

การพัฒนาเทคนิคการตรวจจับและจำแนกเชื้อราด้วยการเรียนรู้เชิงลึก

DEVELOPMENT OF FUNGI DETECTION AND CLASSIFICATION
TECHNIQUE USING DEEP LEARNING

อนรรักษ์ พรหมโคตร

ดุษฎีนิพนธ์นี้เป็นส่วนหนึ่งของการศึกษาตามหลักสูตร
ปริญญาปรัชญาดุษฎีบัณฑิต สาขาวิชาวิศวกรรมศาสตร์

คณะวิศวกรรมศาสตร์

มหาวิทยาลัยเทคโนโลยีราชมงคลธัญบุรี

ปีการศึกษา 2567

ลิขสิทธิ์ของมหาวิทยาลัยเทคโนโลยีราชมงคลธัญบุรี

การพัฒนาเทคนิคการตรวจจับและจำแนกเชื้อราด้วยการเรียนรู้เชิงลึก

อนุรักษ์ พรหมโคตร

ดุษฎีนิพนธ์นี้เป็นส่วนหนึ่งของการศึกษาตามหลักสูตร
ปริญญาปรัชญาดุษฎีบัณฑิต สาขาวิชาวิศวกรรมศาสตร์

คณะวิศวกรรมศาสตร์

มหาวิทยาลัยเทคโนโลยีราชมงคลธัญบุรี

ปีการศึกษา 2567

ลิขสิทธิ์ของมหาวิทยาลัยเทคโนโลยีราชมงคลธัญบุรี

หัวข้อวิทยานิพนธ์

การพัฒนาเทคนิคการตรวจจับและจำแนกเชื้อราด้วยการเรียนรู้เชิงลึก
Development of Fungi Detection and Classification Technique
Using Deep Learning

ชื่อ - นามสกุล

นายอนุรักษ์ พรหมโคตร

สาขาวิชา

วิศวกรรมศาสตร์

อาจารย์ที่ปรึกษา

รองศาสตราจารย์จักรี ศรีนนท์ฉัตร, Ph.D.

ปีการศึกษา

2567

คณะกรรมการสอบวิทยานิพนธ์

..... ประธานกรรมการ
(รองศาสตราจารย์สมชาติ โชคชัยธรรม, D.Eng.)

..... กรรมการ
(ผู้ช่วยศาสตราจารย์นรเศรษฐ์ วิชัยพาณิชย์, วศ.ด.)

..... กรรมการ
(อาจารย์วิเชียร อุปแก้ว, Ph.D.)

..... กรรมการ
(รองศาสตราจารย์อำนาจ เรืองวารี, D.Eng.)

..... กรรมการ
(รองศาสตราจารย์จักรี ศรีนนท์ฉัตร, Ph.D.)

คณะวิศวกรรมศาสตร์ มหาวิทยาลัยเทคโนโลยีราชมงคลธัญบุรี อนุมัติวิทยานิพนธ์ฉบับนี้เป็น
ส่วนหนึ่งของการศึกษาตามหลักสูตรปริญญาวิทยาศาสตรบัณฑิต

..... คณบดีคณะวิศวกรรมศาสตร์
(รองศาสตราจารย์สรพงษ์ ภาวสุปรีดิ์, Ph.D.)

วันที่ 7 เดือน ตุลาคม พ.ศ. 2567

หัวข้อวิทยานิพนธ์	การพัฒนาเทคนิคการตรวจจับและจำแนกเชื้อราด้วยการเรียนรู้เชิงลึก
ชื่อ – นามสกุล	นายอนุรักษ์ พรหมโคตร
สาขาวิชา	วิศวกรรมศาสตร์
อาจารย์ที่ปรึกษา	รองศาสตราจารย์จักรี ศรีนนท์ฉัตร, Ph.D.
ปีการศึกษา	2567

บทคัดย่อ

การเรียนรู้เชิงลึก (Deep Learning) ในปัจจุบันมีการนำไปใช้ร่วมกับเทคนิคทางการแพทย์ เนื่องจากความสามารถในการสกัดคุณลักษณะที่ซับซ้อนจากข้อมูลขนาดใหญ่ อย่างไรก็ตามการเรียนรู้เชิงลึกยังเผชิญกับความท้าทายหลายประการ เช่น ความต้องการทรัพยากรการประมวลผลและข้อมูลจำนวนมาก ปัญหาการตีความผลลัพธ์ของโมเดลที่ซับซ้อน ดังนั้นวิทยานิพนธ์นี้จึงมุ่งเน้นการพัฒนาโมเดลการเรียนรู้เชิงลึกสำหรับการตรวจจับและจำแนกเชื้อราทางการแพทย์

การศึกษานี้ได้ทำการออกแบบโมเดลโครงข่ายคอนโวลูชัน (Convolutional Neural Network: CNN) ให้ทำงานร่วมกันแบบขนาน (dual-network) ร่วมกับ Spatial Transformer Network (STN) เพื่อช่วยเพิ่มความเสถียรในการสรุปผลทั่วไป นอกจากนี้ โครงข่ายยังได้รับการห่อหุ้มการทำงานร่วมกับ drop block เพื่อคัดกรองข้อมูล และ residual block เพื่อลดปัญหา vanishing gradients ภายใต้ deeper network โมเดลที่ออกแบบนี้ได้ทดลองกับเชื้อรา 5 ชนิด คือ Absidia, Aspergillus, Fusarium, Penicillium และ Rhizopus สุดท้ายโมเดลข้างต้นถูกนำมาวัดประสิทธิภาพในการตรวจจับและจำแนกเชื้อราด้วยเทคนิค Accuracy และ Precision

ผลการฝึกอบรมแสดงให้เห็นถึงประสิทธิภาพสูงสุดที่ร้อยละ 98.30, 98.24 และ 98.97 สำหรับ drop block, STN และ residual block ตามลำดับ ในการจำแนกเชื้อรา พบว่า drop block สามารถจำแนก Absidia, Aspergillus, Fusarium, Penicillium และ Rhizopus โดยมีความถูกต้องร้อยละ 92.89, 93.50, 91.78, 96.61 และ 95.73 ตามลำดับ ในส่วนของ STN สามารถจำแนก Absidia, Aspergillus, Fusarium, Penicillium และ Rhizopus โดยมีความถูกต้องร้อยละ 95.16, 76.96, 89.33, 100.0 และ 77.95 ตามลำดับ และ residual block สามารถจำแนก Absidia, Aspergillus, Fusarium, Penicillium และ Rhizopus โดยมีความถูกต้องร้อยละ 98.91, 82.50, 94.11, 100.0 และ 87.43 ตามลำดับ

คำสำคัญ: การตรวจจับและจำแนกเชื้อรา โครงข่ายคอนโวลูชัน การเรียนรู้เชิงลึก

Dissertation Title	Development of Fungi Detection and Classification Technique Using Deep Learning
Name-Surname	Mr. Anuruk Prommakhot
Program	Engineering
Dissertation Advisor	Associate Professor Jakkree Srinonchat, Ph.D.
Academic Year	2024

ABSTRACT

Deep learning is widely applied in medical techniques because it can extract complex features from large datasets. However, it still faces several challenges, including the need for substantial computing resources and data and difficulties in interpreting complex model results. Therefore, this dissertation focuses on developing deep learning models for detecting and classifying medical fungi.

This study designed a parallel dual-network convolutional neural network (CNN) model incorporating a spatial transformer network (STN) to improve generalization stability. The network was further strengthened by integrating drop blocks to filter data and residual blocks to mitigate vanishing gradients in deeper networks. The model was tested on five fungi species: *Absidia*, *Aspergillus*, *Fusarium*, *Penicillium*, and *Rhizopus*. Finally, accuracy and precision metrics evaluated the model's fungi detection and classification performance.

The training results showed the highest accuracy at 98.30, 98.24, and 98.97% for the drop block, STN, and residual block, respectively. In fungi classification, the drop block achieved precision rates of 92.89, 93.50, 91.78, 96.61, and 95.73% for *Absidia*, *Aspergillus*, *Fusarium*, *Penicillium*, and *Rhizopus*, respectively. The STN classified *Absidia*, *Aspergillus*, *Fusarium*, *Penicillium*, and *Rhizopus* with precision rates of 95.16, 76.96, 89.33, 100.0, and 77.95%, respectively. The residual block achieved 98.91, 82.50, 94.11, 100.0, and 87.43% with precision rates for *Absidia*, *Aspergillus*, *Fusarium*, *Penicillium*, and *Rhizopus*, respectively.

Keywords: fungi detection and classification, convolutional neural network, deep learning

กิตติกรรมประกาศ

ข้าพเจ้าขอกราบขอบพระคุณอาจารย์ที่ปรึกษา รองศาสตราจารย์ ดร. จักรี ศรีนนท์ฉัตร ที่ได้ให้คำแนะนำและแนวทางการวิจัยอันทรงคุณค่า สนับสนุนทุนในการศึกษา และคอยให้กำลังใจในการทำงานวิจัยเล่มนี้จนสำเร็จลุล่วง ขอขอบคุณสำหรับความกรุณาและความเอื้อเฟื้อที่ท่านได้มอบให้ตลอดระยะเวลาที่ผ่านมา อีกทั้งการทำวิจัยและดุษฎีนิพนธ์นี้ได้รับทุนอุดหนุนการทำกิจกรรมส่งเสริมและสนับสนุนการวิจัยและนวัตกรรมจากสำนักงานวิจัยแห่งชาติ ในการทำวิจัยและตีพิมพ์เผยแพร่ ขอขอบคุณมา ณ ที่นี้ นอกจากนี้ขอขอบคุณคณะกรรมการสอบดุษฎีนิพนธ์ทุกท่านที่ได้ให้คำแนะนำและข้อเสนอแนะที่เป็นประโยชน์อย่างยิ่งในการปรับปรุงและพัฒนางานวิจัยนี้ให้มีคุณภาพและความสมบูรณ์มากขึ้น

ข้าพเจ้าขอแสดงความขอบคุณ ดร.สรายุทธ์ แยมประยูร รุ่นพี่ผู้ซึ่งสนับสนุนทุนในการศึกษา และแนวคิดในการดำเนินการวิจัย อีกทั้งพี่น้องและผองเพื่อนนักศึกษาปริญญาโทและเอกทุกท่านในห้องปฏิบัติการและวิจัยทางด้านการประมวลผลสัญญาณ (Signal Processing Research Laboratory) ทุกท่านที่ได้ร่วมแบ่งปันความคิดเห็นและแลกเปลี่ยนประสบการณ์ที่เป็นประโยชน์ต่อการศึกษาและการวิจัยของข้าพเจ้า

สุดท้ายนี้ ข้าพเจ้าขอกราบขอบพระคุณ บิดามารดาและผู้ที่อยู่เบื้องหลังทุกท่าน ที่ได้ให้การสนับสนุนด้านจิตใจ ความรัก และความเข้าใจที่มีค่าอย่างยิ่งในการทำงานวิจัยครั้งนี้ หากปราศจากการสนับสนุนเหล่านี้ ข้าพเจ้าอาจไม่สามารถทำงานชิ้นนี้ให้สำเร็จลุล่วงได้

อนุรักษ์ พรหมโคตร

สารบัญ

	หน้า
บทคัดย่อภาษาไทย.....	(3)
บทคัดย่อภาษาอังกฤษ.....	(4)
กิตติกรรมประกาศ.....	(5)
สารบัญ.....	(6)
สารบัญตาราง.....	(8)
สารบัญรูป.....	(9)
คำอธิบายสัญลักษณ์และคำย่อ.....	(11)
บทที่ 1 บทนำ.....	13
1.1 ความเป็นมาและความสำคัญของปัญหา.....	13
1.2 วัตถุประสงค์ของการศึกษา.....	15
1.3 ขอบเขตของการศึกษา.....	15
1.4 ข้อจำกัดในการวิจัย.....	15
1.5 ประโยชน์ที่คาดว่าจะได้รับ.....	15
บทที่ 2 เอกสารและงานวิจัยที่เกี่ยวข้อง.....	16
2.1 เชื้อรา.....	16
2.2 การเรียนรู้เชิงลึก.....	20
2.3 โครงข่ายคอนโวลูชัน.....	22
2.4 ฟังก์ชันการทำงานและวิธีการเพิ่มประสิทธิภาพ.....	24
2.5 การทดสอบประสิทธิภาพ.....	27
2.6 งานวิจัยที่เกี่ยวข้อง.....	28
บทที่ 3 วิธีดำเนินการวิจัย.....	40
3.1 การจำแนกเชื้อราด้วยเทคนิคการเรียนรู้เชิงลึก.....	40
3.2 เชื้อรา.....	40
3.3 การเตรียมชุดข้อมูล.....	43
3.4 การทดลองด้วยเทคนิคการเรียนรู้เชิงลึก.....	47

สารบัญ (ต่อ)

	หน้า
บทที่ 4 ผลการทดลอง.....	59
4.1 ผลการวิเคราะห์ความแปรผันของชุดข้อมูล.....	59
4.2 ประสิทธิภาพโครงข่ายประสาทแบบหลายชั้น.....	62
4.3 ผลการปรับโครงข่ายคอนโวลูชัน.....	63
4.4 ผลการปรับโครงข่ายคอนโวลูชันร่วมกับการคัดข้อมูล.....	68
4.5 ผลการถ่ายโอนการเรียนรู้.....	76
4.6 ผลการหลอมรวมโครงข่ายคอนโวลูชัน.....	78
4.7 ผลการหลอมรวมการเรียนรู้เชิงลึก.....	82
4.8 ผลการตรวจจับเชื้อรา.....	84
บทที่ 5 สรุปการวิจัยและข้อเสนอแนะ.....	87
5.1 สรุปการวิจัย.....	87
5.2 ข้อเสนอแนะการวิจัย.....	88
บรรณานุกรม.....	89
ภาคผนวก.....	97
ภาคผนวก ก บทความวิจัยที่ได้รับการเผยแพร่.....	98
ประวัติผู้เขียน.....	104

สารบัญตาราง

	หน้า
ตารางที่ 3.1 จำนวนเชื้อราของชุดข้อมูลที่ 2.....	46
ตารางที่ 3.2 จำนวนเชื้อราของชุดข้อมูลที่ 3.....	47
ตารางที่ 3.3 รายละเอียดโครงข่ายประสาทเทียมและพารามิเตอร์ในการทดลอง.....	49
ตารางที่ 3.4 พารามิเตอร์ของการปรับโครงข่ายคอนโวลูชัน.....	50
ตารางที่ 3.5 พารามิเตอร์ของการปรับโครงข่ายคอนโวลูชันร่วมกับการคัดข้อมูล.....	52
ตารางที่ 4.1 ผลการฝึกอบรมโครงข่ายประสาทเทียม.....	63
ตารางที่ 4.2 ผลการฝึกอบรมโครงข่ายคอนโวลูชัน.....	64
ตารางที่ 4.3 ผลการฝึกอบรมการปรับโครงข่ายคอนโวลูชัน.....	65
ตารางที่ 4.4 ผลการปรับโครงข่ายคอนโวลูชันร่วมกับ DO.....	69
ตารางที่ 4.5 ผลการปรับโครงข่ายคอนโวลูชันร่วมกับ SD.....	71
ตารางที่ 4.6 ผลการปรับโครงข่ายคอนโวลูชันร่วมกับ DB.....	72
ตารางที่ 4.7 ผลการเปรียบเทียบประสิทธิภาพการเรียนรู้เชิงลึกร่วมกับการถ่ายโอนการเรียนรู้.....	76
ตารางที่ 4.8 ผลการเปรียบเทียบประสิทธิภาพการหลอมรวมของโครงข่ายคอนโวลูชัน.....	78



สารบัญรูป

	หน้า
รูปที่ 2.1 การกระจายของโรครา.....	16
รูปที่ 2.2 องค์ประกอบและโครงสร้างของเชื้อรา.....	17
รูปที่ 2.3 การทำงานของนิวรอน.....	20
รูปที่ 2.4 การคำนวณย้อนกลับของโครงข่ายประสาท.....	21
รูปที่ 2.5 สถาปัตยกรรมโครงข่ายคอนโวลูชัน.....	22
รูปที่ 2.6 ผลของการสกัดคุณลักษณะในชั้นของการคอนโวลูชัน.....	23
รูปที่ 2.7 ลักษณะของการเชื่อมต่อของ RL.....	25
รูปที่ 2.8 ขั้นตอนการทำงานของ STN.....	26
รูปที่ 2.9 ฐานข้อมูลเชื้อราและโครงข่ายคอนโวลูชัน.....	29
รูปที่ 2.10 ผลของการตรวจจับรบกวนเฉพาะเชื้อและประสิทธิภาพการทดสอบ.....	30
รูปที่ 2.11 ขั้นตอนการประมวลผลและชั้นของโครงข่ายคอนโวลูชัน.....	31
รูปที่ 2.12 อัลกอริทึม Deep bag-of-words สำหรับการวินิจฉัยทางเชื้อรา.....	32
รูปที่ 2.13 โครงข่ายคอนโวลูชันสำหรับจำแนกเชื้อรา.....	32
รูปที่ 2.14 ผลการฝึกอบรมและผลการตรวจจับเชื้อรากับกล้องจุลทรรศน์.....	33
รูปที่ 2.15 ขั้นตอนการทดลองและผลการตรวจจับเชื้อรา.....	34
รูปที่ 2.16 ขั้นตอนการประมวลผลและผลการตรวจจับเชื้อรา.....	35
รูปที่ 2.17 อัตราสูญเสียจากการฝึกอบรมและผลการตรวจจับเชื้อรา.....	36
รูปที่ 2.18 กล้องจุลทรรศน์และผลการตรวจจับเชื้อรา.....	37
รูปที่ 2.19 ขั้นตอนการประมวลผลและโครงข่ายประสาทเทียมหลายชั้น.....	37
รูปที่ 2.20 การจำแนกเชื้อราด้วยการปรับโครงข่ายคอนโวลูชัน.....	38
รูปที่ 3.1 ขั้นตอนการวิจัย.....	40
รูปที่ 3.2 ขั้นตอนการบ่มเพาะเชื้อรา.....	41
รูปที่ 3.3 โคลนนิ่งของเชื้อรา.....	42
รูปที่ 3.4 การเขียนเชื้อรากับงานเพาะเลี้ยงและภาพถ่ายเชื้อรากับกล้องจุลทรรศน์.....	43
รูปที่ 3.5 เชื้อราที่ถูกจัดกลุ่มที่ 1.....	44
รูปที่ 3.6 เชื้อราที่ถูกจัดกลุ่มที่ 2.....	45
รูปที่ 3.7 การทดลองด้วยการเรียนรู้เชิงลึก.....	48

สารบัญรูป (ต่อ)

	หน้า
รูปที่ 3.8 การทดลองด้วยการถ่ายโอนการเรียนรู้.....	53
รูปที่ 3.9 การหลอมรวมของโครงข่ายคอนโวลูชัน.....	55
รูปที่ 3.10 การทดลองด้วยการหลอมรวมเทคนิคการเรียนรู้เชิงลึก.....	57
รูปที่ 3.11 ขั้นตอนการตรวจจับเชื้อรา.....	58
รูปที่ 4.1 การกระจายของชุดข้อมูลที่ 1.....	59
รูปที่ 4.2 การกระจายของชุดข้อมูลที่ 2.....	60
รูปที่ 4.3 การกระจายของชุดข้อมูลที่ 3.....	60
รูปที่ 4.4 Confusion matrix ของ SVM.....	61
รูปที่ 4.5 ผลฝึกอบรมโครงข่ายคอนโวลูชัน (โครงข่าย 1).....	66
รูปที่ 4.6 ผลตรวจจับเชื้อราด้วยโครงข่ายคอนโวลูชัน (โครงข่าย 1).....	67
รูปที่ 4.7 ผลเปรียบเทียบ Feature Map ของโครงข่ายคอนโวลูชัน.....	67
รูปที่ 4.8 ความถูกต้องของการจำแนกเชื้อราของโครงข่ายคอนโวลูชันร่วมกับ DO.....	69
รูปที่ 4.9 ความถูกต้องของการจำแนกเชื้อราของโครงข่ายคอนโวลูชันร่วมกับ SD.....	71
รูปที่ 4.10 ผลเส้นโค้งของการปรับโครงข่ายคอนโวลูชันร่วมกับ DB.....	73
รูปที่ 4.11 ความถูกต้องของการจำแนกเชื้อราของโครงข่ายคอนโวลูชันร่วมกับ DB.....	74
รูปที่ 4.12 ผลเปรียบเทียบ Feature Map ของคอนโวลูชันร่วมกับการคัดข้อมูล.....	75
รูปที่ 4.13 ผลเปรียบเทียบการจำแนกเชื้อราด้วยเทคนิคการเรียนรู้เชิงลึก.....	77
รูปที่ 4.14 ผลเส้นโค้งของการฝึกอบรมการหลอมรวมโครงข่ายคอนโวลูชัน.....	79
รูปที่ 4.15 ความถูกต้องของการจำแนกเชื้อราด้วยการหลอมรวมโครงข่ายคอนโวลูชัน.....	80
รูปที่ 4.16 ลักษณะข้อมูลที่ผ่าน STN และประสิทธิภาพการฝึกอบรมโครงข่าย.....	81
รูปที่ 4.17 ผลเปรียบเทียบประสิทธิภาพการหลอมรวมของเทคนิคการเรียนรู้เชิงลึก.....	83
รูปที่ 4.18 ความถูกต้องของการจำแนกเชื้อราด้วยการหลอมรวมการเรียนรู้เชิงลึก.....	84
รูปที่ 4.19 ลักษณะหรือพื้นที่ๆ คาดว่าเป็นภาพเชื้อรา.....	85
รูปที่ 4.20 ผลการตรวจจับเชื้อราบนภาพจากกล้องจุลทรรศน์.....	85

คำอธิบายสัญลักษณ์และคำย่อ

Abs	Absidia
AF	Activation Function
ANN	Artificial Neural Network
Asp	Aspergillus
BZ	Block Size
Cha	Chaetomium
CUDA	Compute Unified Device Architecture
CNN	Convolutional Neural Network
CO	Convolutional Operator
DT	Decision Tree
DCNN	Deep Convolutional Neural Network
DL	Deep Learning
DF	Drop Feature
DB	DropBlock
DO	Dropout
FN	False Negative
FP	False Positive
FE	Feature Extraction
FM	Feature Map
Fus	Fusarium
GPU	Graphics Processing Unit
IPT	Imprint Plate Technique
KP	Keep Prop
LCB	Lactophenol Cotton Blue
ML	Machine Learning
NN	Nearest Neighbor
Pen	Penicillium

คำอธิบายสัญลักษณ์และคำย่อ (ต่อ)

PDA	Potato Dextrose Agar
ReLU	Rectified Linear Unit
RPN	Region Proposal Network
RL	Residual Layer
Rhi	Rhizopus
SPM	Setting Plate Method
SC	Skip Connection
SD	Spatial Dimension
STN	Spatial Transformer Network
SD	SpatialDropout
SVM	Support Vector Machine
TL	Transfer Learning
TN	True Negative
TP	True Positive
UL	Unsupervised Learning



บทที่ 1

บทนำ

1.1 ความเป็นมาและความสำคัญของปัญหา

การพัฒนาเทคนิคการตรวจจับและจำแนกวัตถุในช่วงแรกต้องเผชิญกับความท้าทายเนื่องจากความซับซ้อนของข้อมูล รูปแบบข้อมูล และกลุ่มข้อมูล แม้ว่าการใช้เทคนิคต่างๆ เช่น ต้นไม้ตัดสินใจ (Decision Tree: DT), การหาค่าที่ใกล้ที่สุด (Nearest Neighbors: NN), ซัพพอร์ตเวกเตอร์แมชชีน (Support Vector Machines: SVM) และโครงข่ายประสาทเทียม (Artificial Neural Network: ANN) เป็นวิธีการคำนวณทางคณิตศาสตร์ที่ช่วยพัฒนากระบวนการให้มีผลลัพธ์ที่ดี แต่ยังคงเผชิญกับปัญหาเกี่ยวกับการเรียนรู้คุณลักษณะที่หลากหลายและซับซ้อน [1]-[4] ต่อมา การเรียนรู้เชิงลึก (Deep Learning: DL) ได้ถูกพัฒนาขึ้น โดยเฉพาะอย่างยิ่งโครงข่ายคอนโวลูชัน (Convolutional Neural Network: CNN) ซึ่งเป็นวิธีที่หลอมรวมขั้นตอนการสกัดคุณลักษณะ (Feature Extraction: FE) และการจำแนก (Classification) ทำให้สามารถแก้ปัญหาการเรียนรู้คุณลักษณะของวัตถุได้อย่างมีประสิทธิภาพ ส่งผลให้การพัฒนามีความก้าวหน้าและถูกนำไปประยุกต์ใช้อย่างแพร่หลาย โดยเฉพาะในการตรวจจับและจำแนกเชื้อราในทางการแพทย์ [5]-[7] ซึ่งได้รับการพิสูจน์แล้วว่าสามารถเพิ่มความแม่นยำและแก้ปัญหาการเรียนรู้คุณลักษณะที่ซับซ้อนของเชื้อราได้อย่างมีประสิทธิภาพ [8]-[17]

ช่วงที่ผ่านมา การพัฒนาการเรียนรู้เชิงลึกสำหรับตรวจจับและจำแนกเชื้อราอาศัยการปรับเปลี่ยนโครงสร้างและวิธีการฝึกอบรมเพื่อเพิ่มประสิทธิภาพ โดยเฉพาะ CNN ที่ได้รับการออกแบบให้มีความลึกเพิ่มขึ้นเพื่อช่วยให้โครงข่ายสามารถรวบรวมคุณลักษณะและเรียนรู้ได้มากยิ่งขึ้น ดังกล่าวเป็นวิธีพื้นฐานในการพัฒนาเพื่อเพิ่มความแม่นยำในการฝึกอบรม เช่น การปรับโครงข่าย CNN ให้มี 10 ชั้น โครงข่ายประกอบด้วยหน้าต่างคอนโวลูชัน 3 ชั้น มีตัวกรองขนาด 5x5 และ 2x2 ทำหน้าที่รวบรวมคุณลักษณะที่แตกต่าง ส่วนท้ายของโครงข่ายใช้ฟังก์ชัน softmax เพื่อรวมค่าผลลัพธ์ของนิวรอนในแต่ละชั้นและกำหนดค่าความน่าจะเป็นของเชื้อรา การทดลองได้รับการปรับอัตราการเรียนรู้แบบอัตโนมัติเพื่อค้นหาความสมดุลระหว่างความเร็วและประสิทธิภาพในการฝึกอบรม [10] การนำโครงข่ายการเรียนรู้เชิงลึกมาใช้ในการถ่ายโอนการเรียนรู้ (Transfer Learning: TL) มาพัฒนาเว็บไซต์สำหรับจำแนกสายพันธุ์เชื้อรา การทดลองมุ่งเน้นความแตกต่างของสีน้ำยาเพาะเชื้อเพื่อแยกลักษณะเด่นของสายพันธุ์เชื้อรา [11] การออกแบบ CNN ให้มีความลึก 6 ชั้น โดยผสานการทำงานร่วมกับเทคนิคมอโฟโลยีเพื่อเพิ่มประสิทธิภาพในการเรียนรู้จากข้อมูลขนาดเล็ก การทดลองใช้วิธี K-fold cross-validation ซึ่งเป็น

การสุ่มแบ่งข้อมูลออกเป็น K กลุ่มที่มีขนาดเท่าๆ กันเพื่อฝึกอบรม วิธีนี้ช่วยคาดเดาค่าความผิดพลาดของโครงข่ายและเพิ่มความแม่นยำในการจำแนก [12] การออกแบบการเรียนรู้เชิงลึกร่วมกับการถ่ายโอนการเรียนรู้ เพื่อช่วยในการฝึกอบรมและจำแนกเชื้อรา [13] การออกแบบให้ SVM บ่งชี้สายพันธุ์เชื้อรา โดย SVM ถูกนำมาทดลองร่วมกับเคอร์เนล RBF C และ γ ซึ่งเป็นเส้นแบ่งกลุ่มข้อมูล ทำงานร่วมกับ AlexNet, DenseNet169, InceptionV3 และ ResNet โดยมี Bag-of-Words ทำหน้าที่รวบรวมคุณลักษณะและจำแนกเชื้อรา การทดลองใช้ K-fold cross-validation ซึ่งเป็นการสุ่มกระจายข้อมูลเท่าๆ กันเพื่อเพิ่มความแม่นยำในการฝึกอบรมและทดสอบ [14] การออกแบบ CNN จำนวน 16 ชั้น ประกอบด้วยชั้นการสกัดคุณลักษณะ ซึ่งมีชั้นคอนโวลูชัน ชั้นตัวกรอง ชั้นการรวบรวมข้อมูล และชั้นการจำแนกซึ่งประยุกต์ใช้โครงข่ายประสาทเทียม องค์ประกอบดังกล่าวทำให้โครงข่ายสามารถเรียนรู้คุณลักษณะที่ซับซ้อนได้ดีขึ้นและช่วยปรับปรุงความแม่นยำในการจำแนกเชื้อรา [15] การออกแบบ Region-based CNN เป็นการออกแบบเพื่อให้โครงข่ายสามารถเลือกพื้นที่ๆ คาดว่าเป็นตำแหน่งเชื้อรา ส่งผลให้โครงข่ายสามารถระบุลักษณะและพื้นที่ของเชื้อราได้อย่างมีประสิทธิภาพ [16] นอกจากนี้ ยังมีการทดลองเพื่อเปรียบเทียบประสิทธิภาพของโครงข่ายการเรียนรู้เชิงลึก โดยใช้ชุดข้อมูลที่ผ่านมาทำ k-fold cross-validation ในการแจกแจงข้อมูลเพื่อฝึกอบรม ส่งผลให้การจำแนกเชื้อรามีความแม่นยำมากขึ้น [17] การศึกษาดังกล่าวเป็นการนำโครงข่ายที่มีอยู่มาปรับปรุงโครงสร้างเพื่อพัฒนาการตรวจจับและจำแนกเชื้อรา แม้ว่าเทคนิคและวิธีการจะมีความก้าวหน้า แต่ยังคงเผชิญกับปัญหาบางประการ เช่น ความหลากหลายของสายพันธุ์ ความคล้ายคลึงกันของลักษณะเชื้อรา และสัญญาณรบกวนในภาพ ซึ่งส่งผลต่อกระบวนการเรียนรู้คุณลักษณะและความแม่นยำในการตรวจจับและจำแนกเชื้อราอย่างมีประสิทธิภาพ

การศึกษานี้เสนอการพัฒนาเทคนิคการเรียนรู้เชิงลึกสำหรับจำแนกเชื้อราที่ก่อให้เกิดโรค วิธีที่เสนอมุ่งเน้นขยายการทำงานของ CNN โดยการปรับพารามิเตอร์เชิงลึก ได้แก่ หน้าต่างการรวบรวมคุณลักษณะ การคัดกรองข้อมูล รวมถึงการออกแบบโครงข่ายให้ทำงานแบบขนาน (Two-Stream Network) เพื่อเพิ่มความสามารถในการรวบรวมคุณลักษณะที่หลากหลาย โครงข่ายยังผสมผสานกับ Spatial Transformer Network (STN) เพื่อจัดการข้อมูลที่มีความแปรผัน พร้อมทั้งผสมผสาน Drop Feature และ Residual layer ในชั้นคอนโวลูชัน เพื่อป้องกันการเรียนรู้เกินและการสูญเสียคุณลักษณะจากชั้นก่อนหน้า โครงข่ายที่เสนอฝึกอบรมโดยการปรับพารามิเตอร์ ได้แก่ อัตราการเรียนรู้ รอบการฝึกอบรม และขนาดข้อมูล เพื่อค้นหาค่าที่เหมาะสมในการเรียนรู้และจัดการกับข้อมูลที่มีความแปรผันสูง ดังกล่าวเป็นการพัฒนาโครงข่ายเพื่อให้สามารถนำไปประยุกต์ใช้งานจริงในห้องปฏิบัติการชีวการแพทย์

1.2 วัตถุประสงค์ของการศึกษา

1.2.1 ศึกษาชนิดของเชื้อรา

1.2.2 ศึกษาโครงสร้างเทคนิคการเรียนรู้เชิงลึก

1.2.3 ศึกษาการพัฒนาเทคนิคการเรียนรู้เชิงลึกสำหรับจำแนกเชื้อรา

1.3 ขอบเขตของการศึกษา

คุณูปนิพนธ์นี้มุ่งเน้นศึกษาและพัฒนาเทคนิคการเรียนรู้เชิงลึกสำหรับจำแนกเชื้อรา โดยนำ spatial transformer network ร่วมกับ convolutional neural network มาพัฒนาเพื่อจำแนกเชื้อราได้ไม่น้อยกว่า 4 สายพันธุ์

1.4 ข้อจำกัดทางการศึกษา

1.4.1 โครงข่ายการเรียนรู้เชิงลึกถูกฝึกอบรมและทดสอบด้วยหน่วยประมวลผลกราฟิก (Graphics Processing Unit: GPU) ซึ่งมีหน่วยความจำ 6 กิกะไบต์ และ 12 กิกะไบต์ โดยมีแพลตฟอร์มสำหรับการประมวลผลแบบขนาน (Compute Unified Device Architecture: CUDA) ที่ 1,280 คอร์ และ 5,888 คอร์

1.4.2 ภาพเชื้อราถูกย้อมสีด้วยแลคโตฟีนอลคอตทอลบลู (Lactophenol Cotton Blue: LCB) และถ่ายภาพด้วยกล้องจุลทรรศน์ที่มีกำลังขยาย 40 เท่า

1.5 ประโยชน์ที่คาดว่าจะได้รับ

1.5.1 เพิ่มประสิทธิภาพการเรียนรู้เชิงลึกสำหรับจำแนกเชื้อรา

1.5.2 เพื่อให้สามารถนำโครงข่ายไปพัฒนาระบบตรวจจับและจำแนกเชื้อราในห้องปฏิบัติการ
ชีวการแพทย์

บทที่ 2

เอกสารและงานวิจัยที่เกี่ยวข้อง

2.1 เชื้อรา

2.1.1 เชื้อราและการเกิดพิษ

เชื้อราที่แพร่กระจายบนร่างกายมนุษย์แบ่งเป็นกลุ่มตามความรุนแรงของอาการติดพิษ ได้แก่

- 1). พิษที่เชื้อราสร้างขึ้น (Toxigenic) เกิดจากการสะสมของพิษปริมาณมาก และปัจจัยที่มีสารกระตุ้นพิษทำให้เกิดการติดเชื้อราในร่างกาย การเติบโตและแพร่กระจายของพิษขึ้นกับภูมิคุ้มกันของบุคคล
- 2). เกิดภูมิคุ้มกันร่างกายบกพร่อง (Allergenic) เกิดจากการแพร่กระจาย และติดเชื้อผ่านการหายใจ พิษรากลุ่มนี้ส่งผลให้เกิดโรคหืด ปอดอักเสบ หรือภูมิคุ้มกัน 3). พิษเชื้อราที่เข้าสู่ผิวหนัง (Invasive) ส่งผลต่อความรุนแรงของพิษจากความลึกของอาการที่เกิดบนผิวหนัง เช่น พิษเชื้อราบนเล็บ โรคกลาก หรือโรคเกลื้อน การวินิจฉัยและการจำแนกอาการติดพิษเชื้อรา นิยมใช้การตรวจโดยตรงด้วยสารโปแตสเซียมไฮดรอกไซด์ การย้อมสีพิเศษ หรือการเพาะเลี้ยงบนวุ้นเพาะเลี้ยง ตัวอย่างการกระจายของโรคติดพิษในรูปที่ 2.1



(ก) การกระจายภายนอกในร่างกายมนุษย์ [18]

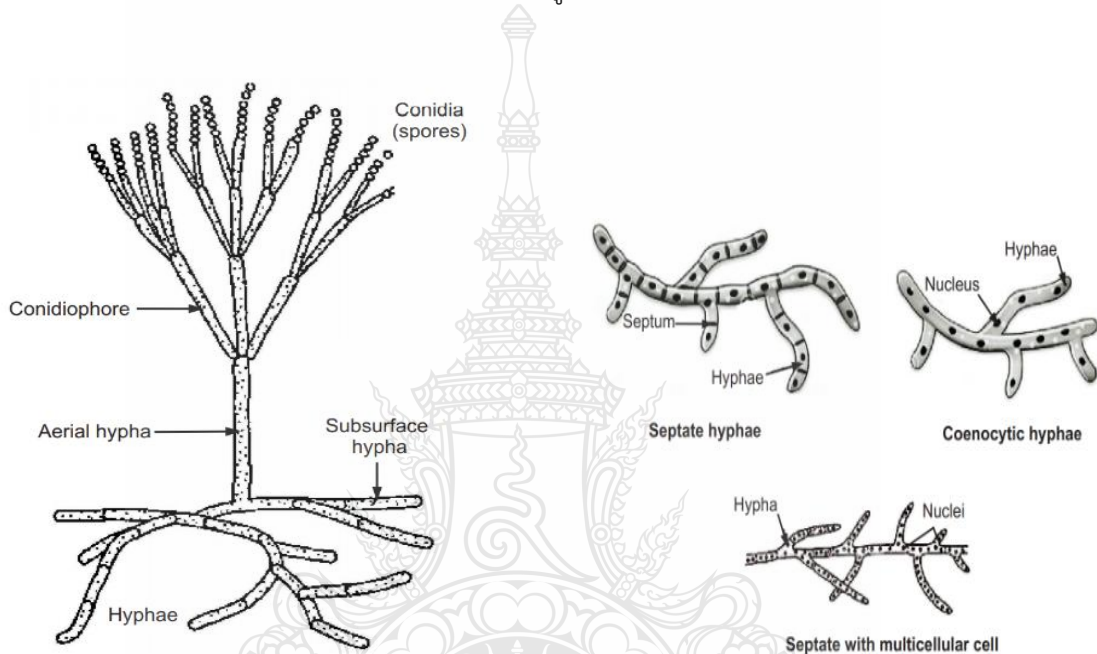


(ข) การกระจายภายในร่างกายมนุษย์ [19]

รูปที่ 2.1 การกระจายของโรครา

2.1.2 ลักษณะของเชื้อรา

ลักษณะของเชื้อรา (Physical Feature) คือคุณลักษณะหรือองค์ประกอบที่อธิบายถึงความแตกต่างทางสายพันธุ์ และเป็นส่วนหนึ่งนำไปสู่การวิเคราะห์เพื่อจำแนก การแพร่กระจาย รวมถึงการเกิดสายพันธุ์ใหม่ องค์ประกอบดังกล่าวเกิดขึ้นและเปลี่ยนแปลงไปตามสภาพแวดล้อมในระหว่างการเติบโตและอาหาร เหล่านี้ยังทำให้เกิดการเปลี่ยนแปลงโครงสร้างพื้นฐานของเชื้อรา เช่น เส้นใย เยื่อหุ้มเซลล์ สปอร์ เป็นต้น แสดงองค์ประกอบของเชื้อราดังรูปที่ 2.2



รูปที่ 2.2 องค์ประกอบและโครงสร้างของเชื้อรา [20]

องค์ประกอบของเชื้อราในรูปที่ 2.2 โดย Conidia (spores) คือสปอร์ที่ถูกสร้างขึ้นที่ปลายสุดของโครงสร้างหรือเรียกว่า conidiophore ซึ่งจะหลุดออกจากต้น และกระจายไปยังสภาพแวดล้อมเพื่อสร้างเชื้อราใหม่ โดยมีเส้นใย (Hyphae) ที่รวมตัวกันเป็นโครงสร้างหลักของร่างกายเชื้อรา ทำหน้าที่ในการเจริญเติบโตและดูดซับอาหาร เส้นใยมีลักษณะที่แตกต่างขึ้นอยู่กับสายพันธุ์ดังนี้:

Conidiophore คือเส้นใยเชื้อราที่ทำหน้าที่เป็นสปอร์ของเชื้อรา โดย conidiophore จะงอกขึ้นไปในอากาศ

Aerial hypha คือเส้นใยเชื้อราที่งอกขึ้นมาเหนือพื้นผิว โดยทำหน้าที่ขยายพันธุ์และแพร่กระจายสปอร์

Subsurface hypha คือเส้นใยเชื้อราที่งอกและเจริญเติบโตอยู่ใต้พื้นผิว โดยทำหน้าที่ในการดูดซับสารอาหารจากสิ่งแวดล้อม

Septate hyphae คือเส้นใยชนิดที่แบ่งผนังภายในที่เรียกว่า Septum โดยจะทำหน้าที่แบ่งเส้นใยออกเป็นเซลล์หลายเซลล์ซึ่งมีนิวเคลียสอยู่ภายใน ลักษณะนี้ช่วยในการควบคุมการไหลเวียนของสารอาหารและสารต่างๆ ภายในเส้นใย

Coenocytic hyphae คือเส้นใยที่ไม่มีการแบ่งผนังภายใน Septum ทำให้ภายในเส้นใยมีลักษณะเป็นช่องว่างต่อกัน และมีหลายๆ นิวเคลียสอยู่ภายใน ซึ่งเป็นเซลล์ที่มีหลายนิวเคลียสอยู่ร่วมกันในเนื้อเยื่อเดียว

Septate with multicellular cell คือเส้นใยชนิดที่มีลักษณะคล้ายกับ Septate hyphae แต่มีการแบ่งผนังที่ละเอียดกว่า ทำให้ภายในเส้นใยมีเซลล์หลายเซลล์ และมีนิวเคลียสหลายตัวต่อหนึ่งเซลล์

2.1.3 เชื้อราที่นำมาศึกษา

2.1.3.1 Chaetomium [21]

Chaetomium หรือ ราเม็ดผักกาด หรือ ราขนดำ เป็นเชื้อราที่พบได้ทั่วไปในสิ่งแวดล้อม เช่น ดิน วัสดุอินทรีย์ที่เน่าเปื่อย และวัสดุที่มีความชื้นสูง เนื่องจากลักษณะของเส้นใยและสปอร์มีสีดำและมีขน หรือเส้นใยปกคลุม โดยเชื้อราชนิดนี้ก่อให้เกิดปัญหาสุขภาพในบางกรณี โดยเฉพาะในผู้ที่มีภูมิคุ้มกันอ่อนแอ ซึ่งการสัมผัสกับสปอร์ของ Chaetomium ทำให้เกิดอาการแพ้หรือปัญหาเกี่ยวกับระบบทางเดินหายใจ

2.1.3.2 Absidia [22]

Absidia หรือ ราเมือก หรือ ราขนสัตว์ เป็นสกุลของเชื้อราที่อยู่ในกลุ่ม Mucorales เชื้อราในสกุลนี้พบได้ทั่วไปในดิน วัสดุอินทรีย์ที่กำลังเน่าเปื่อย และอาหารที่กำลังบูดเน่า เช่น ผลไม้ที่เน่าเสีย ขนมอบที่ขึ้นรา เป็นต้น Absidia จะสร้างสปอร์ในโครงสร้างที่เรียกว่า sporangium ซึ่งเป็นถุงที่อยู่ปลายเส้นใยสปอร์ (sporangiophore) เมื่อ sporangium แตกออก สปอร์จะถูกปล่อยออกมาและแพร่กระจายไปยังสภาพแวดล้อม โดยมี rhizoids ทำหน้าที่ช่วยในการยึดเกาะกับพื้นผิวและดูดซึมสารอาหาร Absidia เป็นหนึ่งในกลุ่มของเชื้อราที่ก่อโรคกับมนุษย์ โดยเฉพาะในผู้ที่มีระบบภูมิคุ้มกันอ่อนแอ การติดเชื้อจากเชื้อราในกลุ่มนี้เรียกว่า Mucormycosis หรือ Zygomycosis ซึ่งเป็นโรคติดเชื้อราที่รุนแรง มักจะส่งผลกระทบต่อระบบทางเดินหายใจ ผิวหนัง และอวัยวะอื่นๆ

2.1.3.3 Aspergillus [23]

Aspergillus หรือ ราดำ หรือ ราเขียว เป็นสกุลเชื้อราที่มีหลายสายพันธุ์ เชื้อราชนิดนี้พบได้ทั่วไปในธรรมชาติ เช่น ใบไม้ ดิน และสิ่งของที่กำลังย่อยสลาย Aspergillus สามารถสร้างสารพิษที่เรียกว่า อะฟลาทอกซิน (Aflatoxin) ซึ่งเป็นสารก่อมะเร็ง และอาจเป็นอันตรายต่อสุขภาพของมนุษย์ บางชนิดยังเป็นสาเหตุของการติดเชื้อในมนุษย์ โดยเฉพาะคนที่มีภูมิคุ้มกันต่ำ และอาจทำให้เกิดปัญหารุนแรงต่อระบบทางเดินหายใจและอวัยวะอื่นๆ

2.1.3.4 Fusarium [24]

Fusarium เป็นเชื้อราที่พบได้ทั่วไปในดินและเป็นสาเหตุของโรคในพืชหลายชนิด เช่น โรคเน่าโคนต้นและโรคเหี่ยว Fusarium จะสร้างสปอร์ที่เรียกว่า macroconidia และ microconidia โดย macroconidia มีลักษณะยาวและโค้งคล้ายรูปพระจันทร์เสี้ยว ส่วน microconidia มีขนาดเล็กและมักอยู่เป็นกลุ่ม Fusarium สามารถสร้างพิษที่เรียกว่า Mycotoxins อาจก่อให้เกิดปัญหาสุขภาพทั้งในคนและสัตว์ที่บริโภคอาหารที่ปนเปื้อนพิษ และอาจเป็นสาเหตุของการติดเชื้อที่เรียกว่า Fusariosis ซึ่งมักเกิดขึ้นในผู้ที่มีภูมิคุ้มกันอ่อนแอ เช่น ผู้ป่วยที่เป็นโรคเบาหวาน หรือผู้ป่วยที่ได้รับการปลูกถ่ายอวัยวะ นอกจากนี้ Fusarium ยังเป็นปัญหาใหญ่ในการเกษตร เพราะทำให้พืชผลเกิดความเสียหาย ลดผลผลิตปนเปื้อนในอาหารสัตว์ และอาหารมนุษย์

2.1.3.5 Penicillium [23, 25]

Penicillium พบได้ทั่วไปในสิ่งแวดล้อม เช่น ในดิน อากาศ และบนอาหารที่เน่าเสีย โดย Penicillium จะสร้างสปอร์ที่เรียกว่า conidia มีลักษณะเป็นกลุ่มที่ปลายเส้นใย (conidiophore) สปอร์เหล่านี้มีลักษณะคล้ายผงแป้งและมีสีต่างๆ เช่น สีเขียว สีฟ้า หรือสีขาว ขึ้นอยู่กับสายพันธุ์ Penicillium จะสร้างสารพิษที่เรียกว่า Mycotoxins เป็นอันตรายต่อสุขภาพหากบริโภคในปริมาณมาก แต่ทว่าเชื้อราในสกุลนี้มีความสำคัญทางเศรษฐกิจและการแพทย์ ถูกนำมาวิจัยเพื่อผลิตยาปฏิชีวนะที่สำคัญ คือ เพนิซิลลิน (Penicillin) โดยเป็นยาที่ใช้รักษาการติดเชื้อแบคทีเรีย และมีบทบาทสำคัญในการปฏิบัติการรักษาโรคติดเชื้อ

2.1.3.6 Rhizopus [26]

Rhizopus หรือ ราขนมปัง หรือ ราเมือกดำ เป็นสกุลของเชื้อราที่พบได้ทั่วไปในดินและบนวัสดุอินทรีย์ที่เน่าเปื่อย เช่น ผลไม้ ผัก และขนมปัง Rhizopus จะสร้างสปอร์ในถุงที่เรียกว่า sporangium

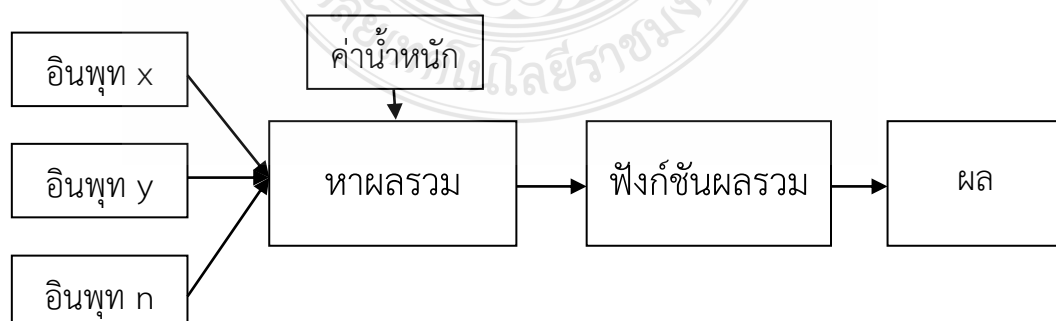
ซึ่งเป็นโครงสร้างที่อยู่ปลายเส้นใยสปอร์ (sporangiophore) เมื่อ sporangium แตกออก สปอร์ที่เกิดขึ้นจะกระจายไปยังสภาพแวดล้อม จะเห็นเป็นเส้นใยสีขาวหรือดำบนพื้นผิว Rhizopus เป็นหนึ่งในเชื้อราที่ก่อให้เกิดโรคในมนุษย์ โดยเฉพาะในผู้ที่มีภูมิคุ้มกันอ่อนแอ โรคที่เกิดจากการติดเชื้อเรียกว่า Mucormycosis อาจส่งผลกระทบต่อระบบทางเดินหายใจ ผิวหนัง และอวัยวะภายใน

2.2 การเรียนรู้เชิงลึก

การเรียนรู้เชิงลึก (Deep Learning: DL) [27] เป็นหนึ่งในฟังก์ชันทางคณิตศาสตร์หรือเทคนิคในงานด้านปัญญาประดิษฐ์ การเรียนรู้เชิงลึกเป็นหน่วยย่อยของการเรียนรู้ของเครื่อง (Machine Learning: ML) และเป็นเทคนิคที่พัฒนามาจากโครงข่ายประสาทเทียม (Neural Network: NN) มีวิธีการทำงานและการเรียนรู้คล้ายสมองมนุษย์ สามารถประมวลผลข้อมูลและสร้างรูปแบบที่แตกต่างในการตัดสินใจ และประยุกต์ใช้ได้ทั้งกับข้อมูลแบบ 1 มิติ 2 มิติ หรือ 3 มิติ การศึกษานี้นำมาพัฒนาเพื่อเพิ่มประสิทธิภาพการตรวจจับและจำแนกเชื้อรา อธิบายการทำงานและองค์ประกอบที่ใช้ในการวิจัยโดยละเอียดไว้ดังนี้

2.2.1 นิวรอน

นิวรอน (Neurons) หรือ โหนด (Node) คือหน่วยหรือเซลล์ประสาทที่ทำหน้าที่เรียนรู้ค่าน้ำหนักของข้อมูลนั้นๆ ควบคู่ไปกับการเปลี่ยนแปลงค่าน้ำหนักเพื่อปรับความยืดหยุ่นในขณะเรียนรู้ระหว่างโหนดแรกและส่งต่อโหนดถัดไป ในแต่ละโหนดจะรับข้อมูลอินพุตที่แตกต่างกัน โดยจะถูกคำนวณร่วมกันด้วยฟังก์ชันการหาผลรวม ผลรวมจะถูกส่งต่อผ่านการเชื่อมถึงระหว่างโหนด แสดงการทำงานดังรูปที่ 2.3 การนำไปใช้งานมีวิธีพื้นฐานโดยการเพิ่มลดจำนวนของโหนดในลำดับชั้น เพื่อเพิ่มความสามารถการคำนวณ หรือออกแบบให้ทำงานร่วมกับเทคนิคอื่นๆ



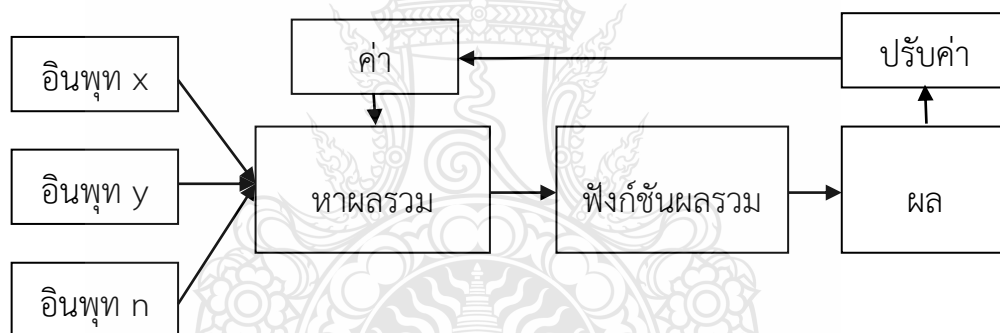
รูปที่ 2.3 การทำงานของนิวรอน

ในรูปที่ 2.3 สามารถหาผลรวมของนิวรอนดังในสมการที่ (2.1), เมื่อ (x) คือข้อมูลอินพุต, (w) คือค่าน้ำหนัก ข้อมูลจะถูกส่งผ่านฟังก์ชันการหาผลรวมหรือฟังก์ชันการกระตุ้นที่รวมกับค่าไบอัส (b) ทำให้ผลลัพธ์ที่ได้เป็นค่าที่ถูกปรับลดความซับซ้อนให้อยู่ในช่วงเข้าใกล้ศูนย์

(2.1)

2.2.2 การคำนวณย้อนกลับ

การคำนวณย้อนกลับ (Backpropagation) เป็นโครงข่ายที่มีการเรียนรู้แบบมีผู้สอน โดยการปรับค่าน้ำหนักและไบอัสเทียบกับเป้าหมายเพื่อให้ได้ผลการเรียนรู้ในแต่ละโหนด โดยมีฟังก์ชันผลรวมเป็นตัวตัดสินใจ ผลของนิวรอนเป็นค่าความผิดพลาดจะถูกนำมาคำนวณใหม่จนกว่าจะได้ผลเทียบเท่าหรือเข้าใกล้เป้าหมาย แสดงการทำงานดังรูปที่ 2.4



รูปที่ 2.4 การคำนวณย้อนกลับของโครงข่ายประสาท

ในรูปที่ 2.4. การทำงานของโครงข่ายประสาทแบบย้อนกลับเป็นการประยุกต์ใช้อนุพันธ์ของฟังก์ชันเพื่อหาผลลัพธ์ของโครงข่ายดังสมการที่ (2.2) โดยคำนวณค่าความชันของความสูญเสีย น้ำหนักในแต่ละโหนดดังสมการที่ (2.3) โดยค่าของน้ำหนัก ที่เชื่อมต่อนิวรอน ในชั้นของ ไปยังนิวรอนในชั้นของ โดยที่ คือเอาพุตของนิวรอน ในชั้นของ , คืออินพุตของนิวรอนในชั้นของ ซึ่งเป็นผลรวมของเอาพุตจากชั้นก่อนหน้าร่วมกับไบอัส (b) , ต่อมาผลรวมของฟังก์ชันนำไปคำนวณหาข้อผิดพลาดของนิวรอน ดังสมการที่ (2.4) ส่งต่อไปเพื่อคำนวณย้อนกลับเพื่อปรับค่านิวรอน ในชั้นของ ไปยังโครงข่าย ดังสมการที่ (2.5) โดยน้ำหนักของนิวรอนจะถูกปรับโดยใช้การเคลื่อน ดังสมการที่ (2.6)

(2.2)

(2.3)

(2.4)

(2.5)

(2.6)

เมื่อ คืออัตราการเรียนรู้ซึ่งสามารถเปลี่ยนแปลงในขณะฝึกอบรม ขั้นตอนการทำงานนี้จะถูกวนซ้ำๆ เพื่อลดค่าการสูญเสียลงในขณะฝึกอบรม

2.3 โครงข่ายคอนโวลูชัน

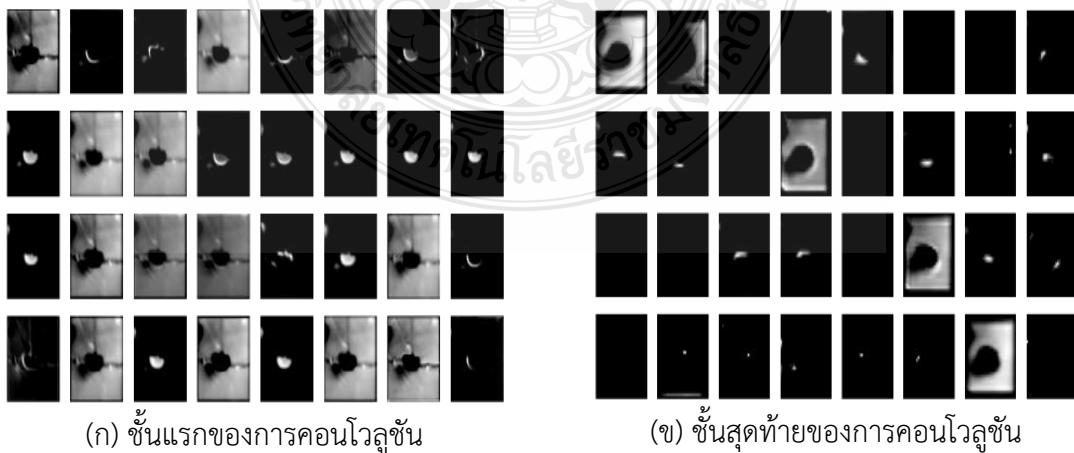
โครงข่ายคอนโวลูชัน (Convolutional Neural Network: CNN) ถูกพัฒนาขึ้นในปี 1980 โดย K. Fukushima [28] โครงข่ายมีองค์ประกอบหลักทั้งหมด 2 ส่วน ได้แก่ ขั้นตอนการสกัดลักษณะ และขั้นตอนการจำแนก การนำมาประยุกต์ใช้จำเป็นต้องวิเคราะห์ลักษณะข้อมูลที่น่ามาทดลอง เพื่อให้เหมาะสมต่อพารามิเตอร์การรวบรวมคุณลักษณะ การฝึกอบรม ประสิทธิภาพการทดสอบ เพื่อลดความเสี่ยงต่อการเรียนรู้ที่ผิดพลาด แสดงสถาปัตยกรรมโครงข่ายคอนโวลูชัน ดังรูปที่ 2.5

รูปที่ 2.5 สถาปัตยกรรมโครงข่ายคอนโวลูชัน [22]

ในรูปที่ 2.5 โครงข่ายประกอบด้วยชั้น Convolution เป็นชั้นที่ใช้ฟิลเตอร์ (หรือ kernel) เลื่อนผ่านภาพอินพุตเพื่อดึงคุณลักษณะต่าง ๆ ออกมา เช่น ขอบ เส้น หรือพื้นผิว ในภาพจะมีการใช้ Convolution หลายชั้นเพื่อสกัดคุณลักษณะที่ซับซ้อน ซึ่งประกอบด้วย C1 feature maps 6@28x28 หมายถึง มีฟีเจอร์แมป 6 แผนที่ ขนาด 28x28 พิกเซล และ C3: f. maps 16@10x10 คือฟีเจอร์แมป 16 แผนที่ ขนาด 10x10 พิกเซล โดยที่ C1 และ C3 มีชั้น Subsampling หรือเรียกอีกชื่อหนึ่งว่า Pooling เป็นชั้นที่ลดความละเอียดของฟีเจอร์ลง โดยทั่วไปจะใช้เทคนิคเช่น Max Pooling หรือ Average Pooling เพื่อลดจำนวนพารามิเตอร์ และยังมี Fully Connected (C5, F6) ทำหน้าที่รวมข้อมูลจากฟีเจอร์แมปทั้งหมดเข้าด้วยกันและส่งไปยังนิวรอนซึ่งเชื่อมถึงกันในลักษณะโครงข่าย โดยโครงข่ายประสาทมีการเชื่อมต่อแบบ Gaussian ทำหน้าที่ปรับค่าน้ำหนักเพื่อลดการเรียนรู้ หรือเพื่อให้การเรียนรู้มีความราบรื่นมากขึ้น โครงข่ายดังกล่าวประยุกต์ใช้ได้กับข้อมูลแบบ 1 มิติ, 2 มิติ และ 3 มิติ มีหลักการทำงานโดยการเทียบตัวกรองไปบนข้อมูล และเลื่อนตำแหน่งไปเรื่อยๆ ทำได้ทั้งในลักษณะแนวแกน X และ แนวแกน Y ทว่า การนำไปพัฒนาโดยเฉพาะในงานการประมวลผลภาพนิยมใช้ในแนวแกน X เรียกว่า ‘การสกัดคุณลักษณะ’ ดังสมการที่ 2.7

$$(I * K)(i, j) = \sum_m^M \sum_n^N I(i-m, j-n) \cdot K(m, n) \quad (2.7)$$

เมื่อ I คือภาพอินพุต, K คือตัวกรอง, (i, j) คือพิกัดของพิกเซลเอาต์พุต และ (m, n) คือขนาดของตัวกรอง จากสมการเรานำชุดข้อมูลมาทดลองร่วมกับสถาปัตยกรรมคอนโวลูชัน ดังรูป 2.5 ผลการดำเนินการคอนโวลูชันของชั้นแรกและชั้นสุดท้าย ดังรูปที่ 2.6



รูปที่ 2.6 ผลของการสกัดคุณลักษณะในชั้นคอนโวลูชัน

2.4 ฟังก์ชันการทำงานและวิธีการเพิ่มประสิทธิภาพ

การเพิ่มความสามารถของการเรียนรู้เชิงลึกให้มีความแม่นยำนั้นสำคัญอย่างมาก ผู้ศึกษาได้รวบรวมฟังก์ชันการทำงาน และเทคนิคที่เพิ่มผลลัพธ์ในขณะเรียนรู้ ร่วมกับตัวดำเนินการของโครงข่ายที่นำมาใช้ในการทดลอง ดังนี้:

2.4.1 SAME Padding

SAME Padding (PD) [29] เป็นเทคนิคที่ช่วยในการรวบรวมคุณลักษณะของ convolutional operator อยู่ภายในโครงข่ายการเรียนรู้เชิงลึก ทำหน้าที่รักษามิติเชิงพื้นที่ของข้อมูลและป้องกันการสูญเสียข้อมูลที่ขอบวัตถุในภาพ ซึ่งเกี่ยวข้องกับการเพิ่มพิกเซลไปบนแถวและคอลัมน์บริเวณรอบขอบวัตถุ ในการศึกษาี้ถูกนำมาใช้เพื่อให้ขนาดของแผนผังคุณลักษณะเอาต์พุตเหมือนกับขนาดอินพุต ทำได้โดยการเพิ่มพิกเซลที่มีค่าเป็นศูนย์รอบๆ วัตถุก่อนการดำเนินการคอนโวลูชันดัง:

$$Output_w = \frac{(I_w + 2p)K_w}{s_w} + 1 \quad (2.8)$$

$$Output_h = \frac{(I_h + 2p)K_h}{s_h} + 1 \quad (2.9)$$

เมื่อ w คือความกว้างของอินพุต, h คือความสูงของอินพุต, I_w, I_h คือจำนวนแถวและคอลัมน์ของภาพที่อินพุต; K_w, K_h คือตัวกรองและขนาดตัวกรอง; s_w, s_h คือความก้าวหน้า (Strides); p คือจำนวนเลเยอร์

2.4.2 DropBlock

DropBlock (DB) [30] เป็นเทคนิคที่คัดคุณลักษณะที่ไม่ต้องการออกจาก convolutional operator มีหลักการทำงานโดยการสุ่มจุดศูนย์กลางของบล็อกจาก spatial dimensions ของ feature map ที่กำหนด และให้สอดคล้องกับ spatial locality ภายใต้การทำงานของ convolutional layer ดังสมการที่ 2.10 เมื่อ BZ คือขนาดบล็อกที่กำหนดไว้เพื่อเป็นคุณลักษณะในการดรอพ, γ คือพารามิเตอร์หรือหน่วยการเปิดใช้งานไปยังคุณลักษณะดรอพ, KP ความน่าจะเป็นที่จะรักษาหน่วยไว้ในการคัดออก การศึกษานี้นำมาทดลองโดยปรับเปลี่ยนการทำงานร่วมกับชั้นการคอนโวลูชันเพื่อคัดคุณลักษณะที่ไม่ต้องการ

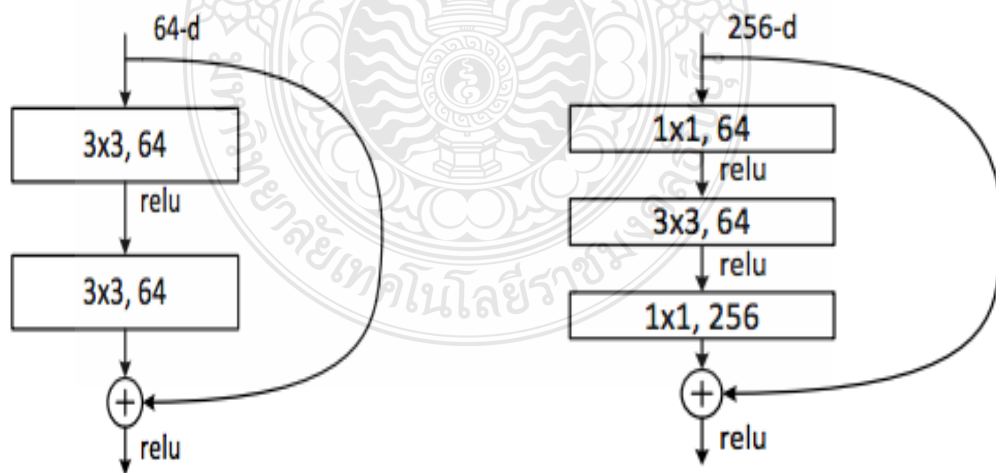
$$\gamma = \frac{1 - KP}{BZ^2} \frac{feat_s^2}{(feat_s - BZ + 1)^2} \quad (2.10)$$

2.4.3 Residual Layer

Residual Layer (RL) [31] มีบทบาทสำคัญในการไล่ระดับของข้อมูลที่หายไปจากการรวบรวม patch ของชั้นการสกัดคุณลักษณะ โดยที่ RL มักถูกล้อมรวมการทำงานให้เป็นส่วนหนึ่งของเครือข่ายเพื่อข้ามบล็อกการเชื่อมต่อ หรือสร้างทางลัดที่เชื่อมโยงโดยตรงระหว่างชั้นต่างๆ บล็อกเหล่านี้ช่วยให้เครือข่ายสามารถเรียนรู้ข้อมูลในระหว่างชั้นได้โดยไม่สูญเสียรายละเอียด ซึ่งข้อได้เปรียบเหล่านี้เป็นเหตุให้ผู้ศึกษานำมาทดลองมีหลักการทำงานดังสมการที่ 2.11

$$y = F(x, \{W_i\}) + x \quad (2.11)$$

เมื่อ x คือเวกเตอร์อินพุตที่ส่งผ่าน residual layer เพื่อหา y , $F(x, \{W_i\})$ คือฟังก์ชันที่คำนวณจากการทำ convolutional operator ใน residual layer โดยที่ $\{W_i\}$ เป็นน้ำหนักในฟังก์ชัน และ x คืออินพุตดั้งเดิมที่ถูกเพิ่มเข้าไป (skip connection) องค์ประกอบดังกล่าวอธิบายการรวมกันของฟังก์ชัน F และอินพุต x แสดงลักษณะของการเชื่อมต่อแบบสองชั้น และการเชื่อมต่อแบบสามชั้นดังในรูปที่ 2.7



(ก) การคำนวณที่หลงเหลือแบบ 2 ชั้น

(ข) การคำนวณที่หลงเหลือแบบ 3 ชั้น

รูปที่ 2.7 ลักษณะของการเชื่อมต่อของ RL [31]

2.4.4 Activation Function

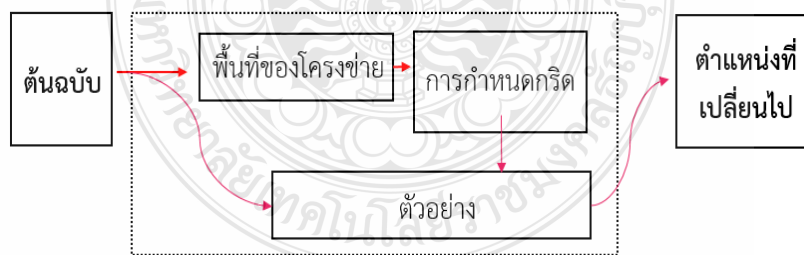
Activation Function (AF) [32] มีบทบาทสำคัญสำหรับการหาผลรวมของการประมวลผลทั้งหมดและพิจารณาว่าจะส่งต่อเป็นเอาพุตเท่าไร การศึกษานี้ใช้ฟังก์ชัน ReLu ที่ทำงานโดยการกำหนดอินพุตเป็นบวก ซึ่งมีผลเป็น 1 เสมอ ส่งผลต่อความเร็วการฝึกอบรม ดังสมการที่ 2.12 และ ใช้ฟังก์ชัน Softmax ที่มีความสามารถในการคำนวณความน่าจะเป็นว่ามีโอกาสถูกต้องที่สุด โดยผลรวมของความน่าจะเป็นทั้งหมดเป็น “1” ฟังก์ชัน softmax จะถูกใช้ในชั้นสุดท้ายสำหรับจำแนก ดังสมการที่ 2.13

$$\text{Re Lu}(x) = \max(0, x) \quad (2.12)$$

$$\text{soft max}(z)_i = \frac{e^{z_i}}{\sum_{j=1}^K e^{z_j}} \quad (2.13)$$

2.4.5 Spatial Transformer Network

Spatial Transformer Network (STN) [33] เป็นโครงข่ายที่เรียนรู้วิธีการแปลงเชิงพื้นที่บนภาพอินพุต และนำพิกัดมาปรับปรุงค่าคงที่ของแบบจำลอง เช่น การปรับขนาด การครอบตัด การหมุน และอื่นๆ ซึ่งช่วยให้โครงข่ายสามารถจัดการข้อมูลที่เปลี่ยนแปลงภายในโครงข่ายได้ โดยกำหนดตัวอย่างของภาพต้นฉบับแล้วแปลงองค์ประกอบของภาพไปตามตำแหน่งที่ต้องการ ซึ่งสามารถแทรกการทำงานได้ทั้งในชั้นอินพุตของโครงข่าย และภายในเลเยอร์ของสถาปัตยกรรมคอนโวลูชัน แสดงการทำงานดังรูปที่ 2.8



รูปที่ 2.8 ขั้นตอนการทำงานของ STN

รูปที่ 2.8 ขั้นตอนและการทำงานของ STN มีองค์ประกอบหลักสามส่วน อธิบายรายละเอียดดังนี้:

1) พื้นที่การแปลง (Localization network) ทำหน้าที่คาดการณ์พารามิเตอร์การแปลงจากภาพอินพุต เมื่ออินพุตถูกป้อนเข้าไปในเครือข่าย โครงข่ายจะทำหน้าที่คาดการณ์ตำแหน่งของเป้าหมาย

ซึ่งทำงานควบคู่ไปกับตัวดำเนินการคอนโวลูชันเพื่อคาดการณ์พิกัด และส่งออกพิกัดเป้าหมายผ่านการแปลง Affine, ดังสมการที่ 2.14 โดยมี θ เป็นองค์การหมุนเพื่อแปลงตำแหน่งพิกเซลเอาต์พุต (x'_i, y'_i) ตามตำแหน่งพิกเซลอินพุตที่สอดคล้องกัน (x_i, y_i) ดังสมการที่ 2.15

$$\theta = \begin{bmatrix} \theta_{11} & \theta_{12} & \theta_{13} \\ \theta_{21} & \theta_{22} & \theta_{23} \end{bmatrix} \quad (2.14)$$

$$\begin{bmatrix} x'_i \\ y'_i \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} \theta_{11} & \theta_{12} & \theta_{13} \\ \theta_{21} & \theta_{22} & \theta_{23} \end{bmatrix} \begin{bmatrix} x_i \\ y_i \\ 1 \end{bmatrix} \quad (2.15)$$

2) กริด (Grid generator) ทำหน้าที่สร้างกริดการสุ่มตัวอย่างตามพารามิเตอร์การแปลงที่ทำนายด้วยพื้นที่การแปลง กริดนี้จะกำหนดตำแหน่งที่จะสุ่มตัวอย่างภาพอินพุต และภาพเอาต์พุตที่แปลงแล้ว หรือสร้างกริดตามพิกัด (x'_i, y'_i) เพื่อจับคู่ภาพที่นำเข้ากับภาพที่ส่งออก

3) ตัวอย่าง (Sampler) เป็นการสร้างผลลัพธ์การแปลงจากภาพอินพุตและการสุ่มตัวอย่าง โดยจับคู่พิกัดภาพต้นฉบับที่นำเข้ากับภาพส่งออกเพื่อระบุจากการสุ่มตัวอย่าง โดยเปลี่ยนแปลงไปตามพิกัดที่กริดสร้างเอาต์พุตที่แปลงแล้ว โดยสอดแทรกการสุ่มตัวอย่างของภาพอินพุตที่พิกัดของกริดสร้างขึ้นด้วยการแก้ไขแบบลิเนียร์ ดังสมการที่ 2.16

$$V(x_i, y_i) = \sum_n \sum_m U(x'_m, y'_m) \max(0, 1 - |x_i - x'_m| \max(0, 1 - |y_i - y'_m|)) \quad (2.16)$$

เมื่อ U คือภาพอินพุต, (x'_m, y'_m) คือพิกัดของภาพอินพุต และ $V(x_i, y_i)$ คือภาพที่ส่งออก

2.5 การทดสอบประสิทธิภาพ

การพัฒนาโครงข่ายการเรียนรู้เชิงลึกต้องอาศัยการวัดประสิทธิภาพและความแม่นยำเพื่อประเมินผลการเรียนรู้ของโครงข่าย งานนี้จึงนำวิธีการวัดประสิทธิภาพหลายรูปแบบมาใช้เพื่อเป็นมาตรฐาน ดังนี้:

Accuracy คือตัวชี้วัดสำหรับประสิทธิภาพการเรียนรู้ของโครงข่าย การศึกษานี้นำมาใช้วัดประสิทธิภาพการฝึกอบรมและการทดสอบ โดยที่ Accuracy คำนวณจากสัดส่วนของการทำนายที่ถูกต้องทั้งหมด (ทั้งในกลุ่มที่เป็นเชิงจริงและไม่เป็นเชิงจริง) เทียบกับจำนวนตัวอย่างทั้งหมดในชุดข้อมูล

เชื้อรา ดังสมการที่ 2.17 เมื่อ True Positive (TP) คือตัวอย่างเชื้อราที่โครงข่ายทำนายถูกต้อง, True Negative (TN) คือตัวอย่างที่ไม่ใช่เชื้อราและโครงข่ายทำนายถูกต้อง, False Positive (FP) ตัวอย่างที่โครงข่ายทำนายผิดว่าเป็นเชื้อรา ทั้งที่จริงแล้วไม่ถูกต้อง และ False Negative (FN) คือตัวอย่างเชื้อราที่โครงข่ายทำนายผิดว่าไม่เป็นเชื้อรา

$$\text{Accuracy} = \frac{TP+TN}{TP+FP+FN+TN} \quad (2.17)$$

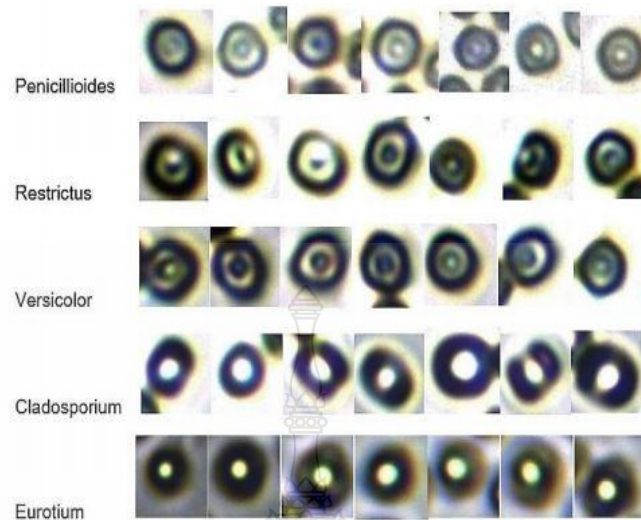
Precision คือความแม่นยำในการจำแนกคลาส ดังสมการที่ 2.18 การศึกษานี้นำมาใช้วัดประสิทธิภาพของการจำแนกเชื้อรา โดยที่ Precision คำนวณผลลัพธ์ของตัวอย่างที่สามารถทำนายได้ว่าเป็นเชื้อราที่ถูกต้อง (TP) เทียบกับจำนวนเชื้อราทั้งหมดที่ทำนายว่าเป็นคลาสของเชื้อรา ซึ่งเป็นผลรวมของการทำนายทั้งที่ถูกต้อง (TP) และตัวอย่างที่โครงข่ายทำนายผิดว่าเป็นเชื้อรา (FP)

$$\text{Precision} = \frac{TP}{TP+FP} \quad (2.18)$$

2.6 งานวิจัยที่เกี่ยวข้อง

การพัฒนาเทคนิคการเรียนรู้เชิงลึกสำหรับการตรวจจับและจำแนกเชื้อราในทางการแพทย์เป็นแนวทางวิจัยใหม่ที่กำลังได้รับการยอมรับอย่างกว้างขวาง ความก้าวหน้านี้ช่วยให้ผู้เชี่ยวชาญสามารถวินิจฉัยโรคติดเชื้อราได้อย่างรวดเร็วและแม่นยำ ดังนั้น ดุษฎีนิพนธ์นี้จึงได้รวบรวมและคัดเลือกบทความที่เกี่ยวข้อง ซึ่งนำเสนอเทคนิค ขั้นตอนการประมวลผล และแนวคิดที่เป็นประโยชน์ต่อการศึกษาดังต่อไปนี้

ใน [10] เสนอ “A Fungus Spores Dataset and a Convolutional Neural Network Based Approach for Fungus Detection” 2018, โดย M. W. Tahir et.al. อธิบายถึงการสร้างฐานข้อมูลที่มีชนิดของเชื้อราในอากาศจำนวน 5 สายพันธุ์: Penicillioides, Restrictus, Versicolor, Cladosporium และ Eurotium ภาพเชื้อราจำนวน 40,800 images เป็นภาพที่ได้จาก Optical Sensor มีระดับการกระจายของแสงแตกต่างกัน ดังรูปที่ 2.9 (ก) ทั้งนี้ ทดลองตรวจจับเชื้อราด้วย CNN ดังรูปที่ 2.9 (ข) โครงข่ายมีองค์ประกอบจำนวน 12 ชั้น ได้แก่ Convolutional จำนวน 3 ชั้น; Max-Pooling จำนวน 3 ชั้น; ReLU จำนวน 3 ชั้น; มีโครงข่ายประสาท 2 ชั้น และประยุกต์ใช้ฟังก์ชันการรวมแบบ LogSoftmax การทดลองปรับค่า Learning rate ที่ 0.01 ถึง 0.00001 ประสิทธิภาพของโครงข่าย CNN มีความแม่นยำร้อยละ 94.8



(ก) ฐานข้อมูลรา 5 ชนิด

TABLE IV
PROPOSED CNN ARCHITECTURE FOR THE FUNGUS DETECTION

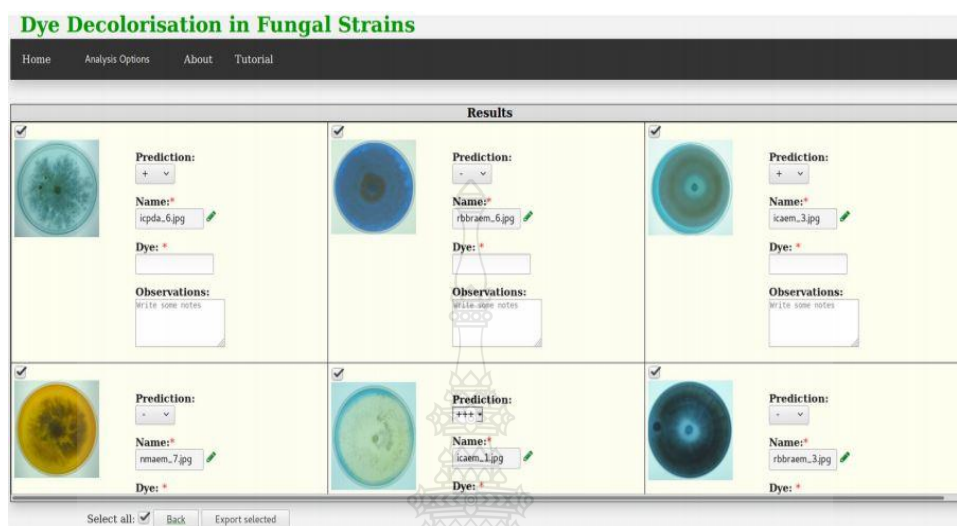
Layer	Type	Filter size	No. of Filters	Output size
0	Input	-	-	76x76x3
1	Conv	5x5x3	32	76x76x32
2	Max-Pool	2x2	32	37x37x32
3	ReLU	-	-	37x37x32
4	Conv	5x5x32	64	19x19x64
5	Max-Pool	2x2	64	9x9x64
6	ReLU	-	-	9x9x64
7	Conv	5x5x64	128	5x5x128
8	Max-Pool	2x2	128	2x2x128
9	ReLU	-	-	2x2x128
10	FC1	1x1x512	512	512
11	FC2	1x1x512	512	512
12	LogSoftmax	-	-	6

(ข) ชั้นของโครงข่ายประสาทเทียมแบบคอนโวลูชัน

รูปที่ 2.9 ฐานข้อมูลเชื้อราและโครงข่ายคอนโวลูชัน [10]

ใน [11] เสนอ “DecoFungi: a web application for automatic characterisation of dye decolorisation in fungal strains” 2018, โดย C. Domínguez et.al. อธิบายถึงการพัฒนา Web application สำหรับคัดแยกประเภทของเชื้อราด้วยลักษณะเด่นจากสีที่ย้อมราบนจานเพาะเชื้อ การจำแนกประเภทใช้ Deep Learning framework ได้แก่ DenseNet , GoogleNet , Inception v3, OverFeat, Resnet 50, VGG16, VGG19, และ Xception และ Library ของ keras และ

Tensoeflow ผลการตรวจจับเชื้อราด้วยสีย้อมรา ดังรูปที่ 2.10 (ก) ทั้งนี้ การทดลองได้นำเทคนิคการจำแนกมาร่วมทดลองได้แก่ ERT, K-NN, LR, MLP, RF, และ SVM ผลการทดลองดังรูปที่ 2.10 (ข)



(ก) ผลของการตรวจจับราจากงานเพาะเชื้อ

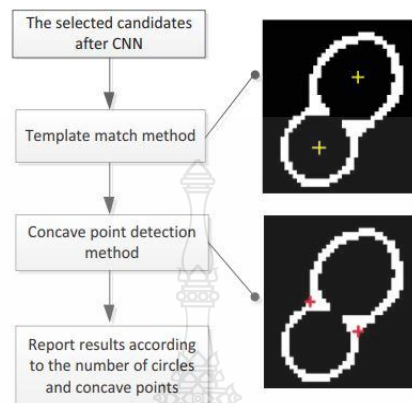
Network	ERT	KNN	LR	MLP	RF	SVM
DenseNet	96.2(2.3)	85.5(4.3)	94.3(2.8)	62.2(18.6)	93.9(2.9)	42.5(4.6)
GoogleNet	92.5(3.1)	88.6(2.5)	92.4(2.8)	92.0(3.1)	88.6(4.2)	95.4(2.2)
Inception v3	93.0(2.7)	87.6(3.1)	95.5(1.6)	94.3(2.1)	86.8(2.0)	46.4(4.8)
OverFeat	87.2(2.4)	82.6(4.5)	92.7(2.1)	92.2(2.6)	82.0(3.5)	93.0(2.4)
Resnet 50	92.6(2.8)	90.1(3.2)	95.2(2.3)	94.7(2.3)	89.6(1.8)	96.5(1.6)
VGG16	95.0(2.0)	86.4(2.3)	94.7(1.7)	92.4(1.7)	89.2(3.5)	33.1(4.3)
VGG19	94.4(1.6)	84.5(2.9)	94.6(2.3)	92.4(2.7)	87.1(2.3)	33.7(4.4)
Xception v1	93.5(2.7)	89.9(4.4)	95.2(2.3)	94.8(1.7)	86.8(3.0)	94.8(1.9)

(ข) ประสิทธิภาพการทดสอบ

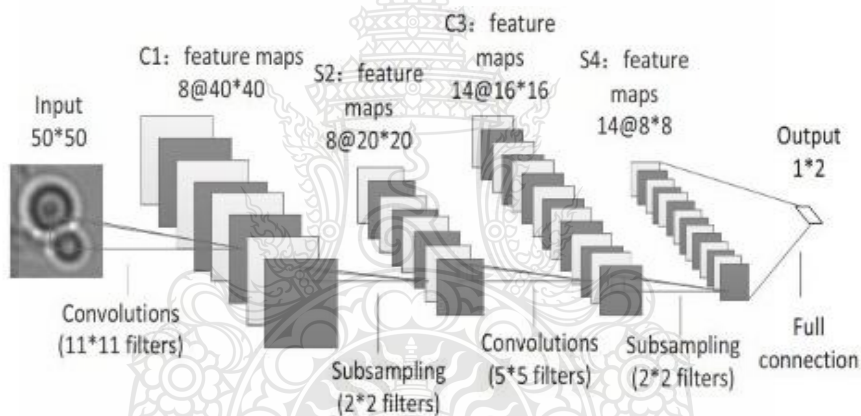
รูปที่ 2.10 ผลของการตรวจจับเชื้อราบนงานเพาะเชื้อและประสิทธิภาพการทดสอบ [11]

ใน [12] เสนอ “Automatic Detection of Fungi in Microscopic Leucorrhea Images Based on Convolutional Neural Network and Morphological Method” 2019, โดย R. Hao et.al. อธิบายถึงเชื้อราที่ส่งผลต่ออาการตกขาว ภาพที่นำมาทดลองได้รับการยืนยันจากแพทย์ผู้เชี่ยวชาญในโรงพยาบาล Chengdu ทั้งยังประยุกต์ใช้เทคนิคการแปลงแบบ Morphological แบบปิดและแบบกัดกร่อนสำหรับการตรวจหาตำแหน่งของเชื้อรา ดังรูปที่ 2.11 (ก) การทดลองประยุกต์ใช้เทคนิคโครงข่ายคอนโวลูชัน โครงข่ายมีองค์ประกอบ 6 เลเยอร์ ประกอบด้วย Input จำนวน 1 เลเยอร์,

convolutional จำนวน 2 เลเยอร์, และ subsampling 2 เลเยอร์ และ full connection layer จำนวน 1 เลเยอร์ ดังรูปที่ 2.11 (ข)



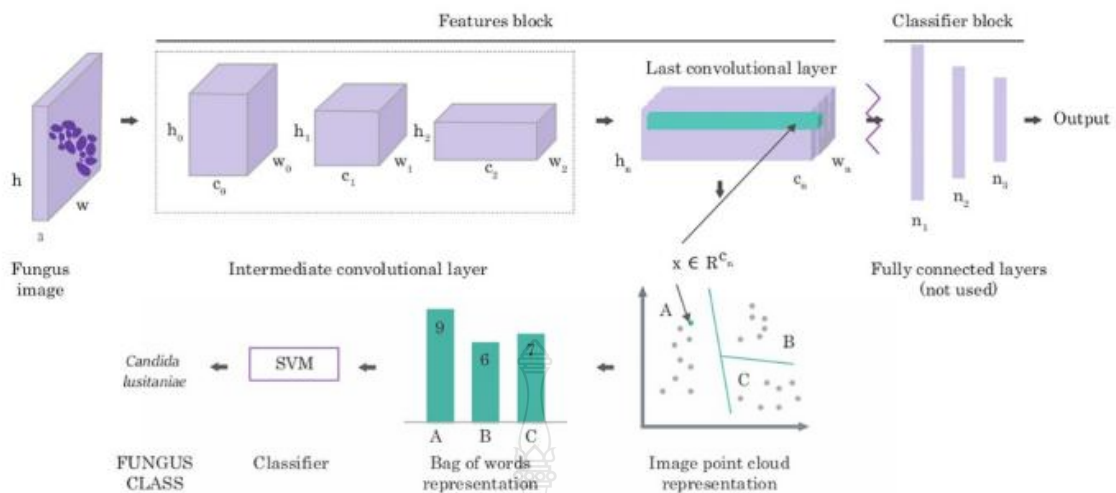
(ก) ขั้นตอนการตรวจจับรา



(ข) โครงข่ายคอนโวลูชันสำหรับตรวจจับเชื้อรา

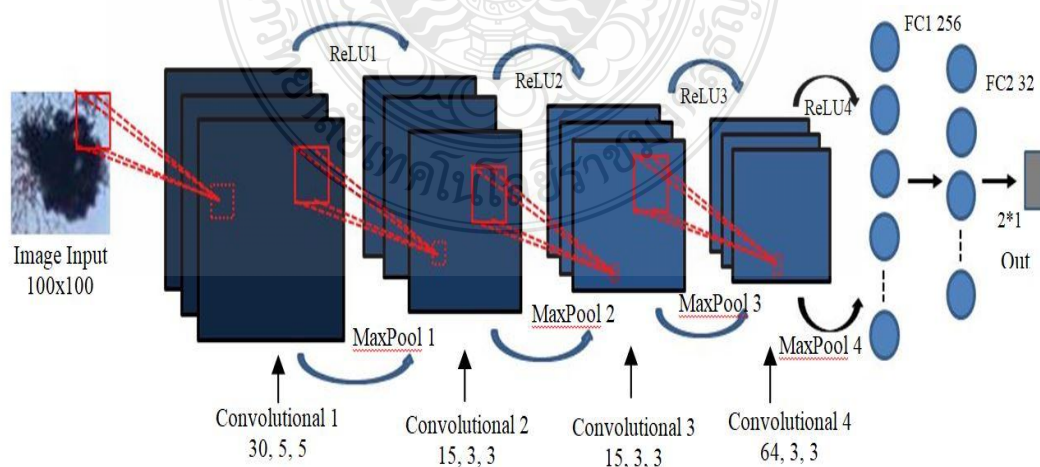
รูปที่ 2.11 ขั้นตอนการประมวลผลและชั้นของโครงข่ายคอนโวลูชัน [12]

ใน [14] เสนอ “Deep learning approach to description and classification of fungi microscopic images” 2019, โดย B. Zieliński et al. บทความนี้ใช้เทคนิคการเรียนรู้เชิงลึก (Deep Learning) เช่น AlexNet, DenseNet169, InceptionV3 และ ResNet มาฝึกอบรม (pre-trained network) ร่วมกับวิธีการ Bag-of-Words โดยที่ Bag-of-Words ทำหน้าที่รวบรวมคุณลักษณะของเชื้อราเข้าด้วยกัน และส่งต่อไปยัง SVM ซึ่งเป็นอัลกอริทึมการจำแนก เพื่อให้สามารถจำแนกสายพันธุ์ของเชื้อราได้อย่างแม่นยำและรวดเร็วมากขึ้น แสดงขั้นตอนทำงานในรูปที่ 2.12

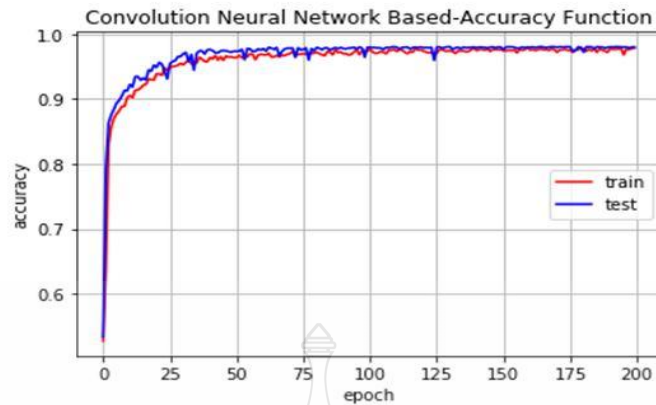


รูปที่ 2.12 อัลกอริทึม Deep bag-of-words สำหรับการวินิจฉัยทางเชื้อรา [14]

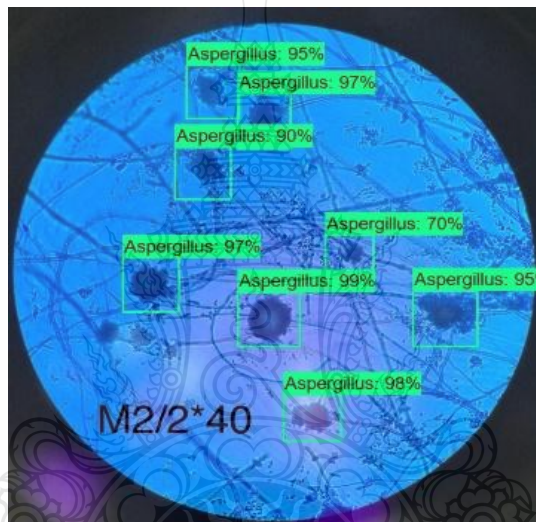
ใน [15] เสนอ “Exploiting convolutional neural network for automatic fungus detection in microscope images” 2020, โดย P. Anuruk et.al. อธิบายถึงการประยุกต์ใช้เทคนิคพื้นฐานการมองเห็นของคอมพิวเตอร์ โดยใช้ระนาบของสีสำหรับการแบ่งส่วนบนภาพจากกล้องจุลทรรศน์ และทำการแบ่งส่วนภาพเชื้อราที่เกิดโรค 2 สายพันธุ์ ต่อมาลดขนาด Resolution โดยการบีบอัดเหลือเพียง 100x100x3 พิกเซล เป็นจำนวน 1,500 ภาพ แบ่งเป็นจำนวนสำหรับฝึกอบรมและทดสอบ ต่อมา ปรับปรุงโครงข่าย LeNet5 ด้วยการขยายลำดับชั้นของการสกัดคุณสมบัติ และชั้นการจำแนก ฟังก์ชัน ReLU, และ Softmax ถูกรวมไว้ให้ทำงานร่วมกับโครงข่ายโดยทำหน้าที่รวบรวมข้อมูล ดังรูปที่ 2.13 ผลการทดลองในรูปที่ 2.14



รูปที่ 2.13 โครงข่ายคอนโวลูชันสำหรับจำแนกเชื้อรา [15]



(ก) ผลของการฝึกอบรม

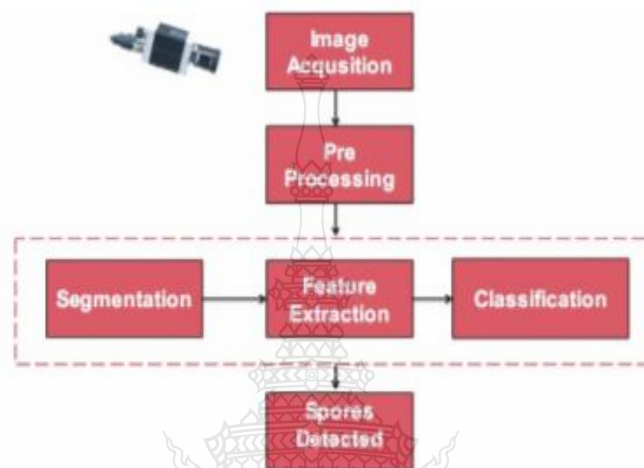


(ข) ผลของการตรวจจับเชื้อรา

รูปที่ 2.14 ผลการฝึกอบรมและผลการตรวจจับเชื้อราบนกล้องจุลทรรศน์ [15]

ใน [34] เสนอ “Fungus Detection System,” 2016, โดย M. W. Tahir et.al. อธิบายถึงระบบการตรวจจับเชื้อราด้วยเทคนิคการประมวลผลภาพ แสดงขั้นตอนการทำงานในรูปที่ 2.15 (ก) กระบวนการเริ่มต้นด้วยการเก็บภาพ (Image Acquisition) จากแหล่งข้อมูล ซึ่งภาพสปอร์ของเชื้อราถูกถ่ายด้วยกล้องจุลทรรศน์ (DFK 72AUC02) ที่กำลังขยาย 50 เท่า ภาพที่ได้ส่งผ่านการประมวลผลเบื้องต้น (Pre Processing) เพื่อปรับปรุงคุณภาพและเตรียมความพร้อมสำหรับการวิเคราะห์ กระบวนการนี้ใช้การกรองภาพด้วยวิธี Median Gaussian และการแบ่งภาพโดยใช้เทคนิค Watershed และ Thresholding จากนั้นภาพจะถูกแบ่งส่วน (Segmentation) เพื่อแยกสปอร์เชื้อราออกจากพื้นหลัง ต่อมาจะทำการสกัดคุณลักษณะ (Feature Extraction) เช่น รูปร่างและสี ขั้นตอนนี้ประยุกต์ใช้โครงข่ายสี HSV เพื่อดึงลักษณะเด่นของเชื้อรา ข้อมูลที่สกัดได้จะถูกใช้ในขั้นตอนการจำแนกประเภท

(Classification) เพื่อระบุชนิดเชื้อราในภาพ เทคนิค Support Vector Machine (SVM) ถูกนำมาใช้ในขั้นตอนนี้ ซึ่ง SVM เป็นวิธีที่ได้รับการยอมรับในการแยกกลุ่มข้อมูลด้วย Hyper Plane และสร้างหน้าต่างเวกเตอร์ให้เหมาะสมกับตัวกรองเพื่อจัดกลุ่มข้อมูล การพัฒนาดังกล่าวดำเนินการด้วย MATLAB Toolbox ผลการทดลองแสดงการตรวจจับเชื้อราในรูปที่ 2.15 (ข)



(ก) ขั้นตอนการประมวลผล

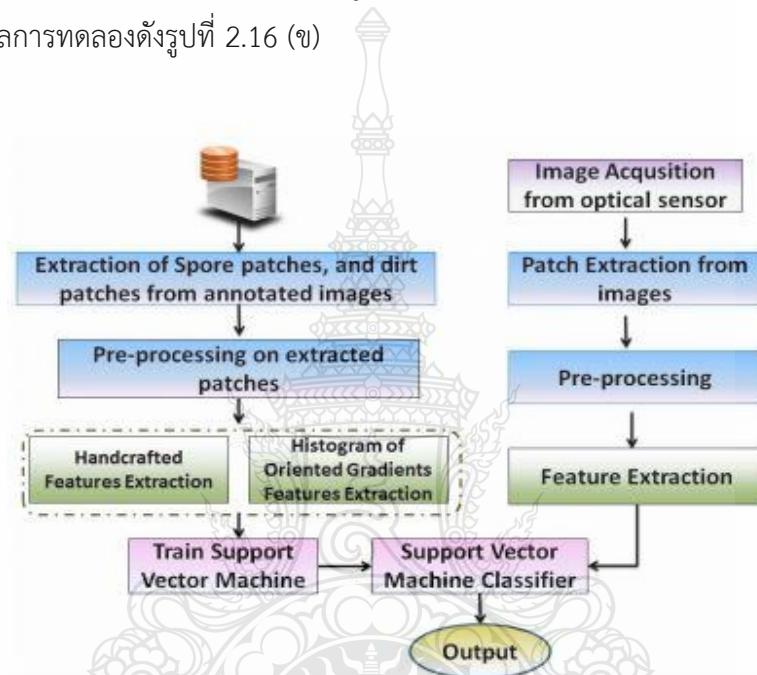


(ข) ผลของการตรวจจับเชื้อรา

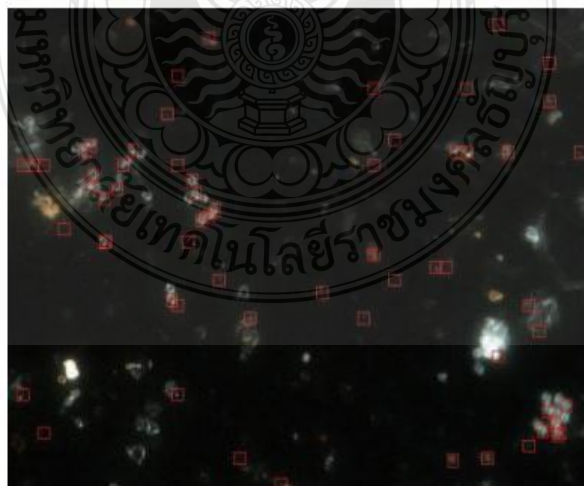
รูปที่ 2.15 ขั้นตอนการทดลองและผลการตรวจจับเชื้อรา [34]

ใน [35] เสนอ "Detection of Fungus through an Optical Sensor System using the Histogram of Oriented Gradients" ในปี 2016 โดย M. W. Tahir et al. อธิบายถึงการพัฒนากระบวนการตรวจจับเชื้อราบนภาพที่ได้จาก Optical Sensor ขั้นตอนการวิจัยดังในรูปที่ 2.16 (ก) กระบวนการเริ่มจากการเก็บภาพด้วยเซ็นเซอร์แสง (Image Acquisition) และสกัดส่วนที่สนใจจากภาพ (Patch

Extraction) หลังจากนั้นภาพจะผ่านการประมวลผลเบื้องต้น (Pre-processing) และทำการสกัดคุณลักษณะ (Feature Extraction) ซึ่งแบ่งออกเป็นสองเส้นทางหลัก ได้แก่ Handcrafted Features Extraction และ Histogram of Oriented Gradients ทั้งสองเทคนิคนี้ช่วยในการแสดงลักษณะโครงสร้างของภาพ การทดลองเปรียบเทียบขนาดเซลล์ $[2 \times 2]$, $[4 \times 4]$, และ $[8 \times 8]$ พร้อมกับการประยุกต์ใช้ Gradients ขนาด 4, 16 และ 64 และ ทดลองด้วยการวัดระดับองศาของ Histogram ตั้งแต่ 0 ถึง 180 องศา คุณลักษณะที่สกัดได้จะถูกใช้ในการตรวจจับเชื้อรา โดยเส้น Hyper Plane ของเทคนิค SVM ผลการทดลองดังรูปที่ 2.16 (ข)



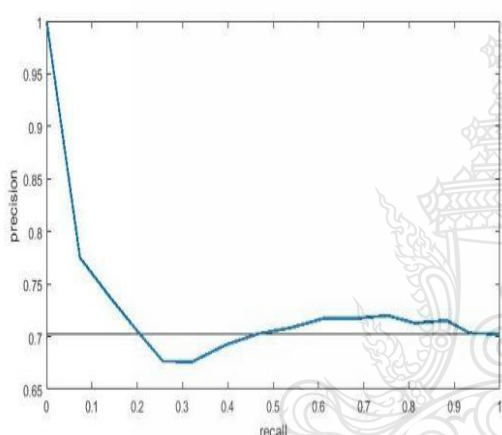
(ก) ขั้นตอนการประมวลผล



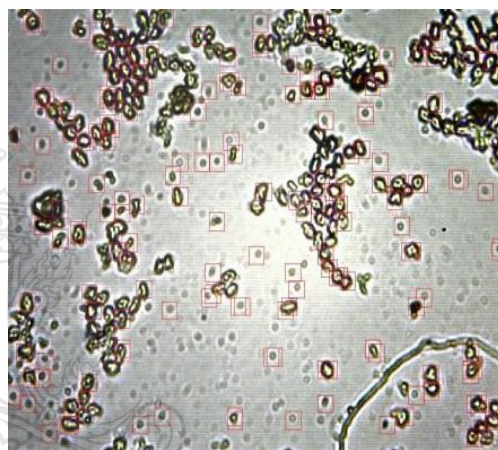
(ข) ผลของการตรวจจับเชื้อรา

รูปที่ 2.16 ขั้นตอนการประมวลผลและผลการตรวจจับเชื้อรา [35]

ใน [36] เสนอ “An Efficient and Simple Embedded System of Fungus Detection System” 2016, โดย M. W. Tahir et.al. อธิบายถึงการพัฒนาาระบบตรวจจับราบนภาพภายใต้กล้องจุลทรรศน์ อาศัยเทคนิคการประมวลผลภาพจาก MATLAB Toolbox ระบบที่ได้รับการพัฒนามีความสามารถควบคุมการขยายโดยไม่โครคอนโทรเลอร์ (Atmel SAM4 Microcontroller) ควบคุมมอเตอร์เคลื่อนที่ของเลนส์กล้อง (DFK 72AUCO2) และใช้ Nikon 40X optical lens ที่มีรูรับแสงของเลนส์ 0.54-0.65 (λ) การตรวจจับเชื้อราถูกประมวลผลโดยเทคนิคการดึงลักษณะเด่น HOG ร่วมกับโครงข่ายสี (HSV) และใช้เทคนิค SVM จำแนกเชื้อรา ผลการฝึกอบรมดังรูปที่ 2.17 (ก) และ ผลการตรวจจับเชื้อราดังรูปที่ 2.17 (ข)



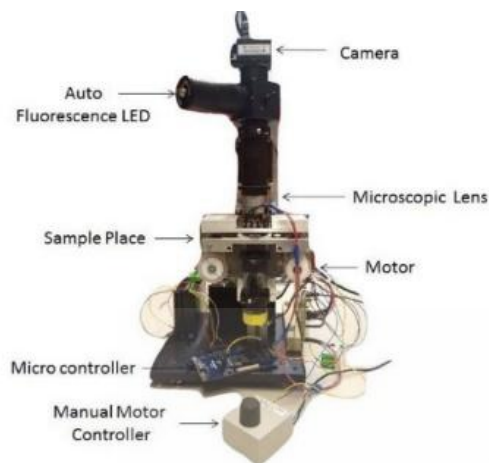
(ก) ผลของประสิทธิภาพของ Precision



(ข) ผลการตรวจจับ

รูปที่ 2.17 อัตราสูญเสียจากการฝึกอบรมและผลการตรวจจับเชื้อรา [36]

ใน [37] เสนอ “Fungus Detection Through Optical Sensor System Using Two Different Kinds of Feature Vectors for the Classification” 2017, โดย M. W. Tahir et.al. อธิบายถึงการพัฒนาาระบบตรวจจับและแยกแยะเชื้อราด้วยลักษณะเด่นสองแบบ ได้แก่ Handcrafted Features ซึ่งประกอบด้วย HSV และ $L^*a^*b^*$ สำหรับการรวบรวมโครงสร้างและขนาดของรา ร่วมกับ HOG โดยใช้ขนาดของเซลล์ [2 2], [4 4] และขนาด [8 8] ในการดึงลักษณะเด่นของเชื้อราบนภาพถ่ายจากกล้องจุลทรรศน์ ดังภาพที่ 2.18 (ก) ภาพที่ใช้ในการทดลองประกอบด้วยภาพถ่ายราที่มีสปอร์กระจายแตกต่างกัน 3 แบบคือ การกระจายขั้นต่ำ (≤ 50), การกระจายระดับกลาง (> 50 แต่ ≤ 100) และภาพที่มีความหนาแน่นของสปอร์ (> 100) แสดงผลการตรวจจับเชื้อราดังภาพที่ 2.18 (ข)



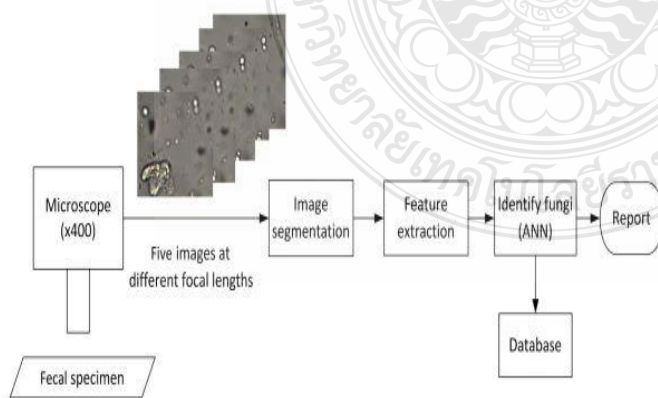
(ก) Optical Sensor



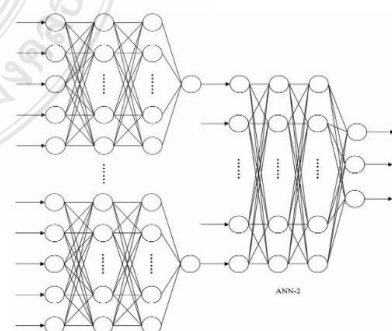
(ข) ผลของการตรวจจับเชื้อรา

รูปที่ 2.18 กล้องจุลทรรศน์และผลการตรวจจับเชื้อรา [37]

ใน [38] เสนอ “Automatic identification of fungi under complex microscopic fecal images” 2015, โดย J. Zhang et.al. อธิบายถึงการประยุกต์ใช้โครงข่ายประสาทเทียมสำหรับการบ่งชี้เชื้อราที่อยู่ในอุจระชนภาพจากกล้องจุลทรรศน์ มีขั้นตอนการประมวลผลดังรูปที่ 2.19 (ก) โดยที่เทคนิคการแปลงแบบ Botton-hat ทำหน้าที่ปรับปรุงภาพและหาลักษณะเด่นของเชื้อรา จากนั้นใช้การแปลงด้วย Ots’u Threshold และ Morphology รวมถึงการตรวจหาวัตถุที่เป็นวงกลมภายในภาพ เพื่อแบ่งวัตถุบนภาพออกจากภาพต้นแบบ จากนั้นใช้โครงข่ายประสาทเทียมแบบหลายชั้นร่วมกันจำนวนสองโครงข่าย แต่ละโครงข่ายมีจำนวน 10 ชั้น แสดงการเชื่อมต่อของโครงข่ายดังรูปที่ 2.19 (ข) ผลการฝึกอบรมมีความแม่นยำร้อยละ 93.6 และสามารถประมวลผลด้วยความเร็ว 1.68 วินาทีต่อ 1 ภาพ



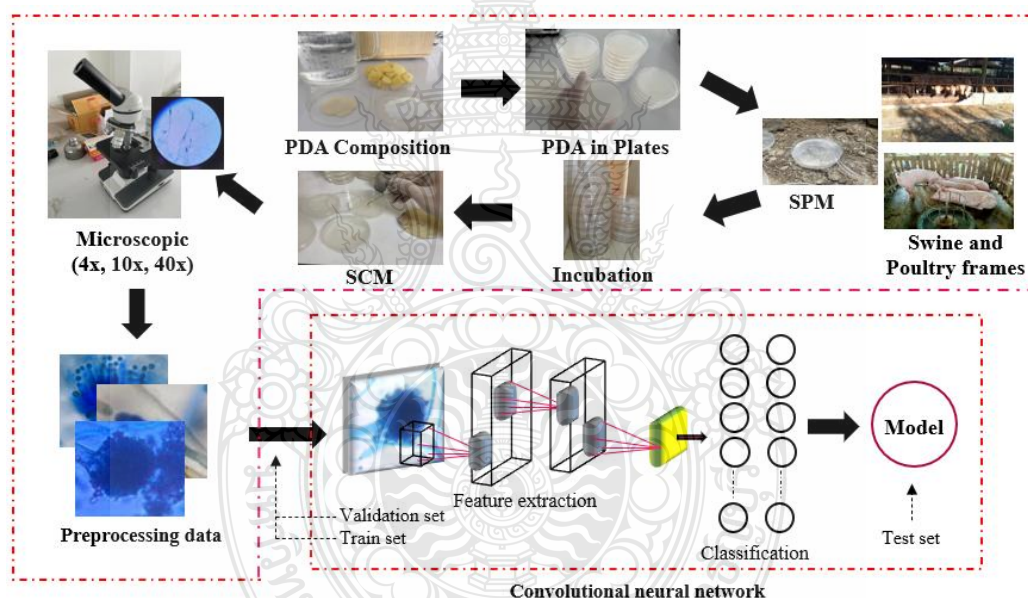
(ก) ขั้นตอนการประมวลผล



(ข) โครงข่ายประสาทเทียมแบบหลายชั้น

รูปที่ 2.19 ขั้นตอนการประมวลผลและโครงข่ายประสาทเทียมหลายชั้น [38]

ใน [39] เสนอ “Scaled Dilation of DropBlock Optimization in Convolutional neural network” 2019, โดย P. Anuruk, et.al. อธิบายถึงการพัฒนาเทคนิคการเรียนรู้เชิงลึกคอนโวลูชันแบบใหม่ สำหรับการประยุกต์ใช้เพื่อจำแนกเชื้อราจากกล้องจุลทรรศน์ ทดลองด้วยการเพาะเชื้อราที่เกิดโรคจำนวน 5 สายพันธุ์ ได้แก่ Aspergillus, Absidia, Fusarium, Penicillium และ Rhizopus สังเคราะห์ภาพด้วยเทคนิคการประมวลผลภาพ (การหมุน การเอียง และการเอียง) ภาพถ่ายถูกปรับขนาด 100×100×3 พิกเซล ทดลองโดยการปรับเปลี่ยนพารามิเตอร์ของโครงข่าย CNN ร่วมกับ DropBlock เพื่อเพิ่มประสิทธิภาพการคัดข้อมูลของโครงข่าย ผลการทดลองเปรียบเทียบกับ Deep Learning ที่ได้รับความนิยม ผลมีประสิทธิภาพเหนือกว่าวิธีการก่อนหน้านี้ เนื่องจากการดึงลักษณะเด่นแบบเดิมมีการคำนวณ patch ของข้อมูลมากเกินไป ส่งผลให้ประสิทธิภาพด้อยกว่าวิธีดังกล่าว แสดงขั้นตอนการจำแนกเชื้อราดังรูปที่ 2.20



รูปที่ 2.20 การจำแนกเชื้อราด้วยการปรับโครงข่ายคอนโวลูชัน [39]

งานวิจัยก่อนหน้านี้ได้ศึกษาและพัฒนาโครงข่ายประสาทเทียมในหลายแนวทาง เช่น การปรับเปลี่ยนข้อมูลภาพเชิงพื้นที่ การสร้างคุณลักษณะเฉพาะ การเพิ่มหรือลดความลึกของโครงข่าย และการหลอมรวมเทคนิคอื่นๆ ไปบนขั้นตอนการสกัดคุณลักษณะ เพื่อให้โครงข่ายเรียนรู้และฝึกอบรมได้ดีขึ้น แม้ว่าแนวทางเหล่านี้จะมีความก้าวหน้า แต่ยังคงเผชิญกับปัญหาจากการเปลี่ยนแปลงเชิงพื้นที่และความแปรผันของข้อมูล เพื่อตอบโจทยปัญหาดังกล่าว ดุษฎีนิพนธ์นี้ได้นำเทคนิคการเรียนรู้เชิงลึกมาพัฒนาเพื่อเพิ่มประสิทธิภาพในจำแนก โดยมุ่งเน้นการออกแบบ CNN ร่วมกับ STN โดยการออกแบบให้ทำงาน

ร่วมกันในรูปแบบ two-stream network เพื่อรับมือกับการเปลี่ยนแปลงเชิงพื้นที่ของคุณลักษณะที่หลากหลาย ซึ่งช่วยเพิ่มความสามารถในการ generalize ของโครงข่ายเมื่อต้องเรียนรู้ข้อมูลที่มีความแปรผัน นอกจากนี้ โครงข่ายยังถูกรวมเข้ากับเทคนิค drop feature เพื่อคัดกรองข้อมูล และ residual blocks เพื่อลดปัญหา vanishing gradients ภายใต้อ deeper network โดยข้อมูลเชื้อราที่นำมาทดลองเป็นสายพันธุ์ที่ก่อให้เกิดโรค 6 สายพันธุ์ ได้แก่ Chaetomium, Aspergillus, Absidia, Fusarium, Penicillium และ Rhizopus ซึ่งมีคุณลักษณะที่เปลี่ยนแปลงตามการเจริญเติบโต ทำให้ยากต่อการจำแนก

ดังที่กล่าวมา ผู้ศึกษาคาดหวังว่าผลลัพธ์ที่ได้จะช่วยพัฒนาเทคนิคการจำแนกเชื้อราให้มีประสิทธิภาพดียิ่งขึ้น และเป็นแนวทางในการพัฒนาเพื่อวินิจฉัยโรคติดเชื้อราในระยะเริ่มต้น

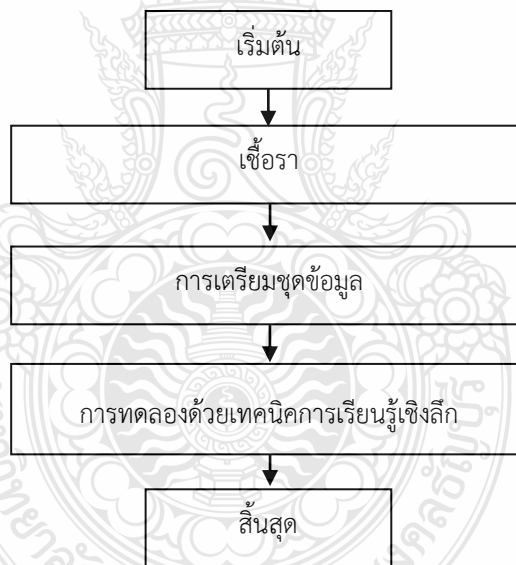


บทที่ 3

วิธีดำเนินการวิจัย

3.1 การจำแนกเชื้อราด้วยเทคนิคการเรียนรู้เชิงลึก

การศึกษานี้เสนอการพัฒนาเทคนิคการเรียนรู้เชิงลึกสำหรับจำแนกเชื้อรา ดังรูปที่ 3.1 วิธีดังเสนอแบ่งขั้นตอนการวิจัยออกเป็น 3 ขั้นตอน ได้แก่ 1) เชื้อรา ในส่วนนี้อธิบายถึงการเข้าถึงข้อมูลเชื้อรา และการนำเทคนิคและอุปกรณ์ชีวการแพทย์มาเพาะเลี้ยงเชื้อรา แยกโคลนเชื้อรา และการถ่ายภาพเชื้อราด้วยกล้องจุลทรรศน์เพื่อบันทึกข้อมูลภาพ 2) การเตรียมชุดข้อมูล ในส่วนนี้อธิบายถึงการสังเคราะห์ภาพเชื้อรา และแบ่งกลุ่มข้อมูลเพื่อฝึกอบรม ตรวจสอบ และทดสอบ 3) การทดลองด้วยเทคนิคการเรียนรู้เชิงลึก ในส่วนนี้อธิบายถึงการปรับเปลี่ยนโครงสร้างการทำงานของโครงข่าย พารามิเตอร์ การหลอมรวมการทำงาน และการเปรียบเทียบประสิทธิภาพการทดลอง อธิบายไว้โดยละเอียดดังนี้



รูปที่ 3.1 ขั้นตอนการวิจัย

3.2 เชื้อรา

3.2.1 การเพาะเลี้ยงเชื้อรา

การทดลองนี้มุ่งเน้นไปยังเชื้อราที่กระจายอยู่บริเวณฟาร์มหมูและฟาร์มวัว ทดลองด้วยการนำอาหารเลี้ยงเชื้อรา (Potato dextrose agar: PDA) ดังรูปที่ 3.2 (ก) โดย PDA ที่ถูกนำมาใช้เป็นอาหาร

เลี้ยงเชื้อประกอบด้วยมันฝรั่งและน้ำตาลเดกโทรส นิยมใช้มากสำหรับการเลี้ยงเชื้อราและแบคทีเรียที่ก่อให้เกิดโรค ผู้ศึกษาประยุกต์ใช้เทคนิค Setting Plate Method (SPM) เป็นการนำจานเพาะเชื้อที่มี PDA วางบนดินในลักษณะเปิดฝาไว้ จำนวน 50 ตัวอย่าง เป็นเวลา 1 ชั่วโมง ดังรูปที่ 3.2 (ข) นอกจากนี้ยังประยุกต์ใช้เทคนิค Imprint Plate Technique (IPT) เป็นการนำจานเพาะเชื้อที่มี PDA กดลงบนพื้นผิวที่ต้องการทดสอบ เป็นเวลา 5 วินาที จำนวน 10 ตัวอย่าง เพื่อให้เชื้อราที่อยู่บนผิวดินติดอาหารเลี้ยงเชื้อ จากนั้นนำจานเพาะเชื้อมาบ่มเพาะเป็นเวลา 4 ถึง 6 วัน ดังรูปที่ 3.2 (ค)



(ก) อาหารเพาะเชื้อ PDA



(ข) การวางจานเพาะบริเวณฟาร์ม



(ค) การบ่มเชื้อรา

รูปที่ 3.2 ขั้นตอนการบ่มเพาะเชื้อรา

3.2.2 โคโลนีของเชื้อราและการแยกโคโลนี

ผลการบ่มเพาะดังรูปที่ 3.3 จะสามารถสังเกตลักษณะเด่นของสี เส้นใย และการกระจายตัวของโคโลนีบนจานเพาะเชื้อ ต่อมา โคโลนีจะถูกนำมาแยกออกเพื่อตรวจสอบเพิ่มเติม หรือขยายการเติบโตของเชื้อด้วยวิธี Slide Culture โดยทำการตัดโคโลนีบางส่วนจากจานเพาะเชื้อและนำไปวางบนอาหารเลี้ยงเชื้อ PDA ที่เตรียมไว้ วิธีนี้ช่วยในการสังเกตการเจริญเติบโตของเชื้อรา ซึ่งทำให้เห็นโครงสร้างเส้นใย (mycelium) และสปอร์ของเชื้อราได้ชัดเจนมากขึ้น กระบวนการนี้ยังช่วยให้เชื้อรามีการกระจายตัวและเจริญเติบโตได้อย่างเป็นธรรมชาติ ต่อมา บ่มเพาะเชื้อราเพิ่มเติมด้วยการควบคุมสภาพแวดล้อมให้อยู่ที่อุณหภูมิ 28-32 องศาเซลเซียส (อุณหภูมิห้อง) ใช้ระยะเวลาบ่มเพาะเป็นเวลา 4 ถึง 6 วัน ในระหว่างการบ่มเพาะการเจริญเติบโตของเส้นใยจะเกิดขึ้นจากการที่เชื้อราดูดซับสารอาหารที่เตรียมไว้ใน PDA ทำให้เส้นใยแพร่กระจายและทำให้โคโลนีของเชื้อราเด่นชัดขึ้น



รูปที่ 3.3 โคโลนีของเชื้อรา

รูปที่ 3.3 เมื่อสังเกตลักษณะพื้นผิวของโคโลนี (Texture) เห็นได้ว่าพื้นผิวฟู หรือแสดงลักษณะเส้นใยคล้ายปุยฝ้าย (cotton-like) ทั้งยังสังเกตเห็นตรงกลางของจานเพาะเลี้ยงมีเส้นใยของเชื้อรา (mycelium) ซึ่งกระจายและเติบโตขึ้นบนอากาศ (aerial mycelium) ทั้งยังปรากฏเห็นโคโลนีสีขาว มีบริเวณโดยรอบที่เป็นสีเขียวหรือเทา คุณลักษณะเหล่านี้พบบ่อยในเชื้อราสายพันธุ์ *Aspergillus* และ *Penicillium* สีที่เกิดขึ้นนี้อาจแตกต่างกันไปขึ้นอยู่กับชนิดของเชื้อราและระยะการเติบโต นอกจากนี้ โคโลนีมีการขยายตัวเป็นรูปวงกลมจากจุดศูนย์กลาง ซึ่งเป็นลักษณะเฉพาะของเชื้อราชนิดเส้นใย (filamentous fungi) การขยายตัวเช่นนี้เป็นผลมาจากการใช้สารอาหารจาก Medium ที่เชื้อราเติบโต

3.2.3 เชื้อราบนกล้องจุลทรรศน์

ในรูปที่ 3.4 (ก) หลังจากเพาะเชื้อราจนโคโลนีเจริญเติบโตแล้ว เชื้อราจะถูกเขี่ยลงบนกระจกและย้อมสีด้วย Lactophenol Cotton Blue (LCB) เพื่อแสดงให้เห็นถึงโครงสร้างและองค์ประกอบของเชื้อราได้ชัดเจน ดังรูปที่ 3.4 (ก) เนื่องจาก LCB เป็นสารถย้อมสีที่มีคุณสมบัติช่วยให้มองเห็นเชื้อราได้ดีภายใต้กล้องจุลทรรศน์ ตัวอย่างของเชื้อราที่ถูกนำไปวางในสารละลาย LCB จะถูกสังเกตุภายใต้กล้องจุลทรรศน์ ลำดับต่อมา ในรูปที่ 3.4 (ข) เป็นผลของการสังเกตุเชื้อราผ่านกล้องจุลทรรศน์ที่มีกำลังขยาย 40 เท่า ภาพเชื้อราแสดงให้เห็นเส้นใยที่เด่นชัด การศึกษานี้ นำภาพเชื้อราที่ได้จากการเพาะเชื้อและมองผ่านกล้องจุลทรรศน์มาจัดกลุ่มเพื่อนำไปพัฒนาชุดข้อมูลในการฝึกอบรมและทดสอบ

(ก) การเขี่ยโคโลนีและย้อมสีด้วย LCB

(ข) ลักษณะเชื้อราที่มองจากกล้องจุลทรรศน์

รูปที่ 3.4 การเขี่ยเชื้อราบนจานเพาะเลี้ยงและภาพถ่ายเชื้อราบนกล้องจุลทรรศน์

3.3 การเตรียมชุดข้อมูล

การศึกษานี้ได้รวบรวมข้อมูลเชื้อราที่ได้จากการเพาะเชื้อและมองผ่านกล้องจุลทรรศน์ เชื้อราที่ได้เป็นสายพันธุ์ที่ก่อให้เกิดโรค และแพร่กระจายได้ทั้งในมนุษย์ สัตว์ และพืช รวมทั้งหมด 6 สายพันธุ์ ภาพเชื้อราทั้งหมด 274 ภาพ โดยแบ่งเป็น 36 ภาพ สำหรับ Chaetomium, 70 ภาพ สำหรับ Aspergillus, 46 ภาพ สำหรับ Absidia, 33 ภาพ สำหรับ Fusarium, 68 ภาพ สำหรับ Penicillium, และ 21 ภาพ สำหรับ Rhizopus ตามลำดับ ข้อมูลภาพเชื้อราทั้งหมดจะถูกนำมาจัดแบ่งเป็นกลุ่มที่แตกต่างกัน เพื่อใช้ในการศึกษาและพัฒนาชุดข้อมูลสำหรับการทดลองร่วมกับเทคนิคการเรียนรู้เชิงลึก ดังนี้

3.3.1 ชุดข้อมูลที่ 1

เชื้อราสายพันธุ์ Chaetomium และ Aspergillus ถูกจัดกลุ่มไว้ใน “ชุดข้อมูลที่ 1” ซึ่งมีจำนวนภาพเชื้อราที่ถ่ายจากกล้องจุลทรรศน์ทั้งหมด 106 ภาพ โดยแบ่งออกเป็น 36 ภาพ สำหรับ Chaetomium และ 70 ภาพ สำหรับ Aspergillus ภาพตัวอย่างดังในรูปที่ 3.5 ภาพเหล่านี้ถูกนำมาสังเคราะห์ข้อมูล (Data Augmentation) เพื่อเพิ่มจำนวนสำหรับการฝึกอบรมโครงข่าย ขั้นตอนเป็นการทำ data cleaning โดยการเพิ่มจำนวนด้วยเทคนิคการประมวลผลภาพ ได้แก่ การหมุน (Rotation) เพื่อเปลี่ยนทิศทาง การเฉือน (Shearing) เพื่อบิดเบือนรูปทรง และการเอียง (Tilting) เพื่อเปลี่ยนมุมมอง ผลการสังเคราะห์ข้อมูลทำให้ภาพเพิ่มขึ้นเป็น 1,500 ภาพ โดยแบ่งเป็น 216 ภาพ สำหรับ Chaetomium และ 1,284 ภาพ สำหรับ Aspergillus การเพิ่มจำนวนนี้ช่วยให้โครงข่ายสามารถเรียนรู้คุณลักษณะของเชื้อราได้หลากหลายมากขึ้น แสดงการกระจายของข้อมูลเชื้อรา ดังรูปที่ 4.1

(ก) Chaetomium

(ข) Aspergillus

รูปที่ 3.5 เชื้อราที่ถูกจัดกลุ่มที่ 1

ในรูปที่ 3.5 ชุดข้อมูลทั้งหมดถูกแบ่งกลุ่มโดยฟังก์ชันของ TensorFlow ซึ่งเป็นเครื่องมือสำหรับการจัดการชุดข้อมูลที่ถูกนำไปฝึกอบรมการเรียนรู้เชิงลึก เพื่อให้มั่นใจได้ว่าข้อมูลจะถูกแยกออกอย่างเหมาะสม ชุดข้อมูลนี้จะถูกแบ่งกลุ่มอย่างเป็นมาตรฐาน โดยแบ่งออกเป็น 80 เปอร์เซ็นต์ สำหรับการฝึกอบรม จำนวนดังกล่าวแบ่งย่อยเป็น 60 เปอร์เซ็นต์สำหรับการฝึกอบรม (Training) และ 20 เปอร์เซ็นต์สำหรับการตรวจสอบ (Validation) ดังกล่าวเป็นการแบ่งข้อมูลไว้สำหรับฝึกอบรมโครงข่ายเพื่อหลีกเลี่ยงการเรียนรู้ที่มากเกินไป (Overfitting) โดยข้อมูลในส่วนที่เหลือ 20 เปอร์เซ็นต์ สำหรับการทดสอบ (Testing) ดังกล่าวเป็นการจัดแบ่งไว้เพื่อวัดประสิทธิภาพของโครงข่ายสำหรับตรวจจับและจำแนกเชื้อรา

3.3.2 ชุดข้อมูลที่ 2

ข้อมูลภาพเชื้อราสายพันธุ์ *Aspergillus*, *Absidia*, *Fusarium*, *Penicillium*, และ *Rhizopus* ถูกจัดกลุ่มเป็น “ชุดข้อมูลที่ 2” ผู้ศึกษารวบรวมจำนวนภาพถ่ายเชื้อราจากกล้องจุลทรรศน์ทั้งหมด 238 ภาพ โดยภาพเชื้อราถูกแบ่งตามสายพันธุ์ ได้แก่ *Aspergillus* 70 ภาพ, *Absidia* 46 ภาพ, *Fusarium* 33 ภาพ, *Penicillium* 68 ภาพ, และ *Rhizopus* 21 ภาพ ตัวอย่างภาพเชื้อราดังรูปที่ 3.6 ภาพเหล่านี้ถูกนำมาสังเคราะห์ข้อมูลเพื่อเพิ่มจำนวนสำหรับการฝึกอบรมโครงข่าย [40] ขั้นตอนนี้เป็นการทำ data cleaning โดยการเพิ่มจำนวนด้วยเทคนิคการประมวลผลภาพ ได้แก่ การหมุน (Rotation) เพื่อเปลี่ยนทิศทางภาพ การเฉือน (Shearing) เพื่อบิดเบือนรูปทรงของภาพ และการเอียง (Tilting) เพื่อเปลี่ยนมุมมองของภาพ และการกลับด้าน (Flipping) เพื่อสร้างความหลากหลายของข้อมูล หลังจากการสังเคราะห์ข้อมูลจะถูกนำไปใช้ในการฝึกอบรม สรุปจำนวนเชื้อราสำหรับการทดลองไว้ในตารางที่ 3.1 แสดงการกระจายของข้อมูลเชื้อรา ดังรูปที่ 4.2

(ก) *Absidia*

(ข) *Aspergillus*

(ค) *Fusarium*

(ง) *Penicillium*

(จ) *Rhizopus*

รูปที่ 3.6 เชื้อราที่ถูกจัดกลุ่มที่ 2

ในรูปที่ 3.6 แสดงให้เห็นถึงลักษณะและความแตกต่างของเชื้อราที่นำมาศึกษา ภาพรวมของเชื้อราเหล่านี้มีลักษณะคล้ายคลึงกัน เช่น เส้นใย สปอร์ เยื่อหุ้ม หรือผนังเซลล์ ซึ่งสามารถสังเกตได้จากกล้องจุลทรรศน์ ลักษณะดังกล่าวถูกนำมาใช้ในการวิเคราะห์เพื่อแยกแยะสายพันธุ์เบื้องต้น ซึ่งผู้ศึกษา

ยังได้เปรียบเทียบลักษณะเหล่านี้กับงานวิจัยก่อนหน้านี้เพื่อระบุสายพันธุ์ของเชื้อรา [21]-[26] อย่างไรก็ตาม เชื้อราสายพันธุ์ Chaetomium ไม่ถูกรวมอยู่ในชุดข้อมูลที่ 2 เนื่องจากลักษณะเฉพาะและโครงสร้างของเชื้อราส่งผลต่อกระบวนการเรียนรู้ของโครงข่าย ซึ่งการทำ data clearing ของการจำแนกเชื้อราถูกนำเสนอในรูปแบบ Confusion matrix ดังในรูปที่ 4.4 นอกจากนี้ Chaetomium ยังมีการแพร่กระจายที่ส่งผลต่อพืชมากกว่าการติดเชื้อในมนุษย์ จึงถูกนำมาศึกษาเพิ่มในชุดข้อมูลนี้ [41]

ตารางที่ 3.1 จำนวนเชื้อราของชุดข้อมูลที่ 2

ชนิดของรา	ชุดฝึกอบรม (71.38%)	ชุดตรวจสอบ (14.28%)	ชุดทดสอบ (14.33%)	ภาพทั้งหมด
Aspergillus: Asp	602	122	122	846
Absidia: Abs	468	95	96	659
Fusarium: Fus	460	91	91	642
Penicillium: Pen	781	160	160	1,101
Rhizopus: Rhi	632	121	122	875
รวมทั้งหมด	2,943	589	591	4,123

ในตารางที่ 3.1 เมื่อพิจารณาจากข้อมูลสายพันธุ์ของเชื้อราตามจำนวนที่นำมาทดลอง จะเห็นได้ว่าการจัดแบ่งข้อมูลในการทดลองนี้ไม่เป็นมาตรฐานเมื่อเทียบกับงานวิจัยอื่นๆ เนื่องจากข้อจำกัดของข้อมูลที่ได้จากการสังเคราะห์ อย่างไรก็ตาม การจัดแบบนี้ยังคงรักษาความสมดุลของข้อมูลในระดับที่เพียงพอสำหรับฝึกอบรม ตรวจสอบ และทดสอบ โดยมีการกำหนดจำนวนใกล้เคียงกันเพื่อให้มั่นใจว่าข้อมูลนี้ช่วยให้การปรับแต่งโครงข่ายให้มีความยืดหยุ่น ซึ่งเป็นสิ่งสำคัญสำหรับโครงข่ายที่มีความซับซ้อนและการประเมินผลลัพธ์ขั้นสุดท้ายที่เป็นมาตรฐาน

3.3.3 ชุดข้อมูลที่ 3

จากชุดข้อมูลที่ 2 ประกอบด้วยเชื้อราสายพันธุ์ Absidia, Aspergillus, Fusarium, Penicillium, และ Rhizopus ผู้ศึกษาได้ทำการจัดกลุ่มข้อมูลใหม่เพื่อใช้ในการทดลอง โดยลดจำนวนข้อมูลลง ทั้งนี้ การลดจำนวนไม่ใช่เพียงเพื่อลดความซับซ้อนของการทดลอง แต่ยังมีจุดประสงค์เพื่อจำลองสถานการณ์ที่โครงข่ายต้องเรียนรู้ด้วยข้อมูลที่มีอยู่จำกัด ผู้ศึกษาได้คัดเลือกภาพเพื่อใช้ในการทดลองจำนวน 350 ภาพ ภาพเหล่านี้ได้รับการปรับเปลี่ยนคุณลักษณะด้วยเทคนิค STN ซึ่งเป็นวิธีการ

สร้างความหลากหลายของข้อมูลผ่านการเปลี่ยนแปลงเชิงพื้นที่ เช่น การหมุน การขยับ และการปรับสัดส่วนของภาพ เพื่อช่วยให้โครงข่ายเรียนรู้คุณลักษณะของเชื้อราได้อย่างมีประสิทธิภาพ ชุดข้อมูลนี้ถูกจัดเป็น “ชุดข้อมูลที่ 3” สรุปข้อมูลภาพเชื้อรา ในตารางที่ 3.2 แสดงการกระจายของข้อมูลเชื้อรา ดังรูปที่ 4.3

ตารางที่ 3.2 จำนวนเชื้อราของชุดข้อมูลที่ 3

ชนิดของรา	ชุดฝึกอบรม (80%)	ชุดตรวจสอบ (10%)	ชุดทดสอบ (10%)	ภาพ ทั้งหมด
Aspergillus: Asp	56	7	7	70
Absidia: Abs	56	7	7	70
Fusarium: Fus	56	7	7	70
Penicillium: Pen	56	7	7	70
Rhizopus: Rhi	56	7	7	70
รวมทั้งหมด	280	35	35	350

การแบ่งข้อมูลในสัดส่วนในตารางที่ 3.2 แสดงให้เห็นถึงความสมดุลของข้อมูล จะเห็นได้ว่าการจัดแบ่งข้อมูลนี้มีสัดส่วนที่เป็นมาตรฐาน ซึ่งทำให้โครงข่ายสามารถเรียนรู้ข้อมูลและตรวจสอบประสิทธิภาพได้อย่างมีประสิทธิภาพ

3.4 การทดลองด้วยเทคนิคการเรียนรู้เชิงลึก

การเรียนรู้เชิงลึกสำหรับจำแนกเชื้อรา ดังในรูปที่ 3.7 แบ่งการทดลองออกเป็น 7 ขั้นตอน ในขั้นตอนที่ (1) การเพิ่มหรือลดจำนวนของนิรอนและจำนวนชั้นการเรียนรู้ เพื่อให้ได้พารามิเตอร์ที่เหมาะสมสำหรับฝึกอบรมโครงข่ายประสาทเทียม ในขั้นตอนที่ (2) ทดลองด้วยโครงข่ายคอนโวลูชันที่มีอยู่ก่อนหน้า และทำการปรับการทำงานเพื่อรวบรวมคุณสมบัติและเรียนรู้ข้อมูล เพื่อให้โครงข่ายสามารถจำแนกเชื้อราได้ดีขึ้น ในขั้นตอนที่ (3) ปรับโครงข่ายคอนโวลูชันร่วมกับการคัดออกข้อมูล การทดลองเปรียบเทียบรูปแบบการคัดออก 3 รูปแบบ เพื่อให้ได้โครงข่ายที่ดีที่สุดในการฝึกอบรมและจำแนกเชื้อรา ในขั้นตอนที่ (4) เปลี่ยนแปลงพารามิเตอร์ของการเรียนรู้เชิงลึกร่วมกับการถ่ายโอนการเรียนรู้ เพื่อเป็นมาตรฐานในการเปรียบเทียบกับกรทดลองที่เสนอ ในขั้นตอนที่ (5) หลอมรวมโครงข่ายคอนโวลูชันแบบขนานเพื่อเพิ่มความสามารถในการรวบรวมคุณลักษณะ ในขั้นตอนที่ (6) หลอมรวมการเรียนรู้เชิง

ลึก เพื่อเพิ่มการเรียนรู้และการจำแนก และเพื่อเป็นมาตรฐานในการเปรียบเทียบกับ การทดลองที่เสนอ และสุดท้าย ในขั้นตอนที่ (7) ประยุกต์ใช้ Region Proposal Network ร่วมกับ CNN ที่ถูกออกแบบ ใหม่เพื่อเพิ่มความสามารถในการตรวจจับเชื้อรา อธิบายการทดลองโดยละเอียดดังนี้



รูปที่ 3.7 การทดลองด้วยการเรียนรู้เชิงลึก

3.4.1 การปรับโครงข่ายประสาทเทียม

โครงข่ายประสาทเทียมได้ถูกนำมาทดลองด้วยการปรับเปลี่ยนองค์ประกอบหลายส่วน ได้แก่ จำนวนชั้น (Layer), หน่วยการเรียนรู้ (Node), จำนวนรอบการฝึกอบรม (Epochs), และขนาดของชุด ข้อมูลที่ส่งผ่านเพื่อฝึกอบรมในแต่ละรอบ (Batch Size) การปรับพารามิเตอร์เหล่านี้มีเป้าหมายเพื่อหา

ค่าที่เหมาะสมที่สุดในการฝึกอบรม (Fit-tuning) รายละเอียดของพารามิเตอร์ที่ใช้ในการทดลองสรุปไว้ในตารางที่ 3.3 การฝึกอบรมทั้งหมดนี้ดำเนินการด้วย ชุดข้อมูลที่ 1 โดยที่ Accuracy ดังในสมการที่ (2.17) ถูกนำมาใช้วัดผลลัพธ์การฝึกอบรม สรุปผลการฝึกอบรมในตารางที่ 4.1

ตารางที่ 3.3 รายละเอียดโครงข่ายประสาทเทียมและพารามิเตอร์ในการทดลอง

จำนวนโหนด	อัตราการเรียนรู้; รอบของการฝึกอบรม; ขนาดข้อมูล
500	10^{-4} ; 100, 200, 300; 32, 64, 128, 256
1,000	10^{-4} ; 100, 200, 300; 32, 64, 128, 256

ในตารางที่ 3.3 การทดลองนี้มีจุดประสงค์เพื่อปรับปรุงประสิทธิภาพของโครงข่ายประสาทเทียมในการเรียนรู้ข้อมูลเชื้อรา โดยกำหนดนิรอนไว้ที่ 1000 โหนด และ 500 โหนด เพื่อบีบอัดข้อมูล และเรียนรู้ข้อมูลที่ซับซ้อน ทดลองด้วยการปรับพารามิเตอร์ต่าง ๆ ซึ่งช่วยให้สามารถระบุค่าที่เหมาะสมที่สุดสำหรับการฝึกอบรม ซึ่งจะเห็นได้ว่าขนาดของข้อมูลถูกเรียงลำดับจากน้อยไปมาก ถูกกำหนดไว้ที่ 32, 64, 128, 256 ตามลำดับ ดังกล่าวกำหนดไว้เพื่อศึกษาจำนวนข้อมูลที่โครงข่ายสามารถเรียนรู้ได้ ซึ่งสัมพันธ์กับหน่วยประมวลผลกราฟิกสำหรับฝึกอบรมโครงข่าย การเปรียบเทียบผลลัพธ์ในแต่ละชุดของพารามิเตอร์ทำให้เห็นถึงความแตกต่างในการเรียนรู้ในขณะฝึกอบรม และเพื่อให้ง่ายต่อการเลือกพารามิเตอร์ที่เหมาะสมสำหรับการนำไปพัฒนาในการทดลองต่อไป

3.4.2 การปรับโครงข่ายคอนโวลูชัน

การทดลองด้วยโครงข่ายคอนโวลูชัน (Convolutional Neural Network: CNN) ในส่วนแรก ผู้ศึกษาได้นำโครงข่าย LeNet5 [22, 42] มาทดลอง องค์ประกอบของโครงข่ายประกอบด้วย 5 ชั้น ซึ่งมี convolutional layer และ sub sampling layer ที่ขนาดหน้าต่าง 28, 14, 10, 5 และ 5 ตามลำดับ พร้อมด้วยหน้าต่างการกรองขนาด 2x2 และ 5x5 พารามิเตอร์เหล่านี้ถูกกำหนดไว้เป็นพื้นฐานเพื่อสกัดคุณลักษณะที่สำคัญจากภาพต้นฉบับ โดยที่โครงข่ายมี Fully Connected จำนวน 2 ชั้น ชั้นแรกประกอบด้วย 120 โหนด และชั้นที่สองประกอบด้วย 84 โหนด นิรอนดังกล่าวกำหนดไว้เพื่อทำหน้าที่ดึงฟีเจอร์ที่มีความซับซ้อนสูง ส่วนชั้นที่สอง ทำหน้าที่บีบอัดฟีเจอร์ให้มีขนาดเล็กลงเพื่อส่งต่อไปยังชั้นเอาต์พุตเพื่อจำแนกเชื้อรา โครงข่ายดังกล่าวทดลองร่วมกับ ชุดข้อมูลที่ 1 โดยที่ Accuracy ดังในสมการที่ (2.17) ถูกนำมาใช้วัดผลลัพธ์การฝึกอบรม สรุปผลการฝึกอบรมในตารางที่ 4.2

การทดลองในลำดับต่อมา ผู้ศึกษานำ CNN มาปรับเปลี่ยนรายละเอียดของโครงข่าย และพารามิเตอร์ต่าง ๆ เพื่อให้การเรียนรู้ของโครงข่ายมีประสิทธิภาพมากขึ้น องค์ประกอบและพารามิเตอร์ของโครงข่ายสรุปไว้ในตารางที่ 3.4 โครงข่ายถูกนำมาทดลองร่วมกับ ชุดข้อมูลที่ 1 โดยที่ Accuracy ดังในสมการที่ (2.17) ถูกนำมาใช้วัดผลลัพธ์การฝึกอบรม สรุปผลการฝึกอบรมในตารางที่ 4.3

ตารางที่ 3.4 พารามิเตอร์ของการปรับโครงข่ายคอนโวลูชัน

โครงข่าย	องค์ประกอบของโครงข่ายและพารามิเตอร์โครงข่าย
โครงข่ายที่ 1	หน้าต่าง 30; 15; 15; 64; ตัวกรอง 2x2 และ 3x3 (4 บล็อกการทำงาน) โดยมีโครงข่ายประสาทเทียม 2 ชั้น (256 โหนด, 32 โหนด) และชั้นเอาต์พุต 1 ชั้น ร่วมกับฟังก์ชัน Softmax
โครงข่ายที่ 2	หน้าต่าง 32,32; 64,64; 64,64; 128,128; ตัวกรอง 2x2 (4 บล็อกการทำงาน) โดยมีโครงข่ายประสาทเทียม 2 ชั้น (256 โหนด, 32 โหนด) และชั้นเอาต์พุต 1 ชั้น ร่วมกับฟังก์ชัน Softmax
โครงข่ายที่ 3	หน้าต่าง 32,32,32; 64,64,64; 64,64,64; 128,128,128; ตัวกรอง 2x2 (5 บล็อกการทำงาน) โดยมีโครงข่ายประสาทเทียม 2 ชั้น (256 โหนด, 32 โหนด) และชั้นเอาต์พุต 1 ชั้น ร่วมกับฟังก์ชัน Softmax
โครงข่ายที่ 4	หน้าต่าง 32,32,32; 64,64,64; 128,128,128; 128,128,128; 512,512,512; ตัวกรอง 2x2 (5 บล็อกการทำงาน) โดยมีโครงข่ายประสาทเทียม 2 ชั้น (256 โหนด, 32 โหนด) และชั้นเอาต์พุต 1 ชั้น ร่วมกับฟังก์ชัน Softmax
โครงข่ายที่ 5	หน้าต่าง 35,35,35; 45,45,45; 45,45,45; 60,60,60; 60,60,60; ตัวกรอง 2x2 2x2, (5 บล็อกการทำงาน) โดยมีโครงข่ายประสาทเทียม 2 ชั้น (256 โหนด, 32 โหนด) และชั้นเอาต์พุต 1 ชั้น ร่วมกับฟังก์ชัน Softmax

ในตารางที่ 3.4 การขยาย CNN ดังเสนอถูกออกแบบอย่างเป็นลำดับ ซึ่งการขยายหน้าต่างคอนโวลูชันนี้เพื่อช่วยให้สามารถตรวจจับรายละเอียดได้หลายระดับ หรือเป็นการช่วยให้โครงข่ายรวบรวมคุณสมบัติที่ซับซ้อน หรือคุณลักษณะที่แปลผันของเชื้อราได้ดียิ่งขึ้น การออกแบบโครงข่ายกำหนดให้มีโครงข่ายประสาทเทียม 2 ชั้น เพื่อดึงพีเจอร์ที่มีความซับซ้อนสูงและบีบอัดพีเจอร์ให้มีขนาดเล็กและส่งต่อไปยังชั้นเอาต์พุต โครงข่ายดังกล่าวได้รับการออกแบบให้มีรายละเอียด และการทำงานเพื่อเป้าหมายของการศึกษาแตกต่างกัน ดังนี้:

โครงข่ายที่ 1 ปรับเปลี่ยนขนาดชั้นการรวบรวมคุณลักษณะจากเดิม 28, 14, 10, 5 และ 5 ซึ่งได้รับการปรับเปลี่ยนเป็น 30; 15; 15 และ 64 โดยมี max pooling ขนาด 2x2 และ 3x3 ดังกล่าวเป็นการปรับขนาดตัวกรองเพิ่มขึ้น และปรับลดจำนวนชั้นลง เพื่อศึกษาการรวบรวมและเรียนรู้คุณลักษณะของโครงข่าย นอกจากนี้ ยังได้นำการแปลงระนาบ YCbCr [43] ซึ่งเป็นวิธีการตรวจจับระนาบของสีมาตรวจจับตำแหน่งที่คาดว่าจะเป็นการรับภาพถ่ายกล้องจุลทรรศน์ ผลลัพธ์ของการฝึกอบรมและตรวจจับเชื้อราได้แสดงไว้ในรูปที่ 4.5 และรูปที่ 4.6

โครงข่ายที่ 2 ตัวกรองขนาด (32, 32); (64, 64); (64, 64); (128, 128); และมี max pooling ขนาด 2x2 ขนาดดังกล่าวได้รับการขยายตามลำดับ เพื่อเพิ่มจำนวน filters เช่นจากเดิม 30 เป็น 32 หรือ 15 เป็น 64 ทำให้โครงข่ายสามารถสร้างคุณลักษณะเชิงลึกที่ซับซ้อนยิ่งขึ้น และทำให้ convolutional layer มีความสามารถในการสกัดลักษณะของภาพในหลายระดับ เช่น จากขนาดเล็กไปสู่ขนาดใหญ่ หรือจากลักษณะหยาบไปสู่รายละเอียดที่ละเอียดขึ้น

โครงข่ายที่ 3 ตัวกรองขนาด (32, 32, 32); (64, 64, 64); (64, 64, 64); (64, 64, 64); (128, 128, 128); และมี max pooling ขนาด 2x2 การออกแบบดังกล่าวเป็นการเพิ่มความสามารถ convolutional layer ในระดับกลาง โดย convolutional size ขนาด 64 เพื่อให้สามารถสกัดคุณลักษณะระดับปานกลางอย่างมีประสิทธิภาพก่อนจะขยายไปยัง 128 ในเลเยอร์สูงสุด

โครงข่ายที่ 4 ตัวกรองขนาด (32, 32, 32); (64, 64, 64); (128, 128, 128); (128, 128, 128); (512, 512, 512); และมี max pooling ขนาด 2x2 เป็นการเพิ่มขนาดตัวกรองแบบค่อยเป็นค่อยไป ทำให้โครงข่ายสามารถเรียนรู้ได้อย่างค่อยเป็นค่อยไป ซึ่งส่งผลต่อความเสถียรในการประมวลผล และส่งผลต่อการรวบรวมข้อมูลที่ซับซ้อนได้ดีกว่าโครงสร้างที่มี 64 และ 128 จากโครงข่ายที่ 2, 3 และ โครงข่ายที่ 4

โครงข่ายที่ 5 ตัวกรองขนาด (35, 35, 35); (45, 45, 45); (45, 45, 45); (60, 60, 60); (60, 60, 60) และมี max pooling ขนาด 2x2 การออกแบบดังกล่าวเป็นการขยายชั้นซ้อน เพื่อช่วยเพิ่มความสามารถในการ generalize หรือการเรียนรู้ข้อมูลที่มีความแปรผันมากขึ้น ขนาดตัวกรองอยู่ในระดับกลาง ทำให้โครงข่ายสามารถรับมือกับข้อมูลที่แตกต่างกันได้ดียิ่งขึ้นโดยไม่เกิดปัญหาการเรียนรู้เกิน

3.4.3 การปรับโครงข่ายคอนโวลูชันร่วมกับการตัดข้อมูล

ผลการทดลองด้วยการปรับโครงข่ายคอนโวลูชันในตารางที่ 4.3 และการวิเคราะห์ Feature map ในรูปที่ 4.7 ลำดับต่อมา ได้นำโครงข่าย CNN มาทดลองเพิ่มเติม โดยนำโครงข่ายที่ 5 ในตารางที่ 3.4 มาทดลองร่วมกับการตัดข้อมูล (Drop feature) ซึ่งได้แก่ Dropout (DO), SpatialDropout (SD)

และ DropBlock (DB) โดยสรุปไว้ในตารางที่ 3.5 การทดลองนี้มีเป้าหมายเพื่อคัดคุณลักษณะที่ไม่จำเป็นหรือข้อมูลที่ไม่เกี่ยวข้อง เพื่อลดผลกระทบจากข้อมูลที่อาจรบกวนการฝึกอบรม ซึ่งช่วยจัดการปัญหาข้อมูลที่อาจนำไปสู่ปัญหาการเรียนรู้เกิน ซึ่งเป็นภาวะที่โครงข่ายเรียนรู้รายละเอียดของข้อมูลมากเกินไป ทำให้ไม่สามารถทำงานได้ดีเมื่อต้องเรียนรู้ข้อมูลใหม่ที่มีความแปรผัน นอกจากนี้ เทคนิคการตัดข้อมูลที่นำมาทดลองยังช่วยเพิ่มความสามารถที่แตกต่างกัน โดย DO จะมีการสุ่มปิดขั้นตอนการตัดข้อมูลในระหว่างการฝึกอบรม เพื่อกระจายความสำคัญไปยังชั้นอื่น ๆ ทำให้โครงข่ายสามารถรวบรวมคุณสมบัติที่หลากหลายมากขึ้น ในขณะที่ SD จะเน้นการตัด feature map ออกทั้งหมด เพื่อป้องกันการเรียนรู้ข้อมูลที่ซ้ำซ้อนจากส่วนต่าง ๆ ของภาพ และ DB จะเน้นคัดการทำงานเป็นกลุ่มใน feature map ทำให้โครงข่ายเรียนรู้พื้นขนาดใหญ่ ลดการพึ่งพาข้อมูลในบริเวณเล็ก ๆ

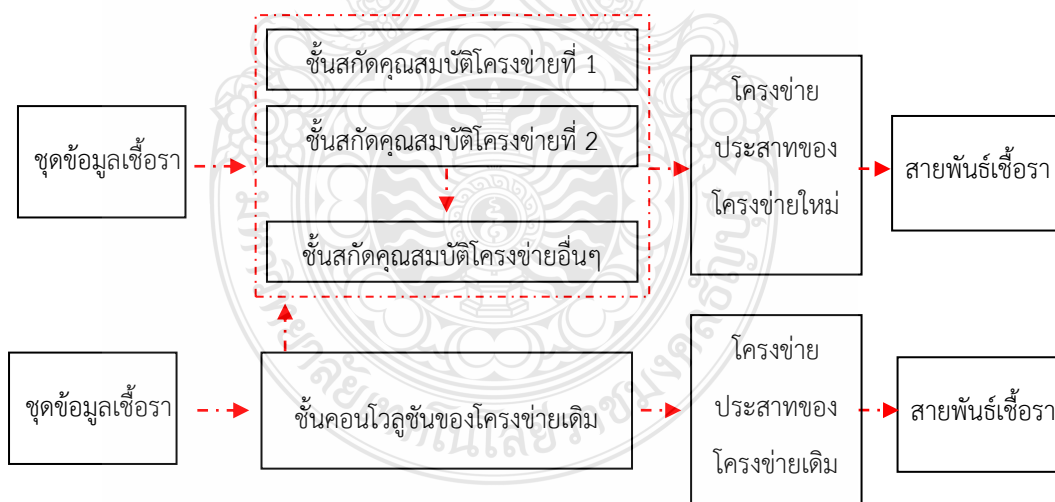
ตารางที่ 3.5 พารามิเตอร์ของการปรับโครงข่ายคอนโวลูชันร่วมกับการตัดข้อมูล

เทคนิคการตัดข้อมูล	องค์ประกอบของโครงข่ายและพารามิเตอร์โครงข่าย	พารามิเตอร์การคัดออก
DO	โครงข่าย 32 ชั้น, หน้าต่าง 15 ชั้น (35, 2x2 ; 3 ชั้น) (45, 2x2 ; 6 ชั้น) (60, 2x2 ; 6 ชั้น); DO 5 ชั้น ; ค่าเฉลี่ยหน้าต่าง 5 ชั้น (2x2), แปลงข้อมูลเวกเตอร์ 1 ชั้น, โครงข่ายสาขาเทียม 4 ชั้น (1028 โหนด, 512 โหนด และ 64 โหนด รวมกับการคัดออกที่ 0.2) และมีชั้นเอาต์พุต 1 ชั้น กับฟังก์ชัน Softmax	0.2, 0.3
SD	โครงข่าย 32 ชั้น, หน้าต่าง 15 ชั้น (35, 2x2 ; 3 ชั้น) (45, 2x2 ; 6 ชั้น) (60, 2x2 ; 6 ชั้น); SD 5 ชั้น ; ค่าเฉลี่ยหน้าต่าง 5 ชั้น (2x2), แปลงข้อมูลเวกเตอร์ 1 ชั้น, โครงข่ายสาขาเทียม 4 ชั้น (1028 โหนด, 512 โหนด และ 64 โหนด รวมกับการคัดออกที่ 0.2) และมีชั้นเอาต์พุต 1 ชั้น กับฟังก์ชัน Softmax	0.2, 0.3
DB	โครงข่าย 32 ชั้น, หน้าต่าง 15 ชั้น (35, 2x2 ; 3 ชั้น) (45, 2x2 ; 6 ชั้น) (60, 2x2 ; 6 ชั้น); DB 5 ชั้น ; ค่าเฉลี่ยหน้าต่าง 5 ชั้น (2x2), แปลงข้อมูลเวกเตอร์ 1 ชั้น, โครงข่ายสาขาเทียม 4 ชั้น (1028 โหนด, 512 โหนด และ 64 โหนด รวมกับการคัดออกที่ 0.2) และมีชั้นเอาต์พุต 1 ชั้น กับฟังก์ชัน Softmax	BZ: 1 ถึง 12; KP: 0.58 ถึง 0.99

การทดลองนี้ฝึกอบรมด้วย ชุดข้อมูลที่ 2 โดยที่ Accuracy ดังในสมการที่ (2.17) ถูกนำมาใช้วัดผลลัพธ์การฝึกอบรม ผลลัพธ์การฝึกอบรมสรุปไว้ในตารางที่ 4.4, 4.5, และ 4.6 และ Precision ดังในสมการที่ (2.18) ถูกนำมาใช้แสดงความแม่นยำของการจำแนกเชื้อรา ซึ่งผลลัพธ์การจำแนกเชื้อราสรุปไว้ในรูปที่ 4.8, 4.9 และ 4.11

3.4.4 การถ่ายโอนการเรียนรู้ร่วมกับการเรียนรู้เชิงลึก

การถ่ายโอนการเรียนรู้ (Transfer Learning: TL) ร่วมกับการเรียนรู้เชิงลึก (Deep Learning: DL) ในรูปที่ 3.8 เป็นการนำโครงข่ายที่ได้รับการเผยแพร่มาทดลองร่วมกับการถ่ายโอนข้อมูลเพื่อเปรียบเทียบความเป็นมาตรฐาน ผู้ศึกษาได้คัดโครงข่ายทั้งหมด 7 โครงข่าย [44-48] ได้แก่ VGG16, VGG19, DenseNet121, ResNet50, InceptionV3, InceptionResNetV2 และ InceptionV3 โครงข่ายดังกล่าวถูกออกแบบมาเพื่อจัดการกับข้อมูลที่มีความซับซ้อน ในแต่ละโครงข่ายถูกขยายความลึกและการเชื่อมต่อชั้นการเรียนรู้ที่แตกต่างกัน เพื่อให้สามารถรวบรวมคุณลักษณะของข้อมูลได้หลายระดับ โดย VGG16 และ VGG19 ใช้แนวทางที่เรียบง่ายโดยเพิ่มจำนวน Layer ซ้อนให้ลึกขึ้น โครงข่ายเหล่านี้มีโครงสร้างแบบลำดับชั้นเพื่อเรียนรู้คุณสมบัติต่าง ๆ ให้มีประสิทธิภาพ ใน DenseNet121 มี dense connections ในทุก ๆ ชั้นของโครงข่าย ทำให้ส่งผ่านข้อมูลมีประสิทธิภาพมากขึ้น และยังช่วยในการรักษาคุณสมบัติที่สำคัญไม่ให้สูญหายระหว่างชั้นการรวบรวมคุณลักษณะและชั้นการจำแนก ใน ResNet50 ใช้แนวคิด residual connection เพื่อข้ามการเรียนรู้ระหว่าง layer เพื่อให้โครงข่ายเรียนรู้ข้อมูลที่ซับซ้อนได้ลึกขึ้นโดยไม่สูญเสียความแม่นยำ และ InceptionV3 และ InceptionResNetV2 โครงข่ายในแต่ละชั้นจะมีตัวกรองหลายขนาดเพื่อเรียนรู้คุณสมบัติที่แตกต่างจากกลุ่มข้อมูลเดียวกัน ทำให้สามารถประมวลผลข้อมูลเชิงลึกได้ดียิ่งขึ้น



รูปที่ 3.8 การทดลองด้วยการถ่ายโอนการเรียนรู้

สถาปัตยกรรมที่ได้รับการคัดเลือกมาถูกพัฒนาขึ้นเพื่อจัดการกับการประมวลผลข้อมูลที่มีความซับซ้อนสูง เช่น ข้อมูลภาพที่มีรายละเอียดมากมาย โครงสร้างเชิงลึก และการเชื่อมต่อที่ออกแบบมา

เฉพาะเจาะจง ทำให้สามารถตรวจจับและประมวลผลคุณสมบัติในหลายมิติ ซึ่งการนำโครงข่ายดังกล่าวมาทดลองเพื่อเปรียบเทียบผลลัพธ์เพื่อแสดงให้เห็นถึงความแตกต่างในการใช้กับงาน การทดลองนี้ดำเนินการด้วยการถ่ายโอนย้ายขั้นตอนการสกัดคุณสมบัติจากโครงข่ายเดิม แล้วปรับแต่งโครงข่ายประสาทเทียมเพื่อฝึกอบรมเพิ่มเติมด้วยชุดข้อมูลใหม่

การทดลองนี้ฝึกอบรมด้วย ชุดข้อมูลที่ 2 โดยที่ Accuracy ดังในสมการที่ (2.17) ถูกนำมาใช้วัดผลลัพธ์การฝึกอบรม ผลลัพธ์การฝึกอบรมสรุปในตารางที่ 4.7 และ Precision ดังในสมการที่ (2.18) ถูกนำมาใช้เพื่อแสดงความแม่นยำของการจำแนกเชื้อรา ผลการจำแนกเชื้อราสรุปไว้ในรูปที่ 4.13

3.4.5 การหลอมรวมโครงข่ายคอนโวลูชัน

การหลอมรวมโครงข่ายคอนโวลูชัน (combining CNN) ถูกนำมาใช้เพื่อเพิ่มประสิทธิภาพในการรวบรวมข้อมูล ในรูปที่ 3.9 ข้อมูลอินพุตถูกส่งผ่าน Spatial transformer network (STN) ซึ่งทำหน้าที่แปลงข้อมูลเชิงพื้นที่บนภาพและปรับพิกัดใหม่ให้สอดคล้องกับโครงข่าย จากนั้นคุณลักษณะของเชื้อราจะถูกส่งต่อไปยัง convolutional operator ซึ่งถูกออกแบบด้วยโครงข่ายที่มีคอนโวลูชันจำนวน 20 ชั้น ขนาดตัวกรอง (filters) ในแต่ละชั้นจะค่อย ๆ เพิ่มขึ้น จากขนาดเล็กไปยังขนาดใหญ่ โดยเริ่มที่ขนาด 32 (บล็อกที่ 1), 64 (บล็อกที่ 2), 128 (บล็อกที่ 3), และ 512 (บล็อกที่ 4) ในแต่ละบล็อกถูกออกแบบให้มีชั้นคอนโวลูชันซ้อนกัน 3 ชั้น เพื่อช่วยรวบรวมคุณลักษณะแบบละเอียด ในแต่ละบล็อกทำงานร่วมกับตัวกรองขนาด 2x2 ตัวกรองเหล่านี้จะถูกเลื่อนผ่านภาพต้นฉบับเพื่อดึงคุณลักษณะที่สำคัญ เช่น ขอบ เส้น หรือมุม ซึ่งเป็นคุณลักษณะเบื้องต้นที่ช่วยในการจำแนกภาพ ซึ่งทำงานร่วมกับฟังก์ชันการรวมแบบ SAME ถูกใช้เพื่อรักษาขนาดของข้อมูลไว้ในระหว่างการคอนโวลูชัน ทำให้สามารถคำนวณผลลัพธ์ได้โดยไม่สูญเสียขนาดของข้อมูลหลัก นอกจากนี้ ฟังก์ชัน rectified linear unit (ReLU) ถูกนำมาใช้เพื่อเพิ่มความแม่นยำในการคำนวณ โดยการกำจัดค่าลบและรักษาค่าบวกที่มีอยู่ ซึ่งช่วยในการประมวลผลคุณลักษณะเชิงลึก นอกเหนือจากนี้ โครงข่ายยังถูกออกแบบให้มีการทำงานแบบคู่ขนาน ซึ่งออกแบบให้ทำงานร่วมกับชั้นคอนโวลูชันซ้อนกัน 2 ชั้น โดยเริ่มจากขนาด 64 (บล็อกที่ 5), 128 (บล็อกที่ 6 และ 7), และ 512 (บล็อกที่ 8) การทำงานแบบนี้ช่วยเสริมประสิทธิภาพในการดึงคุณลักษณะเชิงลึกยิ่งขึ้น โดยในบล็อกที่ 5, 6, 7 และ 8 ประยุกต์ใช้ตัวกรอง ฟังก์ชัน SAME และ ReLU เหมือนกับบล็อกที่ 1, 2, 3 และ 4 การออกแบบดังกล่าวถูกคั่นระหว่างบล็อกด้วย residual layer เพื่อสร้างทางลัดที่เชื่อมโยงโดยตรง ซึ่งช่วยให้เครือข่ายสามารถเรียนรู้ข้อมูลในระหว่างชั้นได้โดยไม่สูญเสียรายละเอียด คุณลักษณะที่ได้จากการคอนโวลูชันส่งผ่าน DropBlock เพื่อคัดกรองข้อมูลที่อาจส่งผลให้

เกิดการเรียนรู้เกิน และหลอมรวมคุณลักษณะ พร้อมทั้งส่งผ่านโครงข่ายประสาทที่ซ้อนกัน ซึ่งทำหน้าที่
รวบรวมคุณลักษณะ บีบอัดข้อมูล และจำแนก



รูปที่ 3.9 การหลอมรวมของโครงข่ายคอนโวลูชัน

ในรูปที่ 3.9 การทำงานของโครงข่ายคอนโวลูชันในช่วงแรกเป็นการดึงคุณลักษณะระดับต่ำจากภาพ เช่น ขอบ (edges), เส้น (lines), และมุม (corners) ได้เท่านั้น ดังกล่าวเป็นคุณสมบัติพื้นฐานของภาพ เพื่อช่วยรวบรวมข้อมูลที่มีความซับซ้อนมากขึ้น ผู้ศึกษาใช้ max-pooling ขนาด 2×2 ในทุก ๆ บล็อกการทำงาน เพื่อลดขนาดของข้อมูลและเน้นคุณสมบัติสำคัญ ซึ่งยังคงคุณภาพของข้อมูลไว้ และคุณสมบัติเหล่านี้จะถูกส่งต่อไปยังบล็อกถัดไป โดยมี residual layer ทำหน้าที่ขึ้นระหว่างบล็อก เพื่อป้องกันไม่ให้คุณสมบัติที่สำคัญจากชั้นก่อนหน้าหายไป และช่วยรักษาความต่อเนื่องในการเรียนรู้ของโครงข่าย เมื่อถึงบล็อกการทำงานที่ 4 และบล็อกที่ 8 คุณสมบัติที่ผ่าน convolutional operator จะถูกนำมาคัดเลือกเพิ่มเติมด้วยการคัดข้อมูล โดยกำหนด Block size (BZ) ไว้ที่ 3 และ Keep Prop (KP) ที่ค่า 0.99 ซึ่งช่วยคัดข้อมูลที่อาจจะเกิดการเรียนรู้เกิน หรือการที่โครงข่ายเรียนรู้ข้อมูลเฉพาะเจาะจงเกินไปจนไม่สามารถทำนายผลลัพธ์ได้อย่างมีประสิทธิภาพ คุณสมบัติที่ได้จากบล็อกการทำงานที่ 4 และบล็อกการทำงานที่ 8 จะถูกนำมารวมกัน และส่งผ่านไปยัง โครงข่ายประสาทเทียม เพื่อทำการเรียนรู้ข้อมูลเชิงอรา ทั้งนี้ โครงข่ายประสาทถูกออกแบบให้มี 2 ชั้น ในแต่ละชั้นประกอบด้วย 500 โหนด และใช้ฟังก์ชันการรวมแบบ ReLU ในการรวบรวมข้อมูลในแต่ละโหนด ในชั้นสุดท้ายจะมีฟังก์ชันการรวมแบบ softmax เพื่อใช้ในการจำแนกเชิงอรา

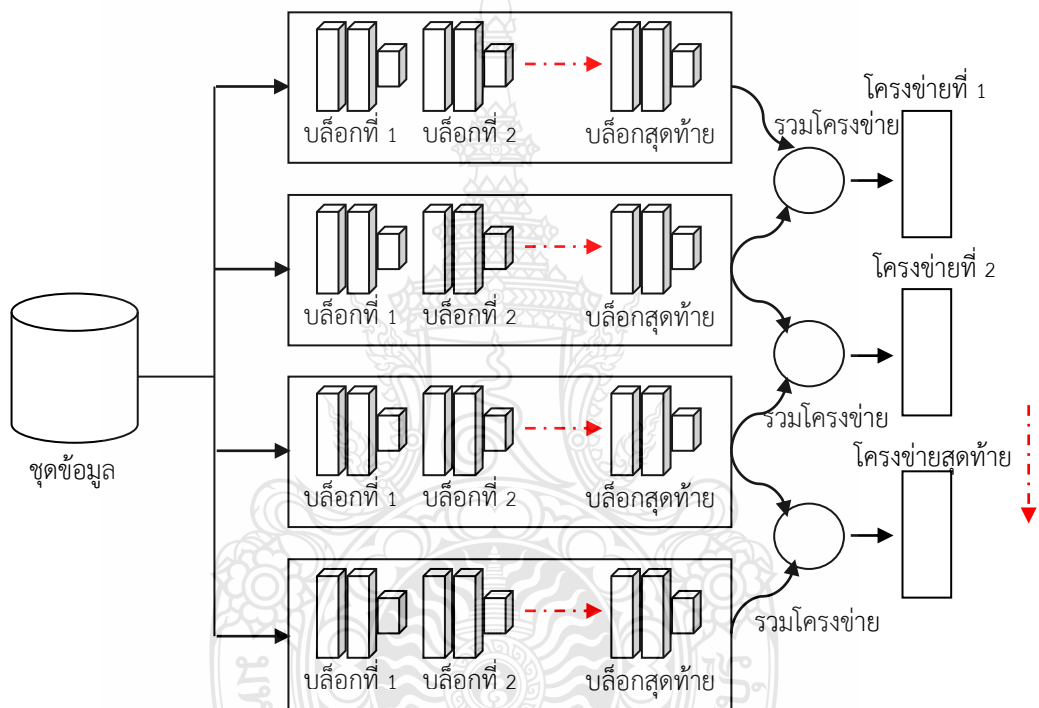
การทดลองนี้ได้ถูกทดสอบร่วมกับ ชุดข้อมูลที่ 3 โดยที่ Accuracy ดังในสมการที่ (2.17) ถูกนำมาใช้วัดผลลัพธ์การฝึกอบรม ผลการฝึกอบรมสรุปไว้ตารางที่ 4.8 และ Precision ดังในสมการที่ (2.18) ถูกนำมาใช้เพื่อแสดงความแม่นยำของการจำแนกเชิงอรา ผลการจำแนกเชิงอราสรุปไว้ในรูปที่ 4.15 แสดงผลฝึกอบรมด้วยการเปลี่ยนแปลงพารามิเตอร์ STN ดังรูปที่ 4.16

3.4.6 การหลอมรวมโครงข่ายการเรียนรู้เชิงลึก

การหลอมรวมเทคนิคการเรียนรู้เชิงลึกในรูปที่ 3.10 เป็นการนำโครงข่ายที่ได้รับการเผยแพร่ก่อนหน้ามาออกแบบให้ทำงานร่วมกัน การทดลองนี้นำโครงข่าย VGG16, VGG19 และ DenseNet121 และ Xception [49] มาทดลอง โดยแบ่งการหลอมรวมออกเป็น 4 โครงข่าย ได้แก่ การหลอมรวมระหว่าง VGG16 กับ ResNet50, การหลอมรวม VGG16 กับ VGG19, การหลอมรวม ResNet50 กับ Xception และการหลอมรวม Xception กับ DenseNet121 โดยการหลอมรวมโครงข่ายนี้ถูกออกแบบเพื่อช่วยให้สามารถดึงคุณสมบัติจากข้อมูลได้อย่างครอบคลุมและละเอียดมากขึ้น โครงข่ายแต่ละแบบมีการใช้ฟังก์ชันการทำงานที่แตกต่างกัน เช่น ResNet50 มีการใช้ residual connections เพื่อช่วยให้โครงข่ายไม่สูญเสียคุณสมบัติที่สำคัญจากเลเยอร์ก่อนหน้า ขณะที่ Xception และ DenseNet121 ใช้เทคนิคการดึงข้อมูลเชิงลึกที่แตกต่างกัน ทำให้โครงข่ายสามารถเรียนรู้จากข้อมูลที่มีความซับซ้อนได้ดี เพื่อให้ได้รับประสิทธิภาพการจำแนกเชิงอรามากยิ่งขึ้น ทั้งนี้ การถ่ายโอนข้อมูลในรูปที่

3.10 แตกต่างจากการถ่ายโอนข้อมูลในรูปที่ 3.8 ตรงที่ประยุกต์ชั้นการสกัดคุณลักษณะของสองโครงข่ายโดยออกแบบให้ทำงานร่วมกัน หรือการทำงานแบบขนาน (dual-convolutional layer) ซึ่งการทดลองก่อนหน้านี้เป็นการใช้ชั้นการสกัดคุณลักษณะแบบเดียว

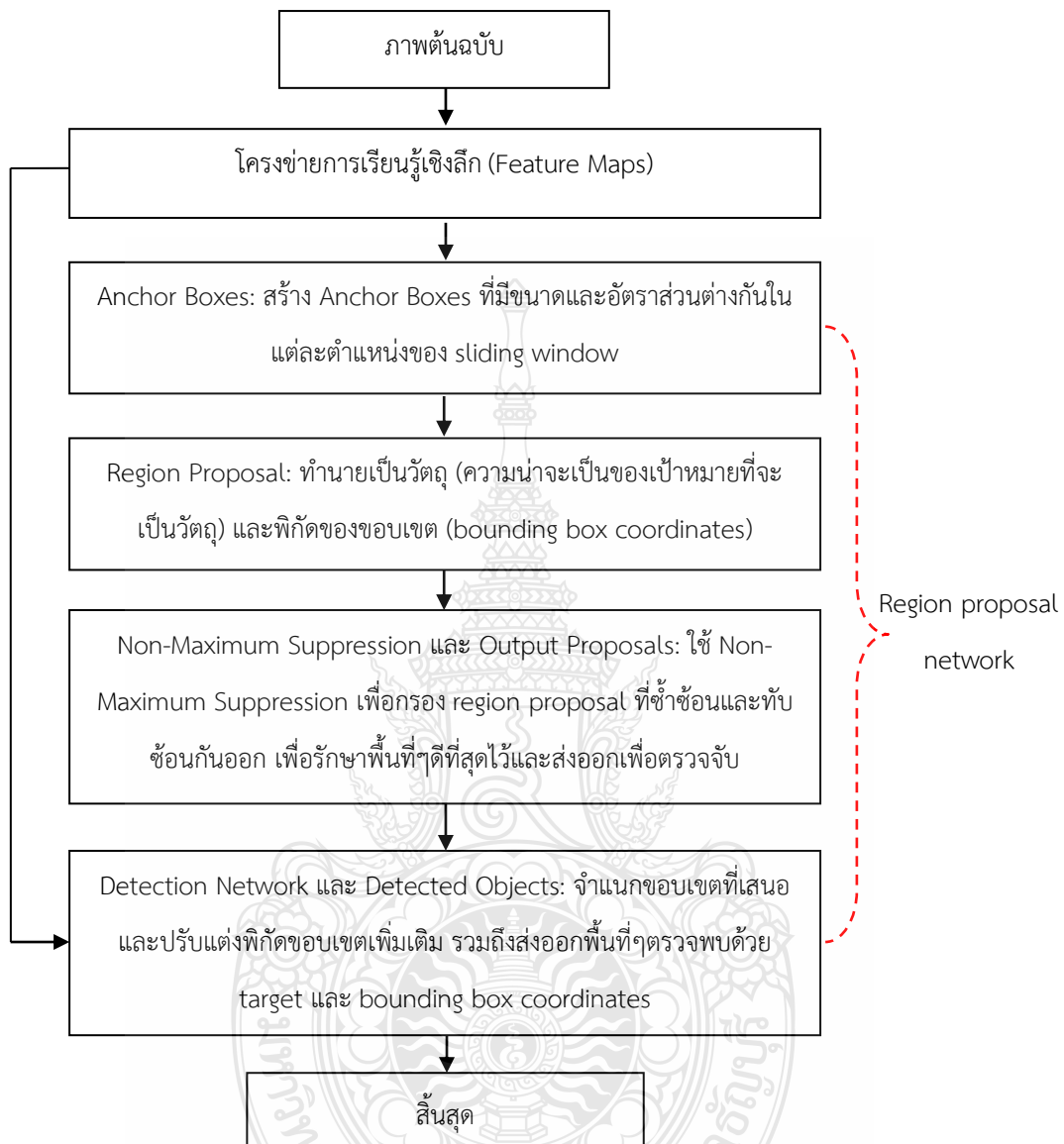
โครงข่ายดังเสนอทดลองร่วมกับ ชุดข้อมูลที่ 3 โดยที่ Accuracy ดังในสมการที่ (2.17) ถูกนำมาใช้วัดผลลัพธ์การฝึกอบรม ผลลัพธ์การฝึกอบรมสรุปผลไว้ในรูปที่ 4.17 และ Precision ดังในสมการที่ (2.18) ถูกนำมาใช้เพื่อแสดงความแม่นยำของการจำแนกเชื้อรา ผลลัพธ์ของการจำแนกเชื้อราสรุปไว้ในรูปที่ 4.18



รูปที่ 3.10 การทดลองด้วยการหลอมรวมเทคนิคการเรียนรู้เชิงลึก

3.4.7 การตรวจจับเชื้อรา

เพื่อให้เกิดความหลากหลายและความก้าวหน้าของการพัฒนา ผู้ศึกษานำโครงข่ายในรูปที่ 3.9 มาผสมผสานการทำงานร่วมกับ Region Proposal Network (RPN) [50] ดังรูปที่ 3.11 ซึ่งเป็นการพัฒนาเพื่อต่อยอดการทำงานให้โครงข่ายให้สามารถตรวจจับเชื้อราบนกล้องจุลทรรศน์ได้ โดยการออกแบบนี้ได้เพิ่มฟังก์ชันการระบุพื้นที่ (Region Proposal) โดยโครงข่ายจะสร้าง bounding box รอบพื้นที่ๆ คาดว่าจะมีเชื้อรา และนำข้อมูลภาพเข้าสู่กระบวนการประมวลผลเชิงลึกเพื่อตรวจจับเชื้อรา ผลการทดลองแสดงไว้ในรูปที่ 4.19 และ 4.20



รูปที่ 3.11 ขั้นตอนการตรวจจับเชิงร

บทที่ 4

ผลการทดลอง

4.1 ผลการวิเคราะห์ความแปรผันของชุดข้อมูล

การวิเคราะห์องค์ประกอบหลัก (Principal Component Analysis: PCA) [51] ถูกนำมาลดมิติของข้อมูลเพื่อวิเคราะห์ความสัมพันธ์ของเวกเตอร์ โดยมี Principal components (PC) แสดงการกระจายของข้อมูล โดยกำหนด PC1, PC2 และ PC3 เป็นป้ายกำกับของแต่ละคลัสเตอร์หรือสายพันธุ์เชื้อรา แสดงการกระจายในรูปเวกเตอร์ของข้อมูลดังนี้:

รูปที่ 4.1 การกระจายของชุดข้อมูลที่ 1

รูปที่ 4.1 แสดงการกระจายขององค์ประกอบหลักชุดข้อมูลที่ 1 ระหว่างเชื้อราสองสายพันธุ์ ได้แก่ Chaetomium (Cha) และ Aspergillus (Asp) โดยที่ Cha มีบางส่วนรวมกลุ่มกันอย่างใกล้ชิด ในขณะที่ Asp กระจายตัวมากกว่าในทุกๆ พื้นที่ สังกะตจาก PC1 มีช่วงของการกระจายตั้งแต่ -100 ถึง 150 ซึ่งบ่งชี้ว่าสามารถบันทึกความแปรปรวนในข้อมูลได้เป็นจำนวนมาก, PC2 มีช่วงตั้งแต่ -50 ถึง 100 แสดงให้เห็นว่าสามารถตรวจจับความแปรปรวนได้แต่น้อยกว่า PC1 และ PC3 มีช่วงตั้งแต่ 0 ถึง 75 บ่งชี้ว่าความแปรปรวนน้อยที่สุดเมื่อเปรียบเทียบกับ PC1 และ PC2 แต่ยังคงมีส่วนทำให้เกิดความแตกต่างระหว่างสายพันธุ์เชื้อรา

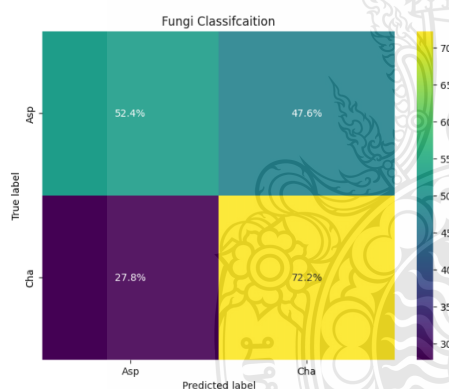
รูปที่ 4.2 การกระจายของชุดข้อมูลที่ 2

รูปที่ 4.2 แสดงการกระจายขององค์ประกอบหลักชุดข้อมูลที่ 2 ระหว่างเชื้อรา 5 สายพันธุ์ ได้แก่ Aspergillus (Asp), Absidia (Abs), Fusarium (Fus), Penicillium (Pen), และ Rhizopus (Rhi) การกระจายขององค์ประกอบหลักมีการทับซ้อนกัน โดย Asp และ Abs รวมถึง Fus และ Rhi ก่อตัวเป็นกระจุกที่ทับซ้อนกัน สังเกตเห็นได้ทั้งจุดที่มีการรวมกลุ่ม การกระจายดังกล่าวอธิบายจากองค์ประกอบของ PC1 อยู่ในช่วง -15 ถึง 20 มีความแปรปรวนในข้อมูลจำนวนมาก โดย PC2 อยู่ในช่วง -10 ถึง 10 แสดงความแปรปรวนมากแต่น้อยกว่า PC1 โดยที่ PC3 อยู่ในช่วง -5 ถึง 15 บ่งชี้ความแปรปรวนได้น้อยกว่าเมื่อเปรียบเทียบกับ PC1 และ PC2 ดังกล่าว ยังคงมีส่วนทำให้เกิดความแตกต่างระหว่างสายพันธุ์เชื้อรา แม้ว่าองค์ประกอบของข้อมูลมีการทับซ้อนกัน ชี้ให้เห็นถึง feature ที่มีความคล้ายคลึงกันซึ่งเกิดจากการสังเคราะห์ภาพถ่ายเชื้อรา

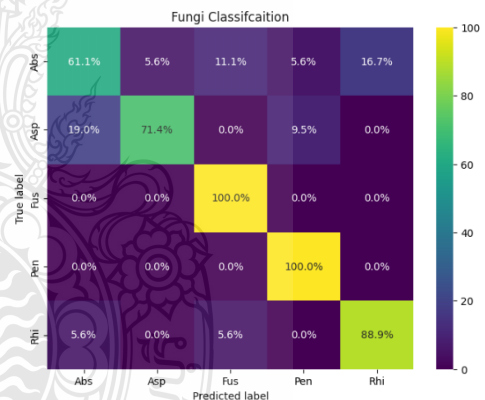
รูปที่ 4.3 การกระจายของชุดข้อมูลที่ 3

รูปที่ 4.3 แสดงการกระจายขององค์ประกอบหลักชุดข้อมูลที่ 3 ระหว่างเชื้อราจำนวนห้าสายพันธุ์ได้แก่ Asp, Abs, Fus, Pen และ Rhi แสดงการกระจายของข้อมูลภาพเชื้อราโดยไม่ผ่านการลดมิติจากการสังเกตพบว่ามียังองค์ประกอบหลักที่ทับซ้อนและกระจายแตกต่างกันบางส่วน และสามารถระบุคลัสเตอร์ที่แตกต่างกันในแต่ละคลัสได้บางส่วน ซึ่งบ่งชี้ว่าองค์ประกอบหลักมีประสิทธิภาพในการแยกความแตกต่างระหว่างคลัส โดย PC1, PC2 และ PC3 แสดงความแปรปรวนในช่วงตั้งแต่ประมาณ -4000 ถึง 4000 ของ PC 1, ประมาณ -2000 ถึง 3000 สำหรับ PC 2 และ PC 3 ทั้งนี้ ข้อมูลบนภาพมีการกระจายหลายจุด และทับซ้อนกันบางส่วนระหว่าง Pen และ Fus และเชื้อราสายพันธุ์ Abs, Asp และ Rhi มีบางส่วนกระจายแตกต่างกัน

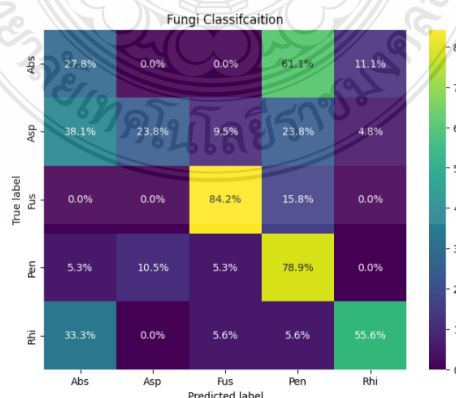
การกระจายของข้อมูลในรูปที่ 4.1, 4.2 และ 4.3 ผู้ศึกษานำชุดข้อมูลมาทดลองร่วมกับ support vector machines (SVM) [4] เพื่ออธิบายถึง data cleaning ของข้อมูลเชื้อรา ซึ่งเป็นขั้นตอนที่สำคัญเพื่อยกระดับคุณภาพของชุดข้อมูล ซึ่งสามารถอธิบายถึงข้อมูลที่ไม่สอดคล้องกันและความผิดปกติของข้อมูลเพื่อให้เกิดความน่าเชื่อถือ ขั้นตอนนี้เป็น การนำชุดข้อมูลมาทดลองโดยใช้คอร์เนลแบบลิเนียร์ แสดงผลการจำแนกเชื้อราด้วย confusion matrix ดังรูปที่ 4.4



(ก) Confusion matrix ของชุดข้อมูลที่ 1



(ข) Confusion matrix ของชุดข้อมูลที่ 2



(ง) Confusion matrix ของชุดข้อมูลที่ 3

รูปที่ 4.4 Confusion matrix ของ SVM

ในรูปที่ 4.4 Confusion matrix แสดงให้เห็นถึงผลการจำแนกเชื้อรา ซึ่งสะท้อนถึงความสับสนในระหว่างคลาสของในแต่ละชุดข้อมูล ประการแรก ในรูปที่ 4.4 (ก) การสับสนระหว่างเชื้อรา Asp และ Cha บ่งชี้ถึงปัญหาคุณลักษณะที่คล้ายคลึงหรือการทับซ้อนกันระหว่างคลาส ซึ่งเป็นเหตุผลที่เชื้อรา Cha ไม่ปรากฏในชุดข้อมูลที่ 2 และ 3 ประการที่สอง ในรูปที่ 4.4 (ข) และ (ค) เป็นผลของการปรับสมดุลของข้อมูลระหว่างคลาสในการทำ data cleaning ด้วยการเพิ่มจำนวนตัวอย่างในคลาสที่มีจำนวนน้อยเพื่อให้โครงข่ายจำแนกเชื้อราได้ดีขึ้น อย่างไรก็ตาม เชื้อรา Abs, Asp, และ Rhi ยังมีความสับสนร่วมกับสายพันธุ์อื่นๆ ซึ่งสะท้อนถึงความแปรปรวนทางสายพันธุ์ของเชื้อรา

4.2 ประสิทธิภาพโครงข่ายประสาทแบบหลายชั้น

ในตารางที่ 3.3 โครงข่ายประสาทเทียมถูกฝึกอบรมด้วยชุดข้อมูลที่ 1 ข้อมูลถูกแบ่งไว้สำหรับฝึกอบรมร้อยละ 80 (ข้อมูลสำหรับฝึกอบรมร้อยละ 60 และข้อมูลตรวจสอบร้อยละ 20) ส่วนที่เหลือสำหรับการทดสอบร้อยละ 20 หน่วยการเรียนรู้ของโครงข่ายกำหนดไว้ที่ 1000 โหนด และ 500 โหนด เพื่อป้อนข้อมูลและเรียนรู้ข้อมูลที่ซับซ้อน อัตราการเรียนรู้ถูกกำหนดไว้ที่ 10^{-4} การฝึกอบรมประยุกต์ใช้ฟังก์ชันแบบ Adam และใช้ Categorical cross entropy เพื่อแจกแจงความน่าจะเป็นของเป้าหมาย ผลการฝึกอบรม ผลการทดสอบ อัตราการสูญเสีย และเวลาที่สูญเสีย สรุปไว้ในตารางที่ 4.1

ในตารางที่ 4.1 เทียบผลการฝึกอบรมด้วยนิวรอน 500 โหนด พบว่าการฝึกอบรมด้วย Batch ที่ 64 มีประสิทธิภาพสูงสุดที่ร้อยละ 98.9 ซึ่งมากกว่า Batch ที่ 32, 128 และ 256 อยู่ที่ร้อยละ 3.5, 2 และ 2.1 ตามลำดับ เมื่อนำโครงข่ายมาทดสอบด้วยชุดข้อมูลทดสอบ พบว่าเมื่อ Batch เพิ่มขึ้นทำให้ผลของการทดสอบดีขึ้นตามลำดับ โดยมีผลการทดสอบสูงสุดที่ 97.8 ซึ่งเป็นผลของการทดสอบด้วย Batch ที่ 128 นอกจากนี้ เมื่อเทียบผลการฝึกอบรมด้วยนิวรอน 1,000 โหนด พบว่า Batch ที่ 128 มีประสิทธิภาพสูงสุดที่ 97.6 ซึ่งเป็นผลของการทดลองด้วย Batch ที่ 128 ซึ่งมากกว่ามากกว่า Batch ที่ 32, 64 และ 256 อยู่ที่ร้อยละ 0.8, 0.4 และ 0.2 เมื่อนำโครงข่ายมาทดสอบด้วยชุดข้อมูลทดสอบ พบว่า Batch ที่ 64 มีผลการทดสอบสูงสุดที่ 98.6 ผลดังกล่าวสอดคล้องกับค่าความสูญเสีย ซึ่งแสดงให้เห็นว่าเมื่อ Batch มากขึ้นส่งผลให้ค่าความสูญเสียลดลง อย่างไรก็ตาม เมื่อสังเกตถึงประสิทธิภาพดังกล่าวเป็นผลจากการฝึกอบรมที่ 200 และ 300 รอบ และผลดังกล่าวสูญเสียเวลาการฝึกอบรมที่ 5.12 ถึง 9.10 นาที แต่ในขณะเดียวกัน เมื่อเปรียบเทียบกับ การฝึกอบรมที่ 100 รอบ สูญเสียเวลาที่ 3.43 ถึง 6.18 นาที การเปรียบเทียบดังกล่าวแสดงให้เห็นถึงแนวทางการศึกษาที่ช่วยเพิ่มความเร็วในการฝึกอบรม ลดค่าความสูญเสีย ลดเวลา ซึ่งเป็นการปรับปรุงประสิทธิภาพโดยรวมของการฝึกอบรม ทั้งนี้ ยังคงขึ้นอยู่กับทรัพยากรการคำนวณ ขนาดข้อมูล และช่วงที่การเรียนรู้เข้าสู่ภาวะอิ่มตัว

ตารางที่ 4.1 ผลฝึกอบรมด้วยโครงข่ายประสาทเทียม

รอบการฝึกอบรม	ผลการฝึกอบรม (%)	ความสูญเสีย	เวลา (นาที)	ผลทดสอบ (%)	รอบการฝึกอบรม	ผลการฝึกอบรม (%)	ความสูญเสีย	เวลา (นาที)	ผลทดสอบ (%)
ขนาดของ Batch = 32 และ อัตราการเรียนรู้ = 10^{-4}									
500 โหนด (1 ชั้น: 100 โหนด)					1000 โหนด (1 ชั้น: 100 โหนด)				
100	92.1%	0.056	3.43	93.1%	100	93.1%	0.066	5.42	92.3%
200	94.5%	0.004	5.12	93.4%	200	96.2%	0.023	7.36	94.3%
300	95.4%	0.004	6.54	94.2%	300	96.8%	0.061	8.55	95.1%
ขนาดของ Batch = 64 และ อัตราการเรียนรู้ = 10^{-4}									
500 โหนด (1 ชั้น: 100 โหนด)					1000 โหนด (1 ชั้น: 100 โหนด)				
100	90.1%	0.042	4.02	95.6%	100	93.1%	0.031	5.12	94.2%
200	95.2%	0.003	5.52	95.2%	200	97.2%	0.002	6.38	98.6%
300	98.9%	0.003	6.46	96.9%	300	97.2%	0.002	8.43	98.0%
ขนาดของ Batch = 128 และ อัตราการเรียนรู้ = 10^{-4}									
500 โหนด (1 ชั้น: 100 โหนด)					1000 โหนด (1 ชั้น: 100 โหนด)				
100	94.8%	0.002	4.41	92.4%	100	94.3%	0.053	6.18	94.4%
200	96.4%	0.005	6.33	97.1%	200	97.6%	0.006	7.75	95.2%
300	96.9%	0.006	7.28	97.8%	300	97.2%	0.004	9.10	95.7%
ขนาดของ Batch = 256 และ อัตราการเรียนรู้ = 10^{-4}									
500 โหนด (1 ชั้น: 100 โหนด)					1000 โหนด (1 ชั้น: 100 โหนด)				
100	93.8%	0.006	4.53	95.6%	100	94.8%	0.007	4.40	95.7%
200	96.8%	0.005	6.02	94.8%	200	97.4%	0.005	7.48	95.2%
300	96.3%	0.006	8.31	96.3%	300	97.4%	0.002	8.16	96.5%

4.3 ผลการปรับโครงข่ายคอนโวลูชัน

โครงข่ายคอนโวลูชัน (LeNet5) เป็นโครงข่ายที่ถูกพัฒนาขึ้นเพื่อแก้ปัญหการรวบรวมคุณสมบัติของโครงข่ายประสาทเทียมด้วยการเพิ่มขั้นการสกัดคุณลักษณะภายในโครงข่าย การศึกษานี้ นำมาทดลองเพื่อเป็นแนวทางการศึกษา ผู้ศึกษาทดลองด้วยการกำหนดอัตราการเรียนรู้ไว้ที่ 10^{-4} และ

รอบการฝึกอบรมที่ 100 ทดลองด้วยชุดข้อมูลที่ 1 ข้อมูลถูกแบ่งไว้สำหรับฝึกอบรมร้อยละ 80 (ข้อมูลสำหรับฝึกอบรมร้อยละ 60 และข้อมูลตรวจสอบร้อยละ 20) ส่วนที่เหลือ สำหรับการทดสอบร้อยละ 20 สรุปผลการฝึกอบรมไว้ในตารางที่ 4.2

ในตารางที่ 4.2 ผลการฝึกอบรมของโครงข่ายคอนโวลูชันภายใต้ขนาด Batch ที่แตกต่างกัน (16, 32, 64, 128, 256) ประสิทธิภาพการฝึกอบรมสูงสุดอยู่ที่ร้อยละ 97.72 สำหรับ Batch ขนาด 16 แต่ใช้เวลาฝึกอบรมมากที่สุด ในขณะที่ Batch ที่ 128 และ 256 ให้ค่าความสูญเสียต่ำกว่า และใช้เวลาฝึกอบรมสั้นลง โดย Batch ขนาด 256 มีค่าความสูญเสียต่ำสุดที่ 0.0024 และใช้เวลาเพียง 1.68 นาที แต่ความแม่นยำลดลงเล็กน้อยอยู่ที่ร้อยละ 94.11

ตารางที่ 4.2 ผลการฝึกอบรมโครงข่ายคอนโวลูชัน

อัตราการเรียนรู้ (learning rate)/ขนาดของข้อมูล (Batch size)/ รอบการฝึกอบรม (epoch)	ผลของการ ฝึกอบรม	ค่าความ สูญเสีย	เวลาที่ฝึกอบรม (นาที)
ฝึกอบรมครั้งที่ 1: 10^{-4} ; 16, 100	97.72%	0.0244	2.84
ฝึกอบรมครั้งที่ 2: 10^{-4} ; 32, 100	96.04%	0.0221	2.85
ฝึกอบรมครั้งที่ 3: 10^{-4} ; 64, 100	96.42%	0.0078	2.34
ฝึกอบรมครั้งที่ 4: 10^{-4} ; 128, 100	94.08%	0.0051	1.84
ฝึกอบรมครั้งที่ 5: 10^{-4} ; 256, 100	94.11%	0.0024	1.68

ในตารางที่ 4.2 เมื่อสังเกตผลของ Batch size ที่ 128 และ 256 แม้ผลการฝึกอบรมจะด้อยกว่า Batch ขนาดเล็ก (16, 32 และ 64) แต่สามารถลดเวลาการฝึกอบรมได้อย่างมีนัยสำคัญ เนื่องจาก Batch ขนาดใหญ่ทำให้การคำนวณ gradient เฉลี่ยจากข้อมูลจำนวนมาก ส่งผลให้การฝึกอบรมมีความเสถียรและค่าความสูญเสียลดลง (loss) อย่างไรก็ตาม การใช้ Batch ขนาดใหญ่ทำให้จำนวนการอัปเดตน้ำหนักต่อ epoch ลดลง ซึ่งหมายความว่าโครงข่ายจะเรียนรู้จากการอัปเดตน้อยครั้งเกินไป ทำให้การค้นหา optimal point ของ gradient ช้ากว่าการใช้ Batch ขนาดเล็ก ในขณะที่ Batch ขนาดเล็กอัปเดตน้ำหนักบ่อยกว่า ส่งผลให้มีการเปลี่ยนแปลง gradient อย่างต่อเนื่องซึ่งช่วยให้โมเดลปรับปรุงประสิทธิภาพได้ดียิ่งขึ้น ทั้งนี้ ยังขึ้นปัจจัยหลายอย่างที่นำมาศึกษา เช่น โครงข่าย ข้อมูลพารามิเตอร์อื่นๆ รวมถึงทรัพยากรที่ใช้ในการคำนวณ (GPU)

การทดลองลำดับต่อมา ได้นำ CNN จากการทดลองก่อนหน้านี้มาปรับโครงสร้างและการทำงาน เพื่อประเมินประสิทธิภาพของโครงข่าย รายละเอียดของแต่ละโครงข่ายสรุปไว้ในตารางที่ 3.4 การ

ทดลองได้รับการฝึกอบรมด้วยการเรียนรู้ 50 และ 100 รอบ ในแต่ละรอบกำหนดขนาดของข้อมูล (Batch Size) ไว้ที่ 256 ฝึกอบรมด้วยชุดข้อมูลที่ 1 ข้อมูลถูกแบ่งไว้สำหรับฝึกอบรมร้อยละ 80 (ข้อมูลสำหรับฝึกอบรมร้อยละ 60 และข้อมูลตรวจสอบร้อยละ 20) ส่วนที่เหลือ สำหรับการทดสอบร้อยละ 20 ผลลัพธ์จากการฝึกอบรมสรุปไว้ในตารางที่ 4.3

ในตารางที่ 4.3 ผลการทดลองของ 5 โครงข่าย แสดงการเปรียบเทียบผลการฝึกอบรมด้วย 50 และ 100 รอบ พบว่าเมื่อจำนวนรอบการฝึกอบรมเพิ่มขึ้นเป็น 100 รอบ ความแม่นยำของแต่ละโครงข่ายเพิ่มขึ้น โดยเฉพาะโครงข่ายที่ 4 มีความแม่นยำสูงที่สุดที่ร้อยละ 98.56 และค่าความสูญเสียต่ำที่สุดที่ 0.0041 แต่ใช้เวลาฝึกอบรมที่ 9.57 นาที แต่ทว่า การฝึกอบรมด้วย 50 รอบ โครงข่ายที่ 5 ให้ผลแม่นยำสูงที่สุดที่ร้อยละ 97.02 และใช้เวลาฝึกอบรม 4.48 นาที

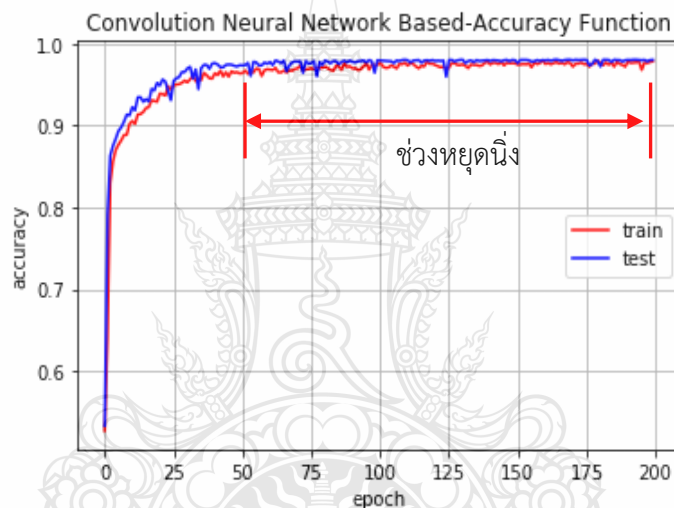
ตารางที่ 4.3 ผลการฝึกอบรมการปรับโครงข่ายคอนโวลูชัน

โครงข่าย	รอบฝึกอบรม	ผลการฝึกอบรม	ความสูญเสีย	เวลาฝึกอบรม
โครงข่ายที่ 1	50	95.41%	0.0108	1.48 นาที
	100	97.74%	0.0164	2.40 นาที
โครงข่ายที่ 2	50	95.65%	0.0176	2.18 นาที
	100	97.88%	0.0143	3.23 นาที
โครงข่ายที่ 3	50	96.17%	0.0102	3.92 นาที
	100	98.16%	0.0020	8.33 นาที
โครงข่ายที่ 4	50	96.26%	0.0073	4.21 นาที
	100	98.56%	0.0041	9.57 นาที
โครงข่ายที่ 5	50	97.02%	0.0065	4.48 นาที
	100	98.13%	0.0045	9.68 นาที

วิเคราะห์ผลการฝึกอบรมในตารางที่ 4.3 ร่วมกับการออกแบบโครงข่ายในตารางที่ 3.4 การออกแบบโครงข่ายที่ 4 เป็นโครงข่ายที่ได้รับผลการทดลองดีที่สุดเป็นผลจากการออกแบบด้วยการเพิ่มขนาดตัวกรองแบบค่อยเป็นค่อยไป บล็อก 1 (32); บล็อก 2 (64); บล็อก 3 (128); บล็อก 4 (128); บล็อก 5 (512) โดยมี max pooling ขนาด 2x2 เห็นได้ว่าเป็นการออกแบบดังกล่าวส่งผลต่อความเสถียรในการประมวลผล และส่งผลต่อการรวบรวมข้อมูลที่ซับซ้อนได้ดีกว่าโครงสร้างที่มีขนาดเล็ก ทำให้โครงข่ายที่ 4 มีผลการฝึกอบรมที่ดีจากการฝึกอบรม 100 รอบ แต่ทว่า โครงข่ายที่ 5 ได้รับผลที่ดีกว่าโครงข่ายที่ 4 ในการฝึกอบรมด้วย 50 รอบ เป็นเหตุจากการออกแบบโครงข่ายให้มีตัวกรองอยู่ใน

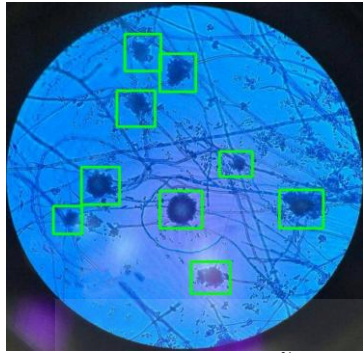
ระดับกลาง บล็อก 1 (35); บล็อก 2 (45); บล็อก 3 (45); บล็อก 4 (60); บล็อก 5 (60) ทำให้โครงข่ายสามารถรับมือกับข้อมูลที่มีความแปรผัน และเรียนรู้ได้รวดเร็วกว่า ซึ่งส่งผลทำให้ไม่เกิดปัญหา overfitting ในขณะฝึกอบรม

ในตารางที่ 4.3 โครงข่ายที่ 1 ได้รับการปรับปรุงเพิ่มเติมโดยการเพิ่มจำนวนรอบการฝึกอบรมเป็น 200 รอบ พร้อมกับกำหนดอัตราการเรียนรู้ไว้ที่ 10^{-3} ซึ่งทำให้ประสิทธิภาพการฝึกอบรมสูงสุดอยู่ที่ 98.03% ผลการฝึกอบรมดังกล่าวแสดงในรูปที่ 4.5 เพื่อให้เกิดแนวทางการพัฒนา ผู้ศึกษาได้นำโครงข่ายที่ 1 มาทดลองรวมกับการแบ่งพื้นที่วัตถุในภาพด้วยระบบสี HSV และ YCbCr สำหรับการตรวจจับเชื้อรา ซึ่งผลการตรวจจับแสดงในรูปที่ 4.6

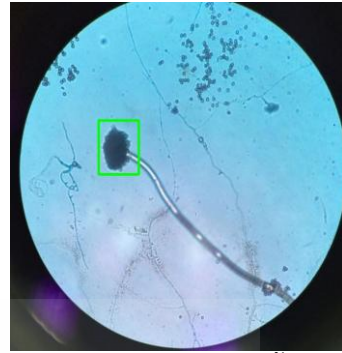


รูปที่ 4.5 ผลฝึกอบรมโครงข่ายคอนโวลูชัน (โครงข่าย 1)

ในรูปที่ 4.5 แม้ว่าการฝึกอบรมจำนวน 200 รอบจะให้ผลลัพธ์ที่ดี แต่เมื่อสังเกตพบว่าโครงข่ายมีการเรียนรู้ที่หยุดนิ่งระหว่างรอบที่ 50 ถึงรอบที่ 200 ซึ่งอธิบายถึงความอืดในการเรียนรู้ และบ่งบอกว่าโครงข่ายอาจถึงจุดที่ควรพิจารณาหยุดการฝึก (early stopping) เพื่อหลีกเลี่ยงการฝึกอบรมที่เกินความจำเป็น ซึ่งจะช่วยประหยัดเวลาในการฝึกและลดโอกาสการเกิด overfitting จึงเป็นเหตุผลที่การทดลองอื่น ๆ ถูกกำหนดให้ใช้จำนวนรอบการฝึกอบรมเพียง 50 และ 100 รอบ ซึ่งเป็นช่วงกลางของการฝึกอบรม



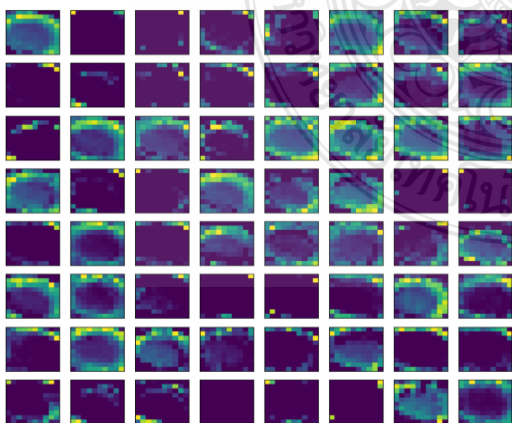
(ก) ตัวอย่างการตรวจจับเชื้อราที่ 1



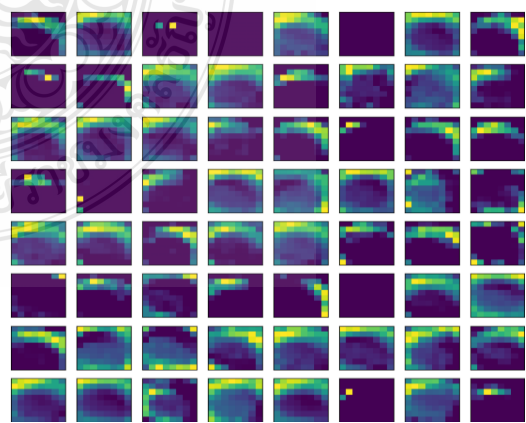
(ข) ตัวอย่างการตรวจจับเชื้อราที่ 2

รูปที่ 4.6 ผลตรวจจับเชื้อราด้วยโครงข่ายคอนโวลูชัน (โครงข่าย 1)

เมื่อเปรียบเทียบผลการทดลองในตารางที่ 4.1, 4.2 และ 4.3 จากการฝึกอบรมที่ 100 รอบ พบว่าในตารางที่ 4.3 โครงข่ายที่ 4 และ 5 ให้ความแม่นยำสูงสุดที่ร้อยละ 98.56 และ 98.13 ตามลำดับ แม้ว่าจะมีประสิทธิภาพที่ดี แต่ทั้งสองโครงข่ายใช้เวลาฝึกอบรมค่อนข้างนาน (9.57 และ 9.68 นาที) ผลดังกล่าวแสดงให้เห็นถึงแนวทางการศึกษาเพื่อเพิ่มความสามารถของโครงข่ายดังเสนอ เพื่อเปรียบเทียบถึงความแตกต่างในการพัฒนา ผู้ศึกษาได้วิเคราะห์ Feature map ของโครงข่าย ดังในรูปที่ 4.7 พบว่า โครงข่ายที่ 1 และ 2 ถูกออกแบบมาเพื่อรวบรวมคุณลักษณะและโครงสร้างขนาดใหญ่ เช่น ขอบภาพ หรือเส้นแนวตั้งและแนวนอน ขณะที่โครงข่ายที่ 3, 4, และ 5 มุ่งเน้นไปที่การตรวจจับรายละเอียดเล็ก ๆ ซึ่งเฉพาะเจาะจงมากขึ้น โดยโครงข่ายที่ 4 มีการตรวจจับที่ชัดเจนและโฟกัสในจุดเล็ก ส่วนสุดท้าย โครงข่ายที่ 5 แสดงผลการตรวจจับคุณลักษณะที่กระจายได้ดีที่สุด ซึ่งสะท้อนถึงการออกแบบที่มุ่งเน้นการตรวจจับคุณลักษณะของเชื้อราที่มีความแปรผันอย่างมีประสิทธิภาพ

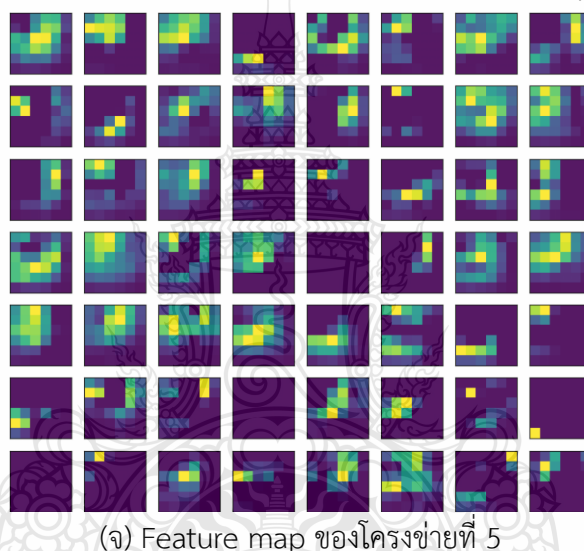
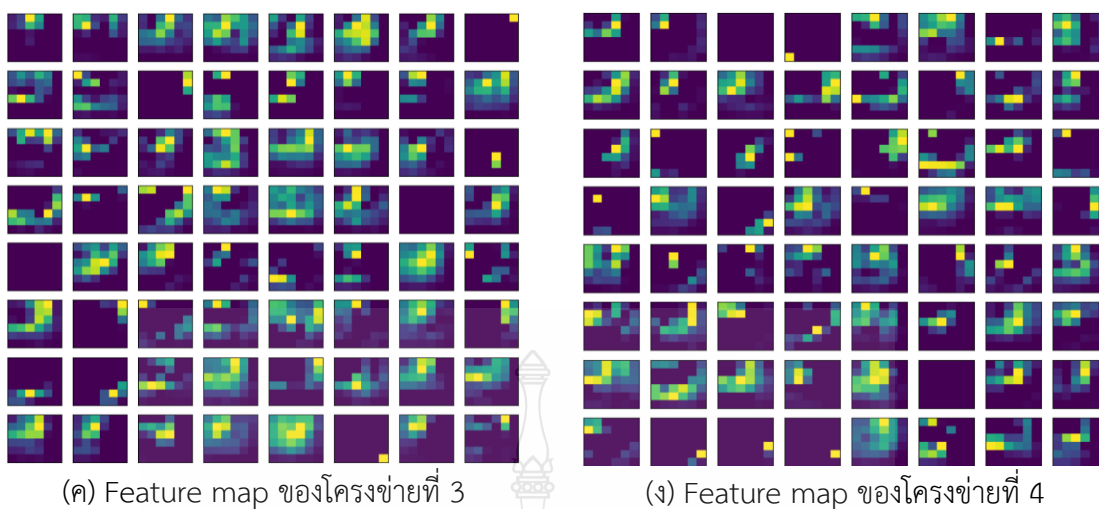


(ก) Feature map ของโครงข่ายที่ 1



(ข) Feature map ของโครงข่ายที่ 2

รูปที่ 4.7 ผลเปรียบเทียบ Feature Map ของโครงข่ายคอนโวลูชัน



รูปที่ 4.7 ผลเปรียบเทียบ Feature Map ของโครงข่ายคอนโวลูชัน (ต่อ)

4.4 ผลการปรับโครงข่ายคอนโวลูชันร่วมกับการคัดข้อมูล

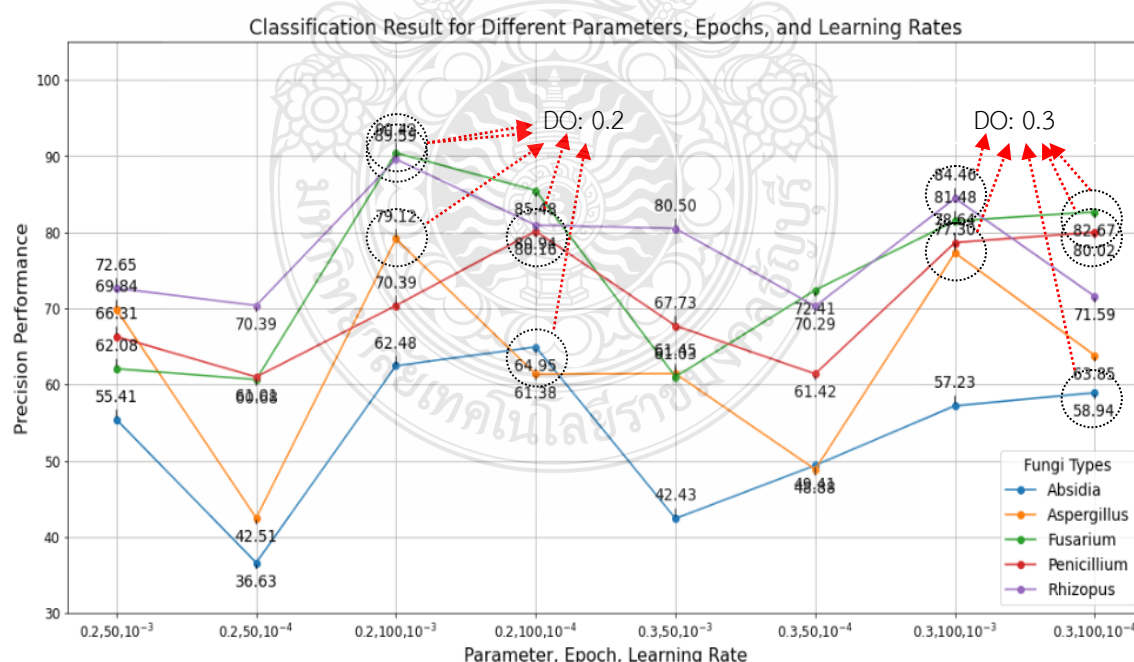
4.4.1 ผลการปรับโครงข่ายคอนโวลูชันร่วมกับ Dropout

โครงข่ายคอนโวลูชันร่วมกับ Dropout (DO) ในตารางที่ 3.5 ทดลองโดยปรับเปลี่ยนจำนวนรอบการฝึกอบรมเป็น 50 รอบ และ 100 รอบ ในแต่ละรอบสุ่มข้อมูลเพื่อฝึกอบรมไว้ที่ 256 การทดลองได้กำหนดพารามิเตอร์ของ DO ไว้ที่ 0.2 และ 0.3 เพื่อให้เป็นมาตรฐานเดียวกันสำหรับการคัดออกฝึกอบรมด้วยชุดข้อมูลที่ 2 ชุดข้อมูลถูกแบ่งไว้สำหรับฝึกอบรมร้อยละ 85.66 (ข้อมูลสำหรับฝึกอบรมร้อยละ 71.38 และข้อมูลตรวจสอบร้อยละ 14.28) ส่วนที่เหลือ สำหรับการทดสอบร้อยละ 14.33 ผลลัพธ์จากการฝึกอบรมสรุปไว้ในตารางที่ 4.4 ผลการจำแนกแสดงไว้ในรูป 4.8

ตารางที่ 4.4 ผลการปรับโครงสร้างคอนโวลูชันร่วมกับ DO

พารามิเตอร์	รอบการฝึกอบรม	ผลการฝึกอบรม					
		10^{-3}	เวลา (นาทื)	10^{-4}	เวลา (นาทื)	10^{-5}	เวลา (นาทื)
0.2	50	96.18 %	4.22	96.22 %	4.08	86.02 %	5.56
	100	95.71 %	9.34	96.84 %	8.71	92.45 %	8.84
0.3	50	96.04 %	4.51	96.19 %	4.15	85.81 %	5.64
	100	96.39 %	9.53	97.30 %	8.56	87.81 %	9.89

ในตารางที่ 4.4 พบว่า DO ที่ 0.2 ของการฝึกอบรมเป็นจำนวน 50 รอบ และใช้อัตราการเรียนรู้ที่ 10^{-4} มีประสิทธิภาพการฝึกอบรมที่ร้อยละ 96.22 อย่างไรก็ตาม ผลการฝึกอบรมดังกล่าวยังน้อยกว่าการฝึกอบรม 100 รอบ ซึ่งให้ผลต่างอยู่ที่ 0.62 เปอร์เซ็นต์ และใช้เวลาฝึกอบรมมากกว่าอย่างเห็นได้ชัดในทางกลับกัน เมื่อเพิ่มค่า DO เป็น 0.3 การฝึกอบรม 100 รอบให้ผลลัพธ์ที่ดีกว่าการฝึก 50 รอบ โดยเฉพาะอย่างยิ่งเมื่อใช้อัตราการเรียนรู้ที่ 10^{-3} และ 10^{-4} ซึ่งมีผลการฝึกอบรมมากกว่าร้อยละ 0.35 และ 1.19 ตามลำดับ แต่ข้อเสียคือเวลาที่สูญเสียในการฝึกอบรม



รูปที่ 4.8 ความถูกต้องของการจำแนกเชื้อราของโครงสร้างคอนโวลูชันร่วมกับ DO

ในตารางที่ 4.4 เมื่อเปรียบเทียบกับผลการทดลองในตารางที่ 4.3 (โครงข่ายที่ 5) จะเห็นได้ว่าการเพิ่มเทคนิคการคัดข้อมูลลงในขั้นตอนการสกัดคุณสมบัติทำให้ประสิทธิภาพลดลง ซึ่งเป็นผลจากการที่ข้อมูลถูกเพิ่มจำนวนมากขึ้น ทำให้โครงข่ายต้องเรียนรู้ข้อมูลที่หลากหลายขึ้น แม้ว่าการใช้เทคนิค dropout จะช่วยลดปัญหา overfitting ในการฝึกอบรม แต่ในกรณีนี้ ใช้เทคนิค dropout ในขั้นตอนการสกัดคุณลักษณะ ซึ่งมีเป้าหมายเพื่อป้องกันไม่ให้โครงข่ายประมวลผลคุณสมบัติจากกลุ่มข้อมูลหนึ่งกลุ่มเท่านั้น อีกทั้งยังช่วยให้โครงข่ายเรียนรู้คุณลักษณะได้อย่างกระจายและมีความยืดหยุ่นมากขึ้น เมื่อนำโครงข่ายเหล่านี้มาทดสอบเพื่อจำแนกเชื้อรา

ในรูปที่ 4.8 แสดงค่าความแม่นยำในการจำแนกเชื้อรา ความแม่นยำที่ได้จาก DO ที่ 0.2 และฝึกอบรม 100 รอบ มีความแม่นยำอยู่ที่ร้อยละ 64.95 สำหรับ Absidia, ร้อยละ 79.12 สำหรับ Aspergillus, ร้อยละ 90.42 สำหรับ Fusarium, ร้อยละ 80.16 สำหรับ Penicillium และ ร้อยละ 89.59 สำหรับ Rhizopus ซึ่งเป็นค่าความแม่นยำที่สูงกว่าการทดลองที่ใช้ค่า DO ที่ 0.3 ภายใต้การฝึกอบรม 100 รอบ เช่นเดียวกัน ความแม่นยำที่ได้จาก DO ที่ 0.3 ได้รับความแม่นยำที่ร้อยละ 58.94 สำหรับ Absidia, ร้อยละ 77.30 สำหรับ Aspergillus, ร้อยละ 82.67 สำหรับ Fusarium, ร้อยละ 80.02 สำหรับ Penicillium และ ร้อยละ 84.46 สำหรับ Rhizopus ผลการจำแนกนี้ แสดงให้เห็นได้ว่า DO ที่ 0.2 มีความเหมาะสมมากกว่าในการจำแนกเชื้อราแต่ละสายพันธุ์ โดยเฉพาะ Fusarium และ Rhizopus ที่มีความแม่นยำสูงกว่า ตามลำดับ

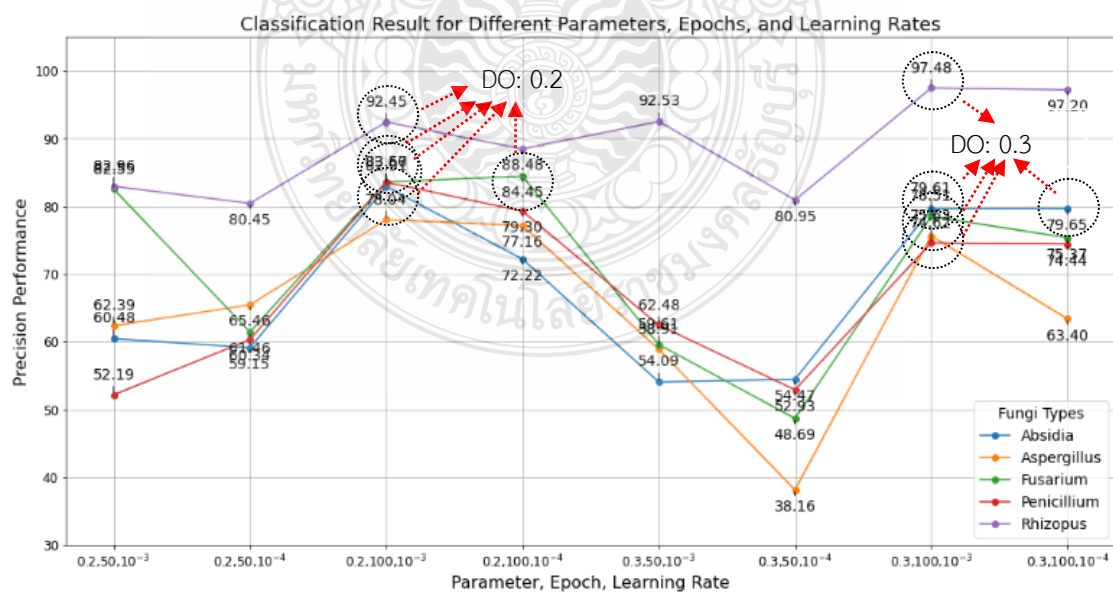
4.4.2 ผลการปรับโครงข่ายคอนโวลูชันร่วมกับ Spatial Dropout

โครงข่ายคอนโวลูชันร่วมกับ Spatial Dropout (SD) ในตารางที่ 3.5 ได้รับการออกแบบเพื่อรักษาความสอดคล้องในเชิงพื้นที่ภายในโครงข่าย และเพื่อป้องกันไม่ให้ใช้แผนที่คุณลักษณะจากกลุ่มเดียวกันมากเกินไป ซึ่งอาจเกิดจากการที่โครงข่ายเรียนรู้จากคุณลักษณะบางกลุ่มซ้ำ ๆ จนเกินไป ส่งผลทำให้ความหลากหลายของการเรียนรู้ลดลง ผู้ศึกษาทดลองโดยปรับเปลี่ยนจำนวนรอบการฝึกอบรมที่ 50 รอบ และ 100 รอบ ในแต่ละรอบสุ่มข้อมูลเพื่อฝึกอบรมไว้ที่ 256 โดยฝึกอบรมด้วยชุดข้อมูลที่ 2 ชุด ข้อมูลถูกแบ่งไว้สำหรับฝึกอบรมร้อยละ 85.66 (ข้อมูลสำหรับฝึกอบรมร้อยละ 71.38 และข้อมูลตรวจสอบร้อยละ 14.28) ส่วนที่เหลือ สำหรับการทดสอบร้อยละ 14.33 ผลการฝึกอบรมเปรียบเทียบขนาด SD กำหนดไว้ที่ 0.2 และ 0.3 ผลลัพธ์จากการฝึกอบรมสรุปไว้ในตารางที่ 4.5 ผลลัพธ์การจำแนกแสดงไว้ในรูป 4.9

ตารางที่ 4.5 ผลการปรับโครงข่ายคอนโวลูชันร่วมกับ SD

พารามิเตอร์	รอบการฝึกอบรม	ผลการฝึกอบรม					
		10^{-3}	เวลา (นาทื)	10^{-4}	เวลา (นาทื)	10^{-5}	เวลา (นาทื)
0.2	50	97.33 %	3.59	97.87 %	3.35	94.75 %	4.05
	100	98.88 %	7.97	98.11 %	7.94	95.74 %	8.66
0.3	50	97.85 %	4.12	97.42 %	3.87	93.02 %	4.28
	100	98.56 %	7.41	98.60 %	8.19	94.66 %	8.25

ในตารางที่ 4.5 ประสิทธิภาพการทดลองที่ดีที่สุดอยู่ที่ร้อยละ 98.88 ซึ่งได้จากการฝึกอบรมโครงข่ายจำนวน 100 รอบ โดยใช้พารามิเตอร์การคัดข้อมูลที่ค่า 0.2 ผลลัพธ์นี้สะท้อนถึงปริมาณการคัดคุณสมบัติที่เหมาะสมสำหรับการคอนโวลูชัน เมื่อนำมาเปรียบเทียบกับผลการฝึกอบรมอื่น ๆ พบว่าการเพิ่ม SD ลงในชั้นการสกัดคุณลักษณะนั้น ช่วยปรับปรุงผลลัพธ์ให้ดียิ่งขึ้นอย่างมีนัยสำคัญเมื่อเทียบกับผลการทดลองในตารางที่ 4.3 และ 4.4 ผลลัพธ์ที่ดีขึ้นนี้เกิดจากความสามารถของโครงข่ายในการรักษาความสัมพันธ์เชิงพื้นที่ภายในแผนผังคุณลักษณะแต่ละกลุ่ม ซึ่งส่งผลให้โครงข่ายลดลักษณะที่ซ้ำซ้อน ทำให้เครือข่ายเรียนรู้ได้คุณลักษณะอย่างมีประสิทธิภาพ เมื่อนำโครงข่ายไปวัดผลด้วยข้อมูลการทดสอบเพื่อจำแนกเชื้อรา ผลการจำแนกแสดงไว้ในรูป 4.9



รูปที่ 4.9 ความถูกต้องของการจำแนกเชื้อราของโครงข่ายคอนโวลูชันร่วมกับ SD

ในรูปที่ 4.9 แสดงให้เห็นถึงความแม่นยำในการจำแนกเชื้อรา ผลของ SD ที่ 0.2 จากการฝึกอบรม 100 รอบ มีความแม่นยำอยู่ที่ร้อยละ 82.91 สำหรับ Absidia, ร้อยละ 78.04 สำหรับ Aspergillus, ร้อยละ 84.45 สำหรับ Fusarium, ร้อยละ 83.57 สำหรับ Penicillium และ ร้อยละ 92.45 สำหรับ Rhizopus ตามลำดับ เมื่อเปรียบเทียบกับผลการทดลองโดยใช้ค่า SD ที่ 0.3 ภายใต้การฝึกอบรม 100 รอบเช่นกัน พบว่าความแม่นยำสูงสุดของ Absidia ลดลงมาอยู่ที่ร้อยละ 79.65, Aspergillus ที่ร้อยละ 75.63, Fusarium ที่ร้อยละ 78.51, Penicillium ที่ร้อยละ 74.62 แต่พบว่า Rhizopus มีความแม่นยำสูงขึ้น โดยมีความแม่นยำร้อยละ 97.48 ผลการทดลองนี้แสดงให้เห็นว่า SD ทั้งสองแบบมีผลต่อประสิทธิภาพการจำแนกในแต่ละสายพันธุ์ต่างกัน โดย SD ที่ 0.2 จะให้ผลลัพธ์ที่ดีกว่าในหลายสายพันธุ์ ยกเว้นในกรณีของ Rhizopus ที่ค่า SD ที่ 0.3 ให้ผลลัพธ์ที่ดีกว่า

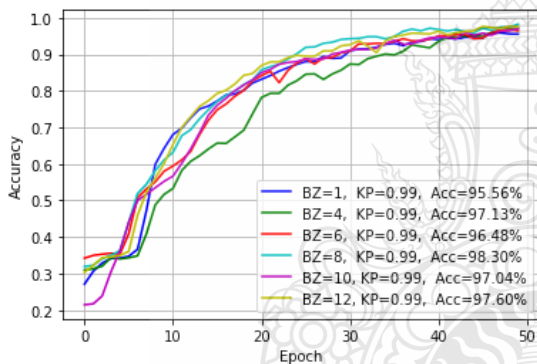
4.4.3 ผลการปรับโครงข่ายประสาทคอนโวลูชันร่วมกับ DropBlock

โครงข่ายคอนโวลูชันร่วมกับ DropBlock (DB) ในตารางที่ 3.5 ได้รับการออกแบบเพื่อคัดกรองคุณสมบัติแบบกลุ่ม โดยอาศัยการหาพื้นที่ๆ ใกล้เคียงกันในแผนที่คุณลักษณะ จากนั้นจึงสร้างกลุ่มข้อมูลเพื่อทำการคัดคุณสมบัติ การออกแบบนี้ช่วยให้โครงข่ายเรียนรู้คุณสมบัติที่หลากหลายและไม่ซ้ำกัน การทดลองนี้ฝึกอบรมด้วยการเรียนรู้ 50 รอบ ในแต่ละรอบสุ่มข้อมูลเพื่อฝึกอบรมไว้ที่ 256 โดยฝึกอบรมด้วยชุดข้อมูลที่ 2 ชุดข้อมูลถูกแบ่งไว้สำหรับฝึกอบรมร้อยละ 85.66 (ข้อมูลสำหรับฝึกอบรมร้อยละ 71.38 และข้อมูลตรวจสอบร้อยละ 14.28) ส่วนที่เหลือ สำหรับการทดสอบร้อยละ 14.33 การทดลองนี้มีการปรับพารามิเตอร์ของ DB ได้แก่ ขนาดการออก (Block Size: BZ) และพารามิเตอร์ของหน่วยควบคุม (Keep Prop: KP) เพื่อหาค่าที่เหมาะสมที่สุด ผลการฝึกอบรมสรุปไว้ในตารางที่ 4.6

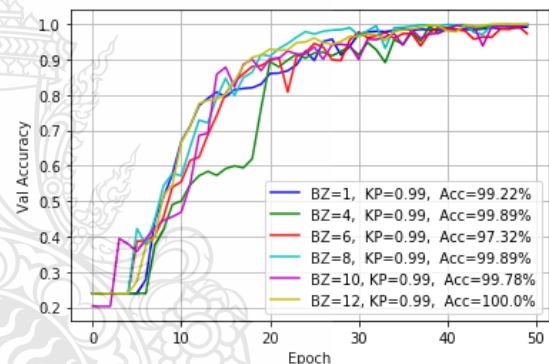
ตารางที่ 4.6 ผลการปรับโครงข่ายคอนโวลูชันร่วมกับ DB

การเปลี่ยนแปลงขนาดการคัดออก				ความสัมพันธ์ของพารามิเตอร์แบบสุ่ม			
ขนาดการ คัดออก	หน่วย ควบคุม	ผลการ ทดลอง	เวลาที่ สูญเสีย (นาท)	ขนาดการ คัดออก	หน่วย ควบคุม	ผลการ ทดลอง	เวลาที่ สูญเสีย (นาท)
1	0.99	95.56 %	3.82	4	0.61	94.36 %	4.06
4	0.99	97.13 %	3.70	3	0.72	87.05 %	3.83
6	0.99	96.48 %	4.12	2	0.58	87.75 %	4.34
8	0.99	98.30 %	3.41	7	0.70	96.01 %	3.92
10	0.99	97.04 %	3.70	1	0.65	91.66 %	4.34
12	0.99	97.60 %	3.91	11	0.81	96.66 %	3.89

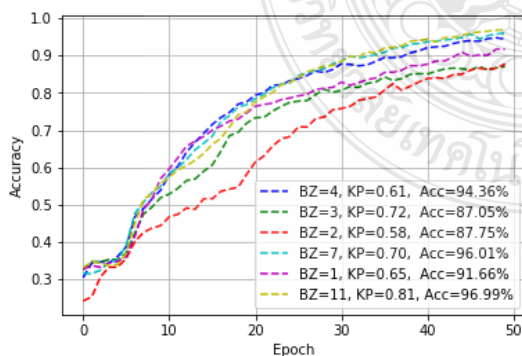
ในตารางที่ 4.6 แสดงให้เห็นถึงผลกระทบของการปรับขนาดการคัดออกที่แตกต่างกัน เพื่อเพิ่มประสิทธิภาพ และลดเวลาที่ใช้ในการฝึกอบรม การทดลองแบ่งออกเป็นสองส่วนหลัก: ส่วนแรกคือการเปลี่ยนแปลง BZ ซึ่งผลการทดลองชี้ให้เห็นว่าเมื่อ BZ เพิ่มขึ้นจาก 1 ถึง 8 โดยมี KP ที่ 0.99 ความแม่นยำของโครงข่ายเพิ่มขึ้นอย่างชัดเจนจากร้อยละ 95.56 ไปจนถึงร้อยละ 98.30 อย่างไรก็ตาม เมื่อเพิ่มขนาด BZ มากเกินไป (BZ ที่ 10 และ 12) ความแม่นยำเริ่มลดลงเล็กน้อย ส่วนที่สองคือความสัมพันธ์ของพารามิเตอร์แบบสุ่ม (BZ และ KP) โดยที่ BZ ที่ 11 และ KP ที่ 0.81 ให้ความแม่นยำสูงสุดถึงร้อยละ 96.66 ซึ่งดีกว่าการฝึกอบรมพารามิเตอร์อื่นๆเล็กน้อย อย่างไรก็ตาม เวลาที่ใช้ในการฝึกอบรมจะเพิ่มขึ้นเล็กน้อยเช่นกันเมื่อขนาดของ BZ เพิ่มขึ้น โดยอยู่ในช่วง 3.89 ถึง 4.34 นาที ผลการทดลองแสดงให้เห็นว่า การออกแบบโครงข่ายคอนโวลูชันร่วมกับ DB มีประสิทธิภาพสูงในการเพิ่มความแม่นยำและการจำแนกเชื้อราได้อย่างชัดเจน และยังสะท้อนถึงความยืดหยุ่นของพารามิเตอร์ที่สามารถรักษาข้อมูลเชิงพื้นที่ได้อย่างมีประสิทธิภาพ ทำให้โครงข่ายสามารถเรียนรู้และประมวลผลได้เป็นอย่างดี



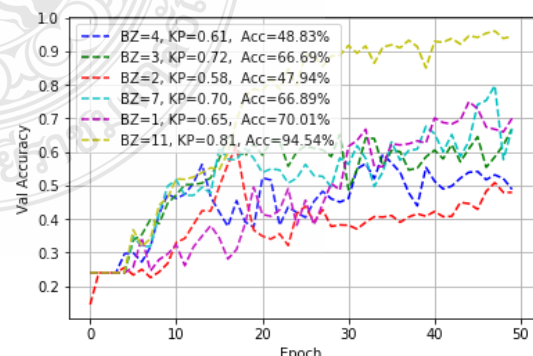
(ก) ผลการฝึกอบรมของการเปลี่ยนแปลงขนาดการคัดออก



(ข) ผลตรวจสอบความถูกต้องของการฝึกอบรมของการเปลี่ยนแปลงขนาดการคัดออก



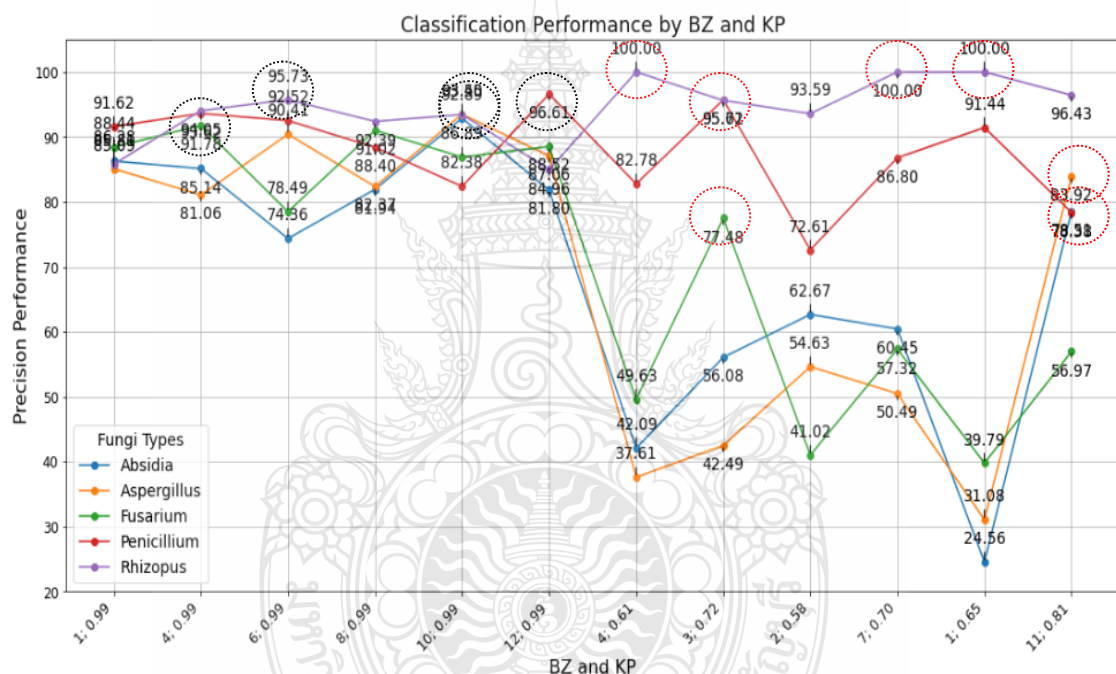
(ค) ผลการฝึกอบรมของความสัมพันธ์ของพารามิเตอร์แบบสุ่ม



(ง) ผลตรวจสอบความถูกต้องของความสัมพันธ์ของพารามิเตอร์แบบสุ่ม

รูปที่ 4.10 ผลเส้นโค้งของการปรับโครงข่ายคอนโวลูชันร่วมกับ DB

ผลการฝึกอบรมในตารางที่ 4.6 เมื่อแสดงผลในลักษณะของเส้นโค้งการฝึกอบรมแสดงในรูปที่ 4.10 เส้นกราฟในรูปแบ่งออกเป็นสี่ส่วนหลัก แสดงถึงการเปรียบเทียบผลการฝึกอบรม (Training Accuracy) และผลตรวจสอบความถูกต้อง (Validation Accuracy) ภายใต้จำนวนรอบการฝึกอบรม 50 รอบ ในรูป 4.10 (ก) และ (ข) แสดงผลการทดลองการเปลี่ยนแปลงขนาดการคัดออก BZ ตั้งแต่ 1 ถึง 12 โดยมี KP ที่ 0.99 เส้นกราฟแสดงว่าความแม่นยำเพิ่มขึ้นเรื่อย ๆ โดย BZ ที่ 8 และ 12 ให้ผลการฝึกอบรมที่ดี เมื่อสังเกตเส้นโค้งของโครงข่ายอยู่ในกลุ่มเดียวกัน และแตกต่างกันเพียงเล็กน้อย และเมื่อสังเกตในรูป 4.10 (ค) และ (ง) เส้นโค้งโค้งเรียนรู้ช้ากว่าเล็กน้อยและมีความผันผวน เมื่อนำโครงข่ายมาวัดผลการจำแนกเชื้อราด้วยชุดข้อมูลการทดสอบ ผลการจำแนกแสดงไว้ในรูป 4.11

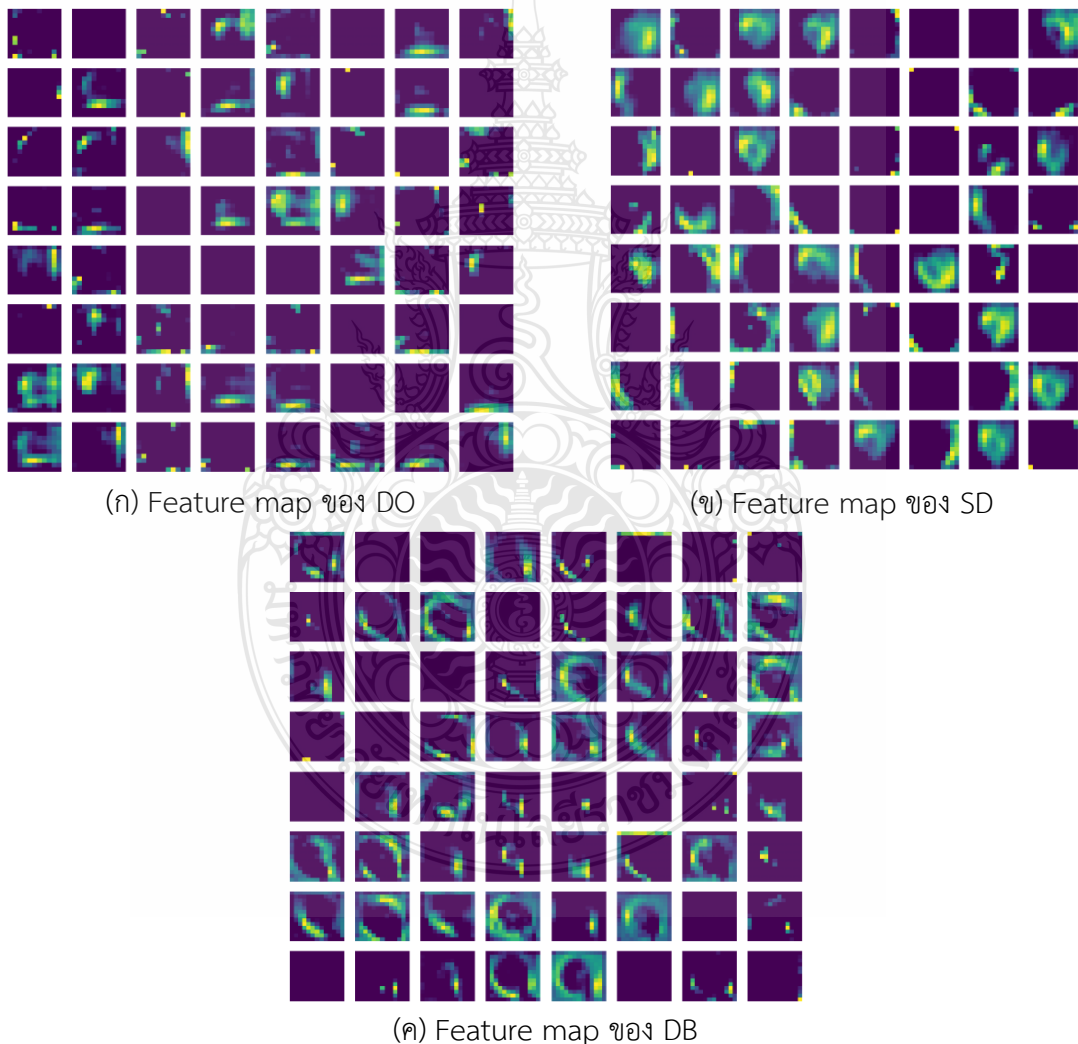


รูปที่ 4.11 ความถูกต้องของการจำแนกเชื้อราของโครงข่ายคอนโวลูชันร่วมกับ DB

ในรูปที่ 4.11 แสดงความแม่นยำการจำแนกเชื้อรา ได้แก่ Absidia, Aspergillus, Fusarium, Penicillium และ Rhizopus การทดลองนี้ใช้การเปลี่ยนแปลงขนาด BZ มีความถูกต้องสูงสุดอยู่ที่ร้อยละ 92.89 สำหรับ Absidia, ร้อยละ 93.50 สำหรับ Aspergillus, ร้อยละ 91.78 สำหรับ Fusarium, ร้อยละ 96.61 สำหรับ Penicillium และ ร้อยละ 95.73 สำหรับ Rhizopus ซึ่งแสดงให้เห็นว่าการเปลี่ยนแปลงขนาดการคัดออกช่วยเพิ่มประสิทธิภาพในการจำแนกเชื้อราได้อย่างมีประสิทธิภาพ โดยเฉพาะ Penicillium และ Rhizopus ที่มีความแม่นยำสูง ในขณะที่การทดลองที่ใช้ความสัมพันธ์ของพารามิเตอร์แบบสุ่มให้ความแม่นยำที่ต่ำกว่าสำหรับ Absidia, Aspergillus, Fusarium, และ

Penicillium โดยมีค่าความแม่นยำสูงสุดอยู่ที่ร้อยละ 78.51, 83.92, 77.48 และ 95.71 แต่พบว่า Rhizopus มีความแม่นยำสูงถึงร้อยละ 100

เมื่อวิเคราะห์ Feature maps ของโครงข่ายในรูปที่ 4.12 (ก), (ข) และ (ค) เปรียบเทียบคุณลักษณะที่ได้จากการใช้เทคนิคการคัดออกทั้งสามรูปแบบ ได้แก่ DO, SD, และ DB เพื่ออธิบายถึงความแตกต่างกันของคุณลักษณะที่ได้จากการคัดข้อมูล โดยคุณลักษณะของ DO ในรูปที่ 4.12 (ก) เกิดการกระจายกระจายและไม่สม่ำเสมอ ในขณะที่ SD ในรูปที่ 4.12 (ข) คุณลักษณะมีความชัดเจนมากขึ้นในรูปแบบที่กว้างขึ้น แต่ยังมีบางส่วนที่ขาดหาย สุดท้าย DB ในรูปที่ 4.12 (ค) คุณลักษณะมีความเด่นชัดและครอบคลุมพื้นที่มากที่สุด



รูปที่ 4.12 ผลเปรียบเทียบ Feature Map ของคอนโวลูชันร่วมกับการคัดข้อมูล

4.5 ผลการถ่ายโอนการเรียนรู้

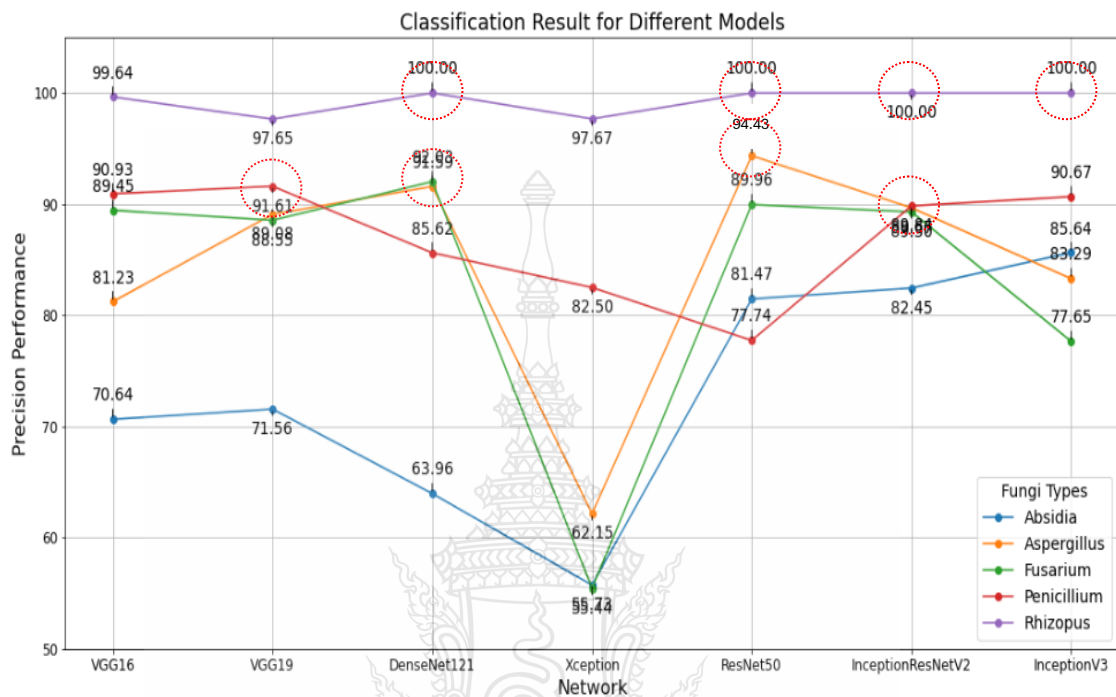
สถาปัตยกรรมการเรียนรู้เชิงลึกถูกนำมาทดลองรวมกับการถ่ายโอนข้อมูล การศึกษานี้ นำโครงข่ายแบบใหม่จำนวน 7 โครงข่าย มาฝึกอบรมร่วมกับชุดข้อมูลของเชื้อรา โครงข่ายที่ถูกนำมาทดลองมีถึงข้อดีและข้อด้อยที่แตกต่าง รวมถึงการฝึกอบรมใช้อัตราการเรียนรู้และขนาดของภาพต่างกัน สาเหตุจากโครงสร้าง ลำดับชั้น การรับรู้ของชั้นอินพุตต่างกัน การทดลองนี้ฝึกอบรมด้วยการเรียนรู้ 50 รอบ ในแต่ละรอบสุ่มข้อมูลเพื่อฝึกอบรมไว้ที่ 256 โดยฝึกอบรมด้วยชุดข้อมูลที่ 2 ชุดข้อมูลถูกแบ่งไว้สำหรับฝึกอบรมร้อยละ 85.66 (ข้อมูลสำหรับฝึกอบรมร้อยละ 71.38 และข้อมูลตรวจสอบ 14.28) ส่วนที่เหลือ สำหรับการทดสอบร้อยละ 14.33 สรุปผลการฝึกอบรมในตารางที่ 4.7

ตารางที่ 4.7 ผลการเปรียบเทียบประสิทธิภาพการเรียนรู้เชิงลึกร่วมกับถ่ายโอนการเรียนรู้

โครงข่ายการเรียนรู้เชิงลึก	อัตราการเรียนรู้	ขนาดภาพ	ผลการฝึกอบรม	เวลาการฝึกอบรม
VGG16	10^{-6}	200x220x3	97.54 %	31.68 (นาทีก)
VGG19	10^{-6}	200x200x3	94.47 %	48.23 (นาทีก)
DenseNet121	10^{-6}	200x200x3	97.88 %	77.16 (นาทีก)
Xception	10^{-6}	150x150x3	73.83 %	9.91 (นาทีก)
ResNet50	10^{-6}	200x200x3	99.98 %	24.36 (นาทีก)
InceptionResNetV2	10^{-5}	150x150x3	99.41 %	34.28 (นาทีก)
InceptionV3	10^{-5}	150x150x3	99.25 %	11.49 (นาทีก)

ตารางที่ 4.7 ผลการฝึกอบรมของการเรียนรู้เชิงลึก ได้แก่ VGG16, VGG19, DenseNet121, Xception, ResNet50, InceptionResNetV2, และ InceptionV3 การฝึกอบรมกำหนดอัตราการเรียนรู้ที่ 10^{-5} ซึ่งใช้ขนาดภาพอินพุตที่แตกต่าง ผลลัพธ์แสดงให้เห็นว่า ResNet50 มีความแม่นยำสูงสุดที่ร้อยละ 99.98 และใช้เวลาฝึกอบรม 24.36 นาทีก ในส่วน InceptionV3 มีความแม่นยำใกล้เคียงกันที่ร้อยละ 99.25 แต่ใช้เวลาฝึกอบรม 11.49 นาทีก ขณะที่ Xception มีความแม่นยำต่ำสุดที่ร้อยละ 73.83 แต่ใช้เวลาฝึกอบรมน้อยสุดที่ 9.91 นาทีก เมื่อเทียบกับโครงข่ายอื่น ๆ โครงข่ายที่มีความซับซ้อนสูงมักใช้เวลาฝึกอบรมมากกว่าโครงข่ายอื่น ๆ เช่น DenseNet121 ที่ใช้เวลามากที่สุดที่ 77.16 นาทีก แต่ได้ผลความแม่นยำที่ร้อยละ 97.88 ซึ่งแสดงให้เห็นถึงความแตกต่างจากการเปรียบเทียบผลการฝึกอบรมระหว่างโครงข่าย ผลการทดลองดังกล่าวสรุปได้ว่า ResNet50 และ InceptionV3 ให้ความแม่นยำสูงสุดและใช้เวลาฝึกอบรมที่เหมาะสม ในขณะที่ Xception ให้ผลการฝึกที่แม่นยำน้อยที่สุด แต่ใช้เวลา

ฝึกอบรมขั้นที่สุด เมื่อนำโครงข่ายไปทดสอบร่วมกับชุดข้อมูลทดสอบเพื่อจำแนกเชื้อรา แสดงผลการจำแนกดังรูปที่ 4.13



รูปที่ 4.13 ผลเปรียบเทียบการจำแนกเชื้อราด้วยเทคนิคการเรียนรู้เชิงลึก

ในรูปที่ 4.13 ความแม่นยำของการจำแนกเชื้อรา ความแม่นยำสูงสุดอยู่ที่ร้อยละ 85.64 สำหรับ Absidia, ร้อยละ 94.43 สำหรับ Aspergillus, ร้อยละ 92.03 สำหรับ Fusarium, ร้อยละ 91.61 สำหรับ Penicillium และ ร้อยละ 100.0 สำหรับ Rhizopus เมื่อพิจารณาประสิทธิภาพของการจำแนกสายพันธุ์เชื้อรา พบว่า ResNet50 มีประสิทธิภาพสูงสุดในการจำแนกสายพันธุ์ Aspergillus, Fusarium และ Rhizopus ซึ่งสะท้อนถึงความสามารถในการเรียนรู้และจดจำลักษณะเฉพาะของข้อมูลที่มีความหลากหลาย แสดงให้เห็นว่าเป็นโครงข่ายที่มีประสิทธิภาพโดยรวมดีที่สุด การจำแนก Absidia มีความแม่นยำสูงสุดจาก InceptionV3 การจำแนก Penicillium ให้ผลดีที่สุดมาจาก VGG19 ผลดังกล่าวแสดงให้เห็นถึงการเลือกใช้โครงข่ายที่เหมาะสมซึ่งมีความสำคัญต่อประสิทธิภาพในการจำแนกสายพันธุ์เชื้อราแต่ละชนิด

เมื่อเปรียบเทียบประสิทธิภาพการจำแนกเชื้อราในรูปที่ 4.8, 4.9, 4.11 และ 4.13 ผลการจำแนกแสดงให้เห็นว่า DB มีประสิทธิภาพสูงที่สุดในการจำแนกเชื้อรา โดย DB ให้ผลลัพธ์สูงสุดของเชื้อ

ราสายพันธุ์ Absidia, Aspergillus, Fusarium และ Penicillium ซึ่ง DL ให้ผลลัพธ์ที่ดีจาก Rhizopus ทั้งนี้ DO แสดงผลลัพธ์ต่ำสุด ซึ่งอาจบ่งบอกถึงข้อจำกัดและความสามารถในการคัดข้อมูล

4.6 ผลการหลอมรวมโครงข่ายคอนโวลูชัน

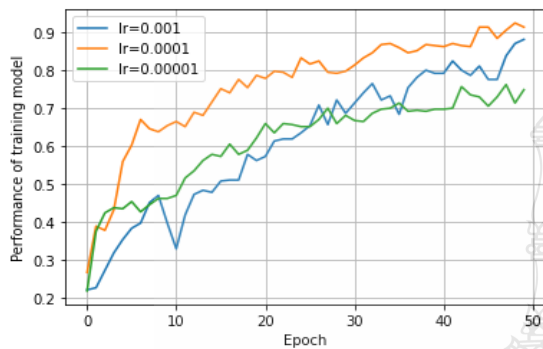
การหลอมรวมโครงข่ายคอนโวลูชันแบ่งการทดลองออกเป็นสี่แบบ ตามลักษณะของการหลอมรวมรวม ได้แก่ โครงข่ายดั้งเดิม (การหลอมรวมโครงข่ายที่ 1), การหลอมรวมโครงข่ายร่วมกับ STN (การหลอมรวมโครงข่ายที่ 2), การหลอมรวมโครงข่ายร่วมกับ residual layers (การหลอมรวมโครงข่ายที่ 3) และ การหลอมรวมโครงข่ายร่วมกับ 2 residual layers (การหลอมรวมโครงข่ายที่ 4) การออกแบบดังกล่าวมีข้อดีและข้อด้อยแตกต่างกัน โดยโครงข่ายฝึกอบรมด้วยการเรียนรู้จำนวน 50 รอบในแต่ละรอบสุ่มข้อมูลเพื่อฝึกอบรมไว้ที่ 32 ฝึกอบรมด้วยชุดข้อมูลที่ 3 ชุดข้อมูลถูกแบ่งไว้สำหรับฝึกอบรมร้อยละ 80 แบ่งเป็นข้อมูลสำหรับฝึกอบรมร้อยละ 60 และข้อมูลตรวจสอบ 20 ส่วนที่เหลือสำหรับการทดสอบร้อยละ 20 ผลการฝึกอบรมสรุปไว้ในตารางที่ 4.8

ตารางที่ 4.8 ผลการเปรียบเทียบประสิทธิภาพการหลอมรวมของโครงข่ายคอนโวลูชัน

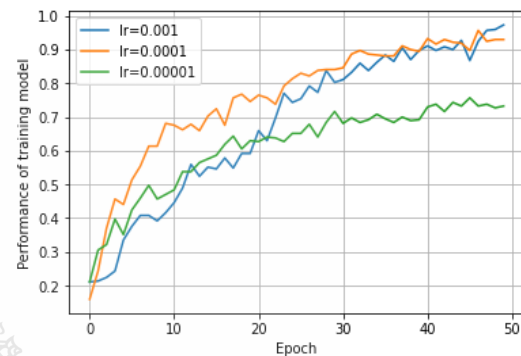
โครงข่ายการเรียนรู้	ประสิทธิภาพการหลอมรวมโครงข่าย					
	10^{-3}	เวลา (นาท)	10^{-4}	เวลา (นาท)	10^{-5}	เวลา (นาท)
การหลอมรวมโครงข่ายที่ 1	88.49 %	66.31	91.89 %	60.49	74.85 %	60.69
การหลอมรวมโครงข่ายที่ 2	98.24 %	88.67	92.78 %	85.59	73.57 %	85.57
การหลอมรวมโครงข่ายที่ 3	92.68 %	87.47	98.49 %	84.49	77.21 %	84.34
การหลอมรวมโครงข่ายที่ 4	98.92 %	83.11	98.97 %	81.97	82.66 %	81.64

ในตารางที่ 4.8 ผลการฝึกอบรมของการหลอมรวมเครือข่ายที่ 1 ให้ประสิทธิภาพสูงสุดที่ร้อยละ 91.89 สำหรับอัตราการเรียนรู้ที่ 10^{-4} ต่อมาเมื่อมีการรวม STN เข้ากับสถาปัตยกรรมเครือข่ายที่ 1 (กลายเป็นการหลอมรวมเครือข่ายที่ 2) พบว่าผลลัพธ์เพิ่มขึ้นอย่างชัดเจน โดยเฉพาะเมื่อใช้อัตราการเรียนรู้ 10^{-3} ซึ่งมีประสิทธิภาพเพิ่มขึ้นเป็นร้อยละ 98.24 และเมื่อใช้อัตราการเรียนรู้ที่ 10^{-4} มีประสิทธิภาพร้อยละ 92.78 ดังกล่าว แสดงถึงการพัฒนามีความสำคัญจากการออกแบบโครงข่ายร่วมกับ STN นอกจากนี้ การหลอมรวมเครือข่ายที่ 3 การฝึกอบรมได้รับผลขึ้น โดยโครงข่ายมีประสิทธิภาพสูงสุดร้อยละ 98.49 เมื่อใช้อัตราการเรียนรู้ที่ 10^{-4} ซึ่งเพิ่มขึ้นร้อยละ 5.71 จากเครือข่ายแรก และสุดท้าย การหลอมรวมเครือข่ายแบบที่ 4 ให้ผลลัพธ์ที่ดีที่สุด โดยโครงข่ายมีประสิทธิภาพสูงสุดอยู่ร้อยละ 98.97 เมื่อฝึกอบรมด้วยอัตราการเรียนรู้ที่ 10^{-4} ซึ่งเป็นผลลัพธ์ที่ดีที่สุดจากการทดลอง

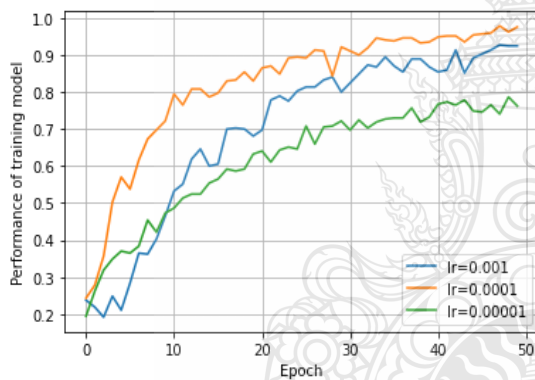
ทั้งหมด ผลดังกล่าวแสดงให้เห็นว่า STN, residual และ 2 residual ส่งผลให้ประสิทธิภาพการฝึกอบรมเพิ่มขึ้นอย่างต่อเนื่อง ผลดังกล่าว เมื่อแสดงเส้นโค้งของการฝึกอบรมเพื่อศึกษาความเร็วในการเรียนรู้ของโครงข่าย แสดงผลเส้นโค้งในรูปที่ 4.14



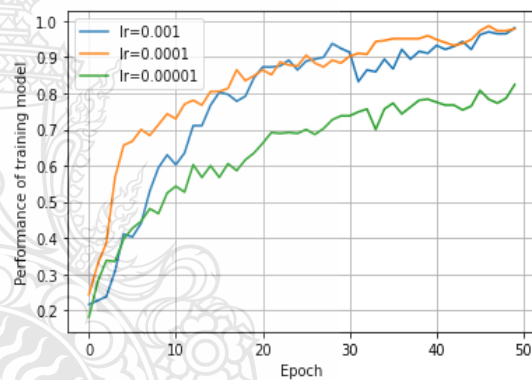
(ก) การหลอมรวมโครงข่ายที่ 1



(ข) การหลอมรวมโครงข่ายที่ 2



(ค) การหลอมรวมโครงข่ายที่ 3

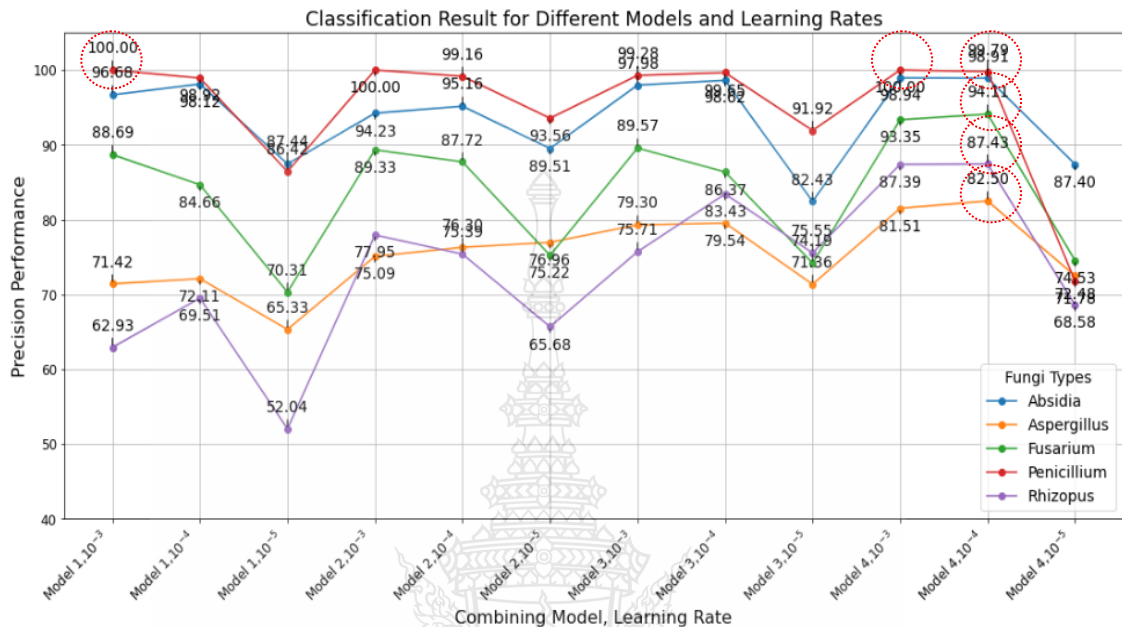


(ง) การหลอมรวมโครงข่ายที่ 4

รูปที่ 4.14 ผลเส้นโค้งของการฝึกอบรมการหลอมรวมโครงข่ายคอนโวลูชัน

ในรูปที่ 4.14 เส้นโค้งของการหลอมรวมโครงข่ายที่ 1 มีผลลัพธ์ที่ดีกว่าอย่างชัดเจนเมื่อเปรียบเทียบกับโครงข่ายที่ 2, 3 และ 4 โดยเฉพาะอย่างยิ่งเมื่อมีการเพิ่ม STN เข้าไปในโครงข่าย ในรูปที่ 4.14 (ข) STN ช่วยเพิ่มประสิทธิภาพการเรียนรู้ให้ดีขึ้น สืบเนื่องจากอัตราการเรียนรู้ที่ 10^{-3} และ 10^{-4} ในทุกๆ การทดลอง รวมถึงช่วยให้โครงข่ายสามารถเรียนรู้ได้เร็วยิ่งขึ้น สังเกตจากการหลอมรวมโครงข่ายที่ 2, 3 และ 4 ที่มีรอบการเรียนรู้ในช่วง 30 ถึง 40 รอบ ซึ่งความแม่นยำเฉลี่ยอยู่ที่ร้อยละ 80 (0.8) ถึงร้อยละ 90 (0.9) สำหรับ 10^{-3} และ 10^{-4} ซึ่งแตกต่างอย่างชัดเจนจากการหลอมรวมโครงข่ายที่ 1 ที่มีความเร็วการเรียนรู้ในช่วงที่ร้อยละ 70 (0.7) ถึงร้อยละ 80 (0.8) ผลดังกล่าวแสดงให้เห็นว่า การเพิ่ม STN ในโครงข่ายช่วยให้เรียนรู้ได้รวดเร็วและมีประสิทธิภาพยิ่งขึ้น เมื่อเทียบกับ

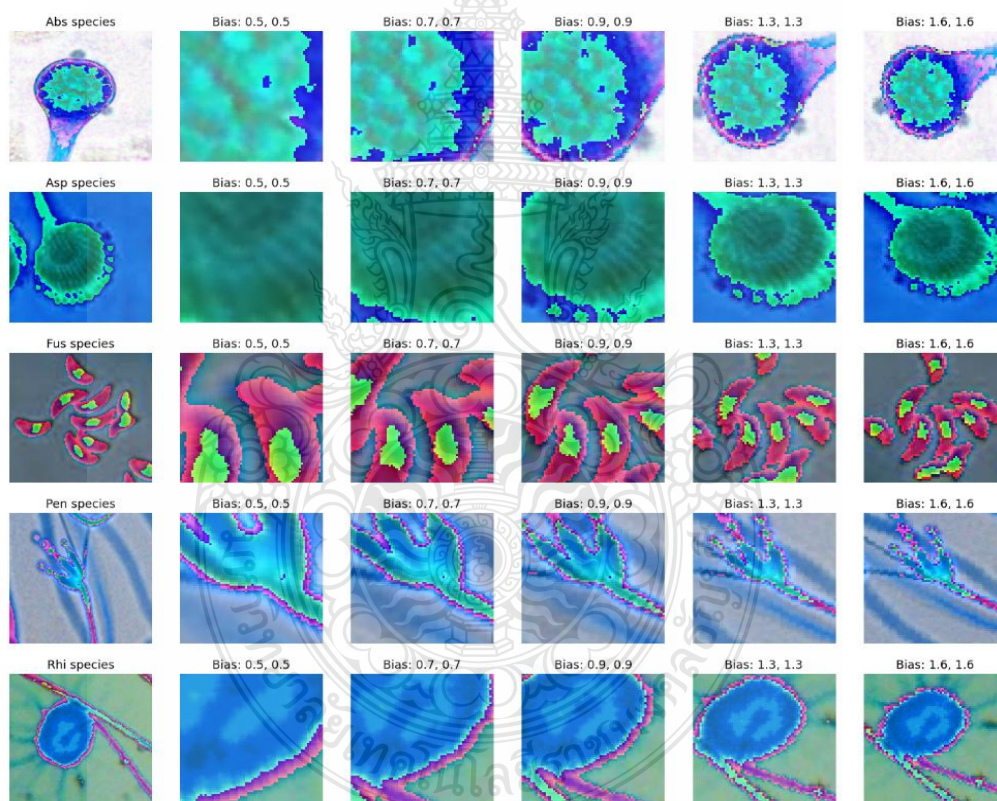
โครงข่ายที่ 1 นอกจากนี้ เมื่อนำโครงข่ายมาวัดผลเพื่อจำแนกเชื้อราด้วยชุดข้อมูลการทดสอบ แสดงผลการจำแนกเชื้อราในรูปที่ 4.15



รูปที่ 4.15 ความถูกต้องของการจำแนกเชื้อราด้วยการหลอมรวมโครงข่ายคอนโวลูชัน

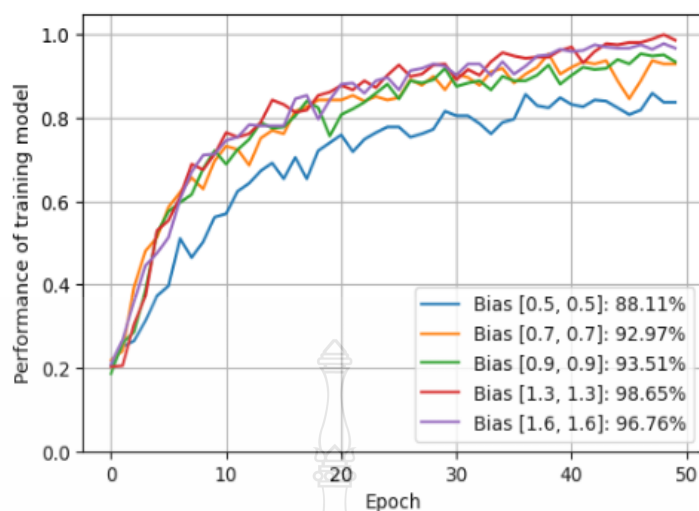
ในรูปที่ 4.15 ผลการจำแนกเชื้อราทั้งห้าสายพันธุ์มีความแม่นยำสูงสุดอยู่ที่ร้อยละ 98.91 สำหรับ Absidia, ร้อยละ 82.50 สำหรับ Aspergillus, ร้อยละ 94.11 สำหรับ Fusarium, ร้อยละ 100.0 สำหรับ Penicillium และ ร้อยละ 87.43 สำหรับ Rhizopus ผลลัพธ์เหล่านี้มาจากการทดลองด้วยการหลอมรวมโครงข่ายที่ 4 โดยเฉพาะ Penicillium ที่มีประสิทธิภาพสูงสุดถึงร้อยละ 100 นอกจากนี้ เมื่อวิเคราะห์ผลการทำงานของโครงข่ายร่วมกับ STN พบว่าผลการจำแนกของโครงข่ายที่ 2 นั้นดีกว่าโครงข่ายที่ 1 อย่างชัดเจน เมื่อทดลองด้วยอัตราการเรียนรู้ 10^{-3} ความแม่นยำในการจำแนกเชื้อรา Aspergillus, Fusarium และ Rhizopus เพิ่มขึ้นร้อยละ 3.67, 0.64 และ 15.02 ตามลำดับ และเมื่อทดลองด้วยอัตราการเรียนรู้ 10^{-4} เพิ่มขึ้นร้อยละ 4.19, 2.76, 0.24 และ 5.88 สำหรับ Aspergillus, Fusarium, Penicillium และ Rhizopus ตามลำดับ การหลอมรวมโครงข่ายที่ 3 และ 4 เป็นการต่อยอดการทำงานจากโครงข่ายที่ 2 ทำให้ผลลัพธ์ดีขึ้นอย่างมีนัยสำคัญ โดยเฉพาะโครงข่ายที่ 4 ให้ผลลัพธ์ที่ดีที่สุดในทุกๆ การฝึกอบรม ผลดังกล่าวสรุปได้ว่าการหลอมรวม STN เข้ากับโครงข่ายที่ 2 ช่วยเพิ่มความแม่นยำในการจำแนกเชื้อราได้อย่างดีขึ้นจากโครงข่ายเดิม โดยเฉพาะ Aspergillus, Fusarium และ Rhizopus รวมไปถึงการปรับใช้ residual layers ในโครงข่ายที่ 3 และ 4 ยังช่วยให้โครงข่ายจำแนกเชื้อราได้ดียิ่งขึ้น

จากการทดลองก่อนหน้านี้ ผู้ศึกษาอธิบายถึงความสำคัญของ STN ที่ส่งผลให้ได้รับผลการฝักอบรมและการจำแนกดียิ่งขึ้น นอกเหนือจากผลการทดลองดังกล่าว ผู้ศึกษาทำการทดลองโดยเปรียบเทียบพารามิเตอร์ของ STN ดังรูปที่ 4.16 (ก) การเปรียบเทียบผลลัพธ์ที่เกิดจากการใช้ค่า bias ที่แตกต่างกัน ได้แก่ [0.5, 0.5], [0.7, 0.7], [0.9, 0.9], [1.3, 1.3], และ [1.6, 1.6] แสดงให้เห็นถึงการเปลี่ยนแปลงของข้อมูลตามความหนาแน่นของค่า bias จากการสังเกตค่า bias ที่ [0.5, 0.5] แสดงให้เห็นถึงรายละเอียดที่น้อยกว่าและเน้นจุดเด่นของเชื้อราไม่ชัดเจน และเมื่อเพิ่มค่า bias ขึ้น (เช่น [1.3, 1.3] และ [1.6, 1.6]) สามารถเน้นจุดสำคัญของภาพ เช่น โครงสร้างของเชื้อรา มีความชัดเจนมากขึ้น ซึ่งดังกล่าวถูกนำมาทดลองเพื่ออธิบายถึงรายละเอียดโครงสร้างของเชื้อราซึ่งส่งผลให้โครงข่ายเรียนรู้ได้ดียิ่งขึ้น



(ก) การเปลี่ยนแปลงลักษณะข้อมูลด้วย STN

รูปที่ 4.16 ลักษณะข้อมูลที่ผ่านมา STN และประสิทธิภาพการฝักอบรมโครงข่าย



(ข) ผลการเปรียบเทียบไบอัสของ STN

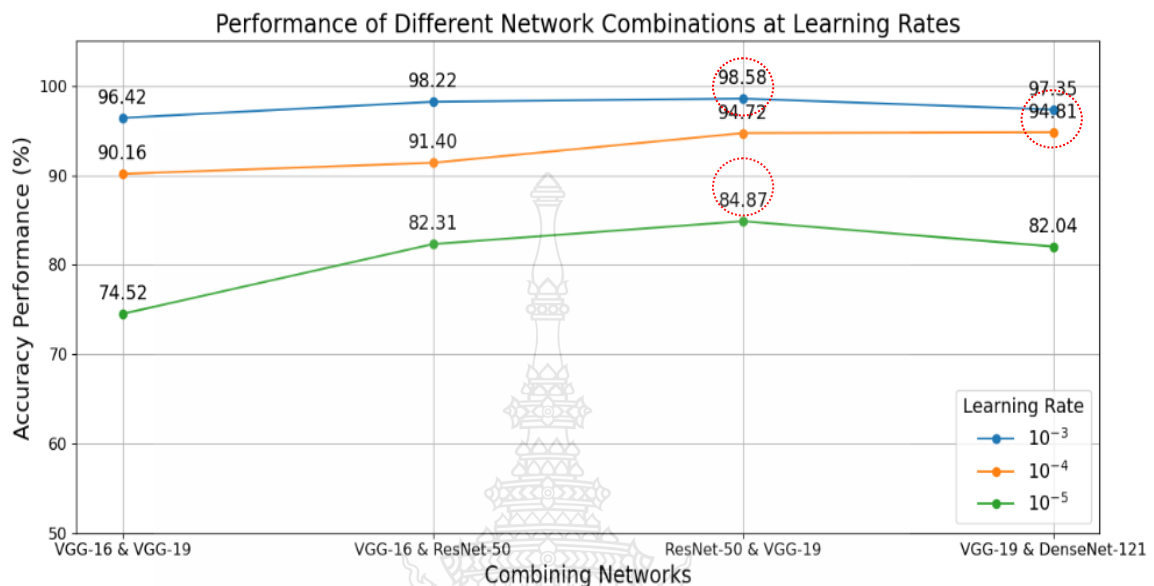
รูปที่ 4.16 ลักษณะข้อมูลที่ผ่านมา STN และประสิทธิภาพการฝึกอบรมโครงข่าย (ต่อ)

รูปที่ 4.16 (ข) ผลของการฝึกอบรมด้วยอัตราการเรียนรู้ที่ 10^{-4} ของโครงข่ายในรูปที่ 4.14 (ง) กราฟแสดงให้เห็นถึงความสัมพันธ์ระหว่างค่า bias ที่ใช้ในการฝึกอบรมโครงข่ายในช่วง 50 รอบ โดยค่า bias ในแต่ละค่าให้ผลลัพธ์ที่ต่างกันอย่างชัดเจน เมื่อสังเกตพบว่า bias ที่ให้ผลการฝึกอบรมสูงช่วยให้โครงข่ายเรียนรู้ได้ดีขึ้นและมีประสิทธิภาพมากขึ้น โดยเฉพาะ bias [1.3, 1.3] ให้ผลลัพธ์สูงสุดถึงร้อยละ 98.65 ในขณะที่ bias [0.5, 0.5] มีประสิทธิภาพน้อยสุดที่ร้อยละ 88.11 ทั้งนี้ ค่า bias ที่สูงขึ้นมีอัตราการเรียนรู้เพิ่มขึ้นในช่วงแรก (ระหว่างรอบที่ 0 ถึง 20) และคงความเสถียรในรอบการฝึกถัดไป ผลดังกล่าวแสดงให้เห็นว่า การปรับค่า bias ส่งผลโดยตรงต่อประสิทธิภาพการฝึกอบรมโครงข่าย จากผลการทดลองดังกล่าวสรุปได้ว่า ค่า bias ทำให้การเรียนรู้เร็วขึ้นและให้ผลลัพธ์การฝึกอบรมที่ดี ซึ่งเห็นถึงแนวโน้มการเรียนรู้ที่ดีกว่าในช่วงต้นของการฝึกอบรม

4.7 ผลการหลอมรวมการเรียนรู้เชิงลึก

การหลอมรวมเทคนิคการเรียนรู้เชิงลึกเป็นการนำโครงข่ายที่ได้รับการเผยแพร่ก่อนหน้านี้มาหลอมรวมการทำงานเพื่อเปรียบเทียบกับโครงข่ายในตารางที่ 4.14 การทดลองแบ่งออกเป็นสี่โครงข่าย ได้แก่ VGG16 กับ VGG19; VGG16 กับ ResNet50; ResNet50 กับ VGG19 และ VGG19 กับ DensNet121 โครงข่ายดังกล่าวได้รับการฝึกอบรมด้วยรอบการเรียนรู้จำนวน 50 รอบ ในแต่ละรอบสุ่มข้อมูลเพื่อฝึกอบรมไว้ที่ 32 ฝึกอบรมด้วยชุดข้อมูลที่ 3 ข้อมูลถูกแบ่งไว้สำหรับฝึกอบรมร้อยละ 80 (ข้อมูลสำหรับฝึกอบรมร้อยละ 60 และข้อมูลตรวจสอบร้อยละ 20) ส่วนที่เหลือ สำหรับการทดสอบร้อยละ 20 การ

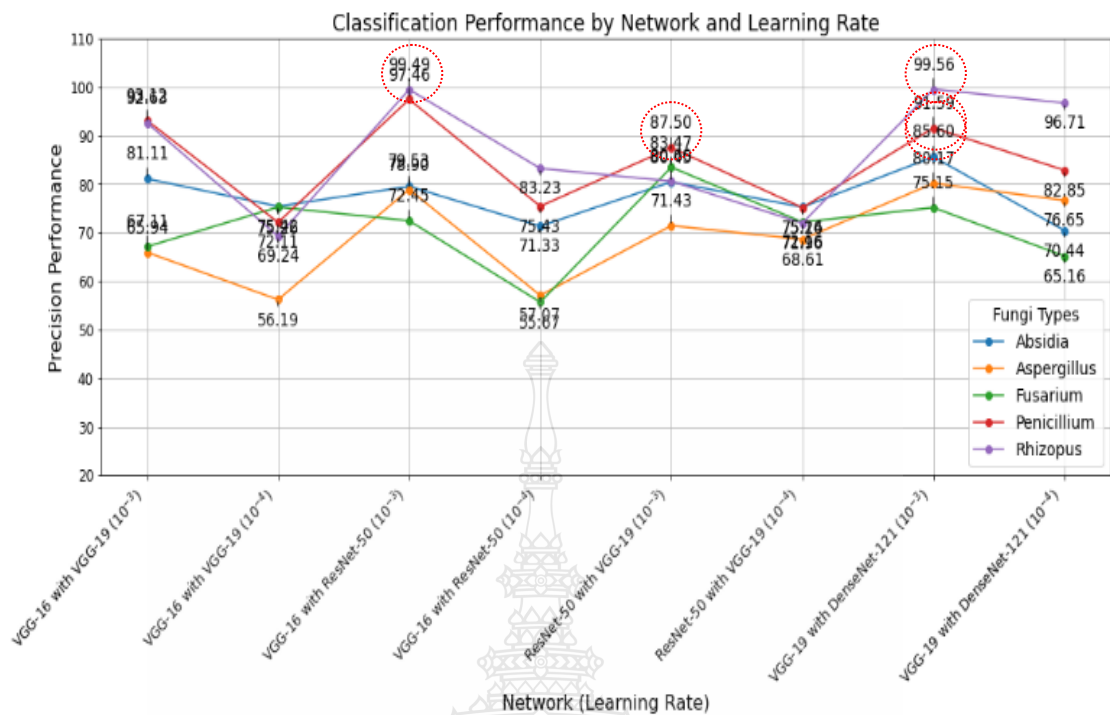
ฝึกอบรมเปรียบเทียบอัตราการเรียนรู้ โดยกำหนดไว้ที่ 10^{-3} , 10^{-4} และ 10^{-5} ประสิทธิภาพการฝึกอบรม การหลอมรวมของเทคนิคการเรียนรู้เชิงลึก ดังในรูปที่ 4.17



รูปที่ 4.17 ผลเปรียบเทียบประสิทธิภาพการหลอมรวมของเทคนิคการเรียนรู้เชิงลึก

รูปที่ 4.17 แสดงประสิทธิภาพของการหลอมรวมโครงข่ายต่าง ๆ (VGG16, VGG19, ResNet50, DenseNet121) ภายใต้อัตราการเรียนรู้ที่แตกต่างกัน ได้แก่ 10^{-3} , 10^{-4} และ 10^{-5} จากการฝึกอบรมพบว่าอัตราการเรียนรู้ที่ 10^{-3} ของ VGG16 & ResNet50 และ ResNet50 & VGG19 ให้ผลลัพธ์ที่ร้อยละ 98.22 และร้อยละ 98.58 นอกจากนี้ VGG16 & VGG19 ให้ค่าความแม่นยำน้อยที่สุดของทุกๆอัตราการเรียนรู้ เมื่อนำผลดังกล่าวมาทดสอบเพื่อจำแนกเชื้อรา สรุปผลไว้ในรูปที่ 4.18

ในรูปที่ 4.18 ผลการจำแนกเชื้อราแสดงความแม่นยำสูงสุดร้อยละ 85.60 สำหรับ Absidia, ร้อยละ 80.17 สำหรับ Aspergillus, ร้อยละ 83.47 สำหรับ Fusarium, ร้อยละ 97.46 สำหรับ Penicillium และ ร้อยละ 99.56 สำหรับ Rhizopus เมื่อวิเคราะห์ผลจากโครงข่าย VGG19 & DenseNet121 พบว่าโครงข่ายให้ผลลัพธ์ดีที่สุดในการจำแนกเชื้อราสายพันธุ์ Absidia, Aspergillus และ Rhizopus นอกจากนี้ ผลการจำแนกเชื้อรา Fusarium มีผลดีที่สุดมาจาก ResNet50 & VGG19 และเชื้อรา Penicillium มีผลลัพธ์สูงสุดจาก VGG16 & ResNet50

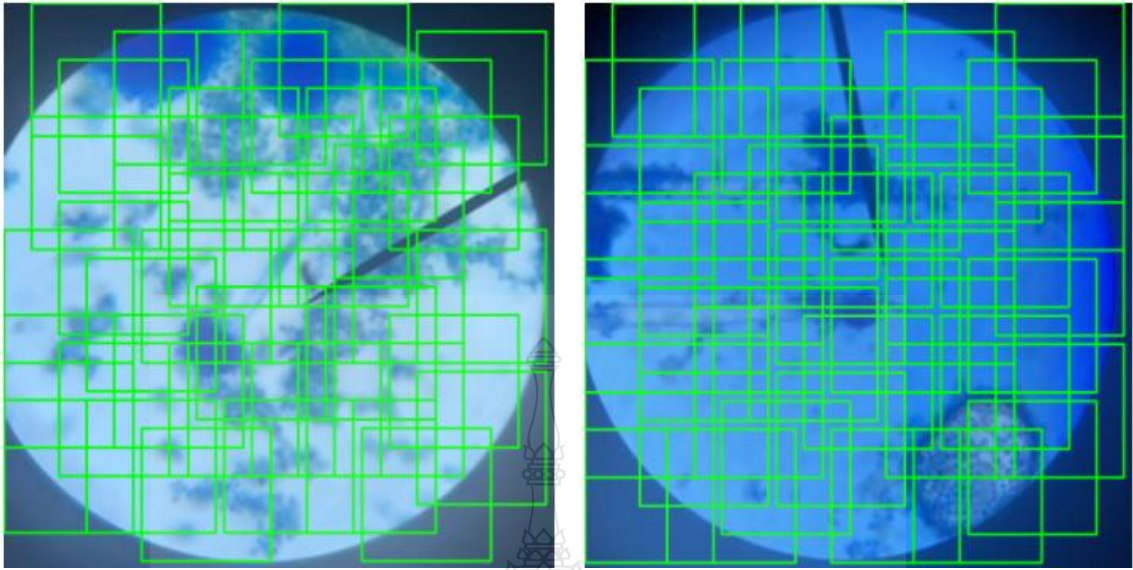


รูปที่ 4.18 ความถูกต้องของการจำแนกเชื้อราด้วยการหลอมรวมการเรียนรู้เชิงลึก

เมื่อเปรียบเทียบผลการจำแนกเชื้อราในรูปที่ 4.15 กับรูปที่ 4.18 ผลของการหลอมรวมคอนโวลูชันดีกว่าการหลอมรวมการเรียนรู้เชิงลึก โดยมีความแม่นยำที่ต่ำกว่าร้อยละ 13.31, 2.33, 10.64 และ 2.54 ของ Absidia, Aspergillus, Fusarium และ Penicillium แต่พบว่า Rhizopus การหลอมรวมของ VGG19 & DenseNet121 ให้ผลลัพธ์ของการจำแนกที่ดีกว่า

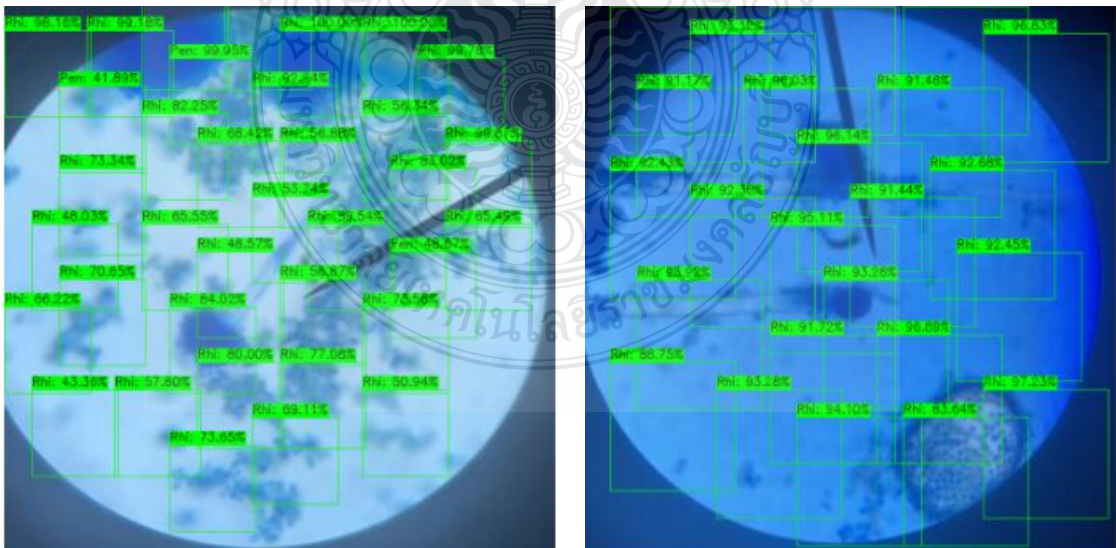
4.8 ผลการตรวจจับเชื้อรา

การตรวจจับเชื้อราด้วยเทคนิคการเรียนรู้เชิงลึก เป็นผลของการนำการหลอมรวมโครงข่ายที่ 4 (ในตารางที่ 4.8) มาหลอมรวมการทำงานร่วมกับเทคนิค region proposal network เพื่อระบุพื้นที่ๆ มีความเป็นไปได้ที่จะเป็นเชื้อรา ดังรูปที่ 4.19 ซึ่งจะทำงานโดยสร้างกรอบ (bounding boxes) เพื่อคาดการณ์ว่าบริเวณใดในภาพน่าจะมีเชื้อรา



รูปที่ 4.19 ลักษณะหรือพื้นที่ๆ คาดว่าเป็นภาพเชื้อรา

ในรูปที่ 4.19 แสดงผลการระบุตำแหน่งของวัตถุหรือบริเวณที่น่าสนใจในภาพ การระบุตำแหน่งนี้ได้ตั้งค่า IOU threshold ไว้ที่ 0.2 ซึ่งส่งผลให้ bounding boxes แสดงเส้นบริเวณพื้นที่ๆ คาดว่าเป็นเป้าหมาย ข้อมูลตำแหน่งที่ได้จะถูกส่งไปยังเครือข่าย CNN เพื่อระบุเชื้อราจากภาพถ่ายด้วยกล้องจุลทรรศน์ ผลของการบ่งชี้ชนิดของเชื้อรา ดังในรูปที่ 4.20



รูปที่ 4.20 ผลการตรวจจับเชื้อราบนภาพจากกล้องจุลทรรศน์

รูปที่ 4.20 เมื่อสังเกตผลการตรวจจับเชื้อราจากภาพถ่ายด้วยกล้องจุลทรรศน์ ผลการตรวจจับมีความผิดพลาด เมื่อเทียบกับการศึกษาที่ประยุกต์ใช้ RPN ร่วมกับ CNN ใน [52-55] สามารถอธิบายข้อผิดพลาดเหล่านี้ได้หลายส่วน ได้แก่ bounding boxes ที่ทับซ้อนกันมากเกินไป ซึ่งแปลผันกับขนาดของเป้าหมายที่มีความคล้ายคลึงกัน ปัญหาดังกล่าวเกิดจากการนำโครงข่ายที่ได้รับการฝึกอบรมด้วยภาพขนาด 100x100x3 พิกเซล ซึ่งถูกพัฒนาขึ้นเพื่อจำแนกเชื้อรา มาหลอมรวมการทำงานร่วมกับ RPN ซึ่งทำการตัดแบ่งพื้นที่ของเป้าหมายได้ไม่ชัดเจน และภาพที่นำมาทดลองเป็นภาพมุมสูง (top-view) ส่งผลให้การระบุเป้าหมายเกิดความผิดพลาด รวมถึงการกำหนด IOU threshold ที่ 0.2 ไม่สอดคล้องกับขนาดของเชื้อราภายในภาพถ่าย และภาพที่ใช้ในการฝึกอบรม เป็นเหตุให้การตรวจจับเชื้อราเกิดความผิดพลาด



บทที่ 5

สรุปผลการทดลองและข้อเสนอแนะ

5.1 สรุปผลการทดลอง

คุณภิญโญนี้นำเสนอเทคนิคการพัฒนาเครือข่ายการเรียนรู้เชิงลึก โดยเน้นไปที่โครงข่าย Convolutional neural network (CNN) ร่วมกับ Spatial transformer network (STN) ซึ่งเป็นเทคนิคที่สามารถปรับเปลี่ยนการทำงานในเชิงพื้นที่ของข้อมูลให้สามารถเรียนรู้ลักษณะที่สำคัญเพื่อให้ได้ผลการจำแนกดียิ่งขึ้น โครงข่ายยังได้รับการออกแบบในลักษณะ Two-Stream Network เพื่อเพิ่มความสามารถในรวบรวมและเรียนรู้ข้อมูลที่มีการแปรผัน ซึ่งยังทำให้โครงข่ายสามารถ generalize หรือเข้าใจลักษณะทั่วไปของข้อมูลได้ดียิ่งขึ้น ส่งผลให้โครงข่ายสามารถลดปัญหาการเรียนรู้เกินในระหว่างการฝึกอบรม นอกจากนี้ เทคนิค drop feature ยังถูกนำมาใช้ในการทดลองเพื่อคัดกรองคุณลักษณะที่ไม่สำคัญออกจากข้อมูล ทำให้โครงข่ายสามารถมุ่งเน้นเฉพาะคุณลักษณะที่มีผลต่อการจำแนก ซึ่งช่วยลดปัญหาการเรียนรู้เกิน (overfitting) ที่เกิดขึ้นจากการให้ความสำคัญกับข้อมูลที่แปรผันต่อการฝึกอบรมที่มากเกินไป โครงข่ายยังได้รับการออกแบบให้ทำงานร่วมกับ residual block เพื่อช่วยให้การส่งต่อข้อมูลผ่านเครือข่ายได้โดยไม่สูญเสียรายละเอียด และยังเป็นการลดปัญหา vanishing gradient ที่มักเกิดขึ้นเมื่อเครือข่ายมีความลึกเพิ่มขึ้น ข้อมูลที่ใช้ในการทดลองประกอบด้วยภาพเชื้อราที่เป็นสาเหตุของโรค 5 สายพันธุ์ ได้แก่ Aspergillus, Absidia, Fusarium, Penicillium และ Rhizopus เชื้อราเหล่านี้มีลักษณะที่แปรผันตามการเจริญเติบโต ทำให้การจำแนกเป็นไปด้วยความยากลำบาก

วิธีดังเสนอได้รับประสิทธิภาพการฝึกอบรมสูงสุดที่ร้อยละ 98.30, 98.24 และ 98.97 สำหรับ drop block, STN และ residual block ตามลำดับ ในการจำแนกเชื้อรา พบว่า drop block สามารถจำแนก Absidia, Aspergillus, Fusarium, Penicillium และ Rhizopus โดยมีความถูกต้องร้อยละ 92.89, 93.50, 91.78, 96.61 และ 95.73 ตามลำดับ ในส่วนของ STN สามารถจำแนก Absidia, Aspergillus, Fusarium, Penicillium และ Rhizopus โดยมีความถูกต้องร้อยละ 95.16, 76.96, 89.33, 100.0 และ 77.95 ตามลำดับ และ residual block สามารถจำแนก Absidia, Aspergillus, Fusarium, Penicillium และ Rhizopus โดยมีความถูกต้องร้อยละ 98.91, 82.50, 94.11, 100.0 และ 87.43 ตามลำดับ นอกจากนี้ เมื่อเปรียบเทียบกับผลลัพธ์จากการศึกษาก่อนหน้านี้ วิธีการที่นำเสนอแสดงให้เห็นถึงประสิทธิภาพที่เหนือกว่า และผลลัพธ์ที่ได้ยังสอดคล้องกับเป้าหมายการวิจัยและเป็นไป

ตามขอบเขตที่กำหนด แสดงให้เห็นแล้วแนวทางดังกล่าวมีความสำคัญอย่างยิ่งในการศึกษาเพื่อพัฒนาระบบตรวจจับและจำแนกเชื้อราในอนาคต

5.2 ข้อเสนอแนะการวิจัย

จากการศึกษาที่เสนอ แสดงให้เห็นแล้วว่าการเรียนรู้เชิงลึกในปัจจุบันมีการประมวลผลที่ซับซ้อนและใช้ทรัพยากรจำนวนมาก แม้ว่าการวิจัยของเราจะสามารถเพิ่มประสิทธิภาพในการจำแนกเชื้อราได้ แต่ก็ยังไม่สามารถแก้ไขปัญหาการใช้ทรัพยากรสำหรับการคำนวณที่ซับซ้อนได้อย่างสมบูรณ์ ดังนั้นในอนาคตจึงมีแผนที่จะศึกษาการเรียนรู้แบบไม่มีผู้สอน (Unsupervised Learning) เพื่อจำแนกเชื้อราแบบอัตโนมัติ ซึ่งจะช่วยรับมือกับจำนวนสายพันธุ์เชื้อราที่เพิ่มขึ้น และลดความซับซ้อนในการประมวลผล เพื่อให้โครงข่ายสามารถนำไปใช้งานในห้องปฏิบัติการชีวการแพทย์ได้อย่างมีประสิทธิภาพ



บรรณานุกรม

- [1] M. S. Sheikh, & Y. Peng. (2022). Procedures, Criteria, and Machine Learning Techniques for Network Traffic Classification: A Survey. **IEEE Access**. **10**. pp. 61135 - 61158. doi: 10.1109/ACCESS.2022.3181135.
- [2] B. Shi, H. Ye, J. Zheng, Y. Zhu, A. A. Heidari, L. Zheng, H. Chen, L. Wang, & P. Wu. (2021). Early Recognition and Discrimination of COVID-19 Severity Using Slime Mould Support Vector Machine for Medical Decision-Making. **IEEE Access**. **9**. pp. 121996 – 122015. doi: 10.1109/ACCESS.2021.3108447.
- [3] S. Punitha, T. Stephan, R. Kannan, M. Mahmud, M. S. Kaiser, & S. B. Belhaouari. (2023). Detecting COVID-19 From Lung Computed Tomography Images: A Swarm Optimized Artificial Neural Network Approach. **IEEE Access**. **11**. pp. 12378 – 12393. doi: 10.1109/ACCESS.2023.3236812.
- [4] A. M. Usman, O. O. Ogundile, & D. J. J. Versfeld. (2020). Review of Automatic Detection and Classification Techniques for Cetacean Vocalization. **IEEE Access**. **8**. pp. 105181 - 105206. doi: 10.1109/ACCESS.2020.3000477.
- [5] A. Singh, & L. Bruzzone. (2022). Mono-and Dual-Regulated Contractive-Expansive-Contractive Deep Convolutional Networks for Classification of Multispectral Remote Sensing Images. **IEEE Geoscience and Remote Sensing Letters**. **19**. Art. No. 5513605. doi: 10.1109/LGRS.2022.3211861.
- [6] V. Oleksyuk, N. Rahman, & C. Hee Won. (2023). Tactile Sensing System and Convolutional Neural Network for Mechanical Property Classification. **IEEE Sensors Letters**. **7**(10). Art. No. 5503304. doi: 10.1109/LSSENS.2023.3310356.
- [7] H. Pinckaers; B. v. Ginneken, & G. Litjens. Streaming Convolutional Neural Networks for End-to-End Learning with Multi-Megapixel Images. **IEEE Transactions on Pattern Analysis and Machine Intelligence**. **44**(3). pp. 1581 – 1590. doi: 10.1109/TPAMI.2020.3019563.
- [8] K. P. A. Rani, & S. Gowrishankar. (2023). Pathogen-Based Classification of Plant Diseases: A Deep Transfer Learning Approach for Intelligent Support Systems. **IEEE Access**. **11**. pp. 64476 - 64493. doi: 10.1109/ACCESS.2023.3284680.

บรรณานุกรม (ต่อ)

- [9] N. Kaler, & V. Bhatia. (2023). Deep Learning-Based Robust Analysis of Laser Bio-Speckle Data for Detection of Fungal-Infected Soybean Seeds. **IEEE Access**. **11**. pp. 89331 - 89348. doi: 10.1109/ACCESS.2023.3305273.
- [10] M. W. Tahir, N. A. Zaidi, A. A. Rao, R. Blank, M. J. Vellekoop, & W. Lang. (2018). A Fungus Spores Dataset and a Convolutional Neural Network Based Approach for Fungus Detection. **IEEE Transactions on NanoBioscience**. **17**(3), pp. 281-290. doi: 10.1109/TNB.2018.2839585.
- [11] C. Domínguez, J. Heras, E. Mata, & V. Pascual. (2018). DecoFungi: A web application for automatic characterisation of dye decolorisation in fungal strains. **BMC Bioinformatics**. **19**(66). pp. 1-4. doi: 10.1186/s12859-018-2082-9.
- [12] R. Hao, X. Wang, J. Zhang, J. Liu, X. Du, & L. Liu. (2019). Automatic detection of fungi in microscopic leucorrhea images based on convolutional neural network and morphological method. **Information Technology, Networking, Electronic and Automation Control Conference (ITNEC)**, Chengdu, China. pp. 2491-2494. doi: 10.1109/ITNEC.2019.8729396.
- [13] M. A. Santoyo, C. Domínguez, J. Heras, E. Mata, V. Pascual, M. S. V. Garcidueñas & G. V. Marrufo. (2019). Automatic characterisation of dye decolourisation in fungal strains using expert, traditional, and deep features. **Soft Computing**. **23**. pp. 12799–12812. doi: 10.1007/s00500-019-03832-8.
- [14] B. Zieliński, A. S. Oleksiak, D. Rymarczyk, A. Piekarczyk, & M. B. Włoch. (2019). Deep learning approach to description and classification of fungi microscopic images. **PLoS ONE**. **15**(6). pp.1-16. doi: 10.1371/journal.pone.0234806.
- [15] A. Prommakhot & J. Srinonchat. (2020). Exploiting convolutional neural network for automatic fungus detection in microscope images. **International Electrical Engineering Congress**. Chiang Mai, Thailand. pp. 1-4. doi: 10.1109/IEEECON48109.2020.229532.

บรรณานุกรม (ต่อ)

- [16] X. Du, L. Liu, X. Wang, G. Ni, & J. zhang. (2019). Intelligent identification of microscopic visible components in leucorrhea routine. **Information Technology, Networking, Electronic and Automation Control Conference (ITNEC)**. Chengdu, China. pp. 2344-2349. doi: 10.1109/ITNEC.2019.8729545.
- [17] M. A. Rahman, M. Clinch, J. Reynolds, B. Dangott, D. M. M. Villegas, A. Nassar, D. J. Hata, & Z. Akkus. (2023). Classification of fungal genera from microscopic images using artificial intelligence. **Journal of Pathology Informatics**. **14**. Art. No. 100314. doi: doi.org/10.1016/j.jpi.2023.100314.
- [18] M. Oliveira, D. Oliveira, C. L., J. L. Boechat, & L. Delgado. (2023). Clinical Manifestations of Human Exposure to Fungi. **Journal of fungi**. **9**(3). doi: 10.3390/jof9030381.
- [19] B. K. Basile, C. Halliday, J. Kok, & S. C. A. Chen. (2022). Fungal Infections Other Than Invasive Aspergillosis in COVID-19 Patients. **Journal of fungi**. **8**(1). doi:10.3390/jof8010058.
- [20] S. Mistry. (2021). “Fungi” [Online]: <https://solutionpharmacy.in/fungi/>.
- [21] A. M. Lewińska, R. H. Peuhkuri, C. Rode, B. Andersen, & J. B. Hoof. (2016). Rapid detection and identification of Stachybotrys and Chaetomium species using tissue PCR analysis. **Journal of Microbiological Methods**. **130**, pp. 115-122. doi: doi.org/10.1016/j.mimet.2016.09.005.
- [22] K. Hoffmann, S. Discher, & K. Voigt. (2007). Revision of the genus Absidia (Mucorales, Zygomycetes) based on physiological, phylogenetic, and morphological characters; thermotolerant Absidia spp. form a coherent group, Mycocladiaceae fam. Nov. **Mycological Research**. **11**(10). pp. 1169-1183. doi: doi.org/10.1016/j.mycres.2007.07.002.

บรรณานุกรม (ต่อ)

- [23] C. Chuaysrinule, C. Roopkham, W. Mahakarnchanakul, & T. Maneeboon. (2024). Assessment of mycobiota in Thai pigmented rice: Insights into ochratoxin A and citrinin production by *Aspergillus* and *Penicillium* species. **Journal of Stored Products Research**. **107**. Art. No. 102323. doi: doi.org/10.1016/j.jspr.2024.102323.
- [24] A. Abdalla, T. A. Wheeler, J. Dever, Z. Lin, J.Arce, & W. Guo. (2024). Assessing fusarium oxysporum disease severity in cotton using unmanned aerial system images and a hybrid domain adaptation deep learning time series model. **Biosystems Engineering**. **237**. pp. 220-231. doi: doi.org/10.1016/j.biosystemseng.2023.12. 014
- [25] X. Cheng, R. Li, P. Xie, X. Wang, L. Yu, R. Wu, H. Xue, & Y. Bi. (2024). Predictive modeling of patulin accumulation in apple lesions infected by *Penicillium expansum* using machine learning. **Postharvest Biology and Technology**. **217**. Art. No. 113115. doi: doi.org/10.1016/j.postharvbio.2024.113115.
- [26] J. Wang, R. Zhu, Y. Wu, L. Tang, C. Wang, M. Qiu, L. Zheng, & P. Li. (2024). Dynamic surface-enhanced Raman spectroscopy and positively charged probes for rapid detection and accurate identification of fungal spores in infected apples via deep learning methods. **Food Control**. **157**. Art. No. 110151. doi: doi.org/10.1016/j.foodcont.2023.110151.
- [27] V. Mandalapu, L. Elluri, P. Vyas, & N. Roy. (2023). Crime Prediction Using Machine Learning and Deep Learning: A Systematic Review and Future Directions. **IEEE Access**. **11**. pp. 60153 - 60170. doi: 10.1109/ACCESS.2023.3286344.
- [28] K. Fukushima. (2021). Artificial Vision by Deep CNN Neocognitron. **IEEE Transactions on Systems, Man, and Cybernetics: Systems**. **51**(1). pp. 76 - 90 . doi: 10.1109/TSMC.2020.3042785.
- [29] H. Jiang, S. Li, & H. Li. (2022). Parallel ‘same’ and ‘valid’ convolutional block and input-collaboration strategy for histopathological image classification. **Applied Soft Computing**. **117**. Art. No. 108417. doi: doi.org/10.1016/j.asoc.2022. 108417.

บรรณานุกรม (ต่อ)

- [30] V. J. Wang, F. Gao, J. Dong, & Q. Du. (2021). Adaptive DropBlock-Enhanced Generative Adversarial Networks for Hyperspectral Image Classification. **IEEE Transactions on Geoscience and Remote Sensing**. **59**(6). pp. 5040 - 5053. doi: 10.1109/TGRS.2020.3015843.
- [31] K. Zhang; M. Sun; T. X. Han; X. Yuan; L. Guo. & T. Liu. (2018). Residual Networks of Residual Networks: Multilevel Residual Networks. **IEEE Transactions on Circuits and Systems for Video Technology**. **28**(6). pp. 1 3 0 3 – 1 3 1 4 . doi: 10.1109/TCSVT.2017.2654543.
- [32] S. Obla, X. Gong, A. Aloufi, P. Hu, & D. Takabi. (2020). Effective Activation Functions for Homomorphic Evaluation of Deep Neural Networks. **IEEE Access**. **8**. pp. 53098 – 153112. doi: 10.1109/ACCESS.2020.3017436.
- [33] M. Jaderberg, K. Simonyan, A. Zisserman, & K. Kavukcuoglu. (2015). Spatial Transformer Networks. **arXiv**. doi: 10.1109/LGRS.2023.3262694. [Online]: <https://arxiv.org/abs/1506.02025>
- [34] M. W. Tahir, N. A. Zaidi, R. Blank, P. P. Vinayaka, & W. Lang, “Fungus Detection System. (2016). **IEEE International Conference on Autonomic Computing (ICAC)**. Wuerzburg, Germany. doi: 10.1109/ICAC.2016.50.
- [35] M. W. Tahir, N. A. Zaidi, R. Blank, P. P. Vinayaka, M. J. Vellekoop, & W. Lang. (2016). Detection of fungus through an optical sensor system using the histogram of oriented gradients. **IEEE Sensor**. Art. No. 16597298. doi: 10.1109/ICSENS.2016.7808537.
- [36] M. W. Tahir, N. A. Zaidi, R. Blank, P. P. Vinayaka, M. J. Vellekoop, & W. Lang. (2018). An efficient and simple embedded system of fungus detection system. **International Multi-topic Conference (INMIC)**. Lahore, Pakistan. doi: 10.1109/INMIC.2017. 8289477.

บรรณานุกรม (ต่อ)

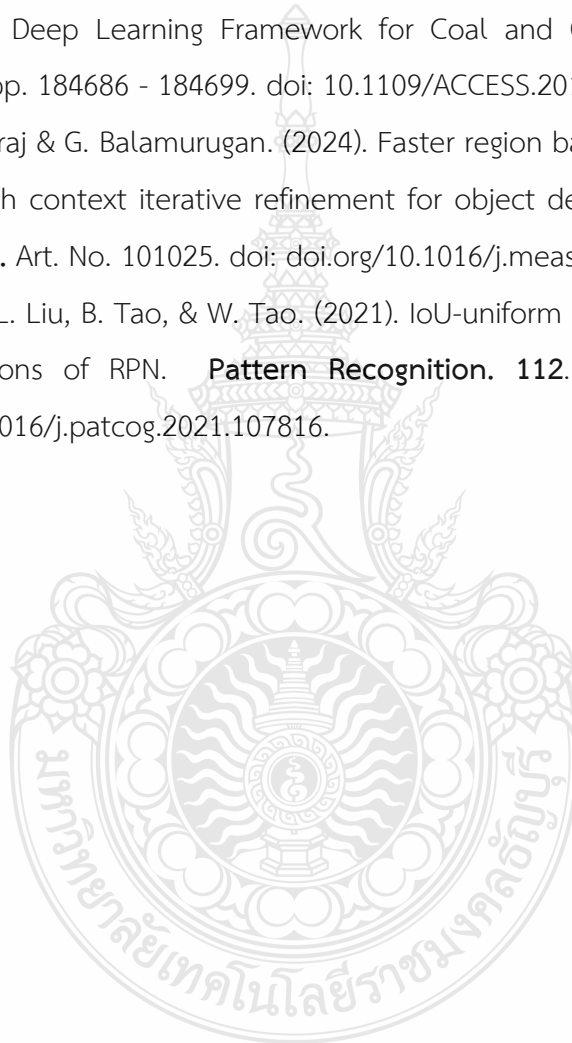
- [37] M. W. Tahir, N. A. Zaidi, R. Blank, P. P. Vinayaka, M. J. Vellekoop, & W. Lang. (2017). Fungus Detection Through Optical Sensor System Using Two Different Kinds of Feature Vectors for the Classification. **IEEE Sensors Journal**. **17**(16). pp. 5341 – 5349. doi: 10.1109/JSEN.2017.2723052.
- [38] L. Liu, Y. Yuan, J. Zhang, H. Lei, Q. Wang, J. Liu, X. Du, G. Ni, & Yong Liu. (2015). Automatic identification of fungi under complex microscopic fecal images. **Journal of Biomedical Optics**. **20**(7). Art. No. 76004. doi: 10.1117/1.JBO.20.7.076004.
- [39] A. Prommakhot & J. Srinonchat. (2022). Scaled Dilation of DropBlock Optimization in Convolutional Neural Network for Fungus Classification. **CMC-Computers, Materials & Continua**. **72**(2). pp. 3313-3329. doi:10.32604/cmc.2022.024417.
- [40] C. Shorten & T. M. Khoshgoftaar. (2019). A survey on Image Data Augmentation for Deep Learning BMC Public Health. **Journal of Big Data**. **6**. Art. No. 60. doi: 10.1186/s40537-019-0197-0.
- [41] S. Chomchid, R. J. McGovern, R. Cheewankoon, & C. T. anun. (2020). Efficiency of Chaetomium in Controlling Citrus Root Rot. **Khon Kaen Agriculture Journal**. **48** (3): 651-660. doi: 10.14456/kaj.2020.60.
- [42] R. Sikri, & P. Gupta. (2023). Sleep Apnea Detection – A Comparative study and efficient solution with modified LeNet-5. **International Conference on Advances in Computation, Communication and Information Technology (ICAICIT)**. Faridabad, India. doi: 10.1109/ICAICIT60255.2023.10466036.
- [43] Z. Tufail, K. Khurshid, A. Salman, I. F. Nizami, K. Khurshid, & B. Jeon. (2018). Improved Dark Channel Prior for Image Defogging Using RGB and YCbCr Color Space. **IEEE Access**. **6**. pp. 32576 – 32587. doi: 10.1109/ACCESS.2018.2843261.
- [44] M. Saeed, A. Naseer, H. Masood, S. U. Rehman, & V. Gruhn. (2023). The Power of Generative AI to Augment for Enhanced Skin Cancer Classification: A Deep Learning Approach. **IEEE Access**. **11**. pp. 130330 – 130344. doi: 10.1109/ACCESS.2023.3332628.

บรรณานุกรม (ต่อ)

- [45] S. Xue, & C. Abhayaratne. (2023). Region-of-Interest Aware 3D ResNet for Classification of COVID-19 Chest Computerised Tomography Scans. **IEEE Access**. **11**. pp. 28856 – 28872. doi: 10.1109/ACCESS.2023.3260632.
- [46] H. Jin, & S. Chen. (2023). Biometric Recognition Based on Recurrence Plot and InceptionV3 Model Using Eye Movements. **IEEE Journal of Biomedical and Health Informatics**. **27**(11). pp. 5554 - 5563. doi: 10.1109/JBHI.2023.3313261.
- [47] S. Li, W. Yang, A. Zhang, H. Liu, J. Huang, C. Li, & J.Hu. (2020). A Novel Method of Bearing Fault Diagnosis in Time-Frequency Graphs Using InceptionResnet and Deformable Convolution Networks. **IEEE Access**. **8**. Art. No. 19659528. doi: 10.1109/ACCESS.2020.2995198.
- [48] B. Valarmathi, N. S. Gupta, G. Prakash, R. H. Reddy, S. Saravanan, & P. Shanmugasundara. (2023). Hybrid Deep Learning Algorithms for Dog Breed Identification—A Comparative Analysis. **IEEE Access**. **11**. pp. 77228 – 77239. doi: 10.1109/ACCESS.2023.3297440.
- [49] B. Chen, X. Liu, Y. Zheng, G. Zhao, & Y. Q. Shi. (2022). A Robust GAN-Generated Face Detection Method Based on Dual-Color Spaces and an Improved Xception. **IEEE Transactions on Circuits and Systems for Video Technology**. **32**(6). pp. 3527 – 3538. 10.1109/TCSVT.2021.3116679.
- [50] A. Mansoor, A. R. Porras, & M. G. Linguraru. (2019). Region Proposal Networks with Contextual Selective Attention for Real-Time Organ Detection. **16th International Symposium on Biomedical Imaging**. Venice, Italy. doi: 10.1109/ISBI.2019.8759480.
- [51] K. She, C. Dai, & Y. Ding. (2021). Application of Logistic Regression and Principal Component Analysis in TCM diagnosis and treatment. **International Conference on Advanced Electronic Materials, Computers and Software Engineering (AEMCSE)**. Changsha, China. doi: 10.1109/AEMCSE51986.2021.00150.

บรรณานุกรม (ต่อ)

- [52] M. Zhang, Y. Chen, X. Liu, B. Lv, & J. Wang. (2020). Adaptive Anchor Networks for Multi-Scale Object Detection in Remote Sensing Images. **IEEE Access**. **8**. pp. 57552 - 57565. doi: 10.1109/ACCESS.2020.2982658.
- [53] D. Li, Z. Zhang, Z. Xu, L. Xu, G. Meng, Z. Li & S. Chen. (2023). An Image-Based Hierarchical Deep Learning Framework for Coal and Gangue Detection. **IEEE Access**. **7**. pp. 184686 - 184699. doi: 10.1109/ACCESS.2019.2961075.
- [54] K. K. A. Sahayaraj & G. Balamurugan. (2024). Faster region based convolution neural network with context iterative refinement for object detection. **Measurement: Sensors**. **31**. Art. No. 101025. doi: doi.org/10.1016/j.measen.2024.101025.
- [55] L. Zhu, Z. Xie, L. Liu, B. Tao, & W. Tao. (2021). IoU-uniform R-CNN: Breaking through the limitations of RPN. **Pattern Recognition**. **112**. Art. No. 107816. doi: doi.org/10.1016/j.patcog.2021.107816.



ภาคผนวก



ภาคผนวก ก
บทความวิจัยที่ได้รับการเผยแพร่



International Conference

Anuruk Prommakhot and Jakkree Srinonchat, “Exploiting convolutional neural network for automatic fungus detection in microscope images,” International Electrical Engineering Congress (iEECON), pp. 1 -4 , Chiang Mai, Thailand, 2020. DOI: 10.1109/iEECON48109.2020.229532

Anuruk Prommakhot and Jakkree Srinonchat, “VGGNet Integration for Kidney Tumor Classification,” International Electrical Engineering Congress (iEECON), pp. 1 -4 , Pattaya, Thailand, 2024. DOI: 10.1109/iEECON60677.2024.10537904.

International Journal

Anuruk Prommakhot and Jakkree Srinonchat, “Scaled Dilation of DropBlock Optimization in Convolutional Neural Network for Fungus Classification,” CMC-Computers, Materials & Continua, Vol. 72, No. 2, pp. 3313-3329, 2022, DOI: 10.32604/cmc.2022.024417

Anuruk Prommakhot and Jakkree Srinonchat, “Combining Convolutional Neural Network for Fungi Classification,” IEEE Access, Vol. 12, pp. 58021 – 58030, 2024. DOI: 10.1109/ACCESS.2024.3391630.

Exploiting Convolutional Neural Network for Automatic Fungus Detection in Microscope Images

Anuruk Prommakhot

Signal Processing Research Laboratory, Department of
Electronics and Telecommunication Engineering, Faculty
of Engineering, RMUTT, Pathumthani.
anuruk_p@mail.rmutt.ac.th

Jakkree Srinonchat*

Signal Processing Research Laboratory, Department of
Electronics and Telecommunication Engineering, Faculty
of Engineering, RMUTT, Pathumthani.
jakkree.s@en.rmutt.ac.th*

Abstract—The fungus detection system is a part of biomedical technology which is used to classify fungus species for investigate mycoses. Recently, fungus are mostly effect to human health, food, and plant. The previous works were used computer vision techniques to detect the fungus, however, the previous researches are shown that the detection quality were depended on the image processing algorithm. The deep learning which one of the artificial intelligent method, is now applied to biomedical technology. This article presents the exploiting convolutional neural network (C-NN) for automatic fungus detection in microscope images. This experiment focuses on chaetomium and aspergillus fungus which exists in the air, food and human body using convolutional neural network. The results shown that adjusting technique in C-NN can provide results with an achieved 98.03% accuracy.

Keywords—convolutional neural network; deep learning; fungus detection.

I. INTRODUCTION

The fungus is normally important for the ecosystem which in recently discovers more than 100,000 species. The fungus can affect to agriculture (e.g. fruits and vegetables), which include systemic infection to human health in various ways (e.g. fungal allergy) [1-3]. Diseases by fungus can be occasioned either directly or indirectly. However, the detection of disease fungus usually relies on the visual analysis of microscopy slides, and human knowledge. Even using microscopes with high magnification measurement is also very difficult to achieve the identification process in order to microscopic images often contain very similar objects [4]. In the meantime, the development of techniques image-analysis based artificial intelligent methods using deep learning technique, applied to biomedical technology [5]. Such techniques are created the features demand expertise in analyzing morphological, textural, and positional variance of the region of interest [6].

This research presents the exploiting convolutional neural network (C-NN) for automatic fungus detection in microscope images. The advantage of C-NN provides the hierarchical structure of learning layers and also give a robust manner when the topology of the model fits the feature input. The algorithm can

efficiently leverage the spatial relations of the visual patterns to reduce the number of parameters that need to be learned.

II. RELATED WORK

A. Fungus detection and classification

In the last decade, there have been many studies about fungus detection and classification (e.g. direct isolation, soil plate, dilution plate, gomori methenamine silver stain and lactophenol cotton blue) [7, 8], the method is shown feature of fungus in microscope image. However, the computer vision technique and deep learning that prevalent in presently, and applied for fungus detection and classification in microscope image e.g., The median gaussian is employed for enhance picture features and suppress noise, morphology and HSV model fungus segmentation [9, 10]. It used the support vector machine (SVM) to classify the fungi. Moreover, the histogram of oriented gradient (HOG) is used to feature extracted and feature vector of the fungus [9, 10]. Also, two different SVM technique are used for the classification purposes and it achieved up to 70% and 88% for Area under the ROC Curve (AUC) respectively [9, 10] and addition, the embedded system (SAM4S Microcontroller) connect on GUI MATLAB program to shown the results in [9, 10]. Meanwhile, five different types of fungus spores dataset which created within three light source, has achieves 94.8 % accuracy with 5 fold validation [10]. In addition, the specific development with C-NN is exploited for fungus causing disease. Such as, detection cells in microscopic fecal images [11-13]. The automatic identification of fungus in microscopic leucorrhea images is presented by using CNN with morphology method that achieved 93.26% accuracy [14].

B. Convolutional Neural Network

The tasks in computer vision with deep learning algorithm have been researched and achieved time by time over one particular algorithm. A convolutional neural network (C-NN) is one of deep learning algorithm which can apply for an input image, assign importance to various objects in the image and be able to differentiate one from the other.

VGGNet Integration for Kidney Tumor Classification

Anurak Prommakhot

Signal Processing Research Laboratory, Department of
Electronics and Telecommunication Engineering, Faculty of
Engineering, Rajamangala University of Technology
Thanyaburi, Pathumthani, THAILAND
anurak_p@mail.rmutt.ac.th

Jakkree Srinonchat

Signal Processing Research Laboratory, Department of
Electronics and Telecommunication Engineering, Faculty of
Engineering, Rajamangala University of Technology
Thanyaburi, Pathumthani, THAILAND
jakkree_s@rmutt.ac.th

Abstract— Deep convolutional neural networks (DCNNs) have recently become more critical diagnostic tools. DCNNs have been shown in previous studies to have performance levels comparable to those of competent medical professionals, mainly when used in the study of kidney cancers. It was especially true when deep convolutional neural networks (DCNNs) were used to investigate kidney tumors. We relied on very complex convolutional networks, also known as very deep convolutional networks (VGGNet), to ensure our study's accuracy and improve the precision of our large-scale image recognition. These networks are also known as very general-purpose gradient-boosting networks. In order to ensure that the results of our investigation are reliable, this was done. After that, these networks were used to examine the Kidney Tumor dataset, which included various symptoms associated with the illness. Our research findings were encouraging because the model demonstrated astonishingly high accuracy rates of one hundred percent for categorizing normal, cyst, stone, and tumor, respectively. It offered a great deal of solace at difficult times. In the realm of medical diagnostics, a significant new development has just recently been finished being implemented.

Keywords—VGGNet, combining model, deep convolutional neural network, deep learning.

I. INTRODUCTION

Image classification has significant implications within the domain of computer vision. The methodology used in this research involves using image data to categorize images according to specified or important visual attributes [1], [2]. The method of classification has significant significance in several computer vision applications, including various areas such as object tracking, object recognition, and image segmentation [3-5]. Furthermore, the use of categorization methodologies is very prevalent within medicine. Automated solutions can facilitate medical issue identification without the need for human visual inspection, leading to reduced treatment durations and ultimately improving patients' overall quality of life. In recent times, the domain of deep learning has gained prominence in tandem with these approaches, resulting in enhanced effectiveness and advancing their notable advancements. A. Sohaib et al. [6] developed a transfer learning algorithm to classify brain tumors using magnetic resonance imaging. This research builds a brain tumor diagnostic system using well-known deep learning architectures. Pre-trained models like Xception, NasNet Large, DenseNet121, and InceptionResNetV2 are employed for brain MRI deep feature extraction. Two online benchmark datasets were used

in the experiment. Transfer learning models are evaluated using accuracy, sensitivity, specificity, and F1-score. The Xception model has good accuracy, sensitivity, precision, specificity, and F1-score on the MRI-large and MRI-small datasets. It has accuracy, sensitivity, precision, specificity, and F1-score values of 99.67%, 99.68%, 99.68%, 99.66%, and 99.68% on the MRI-large dataset and 91.94%, 96.55%, 87.50%, 87.88%, and 91.80% on the MRI-small dataset. Also B.A. Ehab. et al. [7] introduce a new methodology known as the Optimal Deep Transfer Learning-Enabled Secure Content-Based Medical Image Retrieval (ODTL-SCBMIR) model to improve the security and efficiency of medical image retrieval. The proposed prototype's main aim, or ODTL-SCBMIR, is to provide image encryption techniques integrated with retrieval mechanisms. To accomplish this goal, the ODTL-SCBMIR model employs multikey homomorphic encryption (MKHE) combined with the oppositional jellyfish search optimizer (OJSO) algorithm to augment security protocols. The process of image retrieval encompasses many steps, which include the use of the capsule network (CapsNet) for feature extraction, the application of chaotic game optimization (CGO) for hyperparameter optimization, and the assessment of similarity via the utilization of the Manhattan distance. The assessment of the ODTLSCBMIR prototype's performance is carried out using a dataset including medical images. The experiment results indicate that the ODTL-SCBMIR prototype has enhanced performance compared to currently available approaches.

Moreover, Mohammad et al. [8] presented a unique approach that combines Convolutional Neural Networks (CNNs) with the modification of Class Activation Mapping (CAM). This methodology aims to accurately identify and precisely determine the spatial location of kidney tumor areas within three-dimensional (3D) images. The kidney tumor images underwent preprocessing using scaling techniques on individual objects or clusters of pixels. The preprocessed images were then used in the training phase of a ResNet38 model, producing results related to detecting kidney malignancies. In their study, Vemu et al. [9] used the Mask R-CNN architecture to classify subcutaneous tumor areas. The proposed model incorporates functional components, such as the use of anchor box information and the elimination of objects from feature maps. The proposed approach incorporates object components into Convolutional Neural Networks (CNNs) to enhance feature extraction via a selective search strategy. The primary aim is to achieve the best outcomes in classifying subcutaneous

Scaled Dilation of DropBlock Optimization in Convolutional Neural Network for Fungus Classification

Anuruk Prommakhot and Jakkree Srinonchat*

Signal Processing Research Laboratory, Department of Electronics and Telecommunication Engineering,
Rajamangala University of Technology Thanyaburi, Pathum Thani, Thailand

*Corresponding Author: Jakkree Srinonchat. Email: jakkree.s@en.rmutt.ac.th

Received: 16 October 2021; Accepted: 13 February 2022

Abstract: Image classification always has open challenges for computer vision research. Nowadays, deep learning has promoted the development of this field, especially in Convolutional Neural Networks (CNNs). This article proposes the development of efficiently scaled dilation of DropBlock optimization in CNNs for the fungus classification, which there are five species in this experiment. The proposed technique adjusts the convolution size at 35, 45, and 60 with the max-polling size 2×2 . The CNNs models are also designed in 12 models with the different BlockSizes and KeepProp. The proposed techniques provide maximum accuracy of 98.30% for the training set. Moreover, three accurate models, called Precision, Recall, and F1-score, are employed to measure the testing set. The experiment results expose that the proposed models achieve to classify the fungus and provide an excellent accuracy compared with the previous techniques. Furthermore, the proposed techniques can reduce the CNNs structure layer, directly affecting resource and time computation.

Keywords: DropBlock; convolutional neural network; deep learning; fungus classification

1 Introduction

Fungus is one type of microorganism that plays an essential role in ecology and currently has more than 100,000 species [1,2]. Its growth exists, maintains, and spreads in the terrible weather, causing diseases to plants, animals, and humans. Infection from fungus is named "mycoses." There are two types of mycoses in humans: superficial mycoses infected from various species [3–6] and systemic mycoses [7–10]. There are primary process methods to classify the mycoses species, such as matrix-assisted laser desorption/ionization time-of-flight mass spectrometry and polymerase chain reaction to assess the presence of other candida albicans and aspergillus under aerobic conditions [11], open-ended coaxial probe in couple with the microwave analysis to identify the fungus electrical properties [12]. Though such approaches give reliable and precise results, they need special devices that are costly and require well-trained practitioners to operate. Thus, this is the medical limitation to analyzing and



This work is licensed under a Creative Commons Attribution 4.0 International License, which permits unrestricted use, distribution, and reproduction in any medium, provided the original work is properly cited.

Received 26 March 2024, accepted 15 April 2024, date of publication 19 April 2024, date of current version 29 April 2024.

Digital Object Identifier 10.1109/ACCESS.2024.3390630

RESEARCH ARTICLE

Combining Convolutional Neural Networks for Fungi Classification

ANURUK PROMMAKHOT¹ AND JAKKREE SRINONCHAT², (Member, IEEE)

¹Department of Electronics and Telecommunication Engineering, Faculty of Engineering, Rajamangala University of Technology Thanyaburi, Khlong Luang, Pathum Thani 12110, Thailand

Corresponding author: Jakkree Srinonchat (jakkree_s@rmutt.ac.th)

This work was supported by the National Research Council of Thailand (NRCT) under Grant 1245725 (N41D640012).

ABSTRACT Deep learning approaches have shown exceptional efficacy in challenges related to the categorization of images. Nevertheless, the practical use of these methods in classifying fungi faces difficulties due to the distinctive features of fungal morphology and the scarcity of annotated training data. Hence, this study introduces an innovative and inclusive methodology that utilizes the spatial transformer network technique to analyze fungi thoroughly feature alterations. The fungal characteristics are then subjected to processing by integrating four networks. The combined convolutional neural networks are enhanced with adaptive layers, convolutional operations, kernel sizes, dropblock mechanisms, and residual blocks. These components collaborate harmoniously via the concatenate function in the feature mapping process. In that order, the experimental findings demonstrate notable training accuracies, namely 91.89%, 98.24%, 98.49%, and 98.92%. Furthermore, the classification of fungi showcases remarkable precision, achieving high accuracies of 98.91%, 82.50%, 94.11%, 100.0%, and 87.43% for *Absidia*, *Aspergillus*, *Fusarium*, *Penicillium*, and *Rhizopus*, respectively. Additionally, the recall performance stood at 100.0%, 87.61%, 96.78%, 100.0%, and 88.45% for *Absidia*, *Aspergillus*, *Fusarium*, *Penicillium*, and *Rhizopus*, respectively. The findings of this study suggest that the suggested deep learning approach has considerable promise in developing a reliable system for identifying fungus species.

INDEX TERMS Combining model, convolutional neural networks, deep convolutional neural network, fungi classification, spatial transformer network.

I. INTRODUCTION

The categorization and identification of traditional patterns include mathematical and statistical simulations that can analyze various qualities or forms. The techniques described in this study include two main approaches: image matching and the generation of color levels or pattern analysis [1], [2]. The primary premise of these strategies is to establish data levels that exhibit a tight relationship, usually within a specific range. The spatial representation of data levels facilitates the formation of patterns by using data areas within each respective location. Subsequently, the subsequent sections delineate the variations and distinctions within each domain. For example, several recognition tasks use distinct techniques for extracting features. Object identification often

involves scale-invariant feature transformation [3], whereas face recognition depends on local binary pattern features [4]. Additionally, pedestrian detection utilizes histograms of oriented gradient features [5]. The arrhythmia categorization may be achieved using a mix of random forests and support vector machines [6]. As previously stated, feature generation models are used to analyze and process data. Nevertheless, these models lack the intrinsic capability to generate unique characteristics for certain regions. On the other hand, convolutional neural networks (CNNs) demonstrate exceptional proficiency in extracting interconnections and spatial details across layers from images, therefore unveiling the distinctive attributes of the subject inside the picture [7], [8], [9]. In deep learning, picture classification and recognition involve using an artificial neural network that provides the relevant image data. Deep learning approaches, such as the forward and backward propagation error algorithms, are used to reduce

The associate editor coordinating the review of this manuscript and approving it for publication was Easter Selvan Suviseshamuthu¹.

© 2024 The Authors. This work is licensed under a Creative Commons Attribution-NonCommercial-NoDerivatives 4.0 License. For more information, see <https://creativecommons.org/licenses/by-nc-nd/4.0/>

VOLUME 12, 2024

58021

ประวัติผู้เขียน

ชื่อ - นาสกุล นาย อนรรักษ์ พรหมโคตร
วัน เดือน ปีเกิด 12 มิถุนายน 2534
ที่อยู่ 159 หมู่ 2 ต. ดงมะไฟ อ. เมือง จ. สกลนคร 47000
การศึกษา
2561 ปริญญาโท คณะวิศวกรรมศาสตร์ สาขาวิศวกรรมอิเล็กทรอนิกส์และ
โทรคมนาคม มหาวิทยาลัยราชภัฏนครปฐม
2558 ปริญญาตรี คณะวิศวกรรมศาสตร์ สาขาวิศวกรรมคอมพิวเตอร์
มหาวิทยาลัยราชภัฏนครปฐม วิทยาเขตสกลนคร
2555 ประกาศนียบัตรวิชาชีพชั้นสูง สาขาวิชาอิเล็กทรอนิกส์
วิทยาลัยเทคนิคสกลนคร
2553 ประกาศนียบัตรวิชาชีพ สาขาวิชาอิเล็กทรอนิกส์
วิทยาลัยเทคนิคสกลนคร
เบอร์โทรศัพท์ 0935053030
อีเมล anuruk_p@mail.rmutt.ac.th

