อไปนี้

Table 2 The median values of evaluation metrics for each pretrained CNN model on the *Acanthamoeba* spp. cyst classification task, obtained via repeated 10-fold cross-validation.

Model	Accuracy	F1		Precision		Recall	
		Mac.	Mic.	Mac.	Mic.	Mac.	Mic.
EfficientNetB0	0.965	0.965	0.965	0.967	0.965	0.965	0.965
EfficientNetB1	0.965	0.965	0.965	0.966	0.965	0.965	0.965
InceptionResNetV2	0.951	0.952	0.951	0.956	0.951	0.951	0.951
InceptionV3	0.965	0.965	0.965	0.966	0.965	0.965	0.965
MobileNet	0.965	0.965	0.965	0.968	0.965	0.965	0.965
ResNet101	0.972	0.972	0.972	0.973	0.972	0.972	0.972
ResNet50	0.972	0.972	0.972	0.972	0.972	0.972	0.972
VGG16	0.958	0.959	0.958	0.960	0.958	0.958	0.958
Xception	0.965	0.965	0.965	0.966	0.965	0.965	0.965

*Mac: Macro, ** Mic: Micro

$$Accuracy = \frac{(TP + TN)}{(TP + TN + FP + FN)} \quad (1)$$

$$Precision = \frac{TP}{(TP + FP)} \quad (2)$$

$$Recall = \frac{TP}{(TP + FN)} \quad (3)$$

$$F1-Score = 2 \times \frac{Precision \times Recall}{Precision + Recall} \quad (4)$$

โดย True Positive (TP) ผลลัพธ์จากการทำนายว่าซีสต์เป็นสมาชิกของกลุ่มที่ต้องการ และจริงแล้วซีสต์นั้นเป็นสมาชิกของกลุ่มนั้น True Negative (TN) ผลลัพธ์จากการทำนายว่าซีสต์ไม่เป็นสมาชิกของกลุ่มที่ต้องการ และจริงแล้วซีสต์นั้นไม่เป็นสมาชิกของกลุ่มนั้น False Positive (FP) ผลลัพธ์จากการทำนายว่าซีสต์เป็นสมาชิกของกลุ่มที่ต้องการ แต่จริงแล้วซีสต์นั้นไม่ใช่สมาชิกของกลุ่มนั้น และ False Negative (FN) ผลลัพธ์จากการทำนายว่าซีสต์ไม่เป็นสมาชิกของกลุ่มที่ต้องการ แต่จริงแล้วซีสต์นั้นเป็นสมาชิกของกลุ่มนั้น

ผลการทดลองและอภิปรายผล

การทดลองแบ่งออกเป็น 2 การทดสอบคือ 1. การเปรียบเทียบประสิทธิภาพของ Pretrained CNNs แต่ละสถาปัตยกรรม และ 2. การเปรียบเทียบประสิทธิภาพของ Pretrained CNNs กับวิธีการดั้งเดิมอื่น ๆ

1. ผลการเปรียบเทียบประสิทธิภาพของ Pretrained CNNs

การประเมินประสิทธิภาพของ CNNs ที่ผ่านการฝึกฝนล่วงหน้าเพื่อจำแนกซีสต์ของอะแคนตามีบา ได้ดำเนินการทดสอบและเปรียบเทียบผลลัพธ์ของแต่ละโมเดล ด้วยวิธี Repeated Stratified 10-Fold Cross Validation โดยแบ่งข้อมูลออกเป็น 10 ส่วน (10 folds) แบบแบ่งชั้น เพื่อรักษาสัดส่วนของข้อมูลในแต่ละกลุ่มและทำซ้ำทั้งหมด 5 ครั้ง (5 repeats) รวมเป็น 50 การวัดผลต่อหนึ่งโมเดล (10 folds × 5 repeats) ซึ่งจะช่วยลดอคติจากการสุ่มเพียงครั้งเดียว จากนั้นนำค่าที่ได้ไปทดสอบทางสถิติด้วยการทดสอบ Friedman เพื่อประเมินความแตกต่างของโมเดลในภาพรวม โดยกำหนดค่าสำคัญทางสถิติ α เท่ากับ 0.05 (Rainio et al., 2024)

จากผลลัพธ์ใน Table 2 แสดงค่ามัธยฐาน (median) ของแต่ละตัวชี้วัด Accuracy, Precision, Recall, และ F1-score พบว่า ResNet50 และ ResNet101 ให้ผลการจำแนกที่ดีที่สุดในทุกตัวชี้วัด โดยมีค่า Accuracy, F1_macro และ F1_micro เท่ากับ 0.972 ในทางกลับกัน InceptionResNetV2 ให้ค่าตัวชี้วัดต่ำที่สุดทุกตัวชี้วัด โมเดลกลุ่ม EfficientNetB0, EfficientNetB1, InceptionV3, MobileNet และ Xception ให้ผลลัพธ์ที่ใกล้เคียงกันในทุกตัวชี้วัด โดยมีค่า Accuracy, F1_macro และ F1_micro อยู่ที่ 0.965 และค่าอื่น ๆ อยู่ในช่วงเดียวกัน แสดงให้เห็นถึงระดับประสิทธิภาพที่คล้ายคลึงกันระหว่างโมเดลเหล่านี้

1.1 การทดสอบทางสถิติด้วย Friedman

การทดสอบทางสถิติด้วย Friedman ถูกนำมาตรวจสอบเพิ่มเติมเพื่อเปรียบเทียบประสิทธิภาพของโมเดลแต่ละตัว จากการคำนวณอันดับเฉลี่ย (average ranking) ของแต่ละโมเดล ดัง Figure 4 โดยกำหนด

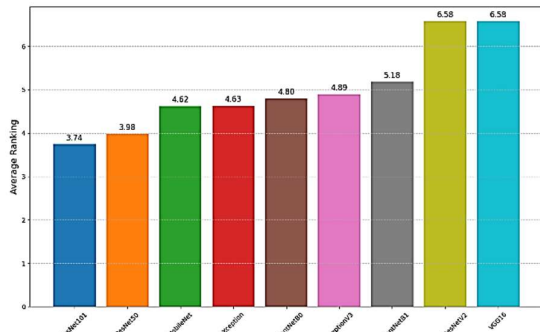


Figure 4 Average ranking of the Friedman test for comparative analysis of different models

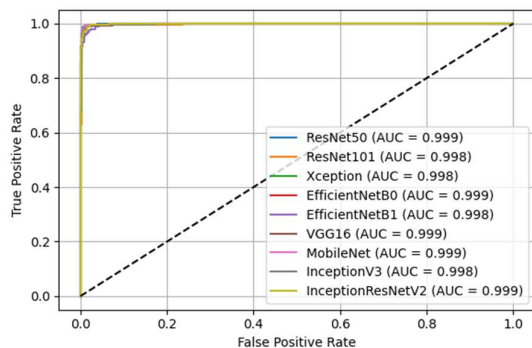


Figure 5 ROC curve for different models

สมมติฐานหลัก (H0) ระบุว่า โมเดลทั้งหมดมีพฤติกรรมหรือผลลัพธ์ที่เทียบเท่ากัน ในขณะที่สมมติฐานทางเลือก (H1) ระบุว่า จากโมเดลทั้งหมดมีอย่างน้อย 1 คู่ที่แตกต่างกันใน

ผลลัพธ์ระหว่างโมเดล ซึ่งผลการทดสอบ Friedman ให้ค่า $p\text{-value} = 1.9667\text{e-}09$ ที่ต่ำกว่าระดับนัยสำคัญ แสดงว่ามีความแตกต่างของผลลัพธ์ระหว่างโมเดลอย่างมีนัยสำคัญทางสถิติ กล่าวคือ ResNet101 มีอันดับเฉลี่ยสูงที่สุด รองลงมาคือ ResNet50 (3.74 และ 3.98 ตามลำดับ) สอดคล้องกับผลลัพธ์การประเมินประสิทธิภาพของโมเดลทั้งสองที่มีค่า Accuracy, F1-score, Precision และ Recall สูงสุด (0.972) ในทุกตัวชี้วัด ซึ่งบ่งชี้ถึงความสามารถในการจำแนกข้อมูลได้อย่างแม่นยำและสม่ำเสมอ ในขณะที่ InceptionResNetV2 และ VGG16 มีอันดับเฉลี่ยต่ำที่สุด แม้จะมีค่า Accuracy และ F1-score ที่อยู่ในเกณฑ์ดี (0.951 และ 0.958 ตามลำดับ) แต่เมื่อเทียบกับโมเดลอื่นที่ให้ผลความแม่นยำสูงกว่าเล็กน้อย จึงทำให้ได้รับอันดับเฉลี่ยที่ลดลง

1.2 การวิเคราะห์ ROC Curve

จากผลการวิเคราะห์ ROC (Receiver Operating Characteristic) Curve เพื่อประเมินประสิทธิภาพของโมเดลจำแนกกลุ่มเพิ่มเติม จากการแสดงความสัมพันธ์ระหว่างอัตราการทำนายผลบวกถูกต้อง (True Positive Rate) และอัตราการทำนายผลบวกผิด (False Positive Rate) โดยใช้ค่าพื้นที่ใต้กราฟ (AUC: Area Under the Curve) เป็นดัชนีเปรียบเทียบประสิทธิภาพรวมของแต่ละโมเดล จาก Figure 5 แสดงค่า AUC จาก ROC Curve ของทุกโมเดลจะอยู่ในระดับที่สูงมากและใกล้เคียงกัน (0.998) ซึ่งแสดงถึงความสามารถในการจำแนกข้อมูลที่ดีในภาพรวม แต่เมื่อพิจารณาร่วมกับตัวชี้วัดอื่น เช่น Accuracy, F1 -score, Precision และ Recall พบว่าโมเดล ResNet101 และ ResNet50 แสดงผลลัพธ์ที่โดดเด่นได้อย่างต่อเนื่องในทุกตัวชี้วัด ทั้งในระดับ Macro และ Micro ขณะที่โมเดล EfficientNetB1 (เส้นสีม่วง) แม้จะมีค่า AUC ใกล้เคียงกัน แต่ก็แสดงความผันผวนเล็กน้อยในบางตัวชี้วัด เช่น ค่า Precision และ F1-score

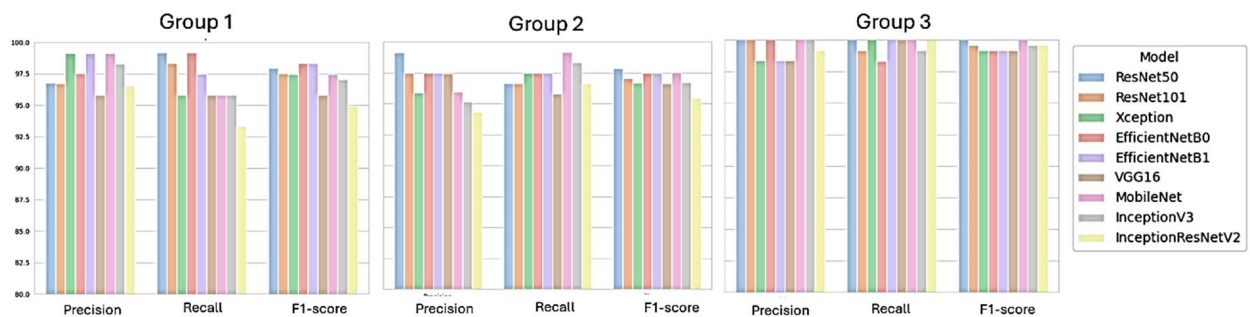


Figure 6 A comparison of the precision, recall and F1-score values of various pre-trained CNN models for classifying *Acanthamoeba* into three groups (GI, GII, and GIII).

Figure 6 แสดงผลลัพธ์การเปรียบเทียบค่าตัวชี้วัด precision, recall และ F1-score ของแต่ละโมเดลในการจำแนกอะแคนหาที่มีบารออกเป็น 3 กลุ่ม แต่ละกราฟย่อยแยกแสดงผลค่าตัวชี้วัดของแต่ละโมเดลอย่างชัดเจน ซึ่งโมเดลส่วนใหญ่ได้ผลลัพธ์ที่สูงในการจำแนกกลุ่มซีรีส์ GIII ในขณะที่การจำแนกซีรีส์ระหว่างกลุ่ม GI กับ GII เริ่มมีความแตกต่างกันระหว่างโมเดล เนื่องจากรูปร่างที่ไม่สม่ำเสมอของกลุ่ม GII และความแปรปรวนภายในกลุ่ม จากกราฟแสดงให้เห็นว่าโมเดล ResNet50, ResNet101 และ Xception สามารถรักษาระดับความแม่นยำได้ดีกว่าโมเดลอื่น ซึ่งสะท้อนถึงศักยภาพการสกัดคุณลักษณะและการจำแนกที่มีประสิทธิภาพ เช่น ResNet, Xception และ MobileNet อาจมีค่าสูงกว่าในบางกลุ่ม ในขณะที่โมเดลอย่าง VGG16 อาจมีค่าต่ำกว่าหรือมีความผันผวนมากกว่า จึงสามารถสรุปได้ว่า โมเดลที่มีโครงสร้างลึกและมีเทคนิคปรับปรุงการเรียนรู้ เช่น Residual Connections (ใน ResNet) หรือ โครงสร้าง Inverted Bottleneck MBConv (ใน Xception และ MobileNet) สามารถจับลักษณะทางสัญญาณได้อย่างมีประสิทธิภาพ ส่งผลให้ได้ประสิทธิภาพความแม่นยำที่สูง

2. ผลการเปรียบเทียบประสิทธิภาพการสกัดคุณลักษณะเด่นของ Pretrained CNNs

เพื่อให้สามารถวิเคราะห์ประสิทธิภาพของวิธีการดึงลักษณะเด่นที่ได้นำเสนอ การทดลองนี้ได้เปรียบเทียบการสกัดคุณลักษณะเด่นด้วยโครงข่ายประสาทเทียมแบบคอนโวลูชันและวิธีการดั้งเดิม คือ Hu moment (Hu, 1962), HOG (Dalal & Triggs, 2005) วิธีการดึงลักษณะเด่นโดยใช้ลักษณะเชิงพื้นผิววัตถุ ประกอบด้วย วิธีการ LBP และ LBPu2 (Ojala et al., 2002) วิธีการผสมผสานลักษณะเด่นเชิงรูปร่างและลักษณะพื้นผิวระหว่างวิธีการ HOG และ LBP (ศรีสุภางค์ ทิวสุวรรณ และภัทรกร บุปผัน, 2566) Hu moment ถูกนำมาพิจารณาความเหมือนหรือต่างกันในกลุ่มรูปร่างที่มีความทนทานต่อการเลื่อน (translation) เสกกล (scale) และการหมุน (rotation) ของวัตถุในภาพ จากการทดลองจะได้ค่าขนาด

เวกเตอร์เท่ากับ 7 ต่อภาพ วิธีการ HOG (Dalal & Triggs, 2005) ได้กำหนดเซลล์ของ HOG 1 บล็อก ไว้ที่ 6x6 เซลล์เมื่อทำการหาค่า HOG ในภาพขนาด 100x100 พิกเซล จะให้ขนาดเวกเตอร์ของคุณลักษณะมีจำนวนทั้งหมด 8100 ต่อภาพ

การดึงลักษณะเด่นเชิงพื้นผิวด้วยวิธีการพื้นฐาน LBP และ วิธีการ LBP ชนิด uniform patterns variant หรือ LBPu2 โดยกำหนดพารามิเตอร์ $r = 3$ และ $p = 8$ เมื่อค่า r คือรัศมีระยะทางระหว่างพิกเซลตรงกลางและพิกเซลข้างเคียง ค่า p คือ จำนวนพิกเซลข้างเคียง จำนวนขนาดเวกเตอร์ที่ใช้ต่อภาพจะมีขนาด 256 และ 59 ตามลำดับ วิธีการ Grey Level Co-occurrence Matrix (GLCM) (Haralick et al., 1973) คือ การกำหนดค่าทางสถิติจากการวิเคราะห์โครงสร้างพื้นผิวภาพในทิศทางต่างๆ จำนวน 4 ทิศทางคือ $0^\circ, 45^\circ, 90^\circ$ และ 135° และระยะทางจำนวน 2 ระยะคือ $d = 1$ และ 2 โดยค่าของคุณลักษณะทางสถิติที่เลือกใช้นั้นคือ ค่า Contrast, Entropy และ Autocorrelation จำนวนขนาดเวกเตอร์ที่ใช้ต่อภาพจะมีขนาด 24 เวกเตอร์ วิธีการสุดท้ายคือวิธี (HOG+LBP) (ศรีสุภางค์ ทิวสุวรรณ และภัทรกร บุปผัน, 2566) เรียกว่า Combined descriptors ด้วยขนาดของเวกเตอร์ทั้งหมด 8,356

จาก Table 3 แสดงค่าความถูกต้องของตัวบ่งชี้คุณลักษณะของแต่ละวิธีการและโมเดล CNNs ที่ ผลลัพธ์ที่ได้มีความแตกต่างกัน ซึ่งชี้ให้เห็นว่าสถาปัตยกรรม CNN นั้นมีประสิทธิภาพเมื่อเทียบกับวิธีการดั้งเดิมอย่างมีนัยสำคัญ ResNet50 ถูกนำมาวิเคราะห์และแสดงผลลัพธ์เพิ่มเติมใน Table 4 โดยอิงจากการวิเคราะห์แนวเส้นทแยงมุมของเมทริกซ์สับสน พร้อมทั้งแสดงจำนวนภาพที่ทำนายได้ถูกต้องและค่า Precision กับ Recall โดยกลุ่ม GIII ผลการจำแนกของกลุ่มนี้อยู่ในระดับที่สมบูรณ์แบบ โดยทำนายถูกต้อง 120 จาก 120 ตัวอย่าง (Precision = 100.00%, Recall = 100.00%) แสดงให้เห็นว่าระบบสามารถแยกแยะลักษณะของกลุ่ม GIII ได้อย่างแม่นยำ

Table 3 Performance Comparison of Different Feature extractor

	Feature extractor	No. of features	Accuracy (%)
Hand-crafted feature extractor	Hu moment (Hu, 1962)	7	46.67
	HOG (Dalal & Triggs, 2005)	8,100	85.00
	LBP (Ojala <i>et al.</i> , 2002)	256	72.22
	LBP ² (Ojala <i>et al.</i> , 2002)	59	71.85
	GLCM (Haralick <i>et al.</i> , 1973)	24	58.52
	HOG+LBP (ศรีศุภางค์ ทิวสุวรรณ และภัทรกร บุปผัน, 2566)	8356	89.81
ConvNet as fixed feature extractor	Xception	2048	98.33
	EfficientNetB0	1280	97.78
	EfficientNetB1	1280	96.67
	VGG16	512	97.78
	ResNet50	2048	98.61
	ResNet101	2048	98.06
	MobileNet	1024	98.33
	InceptionV3	2048	98.33
	InceptionResNetV2	1536	97.22

ในกลุ่ม GI โมเดลสามารถทำนายได้ถูกต้องถึง 119 ตัวอย่าง ซึ่งสะท้อนถึงความสามารถของโมเดลในการระบุสมาชิกกลุ่ม GI ได้อย่างแม่นยำและครบถ้วน อย่างไรก็ตาม ยังมีความผิดพลาดเล็กน้อย 1 ตัวอย่างที่ทำนายผิด ในขณะที่กลุ่ม GII ระบบสามารถจำแนกได้ถูกต้อง 116 ตัวอย่าง แสดงถึงความน่าเชื่อถือของผลลัพธ์เมื่อโมเดลทำนายว่าเป็นกลุ่ม GII และมีค่า Recall ที่ 96.67% ซึ่งหมายความว่ามีความตัวอย่างจริงของกลุ่ม GII ที่ระบบยังไม่สามารถตรวจจับได้

ทั้งหมด แม้ว่า ResNet50 จะสามารถจำแนกกลุ่ม GI และ GII ได้อย่างมีประสิทธิภาพโดยรวม แต่ยังคงพบข้อผิดพลาดบางประการโดยเฉพาะในการจำแนกระหว่างกลุ่ม GI กับ GII ยังพบประเด็นที่ทำนายเนื่องจากลักษณะรูปร่างของกลุ่ม GII ที่มีความไม่แน่นอนของรูปร่างภายในกลุ่ม ซึ่งอาจยังไม่มีข้อมูลที่เด่นชัดเพียงพอสำหรับโมเดลในการแยกแยะอย่างชัดเจน โดยเฉพาะในกรณีที่ลักษณะของกลุ่ม GII ซ้อนทับหรือมีความคล้ายคลึงกับลักษณะบางประการของกลุ่ม GI

Table 4 Performance evaluation of the ResNet50 model for *Acanthamoeba* spp. group classification based on confusion matrix diagonal analysis, including correctly predicted image counts, precision, and recall values.

		Prediction data				Precision (%)	Recall (%)
		GI	GII	GIII	total		
Actual data	GI	119	1	0	120	96.75	99.17
	GII	4	116	0	120	99.15	96.67
	GIII	0	0	120	120	100.00	100.00
	total	123	117	120	360	Accuracy (%): 98.61	

สรุปผลการทดลองและข้อเสนอแนะ

งานวิจัยนี้ได้นำเสนอการพัฒนาระบบคอมพิวเตอร์เพื่อการระบุลักษณะทางสัณฐานวิทยาของ *Acanthamoeba* spp. ระยะซีสต์แบบอัตโนมัติ ด้วยการสกัดคุณลักษณะด้วย

โครงข่ายประสาทเทียมแบบคอนโวลูชัน (CNN) ที่ผ่านการฝึกฝนล่วงหน้า ร่วมกับตัวจำแนกประเภทด้วย SVM ได้อย่างมีประสิทธิภาพ ระบบประกอบด้วย 3 ขั้นตอนหลัก ได้แก่ การประมวลผลภาพเบื้องต้น การสกัดคุณลักษณะเฉพาะด้วย

โครงข่ายประสาทเทียมแบบคอนโวลูชัน (CNN) ที่ผ่านการฝึกฝนล่วงหน้า และการแยกกลุ่มเซลล์ด้วย SVM จากการทดลองสามารถสรุปได้ว่า การสกัดคุณลักษณะด้วยโครงข่ายประสาทเทียมแบบคอนโวลูชัน (CNN) ที่ผ่านการฝึกฝนล่วงหน้า ร่วมกับตัวจำแนกประเภทด้วย SVM สามารถเพิ่มประสิทธิภาพในการจำแนกเซลล์ของ *Acanthamoeba* spp. ได้อย่างมีนัยสำคัญเมื่อเทียบกับวิธีการสกัดคุณลักษณะแบบดั้งเดิม โมเดลที่มีโครงสร้างลึกเช่น ResNet50, ResNet101 และ Xception มีค่าความแม่นยำสูงที่สุด (ประมาณ 98%) สำหรับการจำแนกกลุ่มเซลล์ทั้งสาม (GI, GII, GIII) แสดงถึงความสามารถในการจับและวิเคราะห์ลักษณะทางสัณฐานวิทยาที่ซับซ้อนได้อย่างมีประสิทธิภาพ นอกจากนี้ ผลการวิเคราะห์จากเมทริกซ์สับสน (Confusion Matrix) ใน Table 4 ยังชี้ให้เห็นถึงความถูกต้องของการจำแนก โดยเฉพาะในกลุ่ม GIII ที่สามารถทำนายได้ถูกต้องทั้งหมด ในขณะที่กลุ่ม GI และ GII มีอัตราการทำนายผิดเพียงเล็กน้อย ทั้งนี้จึงสรุปได้ว่าระบบวิเคราะห์ภาพเพื่อการระบุลักษณะทางสัณฐานวิทยาของ *Acanthamoeba* spp. นี้มีศักยภาพในการจำแนกกลุ่มเซลล์สามารถนำไปประยุกต์ใช้เป็นเครื่องมือสนับสนุนการตรวจวินิจฉัยเบื้องต้นสำหรับนักจุลชีววิทยา เพื่อช่วยลดข้อผิดพลาดและภาระงานของผู้เชี่ยวชาญในห้องปฏิบัติการทางคลินิกได้

กิตติกรรมประกาศ

งานวิจัยนี้ได้รับทุนอุดหนุนจากงบประมาณเงินกองทุนส่งเสริมและพัฒนากิจการวิจัยส่วนสะสมของคณะวิศวกรรมศาสตร์ประจำปีงบประมาณ 2565 ผ่านทุนวิจัยเลขที่ 293/2565

เอกสารอ้างอิง

จิตรกุล สุวรรณเจริญ, และ วัชรพงษ์ ศรีชุม. (2017). การสำรวจหอยแครงที่มีพยาธิในแหล่งน้ำธรรมชาติจากชุมชนรอบมหาวิทยาลัยพะเยา จังหวัดพะเยา ประเทศไทย. *วารสารสาธารณสุขศาสตร์*, 47(3), 255–263.

ศรีสุภาภรณ์ ทิวสุวรรณ, และ ภัทธร บุปผัน. (2566). ระบบการเรียนรู้ของเครื่องสำหรับการระบุลักษณะทางสัณฐานวิทยาแบบอัตโนมัติของหอยแครงที่มีพยาธิด้วยภาพจากกล้องจุลทรรศน์. *วารสารวิชาการพระจอมเกล้าพระนครเหนือ*, 33(4), 1–11.

Atasoy, H., & Kutlu, Y. (2025). CNNFET: Convolutional neural network feature extraction tools. *SoftwareX*, 30, Article 102088. <https://doi.org/10.1016/j.softx.2025.102088>

Barata, C., Celebi, M. E., & Marques, J. S. (2019). A survey of feature extraction in dermoscopy image analysis of skin cancer. *IEEE Journal of Biomedical and Health Informatics*, 23, 1096–1109.

Buppan, P., Meeboon, C., Klamsiri, T., Promyuttana, W., Ko-amornsap, W., Kosuwin, R., & Srimee, P. (2018). การสำรวจหอยแครงที่มีพยาธิในตัวอย่างน้ำสวนสาธารณะในประเทศไทย. *วารสารหน่วยวิจัยวิทยาศาสตร์เทคโนโลยีและสิ่งแวดล้อมเพื่อการเรียนรู้ (Journal of Research Unit on Science, Technology and Environment for Learning)*, 9(1), 36–45. <https://doi.org/10.14456/jstetl.2018.4>

Chen, S., Zhao, M., Wu, G., Yao, C., & Zhang, J. (2012). Recent advances in morphological cell image analysis. *Computational and Mathematical Methods in Medicine*, 2012, 1–10.

Chollet, F. (2017). Xception: Deep learning with depthwise separable convolutions. In *Proceedings of the 2017 IEEE Conference on Computer Vision and Pattern Recognition (CVPR)* (pp. 1800–1807). IEEE. <https://doi.org/10.1109/CVPR.2017.195>

Dalal, N., & Triggs, B. (2005). Histograms of oriented gradients for human detection. In *Proceedings of the 2005 IEEE Computer Society Conference on Computer Vision and Pattern Recognition (CVPR'05)* (Vol. 1, pp. 886–893). IEEE.

Deng, J., Dong, W., Socher, R., Li, L.-J., Li, K., & Fei-Fei, L. (2009). ImageNet: A large-scale hierarchical image database. In *Proceedings of the 2009 IEEE Conference on Computer Vision and Pattern Recognition* (pp. 248–255). IEEE.

Furey, T. S., Cristianini, N., Duffy, N., Bednarski, D. W., Schummer, M., & Haussler, D. (2000). Support vector machine classification and validation of cancer tissue samples using microarray expression data. *Bioinformatics*, 16, 906–914.

Haralick, R. M., Shanmugam, K., & Dinstein, I. (1973). Textural features for image classification. *IEEE Transactions on Systems, Man, and Cybernetics*, 3(6), 610–621.

He, K., Zhang, X., Ren, S., & Sun, J. (2016). Deep

- residual learning for image recognition. In *Proceedings of the IEEE Conference on Computer Vision and Pattern Recognition (CVPR)* (pp. 770–778). IEEE.
- Howard, A. G., Zhu, M., Chen, B., Kalenichenko, D., Wang, W., Weyand, T., ... Adam, H. (2017). MobileNets: Efficient convolutional neural networks for mobile vision applications. *arXiv*. <https://arxiv.org/abs/1704.04861>
- Hu, M. K. (1962). Visual pattern recognition by moment invariants. *IRE Transactions on Information Theory*, 8(2), 179–187.
- Jogin, M., Mohana, M. S., Madhulika, G. D., Divya, R. K., Meghana, & Apoorva, S. (2018). Feature extraction using convolution neural networks (CNN) and deep learning. In *Proceedings of the 2018 3rd IEEE International Conference on Recent Trends in Electronics, Information & Communication Technology (RTEICT)* (pp. 2319–2323). IEEE.
- Ojala, T., Pietikäinen, M., & Mäenpää, T. (2002). Multiresolution gray-scale and rotation invariant texture classification with local binary patterns. *IEEE Transactions on Pattern Analysis and Machine Intelligence*, 24(7), 971–987.
- Possamai, C. O., Loss, A. C., Costa, A. O., Falqueto, A., & Furst, C. (2018). *Acanthamoeba* of three morphological groups and distinct genotypes exhibit variable and weakly inter-related physiological properties. *Parasitology Research*, 117, 1389–1400. <https://doi.org/10.1007/s00436-018-5824-8>
- Puls, E. da S., Todescato, M. V., & Carbonera, J. L. (2023). An evaluation of pre-trained models for feature extraction in image classification. *arXiv*. <https://doi.org/10.48550/arXiv.2310.02037>
- Pussard, M., & Pons, R. (1977). Morphologies de la paroi kystique et taxonomie du genre *Acanthamoeba* (Protozoa, Amoebida). *Protistologica*, 13, 557–598.
- Rainio, O., Teuho, J., & Klén, R. (2024). Evaluation metrics and statistical tests for machine learning. *Scientific Reports*, 14, Article 6086. <https://doi.org/10.1038/s41598-024-56706-x>
- Sandler, M., Howard, A., Zhu, M., Zhmoginov, A., & Chen, L.-C. (2018). MobileNetV2: Inverted residuals and linear bottlenecks. In *Proceedings of the IEEE Conference on Computer Vision and Pattern Recognition* (pp. 4510–4520). IEEE.
- Simonyan, K., & Zisserman, A. (2014). Very deep convolutional networks for large-scale image recognition. *arXiv*. <https://doi.org/10.48550/arXiv.1409.1556>
- Sokolova, M., & Lapalme, G. (2009). A systematic analysis of performance measures for classification tasks. *Information Processing & Management*, 45, 427–437.
- Szegedy, C., Vanhoucke, V., Ioffe, S., Shlens, J., & Wojna, Z. (2016). Rethinking the Inception architecture for computer vision. In *Proceedings of the IEEE Conference on Computer Vision and Pattern Recognition (CVPR)* (pp. 2818–2826). IEEE.
- Szegedy, C., Ioffe, S., Vanhoucke, V., & Alemi, A. (2017). Inception-v4, Inception-ResNet, and the impact of residual connections on learning. *Proceedings of the AAAI Conference on Artificial Intelligence*, 31(1).
- Tajbakhsh, N., Shin, J. Y., Gurudu, S. R., Hurst, R. T., Kendall, C. B., Gotway, M. B., & Liang, J. (2017). Convolutional neural networks for medical image analysis: Full training or fine tuning? *arXiv*. <https://arxiv.org/abs/1706.00712>
- Tan, M., & Le, Q. (2019). EfficientNet: Rethinking model scaling for convolutional neural networks. In *Proceedings of the 36th International Conference on Machine Learning (PMLR)* (Vol. 97, pp. 6105–6114). PMLR.