

การวินิจฉัยจำแนกโรคใบอ่อนจากภาพถ่ายโดยใช้จีเนติกอัลกอริทึม และแผนผังจัดการตนเองเชิงโครงสร้างปรับตัวได้

ชมพู ทรัพย์ปทุมสิน* และ อาทิตย์ ศรีแก้ว

บทคัดย่อ

อุตสาหกรรมการเกษตรเป็นอุตสาหกรรมที่สำคัญอย่างหนึ่งของประเทศไทย และในปัจจุบันได้มีการนำนวัตกรรมเข้ามาใช้เพื่อพัฒนาเทคโนโลยีทางเกษตรเพิ่มขึ้นอย่างต่อเนื่อง โดยเฉพาะเทคโนโลยีในการประมวลผลภาพและคอมพิวเตอร์วิทัศน์ ปัญหาที่สำคัญอย่างหนึ่งในอุตสาหกรรมการเกษตร คือการใช้สารเคมีมากเกินไปในการควบคุมโรคพืช ทำให้เกิดปัญหาต่าง ๆ ขึ้น เช่น ปัญหาทางสิ่งแวดล้อม อันตรายต่อสุขภาพ และสิ้นเปลืองค่าใช้จ่ายเพื่อลดปัญหาดังกล่าวหากสามารถพิจารณาลักษณะอาการของโรคพืชในสภาวะเริ่มต้นได้ จะสามารถลดปริมาณความเสียหายทางผลผลิต และหลีกเลี่ยงการใช้สารเคมีมากเกินไปได้ งานวิจัยนี้ได้นำเสนออัลกอริทึมสำหรับการวินิจฉัยจำแนกโรคใบอ่อนจากภาพถ่ายในสภาวะแวดล้อมจริง กระบวนการทำงานของระบบประกอบไปด้วยจีเนติกอัลกอริทึม (Genetic Algorithm : GA) และแผนผังการจัดการตนเองเชิงโครงสร้างปรับตัวได้ (Structure-Adaptive Self-Organizing Feature Map : SASOM) เรียกว่า อัลกอริทึม GA-SASOM ซึ่งโครงสร้างหลักของการจำแนกรูปแบบของโรคใบอ่อนของระบบได้ใช้โครงสร้างพื้นฐานของ GA ที่มีการพัฒนารูปแบบของโครโมโซมใหม่โดยได้พัฒนารูปแบบของแผนผังโนด (node map) ของ SASOM ขึ้นมาใหม่ เรียกว่า แผนผังโครโมโซม (chromosome map) ซึ่งแต่ละแผนผังโครโมโซมใช้แทนคุณลักษณะสี และขนาดของรูปแบบ 1 รูปแบบที่ต้องการจำแนกรูปแบบ และนำมาใช้เป็นแบบจำลองคุณลักษณะเด่นของภาพโรคพืชของใบอ่อน งานวิจัยนี้ได้ทดสอบระบบการจำแนกรูปแบบโดยใช้โรคใบอ่อน 4 โรคดังนี้ โรคอิบูน โรคราสนิม โรคราน้ำค้าง และโรคราแป้ง ซึ่งแต่ละภาพมีขนาด รูปร่าง ลักษณะการวางตัวของใบอ่อน และอยู่ในสภาวะแสงที่ต่างกัน ซึ่งผลการทดสอบระบบมีความแม่นยำสูงสุดถึง 94.35 เปอร์เซ็นต์

คำสำคัญ : การจำแนกรูปแบบ, จีเนติกอัลกอริทึม, การวินิจฉัยโรคพืช, แผนผังการจัดการตนเองเชิงโครงสร้างปรับตัวได้

Imagery Grape Leaf Disease Diagnosis Based on a GA-SASOM Algorithm

Chompoo Suppatoomsin* and Arthit Srikaew

Abstract

Agriculture industry is one of major industry in Thailand. Nowadays, agriculture industry uses more innovation for development, especially image processing technology and computer vision. One of important problem in agriculture industry is overdose on chemicals to handle plant diseases that cause many problems such as pollutions, health hazards and expensive cost. So, if we can initial plant disease diagnosis, we can reduce productivity damage and avoid overdose on chemicals. This research presents algorithm for grape leaf disease diagnosis from complex background imagery. The system consists genetic algorithm (GA) and structure-adaptive self-organizing maps (SASOM) called GA-SASOM algorithm, which we developed basic GA structure to be main structure of classification system with new chromosome type that developed from basic SASOM node map called chromosome map. This research used each chromosome map to represent each color characteristics and pattern class of leaf disease, which was feature extraction model of grape leaf disease image. This work was test grape leaf disease diagnosis system with 4 diseases include Scab, Rust, Downy mildew and Powdery mildew, which each image had various size, position, rotation and light condition. These system achieved a performance up to 94.35% of accuracy.

Keywords : Pattern classification, Genetic Algorithm, Disease diagnosis, Structure-adaptive self-organizing maps

School of Electrical Engineering, Faculty of Engineering, Suranaree University of Technology.

* Corresponding author, E-mail: suppatoomsin@gmail.com Received 13 February 2018, Accepted 31 May 2018

1. บทนำ

คอมพิวเตอร์วิทัศน์ เป็นเทคโนโลยีที่มีการขยายตัว และมีการเปลี่ยนแปลงตลอดเวลา ซึ่งเป็นเทคโนโลยีที่ได้เข้ามามีบทบาทในชีวิตประจำวันของเรามากขึ้น เช่น ทางด้านวงการแพทย์ [1–3] อุตสาหกรรม [4–5] การขนส่ง [6] การจัดการ [7] และทางด้านวงการเกษตร [8] สำหรับอุตสาหกรรมการเกษตรในปัจจุบันได้มีการนำนวัตกรรมเกี่ยวกับคอมพิวเตอร์วิทัศน์เข้ามาใช้เพิ่มมากยิ่งขึ้น เพื่อช่วยลดปัญหาต่าง ๆ ที่เกิดขึ้น เช่น ปัญหาการใช้สารเคมีมากเกินไปในการควบคุมโรคพืช เนื่องจากเมื่อพบว่าต้นพืชมีอาการของโรคเกิดขึ้น โดยปกติการควบคุมอาการของโรคพืชที่เกิดขึ้นทำโดยการ ใช้สารเคมีฉีดพ่นบริเวณต้นพืชที่มีอาการของโรค และเมื่อการพบอาการของโรคเมื่อเกิดโรคอย่างร้ายแรงแล้วนั้น การใช้สารเคมีก็จำเป็นต้องใช้มากขึ้นทำให้เกิดผลเสียต่าง ๆ ตามมา ดังนั้นเพื่อลดความเสียหายให้น้อยที่สุด และหลีกเลี่ยงการใช้สารเคมีมากเกินไป การสามารถพิจารณาลักษณะอาการของโรคพืชในสภาวะเริ่มต้นได้เร็วขึ้นก็มีความสำคัญอย่างยิ่ง ดังนั้นการพัฒนาาระบบอัตโนมัติในการพิจารณาลักษณะอาการของโรคพืชด้วยเทคนิควิทัศน์ของคอมพิวเตอร์วิทัศน์เป็นอีกทางเลือกหนึ่งในการพัฒนาอุตสาหกรรมการเกษตร

สำหรับงานวิจัยที่เกี่ยวข้องกับการจำแนกรูปแบบของโรคพืชโดยใช้คอมพิวเตอร์วิทัศน์มีหลากหลายงาน ตัวอย่างเช่น [9] ได้นำเสนอการจดจำรูปแบบของโรคที่พบบนใบแตงกวา โดยใช้วิธีการแทนแบบ sparse representation [10] ได้นำเสนอการตรวจจับและจำแนกรูปแบบของโรคพืชด้วยวิธีการเครื่องเวกเตอร์แบบเกือหนุน (support vector machines) [11] ได้นำเสนอการตรวจจับและจำแนกรูปแบบของโรคพืชที่เกิดบนใบ

ด้วยวิธีการแยกส่วนด้วยวิธี K-means และการจำแนกรูปแบบด้วยโครงข่ายประสาทเทียม (K-means based segmentation followed by neural network based classification) [12] ได้นำเสนอการตรวจจับและจำแนกรูปแบบของโรคที่เกิดบนใบของพืชด้วยวิธีการดึงคุณลักษณะเด่นของพื้นผิว (texture features) [13] ได้นำเสนอการจดจำรูปแบบของโรคพืชที่เกิดบนใบ (plant leaf image)

หลักการของจินตคณิตอัลกอริทึม [14] เป็นทฤษฎีที่ได้มีการนำมาใช้งานทางด้าน การดึงลักษณะเด่น (feature extraction) การเลือกลักษณะเด่น (feature selection) และการจำแนกรูปแบบ (classification) ของรูปภาพมาตลอด เช่น [15] ได้นำเสนอระบบแบบพันทางที่ใช้จินตคณิตอัลกอริทึมร่วมกับ เครื่องเวกเตอร์แบบเกือหนุน (support vector machine) ในการจำแนกรูปแบบของรูปภาพที่ได้จากเครื่องกวาดภาพช่วงคลื่นละเอียดสูง (hyperspectral image) โดยวิธีการเลือกลักษณะเด่น (feature selection) ที่ใช้จินตคณิตอัลกอริทึมทำงานร่วมกับเครื่องเวกเตอร์เกือหนุนในการค้นหาจุดที่เหมาะสมที่สุดในการรวมกันของแถบคลื่น แล้วทำการจำแนกข้อมูล [16] ได้นำเสนอระบบการกู้คืนและจำแนกรูปภาพโดยการเลือกคุณลักษณะเด่นด้วยจินตคณิตอัลกอริทึม (genetic algorithm feature selection หรือ GAFS) การเลือกคุณลักษณะเด่นแบบไปหน้า (sequential forward selection หรือ SFS) และการเลือกคุณลักษณะเด่นแบบกลับหลัง (sequential backward selection หรือ SBS) โดยทั้งสามวิธีนี้ทำให้ปริภูมิการเลือกคุณลักษณะเด่นมีขนาดเล็กลง และพัฒนาอัตราการจดจำรูปแบบ [17] ได้นำเสนอระบบแบบพันทางที่ประกอบไปด้วยจินตคณิตอัลกอริทึมในการดึง

คุณลักษณะเด่น และเลือกคุณลักษณะเด่นของรูปภาพทางการแพทย์ (medical image) โดยงานวิจัยนี้ได้ทำการดึงคุณลักษณะเด่นด้วยวิธีการหาเกรเดียนต์ของเส้นแสดงรูปร่าง (contour gradient) จากนั้นทำการบ่งชี้เวกเตอร์คุณลักษณะเด่นที่มีศักยภาพ (potential feature vector) ด้วยจินเนติกอัลกอริทึมโดยการคัดเลือกคุณลักษณะเด่น แล้วใช้อัลกอริทึมแบบพันทางที่ประกอบไปด้วย Branch and bound algorithm และอาณานิคมผึ้งเทียม (artificial bee colony algorithm) ในการจำแนกรูปแบบของรูปมะเร็งเต้านม มะเร็งสมอง และ โรคไตรอยด์ [18] ได้นำเสนอระบบการจำแนกรูปภาพของจุดดำหนิบนพื้นผิวของแถบเหล็กขนาดใหญ่แบบเรียลไทม์ โดยใช้จินเนติกอัลกอริทึมแบบโครโมโซมพันทาง (hybrid chromosome) โดยได้ทำการดึงคุณลักษณะเด่นของรูปภาพออกมาแล้วนำคุณลักษณะเด่นนี้ไปฝึกสอนระบบโดยจินเนติกอัลกอริทึมที่มีโครงสร้างของโครโมโซมแบบพันทางที่ถูกออกแบบให้เป็นการรวมกันระหว่างฟังก์ชันของเคอเนล (kernel function) คุณลักษณะที่ตามองเห็น (visual features) และพารามิเตอร์ของแบบจำลอง (model parameters) ได้ทำการคัดเลือกคุณลักษณะเด่นที่ดีที่สุด แล้วทำการจำแนกรูปแบบด้วยเครื่องเวกเตอร์เกือหนูน [19] ได้นำเสนอระบบการจำแนกกลุ่มข้อมูลทางภาษาศาสตร์ที่มีหลายมิติแบบกฏของฟิชซี (high-dimensional classification problems in linguistic fuzzy rule-based) โดยระบบประกอบไปด้วยจินเนติกอัลกอริทึมร่วมกับสูตรโปรแกรมแบบจำนวนเต็ม (integer-programming formulation) ซึ่งใช้โครโมโซมเป็นตัวแทนของกฎที่จำแนกรูปแบบแต่ละรูปแบบ [20] ได้นำเสนอการตรวจจับการบุกรุกเครือข่ายของฐานข้อมูลโดยใช้

โครงข่ายประสาทเทียมแบบแผนผังคุณลักษณะเด่น (Self-Organizing Feature Map หรือ SOM) ร่วมกับใช้จินเนติกอัลกอริทึมในการค้นหาค่าที่ดีที่สุดของพารามิเตอร์ค่าอัตราส่วนการเรียนรู้ และรัศมีของนิวโรลข้างเคียงของ SOM [21] นำเสนอระบบการวิเคราะห์การจัดกลุ่ม (clustering analysis) ในงานการแบ่งส่วนการตลาด (market segmentation) โดยใช้ SOM ในการคำนวณหาจำนวนของกลุ่มข้อมูล และใช้ GA ในการหาค่าสุดท้ายที่ดีที่สุด [22] ได้นำเสนอ SOM ที่มีกฎการเรียนรู้แบบใหม่ และใช้ GA ในการค้นหากฎการเรียนรู้และพารามิเตอร์ที่เหมาะสมที่สุดของ SOM ในการแก้ปัญหาการเดินทางของพนักงานขาย

งานวิจัยนี้ได้นำเสนอระบบการตรวจจับและจำแนกรูปแบบของโรคที่เกิดบนใบพืชโดยการสร้างอัลกอริทึมใหม่ที่มีพื้นฐานของจินเนติกอัลกอริทึม (Genetic Algorithm หรือ GA) และแผนผังคุณลักษณะเด่นแบบโครงสร้างปรับตัวได้ [23] (Structure-Adaptive Self-Organizing Feature Map หรือ SASOM) เรียกว่า GA-SASOM ซึ่งระบบที่นำเสนอนี้ได้ใช้โครงสร้างหลักของระบบเป็นโครงสร้างพื้นฐาน GA ที่มีการพัฒนาให้โครโมโซมของระบบเป็นแผนผังโนด (node map) ที่พัฒนามาจากแผนผังโนดของ SASOM เรียกว่า แผนผังโครโมโซม ซึ่งสำหรับระบบที่นำเสนอนี้มีความแตกต่างกับการนำ GA มาทำงานร่วมกับ SOM ดังใน [20-22] การใช้งาน GA กับ SOM เป็นลักษณะของการแยกกันทำงาน โดย SOM ถูกใช้ในการตรวจจับ หรือคัดแยกกลุ่มข้อมูล และ GA ถูกนำมาใช้ในการค้นหาค่าพารามิเตอร์ที่เหมาะสมที่สุดของ SOM ในขณะที่โครงสร้างของระบบ GA-SASOM ที่งานวิจัยนี้ได้นำเสนอ นั้น เป็นระบบที่นำโครงสร้างของ GA และ

SASOM มาปรับเข้าด้วยกัน โดยที่ระบบได้นำแผนผังโนดของ SASOM มาปรับให้เป็นโครงสร้างของโครโมโซมของระบบที่ใช้แทนคุณลักษณะเด่นของระบบโดยผ่านกระบวนการทางจินตนาการที่งานวิจัยนี้ได้พัฒนาขึ้นมาใหม่ ซึ่งรายละเอียดของระบบนำเสนอในหัวข้อต่อไป

2. ระบบการจำแนกโรคโน้

2.1 ระบบการประมวลผลก่อน (Preprocessing)

เพื่อลดข้อจำกัดทางด้านแสงสว่างของภาพ ความแตกต่างของช่วงเวลาที่ทำกรบันทึกข้อมูลภาพ และความแตกต่างของกล้องที่ใช้บันทึกข้อมูล ขั้นตอนของการประมวลผลก่อนประกอบไปด้วย 3 ขั้นตอน คือ (1) การปรับระดับความเหมาะสมของสีและแสงในภาพแบบอัตโนมัติ [24] การแยกส่วนคุณลักษณะสีออกจากภาพพื้นหลังโดยใช้โครงข่ายประสาทเทียมแบบแพร่กลับ [25] และกระบวนการทางรูปร่าง [26] เพื่อลบบริเวณที่เป็นจุดเล็ก ๆ ที่ไม่ต้องการออกจากภาพ เมื่อผ่านขั้นตอนการประมวลผลก่อนแล้ว รูปภาพโรคโน้ที่ไม่เป็นโรคโน้จะถูกจำแนกออกมาจากโรคโน้ที่เป็นโรคโน้ได้ หลังจากนั้น นำคุณลักษณะสีของจุดโรคโน้เหล่านี้ ไปทำการจำแนกว่าเป็นโรคโน้ใด โดยใช้อัลกอริทึมของ GA-SASOM ดังต่อไปนี้

2.2 อัลกอริทึม GA-SASOM

งานวิจัยนี้ใช้อัลกอริทึม GA-SASOM เพื่อทำการดึงคุณลักษณะเด่นให้อยู่ในรูปของแบบจำลองแผนผังคุณลักษณะเด่น (feature model map) เพื่อใช้แผนผังนี้ในการจำแนกรูปแบบของรูปภาพ โดยมีโครงสร้างในลักษณะเดียวกับ GA แบบพื้นฐาน ได้แก่ การสร้าง

โครโมโซมใหม่ การคัดเลือกโครโมโซม กระบวนการทางสายพันธุ์ และการแทนที่โครโมโซม แต่ในส่วนของโครโมโซม สำหรับกลุ่มประชากรของ GA แบบดั้งเดิมนั้นเป็นโครโมโซมที่อยู่ในรูปแบบของเวกเตอร์หรือ ตัวเลข ที่ใช้แทนค่าพารามิเตอร์ที่ต้องการหาค่าความเหมาะสม แต่ในงานวิจัยนี้กลุ่มประชากรได้ใช้แผนผังโนด ซึ่งเป็นตัวแทนของคุณลักษณะสีและลวดลายของรูปแบบมาใช้เป็นโครโมโซมที่ต้องการหาค่าความเหมาะสม เรียกว่า แผนผังโครโมโซม (chromosome map) ที่ได้ประยุกต์มาจากแผนผังโนดของ SASOM ให้กลายเป็นแผนผังโครโมโซมรูปแบบใหม่ ซึ่งแผนผังโนดแบบดั้งเดิมของ SASOM นั้นถูกใช้เป็นแผนผังโนดที่แต่ละโนดแทนรูปแบบแต่ละรูปแบบที่จะทำการจำแนกรูปแบบ ส่วน แผนผังโครโมโซมนั้น 1 แผนผังใช้เป็นตัวแทนคุณลักษณะเด่นของคุณลักษณะสีและลวดลายของ 1 รูปแบบ และในส่วนของกระบวนการทางสายพันธุ์ งานวิจัยนี้ได้นำเสนอกระบวนการทางสายพันธุ์สำหรับแผนผังโครโมโซมอีกด้วย สำหรับอัลกอริทึมนี้ได้แบ่งออกเป็น 2 ระบบ ดังนี้

2.2.1 ระบบการดึงคุณลักษณะเด่นของภาพเป็นแผนผังโครโมโซม

ระบบการดึงคุณลักษณะเด่นให้เป็นแผนผังโครโมโซมแสดงดังรูปที่ 1 โดยที่เริ่มต้นระบบทำการสร้างแผนผังโครโมโซมเริ่มต้นขึ้นมาจากการสุ่ม แล้วนำแผนผังโครโมโซมเริ่มต้นมาผ่านกระบวนการทางสายพันธุ์โดยใช้ข้อมูลอินพุตที่เป็นจุดสีและตำแหน่งของโรคโน้ที่ผ่านการแยกส่วนแล้วมาทำการฝึกสอนให้แผนผังโครโมโซมเริ่มต้นเปลี่ยนเป็นแผนผังโครโมโซมที่ใช้แทนคุณลักษณะเด่นของภาพโรคโน้นั้น ๆ โดยที่แผนผังโครโมโซมที่ใช้แทนคุณลักษณะเด่นนี้ ประกอบ

ไปด้วยจุดสี และรูปร่างของโรคพืชโดยดูจากตำแหน่งของจุดสี ซึ่งโครงสร้างของแผนผังโครโมโซมประกอบไปด้วย โหนด 2 รูปแบบ คือ โหนดหลัก (primary node) และ โหนดย่อย (minor node) โดยที่โหนดหลัก คือ โหนดที่มีขนาดใหญ่ที่สุดในแผนผังโหนด และ โหนดย่อย คือ โหนดที่เหลือที่ไม่ใช่โหนดหลัก ซึ่งแผนผังโครโมโซมนี้นำเสนอโดยใช้เลขจำนวนจริงที่ใช้แทนค่าของตำแหน่ง สี และขนาดของแต่ละโหนด ดังแสดงในสมการที่ 1

$$CMap_l = \left\{ \begin{array}{l} Node_{pri,l} = \{P_{p,l}, C_{p,l}\} \\ Node_{minor,l} = \{P_{m,l}, C_{m,l}, S_{m,l}\} \end{array} \right\} \quad (1)$$

โดยที่ l คือ ลำดับที่ l ของแผนผังโครโมโซมในจำนวนประชากร (populations) $Node_{pri,l}$ คือ เซตของโหนดหลักทั้งหมดในแผนผังโครโมโซมลำดับที่ l ประกอบไปด้วยตำแหน่งของโหนด $\{P_{p,l}\}$ และสีของโหนด $\{C_{p,l}\}$ $Node_{minor,l}$ คือ เซตของโหนดย่อยทั้งหมดในแผนผังโครโมโซมลำดับที่ l ประกอบไปด้วยตำแหน่งของโหนด $\{P_{m,l}\}$ สีของโหนด $\{C_{m,l}\}$ และ ขนาดของโหนด $\{S_{m,l}\}$ แผนผังโครโมโซม

ขั้นตอนที่ 1 สร้างประชากรเริ่มต้น (Population initialization) สำหรับแต่ละแผนผังโครโมโซมลำดับที่ l ของกลุ่มประชากร (population) โดยที่ $l = 1, \dots, L$ เมื่อ L เป็นขนาดของกลุ่มประชากร

ขั้นตอนที่ 2 ประเมินค่าความเหมาะสม (Fitness computation) ของประชากรโดยใช้วิธีการวางแผนผังโครโมโซม แต่ละแผนผังเทียบกับคุณลักษณะสีอินพุตทำการหาค่าตำแหน่งของแต่ละโหนดในแผนผังโครโมโซม ว่าตรงกับจุดสีในตำแหน่งแถว (row) และหลัก (column) ไດในคุณลักษณะสีอินพุต มีรายละเอียดดังต่อไปนี้

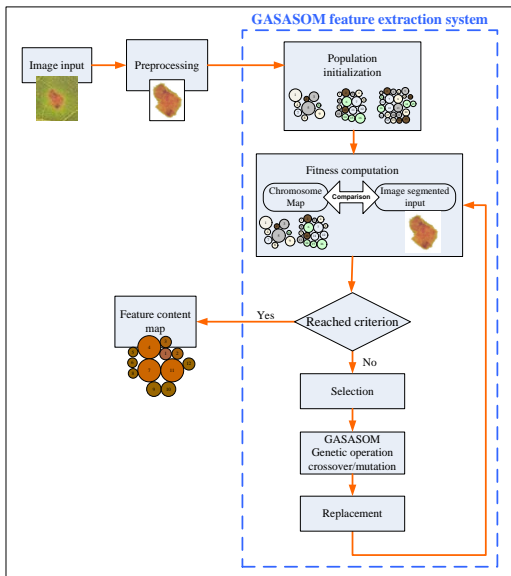
- กำหนดค่าอัตราส่วนการทำให้เป็นมาตรฐานเดียวกันของแถว row_{ratio} และหลัก col_{ratio}
- กำหนดค่าตำแหน่งของจุดอ้างอิงของคุณลักษณะสีอินพุต (col_{ref}, row_{ref})
- กำหนดจุดตัวอย่าง (sample points) ของคุณลักษณะสีอินพุต ($row_{fc,k}, col_{fc,k}$) ที่สัมพันธ์กับตำแหน่งของแผนผังโครโมโซมแถวและหลักที่ k ในแผนผังโครโมโซม
- กำหนดค่าความเหมาะสมของโครโมโซมลำดับที่ l ดังสมการที่ 2-4

$$Fit_l = \frac{1}{C_{sim}} + \frac{1}{A_{un,l}} \quad (2)$$

$$C_{sim,l} = \frac{1}{K} \left[\sum_{k=1}^K \|fc_k - c_k\| \right] \quad (3)$$

$$A_{un,l} = \frac{\|A_{fc} - A_{map}\|}{A_{map}} \quad (4)$$

โดยที่ $C_{sim,l}$ คือค่าความแตกต่างของคุณลักษณะสีอินพุต fc_k ซึ่งสัมพันธ์กับคู่อันดับของแถวและหลักเทียบกับค่าของจุดสีของแต่ละโหนดในแผนผังโครโมโซม c_k , $A_{un,l}$ คือพื้นที่ที่อยู่นอกเขตของแผนผังโครโมโซม (undefined area) ซึ่งเป็นค่าผลต่างของจำนวนจุดภาพของคุณลักษณะสีอินพุต A_{fc} กับจำนวนจุดภาพที่แปลงมาจากพื้นที่ทั้งหมดของแผนผังโครโมโซม A_{map} จุดมุ่งหมายคือต้องได้ค่าความแตกต่างของคุณลักษณะสีอินพุตกับแผนผังโครโมโซม $C_{sim,l}$ ที่มีค่าน้อยที่สุด และค่าพื้นที่นอกเขตที่มีค่าน้อยที่สุด ดังนั้นการกำหนดค่าความเหมาะสมของโครโมโซมลำดับที่ l ดังสมการที่ 2 ค่าความแตกต่างของคุณลักษณะสีอินพุตและพื้นที่นอกเขตที่มีค่าน้อย จะให้ค่าความเหมาะสมที่มีค่ามาก



รูปที่ 1 แผนภาพของระบบการดึงคุณลักษณะเด่นของอัลกอริทึม GA-SASOM

ขั้นตอนที่ 3 คัดเลือกแผนผังโครโมโซมที่มีค่าความเหมาะสมมากมาเป็น แผนผังโครโมโซมพ่อแม่ (parents)

ขั้นตอนที่ 4 กระบวนการทางสายพันธุ์ (Genetic operations) สำหรับอัลกอริทึม GA-SASOM นี้ ได้พัฒนากระบวนการทางสายพันธุ์แบบครอสโอเวอร์และแบบมิวเตชันของจินเนติกอัลกอริทึมแบบดั้งเดิม เพื่อให้เหมาะสมกับแผนผังโครโมโซม ดังนี้

- การครอสโอเวอร์ (crossover) : มี 2 แบบด้วยกัน คือ การครอสโอเวอร์แบบจุดเดียว (single-point crossover) และการครอสโอเวอร์แบบหลายจุด (multiple-point crossover) สำหรับการครอสโอเวอร์แบบจุดเดียวนั้น ระบบทำการสุ่มเลือกโนด 1 โนด จากแต่ละแผนผังโครโมโซมพ่อแม่ แล้วทำการสลับโนดโดยนำโนดที่เลือกในแผนผังโครโมโซมพ่อแม่ที่หนึ่ง ไปใส่ในตำแหน่งของโนดที่เลือกในแผนผังโครโมโซมพ่อแม่

ที่สอง แล้วนำโนดที่เลือกในแผนผังโครโมโซมพ่อแม่ที่สองไปใส่ในตำแหน่งของโนดที่เลือกในแผนผังโครโมโซมพ่อแม่ที่หนึ่ง ดังรูปที่ 2 และสำหรับการครอสโอเวอร์แบบหลายจุดนั้น ระบบทำการสุ่มเลือกจำนวนเต็มบวก α เพื่อใช้เป็นจำนวนโนดที่ต้องการครอสโอเวอร์ แล้วทำการสุ่มเลือกโนดจากแผนผังโครโมโซมพ่อแม่ทั้งสองแผนผัง ตามจำนวน α จุด แล้วสลับโนดทั้งหมดของแผนผังโครโมโซมพ่อแม่ ภาพแสดงการครอสโอเวอร์แบบหลายจุด ดังรูปที่ 3

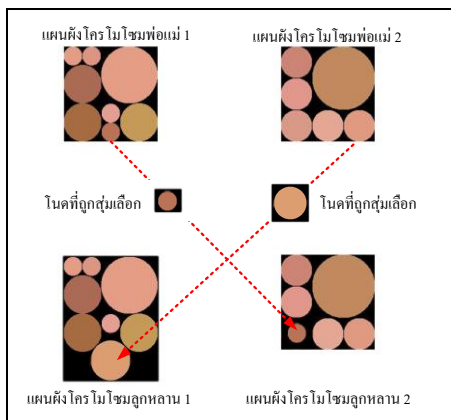
- การมิวเตชัน (mutation) : มี 3 แบบ คือ การมิวเตชันจุดสี (color mutation) โดยทำการสุ่มเลือกโนด 1 โนดจากแผนผังโครโมโซมพ่อแม่ 1 แผนผัง แล้วทำการกลายพันธุ์ (mutate) ค่าจุดสีของโนดนั้น โดยการสุ่มค่าเซต $[\sigma \ \beta \ \gamma]$ โดยสุ่มตัวเลขที่อยู่ในช่วง $[0, 1]$ หลังจากนั้นให้ทำการกลายพันธุ์ค่าของจุดสี $c_{j,mu}$ ของโนด j ซึ่งเป็นโนดที่ถูกสุ่มขึ้นมาดังสมการที่ 5

$$c_{j,mu} = (r_j \pm (\sigma \cdot r_j), g_j \pm (\beta \cdot g_j), b_j \pm (\gamma \cdot b_j)) \quad (5)$$

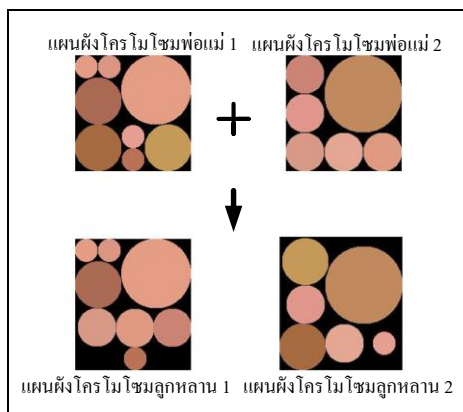
โดยที่ เครื่องหมาย '+' หรือ '-' เกิดขึ้นด้วยความน่าจะเป็นที่เท่ากัน รูปภาพแสดงตัวอย่างของการมิวเตชันแบบจุดสี ดังรูปที่ 4(ก) การมิวเตชันแบบลบโนด (delete node mutation) มีกระบวนการคือ ทำการสุ่มค่าโนด 1 โนดจากแผนผังโครโมโซมพ่อแม่ 1 แผนผัง แล้วลบโนดนั้นทิ้งไป ตัวอย่างของการมิวเตชันแบบลบโนดแสดงดังรูปที่ 4(ข) และการมิวเตชันแบบเพิ่มโนด (addition node mutation) โดยทำการสุ่มค่าจุดสีคุณลักษณะสีอินพุตที่อยู่ในพื้นที่ที่อยู่นอกเขตของแผนผังโครโมโซมพ่อแม่ จากนั้นสร้างโนดใหม่ขึ้นมา 1 โนด โดยกำหนดให้ค่าจุดสีของคุณลักษณะสีอินพุตที่สุ่มได้นี้เป็น ค่าสีของโนดใหม่ และตำแหน่งของจุดสี

เป็นตำแหน่งของจุดศูนย์กลางของโนดใหม่ ส่วนขนาดหรือรัศมีของโนดใหม่ ให้ใช้ระยะทางจากจุดศูนย์กลางของโนดใหม่ไปยังโนดในแผนผังโครโมโซมพ่อแม่ที่ใกล้กับโนดใหม่ที่สุด ดังรูปที่ 4(ค)

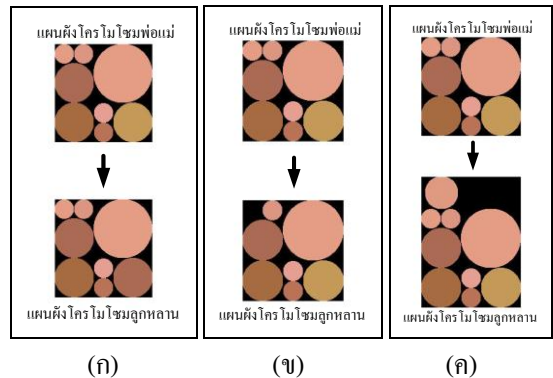
ทำซ้ำขั้นตอนที่ 2-5 ไปจนกระทั่งได้แผนผังโครโมโซมที่เหมาะสมที่สุดเพื่อใช้แทนคุณลักษณะเด่นของอินพุต เรียกว่าแผนผังแม่แบบ ตัวอย่างผลการทดสอบระบบเมื่อผ่านการวนซ้ำ เพื่อให้ได้แผนผังโครโมโซมที่มีค่าเหมาะสมที่สุดที่จะใช้เป็นแผนผังแม่แบบของรูปภาพอินพุต



รูปที่ 2 ตัวอย่างการครอสโอเวอร์แบบจุดเดียว



รูปที่ 3 ตัวอย่างการครอสโอเวอร์แบบหลายจุด



รูปที่ 4 ตัวอย่างการมิวเทชัน (ก) แบบจุดสี (ข) แบบลดโนด (ค) แบบเพิ่มโนด

2.2.2 กระบวนการจำแนกรูปแบบ (classification process)

อัลกอริทึมนี้ใช้แผนผังแม่แบบ (template maps) ที่ได้จากรูปภาพคุณลักษณะสีอินพุตแล้วนำมาทำการดึงคุณลักษณะเด่นด้วยอัลกอริทึม GA-SASOM ตามกระบวนการที่กล่าวมาข้างต้น โดยแผนผังโครโมโซมสุดท้ายที่ได้จากกระบวนการคำนวณหาค่าความเหมาะสม การคัดเลือกสายพันธุ์ และผ่านกระบวนการทางสายพันธุ์ จนค่าความเหมาะสมถึงค่าที่ตั้งไว้หรือจนกระทั่งวนรอบครบตามจำนวนรอบสูงสุดแล้วนั้นนำมาเป็นแผนผังแม่แบบ และใช้ในการฝึกสอนโครงข่ายของการจำแนกรูปแบบ โดยนำแผนผังแม่แบบนี้มาทำการปรับค่าโครงสร้างของแผนผังน้ำหนักประสาท (weight map) ที่ใช้เป็นตัวแทนของรูปภาพแต่ละแบบ โครงสร้างของโครงข่ายการจำแนกรูปแบบนี้พัฒนาขึ้นมาจาก แผนผังการจัดการตัวเองของ Kohonen โดยใช้โครงสร้างของแผนผังโนดแบบเดียวกับโครงสร้างของแผนผังโครโมโซมไม่ได้ใช้เวกเตอร์น้ำหนักประสาทเหมือนกับแผนผังการจัดการตัวเองของ Kohonen รายละเอียดขั้นตอนการทำงานของระบบการ

จำแนกรูปแบบของอัลกอริทึม GA-SASOM แสดงดังรูปที่ 5 สำหรับกระบวนการจำแนกรูปแบบรูปภาพนี้ อัลกอริทึมนี้ได้แบ่งการทำงานออกเป็น 2 โหมด รายละเอียดของแต่ละโหมด แสดงดังต่อไปนี้

- โหมดการฝึกสอน (training mode) โหมดนี้ใช้แผนผังโครโมโซมที่แทนคุณลักษณะเด่นของแต่ละรูปแบบที่ได้จากขั้นตอนการดึงคุณลักษณะเด่นด้วยอัลกอริทึม GA-SASOM มาใช้ในการฝึกสอนแผนผังแม่แบบ ให้เป็นแผนผังน้ำหนักประสาท เพื่อใช้ในการจำแนกรูปแบบของรูปภาพ ขั้นตอนการทำงานของระบบในโหมดการฝึกสอนแสดงดังรูปที่ 6 ดังนี้

ขั้นตอนที่ 1 เลือกแผนผังแม่แบบ เพื่อให้เป็นแผนผังน้ำหนักประสาทเริ่มต้นดังสมการที่ 6

$$w_{cl} = \left\{ \begin{array}{l} Node_{pri,w-cl} = \{P_{p,w-cl}, C_{p,w-cl}\} \\ Node_{minor,w-cl} = \{P_{m,w-cl}, C_{m,w-cl}, S_{m,w-cl}\} \end{array} \right\} \quad (6)$$

ขั้นตอนที่ 2 กำหนดให้ $TMap_l$ เป็นแผนผังแม่แบบลำดับที่ l ดังแสดงในสมการที่ 7 โดยแม่แบบนี้เป็นแม่แบบที่มาจากรูปภาพอินพุตรูปแบบเดียวกันกับแผนผังน้ำหนักประสาทเริ่มต้น

$$TMap_l = \left\{ \begin{array}{l} Node_{pri,l} = \{P_{p,l}, C_{p,l}\} \\ Node_{minor,l} = \{P_{m,l}, C_{m,l}, S_{m,l}\} \end{array} \right\} \quad (7)$$

ขั้นตอนที่ 3 กำหนดจุดอ้างอิงของแผนผังแม่แบบลำดับที่ l ให้เป็นจุดเดียวกับ จุดอ้างอิงของแผนผังน้ำหนักประสาท ทำการหามุมแผนผังแม่แบบลำดับที่ l ด้วยมุม θ_l เรเดียน

ขั้นตอนที่ 4 คำนวณค่าความเหมือนของแผนผังแม่แบบลำดับที่ l เทียบกับแผนผังน้ำหนักประสาท โดยค่าความเหมือนนี้คำนวณ โดยการเทียบจุดตัวอย่าง (sample

points) ของแผนผังแม่แบบเทียบกับแผนผังน้ำหนักประสาท โดยกำหนดจุดตัวอย่างเป็นจุด 5 จุดของแต่ละโนดในแผนผัง คือ จุดศูนย์กลาง จุดบนสุด จุดล่างสุด จุดซ้ายสุด และจุดขวาสุด แล้วเรียงลำดับจุดตัวอย่างเหล่านี้โดยเทียบกับระยะทางจากจุดอ้างอิงจากน้อยไปมาก เรียงจากมุม $0 - 2\pi$ เรเดียน ดังสมการต่อไปนี้

$$WSP = \{P_{k,w}, C_{k,w}\} \quad (8)$$

$$TSP_l = \{P'_{k,l}, C'_{k,l}\} \quad (9)$$

โดยที่ WSP คือเซตของจุดตัวอย่างของแผนผังน้ำหนักประสาท ประกอบไปด้วยตำแหน่งของจุดตัวอย่าง $P_{k,w}$ ซึ่งเป็นค่าคู่อันดับ (x, y) ของจุดตัวอย่างที่ k และจุดสี $C_{k,w}$ ของแต่ละจุดตัวอย่าง และ TSP_l คือเซตของจุดตัวอย่างของแผนผังแม่แบบลำดับที่ l คำนวณค่าความเหมือน Sim_l ของทั้งสองแผนผังจากจุดตัวอย่าง ดังสมการต่อไปนี้

$$C_{cl-l} = \frac{1}{K} \left[\sum_{k=1}^K \|C_{k,w-cl} - C_{k,l}\| \right] \quad (10)$$

$$A_{cl-l} = \frac{\|A_{w-cl} - A_T\|}{A_{w-cl}} \quad (11)$$

$$Sim_l = \frac{C_{cl-l} + A_{cl-l}}{2} \quad (12)$$

ขั้นตอนที่ 5 คำนวณหามุมการหมุนที่ดีที่สุดของแผนผังแม่แบบลำดับที่ l โดยที่ $\theta_{l,best}$ มุมการหมุนที่ดีที่สุดของแผนผังแม่แบบลำดับที่ l นั้นสามารถหาได้จากค่ามุมการหมุนที่ทำให้ได้ค่าความเหมือนของแผนผังแม่แบบเทียบกับแผนผังน้ำหนักประสาทได้น้อยที่สุด ดังสมการที่ 13

$$\theta_{l,best} = \min_{\theta_l} (Sim_l) \quad (13)$$

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

ขั้นตอนที่ 6 ปรับค่าแผนผังน้ำหนักประสาท ดังสมการที่ 14

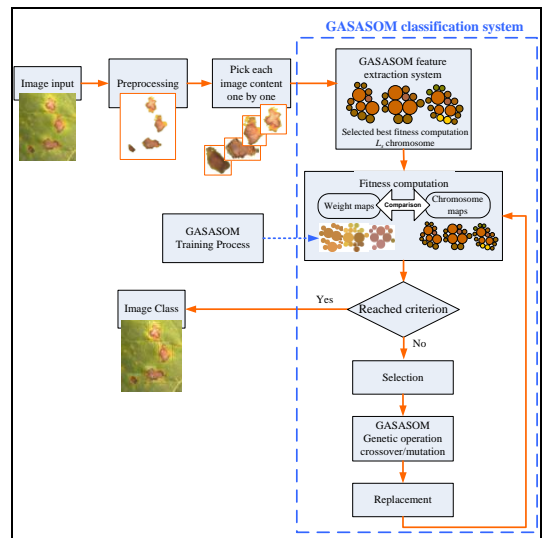
$$WSP_{cl-n}(t+1) = \begin{cases} w_{cl-n}(t) + \alpha(t)[TSP_l - WSP_{cl-n}(t)] & \text{if } Sim_l \leq \delta \\ w_{cl-n}(t) & \text{if } Sim_l > \delta \end{cases} \quad (14)$$

โดยที่ WSP_{cl-n} คือ จุดตัวอย่างของแผนผังน้ำหนักประสาทของรูปแบบที่ cl ลำดับที่ n , $\alpha(t)$ คือค่าอัตราการเรียนรู้ของระบบ มีค่าอยู่ในช่วง $0 < \alpha(t) < 1$ และ δ คือค่าเกณฑ์ของความเหมือน (similarity criterion) ในการเรียนรู้ของระบบเพื่อปรับค่าน้ำหนักประสาทนี้ ได้ใช้วิธีการฝึกสอนรูปแบบทีละรูปแบบ ดังนั้นในการฝึกสอนแต่ละรูปแบบใช้แผนผังแม่แบบของรูปแบบเดียวกันทั้งหมดในการฝึกสอนระบบ สำหรับรูปแบบใดที่มีค่าความเหมือนน้อยกว่าค่า δ ให้ทำการปรับค่าน้ำหนักประสาทของแผนผังน้ำหนักประสาท แต่ถ้าแผนผังแม่แบบใดที่มีค่าความเหมือนมากกว่าค่า δ จะไม่มีการปรับค่าน้ำหนักประสาท แต่จะทำการนำแผนผังแม่แบบนี้ มาเพิ่มเป็นแผนผังน้ำหนักประสาทของรูปแบบที่ cl ลำดับที่ $n+1$ แทน และสำหรับการปรับค่าแผนผังน้ำหนักประสาทของแผนผังแม่แบบรอบถัดไป ต้องทำการเปรียบเทียบแผนผังแม่แบบ กับแผนผังน้ำหนักประสาททั้งหมดก่อน ว่าแผนผังแม่แบบอินพุตมีความเหมือนกับแผนผังน้ำหนักประสาทไหนที่สุด โดยคำนวณหาสิ่งที่นำเสนอในขั้นตอนที่ 1 - 5 ซึ่ง

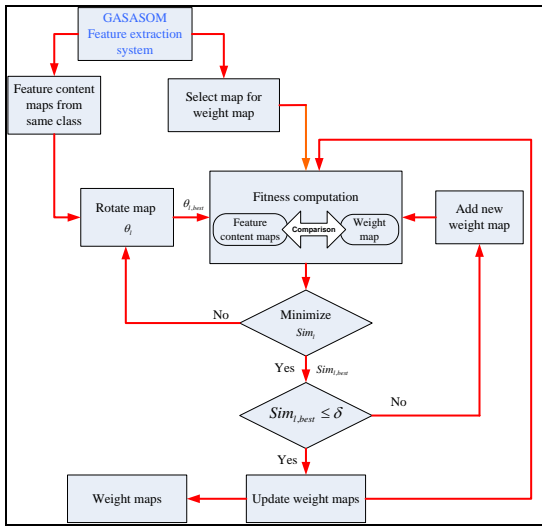
ทำให้ได้ค่าความเหมือนของแผนผังแม่แบบอินพุตเทียบกับแผนผังน้ำหนักประสาททั้งหมด แล้วหาแผนผังน้ำหนักประสาทที่มีค่า Sim_{l-n} น้อยที่สุด ดังสมการที่ 15 เป็นแผนผังน้ำหนักประสาทผู้ชนะ ให้ทำการปรับค่าแผนผังน้ำหนักประสาทผู้ชนะดังสมการที่ 14

$$n_{winner} = \min_n \{Sim_{l-n}\} \quad (15)$$

หลังจากทำการปรับค่าน้ำหนักประสาทครบตามรอบที่กำหนด และครบแผนผังแม่แบบทั้งหมดแล้ว แผนผังน้ำหนักประสาทที่ได้จากขั้นตอนการฝึกสอนนี้ นำไปเก็บไว้ในระบบเพื่อใช้ในการจำแนกรูปแบบรูปภาพต่อไป



รูปที่ 5 โครงสร้างของระบบการจำแนกรูปแบบของอัลกอริทึม GA-SASOM



รูปที่ 6 โครงสร้างการทำงานของระบบการฝึกสอนแผนผังโครโมโซม

- โหมดการจำแนกรูปแบบ (classification mode) โหมดนี้ใช้ในการจำแนกรูปแบบของรูปภาพ โดยใช้แผนผังน้ำหนักประสาทของแต่ละรูปแบบในการจำแนกรูปแบบของรูปภาพอินพุต โดยกำหนดให้

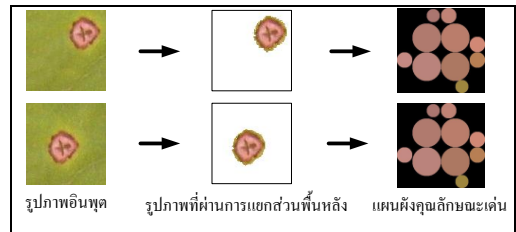
$$W = \{ \{w_{1-1}, \dots, w_{1-n1}\}, \{w_{2-1}, \dots, w_{2-n2}\}, \dots, \{w_{cl-1}, \dots, w_{cl-nm}\} \} \quad (16)$$

เป็นเซตของแผนผังน้ำหนักประสาท โดยที่ w_{cl-nm} คือแผนผังน้ำหนักประสาทของรูปแบบ cl ลำดับที่ nm แต่ละรูปแบบมีจำนวนแผนผังน้ำหนักประสาทไม่เท่ากัน แล้วนำแผนผังอินพุตที่ได้จากการดึงลักษณะเด่นโดยใช้อัลกอริทึม GA-SASOM มาคำนวณหาค่าความเหมือนกับทุกค่าแผนผังน้ำหนักประสาทในเซตของแผนผังน้ำหนักประสาท โดยทำการคำนวณตามขั้นตอนที่ 3 – 6 ในหัวข้อโหมดการฝึกสอน และแผนผังน้ำหนักประสาทผู้ชนะที่ได้ก็คือรูปแบบของรูปภาพอินพุต

3. คุณสมบัติของแผนผังรูปแบบ GA-SASOM

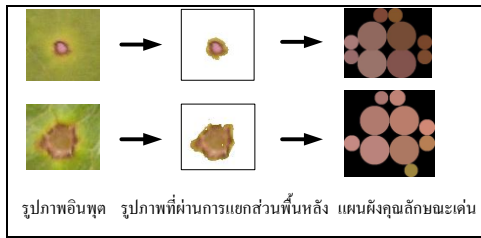
เนื่องจากรูปภาพที่ต้องทำการจำแนกนั้น มีความแตกต่างกันทั้งทางด้านขนาด ทิศทางการหมุน และตำแหน่งของคุณลักษณะเด่น อัลกอริทึม GA-SASOM นี้สามารถประยุกต์ใช้กับรูปภาพที่มีความหลากหลายทางด้านขนาด ทิศทางการหมุน และการเลื่อนตำแหน่ง ดังนี้

- คุณสมบัติการเลื่อนแกน (translation properties) เนื่องจากเพื่อให้สามารถประยุกต์ใช้ได้กับทุกตำแหน่งของคุณลักษณะเด่นของรูปภาพ สำหรับอัลกอริทึมนี้ ได้แก้ปัญหานี้โดยการใช้วิธีการแยกส่วนภาพก่อน โดยทำการแยกส่วนของคุณลักษณะเด่นของสีออกมาจากภาพพื้นหลัง ตัวอย่างผลการทดสอบคุณสมบัติการเลื่อนแกนได้แสดงดังรูปที่ 7



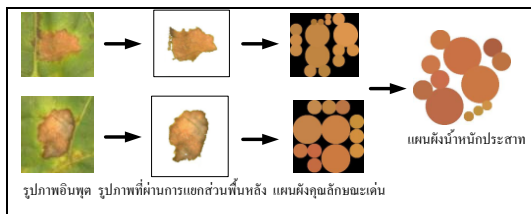
รูปที่ 7 คุณสมบัติการเลื่อนแกนของแผนผังรูปแบบ

- คุณสมบัติการย่อขยาย (scaling properties) แผนผังรูปแบบที่ใช้แทนคุณลักษณะเด่นของงานวิจัยนี้ มีคุณสมบัติการย่อขยายคือ ในขั้นตอนการสร้างแผนผังโครโมโซมได้มีการทำขนาดของ โหนดให้เป็นมาตรฐานเดียวกัน โดยกำหนดขนาดของ โหนดหลักของทุก โหนดใน ทุกแผนผังโครโมโซมให้มีขนาดเท่ากัน ทำให้แผนผังรูปแบบที่ได้จากรูปภาพอินพุตที่มีขนาดต่างกันมีแผนผังรูปแบบที่มีขนาดเท่ากัน ตัวอย่างการทดสอบคุณสมบัติการย่อขยายแสดงดังรูปที่ 8



รูปที่ 8 คุณสมบัติการย่อยขยายของแผนผังรูปแบบ

- คุณสมบัติการหมุนได้ (orientation properties) เพื่อให้แผนผังรูปแบบสามารถใช้ได้กับรูปภาพในลักษณะการวางตัวที่ต่างกันได้ในขั้นตอนของการจำแนกแผนผังรูปแบบ มีขั้นตอนในการหมุนแผนผังรูปแบบให้การวางตัวของแผนผังรูปแบบได้มุมการหมุนที่เหมาะสมที่สุด เพื่อให้ได้ค่าความเหมาะสมมากที่สุด ดังนั้นสามารถกล่าวได้ว่า แผนผังรูปแบบของอัลกอริทึม GA-SASOM นี้ มีคุณสมบัติการหมุนได้ ตัวอย่างผลการทดสอบคุณสมบัติการหมุนได้ของแผนผังรูปแบบ แสดงดังรูปที่ 9



รูปที่ 9 คุณสมบัติการหมุนได้ของแผนผังรูปแบบ

4. ผลการทดสอบประสิทธิภาพของระบบ

ในการทดสอบประสิทธิภาพของระบบ ในงานวิจัยนี้ได้ใช้รูปภาพใบองุ่นที่ไม่เป็นโรคพืช และใบองุ่นที่เป็นโรคพืช 4 ชนิด ที่ได้มาจากการใช้กิ่งล้องต่างชนิดกัน และถ่ายในสภาพแสงที่แตกต่างกันมาทำการทดสอบระบบ โดยมีรูปที่ใช้ในการฝึกสอนแผนผังน้ำหนักประสาท มีรูปแบบโรคอินุบ 20 รูป โรคราสนิม 20 รูป

โรคราน้ำค้าง 20 รูป และโรคราแป้ง 10 รูป โดยที่รูปที่ฝึกสอนมีขนาดแตกต่างกัน โดยมีขนาดตั้งแต่ 82 x 76 พิกเซล จนถึง 512 x 446 พิกเซล ซึ่งรูปภาพใบองุ่นที่ใช้ในการทดสอบระบบ ใน 1 ภาพ จะมีจุดโรคพืชหลายจุด จำนวนรูปภาพที่ใช้ทดสอบระบบมีดังนี้ รูปภาพใบองุ่นที่ไม่เป็นโรคจำนวน 20 รูป รูปภาพใบองุ่นที่เป็นโรคอินุบมีจำนวน 30 รูป ซึ่งมีรูปจุดโรคอินุบย่อยอยู่ 294 จุดโรค รูปภาพใบองุ่นที่เป็นโรคราสนิมมีจำนวน 23 รูป ซึ่งมีรูปจุดโรคราสนิมย่อยอยู่ 437 จุดโรค รูปภาพใบองุ่นที่เป็นโรคราน้ำค้างมีจำนวน 37 รูป ซึ่งมีรูปจุดโรคราน้ำค้างย่อยอยู่ 192 จุดโรค และรูปภาพใบองุ่นที่เป็นโรคราแป้งมีจำนวน 12 รูป โดยมีรูปจุดโรคราแป้งย่อยอยู่ 70 รูป โดยรูปภาพจุดโรคในแต่ละรูป มีมุมการหมุน และขนาดที่แตกต่างกัน ตัวอย่างรูปภาพของโรคใบองุ่นที่ใช้ทดสอบระบบ แสดงดังรูปที่ 10-14

ในงานวิจัยนี้ใช้พารามิเตอร์สำหรับการคำนวณค่าที่ใช้บอกประสิทธิภาพของระบบดังนี้ (1) ความแม่นยำของระบบ (precision) หรือ PRE เป็นค่าที่แสดงถึงประสิทธิภาพในการจำแนกรูปแบบของระบบได้ตรงกับรูปแบบจริง ซึ่งคำนวณได้จากค่าอัตราส่วนของค่า TP (true positive) หรือค่าโรคพืชที่จำแนกได้ตรงกับรูปแบบ กับรูปโรคพืชที่จำแนกได้ว่าเป็นรูปแบบของโรคพืชที่ต้องการจำแนก ทั้งที่จำแนกได้ตรงรูปแบบ TP และจำแนกได้ไม่ตรงรูปแบบ FP (false positive) ซึ่งค่าที่ดีที่สุดคือมีค่าเท่ากับ 1 หรือคิดเป็น 100% ซึ่งแสดงว่าประสิทธิภาพความแม่นยำของการจำแนกรูปแบบของระบบมีมาก (2) ค่าอัตราการจำแนกรูปแบบที่ถูกต้อง (true positive rate, recall, sensitivity, hit rate) หรือ REC เป็นค่าที่ใช้แสดงถึงประสิทธิภาพของการจำแนกรูปแบบที่ถูกต้อง หาได้จากค่าอัตราส่วนระหว่างภาพที่

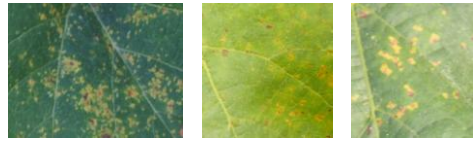
จำแนกได้ตรงรูปแบบกับจำนวนรูปแบบทั้งหมด (3) ค่าคะแนนเอฟ (F-score) หรือ F_1 เป็นค่าเฉลี่ยระหว่างค่าความแม่นยำของระบบ กับค่าอัตราการจำแนกรูปแบบที่ถูกต้อง



รูปที่ 10 ลักษณะปกติของใบองุ่นที่ไม่เป็นโรค



รูปที่ 11 ลักษณะอาการของโรคอีบูบในใบองุ่น



รูปที่ 12 อาการของโรคราสนิมในใบองุ่น



รูปที่ 13 อาการของโรคราน้ำค้างในใบองุ่น



รูปที่ 14 อาการของโรคราแป้งบนใบองุ่น

ตารางที่ 1 ผลการทดสอบประสิทธิภาพโดยรวมของระบบ

Diseases	No. of Disease Images	Performance					
		Images		Percentages			
		TP	FN	FP	PRE	REC	F_1
ไม่เป็นโรค	-	20	0	1	95.23	100	97.55
โรคอีบูบ	294	233	61	19	92.46	79.25	85.34
โรคราสนิม	437	368	69	22	94.35	84.21	88.99
โรคราน้ำค้าง	192	176	16	16	91.66	91.66	91.66
โรคราแป้ง	70	62	8	10	86.11	88.57	87.32

ในตารางที่ 1 แสดงผลทดสอบประสิทธิภาพของระบบโดยรวม โดยจำนวนรูปทั้งหมดที่ใช้ในการทดสอบมีทั้งหมด 122 รูป และมีรูปจุดโรครวมทั้งหมด 993 จุดโรค ซึ่งสำหรับระบบการจำแนกรูปแบบได้แบ่งเป็น 2 ส่วน คือ ในส่วนที่จำแนกรูปแบบของใบองุ่นที่เป็นโรค ออกจากใบองุ่นที่ไม่เป็นโรค ซึ่งใน

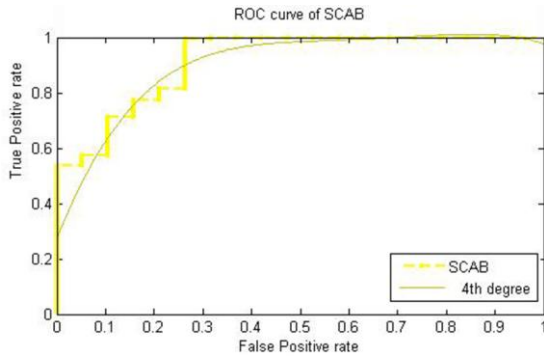
ขั้นตอนนี้เป็นขั้นตอนจำแนกในช่วงของการประมวลผลก่อน โดยดูจากการแยกส่วนโรคพืชออกจากพื้นหลัง และนำใบองุ่นที่เป็นโรคพืชมาทำการจำแนกรูปแบบของจุดโรคว่าเป็นรูปแบบใดโดยใช้อัลกอริทึมแบบ GA-SASOM จากตารางผลการทดสอบประสิทธิภาพโดยรวมของระบบ เห็นว่าผลการจำแนก

รูปแบบในส่วนของการระบุว่าเป็นโรคหรือไม่เป็นโรค ได้ค่าความแม่นยำคิดเป็น 95.23% ค่าอัตราการจำแนกรูปแบบถูกต้อง 100% และค่าคะแนนเอฟ มีค่าเป็น 97.55% ในส่วนของการจำแนกรูปแบบจุดโรคของไบออนุ่น ได้ผลดังนี้ โรคอินุบมีค่าความแม่นยำ 92.46% ค่าอัตราการจำแนกรูปแบบ 79.25% ค่าคะแนนเอฟ 85.34% โรคราสนิมมีค่าความแม่นยำ 94.35% ค่าอัตราการจำแนกรูปแบบ 84.21% และค่าคะแนนเอฟ 88.99% โรคราน้ำค้างมีค่าความแม่นยำ 91.66% ค่าอัตราการจำแนกรูปแบบ 91.66% และค่าคะแนนเอฟ 91.66% และโรคราแป้งมีค่าความแม่นยำ 86.11% ค่าอัตราการจำแนกรูปแบบ 88.57% และค่าคะแนนเอฟมีค่า 87.32% เพื่อให้เห็นภาพประสิทธิภาพโดยรวมของระบบชัดเจน นำผลที่ได้วาดกราฟความสัมพันธ์ระหว่างรูปแบบที่จำแนกได้ถูกต้องเทียบกับรูปแบบที่จำแนกได้ไม่ถูกต้อง (Receiver Operating Characteristics หรือ ROC curve) ของแต่ละรูปแบบดังรูปที่ 15–18 จากกราฟของแต่ละรูปแบบ พบว่ากราฟมีลักษณะเส้นกราฟที่ค่อนข้างชันและชิดด้านบนมากซึ่งเป็น ลักษณะของประสิทธิภาพที่ดีในทุกรูปแบบ และเมื่อแต่ละกราฟที่ได้มาคำนวณหาพื้นที่ใต้กราฟ (Area under curve หรือ AUC) ได้ผลดังนี้ รูปแบบจุดโรคอินุบมีค่าพื้นที่ใต้

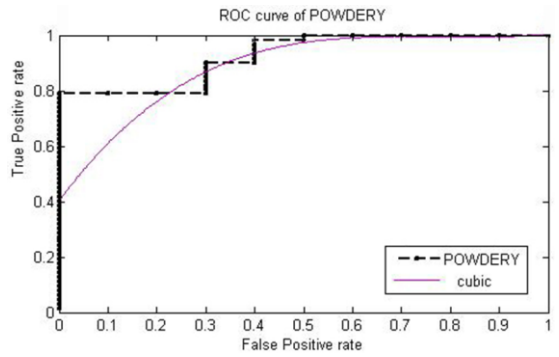
กราฟเท่ากับ 0.8697 โรคราสนิมมีพื้นที่ใต้กราฟเท่ากับ 0.8922 โรคราน้ำค้างมีพื้นที่ใต้กราฟเท่ากับ 0.8654 และโรคราแป้งมีพื้นที่ใต้กราฟเท่ากับ 0.8290 ซึ่งค่าพื้นที่ใต้กราฟที่ได้สอดคล้องกับค่าอัตราการจำแนกรูปแบบกล่าวคือ จากค่าพื้นที่ใต้กราฟของโรคพืชแต่ละชนิดเห็นว่า ค่าพื้นที่ใต้กราฟของโรคราสนิมมีค่ามากที่สุดคือ 0.8922 ซึ่งค่านี้แสดงให้เห็นว่าการจำแนกรูปแบบมีความแม่นยำสูงที่สุด ดังเห็นได้ว่าค่าความแม่นยำของโรคราสนิมมีค่ามากที่สุดเท่ากับ 94.35% โดยมีความสอดคล้องกับค่าประสิทธิภาพโดยรวมของระบบ จากผลที่ได้ในตารางเป็นผลการทดสอบแบบแบบหนึ่งรูปแบบต่อทุกรูปแบบ (one vs all หรือ OVA) เพื่อให้เห็นภาพรวมของประสิทธิภาพของระบบทั้งระบบ นอกจากนี้ งานวิจัยนี้ยังได้ทำการนำโรคไบออนุ่นมาทดสอบด้วยวิธีการจำแนกแบบเคเนียร์เรสเนเบอร์ (K-Nearest Neighbor หรือ KNN) [27] SVM [11] และ GA โดยใช้จุดสีของโรคไบออนุ่นเป็นอินพุตให้กับระบบเพื่อเปรียบเทียบกับระบบ GA-SASOM ผลการทดสอบที่ได้แสดงดังตารางที่ 2 จากผลการทดสอบแสดงให้เห็นว่าระบบ GA-SASOM ให้ค่าอัตราการจำแนกรูปแบบที่ถูกต้องมากที่สุด

ตารางที่ 2 การเปรียบเทียบผลการทดสอบอัตราการจำแนกรูปแบบที่ถูกต้อง

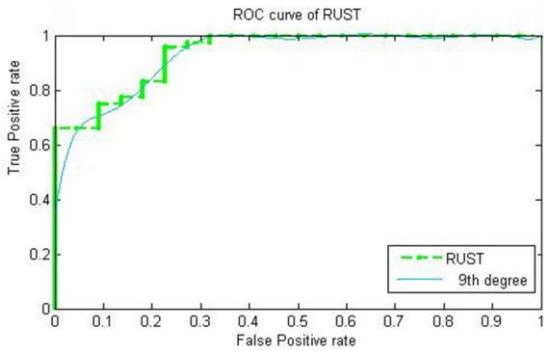
Diseases	No. of Disease Images	Precision (Percentages)			
		Algorithms			
		KNN	SVM	GA	GA-SASOM
โรคอินุบ	294	85.71	78.47	81.65	92.46
โรคราสนิม	437	85.75	86.12	85.67	94.35
โรคราน้ำค้าง	192	84.35	82.44	77.77	91.66
โรคราแป้ง	70	77.27	75.67	76.31	86.11



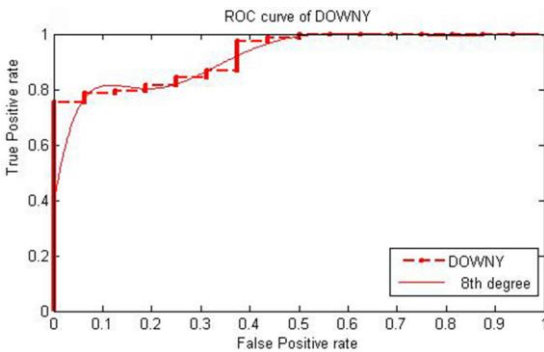
รูปที่ 15 ความสัมพันธ์ของรูปแบบที่จำแนกได้ถูกต้องกับจำแนกได้ไม่ถูกต้องของจุดโรคอินบุบ



รูปที่ 18 ความสัมพันธ์ของรูปแบบที่จำแนกได้ถูกต้องกับจำแนกได้ไม่ถูกต้องของจุดโรคราแป้ง



รูปที่ 16 ความสัมพันธ์ของรูปแบบที่จำแนกได้ถูกต้องกับจำแนกได้ไม่ถูกต้องของจุดโรคราสนิม



รูปที่ 17 ความสัมพันธ์ของรูปแบบที่จำแนกได้ถูกต้องกับจำแนกได้ไม่ถูกต้องของจุดโรคราน้ำค้าง

5. สรุปผลและข้อเสนอแนะ

งานวิจัยนี้ได้ดำเนินการศึกษาและพัฒนาโครงสร้างระบบการดึงคุณลักษณะเด่นและการจำแนกรูปแบบของรูปภาพ เพื่อเป็นระบบต้นแบบสำหรับการประยุกต์ใช้งานในด้านการจำแนก และจัดจำรูปแบบของรูปภาพ ซึ่งระบบที่พัฒนาขึ้นประกอบไปด้วยโครงสร้างของจินเนติกอัลกอริทึมและแผนผังคุณลักษณะการจัดการตนเองแบบโครงสร้างปรับค่าได้ สรุปผลการศึกษาวิจัยและพัฒนาทางวิศวกรรมได้ดังนี้ งานวิจัยนี้ได้พัฒนาแผนผังโนดที่ใช้แทนคุณลักษณะเด่นของสีและลวดลายของรูปแบบเรียกว่า แผนผังโครโมโซมที่มีการวิวัฒนาการด้วยกระบวนการทางสายพันธุ์แบบใหม่ ได้แก่ การครอสโอเวอร์ของแผนผังโครโมโซมแบบจุดเดี่ยว และแบบหลายจุด และการมิวเตชันของแผนผังโครโมโซมแบบการมิวเตชันจุดสี การมิวเตชันแบบลวดโนด และการมิวเตชันแบบเพิ่มโนด จากการดำเนินงานวิจัยที่ผ่านมาและผลการทดสอบระบบเห็นว่า อัลกอริทึม GA-SASOM ของงานวิจัยนี้สามารถนำมาใช้ในการวินิจฉัยจำแนกโรคใบของุ่นจากภาพถ่ายได้ และ

ข้อเสนอแนะในการดำเนินงานวิจัยต่อไปในอนาคตมีดังนี้ เพื่อให้ระบบสามารถใช้งานได้อย่างหลากหลายจำเป็นต้องมีข้อมูลที่ใช้ในการฝึกสอนที่หลากหลายและมีจำนวนเพียงพอที่จะใช้แทนกลุ่มข้อมูลได้ทุกกลุ่มประสิทธิภาพของระบบการจำแนกรูปแบบของรูปภาพสามารถปรับปรุงได้ โดยการปรับปรุงการดึงคุณลักษณะเด่นของโรคทำให้เกิดความแตกต่างระหว่างข้อมูลของโรคแต่ละประเภทให้เพิ่มมากขึ้นทำให้ระบบสามารถจำแนกรูปแบบได้ง่ายและมีประสิทธิภาพเพิ่มขึ้น และระบบการจำแนกรูปภาพสามารถนำไปประยุกต์สำหรับการจำแนกรูปภาพอื่นได้ โดยทำการปรับปรุงกระบวนการที่นำเสนอให้สัมพันธ์กับคุณลักษณะของรูปภาพและการเพิ่มข้อมูลในการฝึกสอนตามชนิดของรูปภาพประเภทนั้น ๆ

6. เอกสารอ้างอิง

- [1] G. Nagarajan, R.I. Minu, B. Muthukumar, V. Vedanarayanan and S.D. Sundarsingh, “Hybrid Genetic Algorithm for Medical Image Feature Extraction and selection”, *Procedia Computer Science* 85, 2016, pp.455-462.
- [2] H. Wang, Y. Feng, Y. Sa, J.Q. Lu, J. Ding, J. Zhang and X.H. Hu, “Pattern recognition and classification of two cancer cell lines by diffraction imaging at multiple pixel distances”, *Pattern Recognition* 61, 2017, pp.234-244.
- [3] A. Alharbi and F. Tchier, “Using a genetic-fuzzy algorithm as a computer aided diagnosis tool on Saudi Arabian breast cancer database”, *Mathematical Biosciences* 286, 2017, pp. 39-48.
- [4] C. Shanthi and N. Papa, “An artificial intelligence based improved classification of two-phase flow patterns with feature extracted from acquired images”, *ISA Transactions* 68, 2017, pp.425-432.
- [5] H. Hu, Y. Liu, M. Liu and L. Nie, “Surface defect classification in large-scale strip steel image collection via hybrid chromosome genetic algorithm”, *Neurocomputing* 181, 2016, pp. 86-95.
- [6] E. Alexandre, L. Cuadra, S. Salcedo-Sanz, A. Pastor-Sanchez and C. Casanova-Mateo, “Hybridizing Extreme Learning Machines and Genetic Algorithms to select acoustic features in vehicle classification applications”, *Neurocomputing* 152, 2015, pp. 58-68.
- [7] D.Y. Eroglu and K. Kilic, “A novel Hybrid Genetic Local Search Algorithm for feature selection and weighting with an application in strategic decision making in innovation management”, *Information Sciences* 405, 2017, pp. 18-32.
- [8] A. Meunkaewjinda, P. Kumsawat, K. Attakitmongcol and A. Srikaew, “Grape leaf disease detection from color imagery using hybrid intelligent system”, *Proceedings of ECTI Conference*, 2008, pp. 513-516.
- [9] S. Zhang, X. Wu, Z. You and L. Zhang, “Leaf image based cucumber disease recognition using sparse representation classification”, *Computers and Electronics in Agriculture*, 2017, pp. 135-141.

- [10] T. Rumpf, A.K. Mahlein, U. Steiner, E.C. Oerke, H.W. Dehne and L. Plumer, "Early detection and classification of crop diseases with support vector machines based on hyperspectral reflectance", *Computer Electronics Agriculture* 74(1), 2010, pp. 91-94.
- [11] D.A. Bashish, M. Braik and S. Bani-Ahmad, "Detection and classification of leaf diseases using K-means-based segmentation and neural networks based classification", *Information Technology Journal*, 2011, pp. 267-275.
- [12] S. Arivazhagan, R. NewlinShebiah, S. Ananthi and S. Varthini, "Detection of unhealthy region of plant leaves and classification of plant leaf diseases using texture features", *Agriculture Engineering International: CIGR Journal* 15(1), 2013, pp. 211-217.
- [13] S.W. Zhang, Y.J. Shang and L. Wang, "Plant disease recognition based on plant leaf image", *The Journal of Animal & Plant Sciences* 25, 2015, pp. 42-45.
- [14] H. Holland, "Adaptation in Natural and Artificial Systems", Ann Arbor: the University of Michigan Press, Michigan, 1975.
- [15] S. Li, H. Wu, D. Wan and J. Zhu, "An effective feature selection method for hyperspectral image classification based on genetic algorithm and support vector machine", *Knowledge-Based Systems* 24, 2011, pp. 40-48.
- [16] C.H. Lin, H.Y. Chen and Y.S. Wu, "Study of image retrieval and classification based on adaptive features using genetic algorithm feature selection", *Expert Systems with Applications* 41, 2014, pp. 6611-6621.
- [17] G. Nagarajan, R.I. Minu, B. Muthukumar, V. Vedanarayanan and S.D. Sundarsingh, "Hybrid Genetic Algorithm for Medical Image Feature Extraction and selection", *Procedia Computer Science* 85, 2016, pp. 455-462.
- [18] H. Hu, Y. Liu, M. Liu and L. Nie, "Surface defect classification in large-scale strip steel image collection via hybrid chromosome genetic algorithm", *Neurocomputing* 181, 2016, pp. 86-95.
- [19] E.K. Aydogan, I. Karaoglan and P.M. Pardalos, "hGA: Hybrid genetic algorithm in fuzzy rule-based classification systems for high-dimensional problems", *Applied Soft Computing* 12, 2012, pp. 800-806.
- [20] Z. Jian-Hua and L. Wei-Hua, "Intrusion detection based on improved SOM with optimized GA", *Journal of Computers* 8(6), 2013, pp. 1456-1463.
- [21] R.J. Kuo, K. Chang and S.Y. Chien, "Integration of self-organizing feature maps and genetic-algorithm-based clustering method for market segmentation", *Journal of Organizational Computing and Electronic Commerce* 14, 2004, pp. 43-60.

- [22] H.D. Jin, K.S. Leng, M.L. Wong and Z.B. Xu, “An efficient self-organizing map designed by genetic algorithms for the traveling salesman problem”, IEEE Transaction on Systems, Man and Cybernetics Part B 33(6), 2003, pp. 877-888.
- [23] S.B. Cho, “Ensemble of structure-adaptive self-organizing maps for high performance classification”, Information Sciences 123, 2000, pp. 103-114.
- [24] A. Meunkaewjinda, "Intelligence approach for grape leaf disease diagnosis system from color imagery", Suranaree University of Technology. 2007. (in Thai).
- [25] G. Stuart, N. Spruston, B. Sakmann and M. Hausser, “Action potential initiation and backpropagation in neurons of the mammalian CNS”, Trends in Neurosciences 20, 1997, pp. 125-131.
- [26] N. Efferd, “Digital Image Processing: A Practical Introduction Using Java”, Pearson Education, 2000.
- [27] C. Hulett, A. Hall and G. Qu, “Dynamic selection of k nearest neighbors in instance-based learning”, Information Reuse and Integration, 2012, pp. 85-92.