



การวิเคราะห์ประสิทธิภาพการเพิ่มคุณภาพภาพโครโมโซมชนิดจีแบนด์แบบอัตโนมัติด้วยวิธีฮิสโตแกรมอีควอลไลเซชัน

Evaluation of Automated Chromosome G-band Images Enhancement Using Histogram Equalization

พิเชษ วะยะลุน^{1*}, พัฒนพงษ์ วันจันทร์², พนิดา ทรงรัมย์³, พัฒนพงษ์ ชมพูวิเศษ⁴, และ นัฐธริยา เหล่าประชา⁵
Pichet Wayalun^{}, Phatthanaphong Wanchanthuek², Panida Songram³, Phatthanaphong Chompoowises⁴, and Natthariya Laopracha⁵*

¹สาขาเทคโนโลยีสารสนเทศ คณะวิทยาการสารสนเทศ มหาวิทยาลัยมหาสารคาม

²ภาควิชาวิทยาการคอมพิวเตอร์ คณะวิทยาการสารสนเทศ มหาวิทยาลัยมหาสารคาม

³ภาควิชาวิทยาการคอมพิวเตอร์ คณะวิทยาการสารสนเทศ มหาวิทยาลัยมหาสารคาม

⁴ภาควิชาวิทยาการคอมพิวเตอร์ คณะวิทยาการสารสนเทศ มหาวิทยาลัยมหาสารคาม

⁵ภาควิชาวิทยาการคอมพิวเตอร์ คณะวิทยาการสารสนเทศ มหาวิทยาลัยมหาสารคาม

*Correspondent author: wayalun@gmail.com

บทคัดย่อ

การวิจัยครั้งนี้มีวัตถุประสงค์เพื่อวิเคราะห์ประสิทธิภาพการเพิ่มคุณภาพภาพโครโมโซมของวิธีการ Contrast Limited Adaptive Histogram Equalization, Contrast Stretching, Histogram Equalization และ Mathematical Morphology ว่าวิธีการใดเหมาะสมกับการเพิ่มคุณภาพภาพโครโมโซม โดยข้อมูลที่ใช้ในการวิเคราะห์ในงานวิจัยนี้คือภาพโครโมโซมชนิด G-band โดยผลการวิเคราะห์พบว่าวิธีการที่เหมาะสมที่สุดสำหรับการเพิ่มคุณภาพภาพโครโมโซมคือ Histogram Equalization ที่ความถูกต้อง 93.32 %

Abstract

This paper presents analysis of evaluation chromosome image enhancement. It has been appeared in literature that there are 4 different techniques, i.e. Contrast Limited Adaptive Histogram Equalization, Contrast Stretching, Histogram Equalization and Mathematical Morphology, on chromosome image type G-BAND. From our study, We found that Histogram Equalization give promising results in enhancement. A success rate of 93.32% has been achieved.

คำสำคัญ: การวิเคราะห์ภาพ ภาพโครโมโซม การตัดแยกภาพโครโมโซม การวิเคราะห์ภาพโครโมโซม การเพิ่มประสิทธิภาพภาพโครโมโซม

Keywords: image analysis, chromosome image, chromosome segmentation, chromosome analysis, chromosome image enhancement

1. บทนำ

การวิเคราะห์ภาพโครโมโซมเป็นกระบวนการสำคัญที่ช่วยให้แพทย์สามารถตรวจและวินิจฉัยโรคต่างๆได้เช่น โรคที่มีความผิดปกติทางพันธุกรรม (1) โรคเริมต่างๆ (2, 3) รวมถึงโรคที่มีความผิดปกติอื่นๆ(4) โดยกระบวนการวิเคราะห์โครโมโซมจะประกอบด้วยการวิเคราะห์และจัดเรียงโครโมโซมในระยะเมตาเฟส (Metaphase) (5)

ในปัจจุบันเทคโนโลยีทางคอมพิวเตอร์ได้ประยุกต์ใช้ในการวิเคราะห์ภาพโครโมโซมจากกล้องจุลทรรศน์ แต่เนื่องจากภาพที่ได้ มีคุณภาพอยู่ในระดับต่ำ ขาดความคมชัด ระดับความเข้มและความสว่างภายในภาพไม่คงที่ จึงทำให้กระบวนการตัดแยกโครโมโซมจากภาพพื้นหลังซึ่งเป็นขั้นตอนต่อจากการเพิ่มคุณภาพภาพโครโมโซมผิดพลาดและไม่ถูกต้องทำให้ข้อมูลในการวิเคราะห์หาค่าหาย ส่งผลให้การวิเคราะห์ขาดความแม่นยำเท่าที่ควร

โดยการเพิ่มคุณภาพภาพโครโมโซมนี้ มีผู้วิจัยหลายท่านได้นำเสนอไว้ดังนี้ Y. Wang และคณะ (6) ได้นำเสนอวิธีการเพิ่มคุณภาพภาพโครโมโซมโดยใช้เทคนิค Differential Wavelets โดยเน้นในการออกแบบการกำจัดสัญญาณรบกวนที่ความถี่สูงบริเวณขอบภาพโครโมโซม Y. Wenzhong(7) ได้ประยุกต์ใช้เทคนิค Mathematical Morphologies ในการเพิ่มคุณภาพภาพโครโมโซม ประกอบด้วยเทคนิคต่างๆได้แก่ Top-Hat Transform Bot-Hat Transform Closing และ Opening โดยใช้การหาขอบภาพเป็นการวัดประสิทธิภาพ Y. P. Wang และคณะ (8) ได้นำเสนอวิธีการปรับคุณภาพภาพโครโมโซมโดยใช้วิธีการ Wavelets Transforms Isotropic Laplacian-like filters Q. Wu และ K. R. Csastleman (9) ได้ประยุกต์ใช้ Cubic-Spline Wavelet Transforms ในการเพิ่มประสิทธิภาพภาพโครโมโซม S. K. Pal และคณะ (10) ได้นำเสนอวิธีการเพิ่มคุณภาพภาพโครโมโซมโดยใช้ Minimization และ Fuzzy Q. Wu และคณะ (11) ได้

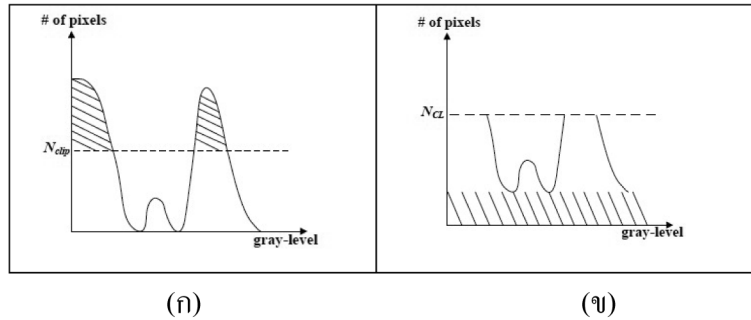
ประยุกต์ใช้เทคนิค Wavelet Transform โดยเพิ่มวิธีการ A Multi-scale Point-wise Product (MPP) ในการพิจารณาคุณลักษณะของภาพเข้าร่วม Y. Choi และคณะ (12) นำเสนอวิธีการเพิ่มประสิทธิภาพภาพโครโมโซมโดยการสร้าง Fuzzy Rule Base เพื่อกำหนดระดับในการกรองสัญญาณรบกวน S. P. Ehsani และคณะ (13) ประยุกต์ใช้ Histogram Matching ในการเพิ่มคุณภาพภาพโครโมโซม โดยสามารถลดปัญหาการลดทอนของข้อมูลเมื่อผ่านการปรับปรุง ส่งผลให้การปรับปรุงคุณภาพภาพโครโมโซมมีประสิทธิภาพสูง

จากงานวิจัยข้างต้นโดยส่วนมากเป็นงานวิจัยเพื่อค้นหาวิธีการเพิ่มคุณภาพภาพโครโมโซมเพื่อให้ได้ผลลัพธ์ที่ดีที่สุด แต่ยังไม่มียานวิจัยใดที่ได้ทำการวิเคราะห์วิธีการเพิ่มคุณภาพภาพโครโมโซมเพื่อนำไปสู่ขั้นตอนการตัดแยกภาพโครโมโซมที่ดีที่สุด ดังนั้นในงานวิจัยนี้จึงได้วิเคราะห์วิธีการเพิ่มคุณภาพภาพโครโมโซม CLAHE, CS, HE และ Mathematical Morphology (MM) ว่าวิธีใดเหมาะสมกับการเพิ่มคุณภาพภาพโครโมโซมเพื่อผลการตัดแยกโครโมโซมแบบอัตโนมัติที่มีประสิทธิภาพมากที่สุด

2. วิธีวิจัย

2.1 Contrast Limited Adaptive Histogram Equalization (CLAHE)

Contrast Limited Adaptive Histogram Equalization (CLAHE) (14) คือวิธีการเพิ่มคุณภาพภาพที่ได้รับการพัฒนาจาก Histogram Equalization (HE) โดย S.M. Pizer ซึ่งวิธีการดังกล่าว ได้พิจารณาถึงรายละเอียดข้อมูลจาก HE ในแต่ละค่าพิกเซลบนบริเวณพื้นส่วนกลางของภาพต้นฉบับ โดยค่า histogram ที่มีระดับสูงกว่าค่าเฉลี่ยพิกเซลในระดับ gray จะถูกนำมากระจายให้กับทุกพิกเซลในภาพ gray scale โดยค่าที่นำมากระจายจะเป็นค่า histogram ที่มีระดับสูงกว่าค่าเฉลี่ยพิกเซลในระดับ gray ซึ่งแทนด้วยตัวแปร N_{clip} ดังรูปที่ 1



รูปที่ 1. (ก) ค่า Histogram ภาพต้นฉบับ (ข) ค่า Histogram ที่ถูกตัด

จึงมีผลให้ค่า histogram ดังกล่าวมีความแตกต่างจากค่า histogram อื่นทั่วไปคือ ผู้ใช้สามารถกำหนดระดับความหนาแน่นของค่าพิกเซลได้จากวิธีการดังกล่าวสามารถแสดงดังสมการที่ 1

$$N_{aver} = \frac{N_{CR-Xp} \times N_{CR-Yp}}{N_{gray}} \quad (1)$$

โดยที่

N_{aver} คือค่าเฉลี่ยพิกเซล

N_{gray} คือหมายเลขของค่า gray scale ในแต่ละพื้นที่

พื้นที่

N_{CR-Xp} คือหมายเลขของพิกเซลใน x มิติในแต่ละพื้นที่นั้นๆ

N_{CR-Yp} คือหมายเลขใน y มิติของพื้นที่นั้นๆ

จากพื้นฐานของสมการที่ 1 N_{CL} สามารถคำนวณ

จากสมการที่ 2

$$N_{CL} = N_{clip} \times N_{aver} \quad (2)$$

โดยที่

N_{CL} คือค่าระดับการตัดจริง

N_{clip} คือค่าสูงสุดต่างๆในระดับ gray scale ของค่าเฉลี่ยพิกเซลในค่าระดับ gray ตามลักษณะพื้นที่นั้นๆ

โดยค่า histogram จากภาพต้นฉบับ แสดงในรูปที่ 1 เมื่อหมายเลขของพิกเซลมีค่ามากกว่า N_{clip} พิกเซลนั้นจะถูกตัด ค จากนั้นค่าพิกเซลจะถูกกระจายไปยังทุกพิกเซลในระดับ gray ดังสมการที่ 3

$$N_{acp} = \frac{N_{\sum clip}}{N_{gray}} \quad (3)$$

โดยที่

N คืออัตราส่วนระหว่างผลรวมของ histogram ต่อค่าสี่ระดับเทาจากพื้นฐานของสมการข้างต้นสามารถคำนวณค่าระดับของ histogram ในแต่ละพื้นที่จากกฎตั้งสมการที่ 4

$$\begin{aligned} & \text{If } H_{CR}(i) > N_{CL}, H_{NCR}(i) = N_{CL}; \\ & \text{Else if } H_{CR}(i) + N_{acp} \geq N_{CL}, H_{NCR}(i) = N_{CL}; \\ & \text{Else } H_{NCR}(i) = H_{CR}(i) + N_{acp} \end{aligned} \quad (4)$$

โดยที่

$H(i)$ คือหมายเลขของแต่ละพิกเซลในระดับ gray ของพื้นที่นั้นๆ

i คือหมายเลขของค่าในระดับ gray

หลังจากกระจายค่า histogram ใหม่ให้กับทุกพิกเซลในระดับ gray ดังสมการที่ 5

$$S = \frac{N_{gray}}{N_{LP}} \quad (5)$$

โดยที่

S คือค่า histogram ใหม่ที่กระจายให้ทุกพิกเซล

N_{LP} คือค่าพิกเซลที่ตัดมาเพื่อใช้คำนวณค่าใหม่

2.2 Contrast Stretching

Contrast Stretching (CS) (15) คือ วิธีการเพิ่มคุณภาพภาพโดยการขยายขนาดความคมชัดและการ

วางทับข้อมูลความหนาแน่นค่าเดิม โดยค่าความหนาแน่นใหม่ได้จากเทคนิค Adaptive Transfer Function ซึ่งจะทำการออกแบบโดยใช้พื้นฐานทางสถิติจากข้อมูลภาพนำเข้า โดยรายละเอียดวิธีการสามารถอธิบายได้ดังสมการที่ 6

$$b(m,n) = 255 \frac{a(m,n) - \text{Min}(m,n)}{\text{Max}(m,n) - \text{Min}(m,n)} \quad (6)$$

โดยที่

$b(m,n)$ คือค่าความสว่างหลังจากการปรับปรุง

$a(m,n)$ คือค่าความสว่าง

$\text{Max}(m,n)$ คือค่าสูงสุดของค่าพิกเซล

$\text{Min}(m,n)$ คือค่าต่ำสุดของค่าพิกเซล

จากสมการดังกล่าว สามารถวางค่าความหนาแน่นใหม่แทนที่ทุกพิกเซลได้ โดยวิธีการนี้สามารถกำจัดสัญญาณรบกวนในการเพิ่มคุณภาพภาพได้ด้วยเช่นกัน

2.3 Histogram Equalization

Histogram Equalization (HE) (16) คือวิธีการเพิ่มประสิทธิภาพภาพโดยใช้วิธีการสร้างภาพที่มีจำนวนจุดภาพใกล้เคียงกัน หรือข้อมูลที่แปลงแล้ว จะมีการกระจายอย่างสม่ำเสมอ โดยวิธีการนี้ใช้การกำหนดจำนวนจุดภาพที่เหมาะสมให้กับแต่ละค่า โดยภาพโครโมโซมที่ใช้ในการตัดแยกเป็นภาพ gray scale โดยจะอยู่ในช่วง $[0, L-1]$ ซึ่งความน่าจะเป็นในการกระจายตัวข้อมูลภาพดังสมการที่ 7

$$P(r_k) = \frac{n_k}{N} \quad k = 0, \dots, L-1 \quad (7)$$

โดยที่

r_k คือค่าระดับ k th ใน gray level

n_k คือจำนวนพิกเซลในภาพ gray scale ซึ่งมีค่า gray level ที่ r_k

L คือความหนาแน่นของค่า gray scale โดยการเพิ่มขึ้นของฟังก์ชันการกระจายตัวคำนวณได้จากสมการที่ 8

$$C(r_{k+1}) = \sum_{i=0}^{i=k+1} P(r_i) \quad (8)$$

$$C(r_{k+1}) - C(r_k) = P(r_{k+1})$$

$$k = 0, \dots, L-1, 0 \leq C(r_k) \leq 1$$

โดย HE จะใช้ค่า gray level s_k ถึง r_k จากภาพนำเข้าโดยคำนวณจากสมการที่ 9

$$S_k = (L-1) \times C(r_k) \quad (9)$$

เมื่อค่า gray level S_k เปลี่ยนแปลงสามารถคำนวณสมการที่ 10

$$s_k = (L-1) \times P(r_k) \quad (10)$$

จากสมการที่ 13 คือระยะทางระหว่าง S_k และ S_{k+1} โดยมีเส้นทางที่สัมพันธ์กันกับ PDF ของภาพนำเข้าในรูปแบบ gray level r_k ในทางใช้งานอาจเกิดความความผิดพลาดจาก HE โดยเกิดในสมการที่ 9 เนื่องจาก Quantization operation

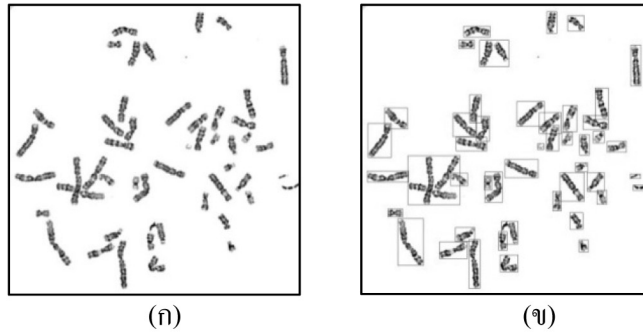
2.4 Mathematical Morphology

Mathematical Morphology (MM) ได้รับการพัฒนาเป็นวิธีการเพิ่มคุณภาพภาพโครโมโซมจาก Y. Wenzhong(7) โดยขั้นตอนประกอบด้วย

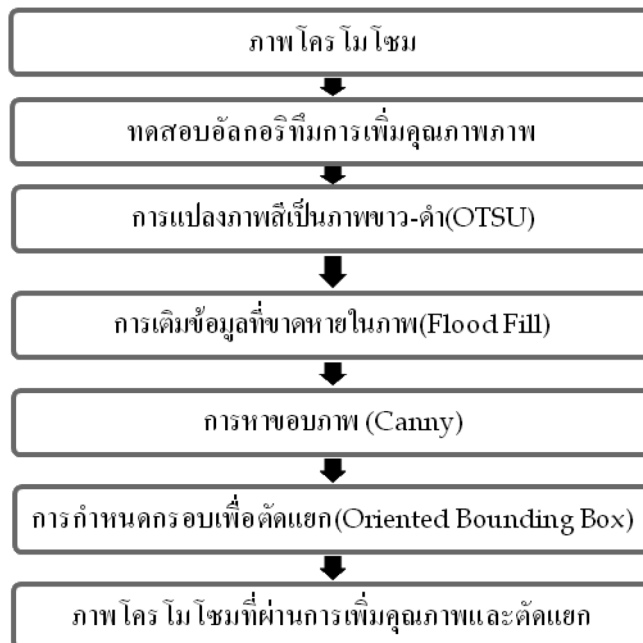
1. นำภาพเริ่มต้นบวกกับภาพที่ผ่านการทำ top-hat transform
2. นำภาพผลลัพธ์จากข้อที่ (1) มาลบกับภาพที่ผ่านการทำ bot-hat transform
3. นำผลลัพธ์จากข้อที่ (2) เข้าสู่ Iterative thresholding algorithm

3. การวิเคราะห์ประสิทธิภาพ

การวิเคราะห์ประสิทธิภาพในงานวิจัยนี้เพื่อหาวิธีที่เหมาะสมในการเพิ่มคุณภาพภาพโครโมโซม เพื่อใช้ในการตัดแยกให้ได้คุณภาพมากที่สุด โดยวิธีการวิเคราะห์จะนำวิธีการเพิ่มคุณภาพภาพแต่ละวิธี เข้าสู่ขั้นตอนการตัดแยกทีละวิธี โดยกระบวนการตัดแยกประกอบด้วยภาพที่ใช้ในการทดลองแสดงตัวอย่างดังรูปที่ 2 (ก)



รูปที่ 2. (ก) ภาพโครโมโซมเบื้องต้น (ข) ภาพโครโมโซมผ่านการเพิ่มคุณภาพและตัดแยก



รูปที่ 3. แสดงขั้นตอนทดสอบการเพิ่มคุณภาพภาพและการตัดแยกภาพโครโมโซมเพื่อวัดประสิทธิภาพการเพิ่มคุณภาพแต่ละวิธี

หลังจากนั้นจึงเข้าสู่กระบวนการทดสอบอัลกอริทึมการเพิ่มคุณภาพภาพ แล้วจึงทำการแปลงภาพสีเป็นภาพขาว-ดำโดยวิธี OTSU (17) เมื่อผ่านกระบวนการแปลงภาพขาวดำแล้ว ภาพยังมีข้อมูลบางส่วนที่ขาดหาย เช่นเกิดหลุมในภาพ โดยจะใช้การเติมข้อมูลที่ขาดหายด้วยวิธี Flood Fill (18) ทำให้ได้ข้อมูลภาพที่สมบูรณ์ และใช้การหาขอบภาพโครโมโซมเพื่อกำหนดขอบเขตในการตัดแยกด้วยวิธี Canny Edge Detection (19) แล้วจึงกำหนดกรอบในการตัดแยกด้วย Oriented Bounding

Box (20) โดยภาพผลลัพธ์จากการตัดแยกเมื่อผ่านการเพิ่มคุณภาพภาพในแต่ละวิธี จะแสดงดังรูปที่ 2(ข) และขั้นตอนทดสอบการเพิ่มคุณภาพภาพและการตัดแยกภาพโครโมโซมเพื่อวัดประสิทธิภาพการเพิ่มคุณภาพภาพแต่ละวิธีจะแสดงดังรูปที่ 3 ซึ่งผลการทดลองที่ได้จากการเพิ่มคุณภาพภาพโครโมโซม

จะประเมินจากความถูกต้องในการตัดแยก โดยผู้เชี่ยวชาญจะเป็นผู้ตรวจความถูกต้องในการตัดแยกภาพในแต่ละวิธีของการเพิ่มคุณภาพภาพ

3.1 ข้อมูลและเครื่องมือที่ใช้ในงานวิจัย

ในการวิจัยนี้ข้อมูลภาพที่ใช้ในการทดลอง คือ ภาพโครโมโซมชนิด G-band ชนิดไฟล์ภาพ JPG ขนาดภาพ 900 X 900 พิกเซลขึ้นไป จำนวน 20 ภาพเซล ซึ่งใน 1 ภาพเซลประกอบด้วยโครโมโซม 46 ตัว การประเมินผล ใช้การประเมินผลจากประสิทธิภาพการจำแนกข้อมูล โดยวัดค่าความถูกต้องแม่นยำ(5) ดังสมการที่ 11

$$Accuracy = \left(\frac{A}{N}\right)100 \tag{11}$$

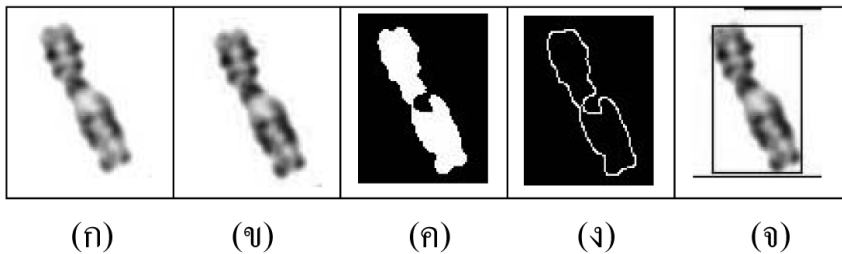
โดยที่

A คือค่าจำนวนโครโมโซมที่ตัดแยกได้ถูกต้อง

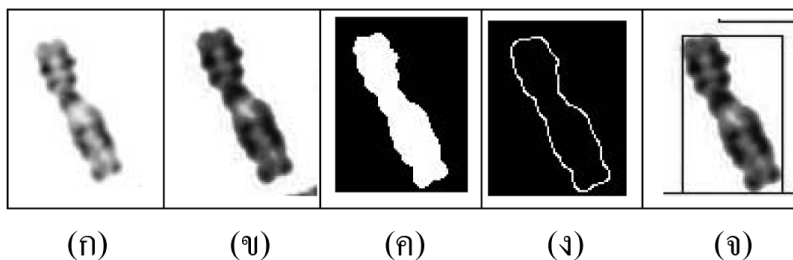
N คือค่า จำนวนโครโมโซมทั้งหมด

4. ผลการวิจัยและการอภิปรายผล

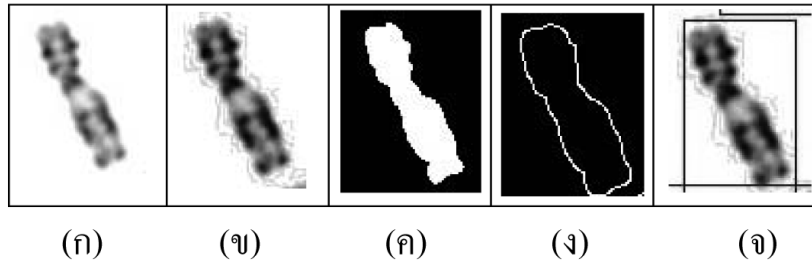
การวิจัยนี้ได้ทำการวิเคราะห์วิธีการเพิ่มคุณภาพภาพโครโมโซม โดยทำการทดสอบวิธีการด้วยการนำภาพตัวอย่างโครโมโซมเซลทั้งหมด 20 เซลล์ใส่ได้ โดยในแต่ละสไลด์จะมีโครโมโซมอยู่ 46 ตัว จากนั้นทำการทดลองป้อนข้อมูลภาพโครโมโซมเพื่อทำการเพิ่มคุณภาพและตัดแยกโดยผลลัพธ์ที่ได้ จะได้รับการนับความถูกต้องในการตัดแยกจากผู้เชี่ยวชาญ โดยผลการทดสอบแสดงดังรูปที่ 4-7



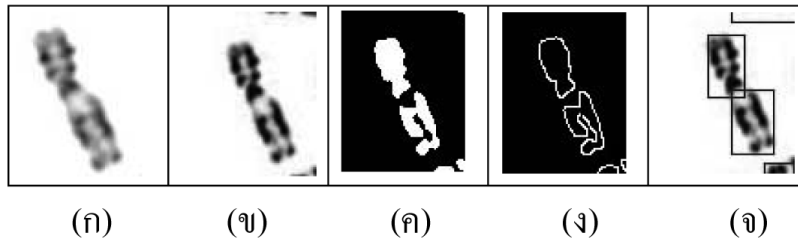
รูปที่ 4. (ก) ภาพต้นฉบับ (ข) CLAHE (ค) แปลงภาพขาว-ดำโดยใช้วิธี OTSU (ง) หาเส้นขอบโดยใช้วิธี Canny (จ) ผลตัดแยก



รูปที่ 5. (ก) ภาพต้นฉบับ (ข) CS (ค) แปลงภาพขาว-ดำโดยใช้วิธี OTSU (ง) หาเส้นขอบโดยใช้วิธี Canny (จ) ผลตัดแยก



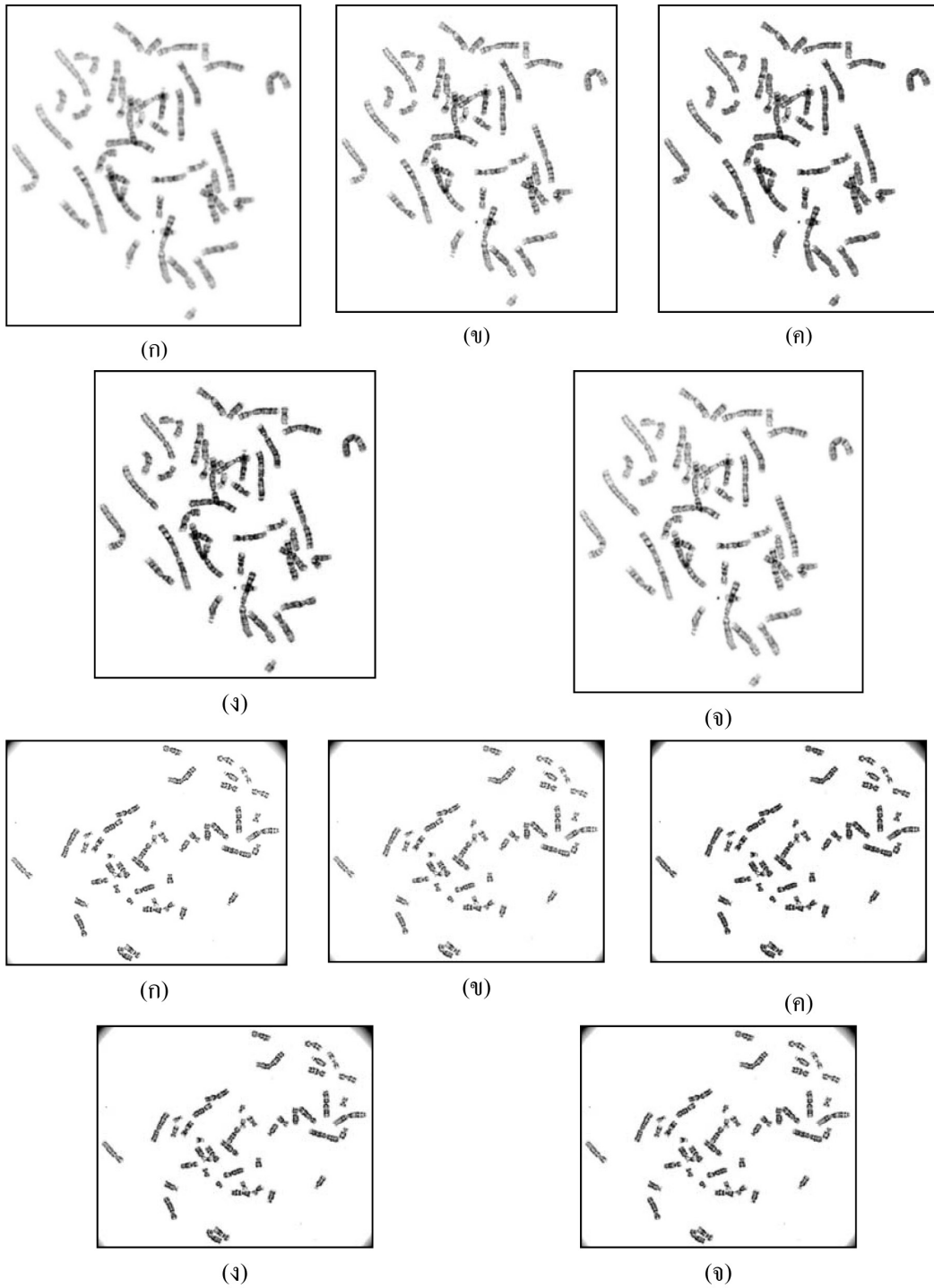
รูปที่ 6. (ก) ภาพต้นฉบับ (ข) HE (ค) แปลงภาพขาว-ดำโดยใช้วิธี OTSU (ง) หาเส้นขอบโดยใช้วิธี Canny (จ) ผลตัดแยก



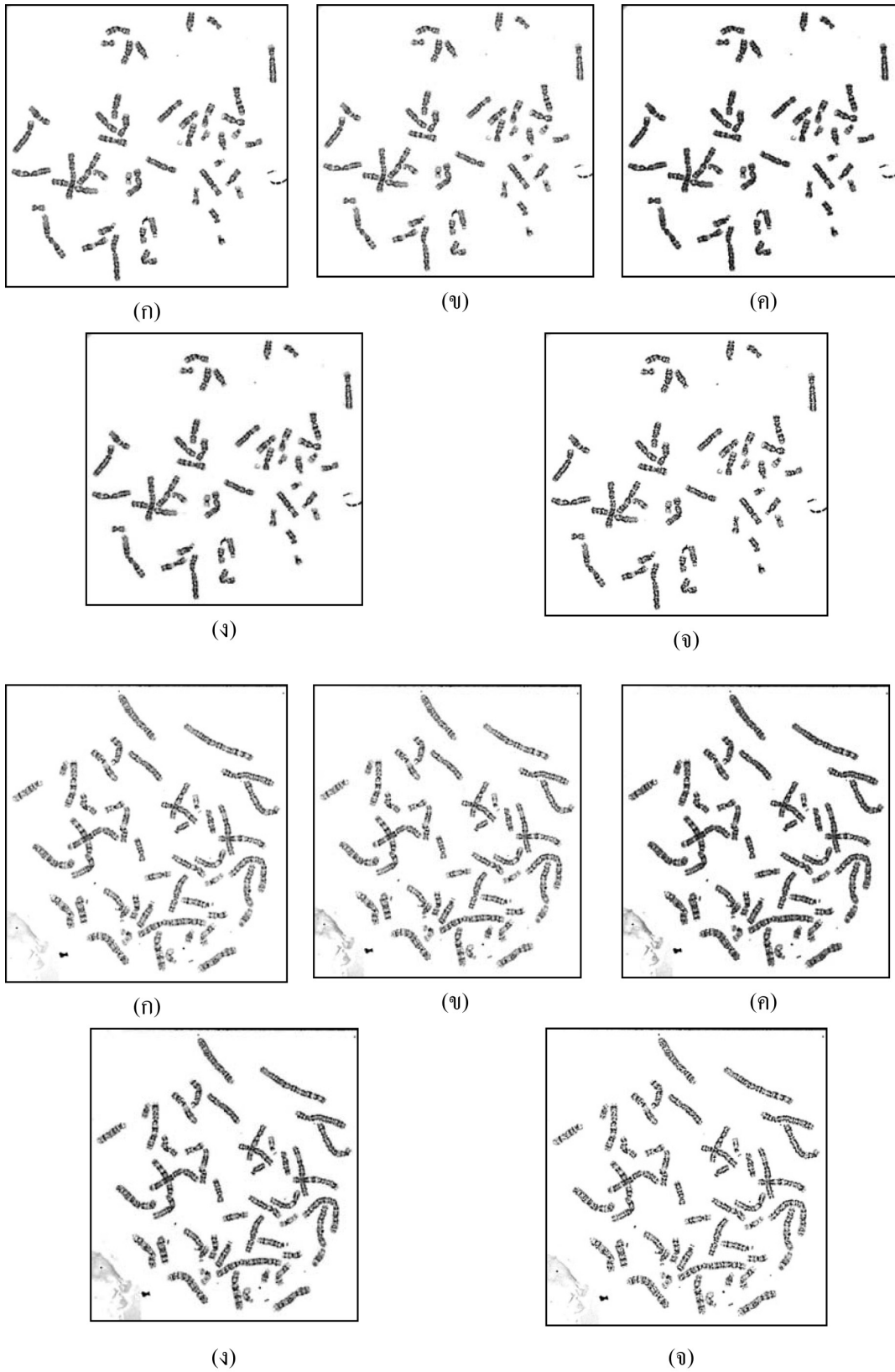
รูปที่ 7. (ก) ภาพต้นฉบับ (ข) MM (ค) แปลงภาพขาว-ดำโดยใช้วิธี OTSU (ง) หาเส้นขอบโดยใช้วิธี Canny (จ) ผลตัดแยก

จากรูปที่ 4-7 แสดงตัวอย่างผลการทดลองการเพิ่มคุณภาพภาพโครโมโซม ซึ่งเป็นโครโมโซม 1 ตัวในเซลล์ไลดที่ 1 โดยแสดงผลลัพธ์ในแต่ละขั้นตอนหลังจากผ่านการเพิ่มคุณภาพภาพ โดยวิธี HE CS และ CLAHE สามารถตัดภาพโครโมโซมได้ถูกต้องเนื่องจากการเพิ่มคุณภาพภาพทำให้ข้อมูลภาพมีความสมบูรณ์มากยิ่งขึ้น โดยเฉพาะบริเวณแถบลายภาพโครโมโซม ซึ่งมีภาพบางส่วนที่มีลักษณะที่คล้ายกับภาพพื้นหลังทำให้เกิดความแตกต่างมากยิ่งขึ้น เมื่อแปลงเป็นภาพขาว-ดำโดยใช้วิธี OTSU ทำให้ข้อมูลมีความต่อเนื่องไม่ขาดหาย ดังนั้นเมื่อผ่านขั้นตอนการหาเส้นขอบด้วยวิธีการ Canny จึง

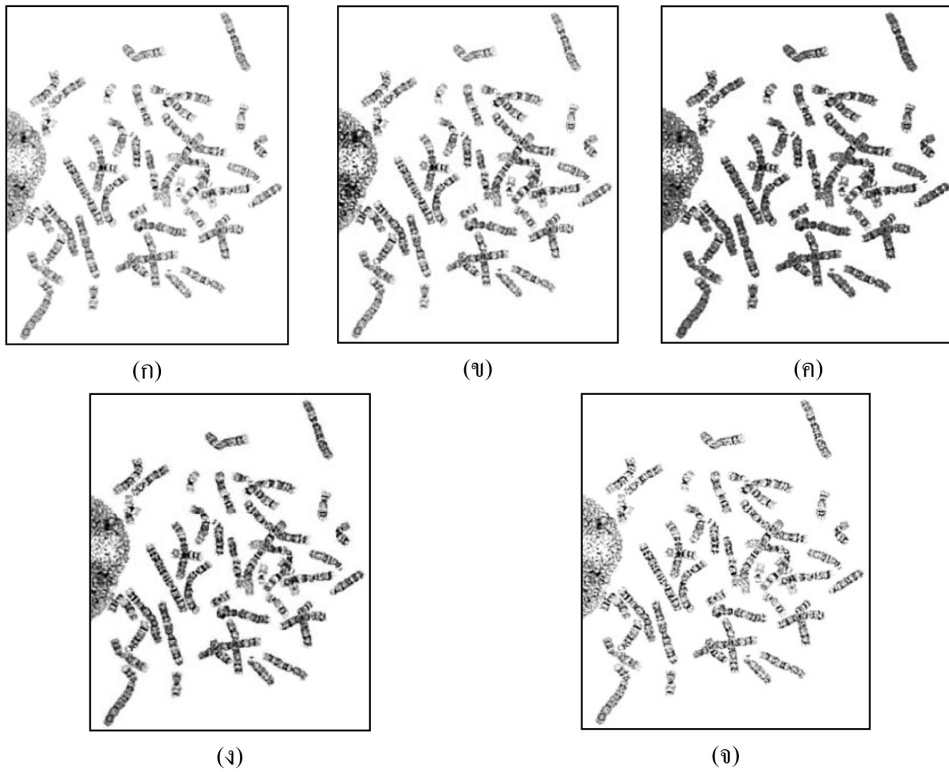
ทำให้ได้ขอบเขตที่มีความชัดเจน เป็นผลให้การกำหนดกรอบเพื่อตัดแยกมีความถูกต้องมากยิ่งขึ้นโดยแสดงดังรูปที่ 8 ซึ่งต่างจากวิธี MM ภาพโครโมโซมเมื่อผ่านขั้นตอน MM ภาพจะมีความคมชัดแต่เมื่อผ่านการแปลงเป็นภาพขาว-ดำโดยใช้วิธี OTSU ภาพเกิดสูญเสียของข้อมูลที่สำคัญโดยวิธีนี้ไม่สามารถทำให้แถบลายภาพโครโมโซมมีความแตกต่างจากพื้นหลังได้จึงทำให้ภาพโครโมโซมขาดเสียหายจึงเป็นสาเหตุให้การตัดแยกไม่ถูกต้องดังรูปที่ 7 และแสดงผลการแปลงเป็นภาพขาว-ดำโดยใช้วิธี OTSU ของทุกวิธีดังรูปที่ 9



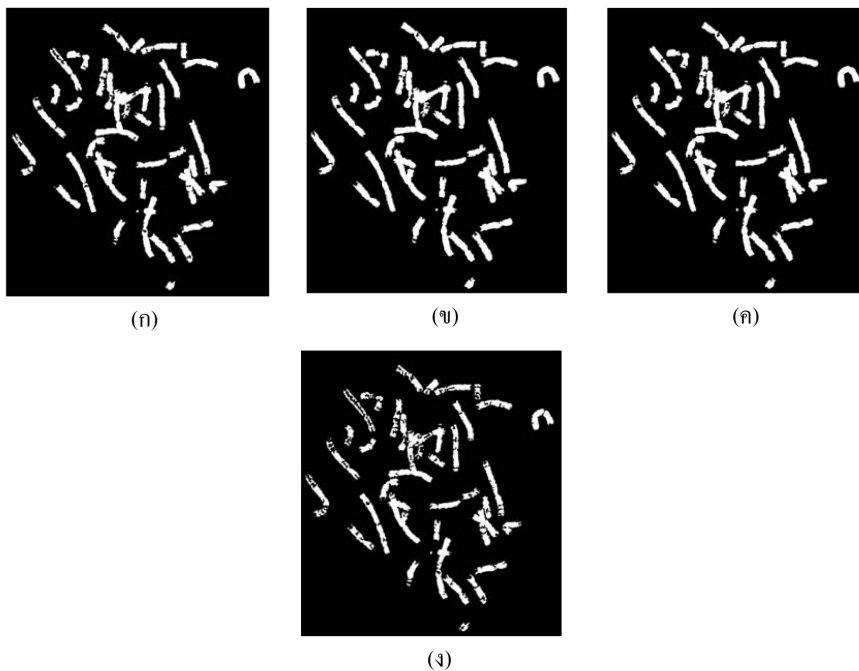
รูปที่ 8. แสดงผลการปรับปรุงคุณภาพภาพโครโมโซม (ก) ภาพต้นฉบับ (ข) CLAHE (ค) CS (ง) HE (จ) MM



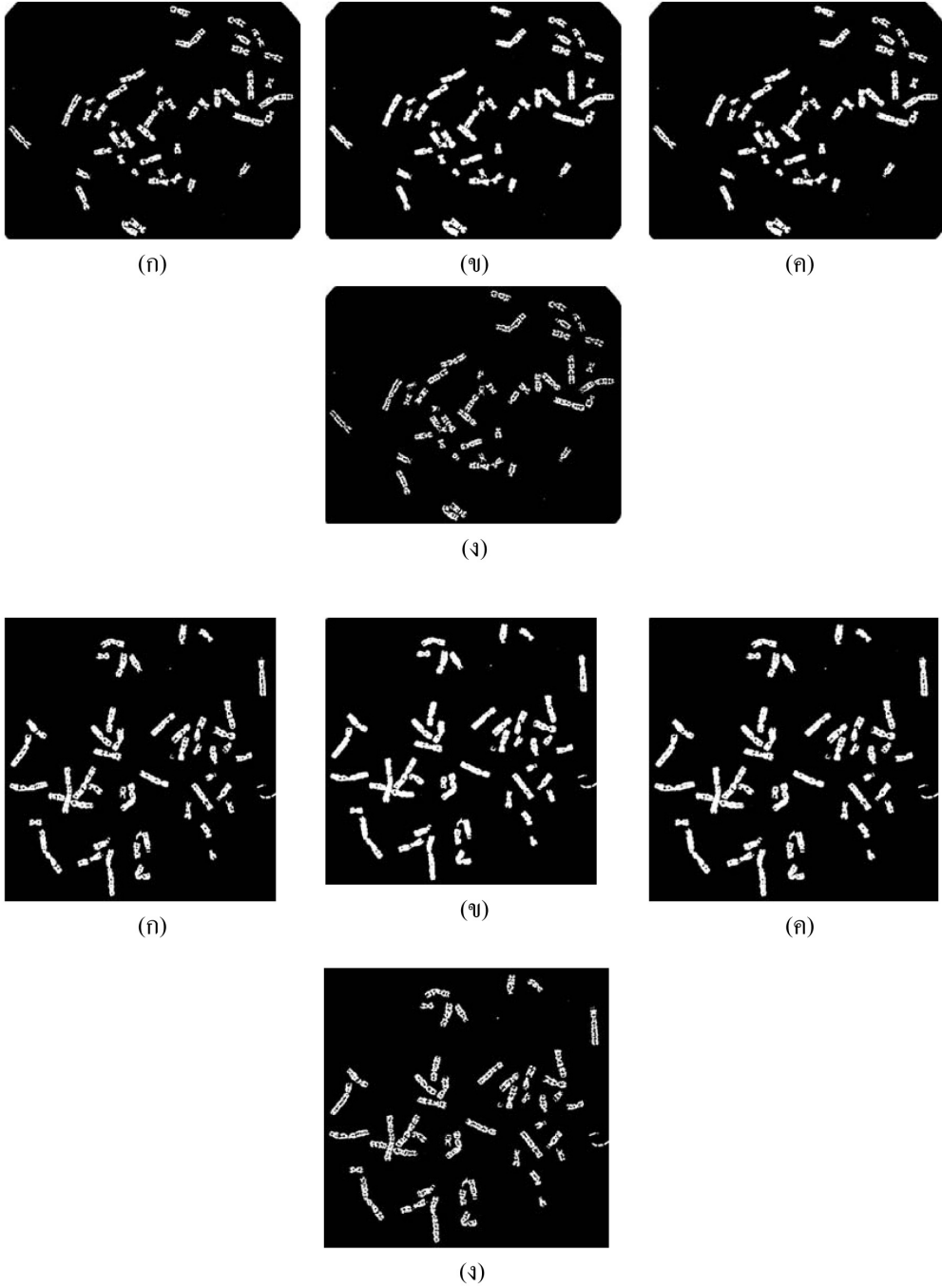
รูปที่ 8. แสดงผลการปรับปรุงคุณภาพภาพโครโมโซม (ก) ภาพต้นฉบับ (ข) CLAHE (ค) CS (ง) HE (จ) MM (ต่อ)



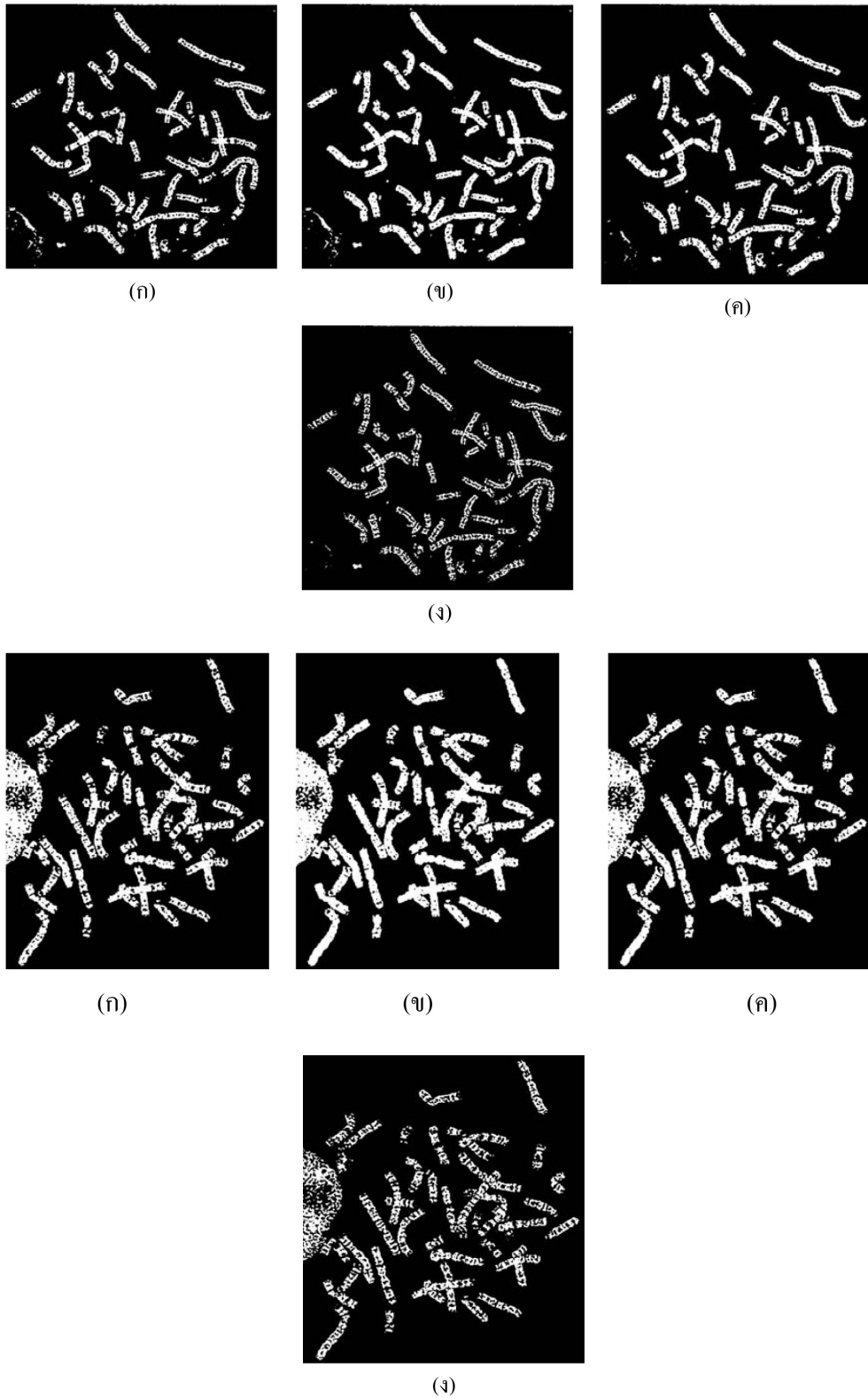
รูปที่ 8. แสดงผลการปรับปรุงคุณภาพภาพโครโมโซม (ก) ภาพต้นฉบับ (ข) CLAHE (ค) CS (ง) HE (จ) MM (ต่อ)



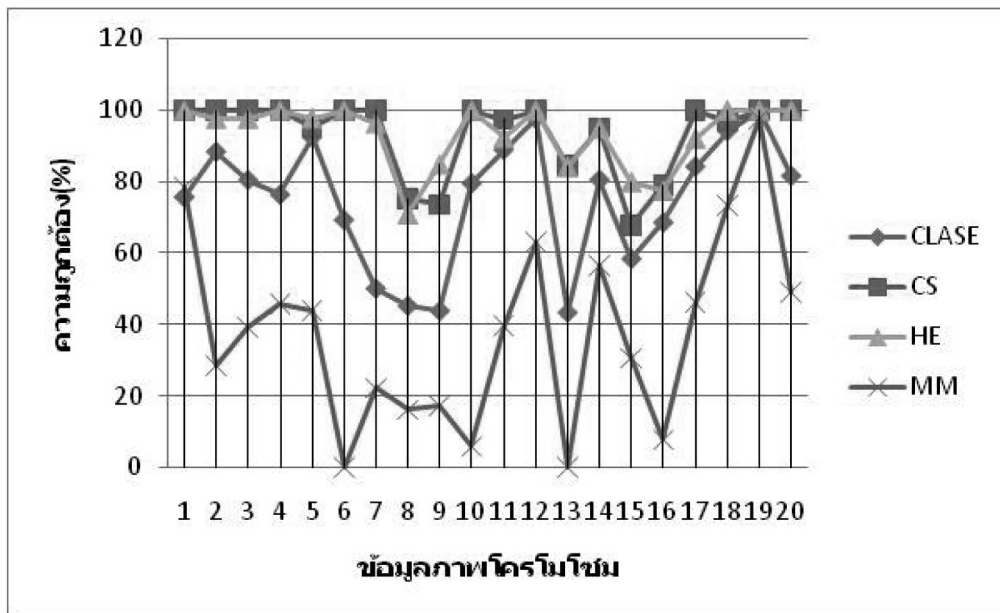
รูปที่ 9. แสดงผลการแสดงผลการแปลงเป็นภาพขาว-ดำด้วยวิธีการ OTSU (ก) CLAHE (ข) CS (ค) HE (ง) MM



รูปที่ 9. แสดงผลการแสดงผลการแปลงเป็นภาพขาว-ดำด้วยวิธีการ OTSU (ก) CLAHE (ข) CS (ค) HE (ง) MM (ต่อ)



รูปที่ 9. แสดงผลการแสดงผลการแปลงเป็นภาพขาว-ดำด้วยวิธีการ OTSU (ก) CLAHE (ข) CS (ค) HE (ง) MM (ต่อ)



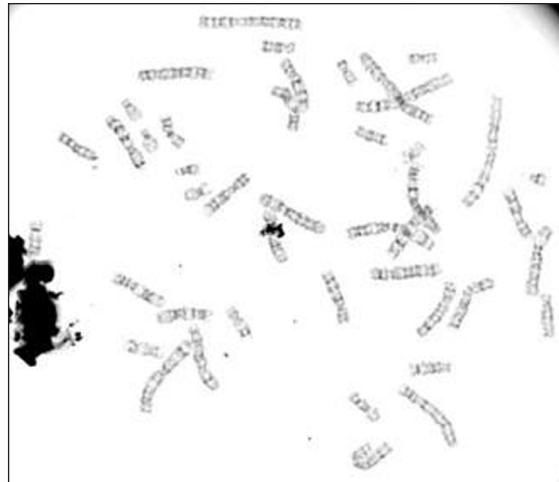
รูปที่ 10. กราฟแสดงผลการทดลองการเพิ่มคุณภาพภาพโครโมโซม

จากรูปที่ 10 แสดงผลการทดลองการเพิ่มคุณภาพภาพโดยพบว่า วิธี HE และ CS ให้คุณภาพสูง รองลงมาคือวิธี CLASE และ MM และจะพบว่าลักษณะของภาพโครโมโซมมีผลต่อการเพิ่มคุณภาพ ดังรูปที่ 11 เนื่องจากรูปมีความคมชัด มีความสม่ำเสมอของแสง ขอบโครโมโซมมีความชัดเจนไม่ขาดจึงเป็นส่วนเพิ่มให้ทุกวิธีมีคุณภาพสูง

และจากรูปที่ 12 แสดงลักษณะรูปโครโมโซมที่ให้ผลการเพิ่มคุณภาพต่ำกับทุกวิธีเนื่องจาก ภาพมีความสว่างมาก ขอบภาพโครโมโซมไม่ชัดเจน แทบละลายสีขาว มีความกว้าง ทำให้ยากในการแยกแยะระหว่างวัตถุกับพื้นหลัง



รูปที่ 11. แสดงลักษณะภาพที่ช่วยให้วิธีการปรับปรุงมีคุณภาพสูงขึ้น

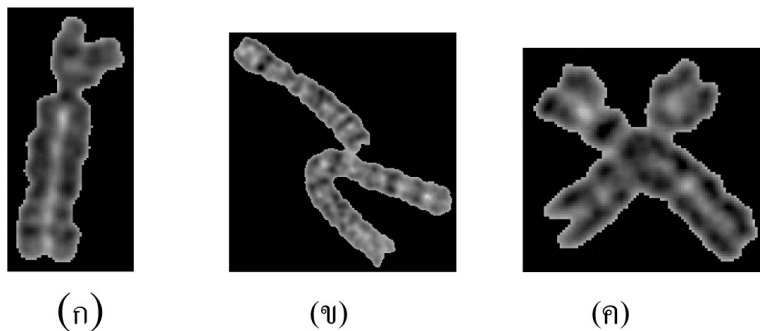


รูปที่ 12. แสดงลักษณะภาพที่ส่งผลให้วิธีการปรับปรุงมีคุณภาพลดลง

การเปรียบเทียบประสิทธิภาพจากการเพิ่มคุณภาพภาพโครโมโซมด้วยวิธี CLAHE CS HE และ MM ได้แสดงดังตารางที่ 1 โดยใช้ข้อมูลชุดเดียวกันในการทดลองพบว่าวิธี HE มีประสิทธิภาพสูงสุดในการเพิ่มคุณภาพภาพโครโมโซม เนื่องจากวิธี HE ใช้การกำหนดจำนวนจุดภาพที่มีความเหมาะสมให้กับแต่ละค่า ทำให้ภาพมีการกระจายตัวของความหนาแน่นอย่างสม่ำเสมอ ทำให้มีความถูกต้องสูงที่สุดกว่าวิธีอื่นเมื่อผ่านการตัดแยก และเมื่อทำการเปรียบเทียบเวลาในการประมวลผลของแต่ละวิธีซึ่งพบว่าวิธี CS ใช้เวลาในการปรับปรุงคุณภาพภาพน้อยที่สุด โดยวิธี CS ใช้วิธีการขยายขนาด

ความคมชัดและวางทับข้อมูลความหนาแน่นเดิม จึงทำให้ใช้เวลาน้อยกว่าวิธีการอื่น

จากการทดลองพบว่าโครโมโซมในภาพสไลด์สามารถแบ่งลักษณะการวางตัวของแท่งโครโมโซมเป็น 3 ลักษณะคือ โครโมโซมแบบแท่งเดี่ยว โครโมโซมแบบแท่งสัมผัสกัน และโครโมโซมแบบแท่งทับซ้อนกัน ดังรูปที่ 13 (ก)–(ค) และพบว่าวิธี HE มีประสิทธิภาพสูงสุดในการเพิ่มคุณภาพภาพโครโมโซมชนิดแท่งสัมผัสกัน วิธี CLAHE มีประสิทธิภาพสูงสุดในการเพิ่มคุณภาพภาพโครโมโซมชนิดแท่งทับซ้อนกัน และชนิดแท่งเดี่ยว โดยแสดงดังตารางที่ 2



รูปที่ 13. ลักษณะโครโมโซม (ก) ภาพโครโมโซมแท่งเดี่ยว (ข) ภาพโครโมโซมสัมผัสกัน (ค) ภาพโครโมโซมซ้อนทับกัน

ตารางที่ 1. แสดงการเปรียบเทียบผลการเพิ่มคุณภาพภาพโครโมโซม

วิธีการ	เวลา (Sec.)	ประสิทธิภาพ (%)
MM	3.422	37.95
CLAHE	4.438	74.89
CS	0.053	93.2
HE	0.083	93.32

ตารางที่ 2. แสดงการเปรียบเทียบผลการเพิ่มคุณภาพภาพโครโมโซมตามลักษณะการวางตัว

วิธีการ	ประสิทธิภาพ (%)		
	โครโมโซมสัมผัส	โครโมโซมซ้อนทับ	โครโมโซมเดี่ยว
MM	16	17.5	37.16
CLASE	64.67	53.8	75.52
CS	44	40	50.93
HE	69.83	50	74.23

5. สรุปผลการวิจัยและข้อเสนอแนะ

จากผลการวิเคราะห์สรุปว่า Histogram Equalization (HE) เหมาะสมที่สุดสำหรับการเพิ่มคุณภาพภาพโครโมโซมที่ความถูกต้อง 93.32 % โดยเวลาในการประมวลผลเพื่อเพิ่มคุณภาพอยู่ที่ 0.083 (Sec.) แต่เนื่องจากงานวิจัยได้เน้นในเรื่องความถูกต้องเป็นสำคัญเนื่องจากจุดประสงค์หลักคือ ภาพที่ได้จะนำไปสู่การวินิจฉัยโรค ดังนั้นความเร็วในการประมวลผลจึงไม่ใช่ประเด็นสำคัญในกระบวนการเพิ่มคุณภาพภาพโครโมโซม และจากการทดลองยังสรุปได้ว่า ภาพโครโมโซมลักษณะแท่งสัมผัสวิธี Histogram Equalization (HE) มีความเหมาะสมที่สุด และโครโมโซมลักษณะแท่งทับซ้อนและแท่งเดี่ยววิธี Contrast Limited Adaptive Histogram Equalization (CLAHE) ความเหมาะสมที่สุดสำหรับการปรับปรุงคุณภาพเพื่อใช้ในการตัดแยก ซึ่งเป็นกระบวนการในลำดับต่อไปเพื่อให้ได้ประสิทธิภาพในการวิเคราะห์สูงสุด แต่จากการทดลองยังมีภาพโครโมโซมในบางลักษณะที่วิธีการดังกล่าวยังไม่สามารถปรับปรุงคุณภาพได้ เช่นภาพแท่งโครโมโซมมีช่องโหว่

ภายใน ซึ่งปัญหาดังกล่าวจะได้นำไปสู่การพัฒนาวิธีการปรับปรุงคุณภาพภาพโครโมโซมต่อไป

6. กิตติกรรมประกาศ

งานวิจัยนี้ได้รับการสนับสนุนจาก ท่านผู้มีศักดิ์ภาพทางการวิจัยคณะวิทยาการสารสนเทศ มหาวิทยาลัยมหาสารคาม ข้อมูลและภาพ kariotype จาก นายแพทย์ วีระยุทธ ประพันธ์พจน์ ศูนย์วิจัยพันธุศาสตร์การแพทย์ (Center for Medical Genetic Research) สถาบันราชานุกูล กรมสุขภาพจิต

7. เอกสารอ้างอิง

- (1) Piper J, Granum E, Rutovitz D, Ruttledge H. Automation of chromosome analysis. Signal Processing. 1980 July;2(3):203-21.
- (2) Hampton GM. Simultaneous assessment of loss of heterozygosity at multiple micro satellite loci using semi-automated fluorescence-based

- detection :sub regional mapping of chromosome 4 in cervical carcinoma. *Proc Natl Acad Sci.* 1996:6704-9.
- (3) Truong K. Quantitative fish detection of chromosome 3 arm imbalances in lung tumors by automated image cytometry. *Med Sci Monit.* 2004:426-32.
- (4) Boehm D. Rapid detection of subtelomeric detection/duplication by novel real-time quantitative PCR using SYBR-Green dye. *Human Mutation.* 2004:368-78.
- (5) Grisan E, Poletti E, Ruggeri A. Automatic Segmentation and Disentangling of Chromosomes in Q-Band Prometaphase Images. *IEEE Transactions on Information Technology in Biomedicine.* 2009 July;13(4):575-81.
- (6) Wang YP, Wu Q, Castleman KR, Xiong Z, editors. Image Enhancement Using Multiscale Differential Operators. *IEEE International Conference on Acoustics, Speech, and Signal Processing (ICASSP '01);* 2001 May 7-11; 2001. P. 1853–1856.
- (7) Wenzhong Y, editor. Mathematical Morphology Based Enhancement for Chromosome Images. *ICBBE 2009 3rd International Conference on Bioinformatics and Biomedical Engineering;* 2009 June 11-13 ; 2009. P. 1-3.
- (8) Wang YP, Wu Q, Castleman K, Xiong Z, editors. Image enhancement using multiscale oriented wavelets. *Proceedings 2001 International Conference on Image Processing;* 2001. P. 610-613.
- (9) Wu Q, Castleman KR, editors. Wavelet-Based Enhancement of Human Chromosome Images. *Proceedings of the 20th Annual International Conference of the IEEE Engineering in Medicine and Biology Society;* 1998. P. 963-966.
- (10) PAL SK, ROSENFELD A. Image enhancement and thresholding by optimization of fuzzy compactness. *Pattern Recognition.* 1988;7: 77-86.
- (11) Wu Q, Wangt YP, Liu Z, Chent T, Castleman KR, editors. The Effect of Image Enhancement on Biomedical Pattern Recognition. *Proceedings of the Second Joint EMBSBMES Conference Houston;* 2002 October 23-26; TX, USA; 2002. P. 1067-1069.
- (12) Choi Y, Krishnapuram R, editors. A Fuzzy-Rule-Based Image Enhancement Method for Medical Applications. *Proceedings of the Eighth IEEE Symposium on Computer-Based Medical Systems;* 1995 .P. 75-80.
- (13) Ehsani SP, Mousavi HS, Khalaj BH, editors. Chromosome Image Contrast Enhancement Using Adaptive, Iterative Histogram Matching. *2011 7th Iranian Machine Vision and Image Processing (MVIP);* 2011.P. 1-5.
- (14) Xu Z, Liu X, Ji N, editors. Fog Removal from Color Images using Contrast Limited Adaptive Histogram Equalization. *CISP'09 2nd International Congress on Image and Signal Processing;* 2009 October 17-19 ; 2009.P. 1-5.
- (15) Ye Y, Ye Z, Bhattacharya P, Luo J, Majlesein H, Smith R, et al., editors. On linear and nonlinear processing of underwater, ground, aerial and satellite images. *International Conference on Systems, Man and Cybernetics;* 2005.P. 3364-3368.
- (16) Yeganeh H, Ziaei A, Rezaie A, editors. A Novel Approach for Contrast Enhancement Based on Histogram Equalization. *Proceedings of the International Conference on Computer and Communication Engineering;* 2008 May 13-15; Kuala Lumpur, Malaysia; 2008.P. 256-260.

- (17) AlSaeed DH, Bouridane A, ElZaart A, Sammouda R, editors. Two Modified Otsu Image Segmentation Methods Based On Lognormal And Gamma Distribution Models. 2012 International Conference on Information Technology and e-Services; 2012.P. 1-5.
- (18) Rafael C. González aREW. Digital Image Processing: Prentice Hall; 2002.
- (19) Canny J. A computational approach to edge detection. IEEE Transactions on Pattern Analysis and Machine Interlligence. 1986; PAMI-8: 679 - 98.
- (20) Songhua H, Lizhen Y, editors. Optimization of Collision Detection Algorithm based on OBB. International Conference on Measuring Technology and Mechatronics Automation; 2010.P. 853-855.