ระบบปัญญาประดิษฐ์บนเว็บสำหรับวิเคราะห์และจำแนกภาพเซลล์เม็ดเลือดขาวจากของเหลวในร่างกาย

โดย

นางสาวกัญญารัตน์ กาญจนพยัคฆ์
นางสาวกุลธพร นาครัตน์

โครงงานพิเศษนี้เป็นส่วนหนึ่งของการศึกษาตามหลักสูตร
วิทยาศาสตรบัณฑิต
สาขาวิชาวิทยาการคอมพิวเตอร์
คณะวิทยาศาสตร์และเทคโนโลยี มหาวิทยาลัยธรรมศาสตร์
ปีการศึกษา 2568

ลิขสิทธิ์ของมหาวิทยาลัยธรรมศาสตร์

ระบบปัญญาประดิษฐ์บนเว็บสำหรับวิเคราะห์และจำแนกภาพเซลล์เม็ดเลือดขาวจากของเหลวในร่างกาย

โดย

นางสาวกัญญารัตน์ กาญจนพยัคฆ์
นางสาวกุลธพร นาครัตน์

โครงงานพิเศษนี้เป็นส่วนหนึ่งของการศึกษาตามหลักสูตร
วิทยาศาสตรบัณฑิต
สาขาวิชาวิทยาการคอมพิวเตอร์
คณะวิทยาศาสตร์และเทคโนโลยี มหาวิทยาลัยธรรมศาสตร์
ปีการศึกษา 2568

ลิขสิทธิ์ของมหาวิทยาลัยธรรมศาสตร์

A WEB-BASED ARTIFICIAL INTELLIGENCE SYSTEM FOR ANALYZING AND CLASSIFYING WHITE BLOOD CELL IMAGES FROM BODY FLUIDS

BY

MISS KANYARAT KANCHANAPHAYAK
MISS KULTHAPON NARCARAT

A FINAL-YEAR PROJECT REPORT SUBMITTED IN PARTIAL FULFILLMENT
OF THE REQUIREMENTS FOR THE DEGREE OF BACHELOR OF SCIENCE
COMPUTER SCIENCE
FACULTY OF SCIENCE AND TECHNOLOGY
THAMMASAT UNIVERSITY
ACADEMIC YEAR 2025
COPYRIGHT OF THAMMASAT UNIVERSITY

มหาวิทยาลัยธรรมศาสตร์
คณะวิทยาศาสตร์และเทคโนโลยี

รายงานโครงงานพิเศษ

ของ

นางสาวกัญญารัตน์ กาญจนพยัคฆ์
นางสาวกุลธพร นาครัตน์

เรื่อง

ระบบปัญญาประดิษฐ์บนเว็บสำหรับวิเคราะห์และจำแนกภาพ
เซลล์เม็ดเลือดขาวจากของเหลวในร่างกาย

ได้รับการตรวจสอบและอนุมัติ ให้เป็นส่วนหนึ่งของการศึกษาตามหลักสูตร
หลักสูตรวิทยาศาสตรบัณฑิต สาขาวิชาวิทยาการคอมพิวเตอร์
เมื่อ วันที่ 22 พฤษภาคม พ.ศ. 2569

อาจารย์ที่ปรึกษา _____
(รศ.ดร.ธนาธร ทะนานทอง)

กรรมการสอบโครงงานพิเศษ _____
(ผศ.ดร.วิลาวรรณ รักผกาวงศ์)

กรรมการสอบโครงงานพิเศษ _____
(ผศ.ดร.ลัมพาพรรณ พันธ์ชูจิตร์)

มหาวิทยาลัยธรรมศาสตร์
คณะวิทยาศาสตร์และเทคโนโลยี

รายงานโครงงานพิเศษ

ของ

นางสาวกัญญารัตน์ กาญจนพยัคฆ์
นางสาวกุลธพร นาครัตน์

เรื่อง

ระบบปัญญาประดิษฐ์บนเว็บสำหรับวิเคราะห์และจำแนกภาพ
เซลล์เม็ดเลือดขาวจากของเหลวในร่างกาย

ได้รับการตรวจสอบและอนุมัติ ให้เป็นส่วนหนึ่งของการศึกษาตามหลักสูตร
หลักสูตรวิทยาศาสตรบัณฑิต สาขาวิชาวิทยาการคอมพิวเตอร์
เมื่อ วันที่ 22 พฤษภาคม พ.ศ. 2569

อาจารย์ที่ปรึกษา _____
(รศ.ดร.ธนาธร ทะนานทอง)

กรรมการสอบโครงงานพิเศษ _____
(ผศ.ดร.วิลาวรรณ รักผกาวงศ์)

กรรมการสอบโครงงานพิเศษ _____
(ผศ.ดร.ลัมพาพรรณ พันธ์ชูจิตร์)

หัวข้อโครงงานพิเศษ	ระบบปัญญาประดิษฐ์บนเว็บสำหรับวิเคราะห์และจำแนกภาพเซลล์เม็ดเลือดขาวจากของเหลวในร่างกาย
ชื่อผู้เขียน	นางสาวกัญญารัตน์ กาญจนพยัคฆ์
ชื่อผู้เขียน	นางสาวกุลธพร นาครัตน์
ชื่อปริญญา	วิทยาศาสตรบัณฑิต สาขาวิชาวิทยาการคอมพิวเตอร์
สาขาวิชา/คณะ/มหาวิทยาลัย	สาขาวิชาวิทยาการคอมพิวเตอร์ คณะวิทยาศาสตร์และเทคโนโลยี มหาวิทยาลัยธรรมศาสตร์
อาจารย์ที่ปรึกษาโครงงานพิเศษ	รศ.ดร.ธนาธร ทะนานทอง
อาจารย์ที่ปรึกษาโครงงานพิเศษร่วม	-
ปีการศึกษา	2568

บทคัดย่อ

เซลล์เม็ดเลือดขาวจากของเหลวในร่างกาย (Body Fluids) เป็นดัชนีชี้วัดทางสุขภาพที่มีความสำคัญอย่างยิ่งต่อการวินิจฉัยโรคติดเชื้อ ภาวะการอักเสบ และความผิดปกติเฉพาะจุด อย่างไรก็ตาม กระบวนการตรวจวิเคราะห์แบบดั้งเดิมที่ต้องอาศัยกล้องจุลทรรศน์มีข้อจำกัดด้านระยะเวลาและความคลาดเคลื่อนที่อาจเกิดขึ้นจากการปฏิบัติงาน ในขณะที่เครื่องวิเคราะห์อัตโนมัติที่มีประสิทธิภาพสูง มีราคาสูงและมีต้นทุนการบำรุงรักษามาก ส่งผลให้เกิดข้อจำกัดในการเข้าถึงเทคโนโลยีในสถานพยาบาลระดับต่าง ๆ

โครงงานนี้จึงมีวัตถุประสงค์เพื่อพัฒนาเว็บแอปพลิเคชันสำหรับตรวจจับและจำแนกเซลล์เม็ดเลือดขาวจากของเหลวในร่างกาย โดยประยุกต์ใช้เทคโนโลยีปัญญาประดิษฐ์ (Artificial Intelligence) เพื่อทำหน้าที่เป็นระบบสนับสนุนการตัดสินใจทางคลินิก (Clinical Decision Support) สำหรับแพทย์และนักเทคนิคการแพทย์ ระบบที่พัฒนาขึ้นมีความสามารถในการจำแนกเซลล์เม็ดเลือดขาวออกเป็น 5 ชนิด ได้แก่ นิวโทรฟิล (Neutrophil), ลิมโฟไซต์ (Lymphocyte), โมโนไซต์ (Monocyte), อีโอซิโนฟิล (Eosinophil) และเบโซฟิล (Basophil)

การพัฒนาโครงงานนี้ จะช่วยเพิ่มประสิทธิภาพ กระบวนการตรวจวิเคราะห์ให้มีความรวดเร็วและแม่นยำมากยิ่งขึ้น ช่วยลดภาระงานของบุคลากรทางการแพทย์ และเป็นทางเลือกที่คุ้มค่าในการเพิ่มโอกาสการเข้าถึงการวินิจฉัยที่มีคุณภาพในพื้นที่ที่ขาดแคลนทรัพยากร นอกจากนี้ระบบยังสามารถจัดเก็บข้อมูลเพื่อใช้ในการติดตามผลและต่อยอดการวิจัยในอนาคต ซึ่งจะนำไปสู่การยกระดับคุณภาพบริการสาธารณสุขโดยรวมให้ดียิ่งขึ้น

คำสำคัญ: เว็บแอปพลิเคชัน, ระบบปัญญาประดิษฐ์, ของเหลวในร่างกาย, เซลล์เม็ดเลือดขาว, การตรวจจับวัตถุ, การจำแนกภาพ, การเรียนรู้เชิงลึก

Thesis Title	A WEB-BASED ARTIFICIAL INTELLIGENCE SYSTEM FOR ANALYZING AND CLASSIFYING WHITE BLOOD CELL IMAGES FROM BODY FLUIDS
Author	Miss Kanyarat Kanchanaphayak
Author	Miss Kulthapon Narcarat
Degree	Bachelor of Science
Major Field/Faculty/University	Computer Science Faculty of Science and Technology Thammasat University
Project Advisor	Assoc.Prof.Dr. Tanatorn Tanantong
Project Co-Advisor	-
Academic Years	2025

ABSTRACT

White blood cells in body fluids are highly important health indicators for diagnosing infections, inflammatory conditions, and localized abnormalities. However, traditional microscopic analysis is time-consuming and susceptible to operator-dependent variability. Although automated analyzers offer high performance, their high cost and maintenance requirements limit accessibility, especially in resource-constrained healthcare settings.

This project aims to develop a web-based application for detecting and classifying white blood cells in body fluids by applying Artificial Intelligence (AI) techniques. The system is designed to serve as a Clinical Decision Support tool for physicians and medical laboratory scientists. The developed application can classify white blood cells into five categories: Neutrophils, Lymphocytes, Monocytes, Eosinophils, and Basophils.

The development of this system enhances the efficiency of laboratory analysis by offering faster and more accurate results, reducing the workload of healthcare personnel, and providing a cost-effective alternative to improve diagnostic accessibility in underserved areas. Furthermore, the system can store analytical data for follow-up evaluations and future research, contributing to the overall improvement of public healthcare services.

Keywords: Web Application, Artificial Intelligence, Body Fluid, White Blood Cell, Object Detection, Image Classification, Deep Learning

กิตติกรรมประกาศ

ขอขอบคุณ คุณพ่อและคุณแม่ที่คอยสนับสนุน ให้กำลังใจ และเป็นแรงผลักดันสำคัญตลอดระยะเวลาการศึกษาและการทำโครงงานนี้

ขอขอบคุณ รองศาสตราจารย์ ดร.ธนาธร ทะนานทอง อาจารย์ที่ปรึกษาโครงงาน ที่ได้ให้ความช่วยเหลือ อบรมสั่งสอน และให้คำแนะนำเกี่ยวกับการทำงานในด้านต่าง ๆ ไม่ว่าจะเป็นแนวทางการออกแบบ การพัฒนาแอปพลิเคชัน รวมถึงการประยุกต์ใช้ปัญญาประดิษฐ์ในด้านการแพทย์ ซึ่งเป็นประโยชน์อย่างยิ่งต่อการดำเนินโครงงานครั้งนี้

ขอขอบคุณพี่ ๆ ปริญญาโทที่ให้คำแนะนำในการทำงานด้านต่าง ๆ และประสบการณ์ต่าง ๆ ในด้านการทำโครงงาน

ขอขอบคุณ หน่วยวิจัยด้านนวัตกรรมข้อมูลและปัญญาประดิษฐ์แห่มหาวิทยาลัยธรรมศาสตร์ สาขาวิชาวิทยาการคอมพิวเตอร์ คณะวิทยาศาสตร์และเทคโนโลยี ที่ให้การสนับสนุนด้านเครื่องมืออุปกรณ์ และสถานที่สำหรับการพัฒนาโครงการ จนทำให้โครงงานนี้สามารถสำเร็จลุล่วง

นางสาวกัญญารัตน์ กาญจนพยัคฆ์

นางสาวกุลธพร นาครัตน์

สารบัญ

	หน้า
บทคัดย่อ	2
ABSTRACT	4
กิตติกรรมประกาศ	5
สารบัญ	6
สารบัญตาราง	11
สารบัญภาพ	12
รายการสัญลักษณ์และคำย่อ	14
บทที่ 1 บทนำ	1
1.1 ความเป็นมาและความสำคัญของโครงงาน	1
1.2 วัตถุประสงค์	3
1.3 ขอบเขตของโครงงาน	3
1.4 ประโยชน์ของโครงงาน	3
1.5 ข้อจำกัดของโครงงาน	4
บทที่ 2 วรรณกรรมและงานวิจัยที่เกี่ยวข้อง	5
2.1 แนวคิดทฤษฎีที่เกี่ยวข้อง	5
2.1.1 การเรียนรู้เชิงลึก (Deep Learning)	5
2.1.2 การประมวลผลภาพ (Image Processing)	6
2.1.3 การตรวจจับวัตถุ (Object Detection)	6

2.1.4 การจำแนกภาพ (Image Classification) 7
2.1.5 ภาษาและเครื่องมือที่ใช้พัฒนา 8
2.1.6 การวัดประสิทธิภาพโมเดล (Evaluation Metrics) 10
2.2 งานวิจัยที่เกี่ยวข้อง 11
2.2.1 การวิเคราะห์เซลล์เม็ดเลือดขาวจากของเหลวในร่างกาย 11
2.2.2 เทคโนโลยีการตรวจวิเคราะห์เซลล์เม็ดเลือดขาวอัตโนมัติ 12
2.2.3 ระบบปัญญาประดิษฐ์ในการจำแนกเซลล์เม็ดเลือดขาว 13
2.3 แอปพลิเคชันที่เกี่ยวข้องกับเซลล์ 14
2.3.1 แอปพลิเคชัน Celly.AI 14
2.3.2 แอปพลิเคชัน Microscope AI Cell – Microscan 15
2.3.3 แอปพลิเคชัน Hematoscan 16
2.3.4 แอปพลิเคชัน WBC Counter 17
2.3.5 แอปพลิเคชัน CellaVision 18
2.3.6 แอปพลิเคชัน Scopio Labs 19
บทที่ 3 วิธีการดำเนินงาน 21
3.1 ภาพรวมของโครงงาน 21
3.2 การวิเคราะห์ขอบเขตและความต้องการของระบบ 22
3.2.1 แผนภาพกรณีการใช้งานในภาพรวม (Use Case Diagram) 22
3.2.2 แผนภาพกิจกรรมของระบบ (Activity Diagram) 23
3.3 การพัฒนาโมเดลปัญญาประดิษฐ์ 28
3.3.1 ชุดข้อมูล (Dataset) 28
3.3.2 การประเมินประสิทธิภาพของโมเดล 30
บทที่ 4 ทรัพยากรและแผนการดำเนินงาน 34

4.1 การจัดเตรียมฮาร์ดแวร์และซอฟต์แวร์ 34
4.1.1 ทรัพยากรสำหรับการพัฒนาโครงงาน 34
4.1.2 ทรัพยากรสำหรับการทดสอบแอปพลิเคชัน 35
4.1.3 ซอฟต์แวร์สำหรับการพัฒนาโครงงาน 35
4.1.4 เว็บเบราว์เซอร์ที่จะใช้ทดสอบแอปพลิเคชัน 35
4.2 แผนการดำเนินงาน 36
บทที่ 5 การพัฒนาโมเดลตรวจจับวัตถุ 37
5.1 การเตรียมและแบ่งชุดข้อมูล 37
5.2 การพัฒนาและฝึกสอนโมเดล 38
5.2.1 สถาปัตยกรรมของโมเดล 38
5.2.2 การฝึกสอนโมเดล 39
5.3 ผลการทดสอบโมเดลและอภิปรายผล 39
บทที่ 6 การพัฒนาโมเดลจำแนกภาพ 44
6.1 การเตรียมและแบ่งชุดข้อมูล 44
6.2 การพัฒนาและฝึกสอนโมเดล 46
6.2.1 สถาปัตยกรรมของโมเดล 46
6.2.2 การฝึกสอนโมเดล 46
6.3 ผลการทดสอบโมเดลและอภิปรายผล 47
บทที่ 7 การพัฒนาเว็บแอปพลิเคชัน 51
7.1 ภาพรวมของระบบเว็บแอปพลิเคชัน 51
7.2 การพัฒนาส่วนติดต่อผู้ใช้งาน (UX/UI) 51
7.3 การออกแบบระบบ 55
7.3.1 การออกแบบส่วนติดต่อผู้ใช้ (Frontend) 55

7.3.2 การออกแบบส่วนประมวลผลกลาง (Backend) 56
7.3.3 การออกแบบระบบปัญญาประดิษฐ์ (AI Service) 56
7.3.4 การออกแบบระบบฐานข้อมูล (Database) 56
7.3.5 การเชื่อมต่อระบบ 58
7.4 การพัฒนาเว็บแอปพลิเคชัน Time Cell 59
7.4.1 หน้าหลัก 59
7.4.2 หน้าเข้าสู่ระบบ 60
7.4.3 หน้าการวิเคราะห์เซลล์แบบเรียลไทม์ 61
7.4.4 หน้าการจำแนกชนิดเซลล์ 62
7.4.5 หน้าการนับจำนวนเซลล์ 63
7.4.6 หน้าประวัติการวิเคราะห์ 64
7.4.7 หน้าความรู้เกี่ยวกับเซลล์ 65
7.5 การทดสอบระบบ 65
7.5.1 Functional Testing 66
7.5.2 User Acceptance Testing 67
7.5.3 Accuracy Testing 72
บทที่ 8 อภิปรายและสรุปผล 73
8.1 อภิปราย 73
8.2 สรุปผลการดำเนินงาน 74
รายการอ้างอิง 76
ภาคผนวก 80
ภาคผนวก ก. วิธีการติดตั้งโปรแกรม 81
ภาคผนวก ข. เอกสารอ้างอิงที่เกี่ยวข้อง 90

สารบัญตาราง

	หน้า
ตารางที่ 2.1 เปรียบเทียบคุณสมบัติของแอปพลิเคชันที่เกี่ยวข้องกับเซลล์	20
ตารางที่ 3.1 ตาราง Confusion Matrix	30
ตารางที่ 4.1 ทรัพยากรในการพัฒนาโครงงาน	34
ตารางที่ 4.2 ทรัพยากรในการทดสอบโครงงาน	35
ตารางที่ 4.3 การดำเนินงานที่ผ่านมาจนถึงปัจจุบัน	36
ตารางที่ 4.4 แผนการดำเนินงานในอนาคต	36
ตารางที่ 5.1 ผลลัพธ์การทดสอบโมเดลตรวจจับวัตถุ YOLO11m ด้วยชุดข้อมูลทดสอบ	40
ตารางที่ 6.1 เปรียบเทียบจำนวนข้อมูลแต่ละคลาสก่อนและหลังการปรับสมดุล	45
ตารางที่ 6.2 ผลลัพธ์การทดสอบโมเดลจำแนกภาพ MobileNetV3 ด้วยชุดข้อมูลทดสอบ	47
ตารางที่ 7.1 ตารางฐานข้อมูล users	57
ตารางที่ 7.2 ตารางฐานข้อมูล history	57
ตารางที่ 7.3 ผลการทดสอบการทำงานของเว็บแอปพลิเคชัน Time Cell	66
ตารางที่ 7.4 แบบประเมินความพึงพอใจผู้ใช้ Time Cell	68
ตารางที่ 7.5 ผลประเมินความพึงพอใจผู้ใช้ Time Cell	69
ตารางที่ 7.6 ผลการทดสอบความถูกต้องของการนับจำนวนเซลล์ Time Cell	72

สารบัญภาพ

หน้า

ภาพที่ 2.1 หน้าจอแสดงผลการทำงานของแอปพลิเคชัน Celly.AI 14
ภาพที่ 2.2 หน้าจอแสดงผลการทำงานของแอปพลิเคชัน Microscope AI Cell – Microscan 15
ภาพที่ 2.3 หน้าจอแสดงผลการทำงานของแอปพลิเคชัน Hematoscan 16
ภาพที่ 2.4 หน้าจอแสดงผลการทำงานของแอปพลิเคชัน WBC Counter 17
ภาพที่ 2.5 หน้าจอแสดงผลการทำงานของแอปพลิเคชัน CellaVision 18
ภาพที่ 2.6 หน้าจอแสดงผลการทำงานของแอปพลิเคชัน CellaVision 19
ภาพที่ 3.1 ภาพรวมการทำงานของระบบ 21
ภาพที่ 3.2 แผนภาพกรณีการใช้งาน (Use Case Diagram) 22
ภาพที่ 3.3 กระบวนการทำงานของแอปพลิเคชันในขั้นตอนสมัครสมาชิก 23
ภาพที่ 3.4 กระบวนการทำงานของแอปพลิเคชันในขั้นตอนเข้าสู่ระบบ 23
ภาพที่ 3.5 กระบวนการทำงานของแอปพลิเคชันในขั้นตอนนำเข้าภาพถ่ายเซลล์ 24
ภาพที่ 3.6 กระบวนการทำงานของแอปพลิเคชันในขั้นตอนวิเคราะห์เซลล์ด้วย AI 24
ภาพที่ 3.7 กระบวนการทำงานของแอปพลิเคชันในขั้นตอนปรับแต่งภาพ 25
ภาพที่ 3.8 กระบวนการทำงานของแอปพลิเคชันในขั้นตอนแสดงผลการวิเคราะห์ 25
ภาพที่ 3.9 กระบวนการทำงานของแอปพลิเคชันในขั้นตอนส่งออก (Export) 26
ภาพที่ 3.10 กระบวนการทำงานของแอปพลิเคชันในขั้นตอนแสดงประวัติการวิเคราะห์ย้อนหลัง 26
ภาพที่ 3.11 กระบวนการทำงานของแอปพลิเคชันในขั้นตอนลบประวัติผลการวิเคราะห์เซลล์ 27
ภาพที่ 3.12 กระบวนการทำงานของแอปพลิเคชันในขั้นตอนออกจากระบบ 27
ภาพที่ 3.13 กระบวนการทำงานของแอปพลิเคชันในขั้นตอนดูข้อมูลเกี่ยวกับเซลล์ 28
ภาพที่ 3.14 เซลล์จากของเหลวในร่างกาย (Body Fluids) 29
ภาพที่ 5.1 การระบุตำแหน่งและชนิดของเซลล์ในชุดข้อมูลของเหลวในร่างกาย (Body Fluids) 37
ภาพที่ 5.2 Confusion Matrix Normalized ของชุดทดสอบโมเดล YOLO11m 41
ภาพที่ 5.3 กราฟผลลัพธ์การฝึกของโมเดล YOLO11m 42
ภาพที่ 6.1 เซลล์เม็ดเลือดขาว 5 ชนิด 44
ภาพที่ 6.2 Confusion Matrix ของชุดข้อมูลทดสอบสำหรับโมเดล MobileNetV3 48
ภาพที่ 6.3 กราฟแสดงค่า Accuracy และ Loss ของโมเดล 49
ภาพที่ 7.1 การออกแบบหน้าจอส่วนติดต่อผู้ใช้งานของหน้าหลัก 52
ภาพที่ 7.2 การออกแบบหน้าจอส่วนติดต่อผู้ใช้งานของหน้าเข้าสู่ระบบ 52

ภาพที่ 7.3 การออกแบบส่วนติดต่อผู้ใช้งานของหน้าการวิเคราะห์เซลล์แบบเรียลไทม์ 53
ภาพที่ 7.4 การออกแบบหน้าจอส่วนติดต่อผู้ใช้งานของหน้าการจำแนกชนิดเซลล์ 53
ภาพที่ 7.5 การออกแบบหน้าจอส่วนติดต่อผู้ใช้งานของหน้าการนับจำนวนเซลล์ 54
ภาพที่ 7.6 การออกแบบหน้าจอส่วนติดต่อผู้ใช้งานของหน้าประวัติการวิเคราะห์ 54
ภาพที่ 7.7 การออกแบบหน้าจอส่วนติดต่อผู้ใช้งานของหน้าความรู้เกี่ยวกับเซลล์ 55
ภาพที่ 7.8 แผนภาพ Entity-Relationship (ER Diagram) 58
ภาพที่ 7.9 แผนภาพการเชื่อมต่อระบบของเว็บแอปพลิเคชัน Time Cell 58
ภาพที่ 7.10 หน้าจอส่วนติดต่อผู้ใช้งานของหน้าหลัก 59
ภาพที่ 7.11 หน้าจอส่วนติดต่อผู้ใช้งานของหน้าเข้าสู่ระบบ 60
ภาพที่ 7.12 หน้าจอส่วนติดต่อผู้ใช้งานของหน้าการวิเคราะห์เซลล์แบบเรียลไทม์ 61
ภาพที่ 7.13 หน้าจอส่วนติดต่อผู้ใช้งานของหน้าการจำแนกชนิดเซลล์ 62
ภาพที่ 7.14 หน้าจอส่วนติดต่อผู้ใช้งานของหน้าการนับจำนวนเซลล์ 63
ภาพที่ 7.15 หน้าจอส่วนติดต่อผู้ใช้งานของหน้าประวัติการวิเคราะห์ 64
ภาพที่ 7.16 หน้าจอส่วนติดต่อผู้ใช้งานของหน้าความรู้เกี่ยวกับเซลล์ 65

รายการสัญลักษณ์และคำย่อ

สัญลักษณ์/คำย่อ	คำเต็ม/คำจำกัดความ
WBC	White Blood Cell หมายถึง เซลล์เม็ดเลือดขาว
YOLO	You Only Look Once หมายถึง แนวคิดของอัลกอริทึมที่สามารถตรวจจับและจำแนกวัตถุภายในภาพได้ภายในการประมวลผลเพียงครั้งเดียว แตกต่างจากวิธีการแบบดั้งเดิมที่ต้องแยกขั้นตอนการค้นหาตำแหน่งวัตถุและการจำแนกประเภทออกจากกัน โดย YOLO จะทำการวิเคราะห์ภาพทั้งหมดพร้อมกันในครั้งเดียว ทำให้สามารถตรวจจับวัตถุได้อย่างรวดเร็วและเหมาะสำหรับงานที่ต้องการประมวลผลแบบเรียลไทม์

บทที่ 1
บทนำ

1.1 ความเป็นมาและความสำคัญของโครงงาน

เซลล์เม็ดเลือดขาว (White Blood Cell: WBC) หรือ ลิวโคไซต์ (Leukocyte) มีบทบาทสำคัญในการตรวจจับ ต่อสู้ และกำจัดเชื้อโรค รวมถึงสิ่งแปลกปลอมต่าง ๆ ที่เข้าสู่ร่างกาย การรักษาสมดุลของจำนวนและชนิดของเซลล์เม็ดเลือดขาวจึงเป็นสิ่งจำเป็นอย่างยิ่งต่อสุขภาพ เมื่อเกิดความผิดปกติกับเซลล์เม็ดเลือดขาว ย่อมเป็นสัญญาณเตือนถึงภาวะสุขภาพที่ไม่ปกติ ซึ่งอาจบ่งชี้ถึงการติดเชื้อหลากหลายรูปแบบ ภาวะภูมิคุ้มกันบกพร่อง โรคแพ้ภูมิตนเอง หรือแม้กระทั่งโรคร้ายแรงอย่างมะเร็งเม็ดเลือดขาวได้ [1] การตรวจวิเคราะห์เซลล์เม็ดเลือดขาว ทั้งในเชิงปริมาณรวม และการนับแยกชนิด (Differential Count) ถือเป็นขั้นตอนพื้นฐานที่มีความสำคัญอย่างยิ่งทางการแพทย์ เพื่อช่วยในการวินิจฉัยและติดตามโรค ตัวอย่างเช่น หากพบนิวโทรฟิล (Neutrophil) สูงขึ้น มักบ่งชี้ถึงการติดเชื้อแบคทีเรียเฉียบพลัน [2] หรือการพบจำนวนลิมโฟไซต์ (Lymphocyte) ที่ผิดปกติ อาจบ่งชี้ถึงการติดเชื้อไวรัส ปัญหาของระบบภูมิคุ้มกัน หรือความผิดปกติของระบบน้ำเหลือง [3]

การตรวจวิเคราะห์เซลล์เม็ดเลือดขาวนอกจากในกระแสเลือดแล้ว เซลล์เม็ดเลือดขาวยังสามารถพบได้ในของเหลวต่าง ๆ ทั่วร่างกาย (Body Fluids) ที่ไม่ได้อยู่ในหลอดเลือด เช่น น้ำไขสันหลัง (Cerebrospinal Fluid) น้ำในช่องท้อง (Peritoneal Fluid) น้ำในช่องปอด (Pleural Fluid) หรือน้ำในข้อต่อ (Synovial Fluid) [4] การวิเคราะห์เซลล์เม็ดเลือดขาวในของเหลวเหล่านี้มีความสำคัญอย่างยิ่งในการบ่งชี้ถึงปัญหาที่เกิดขึ้นเฉพาะบริเวณนั้น ๆ โดยตรง เนื่องจากเซลล์เม็ดเลือดขาวจะเคลื่อนย้ายไปยังตำแหน่งที่มีการอักเสบ การติดเชื้อ หรือความผิดปกติเกิดขึ้น ดังนั้น การตรวจพบจำนวน และชนิดของเซลล์เม็ดเลือดขาวจากของเหลวในร่างกายที่ผิดปกติจากบริเวณที่นำมาตรวจจึงเป็นหลักฐานสำคัญที่ช่วยยืนยันการวินิจฉัยโรคเฉพาะที่ได้ทันที เช่น เยื่อหุ้มสมองอักเสบ (Meningitis) การจำแนกสาเหตุของน้ำในช่องเยื่อหุ้มปอด (Pleural Effusion) ว่าเกิดจากการอักเสบหรือมะเร็ง และ โรคข้ออักเสบติดเชื้อ (Septic Arthritis) [5] ซึ่งต้องอาศัยการนับและแยกชนิดเม็ดเลือดขาวในน้ำไขข้อเพื่อแยกออกจากโรคข้ออักเสบรูปแบบอื่น ข้อมูลเหล่านี้คือกุญแจสำคัญที่ช่วยให้แพทย์วางแผนการรักษาได้ตรงจุดและทันที

อย่างไรก็ตาม วิธีการตรวจวิเคราะห์เซลล์เม็ดเลือดขาวแบบดั้งเดิมที่อาศัยกล้องจุลทรรศน์ยังมีข้อจำกัดหลายประการ ทั้งในด้านเวลาที่ใช้และความแม่นยำที่อาจคลาดเคลื่อนได้ ในขณะที่เครื่องวิเคราะห์เม็ดเลือดอัตโนมัติ แม้จะช่วยให้กระบวนการรวดเร็วและแม่นยำขึ้น เช่น เครื่อง XN-series ที่สามารถนับและจำแนกชนิดเซลล์เม็ดเลือดขาวได้อย่างครอบคลุม รวมถึงการวิเคราะห์ของเหลวในร่างกายบางชนิดได้อย่างอัตโนมัติ [6] แต่มีต้นทุนการจัดหาและบำรุงรักษาที่สูงมาก ทำให้ยังไม่สามารถเข้าถึงได้อย่างแพร่หลายในทุกหน่วยบริการสุขภาพ ส่งผลให้เกิดความเหลื่อมล้ำในการเข้าถึงการตรวจวินิจฉัยที่มีประสิทธิภาพ ด้วยเหตุนี้ จึงเกิดแนวคิดในการนำปัญญาประดิษฐ์ (Artificial Intelligence: AI) มาประยุกต์ใช้เพื่อช่วยในการตรวจวิเคราะห์เซลล์เม็ดเลือดขาว ซึ่งจะเป็นทางเลือกที่คุ้มค่า เข้าถึงง่าย และช่วยเสริมศักยภาพให้กระบวนการตรวจวิเคราะห์มากยิ่งขึ้นในอนาคต

ประโยชน์ของการนำเว็บแอปพลิเคชันปัญญาประดิษฐ์มาใช้ในการตรวจวิเคราะห์เซลล์เม็ดเลือดขาวครอบคลุมทั้งด้านความรวดเร็ว ความแม่นยำ และประสิทธิภาพในการประมวลผลตัวอย่างจำนวนมาก โดยระบบสามารถจำแนกเซลล์เม็ดเลือดขาวจากของเหลวในร่างกายได้ 5 ชนิด ได้แก่ เบโซฟิล (Basophil), อีโอซิโนฟิล (Eosinophil), ลิมโฟไซต์ (Lymphocyte), โมโนไซต์ (Monocyte) และนิวโทรฟิล (Neutrophil) ซึ่งเซลล์แต่ละชนิดมีบทบาทสำคัญและแตกต่างกันในระบบภูมิคุ้มกัน [7] ทำให้การจำแนกที่ถูกต้องมีความจำเป็นอย่างยิ่งในวินิจฉัยโรคของผู้ป่วย การนำแอปพลิเคชันดังกล่าวมาใช้เป็นเครื่องมือสนับสนุนการตัดสินใจ (Clinical Decision Support) จึงช่วยลดภาระงานของนักเทคนิคการแพทย์และแพทย์ โดยเฉพาะในพื้นที่ที่ขาดแคลนทรัพยากร สถานพยาบาลในพื้นที่ทุรกันดารหรือโรงพยาบาลที่ไม่มีห้องปฏิบัติการที่ทันสมัย ช่วยให้บุคลากรสามารถประเมินลักษณะของเซลล์ได้แม้ในสภาวะจำกัด พร้อมทั้งสามารถจัดเก็บข้อมูลลงฐานข้อมูลเพื่อใช้ในการติดตามวิเคราะห์ซ้ำ หรือพัฒนาระบบวิเคราะห์เพิ่มเติมในอนาคต ด้วยเหตุนี้ การพัฒนาและส่งเสริมการใช้เว็บแอปพลิเคชันปัญญาประดิษฐ์ในการวิเคราะห์เซลล์เม็ดเลือดขาวจึงถือเป็นแนวทางที่สำคัญในการยกระดับคุณภาพบริการทางการแพทย์ เพิ่มความสะดวกและความแม่นยำในการทำงานของบุคลากร ตลอดจนก่อให้เกิดประโยชน์ต่อทั้งผู้ป่วยและระบบสาธารณสุขโดยรวม

1.2 วัตถุประสงค์

ในการพัฒนาเว็บแอปพลิเคชันปัญญาประดิษฐ์ (Time Cell) สำหรับช่วยในการตรวจจับและจำแนกชนิดของเซลล์เม็ดเลือดขาวที่พบจากของเหลวในร่างกาย มีวัตถุประสงค์ ดังนี้

1. เพื่อศึกษาและทำความเข้าใจเกี่ยวกับของเหลวในร่างกาย (Body Fluids) รวมถึงกระบวนการวิเคราะห์และจำแนกชนิดของเซลล์เม็ดเลือดขาวในการวินัจฉัย
2. เพื่อพัฒนาและทดสอบประสิทธิภาพโมเดลปัญญาประดิษฐ์ สำหรับการตรวจจับและจำแนกชนิดของเซลล์เม็ดเลือดขาวที่พบในของเหลวในร่างกายได้อย่างถูกต้องแม่นยำ
3. เพื่อออกแบบและพัฒนาเว็บแอปพลิเคชันสำหรับการใช้ปัญญาประดิษฐ์ในการวิเคราะห์ภาพถ่ายและวิดีโอแบบเรียลไทม์ของเซลล์เม็ดเลือดขาวที่พบจากของเหลวในร่างกาย

1.3 ขอบเขตของโครงงาน

1. ในการฝึกสอนและทดสอบประสิทธิภาพของโมเดลปัญญาประดิษฐ์ ใช้ชุดข้อมูลภาพถ่ายเซลล์ที่พบจากของเหลวในร่างกาย (Body Fluids) ซึ่งได้รับการรวบรวมจากโรงพยาบาลศรีนครินทร์ จังหวัดขอนแก่น
2. การจำแนกชนิดของเซลล์เม็ดเลือดขาวจากของเหลวในร่างกายครอบคลุมทั้งหมด 5 ชนิด ได้แก่ เบโซฟิล (Basophil), อีโอซิโนฟิล (Eosinophil), ลิมโฟไซต์ (Lymphocyte), โมโนไซต์ (Monocyte) และ นิวโทรฟิล (Neutrophil)
3. เว็บแอปพลิเคชันที่พัฒนาขึ้นถูกออกแบบในลักษณะที่สามารถปรับการแสดงผลให้เหมาะสมกับหน้าจอของอุปกรณ์ได้อัตโนมัติ (Responsive Web Application) รองรับการใช้งานผ่านเว็บเบราว์เซอร์ทั้งบนคอมพิวเตอร์และโทรศัพท์

1.4 ประโยชน์ของโครงงาน

1. เพื่อพัฒนาองค์ความรู้และวิธีการทางวิทยาการคอมพิวเตอร์ เพื่อวิเคราะห์ภาพถ่ายและวิดีโอแบบเรียลไทม์ของเซลล์เม็ดเลือดขาวที่พบในของเหลวในร่างกาย
2. เพื่อพัฒนาแอปพลิเคชันเพื่อเป็นแหล่งข้อมูลที่สำคัญที่สามารถใช้ในการศึกษาและทำความเข้าใจเกี่ยวกับชนิดของเซลล์เม็ดเลือดขาวที่พบในของเหลวในร่างกายสำหรับแพทย์ นักเทคนิคการแพทย์ และนักศึกษา
3. เพื่อเป็นเครื่องมือที่ช่วยสนับสนุนการตัดสินใจในการตรวจจับและจำแนกชนิดของเซลล์เม็ดเลือดขาวที่พบในของเหลวในร่างกายเบื้องต้น

1.5 ข้อจำกัดของโครงงาน

1. เว็บแอปพลิเคชันจำเป็นต้องมีการเชื่อมต่อเครือข่ายอินเทอร์เน็ตในระหว่างการใช้งานเพื่อการรับส่งข้อมูลและการประมวลผลผลลัพธ์
2. เว็บแอปพลิเคชันรองรับการจำแนกชนิดของเซลล์เม็ดเลือดขาวได้ 5 ชนิด ได้แก่ เบโซฟิล (Basophil), อีโอซิโนฟิล (Eosinophil), ลิมโฟไซต์ (Lymphocyte), โมโนไซต์ (Monocyte) และนิวโทรฟิล (Neutrophil)
3. ระบบที่พัฒนาขึ้นเป็นเพียงเครื่องมือช่วยคัดกรองเบื้องต้น (Screening Tool) เพื่อสนับสนุนการตัดสินใจเท่านั้น อย่างไรก็ตาม การวินิจฉัยขั้นสุดท้ายยังจำเป็นต้องผ่านการตรวจสอบโดยนักเทคนิคการแพทย์หรือแพทย์ผู้เชี่ยวชาญ

บทที่ 2
วรรณกรรมและงานวิจัยที่เกี่ยวข้อง

2.1 แนวคิดทฤษฎีที่เกี่ยวข้อง

2.1.1 การเรียนรู้เชิงลึก (Deep Learning)

การเรียนรู้เชิงลึก (Deep Learning) เป็นแขนงหนึ่งของปัญญาประดิษฐ์ (Artificial Intelligence) และการเรียนรู้ของเครื่อง (Machine Learning) ที่มุ่งพัฒนาระบบให้สามารถเรียนรู้รูปแบบของข้อมูลได้อย่างอัตโนมัติผ่านโครงสร้างเครือข่ายประสาทเทียมหลายชั้น (Multi-layer Neural Networks) โมเดลสามารถปรับค่าถ่วงน้ำหนัก (Weights) และค่าไบแอส (Biases) ผ่านกระบวนการย้อนแพร่กระจายข้อผิดพลาดเพื่อให้เกิดการเรียนรู้รูปแบบเชิงซ้อนจากข้อมูลขนาดใหญ่ ลักษณะสำคัญของ Deep Learning คือความสามารถในการเรียนรู้แบบลำดับชั้น (Hierarchical Feature Learning) ที่เริ่มตั้งแต่ลักษณะพื้นฐาน เช่น ขอบหรือสี ไปจนถึงลักษณะเชิงนามธรรมระดับสูงที่ซับซ้อน ซึ่งทำให้โมเดลสามารถประมวลผลข้อมูลภาพได้อย่างมีประสิทธิภาพและแม่นยำสูงในงานด้านคอมพิวเตอร์วิทัศน์ [8]

โครงข่ายประสาทแบบคอนโวลูชัน (Convolutional Neural Network: CNN) เป็นสถาปัตยกรรมสำคัญของ Deep Learning ที่ถูกออกแบบมาเฉพาะสำหรับข้อมูลในลักษณะตารางสองมิติ เช่น ภาพดิจิทัล โดยใช้ชั้นคอนโวลูชัน (Convolutional Layer) ในการเลื่อนตัวกรอง (Filter/Kernel) เพื่อสกัดคุณลักษณะ (Feature Maps) ที่สำคัญจากภาพ นอกจากนี้ ยังมีชั้นพูลลิง (Pooling Layer) ที่ทำหน้าที่ลดขนาดข้อมูลเพื่อลดภาระการคำนวณโดยยังคงข้อมูลสำคัญไว้ CNN จึงมีจุดเด่นในการเรียนรู้คุณลักษณะโดยไม่ต้องออกแบบด้วยมือ (Hand-crafted Features) ทำให้เป็นสถาปัตยกรรมมาตรฐานในการวิเคราะห์ภาพทางการแพทย์ รวมถึงการจำแนกและตรวจจับเซลล์เม็ดเลือด

ในปัจจุบัน การพัฒนาเทคโนโลยี Deep Learning มีความก้าวหน้าอย่างต่อเนื่องเพื่อเพิ่มขีดความสามารถในการวิเคราะห์ข้อมูลที่ซับซ้อน โดยมีการนำเสนอสถาปัตยกรรมรุ่นใหม่ที่มีประสิทธิภาพสูงขึ้น เช่น MobileNetV3 ซึ่งได้รับการออกแบบให้มีประสิทธิภาพสูงควบคู่กับการใช้ทรัพยากรที่เหมาะสม โดยอาศัยเทคนิคการค้นหาโครงสร้างเครือข่ายอัตโนมัติ (Neural Architecture Search: NAS) ร่วมกับการใช้โมดูล Squeeze-and-Excitation และฟังก์ชัน activation แบบ Hard-Swish เพื่อเพิ่มความสามารถในการเรียนรู้และลดภาระในการประมวลผล อีกทั้งยังมีแนวโน้มการผสานรวมสถาปัตยกรรม CNN เข้ากับ Vision Transformer (ViT) หรือการใช้กลไกความใส่ใจ (Attention Mechanisms) เข้ามาช่วยเสริมประสิทธิภาพ (Hybrid Architectures) เทคนิคเหล่านี้

ช่วยให้โมเดลสามารถเรียนรู้บริบทภาพรวม (Global Context) และความสัมพันธ์ระยะไกลภายในภาพได้ดียิ่งขึ้น นอกเหนือไปจากการเรียนรู้ลักษณะเฉพาะจุด ส่งผลให้ระบบการวินิจฉัยภาพทางการแพทย์มีความแม่นยำสูงขึ้นและมีความทนทานต่อความแปรปรวนของข้อมูลมากยิ่งขึ้น [9]

2.1.2 การประมวลผลภาพ (Image Processing)

การประมวลผลภาพ (Image Processing) เป็นกระบวนการปรับปรุงหรือเปลี่ยนแปลงข้อมูลภาพเพื่อให้เหมาะสมต่อการนำไปประมวลผลขั้นต่อไป ทั้งนี้รวมถึงเทคนิคการเพิ่มความคมชัด การปรับความสว่าง การลด noise หรือการแปลงสีเพื่อให้ภาพมีคุณสมบัติที่สอดคล้องกับความต้องการของโมเดล ตัวอย่างเทคนิคที่ใช้บ่อย เช่น Histogram Equalization เพื่อเพิ่มความแตกต่างของค่าสี (contrast) Gaussian Filter เพื่อลดสัญญาณรบกวน และการปรับค่าสี (color normalization) เพื่อให้ข้อมูลมีความสอดคล้องกันระหว่างตัวอย่าง

นอกจากนี้ ยังมีเทคนิคการประมวลผลภาพอื่น ๆ ที่ถูกนำมาใช้ในงานวิเคราะห์ภาพทางการแพทย์อย่างแพร่หลาย เช่น Contrast Limited Adaptive Histogram Equalization (CLAHE) ซึ่งช่วยเพิ่มความคมชัดเฉพาะบริเวณโดยไม่ทำให้เกิดการขยายสัญญาณรบกวนมากเกินไป เหมาะสำหรับภาพเซลล์หรือภาพจากกล้องจุลทรรศน์ที่มีความแตกต่างของแสงไม่สม่ำเสมอ รวมถึง Median Filter ที่ช่วยลดสัญญาณรบกวนประเภท Salt-and-Pepper Noise โดยยังคงรักษาขอบของวัตถุไว้ได้ดี ทำให้รายละเอียดของเซลล์ไม่สูญหายระหว่างกระบวนการประมวลผล

เทคนิคการเพิ่มปริมาณข้อมูล (Data Augmentation) ยังมีความสำคัญต่อการแก้ปัญหาที่พบได้บ่อยในงานด้านการแพทย์ เช่น ชุดข้อมูลไม่สมดุล (Imbalanced Dataset) หรือมีจำนวนภาพจำกัด วิธีนี้ช่วยสร้างตัวอย่างภาพใหม่โดยการหมุน พลิก ซูม หรือปรับความสว่างของภาพเพื่อเพิ่มความหลากหลายของข้อมูลฝึกสอน (Training Dataset) ช่วยลดโอกาสเกิดการเรียนรู้เกิน (Overfitting) และเพิ่มความสามารถในการ generalize ของโมเดลเมื่อนำไปใช้งานกับข้อมูลจริง [10] ตัวอย่างเช่น เซลล์เบโซฟิล (Basophil) และอีโอซิโนฟิล (Eosinophil) ซึ่งเป็นเซลล์ที่พบได้ค่อนข้างน้อยในของเหลวในร่างกาย มักมีจำนวนข้อมูลน้อยกว่าเซลล์ชนิดอื่น ทำให้โมเดลมีโอกาสเรียนรู้ลักษณะของเซลล์เหล่านี้ได้ไม่เพียงพอ การประยุกต์ใช้ Data Augmentation จึงช่วยเพิ่มจำนวนตัวอย่างของเซลล์ดังกล่าวให้มีความหลากหลายมากขึ้น ส่งผลให้โมเดลสามารถเรียนรู้ลักษณะเฉพาะของเซลล์หายากได้ดีขึ้น และช่วยลดปัญหาความลำเอียงของโมเดลต่อคลาสที่มีข้อมูลจำนวนมากกว่า

2.1.3 การตรวจจับวัตถุ (Object Detection)

การตรวจจับวัตถุ (Object Detection) เป็นเทคนิคสำคัญของคอมพิวเตอร์วิทัศน์ที่ใช้สำหรับระบุชนิด (Classification) และระบุตำแหน่ง (Localization) ของวัตถุภายในภาพเดียวกัน โดยผลลัพธ์มักประกอบด้วยกรอบสี่เหลี่ยมล้อมรอบวัตถุ (Bounding Box) ป้ายกำกับชนิดวัตถุ (Class

Label) และค่าความเชื่อมั่น (Confidence Score) จึงมีความท้าทายมากกว่าการจำแนกภาพแบบทั่วไป เนื่องจากต้องตรวจจับวัตถุหลายชนิดและหลายตำแหน่งภายในเฟรมเดียว ทำให้เทคนิคนี้เหมาะอย่างยิ่งในงานวิเคราะห์ภาพทางการแพทย์ที่ต้องตรวจจับเซลล์หลายชนิดพร้อมกัน [11]

YOLO (You Only Look Once) เป็นอัลกอริทึมสำหรับการตรวจจับวัตถุที่ได้รับความนิยมอย่างสูง เนื่องจากออกแบบให้ประมวลผลภาพเพียงครั้งเดียว (Single Forward Pass) แล้วทำนาย Bounding Box และ Class Label พร้อมกันทั้งภาพ ถือเป็นโมเดลประเภท Single-stage Detector ที่ให้ความเร็วสูงกว่าแบบ Two-stage เช่น R-CNN หรือ Faster R-CNN ด้วยหลักการแบ่งภาพออกเป็นช่องตารางและทำนายพิกัดกรอบและคลาสของวัตถุในแต่ละช่อง YOLO จึงสามารถตรวจจับวัตถุได้อย่างรวดเร็วและมีความแม่นยำเหมาะสม แม้ในสภาพการใช้งานจริงที่ต้องการผลลัพธ์แบบเรียลไทม์ เช่น ระบบวิเคราะห์ภาพเซลล์บนเว็บเบราว์เซอร์

วิวัฒนาการของ YOLO เริ่มต้นจาก YOLOv1 ถึง YOLOv3 ที่วางรากฐานการตรวจจับแบบ End-to-end และ Anchor Boxes ต่อมาในรุ่น YOLOv4 จนถึง YOLO-NAS ได้มุ่งเน้นการปรับปรุงสถาปัตยกรรมและการค้นหาโครงข่ายอัตโนมัติเพื่อให้ทำงานได้ดีบนฮาร์ดแวร์ที่หลากหลาย นอกจากนี้ YOLO11 ยังได้รับการพัฒนาให้มีประสิทธิภาพสูงขึ้นทั้งด้านความแม่นยำและความเร็วในการประมวลผล โดยเฉพาะรุ่น YOLO11m ซึ่งเป็นโมเดลขนาดกลาง (Medium Model) ที่สร้างสมดุลระหว่างความแม่นยำและการใช้ทรัพยากรคอมพิวเตอร์ เหมาะสำหรับงานตรวจจับวัตถุที่ต้องการประสิทธิภาพสูงและรองรับการประมวลผลแบบเรียลไทม์ อีกทั้งยังสามารถนำไปประยุกต์ใช้กับงานวิเคราะห์ภาพทางการแพทย์ได้อย่างมีประสิทธิภาพ เนื่องจากสามารถตรวจจับวัตถุขนาดเล็กและหลายชนิดภายในภาพเดียวกันได้ดี

สำหรับเวอร์ชันล่าสุด YOLO12 ได้นำสถาปัตยกรรมแบบ Attention-centric มาประยุกต์ใช้เพื่อยกระดับความแม่นยำในการตรวจจับและแบ่งส่วนวัตถุ (Instance Segmentation) พร้อมลดภาระการคำนวณ ทำให้รองรับการใช้งานแบบเรียลไทม์บนอุปกรณ์ทุกระดับได้อย่างมีประสิทธิภาพสูงสุด [12]

2.1.4 การจำแนกภาพ (Image Classification)

การจำแนกภาพ (Image Classification) เป็นเทคนิคพื้นฐานของคอมพิวเตอร์วิทัศน์ที่ใช้สำหรับวิเคราะห์และระบุชนิดของวัตถุภายในภาพ โดยโมเดลจะรับภาพเข้าไปเพียงหนึ่งภาพและทำนายผลลัพธ์เป็นป้ายกำกับ (Class Label) ที่แสดงถึงชนิดของวัตถุหรือกลุ่มข้อมูลที่ภาพนั้นอยู่ เช่น การจำแนกชนิดของเซลล์ เม็ดเลือด หรือวัตถุทั่วไปในภาพดิจิทัล การทำงานของเทคนิคนี้มุ่งเน้นไปที่การเรียนรู้ลักษณะเด่น (Features) ของภาพ เช่น สี รูปร่าง พื้นผิว และโครงสร้าง เพื่อใช้ในการแยกแยะความแตกต่างระหว่างคลาสต่าง ๆ จึงถือเป็นพื้นฐานสำคัญของงานวิเคราะห์ภาพทางการแพทย์และระบบปัญญาประดิษฐ์ด้านภาพ

ในอดีต การจำแนกภาพอาศัยเทคนิคการสกัดคุณลักษณะด้วยวิธีดั้งเดิม (Traditional Feature Extraction) เช่น SIFT และ HOG ร่วมกับอัลกอริทึม Machine Learning แต่เมื่อเทคโนโลยี Deep Learning ได้รับการพัฒนา โครงข่ายประสาทเทียมแบบคอนโวลูชัน (Convolutional Neural Network: CNN) ได้เข้ามามีบทบาทสำคัญในการเพิ่มประสิทธิภาพการจำแนกภาพอย่างมาก โดย CNN สามารถเรียนรู้คุณลักษณะของภาพได้อัตโนมัติจากข้อมูลจำนวนมาก ทำให้มีความแม่นยำสูงและลดข้อจำกัดของการออกแบบคุณลักษณะด้วยมนุษย์

ปัจจุบัน มีสถาปัตยกรรมสำหรับงาน Image Classification ที่ได้รับความนิยมหลายรูปแบบ เช่น AlexNet, VGGNet, ResNet และ MobileNet ซึ่งแต่ละโมเดลได้รับการพัฒนาเพื่อเพิ่มความแม่นยำและลดภาระในการประมวลผล สำหรับงานที่ต้องการความรวดเร็วและรองรับการทำงานบนอุปกรณ์ที่มีทรัพยากรจำกัด MobileNet ถือเป็นโมเดลที่ได้รับความนิยมอย่างมาก เนื่องจากออกแบบให้มีขนาดเล็กและใช้พลังในการประมวลผลต่ำ โดยใช้เทคนิค Depthwise Separable Convolution เพื่อลดจำนวนพารามิเตอร์และลดภาระการคำนวณ ส่งผลให้สามารถประมวลผลภาพได้อย่างรวดเร็ว เหมาะสำหรับการใช้งานแบบเรียลไทม์ เช่น ระบบวิเคราะห์ภาพเซลล์ผ่านเว็บแอปพลิเคชันหรืออุปกรณ์พกพา

2.1.5 ภาษาและเครื่องมือที่ใช้พัฒนา

การพัฒนาระบบเว็บแอปพลิเคชันสำหรับวิเคราะห์ภาพเซลล์จำเป็นต้องเลือกเทคโนโลยีที่รองรับทั้งงานประมวลผลภาพและการโต้ตอบแบบเรียลไทม์อย่างมีประสิทธิภาพ โดยชุดเทคโนโลยีหลักที่เลือกใช้ประกอบด้วยภาษาโปรแกรมมิ่ง JavaScript, ไลบรารี React, สภาพแวดล้อมการทำงาน Node.js, เฟรมเวิร์ก Express.js, เฟรมเวิร์ก FastAPI และระบบฐานข้อมูล MySQL ซึ่งสามารถทำงานร่วมกันได้อย่างสอดคล้องและมีประสิทธิภาพ

ภาษาโปรแกรมมิ่ง JavaScript เป็นภาษาพื้นฐานในการพัฒนาเว็บแอปพลิเคชันที่รองรับการทำงานทั้งฝั่งผู้ใช้ (Client-side) และฝั่งเซิร์ฟเวอร์ (Server-side) มีระบบนิเวศของไลบรารีจำนวนมากและยืดหยุ่นสูง เหมาะสมต่อการพัฒนาระบบที่ซับซ้อนและต้องเชื่อมโยงหลายองค์ประกอบ [13]

ไลบรารี React ถูกนำมาใช้สำหรับการพัฒนาเว็บแอปพลิเคชันในส่วนติดต่อผู้ใช้ (frontend) โดยเป็นเครื่องมือที่รองรับสถาปัตยกรรมแบบ component-based ซึ่งช่วยให้การออกแบบและจัดการองค์ประกอบของหน้าเว็บมีความเป็นระบบและสามารถบำรุงรักษาได้ง่ายขึ้น นอกจากนี้ React ยังมีประสิทธิภาพในการจัดการสถานะของข้อมูล (state management) และการเรนเดอร์แบบเฉพาะส่วน (efficient rendering) ทำให้เหมาะสำหรับแอปพลิเคชันที่ต้องอาศัยการอัป

เดตข้อมูลแบบต่อเนื่อง เช่น การแสดงผลผลลัพธ์การตรวจจับวัตถุจากโมเดลแบบเรียลไทม์ที่ต้องประมวลผลและแสดงผลทันที [14]

สภาพแวดล้อมการทำงาน Node.js จะถูกนำมาใช้ในส่วนของฝั่งเซิร์ฟเวอร์ (backend) ซึ่งเป็น JavaScript runtime ที่ทำงานนอกเว็บเบราว์เซอร์ โดยรองรับรูปแบบการประมวลผลแบบ asynchronous และ non-blocking I/O ทำให้สามารถจัดการคำขอจำนวนมากได้อย่างมีประสิทธิภาพ Node.js จึงเหมาะสมอย่างยิ่งสำหรับระบบที่ต้องสื่อสารกับโมเดล Deep Learning เพื่อรับ–ส่งข้อมูลภาพ ประมวลผลผลลัพธ์ และส่งข้อมูลกลับไปยังผู้ใช้ภายในเวลาอันรวดเร็ว ทั้งยังช่วยให้การเชื่อมต่อระหว่าง frontend และ backend เป็นไปอย่างราบรื่นบนภาษาเดียวกันคือ JavaScript ซึ่งลดความซับซ้อนของโครงสร้างระบบโดยรวมลงอย่างมีนัยสำคัญ [15]

เฟรมเวิร์ก Express.js ถูกนำมาใช้ร่วมกับ Node.js สำหรับพัฒนาเว็บเซิร์ฟเวอร์และ RESTful API ของระบบ โดย Express.js เป็นเฟรมเวิร์กที่มีขนาดเล็ก ใช้งานง่าย และมีความยืดหยุ่นสูง ช่วยลดความซับซ้อนในการจัดการเส้นทางการทำงาน (routing) การรับ–ส่งข้อมูลผ่าน HTTP และการเชื่อมต่อกับฐานข้อมูล ทำให้สามารถพัฒนา backend ได้อย่างรวดเร็วและเป็นระบบ นอกจากนี้ Express.js ยังรองรับ middleware จำนวนมาก ซึ่งช่วยเพิ่มความสามารถด้านความปลอดภัย การจัดการสิทธิ์ผู้ใช้ และการประมวลผลข้อมูลต่าง ๆ ได้อย่างมีประสิทธิภาพ [16]

เฟรมเวิร์ก FastAPI ถูกนำมาใช้สำหรับพัฒนาระบบบริการโมเดลปัญญาประดิษฐ์ (AI Service) และเชื่อมต่อกับโมเดล Deep Learning สำหรับวิเคราะห์ภาพเซลล์ โดย FastAPI เป็นเฟรมเวิร์กสำหรับภาษา Python ที่ออกแบบมาเพื่อการสร้าง API ที่มีประสิทธิภาพสูง รองรับการทำงานแบบ asynchronous และสามารถประมวลผลข้อมูลได้รวดเร็ว เหมาะสำหรับงานที่ต้องสื่อสารกับโมเดล Machine Learning และ Deep Learning นอกจากนี้ FastAPI ยังรองรับการสร้างเอกสาร API อัตโนมัติและตรวจสอบชนิดข้อมูล (data validation) ได้อย่างมีประสิทธิภาพ ทำให้การพัฒนาและทดสอบระบบมีความสะดวกและลดข้อผิดพลาดในการรับ–ส่งข้อมูลระหว่างระบบ

ระบบฐานข้อมูล MySQL ถูกนำมาใช้สำหรับจัดเก็บข้อมูลที่เกี่ยวข้องกับผู้ใช้ ระบบภาพ ตัวอย่างข้อมูลเซลล์ และผลการประมวลผลจากโมเดลวิเคราะห์ภาพ โดย MySQL เป็นระบบจัดการฐานข้อมูลเชิงสัมพันธ์ (Relational Database Management System: RDBMS) ที่ได้รับความนิยมสูง เนื่องจากมีความเสถียร ใช้งานง่าย และรองรับโครงสร้างข้อมูลที่มีความสัมพันธ์ซับซ้อนระหว่างตารางได้อย่างมีประสิทธิภาพ นอกจากนี้ MySQL ยังเป็นซอฟต์แวร์แบบโอเพนซอร์สที่ ไม่มีค่าใช้จ่าย ทำให้เหมาะสมสำหรับการพัฒนาแอปพลิเคชันที่ต้องการควบคุมงบประมาณโดยไม่ลดคุณภาพของระบบ ด้วยความสามารถในการจัดการข้อมูลปริมาณมาก การทำงานร่วมกับคำสั่ง SQL มาตรฐาน และ

การเชื่อมต่อเข้ากับ Node.js ผ่านไลบรารีต่าง ๆ เช่น mysql2 หรือ Sequelize ทำให้ MySQL สามารถสื่อสารกับ backend ได้อย่างราบรื่น ช่วยให้ระบบสามารถจัดเก็บ ดึงข้อมูล และอัปเดตผลการประมวลผลได้อย่างรวดเร็วและเป็นระบบ [16]

2.1.6 การวัดประสิทธิภาพโมเดล (Evaluation Metrics)

การประเมินประสิทธิภาพของโมเดลตรวจจับวัตถุ (Object Detection) แบบ YOLO เป็นขั้นตอนสำคัญในการตรวจสอบความถูกต้องและความน่าเชื่อถือของระบบก่อนนำไปใช้งานจริง โดยใช้ตัวชี้วัดมาตรฐานที่สะท้อนทั้งความสามารถในการระบุวัตถุและความแม่นยำของการจัดตำแหน่งกรอบตรวจจับ (Bounding Box) ได้แก่ Confusion Matrix, Precision, Recall, F1-Score และค่า Mean Average Precision (mAP)

Confusion Matrix ใช้ตรวจสอบจำนวนกรณีที่โมเดลทำนายถูกหรือผิด โดย False Positive, False Negative, True Positive และ True Negative ช่วยให้สามารถวิเคราะห์ข้อผิดพลาดของโมเดลได้ละเอียดขึ้น ส่วนค่า Precision และ Recall เป็นตัวชี้วัดหลักที่สะท้อนคุณภาพของการตรวจจับ โดย Precision แสดงความแม่นยำของการทำนายว่าเป็นเซลล์จริง ขณะที่ Recall สะท้อนความสามารถของโมเดลในการตรวจพบเซลล์ทั้งหมดที่ปรากฏในภาพ การใช้ F1-Score ซึ่งเป็นค่าเฉลี่ยเชิงฮาร์มอนิกของ Precision และ Recall ช่วยประเมินความสมดุลระหว่างทั้งสองด้านได้อย่างมีประสิทธิภาพ

สำหรับงานตรวจจับวัตถุ (Object Detection) ค่า Mean Average Precision (mAP) โดยเฉพาะ mAP@50 และ mAP@50–95 เป็นตัวชี้วัดสำคัญในการประเมินคุณภาพการวาดกรอบตรวจจับแบบเชิงพื้นที่ โดยวัดความแม่นยำเมื่อเปรียบเทียบกับตำแหน่งจริงของวัตถุภายใต้เกณฑ์ IoU (Intersection over Union) หลายระดับ ค่า mAP ที่สูงขึ้นบ่งชี้ว่าระบบมีความสามารถในการตรวจจับเซลล์ได้อย่างแม่นยำทั้งในด้านตำแหน่งและการจำแนกชนิด ส่งผลให้โมเดลมีความเหมาะสมต่อการนำไปใช้งานในระบบวิเคราะห์ภาพเซลล์ทางการแพทย์อย่างมีประสิทธิภาพ [17]

การประเมินประสิทธิภาพของโมเดลจำแนกภาพ (Image Classification) เป็นกระบวนการสำคัญในการตรวจสอบความสามารถของโมเดลในการจำแนกชนิดของภาพได้อย่างถูกต้องและมีความน่าเชื่อถือ โดยใช้ตัวชี้วัดมาตรฐานที่นิยมใช้ในงานด้านการเรียนรู้เชิงลึก ได้แก่ Accuracy, Precision, Recall, F1-Score และ Confusion Matrix เพื่อวิเคราะห์ประสิทธิภาพของโมเดลในแต่ละด้านอย่างครอบคลุม

ค่า Accuracy เป็นตัวชี้วัดพื้นฐานที่ใช้วัดสัดส่วนของจำนวนภาพที่โมเดลสามารถจำแนกได้ถูกต้องเมื่อเทียบกับจำนวนภาพทั้งหมด หากค่า Accuracy สูง แสดงว่าโมเดลมีความสามารถในการจำแนกข้อมูลได้อย่างแม่นยำโดยรวม อย่างไรก็ตาม ในกรณีที่ชุดข้อมูลมีความไม่สมดุลระหว่าง

จำนวนข้อมูลในแต่ละคลาส การพิจารณาเฉพาะค่า Accuracy อาจไม่เพียงพอ จึงจำเป็นต้องใช้ตัวชี้วัดอื่นร่วมด้วย

ค่า Precision ใช้ประเมินความแม่นยำของการทำนายผลในแต่ละคลาส โดยแสดงสัดส่วนของข้อมูลที่โมเดลทำนายถูกต้องจากจำนวนทั้งหมดที่โมเดลทำนายว่าเป็นคลาสนั้น ขณะที่ Recall ใช้วัดความสามารถของโมเดลในการตรวจจับข้อมูลจริงของแต่ละคลาสได้ครบถ้วน หากค่า Recall สูง แสดงว่าโมเดลสามารถค้นพบข้อมูลของคลาสนั้นได้ครอบคลุมมากขึ้น นอกจากนี้ ค่า F1-Score ซึ่งเป็นค่าเฉลี่ยเชิงฮาร์มอนิกของ Precision และ Recall ถูกนำมาใช้เพื่อประเมินสมดุลระหว่างความแม่นยำและความครอบคลุมของโมเดล โดยเฉพาะในกรณีที่ข้อมูลมีความไม่สมดุลระหว่างคลาส

นอกจากนี้ ยังมีการใช้ Confusion Matrix เพื่อวิเคราะห์รูปแบบความผิดพลาดของโมเดลในการจำแนกชนิดของภาพ โดยแสดงจำนวนข้อมูลที่จำแนกถูกต้องและจำแนกผิดในแต่ละคลาสอย่างชัดเจน ทำให้สามารถตรวจสอบได้ว่าโมเดลมีแนวโน้มสับสนระหว่างชนิดของเซลล์ใดบ้าง ซึ่งช่วยในการวิเคราะห์จุดอ่อนของโมเดลและนำไปสู่การปรับปรุงประสิทธิภาพของระบบได้อย่างเหมาะสม การประเมินผลด้วยตัวชี้วัดดังกล่าวช่วยให้สามารถวิเคราะห์ประสิทธิภาพของโมเดล Image Classification ได้อย่างครอบคลุม และเหมาะสมต่อการนำไปประยุกต์ใช้ในระบบวิเคราะห์ภาพเซลล์ทางการแพทย์ต่อไป

2.2 งานวิจัยที่เกี่ยวข้อง

2.2.1 การวิเคราะห์เซลล์เม็ดเลือดขาวจากของเหลวในร่างกาย

เซลล์เม็ดเลือดขาว หรือ ลิวโคไซต์ (Leukocytes) เป็นองค์ประกอบพื้นฐานที่มีบทบาทสำคัญยิ่งในระบบภูมิคุ้มกันของร่างกาย ทำหน้าที่เสมือนปราการด่านหน้าในการป้องกันและกำจัดสิ่งแปลกปลอม อาทิ เชื้อแบคทีเรีย ไวรัส และเชื้อรา เพื่อรักษาสภาวะสมดุล (Homeostasis) ของร่างกาย ความผิดปกติของจำนวนหรือสัณฐานวิทยาของเซลล์เม็ดเลือดขาวมักเป็นดัชนีชี้วัดถึงภาวะการติดเชื้อ การอักเสบ หรือความบกพร่องของระบบภูมิคุ้มกัน โดยทั่วไปสามารถจำแนกเซลล์เม็ดเลือดขาวออกเป็น 5 ชนิด ซึ่งแต่ละชนิดมีบทบาททางสรีรวิทยาที่แตกต่างกัน ดังนี้

1. เบโซฟิล (Basophil) พบน้อยที่สุด (ประมาณ 0.5 - 1%) มีบทบาทสำคัญในการตอบสนองต่อภาวะภูมิแพ้และการอักเสบ โดยการหลั่งสารฮิสตามีน (Histamine) และสารต้านการแข็งตัวของเลือด
2. อีโอซิโนฟิล (Eosinophil) พบประมาณ 1 - 4% ทำหน้าที่หลักในการต่อต้านการติดเชื้อปรสิตและพยาธิ รวมถึงมีบทบาทสำคัญในการตอบสนองต่อปฏิกิริยาภูมิแพ้และโรคหอบหืด

3. ลิมโฟไซต์ (Lymphocyte) พบประมาณ 20 - 40% เป็นกลไกหลักของระบบภูมิคุ้มกันแบบจำเพาะเจาะจง ทำหน้าที่สร้างแอนติบอดี ต่อต้านเชื้อไวรัส และกำจัดเซลล์ที่ผิดปกติ เช่น เซลล์มะเร็ง
4. โมโนไซต์ (Monocyte) พบประมาณ 2 - 8% เป็นเซลล์ที่มีขนาดใหญ่ที่สุด สามารถเคลื่อนที่ออกจากหลอดเลือดและพัฒนาเป็นแมคโครฟาจ (Macrophage) เพื่อทำลายเชื้อโรคและกำจัดเศษซากเซลล์ที่ตายแล้ว
5. นิวโทรฟิล (Neutrophil) พบมากที่สุดในร่างกาย (ประมาณ 40 - 60%) ทำหน้าที่เป็นด่านแรกในการเข้าทำลายเชื้อแบคทีเรียและเชื้อราอย่างเฉียบพลันด้วยกระบวนการฟาโกไซโทซิส (Phagocytosis)

ของเหลวในร่างกาย (Body Fluids) ในบริบทของการตรวจวิเคราะห์ทางห้องปฏิบัติการ หมายถึงสารน้ำที่อยู่ภายในหรือระหว่างเนื้อเยื่อและช่องว่างต่าง ๆ ของร่างกายนอกเหนือจากเลือด ได้แก่ น้ำไขสันหลัง (Cerebrospinal Fluid), น้ำในช่องเยื่อหุ้มปอด (Pleural Fluid), น้ำในช่องท้อง (Peritoneal Fluid) และน้ำไขข้อ (Synovial Fluid) การตรวจวิเคราะห์สารน้ำเหล่านี้มีความสำคัญยิ่งต่อการวินิจฉัยโรคเฉพาะจุดที่การตรวจเลือดปกติไม่สามารถสะท้อนพยาธิสภาพได้ เช่น การตรวจน้ำไขสันหลังเพื่อยืนยันโรคเยื่อหุ้มสมองอักเสบ หรือการตรวจน้ำในช่องเยื่อหุ้มปอดเพื่อแยกแยะสาเหตุจากการติดเชื้อวัณโรคหรือมะเร็ง

อย่างไรก็ตาม การวิเคราะห์เซลล์ในของเหลวในร่างกายมีความซับซ้อนกว่าในกระแสเลือด (Peripheral Blood) อย่างมาก เนื่องจากปัจจัยท้าทายหลายประการ ได้แก่ 1) ปริมาณเซลล์ที่พบมักมีจำนวนน้อย (Low Cellularity) 2) การปนเปื้อนของเซลล์ชนิดอื่น เช่น เซลล์เยื่อบุ (Epithelial Cells) หรือเซลล์มะเร็ง และ 3) ความเสื่อมสภาพของเซลล์ (Cellular Degradation) ที่เกิดขึ้นอย่างรวดเร็วหลังการเก็บตัวอย่าง ส่งผลให้ลักษณะสัณฐานวิทยาของเซลล์เปลี่ยนแปลงไป ทำให้ยากต่อการจำแนก

2.2.2 เทคโนโลยีการตรวจวิเคราะห์เซลล์เม็ดเลือดขาวอัตโนมัติ

การตรวจนับแยกชนิดเซลล์เม็ดเลือดขาว (Differential WBC Count) อาศัยวิธีการตรวจด้วยกล้องจุลทรรศน์ (Manual Microscopic Examination) โดยนักเทคนิคการแพทย์หรือพยาธิแพทย์ (Pathologist) ซึ่งถือเป็นวิธีมาตรฐานในการวินิจฉัย อย่างไรก็ตาม วิธีการนี้มีข้อจำกัดสำคัญหลายประการ ได้แก่ ต้องใช้ระยะเวลาในการตรวจนาน (Time-consuming) ซึ่งไม่สอดคล้องกับสถานการณ์เร่งด่วน อีกทั้งความถูกต้องแม่นยำยังขึ้นอยู่กับความชำนาญและประสบการณ์ของผู้ตรวจ รวมถึงปัจจัยด้านความเหนื่อยล้าจากการทำงานติดต่อกันเป็นเวลานาน ซึ่งอาจส่งผลให้เกิดความคลาดเคลื่อนจากผู้ปฏิบัติงาน (Human Error) และความไม่สม่ำเสมอของผลการตรวจได้

ข้อจำกัดดังกล่าวส่งผลกระทบอย่างมีนัยสำคัญในบริบทของระบบสาธารณสุขไทย โดยเฉพาะในโรงพยาบาลชุมชนหรือสถานพยาบาลในพื้นที่ห่างไกล ซึ่งมักเผชิญกับปัญหาการขาดแคลนบุคลากรทางการแพทย์และนักเทคนิคการแพทย์ [19] ข้อมูลจากกระทรวงสาธารณสุขชี้ให้เห็นถึงความเหลื่อมล้ำในการกระจายตัวของบุคลากรและทรัพยากร ซึ่งทำให้ภาระงานในพื้นที่เหล่านี้สูงเกินกำลัง ส่งผลให้การตรวจวิเคราะห์ด้วยวิธีดั้งเดิมไม่สามารถตอบสนองต่อความต้องการในการวินิจฉัยโรคได้อย่างทันท่วงที และอาจนำไปสู่ความล่าช้าในการรักษาผู้ป่วย

ในปัจจุบัน จึงมีการพัฒนาเทคโนโลยีเครื่องวิเคราะห์เซลล์เม็ดเลือดอัตโนมัติ (Automated Hematology Analyzer) ที่มีความประสิทธิภาพสูงขึ้น ตัวอย่างเช่น เครื่องวิเคราะห์รุ่น XN-Series ซึ่งเป็นเทคโนโลยีชั้นนำที่ใช้หลักการ Flow Cytometry ร่วมกับสารเรืองแสง (Fluorescence Flow Cytometry) [20] เครื่องมือนี้มีความสามารถในการนับและแยกชนิดเซลล์เม็ดเลือดขาวได้อย่างรวดเร็ว แม่นยำ และรองรับปริมาณงานได้มาก อีกทั้งยังมีโหมดพิเศษสำหรับการวิเคราะห์เซลล์ในของเหลวจากร่างกายโดยเฉพาะ อย่างไรก็ตาม แม้เทคโนโลยีนี้จะมีประสิทธิภาพสูง แต่มีข้อจำกัดสำคัญด้านต้นทุน เนื่องจากตัวเครื่องมีราคาสูงมาก รวมถึงมีค่าใช้จ่ายสิ้นเปลืองด้านน้ำยาและค่าบำรุงรักษาที่สูงต่อเนื่อง ทำให้โรงพยาบาลขนาดเล็กหรือหน่วยบริการปฐมภูมิไม่สามารถจัดหามาใช้งานได้ทั่วถึง จึงเกิดช่องว่างในการเข้าถึงเทคโนโลยีวินิจฉัยที่มีประสิทธิภาพระหว่างโรงพยาบาลศูนย์และโรงพยาบาลในพื้นที่ห่างไกล

2.2.3 ระบบปัญญาประดิษฐ์ในการจำแนกเซลล์เม็ดเลือดขาว

การประยุกต์ใช้เทคโนโลยีการเรียนรู้เชิงลึก (Deep Learning) โดยเฉพาะโครงข่ายประสาทเทียมแบบคอนโวลูชัน (Convolutional Neural Networks: CNNs) ได้เข้ามามีบทบาทสำคัญในการวิเคราะห์ภาพทางการแพทย์ งานวิจัยส่วนใหญ่ที่ผ่านมามุ่งเน้นไปที่การจำแนกเซลล์เม็ดเลือดขาวจากเลือดเป็นหลัก ซึ่งประสบความสำเร็จอย่างมากในระดับสากล โดยหลายงานวิจัยสามารถพัฒนาโมเดลที่ให้ค่าความแม่นยำ (Accuracy) สูงกว่าร้อยละ 95 ถึง 99 ทั้งในการตรวจจับตำแหน่งและการจำแนกชนิดเซลล์ [21] เนื่องจากลักษณะทางสัณฐานวิทยาของเซลล์ในกระแสเลือดมีความสมบูรณ์ ชัดเจน และมีฐานข้อมูลภาพขนาดใหญ่รองรับจำนวนมาก ทำให้เทคโนโลยีในส่วนนี้มีความพร้อมและเริ่มมีการนำไปประยุกต์ใช้จริง

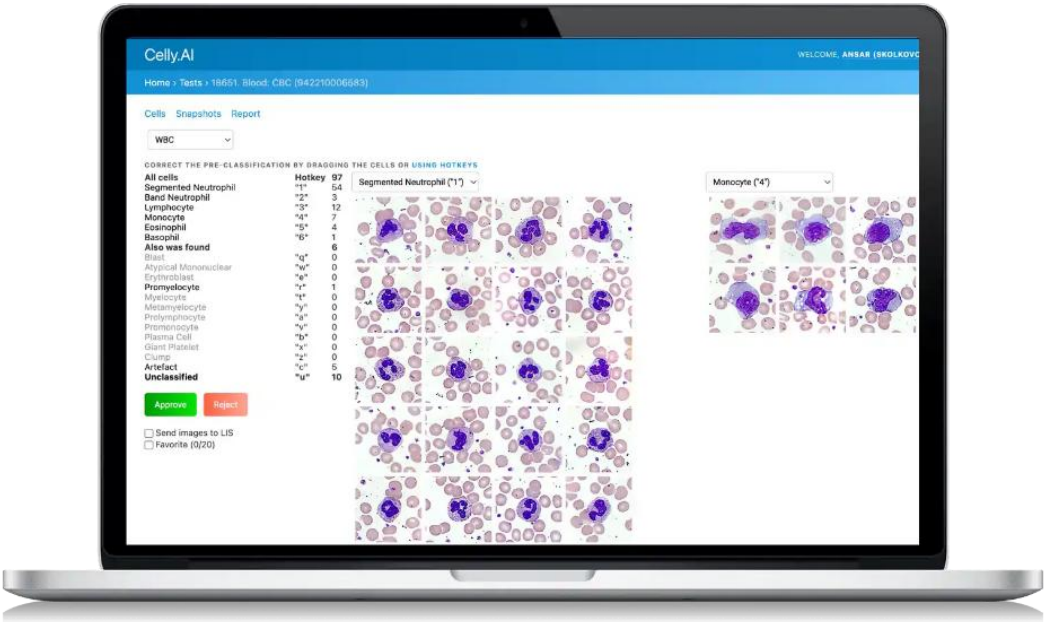
อย่างไรก็ตาม การประยุกต์ใช้ปัญญาประดิษฐ์เพื่อจำแนกเซลล์เม็ดเลือดขาวจากของเหลวในร่างกาย (Body Fluids) กลับยังคงเป็นประเด็นท้าทายและมีการศึกษาวิจัยอยู่อย่างจำกัด (Limited Literature) งานวิจัยที่เกี่ยวข้องกับของเหลวในร่างกายยังมีจำนวนน้อยมากเมื่อเทียบกับงานวิจัยในเลือด และผลลัพธ์ประสิทธิภาพของโมเดลที่ได้ยังอยู่ในระดับที่ไม่สูงมากนัก เนื่องจากความซับซ้อนของสิ่งส่งตรวจ โดยเซลล์เม็ดเลือดขาวที่พบในของเหลวจากร่างกายมักมีการเปลี่ยนแปลง

รูปร่าง (Morphological changes) การเสื่อมสภาพ หรือการปะปนของเซลล์เยื่อบุและเศษตะกอนต่าง ๆ ทำให้ยากต่อการจำแนกด้วยโมเดลทั่วไป ปัจจุบันจึงแทบไม่มีระบบต้นแบบหรือแอปพลิเคชันที่เปิดให้ใช้งานแพร่หลายสำหรับวิเคราะห์ของเหลวเหล่านี้โดยเฉพาะ

2.3 แอปพลิเคชันที่เกี่ยวข้องกับเซลล์

2.3.1 แอปพลิเคชัน Celly.AI

แอปพลิเคชัน Celly.AI เป็นระบบช่วยวิเคราะห์สไลด์เซลล์เม็ดเลือดขาวโดยใช้เทคโนโลยีปัญญาประดิษฐ์ (AI) ทำงานร่วมกับกล้องจุลทรรศน์ทั่วไปผ่านอุปกรณ์ iPhone โดยผู้ใช้สามารถเชื่อมต่อโทรศัพท์เข้ากับกล้องจุลทรรศน์เพื่อถ่ายภาพสไลด์ และระบบจะทำการประมวลผลอัตโนมัติบนคลาวด์ เพื่อตรวจจับและจำแนกชนิดเซลล์ที่พบ พร้อมทั้งให้ผู้เชี่ยวชาญตรวจสอบผลลัพธ์ขั้นสุดท้าย [22]



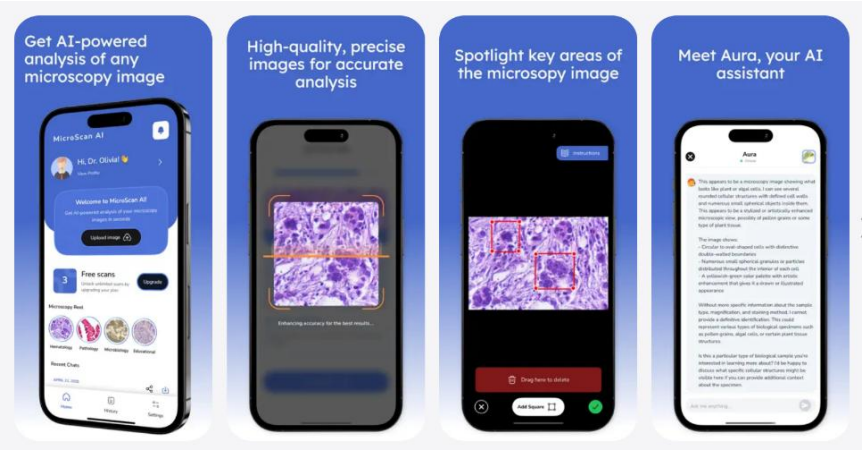
ภาพที่ 2.1 หน้าจอแสดงผลการทำงานของแอปพลิเคชัน Celly.AI

1. รองรับการเชื่อมต่อ iPhone กับกล้องจุลทรรศน์ทั่วไป ทำให้สามารถใช้งานได้โดยไม่ต้องพึ่งพาเครื่องสแกนสไลด์ขนาดใหญ่
2. ใช้ AI ในการจำแนกเซลล์เม็ดเลือดขาวเบื้องต้น (WBC Differential)
3. ตรวจจับความผิดปกติอื่น ๆ เช่น การติดเชื้อมาลาเรีย
4. ประมวลผลภาพและส่งผลลัพธ์ขึ้นระบบคลาวด์เพื่อให้ผู้เชี่ยวชาญตรวจสอบ

5. รองรับการแชร์สไลด์ดิจิทัลเพื่อใช้ในการปรึกษาระหว่างผู้เชี่ยวชาญหรือประกอบงานวิจัย
6. จัดเก็บข้อมูลและผลวิเคราะห์เพื่อใช้งานในระยะยาว

2.3.2 แอปพลิเคชัน Microscope AI Cell – Microscan

Microscope AI Cell – Microscan เป็นแอปพลิเคชันบนระบบ iOS ที่รองรับการอัปโหลดภาพจากกล้องจุลทรรศน์หลายชนิด เพื่อให้ระบบ AI วิเคราะห์และตรวจจับเซลล์หรือวัตถุภายในภาพทันที โดยสามารถประยุกต์ใช้ได้ทั้งงานด้านโลหิตวิทยาและพยาธิวิทยา [23]

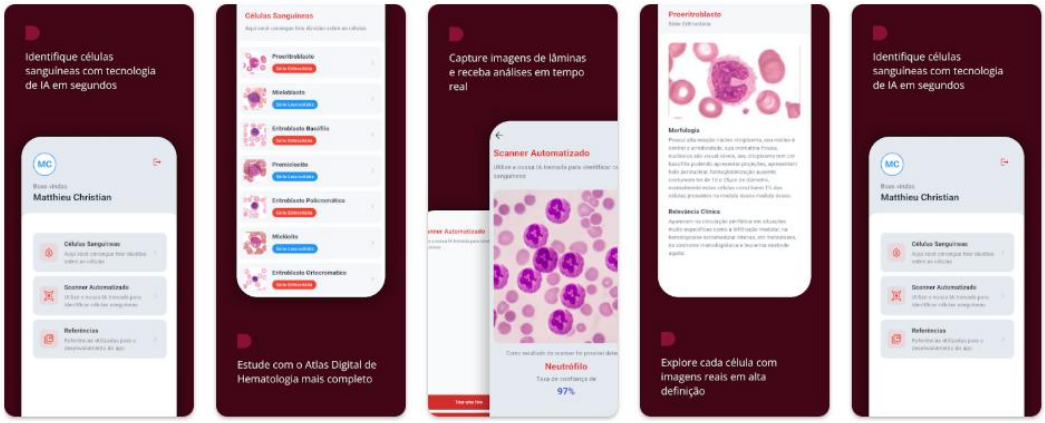


ภาพที่ 2.2 หน้าจอแสดงผลการทำงานของแอปพลิเคชัน Microscope AI Cell – Microscan

1. รองรับไฟล์ภาพจากกล้องจุลทรรศน์หลายชนิด
2. ระบบ AI ตรวจจับ นับจำนวน และวัดคุณลักษณะของเซลล์หรือวัตถุในภาพ
3. ใช้ได้กับหลายสาขา เช่น การนับเซลล์เม็ดเลือดขาว (Hematology) และการวิเคราะห์ชิ้นเนื้อ (Pathology)
4. แสดงผลด้วยการไฮไลต์บริเวณที่น่าสนใจเพื่อช่วยให้ผู้เชี่ยวชาญตรวจสอบได้ง่ายขึ้น
5. ผู้ใช้สามารถยืนยันผลการวิเคราะห์ก่อนจัดเก็บ
6. รองรับการส่งออกเป็นรายงานที่มีภาพประกอบ

2.3.3 แอปพลิเคชัน Hematoscan

Hematoscan เป็นแอปพลิเคชันบนระบบ Android ที่เน้นการประมวลผลแบบเรียลไทม์ โดยสามารถถ่ายภาพเซลล์ผ่านกล้องโทรศัพท์มือถือ และรับผลการทำนายจาก AI ได้ทันที เหมาะสำหรับการตรวจอย่างรวดเร็วในพื้นที่ที่ไม่สะดวกต่อการใช้กล้องจุลทรรศน์มาตรฐาน [24]



ภาพที่ 2.3 หน้าจอแสดงผลการทำงานของแอปพลิเคชัน Hematoscan

1. ระบบ AI วิเคราะห์และทำนายผลแบบเรียลไทม์ และแสดงระดับความมั่นใจของผลการทำนาย
2. จำกัดการประมวลผลครั้งละหนึ่งภาพ

2.3.4 แอปพลิเคชัน WBC Counter

WBC Counter เป็นแอปพลิเคชันที่ทำหน้าที่เป็นเครื่องนับเซลล์เม็ดเลือดขาวแบบดิจิทัล (Digital Tally Counter) โดยไม่ใช้ AI หรือระบบประมวลผลภาพใด ๆ ผู้ใช้จะต้องจำแนกเซลล์ด้วยตนเองขณะส่องกล้องจุลทรรศน์ แล้วกดปุ่มบันทึกตามชนิดของเซลล์ที่พบ [25]

ภาพที่ 2.4 หน้าจอแสดงผลการทำงานของแอปพลิเคชัน WBC Counter

1. ทำหน้าที่แทนเครื่องนับแบบกดที่ใช้ในห้องปฏิบัติการ
2. รองรับการนับเซลล์เม็ดเลือดขาวหลายชนิด เช่น Neutrophil, Lymphocyte, Monocyte เป็นต้น
3. นับจำนวนสะสมและคำนวณร้อยละของเซลล์แต่ละชนิด

2.3.5 แอปพลิเคชัน CellaVision

CellaVision เป็นระบบวิเคราะห์ภาพสไลด์ที่ต้องใช้ร่วมกับเครื่องสแกนของบริษัท CellaVision โดยออกแบบมาสำหรับงานห้องปฏิบัติการทางการแพทย์โดยเฉพาะ ระบบจะทำการสแกนและจำแนกเซลล์เม็ดเลือดขาวเบื้องต้น จากนั้นผู้เชี่ยวชาญจะตรวจสอบความถูกต้องก่อนบันทึกเข้าสู่ประวัติผู้ป่วย [26]

ภาพที่ 2.5 หน้าจอแสดงผลการทำงานของแอปพลิเคชัน CellaVision

1. ใช้ระบบ AI จำแนกเซลล์เม็ดเลือดขาว 5 ชนิดอัตโนมัติ
2. ใช้ร่วมกับเครื่องสแกนสไลด์เฉพาะทางของ CellaVision
3. มีระบบให้ผู้เชี่ยวชาญตรวจสอบและยืนยันผล
4. รองรับการส่งออกข้อมูลและจัดเก็บเข้าสู่ระบบเวชระเบียน
5. เหมาะกับงานห้องปฏิบัติการมาตรฐานของโรงพยาบาล

2.3.6 แอปพลิเคชัน Scopio Labs

Scopio Labs เป็นระบบสแกนสไลด์ความละเอียดสูงแบบ Full-Field Imaging โดยใช้เครื่องสแกนเฉพาะของบริษัท เช่น Scopio X100 จากนั้นใช้ซอฟต์แวร์ AI บนคอมพิวเตอร์ในการวิเคราะห์ภาพอย่างละเอียด ทั้งการจำแนกเซลล์เม็ดเลือดขาว การประเมินรูปร่างเม็ดเลือดแดง และการคาดการณ์จำนวนเกล็ดเลือด [27]

ภาพที่ 2.6 หน้าจอแสดงผลการทำงานของแอปพลิเคชัน CellaVision

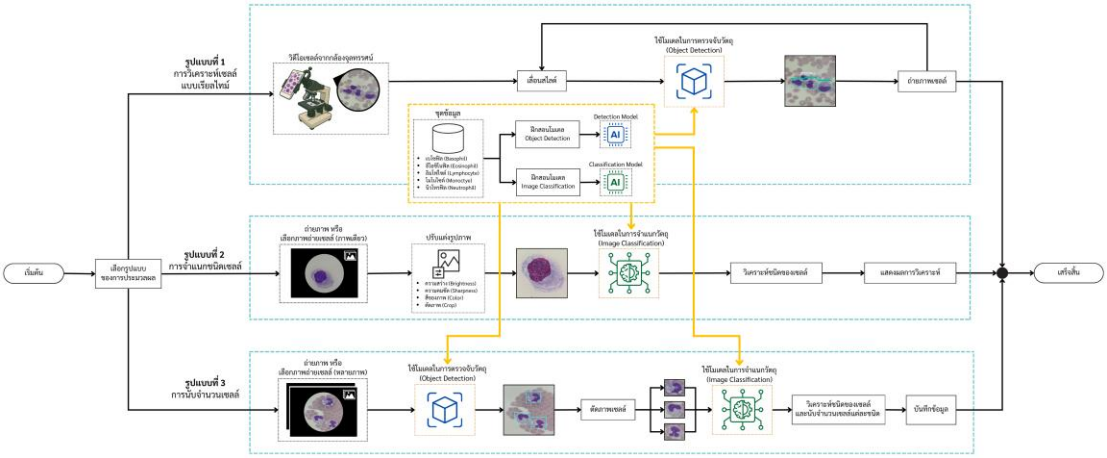
1. สแกนสไลด์แบบภาพเต็มแผ่น (Full-Field Imaging) ด้วยความละเอียดสูง
2. AI ช่วยจำแนกและนับจำนวนเซลล์เม็ดเลือดขาว (WBC Differential) อย่างละเอียด
3. วิเคราะห์รูปแบบสัณฐานวิทยาของเม็ดเลือดแดง (RBC Morphology)
4. มีการประมาณและนับจำนวนเกล็ดเลือด

ตารางที่ 2.1 เปรียบเทียบคุณสมบัติของแอปพลิเคชันที่เกี่ยวข้องกับเซลล์

แอปพลิเคชัน	มีการระบุตำแหน่งวัตถุ	รองรับกล้องจุลทรรศน์ทั่วไป	นับจำนวนอัตโนมัติ	ประมวลผลแบบเรียลไทม์	รองรับการแสดงผลบน PC & Mobile
Celly.AI	✓	✓	✓	✓	✓
Microscope AI Cell - Microscan	×	✓	×	×	×
Hematoscan	×	✓	×	×	×
WBC Counter	✓	✓	×	×	×
CellaVision	✓	×	✓	✓	×
Scopio Labs	✓	×	✓	✓	×
Time Cell (โครงงานนี้)	✓	✓	✓	✓	✓

บทที่ 3
วิธีการดำเนินงาน

3.1 ภาพรวมของโครงงาน

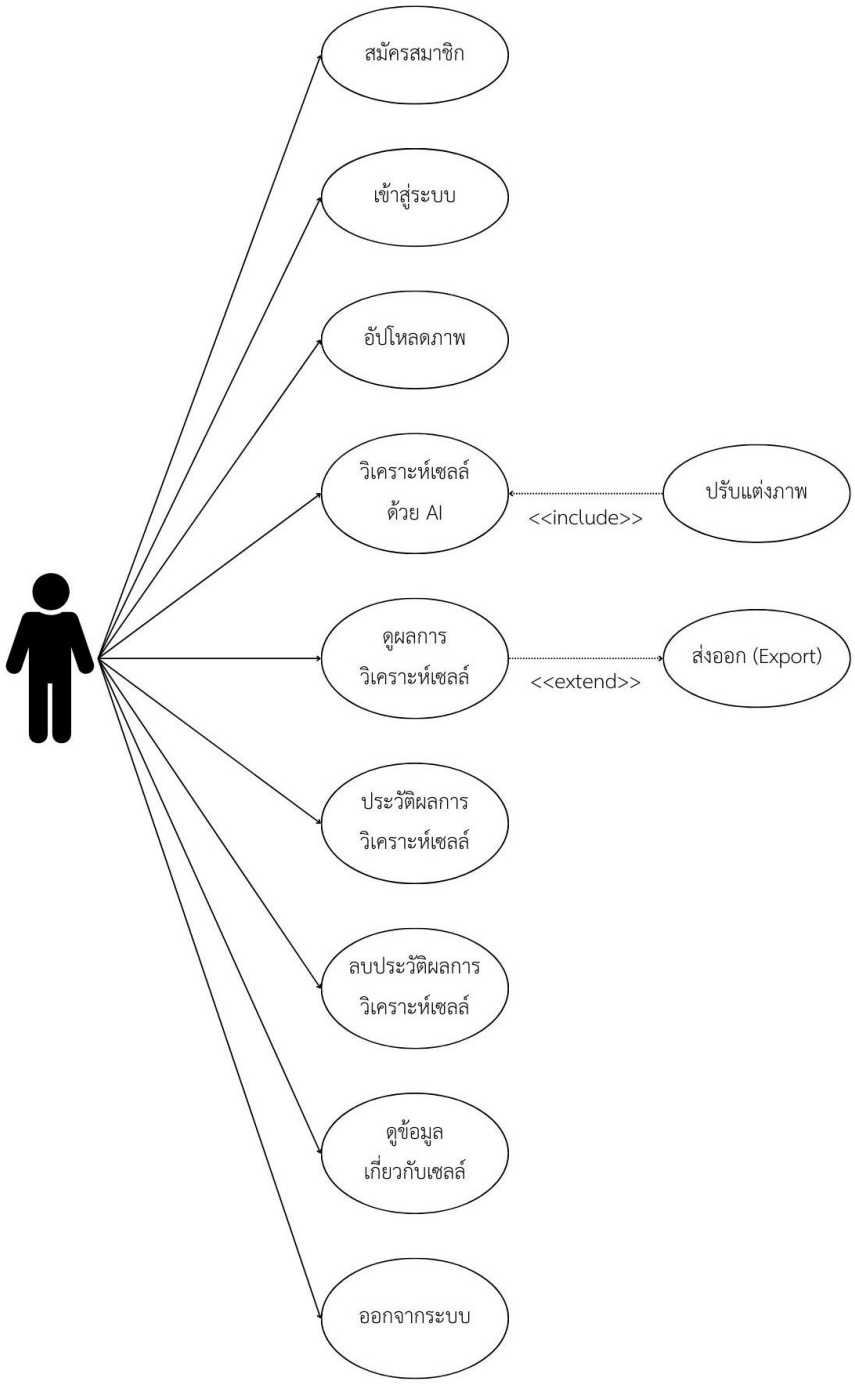


ภาพที่ 3.1 ภาพรวมการทำงานของระบบ

จากภาพที่ 3.1 แสดงภาพรวมการทำงานของเว็บแอปพลิเคชันที่พัฒนาขึ้นเพื่อวิเคราะห์และจำแนกชนิดเซลล์เม็ดเลือดขาวจากของเหลวในร่างกาย โดยประยุกต์ใช้เทคโนโลยีการเรียนรู้เชิงลึก (Deep Learning) ได้แก่ Object Detection และ Image Classification ระบบถูกออกแบบให้รองรับการทำงานทั้งหมด 3 รูปแบบ ได้แก่ 1) การวิเคราะห์เซลล์แบบเรียลไทม์ โดยจะทำการวิเคราะห์ชนิดของเซลล์ผ่านกล้องโทรศัพท์มือถือที่ติดตั้งบนกล้องจุลทรรศน์ ช่วยให้ผู้ใช้งานสามารถทราบชนิดและจำนวนของเซลล์ได้ทันที 2) การจำแนกชนิดเซลล์ ผู้ใช้งานสามารถถ่ายภาพหรือเลือกภาพถ่ายเซลล์จำนวน 1 ภาพ เพื่อทำการวิเคราะห์ชนิดของเซลล์ซึ่งช่วยเพิ่มความมั่นใจในการจำแนกชนิดเซลล์เบื้องต้น 3) การนับจำนวนเซลล์ ผู้ใช้งานสามารถถ่ายภาพหรือเลือกภาพถ่ายเซลล์หลายภาพ เพื่อนำมาใช้ในการวิเคราะห์ชนิดของเซลล์และนับจำนวนเซลล์แต่ละชนิด ซึ่งเป็นข้อมูลสำคัญต่อการประเมินภาวะสุขภาพของผู้ป่วย นอกจากนี้ ระบบยังรองรับการบันทึกผลลัพธ์ในรูปแบบไฟล์ PDF รวมถึงการจัดเก็บข้อมูลเพื่อใช้ในการวิเคราะห์ข้อมูลในอนาคต

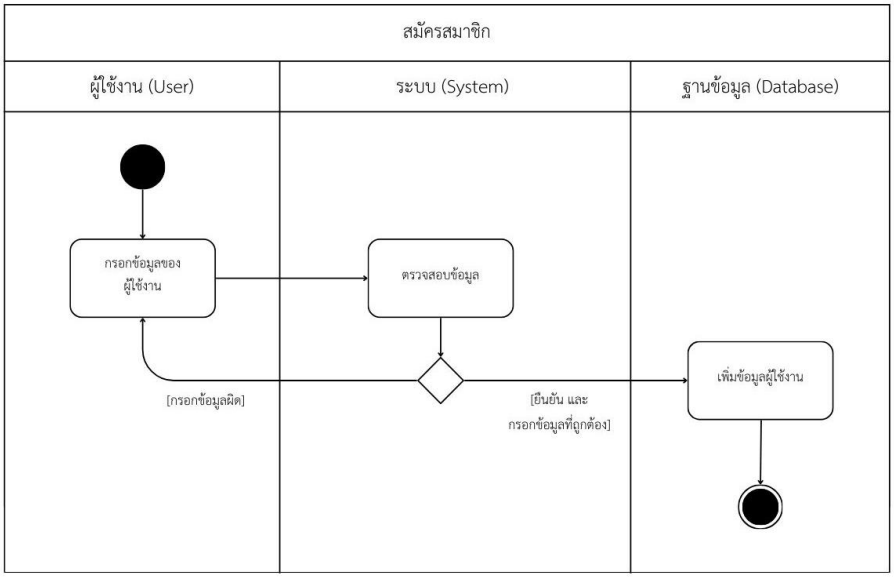
3.2 การวิเคราะห์ขอบเขตและความต้องการของระบบ

3.2.1 แผนภาพกรณีการใช้งานในภาพรวม (Use Case Diagram)

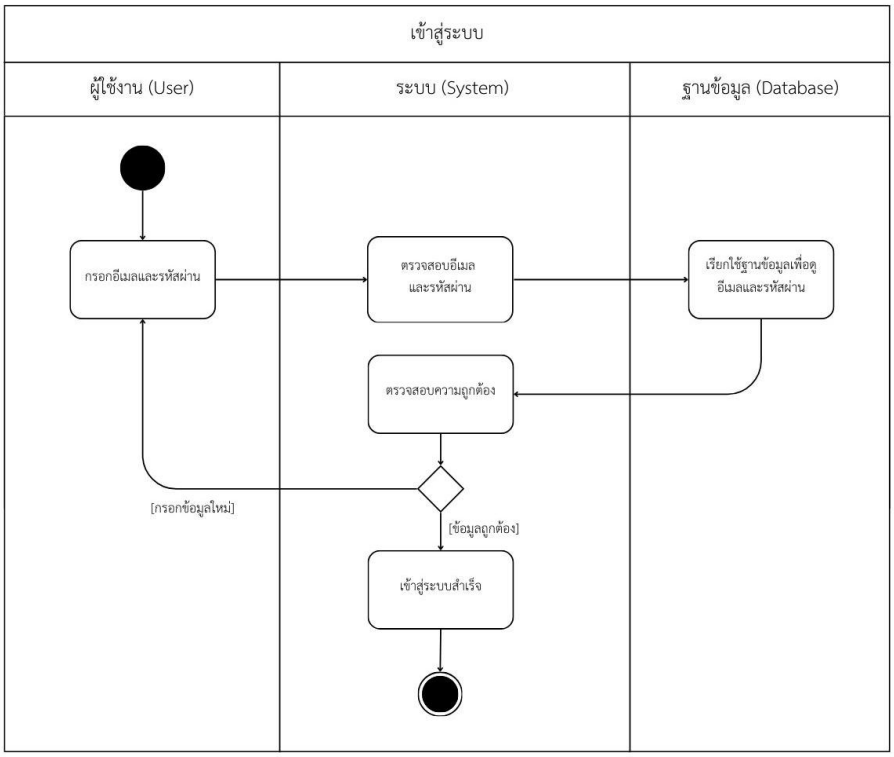


ภาพที่ 3.2 แผนภาพกรณีการใช้งาน (Use Case Diagram)

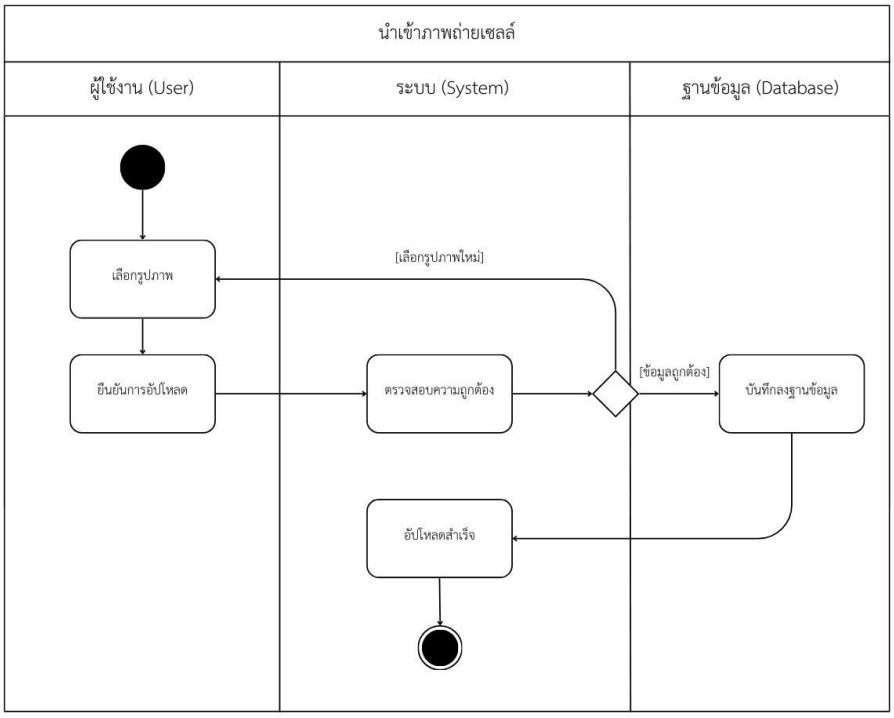
3.2.2 แผนภาพกิจกรรมของระบบ (Activity Diagram)



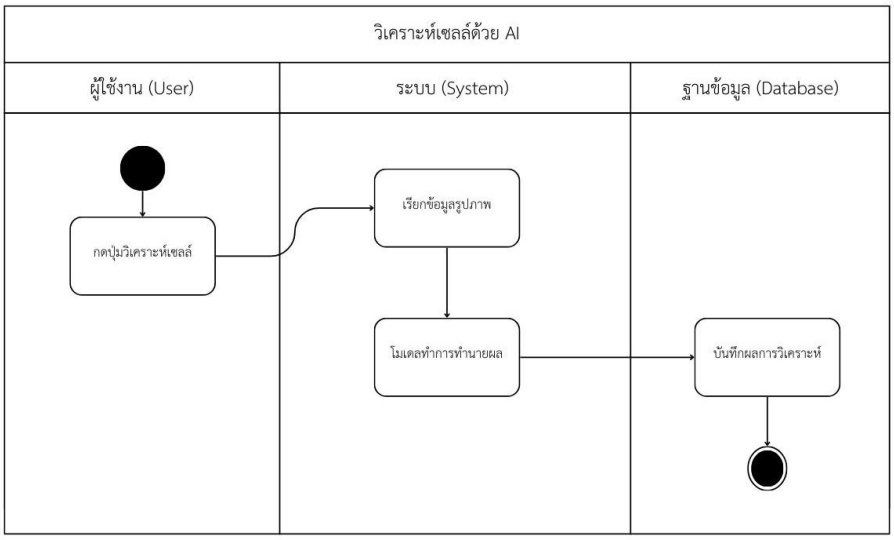
ภาพที่ 3.3 กระบวนการทำงานของแอปพลิเคชันในขั้นตอนสมัครสมาชิก



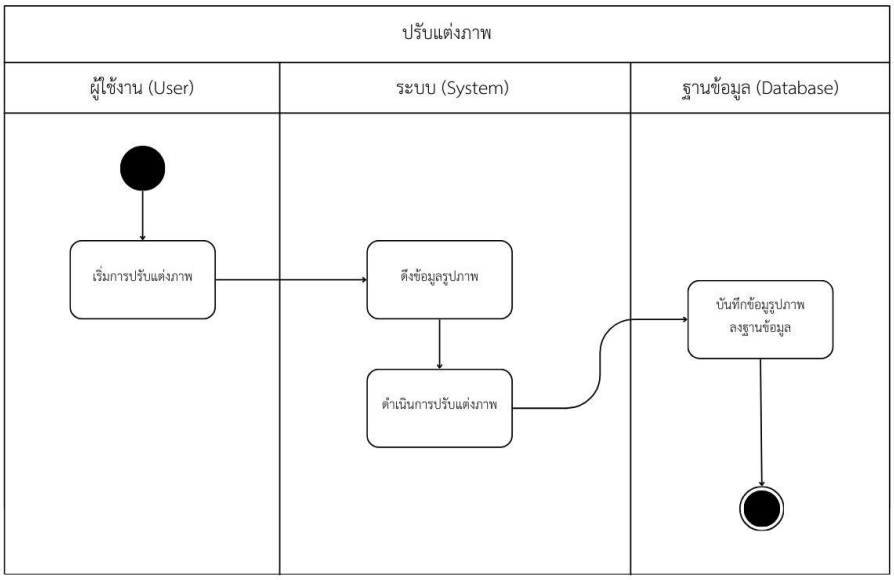
ภาพที่ 3.4 กระบวนการทำงานของแอปพลิเคชันในขั้นตอนเข้าสู่ระบบ



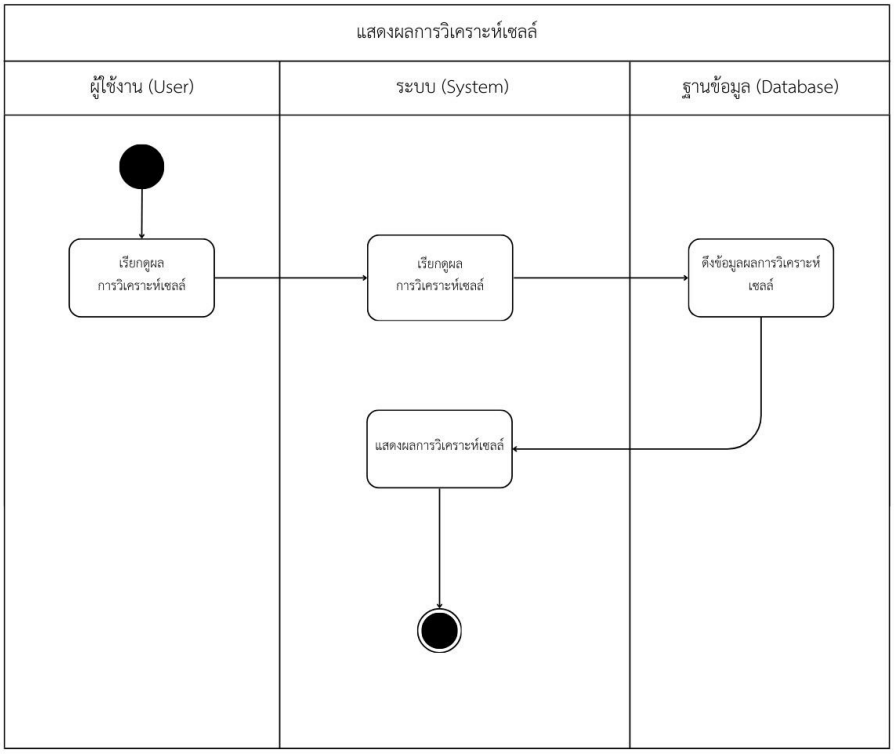
ภาพที่ 3.5 กระบวนการทำงานของแอปพลิเคชันในขั้นตอนนำเข้าภาพถ่ายเซลล์



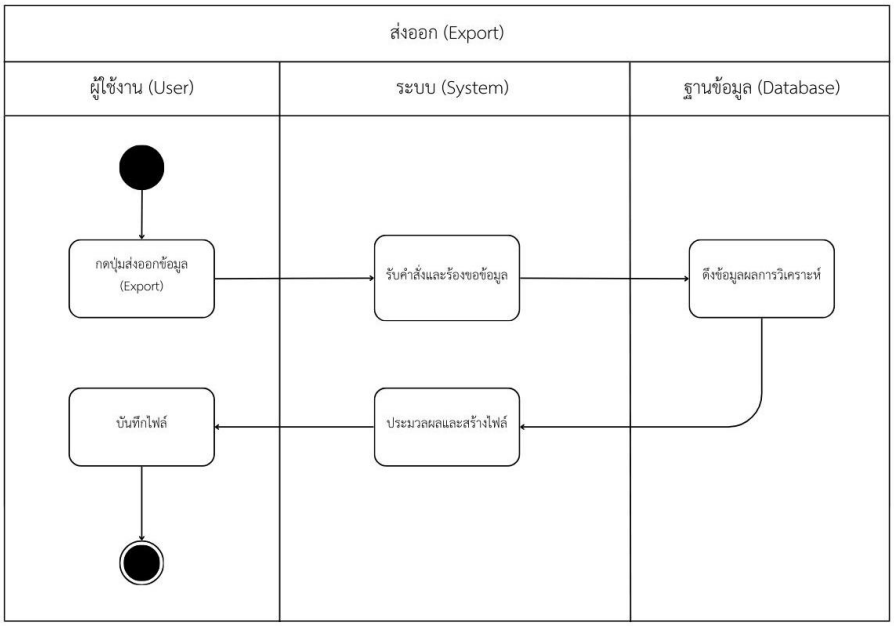
ภาพที่ 3.6 กระบวนการทำงานของแอปพลิเคชันในขั้นตอนวิเคราะห์เซลล์ด้วย AI



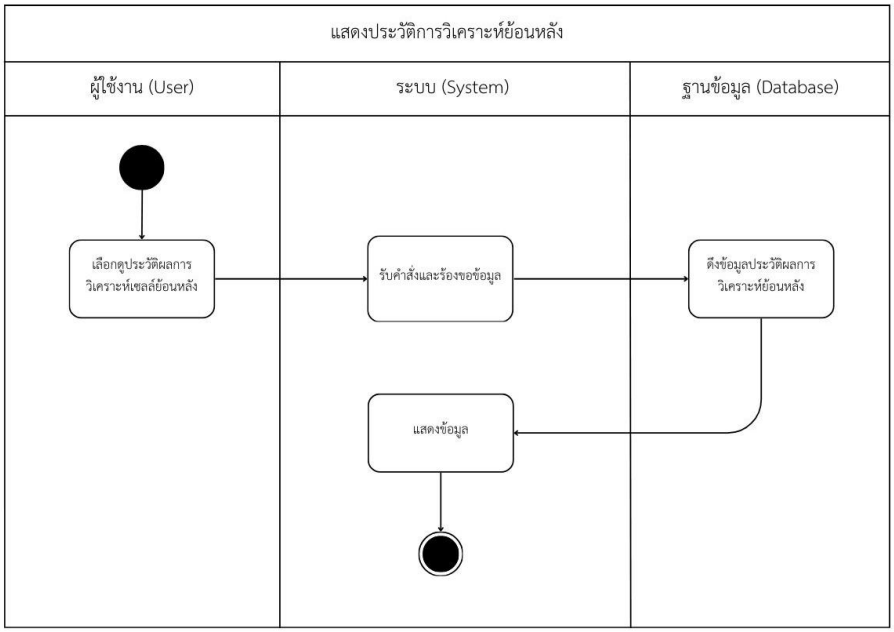
ภาพที่ 3.7 กระบวนการทำงานของแอปพลิเคชันในขั้นตอนปรับแต่งภาพ



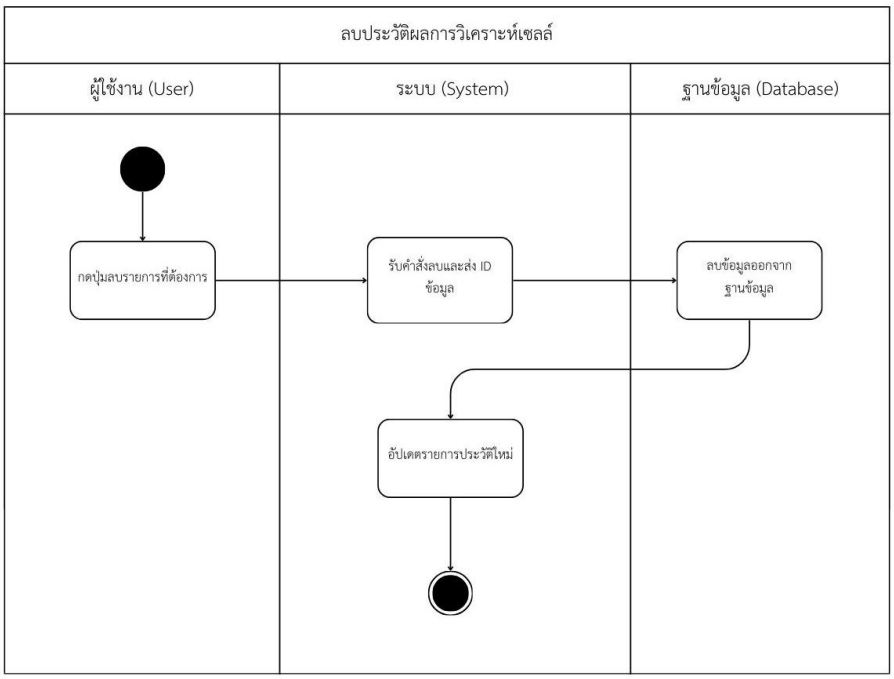
ภาพที่ 3.8 กระบวนการทำงานของแอปพลิเคชันในขั้นตอนแสดงผลการวิเคราะห์



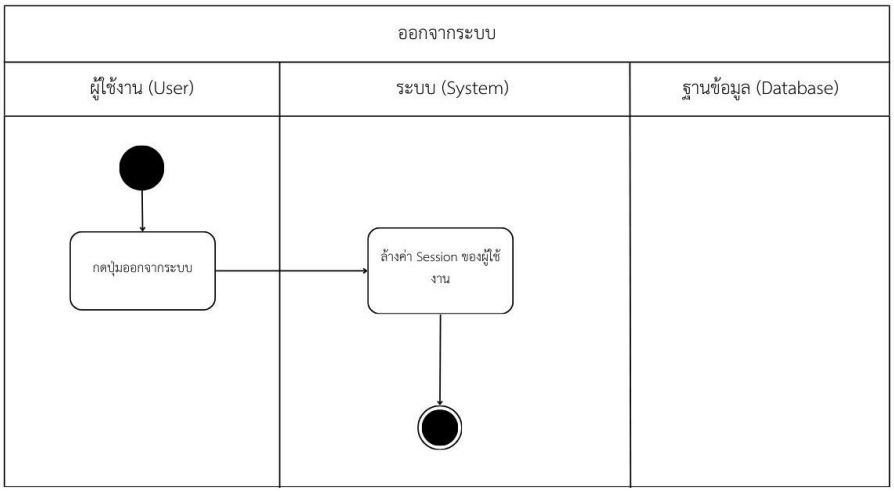
ภาพที่ 3.9 กระบวนการทำงานของแอปพลิเคชันในขั้นตอนส่งออก (Export)



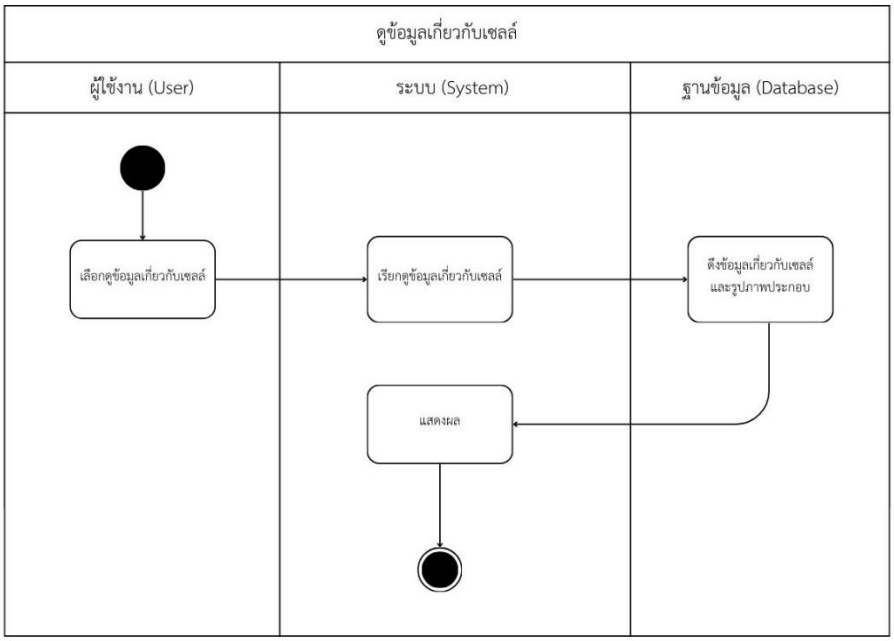
ภาพที่ 3.10 กระบวนการทำงานของแอปพลิเคชันในขั้นตอนแสดงประวัติการวิเคราะห์ย้อนหลัง



ภาพที่ 3.11 กระบวนการทำงานของแอปพลิเคชันในขั้นตอนลบประวัติผลการวิเคราะห์เซลล์



ภาพที่ 3.12 กระบวนการทำงานของแอปพลิเคชันในขั้นตอนออกจากระบบ

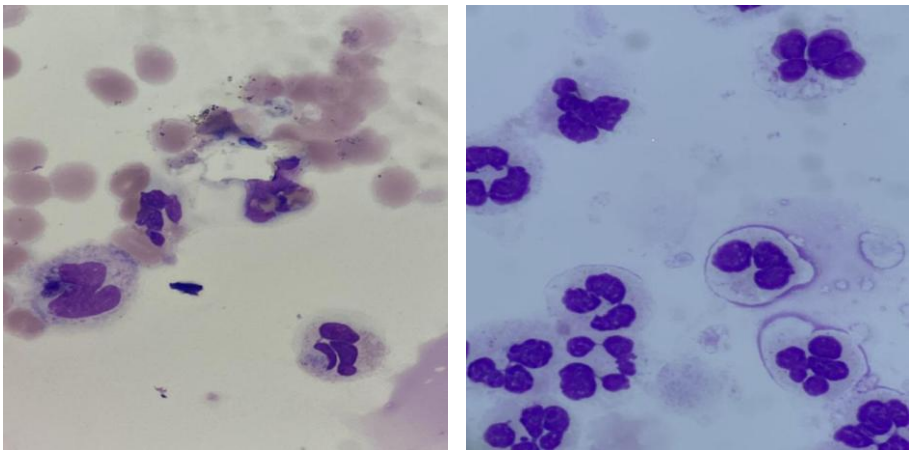


ภาพที่ 3.13 กระบวนการทำงานของแอปพลิเคชันในขั้นตอนดูข้อมูลเกี่ยวกับเซลล์

3.3 การพัฒนาโมเดลปัญญาประดิษฐ์

3.3.1 ชุดข้อมูล (Dataset)

ในเบื้องต้น การฝึกสอนและทดสอบประสิทธิภาพของโมเดลปัญญาประดิษฐ์ใช้ชุดข้อมูลภาพถ่ายเซลล์ที่พบในของเหลวในร่างกาย (Body Fluids) โดยชุดข้อมูลดังกล่าวได้รับความอนุเคราะห์จากโรงพยาบาลศรีนครินทร์ จังหวัดขอนแก่น ซึ่งผ่านกระบวนการคัดกรองและจัดหมวดหมู่เซลล์เบื้องต้นโดยผู้เชี่ยวชาญทางห้องปฏิบัติการร่วมกับอาจารย์ประจำสาขาวิชาเทคนิคการแพทย์ มหาวิทยาลัยธรรมศาสตร์ เพื่อให้ข้อมูลมีความถูกต้องและเหมาะสมสำหรับนำมาใช้ในการพัฒนาโมเดลปัญญาประดิษฐ์ ทั้งนี้ การดำเนินงานวิจัยและการใช้ข้อมูลภาพทางการแพทย์ดังกล่าวได้รับการรับรองจริยธรรมการวิจัยในมนุษย์ เลขที่ 120/2567 เพื่อให้เป็นไปตามหลักจริยธรรมและมาตรฐานการวิจัยทางการแพทย์



ภาพที่ 3.14 เซลล์จากของเหลวในร่างกาย (Body Fluids)

เพื่อให้ได้ข้อมูลที่มีคุณภาพและเหมาะสมสำหรับการฝึกสอนโมเดล ชุดข้อมูลที่ได้รับในเบื้องต้นเป็นภาพถ่ายขนาด 640 × 640 พิกเซล จัดเก็บในรูปแบบ COCO Format สำหรับงาน Multi-label Object Detection โดยประกอบด้วยเซลล์ทั้งหมด 13 ประเภท ได้แก่ Abnormal mononuclear cell, Atypical lymphocyte, Basophil, Cells stained dark blue with fused boundaries, Eosinophil, Lymphocyte, Macrophage, Mesothelial cell, Mitotic cell, Monocyte, Neutrophil, Plasma cell และ Signet-ring cell

COCO Format (Common Objects in Context Format) เป็นรูปแบบมาตรฐานสำหรับจัดเก็บข้อมูลภาพและการกำหนดตำแหน่งวัตถุ (Annotation) ที่ได้รับความนิยมอย่างแพร่หลายในงานด้านคอมพิวเตอร์วิทัศน์ โดยข้อมูลจะถูกจัดเก็บในรูปแบบไฟล์ JSON ซึ่งภายในประกอบด้วยรายละเอียดสำคัญ เช่น ชื่อภาพ ขนาดภาพ ตำแหน่งของวัตถุภายในภาพ และป้ายกำกับชนิดของวัตถุ (Class Label) ในแต่ละตำแหน่ง สำหรับชุดข้อมูลในโครงงานนี้ ได้มีการกำหนดกรอบล้อมรอบวัตถุ (Bounding Box) เพื่อระบุตำแหน่งของเซลล์แต่ละเซลล์ภายในภาพ พร้อมติดป้ายกำกับชนิดของเซลล์ตามประเภทที่กำหนดไว้ในชุดข้อมูล ซึ่งภายในภาพหนึ่งภาพสามารถปรากฏเซลล์ได้หลายชนิดพร้อมกัน ดังแสดงรายละเอียดในภาพที่ 3.14 และแต่ละเซลล์จะมีข้อมูลตำแหน่งและประเภทกำกับไว้อย่างชัดเจน

อย่างไรก็ตาม เนื่องจากโครงงานนี้มุ่งเน้นการวิเคราะห์และจำแนกเฉพาะเซลล์เม็ดเลือดขาวที่มีความสำคัญต่อการวินิจฉัยเบื้องต้น จึงได้ทำการคัดเลือกข้อมูลเฉพาะ 5 ประเภท ได้แก่ Basophil, Eosinophil, Lymphocyte, Monocyte และ Neutrophil เพื่อนำมาใช้ในการฝึกสอนและประเมินประสิทธิภาพของโมเดลปัญญาประดิษฐ์ ทั้งนี้เพื่อให้โมเดลสามารถเรียนรู้ลักษณะของ

เซลล์เป้าหมายได้อย่างมีประสิทธิภาพ ลดความซับซ้อนของข้อมูล และเพิ่มความแม่นยำในการตรวจจับและจำแนกชนิดเซลล์ที่เกี่ยวข้องกับการวินิจฉัยทางการแพทย์โดยตรง

3.3.2 การประเมินประสิทธิภาพของโมเดล

การประเมินประสิทธิภาพของโมเดลเป็นขั้นตอนสำคัญที่ใช้ในการวิเคราะห์ความสามารถของโมเดล โดยการประเมินจะอ้างอิงจากผลการทำนายของโมเดลเปรียบเทียบกับค่าความจริง (Ground Truth) ซึ่งสามารถแบ่งผลลัพธ์ออกเป็น 4 กรณี ได้แก่ True Positive (TP), False Positive (FP), False Negative (FN) และ True Negative (TN) ดังแสดงรายละเอียดในตารางที่ 3.1 จากค่าที่ได้ในตาราง Confusion Matrix สามารถนำมาใช้ในการคำนวณตัวชี้วัดต่าง ๆ เพื่อประเมินประสิทธิภาพของโมเดลตรวจจับวัตถุ เช่น Precision, Recall, F1-Score และ Accuracy

ตารางที่ 3.1 ตาราง Confusion Matrix

ผลการทำนาย	ค่าจริงเป็น Positive	ค่าจริงเป็น Negative
ทำนายเป็น Positive	True Positive (TP)	False Positive (FP)
ทำนายเป็น Negative	False Negative (FN)	True Negative (TN)

ในการประเมินความสามารถของโมเดลตรวจจับวัตถุ (Object Detection) อย่าง YOLO จะใช้ตัวชี้วัดหลายแบบร่วมกัน เพื่อให้สามารถประเมินได้ทั้งความถูกต้องในการทำนายวัตถุและความแม่นยำของตำแหน่งกรอบตรวจจับวัตถุ ดังนี้

1. ความถูกต้องของการทำนาย (Precision)

ความสามารถของโมเดลในการค้นหาวัตถุทั้งหมดที่มีอยู่จริงในภาพ (ทายถูก/ของจริงทั้งหมด) ยิ่งค่าสูงแสดงว่าโมเดลสามารถตรวจจับวัตถุได้ครบถ้วน ไม่ตกหล่น (Low False Negative)

$$\text{Precision} = \frac{TP}{TP+FP}$$

2. ความสามารถในการตรวจจับ (Recall)

ความสามารถของโมเดลในการค้นหาวัตถุทั้งหมดที่มีอยู่จริงในภาพ (ทายถูก/ของจริงทั้งหมด) ยิ่งค่าสูงแสดงว่าโมเดลสามารถตรวจจับวัตถุได้ครบถ้วน ไม่ตกหล่น (Low False Negative)

$$\text{Recall} = \frac{TP}{TP+FN}$$

3. ค่าความแม่นยำเชิงสมดุล (F1-score)

ค่าเฉลี่ยเชิงฮาร์มอนิก (Harmonic Mean) ระหว่าง Precision และ Recall ใช้สำหรับประเมินความสมดุลของประสิทธิภาพ เพื่อให้มั่นใจว่าโมเดลไม่ได้มีความแม่นยำสูงเพียงอย่างเดียวแต่ตรวจจับได้น้อย

$$\text{F1-score} = 2\times\frac{\text{Precision}\times\text{Recall}}{\text{Precision}+\text{Recall}}$$

4. Intersection over Union (IoU)

ดัชนีวัดความซ้อนทับกันของพื้นที่ระหว่าง "กรอบที่โมเดลทำนาย" (Predicted Box) และ "กรอบเฉลยจริง" (Ground Truth Box) ใช้เพื่อตัดสินว่าตำแหน่งที่โมเดลตรวจจับได้นั้นถูกต้องแม่นยำตามตำแหน่งจริงหรือไม่

$$\text{IoU} = \frac{\text{Area of Overlap}}{\text{Area of Union}}$$

5. Mean Average Precision at IoU 0.5 (mAP@50)

ค่าเฉลี่ยความแม่นยำ (Average Precision) ของทุกคลาสที่ทำการตรวจจับโดยพิจารณาความถูกต้องที่เกณฑ์ค่า IoU ตั้งแต่ 0.5 ขึ้นไป ถือเป็นตัวชี้วัดมาตรฐานสากลที่สำคัญที่สุดในการเปรียบเทียบประสิทธิภาพของโมเดล YOLO

$$mAP_{50} = \frac{1}{N}\sum_{i=1}^{N} AP_i\left(\text{IoU}=0.50\right)$$

ในการประเมินประสิทธิภาพของโมเดลจำแนกภาพ (Image Classification) จะใช้ตัวชี้วัดหลายรูปแบบร่วมกัน เพื่อประเมินความสามารถของโมเดลในการจำแนกประเภทของภาพได้อย่างถูกต้องและมีประสิทธิภาพ โดยตัวชี้วัดที่นิยมใช้มีดังนี้

1. ความถูกต้องของการจำแนก (Accuracy)

ความสามารถของโมเดลในการจำแนกข้อมูลได้ถูกต้องเมื่อเทียบกับจำนวนข้อมูลทั้งหมด (ทายถูกทั้งหมด/ข้อมูลทั้งหมด) ยิ่งมีค่าสูงแสดงว่าโมเดลสามารถจำแนกประเภทของภาพได้อย่างแม่นยำ

$$\text{Accuracy} = \frac{TP + TN}{TP + TN + FP + FN}$$

2. ความถูกต้องของการทำนาย (Precision)

ความสามารถของโมเดลในการค้นหาวัตถุทั้งหมดที่มีอยู่จริงในภาพ (ทายถูก/ของจริงทั้งหมด) ยิ่งค่าสูงแสดงว่าโมเดลสามารถตรวจจับวัตถุได้ครบถ้วน ไม่ตกหล่น (Low False Negative)

$$\text{Precision} = \frac{TP}{TP+FP}$$

2. ความถูกต้องของการทำนาย (Precision)

ความสามารถของโมเดลในการค้นหาวัตถุทั้งหมดที่มีอยู่จริงในภาพ (ทายถูก/ของจริงทั้งหมด) ยิ่งค่าสูงแสดงว่าโมเดลสามารถตรวจจับวัตถุได้ครบถ้วน ไม่ตกหล่น (Low False Negative)

$$\text{Precision} = \frac{TP}{TP+FP}$$

3. ความสามารถในการตรวจจับ (Recall)

ความสามารถของโมเดลในการค้นหาวัตถุทั้งหมดที่มีอยู่จริงในภาพ (ทายถูก/ของจริงทั้งหมด) ยิ่งค่าสูงแสดงว่าโมเดลสามารถตรวจจับวัตถุได้ครบถ้วน ไม่ตกหล่น (Low False Negative)

$$\text{Recall} = \frac{TP}{TP+FN}$$

4. ค่าความแม่นยำเชิงสมดุล (F1-score)

ค่าเฉลี่ยเชิงฮาร์มอนิก (Harmonic Mean) ระหว่าง Precision และ Recall ใช้สำหรับประเมินความสมดุลของประสิทธิภาพ เพื่อให้มั่นใจว่าโมเดลไม่ได้มีความแม่นยำสูงเพียงอย่างเดียวแต่ตรวจจับได้น้อย

$$\text{F1-score} = 2 \times \frac{\text{Precision} \times \text{Recall}}{\text{Precision} + \text{Recall}}$$

บทที่ 4
ทรัพยากรและแผนการดำเนินงาน

4.1 การจัดเตรียมฮาร์ดแวร์และซอฟต์แวร์

4.1.1 ทรัพยากรสำหรับการพัฒนาโครงงาน

ตารางที่ 4.1 ทรัพยาการในการพัฒนาโครงงาน

ลำดับ	อุปกรณ์	ชื่อรุ่น
1	CPU	AMD Ryzen 7 7435HS
	GPU	NVIDIA GeForce RTX 4050
	RAM	16GB DDR5
	Storage	512GB SSD M.2
	OS	Windows 11 Home
2	CPU	Intel(R) Core (TM) i5-14500
	GPU	NVIDIA RTX 4000 Ada Generation
	RAM	32GB
	Storage	954GB SSD
	OS	Windows 11 Home

จากตารางที่ 4.1 แสดงรายการทรัพยากรด้านฮาร์ดแวร์ (Hardware) ที่ใช้ในการดำเนินงานและพัฒนาโครงงาน โดยแบ่งออกเป็น 2 ส่วนหลัก ได้แก่ ชุดคอมพิวเตอร์ลำดับที่ 1 ซึ่งใช้หน่วยประมวลผลกลาง (CPU) รุ่น AMD Ryzen 7 7435HS ร่วมกับหน่วยประมวลผลกราฟิก (GPU) NVIDIA GeForce RTX 4050 และหน่วยความจำ (RAM) ขนาด 16GB

สำหรับชุดคอมพิวเตอร์ลำดับที่ 2 ซึ่งประกอบด้วยหน่วยประมวลผล Intel Core i5-14500 และกราฟิกการ์ดรุ่น NVIDIA RTX 4000 Ada Generation พร้อมหน่วยความจำขนาด 32GB โดยคอมพิวเตอร์ทั้งสองชุดทำงานภายใต้ระบบปฏิบัติการ Windows 11 Home เพื่อรองรับการประมวลผลข้อมูลและการทำงานของระบบได้อย่างมีประสิทธิภาพ

4.1.2 ทรัพยากรสำหรับการทดสอบแอปพลิเคชัน

ตารางที่ 4.2 ทรัพยาการในการทดสอบโครงงาน

ลำดับ	อุปกรณ์	ชื่อรุ่น
1	PC	MSI Katana GF66
2	Mobile	Samsung A56

จากตารางที่ 4.2 แสดงรายการอุปกรณ์ที่ใช้ในการทดสอบประสิทธิภาพและการแสดงผลของเว็บแอปพลิเคชัน โดยแบ่งออกเป็น 2 ส่วนหลัก คือ ส่วนคอมพิวเตอร์ (PC) ใช้เครื่อง MSI Katana GF66 เพื่อทดสอบการทำงานบนเว็บเบราว์เซอร์ในรูปแบบหน้าจอ Desktop ส่วนอุปกรณ์เคลื่อนที่ (Mobile) ใช้สมาร์ตโฟน Samsung A56 (ระบบ Android) เพื่อตรวจสอบความถูกต้องของการแสดงผลแบบตอบสนอง (Responsive Design) และความเสถียรของการใช้งานบนอุปกรณ์พกพา

4.1.3 ซอฟต์แวร์สำหรับการพัฒนาโครงงาน

1. เครื่องมือพัฒนาแอปพลิเคชัน Visual Studio Code
2. เครื่องมือจัดการสภาพแวดล้อม Anaconda

4.1.4 เว็บเบราว์เซอร์ที่จะใช้ทดสอบแอปพลิเคชัน

1. เว็บเบราว์เซอร์ Google Chrome
2. เว็บเบราว์เซอร์ Firefox
3. เว็บเบราว์เซอร์ Microsoft Edge

4.2 แผนการดำเนินงาน

ตารางที่ 4.3 การดำเนินงานที่ผ่านมาจนถึงปัจจุบัน

ขั้นตอน	สค. 68				กย. 68				ตค. 68				พย. 68				ธค. 68			
	1	2	3	4	1	2	3	4	1	2	3	4	1	2	3	4	1	2	3	4
1. กำหนดหัวข้อโครงงาน																				
2. ทบทวนวรรณกรรม																				
3. ทดลองทำโมเดล AI																				
4. จัดทำรายงาน																				
4. จัดทำสไลด์นำเสนอ																				
5. นำเสนอข้อเสนอโครงงาน																				

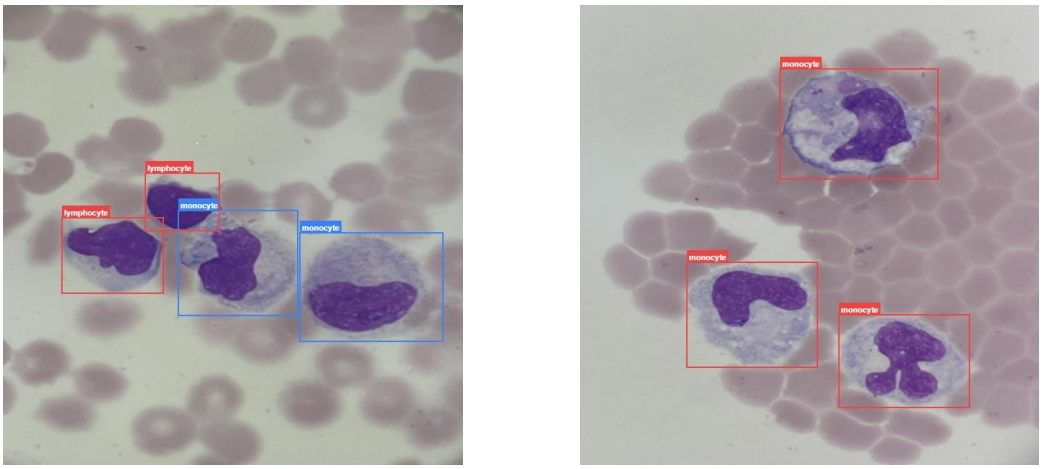
ตารางที่ 4.4 แผนการดำเนินงานในอนาคต

ขั้นตอน	มค. 69				กพ. 69				มีค. 69				เมย. 69				พค. 69			
	1	2	3	4	1	2	3	4	1	2	3	4	1	2	3	4	1	2	3	4
1. ทำโมเดลตรวจจับวัตถุ																				
2. ทำเว็บแอปพลิเคชัน																				
3. นำโมเดลมาใช้กับเว็บแอปพลิเคชัน																				
4. ปรับปรุงคุณภาพโมเดล																				
5. จัดทำรายงาน																				
6. จัดทำสไลด์นำเสนอ																				
7. นำเสนอโครงงาน																				

บทที่ 5
การพัฒนาโมเดลตรวจจับวัตถุ

5.1 การเตรียมและแบ่งชุดข้อมูล

ชุดข้อมูลที่ใช้สำหรับพัฒนาโมเดลตรวจจับวัตถุ (Object Detection) ในงานวิจัยครั้งนี้เป็นข้อมูลภาพเซลล์ในของเหลวร่างกาย (Body Fluids) ซึ่งประกอบด้วยภาพต้นฉบับจำนวน 5,848 ภาพ โดยข้อมูลเดิมอยู่ในรูปแบบ Multi-label กล่าวคือ ภาพหนึ่งภาพสามารถประกอบด้วยเซลล์ได้มากกว่าหนึ่งชนิด และมีการกำหนดตำแหน่งของเซลล์แต่ละเซลล์ด้วย Bounding Box พร้อมระบุชนิดของเซลล์กำกับไว้ ดังแสดงรายละเอียดในภาพที่ 5.1



ภาพที่ 5.1 การระบุตำแหน่งและชนิดของเซลล์ในชุดข้อมูลของเหลวในร่างกาย (Body Fluids)

ในชุดข้อมูลต้นฉบับ มีการแบ่งชนิดของเซลล์ออกเป็น 13 ชนิด ได้แก่ Abnormal mononuclear, Atypical lymphocyte, Basophil, Cells-stained dark blue with fused boundaries, Eosinophil, Lymphocyte, Macrophage, Mesothelial cell, Mitotic cell, Monocyte, Neutrophil, Plasma cell และ Signet-ring cell อย่างไรก็ตาม งานวิจัยนี้มุ่งเน้นเฉพาะการตรวจจับเซลล์เม็ดเลือดขาวจำนวน 5 ชนิด ได้แก่ เซลล์เบโซฟิล (Basophil), เซลล์อีโอซิโนฟิล (Eosinophil), เซลล์ลิมโฟไซต์ (Lymphocyte), เซลล์โมโนไซต์ (Monocyte) และเซลล์นิวโทรฟิล (Neutrophil) ดังนั้น ได้ทำการคัดเลือกเฉพาะข้อมูลของเซลล์ทั้ง 5 ชนิดดังกล่าว และลบป้ายกำกับ (Label) ของเซลล์ชนิดอื่นออกจากชุดข้อมูล

ข้อมูลต้นฉบับถูกจัดเก็บในรูปแบบ COCO format ซึ่งเป็นรูปแบบมาตรฐานสำหรับงานตรวจจับวัตถุ โดยภายในไฟล์จะประกอบด้วยข้อมูลตำแหน่ง Bounding Box และชนิดของวัตถุในรูปแบบ JSON ในการนำข้อมูลไปใช้งานร่วมกับโมเดล YOLO11m ผู้วิจัยได้ทำการแปลงข้อมูลจาก

COCO format เป็น YOLO format ซึ่งเป็นรูปแบบที่ใช้ระบุตำแหน่งของ Bounding Box ด้วยค่าพิกัดแบบ normalized ได้แก่ ค่าจุดกึ่งกลางของกรอบ (x_center, y_center) และขนาดของกรอบ (width, height) เทียบกับขนาดของภาพ

หลังจากการคัดเลือกและแปลงข้อมูลเรียบร้อยแล้ว ผู้วิจัยได้ทำการแบ่งชุดข้อมูลออกเป็น 3 ส่วน ได้แก่ ชุดข้อมูลสำหรับฝึกสอนโมเดล (Training Set) ชุดข้อมูลสำหรับตรวจสอบความถูกต้องระหว่างการฝึก (Validation Set) และชุดข้อมูลสำหรับทดสอบประสิทธิภาพของโมเดล (Test Set) เพื่อใช้ในการประเมินความสามารถของโมเดล YOLO11m ในการตรวจจับและจำแนกชนิดเซลล์เม็ดเลือดขาวจากภาพกล้องจุลทรรศน์ได้อย่างมีประสิทธิภาพและแม่นยำ

5.2 การพัฒนาและฝึกสอนโมเดล

5.2.1 สถาปัตยกรรมของโมเดล

ในโครงงานนี้ได้เลือกใช้โมเดล YOLO11m สำหรับงานตรวจจับวัตถุ (Object Detection) เพื่อใช้ในการตรวจจับและจำแนกชนิดของเซลล์เม็ดเลือดขาวจากภาพกล้องจุลทรรศน์ เนื่องจาก YOLO (You Only Look Once) เป็นสถาปัตยกรรมที่มีประสิทธิภาพสูงด้านความเร็วและความแม่นยำในการตรวจจับวัตถุ โดยสามารถประมวลผลภาพและระบุตำแหน่งของวัตถุได้ภายในขั้นตอนเดียว ส่งผลให้เหมาะสมกับงานวิเคราะห์ภาพทางการแพทย์ที่ต้องการความรวดเร็วและความแม่นยำในการตรวจจับเซลล์

โมเดล YOLO11m เป็นหนึ่งในโมเดลขนาดกลาง (Medium Model) ของตระกูล YOLO11 ซึ่งได้รับการออกแบบให้มีความสมดุลระหว่างประสิทธิภาพในการตรวจจับและการใช้ทรัพยากรในการประมวลผล โดยโครงสร้างของโมเดลประกอบด้วยส่วนสำคัญ ได้แก่ Backbone, Neck และ Detection Head ซึ่งทำหน้าที่แตกต่างกันในกระบวนการตรวจจับวัตถุ

ในส่วนของ Backbone ทำหน้าที่สกัดคุณลักษณะสำคัญ (Feature Extraction) จากภาพนำเข้า เพื่อเรียนรู้ลักษณะเด่นของเซลล์แต่ละชนิด ขณะที่ส่วน Neck ทำหน้าที่รวมข้อมูลคุณลักษณะจากหลายระดับความละเอียด เพื่อช่วยให้โมเดลสามารถตรวจจับวัตถุได้ทั้งขนาดเล็กและขนาดใหญ่ ส่วน Detection Head มีหน้าที่ทำนายตำแหน่งของ Bounding Box พร้อมทั้งจำแนกชนิดของเซลล์ในแต่ละตำแหน่งของภาพ

สำหรับการฝึกสอน ได้กำหนดขนาดภาพนำเข้าเท่ากับ 640 × 640 พิกเซล เพื่อให้เหมาะสมกับการทำงานของโมเดล YOLO11m และช่วยให้โมเดลสามารถเรียนรู้รายละเอียดของเซลล์ในภาพได้อย่างมีประสิทธิภาพ

5.2.2 การฝึกสอนโมเดล

ในการฝึกสอนโมเดลตรวจจับวัตถุ ผู้วิจัยได้ใช้ชุดข้อมูลภาพเซลล์เม็ดเลือดขาวที่ผ่านกระบวนการเตรียมข้อมูลและแปลงให้อยู่ในรูปแบบ YOLO format โดยกำหนดขนาดภาพนำเข้าเป็น 640 × 640 พิกเซล และทำการฝึกสอนโมเดลด้วยจำนวนรอบการฝึก (Epoch) ทั้งหมด 100 รอบ เพื่อให้โมเดลสามารถเรียนรู้ลักษณะและตำแหน่งของเซลล์ได้อย่างเพียงพอ

ระหว่างกระบวนการฝึกสอน โมเดลจะทำการเรียนรู้ทั้งการระบุตำแหน่งของ Bounding Box และการจำแนกชนิดของเซลล์เม็ดเลือดขาวทั้ง 5 ชนิด ได้แก่ Basophil, Eosinophil, Lymphocyte, Monocyte และ Neutrophil พร้อมกันภายในขั้นตอนเดียว ซึ่งเป็นลักษณะเด่นของสถาปัตยกรรม YOLO ที่ช่วยเพิ่มความรวดเร็วในการประมวลผล

นอกจากนี้ ได้ใช้ชุดข้อมูล Validation ในการตรวจสอบประสิทธิภาพของโมเดลระหว่างการฝึกสอน เพื่อประเมินความสามารถในการเรียนรู้และลดปัญหา Overfitting ที่อาจเกิดขึ้นจากการจดจำข้อมูลฝึกสอนมากเกินไป หลังจากเสร็จสิ้นกระบวนการฝึกสอน โมเดลจะถูกนำไปประเมินผลด้วยชุดข้อมูลทดสอบ (Test Set) โดยใช้ตัวชี้วัดมาตรฐานสำหรับงานตรวจจับวัตถุ ได้แก่ Precision, Recall, F1-Score และ Mean Average Precision (mAP) เพื่อวิเคราะห์ประสิทธิภาพของโมเดลในการตรวจจับและจำแนกชนิดเซลล์เม็ดเลือดขาวได้อย่างถูกต้องและมีประสิทธิภาพต่อไป

5.3 ผลการทดสอบโมเดลและอภิปรายผล

ในการทดสอบประสิทธิภาพของโมเดลตรวจจับและจำแนกชนิดของเซลล์เม็ดเลือดขาว ผู้วิจัยได้ประเมินผลด้วยตัวชี้วัด ได้แก่ Precision, Recall, mAP@50 และ mAP@50-95 เพื่อวิเคราะห์ความสามารถของโมเดลในการตรวจจับวัตถุและจำแนกประเภทของเซลล์ในภาพ โดยผลการทดสอบดังแสดงรายละเอียดในตารางที่ 5.1

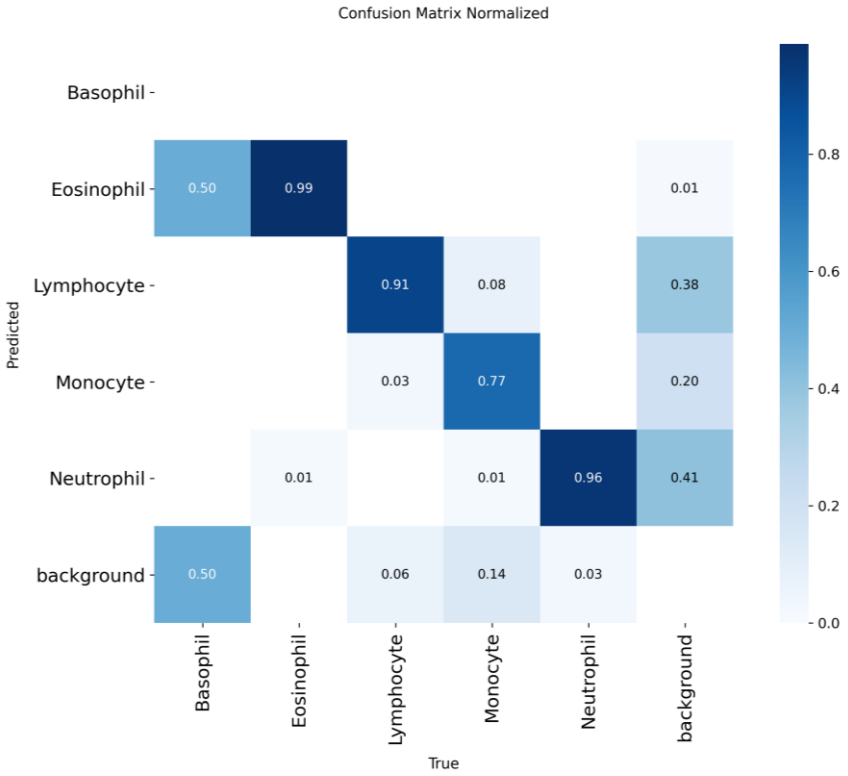
ตารางที่ 5.1 ผลลัพธ์การทดสอบโมเดลตรวจจับวัตถุ YOLO11m ด้วยชุดข้อมูลทดสอบ

ชนิดของเซลล์	Performance Metrics (%)			
	Precision	Recall	mAP@50	mAP@50-95
ทั้งหมด	64.7	92.1	77.5	67.7
เซลล์เบโซฟิล (Basophil)	48.4	100.0	49.7	49.7
เซลล์อีโอซิโนฟิล (Eosinophil)	83.5	97.3	94.5	75.8
เซลล์ลิมโฟไซต์ (Lymphocyte)	74.1	89.7	87.9	76.1
เซลล์โมโนไซต์ (Monocyte)	50.70	77.7	66.1	58.0
เซลล์นิวโทรฟิล (Neutrophil)	66.8	98.34	89.5	75.2

จากผลการทดสอบพบว่า โมเดลมีค่า Recall รวมสูงถึง 92.1% แสดงให้เห็นว่าโมเดลสามารถตรวจจับเซลล์ที่อยู่ภายในภาพได้อย่างครบถ้วนและมีโอกาสพลาดการตรวจจับต่ำ ขณะที่ค่า Precision รวมอยู่ที่ 64.7% ซึ่งสะท้อนว่าโมเดลยังมีการทำนายผิดบางส่วนในบางชนิดเซลล์ เมื่อพิจารณาเป็นรายชนิดเซลล์ พบว่าเซลล์อีโอซิโนฟิล (Eosinophil) มีประสิทธิภาพสูงที่สุด โดยมีค่า Precision เท่ากับ 83.5% และค่า mAP@50 เท่ากับ 94.5% แสดงให้เห็นว่าโมเดลสามารถแยกแยะลักษณะของเซลล์ชนิดนี้ได้อย่างแม่นยำ นอกจากนี้ เซลล์ลิมโฟไซต์ (Lymphocyte) และเซลล์นิวโทรฟิล (Neutrophil) ยังมีค่า mAP@50 สูงกว่า 85% ซึ่งบ่งชี้ว่าโมเดลมีประสิทธิภาพที่ดีในการตรวจจับเซลล์ทั้งสองชนิด

อย่างไรก็ตาม เซลล์เบโซฟิล (Basophil) และเซลล์โมโนไซต์ (Monocyte) มีค่า Precision และ mAP ต่ำกว่าเซลล์ชนิดอื่น โดยเฉพาะเซลล์เบโซฟิลที่มีค่า Precision เพียง 48.4% แม้ว่าจะมีค่า Recall สูงถึง 100% ซึ่งอาจเกิดจากจำนวนข้อมูลของเซลล์ชนิดนี้มีน้อย ทำให้โมเดลเกิดการทำนายเกิน (False Positive) ได้ง่าย ส่งผลให้ความแม่นยำโดยรวมลดลง โมเดลสามารถตรวจจับและจำแนกชนิดของเซลล์เม็ดเลือดขาวได้ในระดับที่ดี โดยเฉพาะการตรวจจับเซลล์ส่วนใหญ่

ในภาพ อย่างไรก็ตาม ยังควรปรับปรุงคุณภาพและปริมาณข้อมูลของบางคลาส เพื่อเพิ่มความแม่นยำในการจำแนกและลดความผิดพลาดของโมเดลในอนาคต

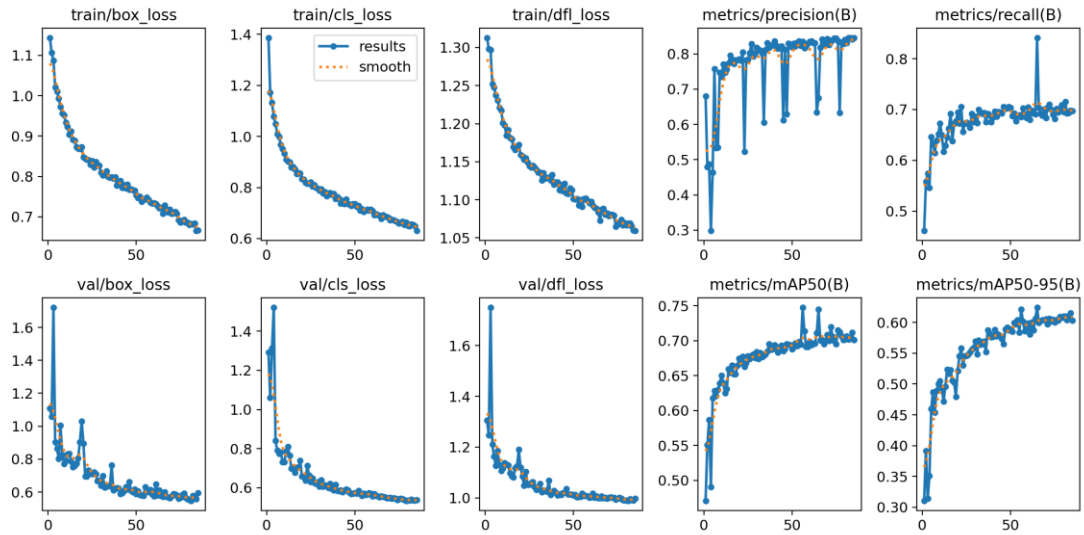


ภาพที่ 5.2 Confusion Matrix Normalized ของชุดทดสอบโมเดล YOLO11m

จาก Confusion Matrix Normalized ดังแสดงรายละเอียดในภาพที่ 5.2 พบว่าโมเดลสามารถจำแนกเซลล์เม็ดเลือดขาวส่วนใหญ่ได้อย่างถูกต้อง โดยค่าบนแนวทแยงมุมของเมทริกซ์แสดงถึงสัดส่วนการจำแนกที่ถูกต้องของแต่ละชนิดเซลล์ ซึ่งเซลล์นิวโทรฟิล (Neutrophil) มีค่าการจำแนกถูกต้องสูงที่สุดที่ 0.96 รองลงมาคือเซลล์ลิมโฟไซต์ (Lymphocyte) ที่ 0.91 และเซลล์โมโนไซต์ (Monocyte) ที่ 0.77 แสดงให้เห็นว่าโมเดลสามารถเรียนรู้ลักษณะเฉพาะของเซลล์ทั้งสามชนิดได้ค่อนข้างดี

สำหรับเซลล์อีโอซิโนฟิล (Eosinophil) พบว่ามีค่าการจำแนกถูกต้องสูงมากที่ 0.99 แสดงว่าโมเดลสามารถแยกแยะเซลล์ชนิดนี้ได้อย่างแม่นยำ อย่างไรก็ตาม ยังมีความสับสนเล็กน้อยกับคลาสอื่นและพื้นหลัง (background) ในบางกรณี ในขณะที่เซลล์เบโซฟิล (Basophil) มีค่าการจำแนกถูกต้องเพียง 0.50 ซึ่งต่ำกว่าเซลล์ชนิดอื่น สะท้อนว่าโมเดลยังมีข้อจำกัดในการเรียนรู้ลักษณะของเซลล์ชนิดนี้ โดยอาจเกิดจากจำนวนข้อมูลที่มีน้อยหรือมีลักษณะใกล้เคียงกับคลาสอื่น ส่งผลให้เกิด

การจำแนกผิดและทำนายเป็น background ในบางส่ว นอกจากนี้ ยังพบว่ามีบางกรณีที่โมเดลสับสนระหว่างเซลล์โมโนไซต์ (Monocyte) และเซลล์ลิมโฟไซต์ (Lymphocyte) รวมถึงมีการทำนายวัตถุเป็น background ซึ่งแสดงถึงความคล้ายคลึงของลักษณะเซลล์ในภาพ และอาจได้รับผลกระทบจากคุณภาพของข้อมูลหรือความแตกต่างของขนาดและรูปร่างเซลล์ โมเดลมีประสิทธิภาพที่ดีในการจำแนกเซลล์เม็ดเลือดขาวส่วนใหญ่ โดยเฉพาะเซลล์อีโอซิโนฟิล ลิมโฟไซต์ และนิวโทรฟิล แต่ยังควรปรับปรุงประสิทธิภาพในการจำแนกเซลล์เบโซฟิลและลดความสับสนระหว่างบางคลาส เพื่อเพิ่มความแม่นยำของโมเดลในอนาคต



ภาพที่ 5.3 กราฟผลลัพธ์การฝึกของโมเดล YOLO11m

จากกราฟผลการฝึกสอนโมเดล (Training Results) ดังแสดงรายละเอียดในภาพที่ 5.3 พบว่า ค่า train/box_loss, train/cls_loss และ train/dfl_loss มีแนวโน้มลดลงอย่างต่อเนื่องตามจำนวนรอบการฝึก (epoch) แสดงให้เห็นว่าโมเดลสามารถเรียนรู้และปรับปรุงความสามารถในการตรวจจับตำแหน่งวัตถุและจำแนกประเภทของเซลล์ได้ดีขึ้นอย่างต่อเนื่อง นอกจากนี้ค่า validation loss ทั้ง val/box_loss, val/cls_loss และ val/dfl_loss ก็มีแนวโน้มลดลงในลักษณะเดียวกัน สะท้อนว่าโมเดลไม่มีปัญหา Overfitting อย่างชัดเจน และสามารถนำความรู้ไปใช้กับข้อมูลที่ไม่เคยเห็นได้ในระดับที่ดี

ในส่วนของค่าประเมินประสิทธิภาพ พบว่า Precision เพิ่มขึ้นอย่างรวดเร็วในช่วงต้นของการฝึกและคงที่อยู่ประมาณ 0.80–0.85 แสดงว่าโมเดลมีความแม่นยำในการทำนายวัตถุค่อนข้างสูง แม้ว่าจะมีความผันผวนในบางช่วงของการฝึก ขณะที่ Recall มีแนวโน้มเพิ่มขึ้นอย่างต่อเนื่องจนอยู่ที่ประมาณ 0.70 แสดงว่าโมเดลสามารถตรวจจับวัตถุได้ครอบคลุมมากขึ้นเมื่อจำนวน epoch

เพิ่มขึ้น สำหรับค่า mAP@50 และ mAP@50-95 พบว่ามีแนวโน้มเพิ่มขึ้นอย่างต่อเนื่องตลอดการฝึก โดยค่า mAP@50 มีค่าประมาณ 0.70 และค่า mAP@50-95 อยู่ที่ประมาณ 0.60 ในช่วงท้ายของการฝึก สะท้อนว่าโมเดลมีประสิทธิภาพในการตรวจจับวัตถุและกำหนดตำแหน่งกรอบวัตถุได้ค่อนข้างดี แม้ในเงื่อนไข IoU ที่เข้มงวดมากขึ้น

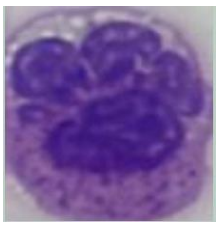
อย่างไรก็ตาม จากกราฟยังพบความผันผวนของค่า Precision และ Validation Loss ในบางช่วง ซึ่งอาจเกิดจากจำนวนข้อมูลฝึกที่จำกัด หรือความแตกต่างของลักษณะเซลล์ในแต่ละคลาส ทำให้โมเดลยังมีความไม่เสถียรในบางรอบการฝึก แต่โดยรวมแล้วแนวโน้มของกราฟทั้งหมดแสดงให้เห็นว่าโมเดลสามารถเรียนรู้ได้ดีและมีประสิทธิภาพเหมาะสมสำหรับงานตรวจจับและจำแนกชนิดเซลล์เม็ดเลือดขาว

บทที่ 6
การพัฒนาโมเดลจำแนกภาพ

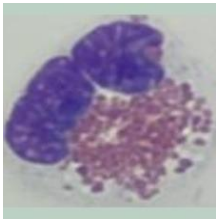
6.1 การเตรียมและแบ่งชุดข้อมูล

ชุดข้อมูลทั้งหมดประกอบด้วยภาพเซลล์เม็ดเลือดขาวจำนวน 15,848 ภาพ ซึ่งถูกสกัดออกมาจากภาพต้นฉบับที่อยู่ในรูปแบบ Multi-class Object Detection กล่าวคือ ภาพต้นฉบับหนึ่งภาพสามารถประกอบด้วยเซลล์ได้มากกว่าหนึ่งชนิด ภายในแต่ละภาพมีการกำหนดตำแหน่งของเซลล์ด้วย Bounding Box พร้อมระบุชนิดของเซลล์ในรูปแบบ COCO Format

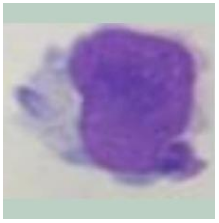
สำหรับการพัฒนาโมเดลจำแนกภาพ (Image Classification) ได้ทำการดึงภาพเซลล์แต่ละชนิดออกจากภาพต้นฉบับตามตำแหน่ง Bounding Box ที่กำหนดไว้ เพื่อสร้างชุดข้อมูลภาพเซลล์แบบรายเซลล์ (Single-cell Images) จากนั้นจึงปรับขนาดภาพเป็น 224 × 224 พิกเซล เพื่อให้เหมาะสมกับสถาปัตยกรรมของโมเดลจำแนกภาพที่ใช้ในการทดลอง ในขั้นตอนการปรับขนาดภาพ ได้มีการรักษาสัดส่วนเดิมของเซลล์ไว้ (Aspect Ratio Preservation) และเติมพื้นที่ว่าง (Padding) ด้วยสีที่ใกล้เคียงกับพื้นหลังของของเหลวในร่างกาย ดังแสดงรายละเอียดในภาพที่ 3 [21] เพื่อให้ภาพทั้งหมดมีขนาดและรูปแบบมาตรฐานเดียวกัน รวมทั้งช่วยลดผลกระทบจากการบิดเบือนรูปร่างของเซลล์ที่อาจส่งผลต่อประสิทธิภาพของโมเดล



เบโซฟิล

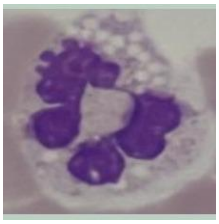


อีโอซิโนฟิล



ลิมโฟไซต์

โมโนไซต์



นิวโทรฟิล

ภาพที่ 6.1 เซลล์เม็ดเลือดขาว 5 ชนิด

ชุดข้อมูลสำหรับงานจำแนกภาพประกอบด้วยเซลล์เม็ดเลือดขาวจำนวน 5 ชนิด ได้แก่ เซลล์เบโซฟิล (Basophil), เซลล์อีโอซิโนฟิล (Eosinophil), เซลล์ลิมโฟไซต์ (Lymphocyte), เซลล์โมโนไซต์ (Monocyte) และเซลล์นิวโทรฟิล (Neutrophil) โดยกำหนดให้แต่ละคลาสมีจำนวนภาพเท่ากันจำนวน 3,000 ภาพ รวมทั้งสิ้น 15,000 ภาพ เพื่อให้ข้อมูลมีความสมดุลระหว่างแต่ละคลาสและลดปัญหาความไม่สมดุลของข้อมูล (Class Imbalance) ที่อาจส่งผลต่อประสิทธิภาพของโมเดลในการเรียนรู้ ในกรณีที่คลาสใดมีจำนวนภาพมากกว่า 3,000 ภาพ จะใช้เทคนิค Random Under-sampling เพื่อสุ่มเลือกข้อมูลบางส่วนให้เหลือจำนวนตามที่กำหนด ขณะที่คลาสที่มีจำนวนภาพน้อยกว่า 3,000 ภาพ จะใช้เทคนิคการเพิ่มปริมาณข้อมูล (Data Augmentation) เช่น การหมุนภาพ (Rotation) การสะท้อนภาพ (Flip) และการปรับค่าความสว่าง (Brightness Adjustment) เพื่อเพิ่มจำนวนข้อมูลให้เพียงพอและช่วยเพิ่มความหลากหลายของชุดข้อมูล ดังแสดงรายละเอียดในตารางที่ 6.1

ตารางที่ 6.1 เปรียบเทียบจำนวนข้อมูลแต่ละคลาสก่อนและหลังการปรับสมดุล

ลำดับ	ชนิดเซลล์	จำนวนข้อมูลก่อนและหลังการปรับสมดุล (ภาพ)	
		ก่อน	หลัง
1	เซลล์เบโซฟิล (Basophil)	9	3,000
2	เซลล์อีโอซิโนฟิล (Eosinophil)	399	3,000
3	เซลล์ลิมโฟไซต์ (Basophil)	7,468	3,000
4	เซลล์โมโนไซต์ (Basophil)	2,084	3,000
5	เซลล์นิวโทรฟิล (Basophil)	5,868	3,000

หลังจากการเตรียมข้อมูลได้ทำการแบ่งชุดข้อมูลออกเป็น 3 ส่วน ได้แก่ ชุดข้อมูลสำหรับฝึกสอนโมเดล (Training Set) ชุดข้อมูลสำหรับตรวจสอบความถูกต้องระหว่างการฝึก (Validation Set) และชุดข้อมูลสำหรับทดสอบประสิทธิภาพของโมเดล (Test Set) เพื่อใช้ในการประเมินความสามารถของโมเดลในการเรียนรู้และการทำนายข้อมูลที่ไม่เคยพบมาก่อนได้อย่างมีประสิทธิภาพในการแบ่งข้อมูลได้กำหนดสัดส่วนของข้อมูลออกเป็น ชุดข้อมูลสำหรับฝึกสอนและตรวจสอบความถูกต้องรวม 80% และชุดข้อมูลสำหรับทดสอบ 20% ของข้อมูลทั้งหมด จากนั้นนำข้อมูลในส่วนของ Training Set จำนวน 80% มาแบ่งย่อยออกเป็น ชุดข้อมูลสำหรับฝึกสอนโมเดล (Training Set) 70% และชุดข้อมูลสำหรับตรวจสอบความถูกต้อง (Validation Set) 30% เพื่อใช้ในการติดตามประสิทธิภาพของโมเดลระหว่างการฝึกและช่วยลดปัญหาการเกิด Overfitting ของโมเดล

6.2 การพัฒนาและฝึกสอนโมเดล

6.2.1 สถาปัตยกรรมของโมเดล

ในโครงงานนี้ ได้เลือกใช้สถาปัตยกรรม MobileNetV3 สำหรับงานจำแนกภาพเซลล์เม็ดเลือดขาว เนื่องจากเป็นโมเดลที่มีประสิทธิภาพสูงในการประมวลผลภาพ และถูกออกแบบมาให้มีจำนวนพารามิเตอร์ไม่มาก ส่งผลให้ใช้ทรัพยากรในการคำนวณต่ำและสามารถฝึกสอนได้รวดเร็วเมื่อเปรียบเทียบกับโมเดลเชิงลึกขนาดใหญ่ อีกทั้งยังคงสามารถรักษาความแม่นยำในการจำแนกภาพได้ดี เหมาะสำหรับการประยุกต์ใช้งานด้านการแพทย์และระบบที่ต้องการประมวลผลแบบมีประสิทธิภาพ

โครงสร้างหลักของ MobileNetV3 ประกอบด้วยการใช้ Depthwise Separable Convolution ซึ่งช่วยลดจำนวนพารามิเตอร์และลดภาระในการคำนวณ รวมถึงมีการนำเทคนิค Squeeze-and-Excitation (SE) และ Hard-Swish Activation Function มาใช้เพื่อเพิ่มประสิทธิภาพในการเรียนรู้คุณลักษณะสำคัญของภาพ ส่งผลให้โมเดลสามารถดึงลักษณะเด่นของเซลล์แต่ละชนิดได้อย่างมีประสิทธิภาพ

นอกจากนี้ยังได้ทำการปรับแต่งส่วน Classification Head ของโมเดลเพิ่มเติม เพื่อให้เหมาะสมกับชุดข้อมูลเซลล์เม็ดเลือดขาวจำนวน 5 คลาส โดยส่วน Classification Head ประกอบด้วยชั้น Fully Connected Layer ร่วมกับเทคนิค Batch Normalization และ Dropout เพื่อช่วยลดปัญหา Overfitting และเพิ่มเสถียรภาพในการเรียนรู้ของโมเดล ก่อนส่งผลลัพธ์เข้าสู่ชั้น Softmax สำหรับจำแนกชนิดเซลล์

6.2.2 การฝึกสอนโมเดล

ในการฝึกสอนโมเดล ได้ใช้ชุดข้อมูลภาพเซลล์ที่ผ่านกระบวนการเตรียมข้อมูลและปรับขนาดเป็น 224 × 224 พิกเซล โดยกำหนดจำนวนรอบการฝึกสอน (Epoch) ทั้งหมด 100 รอบ และใช้ค่า Batch Size เท่ากับ 128 เพื่อให้โมเดลสามารถเรียนรู้ข้อมูลได้อย่างมีประสิทธิภาพและเหมาะสมกับทรัพยากรในการประมวลผล ระหว่างกระบวนการฝึกสอน มีการใช้เทคนิค Early Stopping เพื่อป้องกันปัญหา Overfitting โดยระบบจะทำการตรวจสอบค่าความสูญเสีย (Validation Loss) ของชุดข้อมูล Validation หากค่าดังกล่าวไม่ลดลงต่อเนื่องตามจำนวนรอบที่กำหนด โมเดลจะหยุดการฝึกสอนโดยอัตโนมัติ และเลือกใช้ค่าน้ำหนักของโมเดลที่ให้ผลลัพธ์ดีที่สุดในระหว่างการฝึก

นอกจากนี้ ในขั้นตอนการฝึกสอนยังมีการใช้เทคนิค Batch Normalization และ Dropout ภายในส่วน Custom Classification Head เพื่อช่วยเพิ่มเสถียรภาพของโมเดล ลดความแปรปรวนของข้อมูลระหว่างการเรียนรู้ และลดโอกาสเกิด Overfitting ส่งผลให้โมเดลสามารถเรียนรู้คุณลักษณะของเซลล์แต่ละชนิดได้ดีขึ้น หลังจากเสร็จสิ้นกระบวนการฝึกสอน โมเดลจะถูกนำไป

ประเมินประสิทธิภาพด้วยชุดข้อมูลทดสอบ (Test Set) โดยใช้ตัวชี้วัดต่าง ๆ ได้แก่ Accuracy, Precision, Recall, F1-Score และ Confusion Matrix เพื่อวิเคราะห์ความสามารถของโมเดลในการจำแนกชนิดเซลล์เม็ดเลือดขาวได้อย่างถูกต้องและมีประสิทธิภาพต่อไป

6.3 ผลการทดสอบโมเดลและอภิปรายผล

หลังจากเสร็จสิ้นกระบวนการฝึกสอนโมเดล ได้ทำการประเมินประสิทธิภาพของโมเดลด้วยชุดข้อมูลทดสอบ (Test Set) เพื่อวิเคราะห์ความสามารถในการจำแนกชนิดของเซลล์เม็ดเลือดขาวทั้ง 5 ชนิด ได้แก่ เซลล์เบโซฟิล (Basophil), เซลล์อีโอซิโนฟิล (Eosinophil), เซลล์ลิมโฟไซต์ (Lymphocyte), เซลล์โมโนไซต์ (Monocyte) และเซลล์นิวโทรฟิล (Neutrophil) โดยใช้ตัวชี้วัดมาตรฐาน ได้แก่ Accuracy, Precision, Recall และ F1-Score เพื่อประเมินความถูกต้อง ความแม่นยำ และความสามารถในการตรวจจับของโมเดลในแต่ละคลาส ดังแสดงในตารางที่ X.X

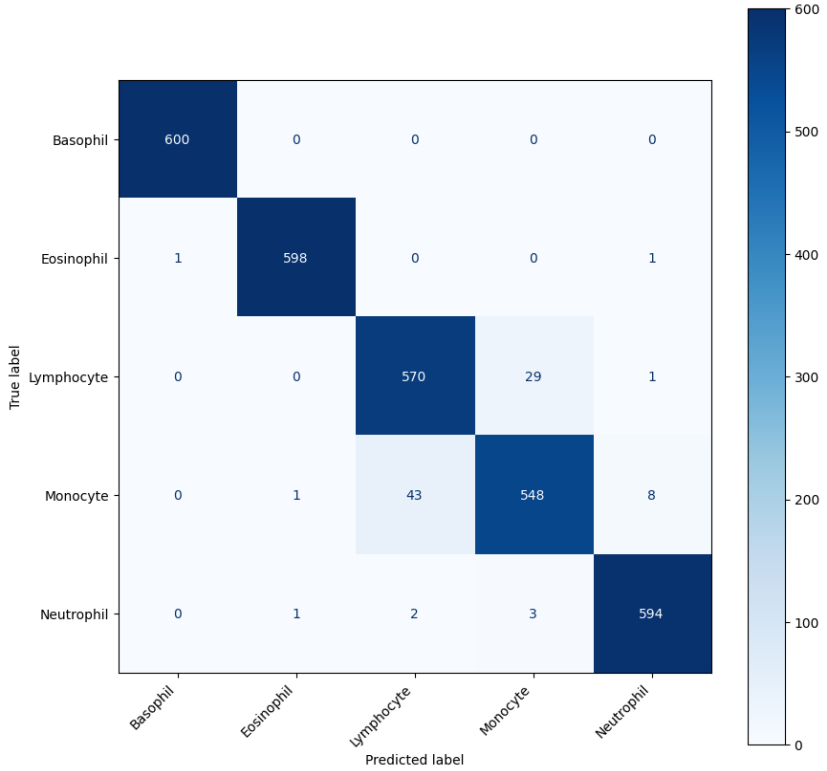
ตารางที่ 6.2 ผลลัพธ์การทดสอบโมเดลจำแนกภาพ MobileNetV3 ด้วยชุดข้อมูลทดสอบ

ชนิดเซลล์	Performance Metrics (%)			
	Accuracy	Precision	Recall	F1-score
เซลล์เบโซฟิล (Basophil)	97.00	99.83	100.00	99.92
เซลล์อีโอซิโนฟิล (Eosinophil)		99.67	99.67	99.67
เซลล์ลิมโฟไซต์ (Lymphocyte)		92.68	95.00	93.28
เซลล์โมโนไซต์ (Monocyte)		94.48	91.33	92.88
เซลล์นิวโทรฟิล (Neutrophil)		98.34	99.00	98.67
Average		**97.00**	**97.00**	**96.99**

จากผลการทดสอบพบว่า โมเดลมีประสิทธิภาพในการจำแนกเซลล์เม็ดเลือดขาวโดยรวมอยู่ในระดับสูง โดยมีค่า Accuracy เฉลี่ยเท่ากับร้อยละ 97.00 และมีค่า Precision, Recall

และ F1-Score เฉลี่ยเท่ากับร้อยละ 97.00, 97.00 และ 96.99 ตามลำดับ แสดงให้เห็นว่าโมเดลสามารถจำแนกชนิดของเซลล์ได้อย่างมีประสิทธิภาพและมีความสมดุลระหว่างความแม่นยำและความครอบคลุมในการตรวจจับ

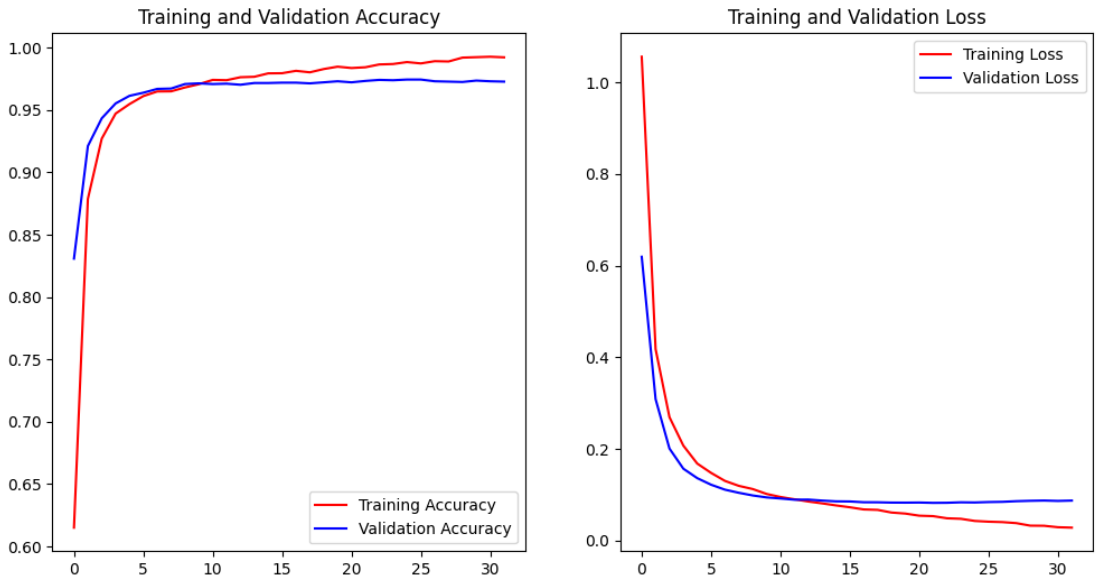
เมื่อพิจารณารายคลาส พบว่าเซลล์เบโซฟิล (Basophil) ให้ผลลัพธ์ดีที่สุด โดยมีค่า F1-Score เท่ากับ 99.92 รองลงมาคือเซลล์นิวโทรฟิล (Neutrophil) ที่มีค่า F1-Score เท่ากับ 98.67 ซึ่งสะท้อนว่าโมเดลสามารถเรียนรู้ลักษณะเฉพาะของเซลล์ทั้งสองชนิดได้อย่างแม่นยำ ในขณะที่เซลล์ลิมโฟไซต์ (Lymphocyte) มีค่า F1-Score ต่ำที่สุดอยู่ที่ 93.28 ซึ่งอาจเกิดจากลักษณะทางสัณฐานวิทยาของเซลล์ที่มีความใกล้เคียงกับเซลล์ชนิดอื่น หรือมีความหลากหลายของลักษณะเซลล์ภายในชุดข้อมูล ส่งผลให้โมเดลเกิดความสับสนในการจำแนกบางกรณี อย่างไรก็ตาม ค่าประสิทธิภาพที่ได้ยังถือว่าอยู่ในระดับที่ดีและเหมาะสมต่อการนำไปประยุกต์ใช้ในระบบวิเคราะห์ภาพเซลล์ทางการแพทย์ต่อไป



ภาพที่ 6.2 Confusion Matrix ของชุดข้อมูลทดสอบสำหรับโมเดล MobileNetV3

นอกจากนี้ ยังได้ทำการประเมินผลการจำแนกประเภทของโมเดลด้วย Confusion Matrix เพื่อวิเคราะห์ความสามารถในการจำแนกเซลล์เม็ดเลือดขาวแต่ละชนิดอย่างละเอียด โดยผลลัพธ์แสดงให้เห็นว่าโมเดลสามารถจำแนกเซลล์ส่วนใหญ่ได้อย่างถูกต้อง ซึ่งค่าที่อยู่บนแนวทแยงมุมของเมทริกซ์มีจำนวนสูง แสดงถึงจำนวนตัวอย่างที่โมเดลทำนายได้ตรงกับชนิดจริงของเซลล์

จากผลการทดลอง พบว่าเซลล์เบโซฟิล (Basophil) สามารถจำแนกได้ถูกต้องทั้งหมด จำนวน 600 ตัวอย่าง โดยไม่เกิดความสับสนกับคลาสอื่น ขณะที่เซลล์อีโอซิโนฟิล (Eosinophil) และนิวโทรฟิล (Neutrophil) ก็มีผลการจำแนกที่แม่นยำสูงเช่นกัน โดยมีจำนวนการทำนายผิดเพียงเล็กน้อย อย่างไรก็ตาม พบว่าโมเดลมีความสับสนระหว่างเซลล์ลิมโฟไซต์ (Lymphocyte) และโมโนไซต์ (Monocyte) มากที่สุด โดยมีตัวอย่างของเซลล์ลิมโฟไซต์จำนวน 29 ตัวอย่างที่ถูกทำนายเป็นโมโนไซต์ และมีเซลล์โมโนไซต์จำนวน 43 ตัวอย่างที่ถูกทำนายเป็นลิมโฟไซต์ ซึ่งอาจเกิดจากลักษณะทางสัณฐานวิทยาของเซลล์ทั้งสองชนิดที่มีความใกล้เคียงกันในบางกรณี ทำให้โมเดลแยกความแตกต่างได้ยาก ถึงแม้ว่าจะมีความคลาดเคลื่อนในบางคลาส แต่โดยรวมผลลัพธ์จาก Confusion Matrix แสดงให้เห็นว่าโมเดลมีประสิทธิภาพในการจำแนกเซลล์เม็ดเลือดขาวได้ดี และมีศักยภาพเพียงพอสำหรับนำไปประยุกต์ใช้ในระบบช่วยวิเคราะห์ภาพทางการแพทย์ต่อไป



ภาพที่ 6.3 กราฟแสดงค่า Accuracy และ Loss ของโมเดล

จากกราฟผลการฝึกสอนโมเดล พบว่าค่า Training Accuracy และ Validation Accuracy มีแนวโน้มเพิ่มขึ้นอย่างต่อเนื่องในช่วงต้นของการฝึกสอน และเริ่มคงที่เมื่อจำนวน Epoch เพิ่มขึ้น โดยค่า Accuracy ของชุดฝึกสอนมีค่าสูงสุดประมาณ 99% ขณะที่ค่า Validation Accuracy อยู่ที่ประมาณ 97% แสดงให้เห็นว่าโมเดลสามารถเรียนรู้รูปแบบข้อมูลได้อย่างมีประสิทธิภาพและให้ผลลัพธ์ที่ดีบนข้อมูลที่ไม่เคยเห็นมาก่อน

ในส่วนของค่า Loss พบว่าทั้ง Training Loss และ Validation Loss ลดลงอย่างรวดเร็วในช่วงต้นของการฝึกสอน ก่อนจะค่อย ๆ ลดลงและมีแนวโน้มคงที่เมื่อเข้าสู่ Epoch หลัง ๆ ซึ่งสะท้อนว่าโมเดลสามารถปรับค่าพารามิเตอร์ให้เหมาะสมกับข้อมูลได้อย่างต่อเนื่อง นอกจากนี้ ค่า Validation Loss ไม่ได้เพิ่มสูงขึ้นอย่างผิดปกติเมื่อเทียบกับ Training Loss แสดงว่าโมเดลไม่เกิดปัญหา Overfitting อย่างรุนแรง และยังสามารถ generalize กับข้อมูลใหม่ได้ในระดับที่ดี อย่างไรก็ตาม ในช่วงท้ายของการฝึกสอนพบว่าค่า Training Accuracy ยังคงเพิ่มขึ้นเล็กน้อย ขณะที่ Validation Accuracy เริ่มทรงตัว และค่า Validation Loss มีแนวโน้มคงที่ ซึ่งอาจบ่งชี้ว่าโมเดลเริ่มเข้าสู่จุดอิ่มตัวของการเรียนรู้ (Convergence) ทำให้การเพิ่มจำนวน Epoch มากกว่านี้อาจไม่ได้ช่วยเพิ่มประสิทธิภาพของโมเดลอย่างมีนัยสำคัญ

บทที่ 7
การพัฒนาเว็บแอปพลิเคชัน

7.1 ภาพรวมของระบบเว็บแอปพลิเคชัน

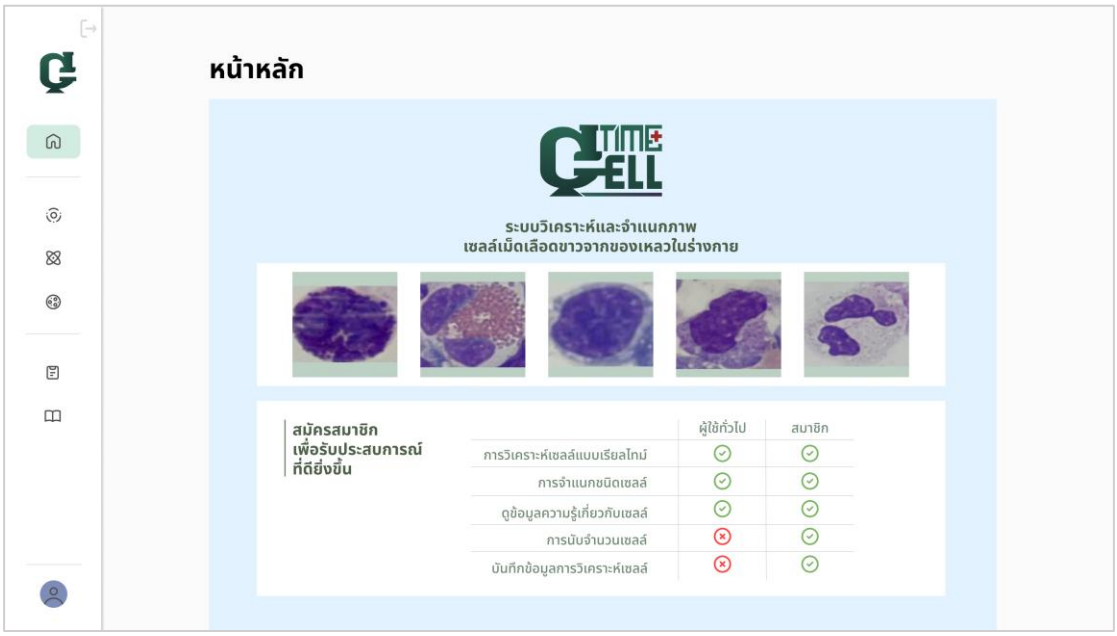
Time Cell เป็นเว็ปแอปพลิเคชันสำหรับวิเคราะห์และจำแนกชนิดเซลล์เม็ดเลือดขาวจากของเหลวในร่างกาย ได้รับการออกแบบมาเพื่อสนับสนุนการทำงานของบุคลากรทางการแพทย์ ระบบประกอบด้วยองค์ประกอบหลักจำนวนสี่ส่วน ซึ่งทำงานร่วมกันในลักษณะบูรณาการ ดังนี้

1. ส่วนติดต่อผู้ใช้ (Frontend) พัฒนาด้วยเฟรมเวิร์ก React.js ทำหน้าที่แสดงผลและรับข้อมูลจากผู้ใช้ โดยเน้นความเป็นมิตรต่อผู้ใช้และรองรับการใช้งานบนหลายอุปกรณ์ (Responsive Web Design)
2. ส่วนประมวลผลกลาง (Backend) พัฒนาด้วย Node.js ทำหน้าที่จัดการการทำงานของระบบ การประมวลผลคำร้องขอ (requests) การยืนยันตัวตน ตลอดจนการสื่อสารระหว่างองค์ประกอบต่าง ๆ ภายในระบบ
3. ระบบปัญญาประดิษฐ์ (AI Service) พัฒนาด้วยภาษา Python และใช้เฟรมเวิร์ก Fast API ทำหน้าที่ในการนำโมเดลการตรวจจับวัตถุ (Object Detection) และโมเดลการจำแนกภาพ (Image Classification) มาใช้สำหรับการตรวจจับ วิเคราะห์ และจำแนกชนิดของเซลล์เม็ดเลือดขาวจากของเหลวในร่างกาย
4. ระบบฐานข้อมูล (Database) ใช้ฐานข้อมูล MySQL สำหรับจัดเก็บข้อมูลผู้ใช้งาน และประวัติการใช้งาน

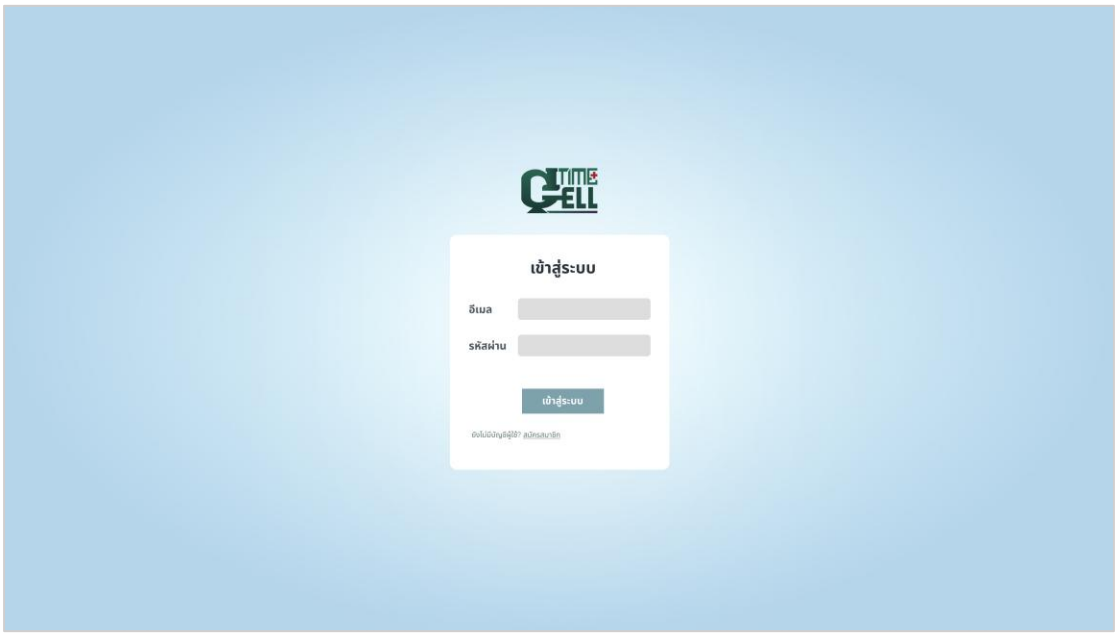
ทั้งสี่องค์ประกอบถูกนำมาดำเนินการภายในสภาพแวดล้อมแบบคอนเทนเนอร์ผ่าน Docker ซึ่งช่วยให้ระบบสามารถติดตั้ง บำรุงรักษา และปรับขยายได้สะดวก รวมถึงเพิ่มความเสถียรและความสม่ำเสมอของการทำงานในสภาพแวดล้อมต่าง ๆ

7.2 การพัฒนาส่วนติดต่อผู้ใช้งาน (UX/UI)

เว็บแอปพลิเคชัน Time Cell มีการออกแบบส่วนติดต่อผู้ใช้งาน (User Interface) ให้มีความเรียบง่าย และรองรับการใช้งานบนอุปกรณ์ที่หลากหลาย (Responsive Design) นอกจากนี้ระบบรองรับการใช้งาน 2 ภาษา ได้แก่ ภาษาไทยและภาษาอังกฤษ และรองรับการใช้ธีม Dark Mode และ Light Mode ตามความต้องการของผู้ใช้งาน ดังแสดงรายละเอียดในภาพที่ 7.1 – 7.7

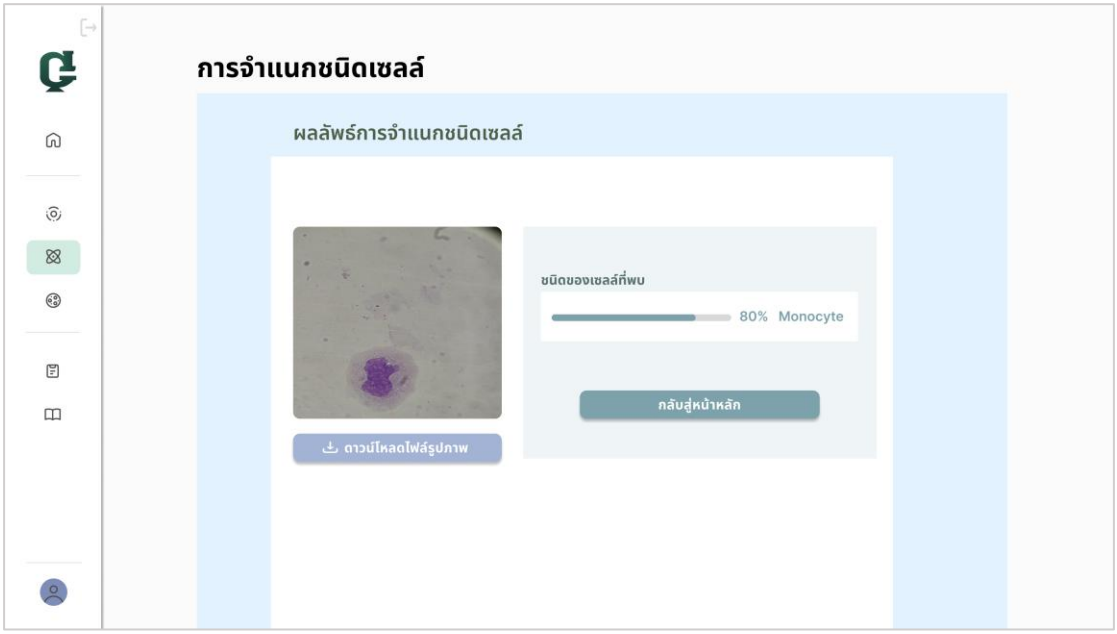


ภาพที่ 7.1 การออกแบบหน้าจอส่วนติดต่อผู้ใช้งานของหน้าหลัก



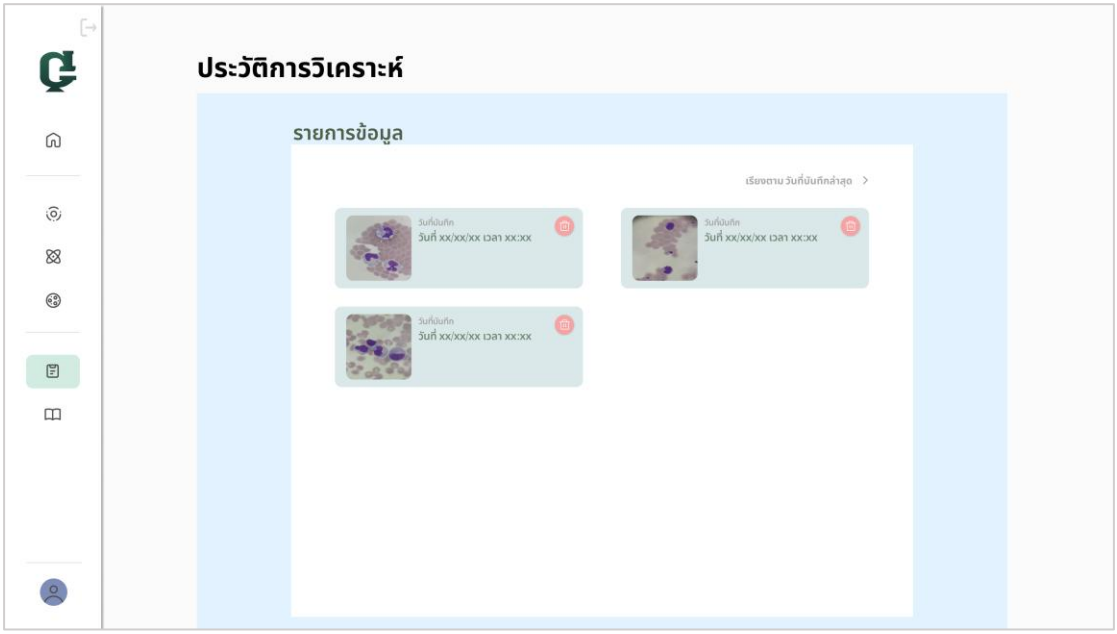
ภาพที่ 7.2 การออกแบบหน้าจอส่วนติดต่อผู้ใช้งานของหน้าเข้าสู่ระบบ

ภาพที่ 7.3 การออกแบบส่วนติดต่อผู้ใช้งานของหน้าการวิเคราะห์เซลล์แบบเรียลไทม์



ภาพที่ 7.4 การออกแบบหน้าจอส่วนติดต่อผู้ใช้งานของหน้าการจำแนกชนิดเซลล์

ภาพที่ 7.5 การออกแบบหน้าจอส่วนติดต่อผู้ใช้งานของหน้าการนับจำนวนเซลล์



ภาพที่ 7.6 การออกแบบหน้าจอส่วนติดต่อผู้ใช้งานของหน้าประวัติการวิเคราะห์

ภาพที่ 7.7 การออกแบบหน้าจอส่วนติดต่อผู้ใช้งานของหน้าความรู้เกี่ยวกับเซลล์

7.3 การออกแบบระบบ

7.3.1 การออกแบบส่วนติดต่อผู้ใช้ (Frontend)

เว็บแอปพลิเคชัน Time Cell พัฒนาส่วนติดต่อผู้ใช้ (Frontend) ด้วยเฟรมเวิร์ค React.js เพื่อใช้สร้างส่วนติดต่อผู้ใช้งาน (User Interface) ในรูปแบบเว็บแอปพลิเคชันที่สามารถใช้งานผ่านเว็บเบราว์เซอร์ ภายในระบบมีการใช้ React Router สำหรับจัดการเส้นทางการทำงานของแต่ละหน้า และมีการเชื่อมต่อส่วนประมวลผลกลาง (Backend) และระบบปัญญาประดิษฐ์ (AI Service) ผ่าน REST API เพื่อรับส่งข้อมูลระหว่างระบบ ส่วนติดต่อผู้ใช้ (Frontend) ประกอบด้วยหน้าการใช้งานหลัก ดังนี้

1. หน้าหลัก
2. หน้าเข้าสู่ระบบ
3. หน้าการวิเคราะห์เซลล์แบบเรียลไทม์
4. หน้าการจำแนกชนิดเซลล์
5. หน้าการนับจำนวนเซลล์
6. หน้าประวัติการวิเคราะห์
7. หน้าความรู้เกี่ยวกับเซลล์

7.3.2 การออกแบบส่วนประมวลผลกลาง (Backend)

เว็บแอปพลิเคชัน Time Cell พัฒนาส่วนประมวลผลกลาง (Backend) ด้วย Node.js เพื่อรองรับการประมวลผลข้อมูล การจัดการ API และการเชื่อมต่อกับระบบปัญญาประดิษฐ์ (AI Service)สำหรับการวิเคราะห์ภาพเซลล์ ส่วนประมวลผลกลาง (Backend) ประกอบด้วยหน้าที่หลัก ดังนี้

1. รับคำขอ (Request) จากส่วนติดต่อผู้ใช้ (Frontend) ผ่าน REST API และตรวจสอบสิทธิ์ด้วย JWT (JSON Web Token)
2. จัดการข้อมูลผู้ใช้งาน ได้แก่ การสมัครสมาชิก การเข้าสู่ระบบ และการแก้ไขข้อมูลส่วนตัว
3. ส่งต่อการวิเคราะห์เซลล์ไปยังระบบปัญญาประดิษฐ์ (AI Service) เพื่อดำเนินการประมวลผล จากนั้นรับผลลัพธ์กลับมาที่ส่วนติดต่อผู้ใช้ (Frontend)

7.3.3 การออกแบบระบบปัญญาประดิษฐ์ (AI Service)

เว็บแอปพลิเคชัน Time Cell พัฒนาส่วนระบบปัญญาประดิษฐ์ (AI Service) ด้วยภาษา Python และใช้เฟรมเวิร์ก Fast API เพื่อรองรับการใช้งานโมเดลการเรียนรู้เชิงลึก (Deep Learning) ในการวิเคราะห์และจำแนกชนิดเซลล์ ระบบปัญญาประดิษฐ์ (AI Service) ประกอบด้วยหน้าที่หลัก ดังนี้

1. เรียกใช้โมเดลการตรวจจับวัตถุ (Object Detection) สำหรับการวิเคราะห์เซลล์แบบเรียลไทม์ และการนับจำนวนเซลล์
2. เรียกใช้โมเดลการจำแนกภาพ (Image Classification) สำหรับการจำแนกชนิดเซลล์

7.3.4 การออกแบบระบบฐานข้อมูล (Database)

เว็บแอปพลิเคชัน Time Cell ใช้ฐานข้อมูล MySQL เวอร์ชัน 8 สำหรับจัดเก็บข้อมูลผู้ใช้งาน และประวัติการใช้งาน โดยประกอบไปด้วย 2 ตารางหลัก ได้แก่ ตาราง users และ ตาราง history โดยมีรายละเอียดดังนี้

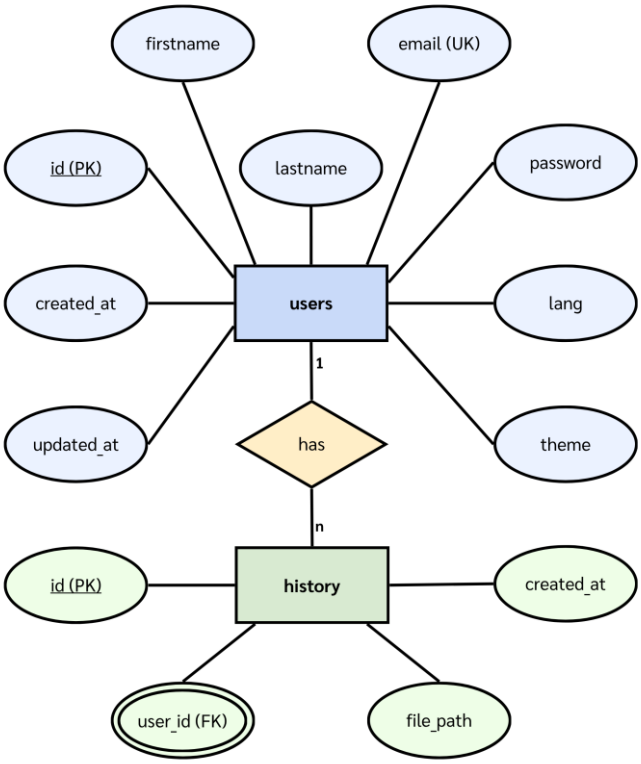
ตารางที่ 7.1 ตารางฐานข้อมูล users

Attribute	Data Type	Description
id	INT AUTO_INCREMENT	รหัสผู้ใช้งาน (Primary Key)
firstname	VARCHAR(100)	ชื่อจริงของผู้ใช้งาน
lastname	VARCHAR(100)	นามสกุลของผู้ใช้งาน
email	VARCHAR(255) UNIQUE	อีเมลสำหรับเข้าสู่ระบบ
password	VARCHAR(255)	รหัสผ่านที่เข้ารหัสด้วย bcrypt
lang	VARCHAR(5)	ภาษาที่ใช้งาน (th/en)
theme	VARCHAR(10)	รูปแบบธีม (light/dark)
created_at	TIMESTAMP	วันที่สร้างบัญชี
updated_at	TIMESTAMP	วันที่แก้ไขข้อมูลล่าสุด

ตารางที่ 7.2 ตารางฐานข้อมูล history

Attribute	Data Type	Description
id	INT AUTO_INCREMENT	รหัสประวัติ (Primary Key)
user_id	INT (FK)	รหัสผู้ใช้งาน อ้างอิงจากตาราง users
file_path	VARCHAR(500)	Path ของไฟล์ PDF บน Server
created_at	TIMESTAMP	วันที่บันทึกผลการวิเคราะห์

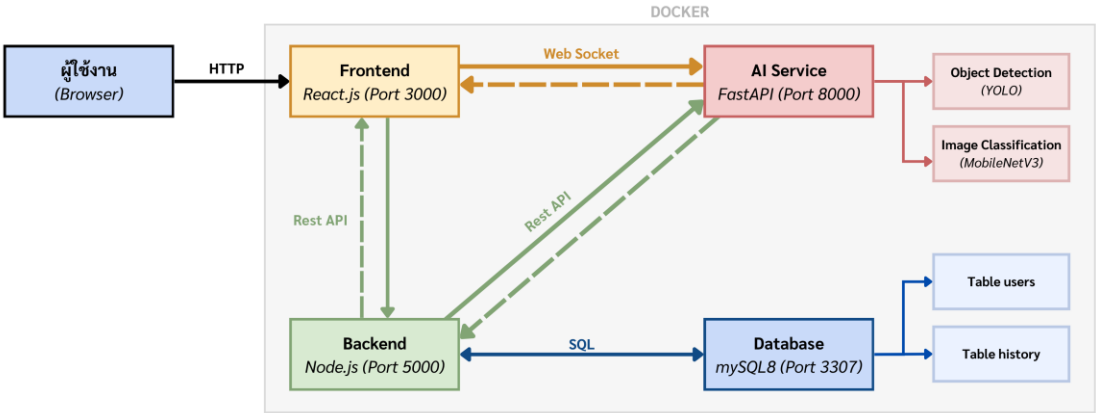
จากตารางที่ 7.1 และ ตารางที่ 7.2 ตาราง history มีความสัมพันธ์แบบ Many-to-One กับตาราง users กล่าวคือ ผู้ใช้งาน 1 คนสามารถมีประวัติการวิเคราะห์ได้หลายรายการ (1 : N) โดยใช้ Foreign Key user_id และกำหนด ON DELETE CASCADE เพื่อให้ข้อมูลประวัติถูกลบโดยอัตโนมัติเมื่อบัญชีผู้ใช้ถูกลบออกจากระบบ โดยสามารถแสดงรายละเอียดในรูปแบบ ER Diagram ได้ดังภาพที่ 7.8



ภาพที่ 7.8 แผนภาพ Entity-Relationship (ER Diagram)

7.3.5 การเชื่อมต่อระบบ

เว็บแอปพลิเคชัน Time Cell มีการออกแบบการเชื่อมต่อระบบในรูปแบบ Microservices Architecture โดยแต่ละ Service ทำหน้าที่เฉพาะและสื่อสารกันภายใน Docker Network ดังแสดงรายละเอียดในภาพที่ 7.9



ภาพที่ 7.9 แผนภาพการเชื่อมต่อระบบของเว็บแอปพลิเคชัน Time Cell

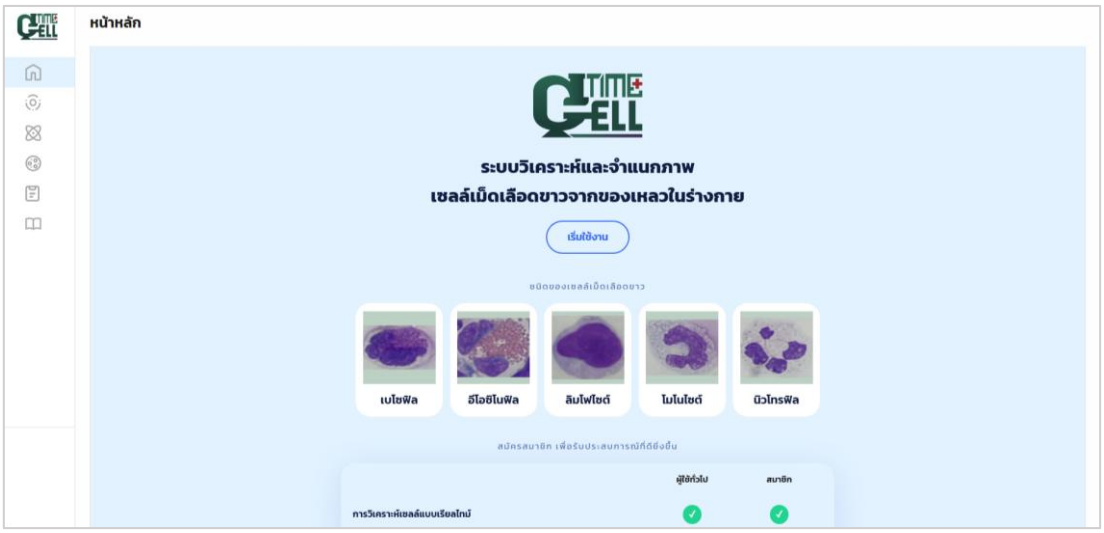
จากภาพที่ 7.9 สามารถอธิบายรายละเอียดได้ดังนี้

1. ส่วนติดต่อผู้ใช้ (Frontend) ดำเนินการที่ Port 3000 โดยมีการส่งคำขอไปยังส่วนประมวลผลกลาง (Backend) ผ่าน REST API และส่งข้อมูลสำหรับวิเคราะห์เซลล์ไปยังระบบปัญญาประดิษฐ์ (AI Service) ผ่าน Web Socket
2. ส่วนประมวลผลกลาง (Backend) ดำเนินการที่ Port 5000 โดยมีการเชื่อมต่อกับระบบฐานข้อมูล (Database) ผ่าน SQL
3. ระบบปัญญาประดิษฐ์ (AI Service) ดำเนินการที่ Port 8000
4. ระบบฐานข้อมูล (Database) ดำเนินการที่ Port 3307
5.

7.4 การพัฒนาเว็บแอปพลิเคชัน Time Cell

7.4.1 หน้าหลัก

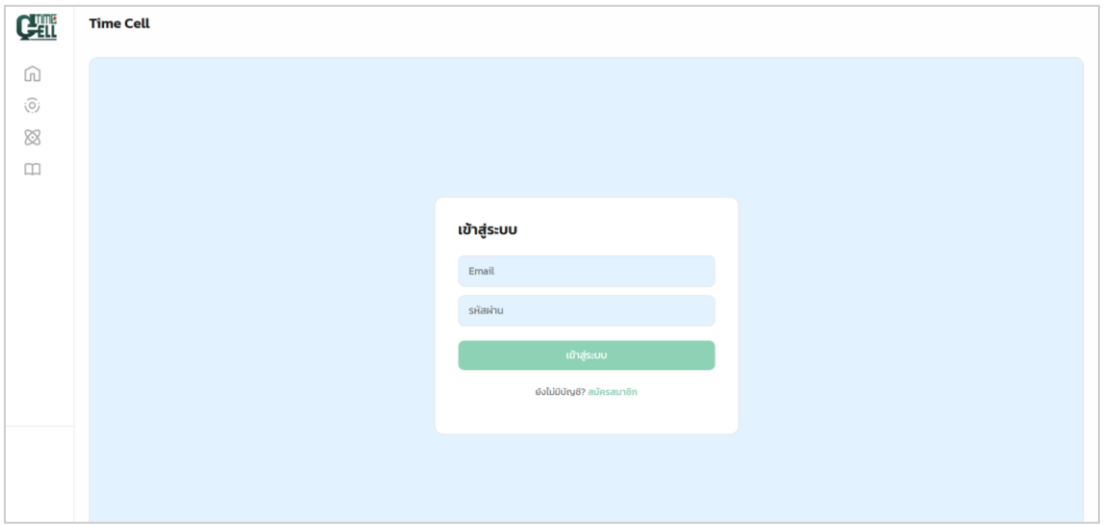
หน้าหลัก เป็นหน้าแรกที่ผู้ใช้งานพบเมื่อเข้าสู่เว็บไซต์ ประกอบด้วยเมนูบาร์ทางด้านซ้ายสำหรับนำทางไปยังหน้าต่าง ๆ ของระบบ ส่วนเนื้อหาหลักมีการแนะนำฟีเจอร์การใช้งานของเว็บแอปพลิเคชัน Time Cell เบื้องต้น และมีการเชิญชวนให้สมัครสมาชิกเพื่อใช้งานฟีเจอร์เต็มรูปแบบ ดังแสดงรายละเอียดในภาพที่ 7.10



ภาพที่ 7.10 หน้าจอส่วนติดต่อผู้ใช้งานของหน้าหลัก

7.4.2 หน้าเข้าสู่ระบบ

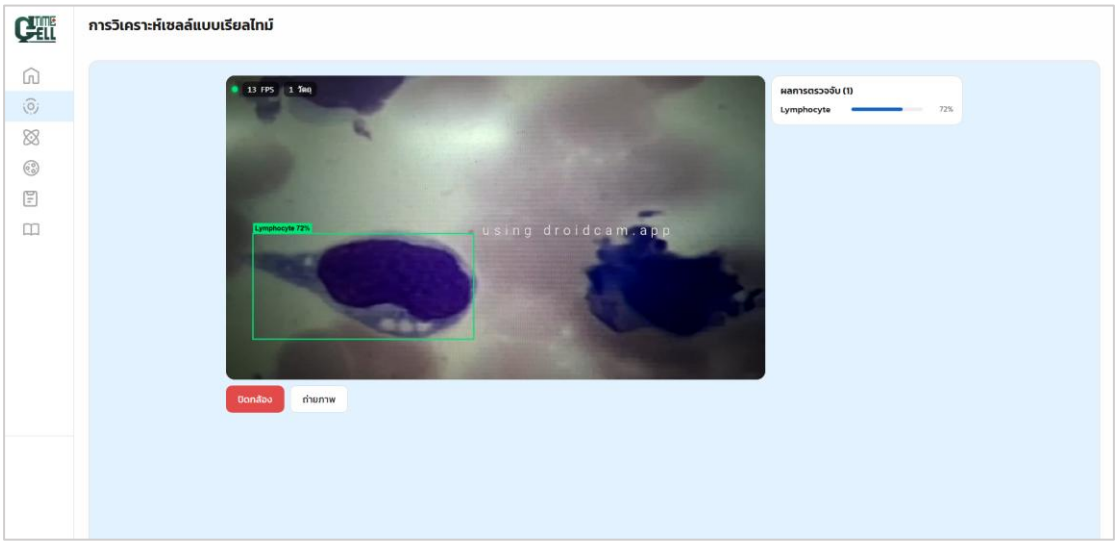
ในการเข้าสู่ระบบ ผู้ใช้งานจำเป็นต้องกรอกอีเมลและรหัสผ่านเพื่อยืนยันตัวตน ในกรณีที่ยังไม่มีบัญชีผู้ใช้ ผู้ใช้งานสามารถกดปุ่มสมัครสมาชิกเพื่อทำการสมัครสมาชิกได้ โดยต้องกรอกชื่อจริง นามสกุล อีเมล และรหัสผ่าน หลังจากนั้นระบบจะทำการตรวจสอบว่าอีเมลไม่ซ้ำกับที่มีอยู่แล้ว และทำการเข้ารหัสรหัสผ่านก่อนบันทึกลงฐานข้อมูล ดังแสดงรายละเอียดในภาพที่ 7.11



ภาพที่ 7.11 หน้าจอส่วนติดต่อผู้ใช้งานของหน้าเข้าสู่ระบบ

7.4.3 หน้าการวิเคราะห์เซลล์แบบเรียลไทม์

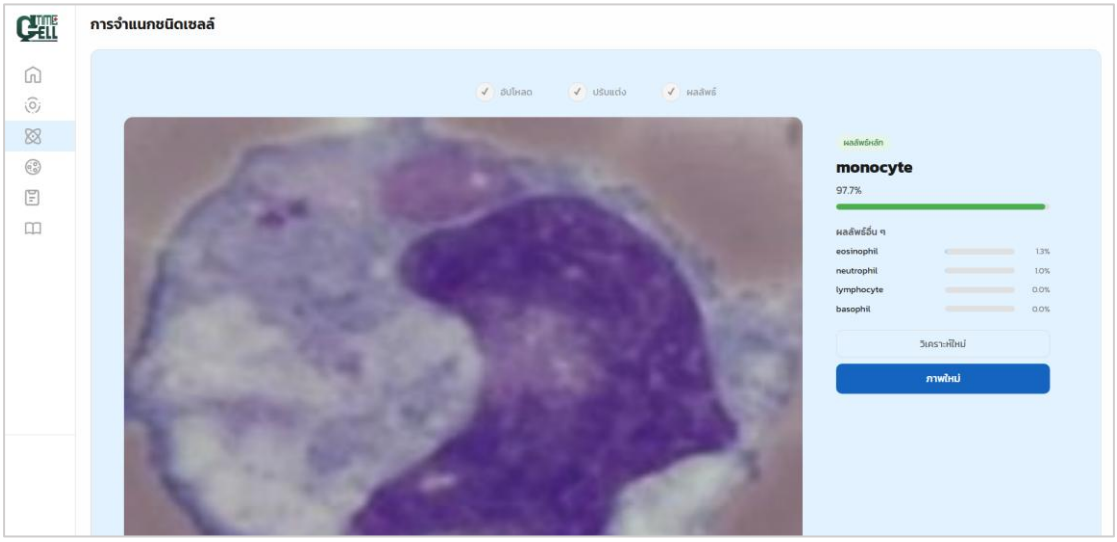
หน้าการวิเคราะห์เซลล์แบบเรียลไทม์ ออกแบบมาสำหรับการใช้งานในสถานการณ์จริง เช่น การนำกล้องโทรศัพท์มือถือจ่อไปที่กล้องจุลทรรศน์ โดยผู้ใช้งานต้องกดปุ่มเปิดกล้องเพื่อให้ระบบเข้าถึงกล้องถ่ายภาพของอุปกรณ์ จากนั้นระบบปัญญาประดิษฐ์จะทำการตรวจจับเซลล์โดยอัตโนมัติ และมีการแสดงผล Bounding Box พร้อมทั้งระบุชนิดเซลล์บนหน้าจอแบบเรียลไทม์ ดังแสดงรายละเอียดในภาพที่ 7.12



ภาพที่ 7.12 หน้าจอส่วนติดต่อผู้ใช้งานของหน้าการวิเคราะห์เซลล์แบบเรียลไทม์

7.4.4 หน้าการจำแนกชนิดเซลล์

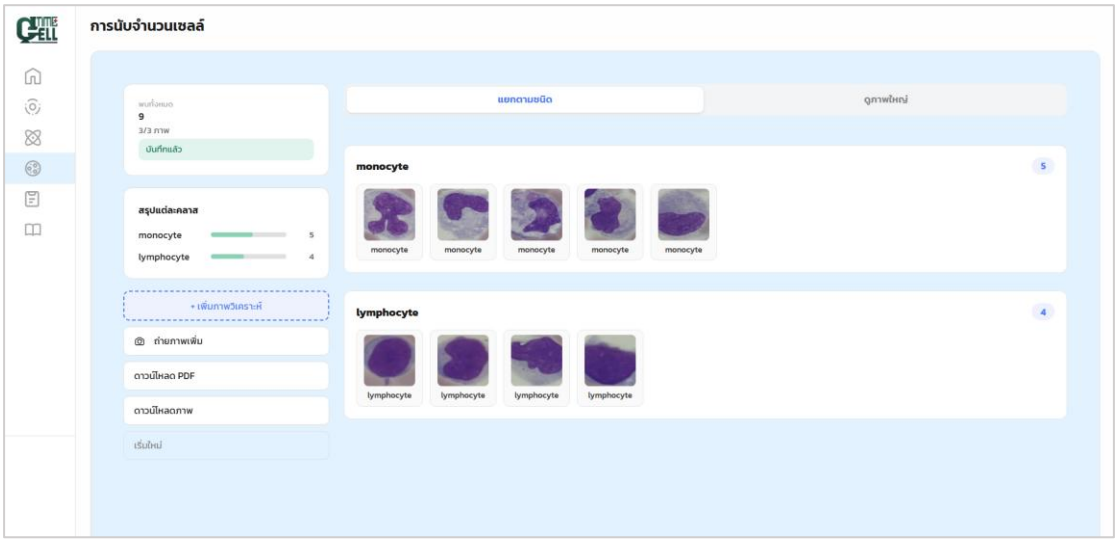
หน้าการจำแนกชนิดเซลล์ ออกแบบมาสำหรับการวิเคราะห์ภาพเซลล์ใดเซลล์หนึ่งอย่างละเอียด โดยเมื่อผู้ใช้งานทำการถ่ายภาพหรือนำเข้าภาพถ่ายเข้ามาหนึ่งภาพ ระบบมีเครื่องมือให้ผู้ใช้งานสามารถตัดภาพ (Crop) เพื่อโฟกัสไปที่เซลล์ที่ต้องการวิเคราะห์โดยเฉพาะ หรือปรับแต่งภาพเพิ่มเติมเพื่อให้ได้ภาพที่ชัดเจนก่อนส่งไปให้ระบบปัญญาประดิษฐ์ดำเนินการวิเคราะห์ ผลลัพธ์ที่ได้จะระบุว่าเซลล์ในภาพเป็นเซลล์ชนิดใด พร้อมแสดงค่าความมั่นใจ (Confidence Score) เป็นเปอร์เซ็นต์ เพื่อให้ผู้ใช้ประเมินความน่าเชื่อถือของผลลัพธ์ ดังแสดงรายละเอียดในภาพที่ 7.13



ภาพที่ 7.13 หน้าจอส่วนติดต่อผู้ใช้งานของหน้าการจำแนกชนิดเซลล์

7.4.5 หน้าการนับจำนวนเซลล์

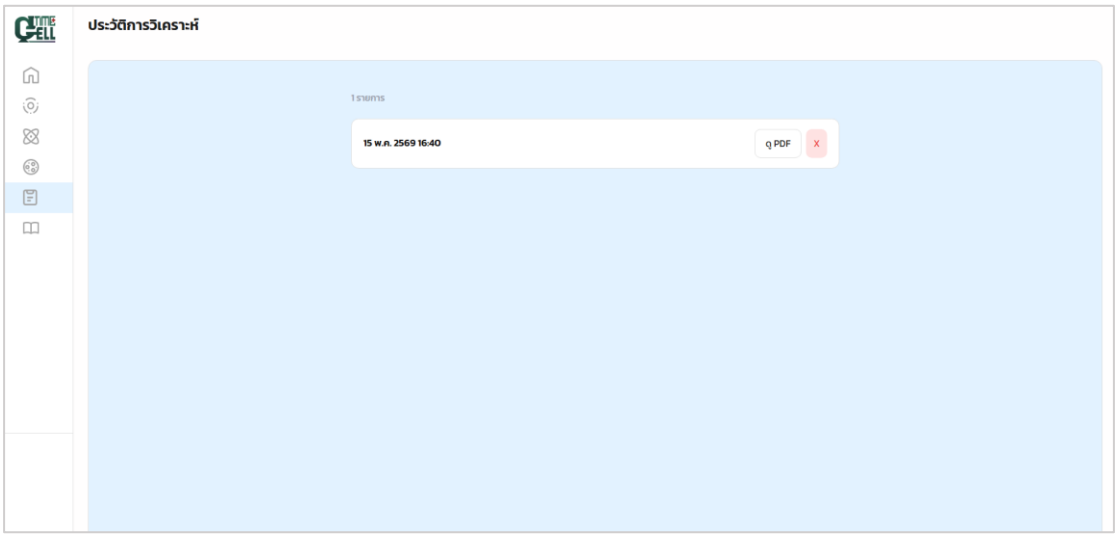
หน้าการนับจำนวนเซลล์ ออกแบบมาสำหรับงานที่ต้องการวิเคราะห์ภาพหลายรูปพร้อมกัน เช่น การตรวจนับจำนวนเซลล์จากทั้งสไลด์ โดยผู้ใช้งานสามารถถ่ายภาพ หรือนำเข้าภาพถ่ายได้หลายภาพ จากนั้นระบบปัญญาประดิษฐ์จะทำการประมวลผล และแสดงผลลัพธ์สรุปจำนวนเซลล์ทั้งหมดที่พบแยกตามชนิดเซลล์ ผู้ใช้สามารถดูภาพต้นฉบับที่มี Bounding Box ระบุตำแหน่งเซลล์ รวมถึงสามารถดาวน์โหลดรายงานสรุปเป็นไฟล์ PDF โดยในรายงานจะประกอบไปด้วยตารางสรุปผลจำนวนเซลล์ที่พบเป็นเปอร์เซ็นต์ และแสดงภาพเซลล์ทั้งหมดที่พบแยกตามชนิดเซลล์ ดังแสดงรายละเอียดในภาพที่ 7.14



ภาพที่ 7.14 หน้าจอส่วนติดต่อผู้ใช้งานของหน้าการนับจำนวนเซลล์

7.4.6 หน้าประวัติการวิเคราะห์

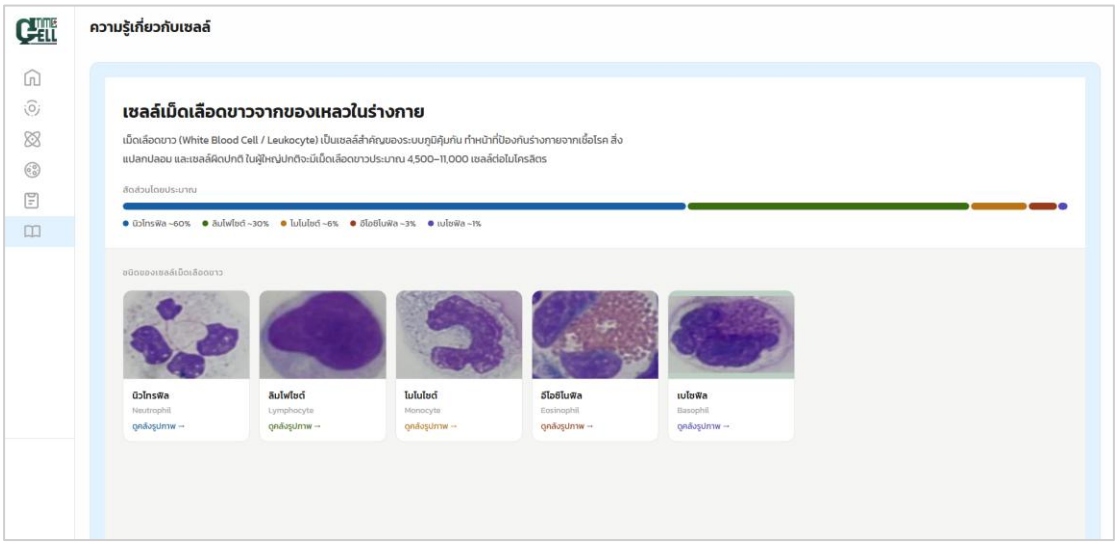
หน้าประวัติการวิเคราะห์ แสดงรายการผลการวิเคราะห์ทั้งหมดของผู้ใช้งานในรูปแบบ PDF เรียงลำดับจากล่าสุดไปเก่าสุด โดยแต่ละรายการจะมีการแสดงวันที่และเวลาที่ทำการวิเคราะห์ ผู้ใช้งานสามารถเปิดดูรายงาน หรือลบรายการที่ไม่ต้องการออกจากระบบได้ ดังแสดงรายละเอียดในภาพที่ 7.15



ภาพที่ 7.15 หน้าจอส่วนติดต่อผู้ใช้งานของหน้าประวัติการวิเคราะห์

7.4.7 หน้าความรู้เกี่ยวกับเซลล์

หน้าความรู้เกี่ยวกับเซลล์ เป็นคลังความรู้เกี่ยวกับเซลล์เม็ดเลือดขาวชนิดต่าง ๆ หน้าหลักแสดงรายการเซลล์เม็ดเลือดขาวที่พบได้ในของเหลวในร่างกายทั้งหมด 5 ชนิด โดยเมื่อผู้ใช้กดเข้าไปที่เซลล์ชนิดใดชนิดหนึ่ง จะเข้าสู่คลังรูปภาพที่รวบรวมภาพตัวอย่างของเซลล์ชนิดนั้น เหมาะสำหรับใช้เป็นแหล่งอ้างอิงในการศึกษาลักษณะของเซลล์แต่ละชนิดอย่างละเอียด ดังแสดงรายละเอียดในภาพที่ 7.16



ภาพที่ 7.16 หน้าจอส่วนติดต่อผู้ใช้งานของหน้าความรู้เกี่ยวกับเซลล์

7.5 การทดสอบระบบ

การทดสอบเว็บแอปพลิเคชัน Time Cell ได้ดำเนินการกับกลุ่มผู้ใช้งานจำนวน 10 คน ซึ่งเป็นนักศึกษาเทคนิคการแพทย์ โดยผู้ใช้งานทำการเชื่อมต่อกล้องโทรศัพท์มือถือเข้ากับเลนส์กล้องจุลทรรศน์เพื่อใช้งานระบบในสภาพแวดล้อมจริง และทดลองใช้งานฟังก์ชันต่าง ๆ ของระบบเพื่อประเมินความถูกต้อง ประสิทธิภาพ และความเหมาะสมในการใช้งานจริง

การทดสอบประกอบด้วยการทดสอบการทำงานของระบบ (Functional Testing) และการทดสอบการยอมรับของผู้ใช้งาน (User Acceptance Testing: UAT) โดยหลังจากผู้ใช้งานทดลองใช้งานฟังก์ชันต่าง ๆ ของระบบเรียบร้อยแล้ว ผู้ใช้งานจะทำแบบประเมินความพึงพอใจผ่าน Google Form เพื่อนำผลการประเมินมาวิเคราะห์และใช้ในการปรับปรุงระบบต่อไป

7.5.1 Functional Testing

การทดสอบ Functional Testing เป็นการทดสอบการทำงานของฟังก์ชันต่าง ๆ ภายในเว็บแอปพลิเคชัน Time Cell ว่าสามารถทำงานได้ถูกต้องตามที่ออกแบบไว้หรือไม่ โดยผู้ใช้งานทั้ง 10 คน ได้ทดลองใช้งานฟังก์ชันหลักของระบบ ได้แก่ การอัปโหลดภาพเดี่ยว การอัปโหลดหลายภาพ การแสดงผลลัพธ์การตรวจจับเซลล์ การบันทึกผลลัพธ์เป็นไฟล์ PDF และการใช้งานระบบแบบเรียลไทม์ผ่านกล้องจุลทรรศน์ รวมถึงการทดสอบระยะเวลาการตอบสนองของระบบในการประมวลผลภาพและการนับจำนวนเซลล์ เพื่อประเมินประสิทธิภาพในการใช้งานจริง

ตารางที่ 7.3 ผลการทดสอบการทำงานของเว็บแอปพลิเคชัน Time Cell

ลำดับ	ฟังก์ชันที่ทดสอบ	ผลการทดสอบ (สำเร็จ/ทั้งหมด)	สถานะ
1	อัปโหลดภาพเดี่ยว	10/10	ผ่าน
2	การแสดงผลลัพธ์จากภาพเดี่ยว	10/10	ผ่าน
3	การอัปโหลดหลายภาพ	10/10	ผ่าน
4	การแสดงผลลัพธ์จากหลายภาพ	10/10	ผ่าน
5	การบันทึกผลลัพธ์การนับจำนวนชนิดเซลล์เป็นไฟล์ PDF	10/10	ผ่าน
6	การใช้งานระบบแบบเรียลไทม์ (เปิดกล้อง)	10/10	ผ่าน
7	การตอบสนองต่อการประมวลนับจำนวนเซลล์	6.4 วินาที	ผ่าน
8	การตอบสนองต่อการประมวลรูปเดี่ยว	0.8 วินาที	ผ่าน

จากผลการทดสอบการทำงานของระบบ ดังแสดงรายละเอียดในตารางที่ 7.3 พบว่าฟังก์ชันหลักทั้งหมดสามารถทำงานได้อย่างถูกต้องตามวัตถุประสงค์ที่กำหนด โดยฟังก์ชันการอัปโหลดภาพเดี่ยว การแสดงผลลัพธ์จากภาพเดี่ยว การอัปโหลดหลายภาพ และการแสดงผลลัพธ์จากหลายภาพ มีผลการทดสอบผ่านทั้งหมด 10 จาก 10 ครั้ง แสดงให้เห็นว่าระบบสามารถรองรับการนำเข้าข้อมูลภาพและประมวลผลได้อย่างเสถียรและถูกต้อง ในส่วนของฟังก์ชันการบันทึกผลลัพธ์การนับจำนวนชนิดเซลล์เป็นไฟล์ PDF พบว่าสามารถสร้างและดาวน์โหลดรายงานผลลัพธ์ได้ครบถ้วนทุก

ครั้งที่ทดสอบ ซึ่งช่วยเพิ่มความสะดวกต่อการนำผลลัพธ์ไปใช้งานหรือจัดเก็บข้อมูลในภายหลัง นอกจากนี้ ระบบยังสามารถรองรับการใช้งานแบบเรียลไทม์ผ่านกล้องได้สำเร็จครบทุกกรณี แสดงให้เห็นว่าระบบสามารถเชื่อมต่อและประมวลผลข้อมูลภาพจากกล้องได้อย่างต่อเนื่อง

ด้านประสิทธิภาพในการประมวลผล พบว่าระบบใช้เวลาเฉลี่ยประมาณ 6.4 วินาที สำหรับการประมวลผลและนับจำนวนเซลล์ภายในภาพ ซึ่งถือว่าอยู่ในระดับที่เหมาะสมสำหรับงานวิเคราะห์ภาพทางการแพทย์ที่ต้องมีการตรวจจับและจำแนกเซลล์หลายตำแหน่งภายในภาพเดียว ขณะที่การประมวลผลภาพเดี่ยวใช้เวลาเฉลี่ยประมาณ 0.8 วินาที แสดงให้เห็นว่าระบบสามารถตอบสนองต่อการใช้งานทั่วไปได้อย่างรวดเร็ว

โดยสรุป ผลการทดสอบแสดงให้เห็นว่าระบบสามารถทำงานได้ครบถ้วนตามฟังก์ชันที่ออกแบบไว้ ทั้งด้านการอัปโหลดภาพ การประมวลผล การแสดงผลลัพธ์ การบันทึกข้อมูล และการใช้งานแบบเรียลไทม์ อีกทั้งยังมีประสิทธิภาพในการตอบสนองที่เหมาะสมต่อการใช้งานจริง ส่งผลให้ระบบมีความพร้อมในการนำไปประยุกต์ใช้สำหรับช่วยวิเคราะห์และนับจำนวนเซลล์เม็ดเลือดขาวจากภาพกล้องจุลทรรศน์ได้อย่างมีประสิทธิภาพ

7.5.2 User Acceptance Testing

หลังจากเสร็จสิ้นการทดสอบ Functional Testing ผู้ใช้งานทั้ง 10 คน ได้ทำการประเมินความพึงพอใจต่อการใช้งานเว็บแอปพลิเคชัน Time Cell ผ่าน Google Form เพื่อประเมินการยอมรับการใช้งานระบบในสถานการณ์จริง โดยแบบประเมินครอบคลุมด้านความสะดวกในการใช้งาน ความถูกต้องของการทำงาน ความรวดเร็วในการประมวลผล และความพึงพอใจโดยรวมต่อระบบ ผลการประเมินจากผู้ใช้งานถูกนำมาวิเคราะห์เพื่อใช้ในการปรับปรุงและพัฒนาระบบให้มีประสิทธิภาพและเหมาะสมต่อการใช้งานจริงมากยิ่งขึ้น ดังแสดงรายละเอียดในตารางที่ 7.4

เพื่อประเมินการยอมรับการใช้งานระบบในสถานการณ์จริง โดยแบบประเมินใช้ Likert Scale 5 ระดับ ได้แก่

ระดับ 5 หมายถึง พึงพอใจมากที่สุด

ระดับ 4 หมายถึง พึงพอใจมาก

ระดับ 3 หมายถึง พึงพอใจปานกลาง

ระดับ 2 หมายถึง พึงพอใจน้อย

ระดับ 1 หมายถึง พึงพอใจน้อยที่สุด

ตารางที่ 7.4 แบบประเมินความพึงพอใจผู้ใช้ Time Cell

หัวข้อการประเมิน	ระดับความพึงพอใจ				
	5	4	3	2	1
ระบบมีความง่ายต่อการใช้งาน					
การออกแบบหน้าจอมีความสวยงามและเหมาะสม					
ระบบสามารถแสดงผลลัพธ์ได้รวดเร็ว					
ระบบทำงานได้ถูกต้องตามที่คาดหวัง					
ฟังก์ชันต่าง ๆ (อัปโหลดภาพ/บันทึกผล/เรียลไทม์) ใช้งานได้สะดวก					
ระบบมีความเสถียรในการใช้งาน					
ระบบมีความน่าเชื่อถือ					
ความพึงพอใจโดยรวมต่อระบบ					

ตารางที่ 7.5 ผลประเมินความพึงพอใจผู้ใช้ Time Cell

หัวข้อการประเมิน	ค่าเฉลี่ย	ระดับความพึงพอใจ
ระบบมีความง่ายต่อการใช้งาน	4.7	มากที่สุด
การออกแบบหน้าจอมีความสวยงามและเหมาะสม	4.5	มากที่สุด
ระบบสามารถแสดงผลลัพธ์ได้รวดเร็ว	4.2	มาก
ระบบทำงานได้ถูกต้องตามที่คาดหวัง	3.0	ปานกลาง
ฟังก์ชันต่าง ๆ (อัปโหลดภาพ/บันทึกผล/เรียลไทม์) ใช้งานได้สะดวก	4.3	มาก
ระบบมีความเสถียรในการใช้งาน	3.7	มาก
ระบบมีความน่าเชื่อถือ	3.3	ปานกลาง
ความพึงพอใจโดยรวมต่อระบบ	3.4	ปานกลาง

จากผลการประเมินความพึงพอใจของผู้ใช้งาน ดังแสดงรายละเอียดในตารางที่ 7.5 พบว่าค่าเฉลี่ยรวมของระบบเท่ากับ 3.89 อยู่ในระดับมาก แสดงให้เห็นว่าผู้ใช้งานส่วนใหญ่มีความพึงพอใจต่อระบบโดยรวม โดยหัวข้อที่ได้รับคะแนนสูงที่สุดคือ ระบบมีความง่ายต่อการใช้งาน มีค่าเฉลี่ย 4.7 รองลงมาคือ การออกแบบหน้าจอมีความสวยงามและเหมาะสม มีค่าเฉลี่ย 4.5 ซึ่งสะท้อนให้เห็นว่าระบบมีส่วนติดต่อผู้ใช้ที่เข้าใจง่ายและเหมาะสมต่อการใช้งาน นอกจากนี้ ฟังก์ชันต่าง ๆ ของระบบ เช่น การอัปโหลดภาพ การบันทึกผล และการแสดงผลแบบเรียลไทม์ ยังได้รับความพึงพอใจอยู่ในระดับมาก โดยมีค่าเฉลี่ย 4.3 รวมถึงด้านความรวดเร็วในการแสดงผลและความเสถียรของระบบที่มีค่าเฉลี่ย 4.2 และ 3.7 ตามลำดับ

อย่างไรก็ตาม แม้ว่าระบบจะสามารถทำงานได้ตามวัตถุประสงค์หลักที่กำหนดไว้ และผู้ใช้งานส่วนใหญ่มีความพึงพอใจต่อการใช้งานโดยรวม แต่เมื่อพิจารณาในด้านประสิทธิภาพเชิงลึก พบว่าค่าความพึงพอใจด้าน “การทำงานได้ถูกต้องตามที่คาดหวัง” และ “ความน่าเชื่อถือของระบบ” ยังคงมีค่าเฉลี่ยอยู่ในระดับปานกลาง คือ 3.0 และ 3.3 ตามลำดับ ซึ่งสะท้อนให้เห็นว่าระบบยังมีข้อจำกัดบางประการที่ส่งผลต่อประสบการณ์ใช้งานจริง โดยเฉพาะในกรณีที่ภาพมีคุณภาพต่ำ แสงสว่างไม่สม่ำเสมอ เซลล์มีลักษณะทับซ้อนกัน หรือมีสิ่งรบกวนภายในภาพ ทำให้โมเดลปัญญาประดิษฐ์อาจเกิดความคลาดเคลื่อนในการตรวจจับและจำแนกชนิดของเซลล์ได้ในบางกรณี นอกจากนี้ ความ

หลากหลายของลักษณะสัณฐานวิทยาของเซลล์ในของเหลวในร่างกาย ซึ่งมีความซับซ้อนมากกว่าเซลล์ในกระแสเลือดทั่วไป ก็อาจส่งผลให้โมเดลยังไม่สามารถเรียนรู้คุณลักษณะของเซลล์ได้อย่างครอบคลุมเพียงพอ ส่งผลต่อความแม่นยำและความเสถียรของผลลัพธ์ที่แสดงออกมา

จากผลการประเมินและความคิดเห็นเพิ่มเติมของผู้ใช้งาน พบว่า ฟีเจอร์การจำแนกชนิดของเซลล์ได้รับการตอบรับในเชิงบวกอย่างมาก ผู้ใช้งานส่วนใหญ่เห็นว่าระบบสามารถจำแนกชนิดของเซลล์ได้อย่างแม่นยำ มีการแสดงผลที่ชัดเจน เข้าใจง่าย และช่วยลดระยะเวลาในการตรวจวิเคราะห์ได้อย่างมีประสิทธิภาพ อีกทั้งฟีเจอร์การนับจำนวนเซลล์อัตโนมัติยังถูกมองว่าสามารถนำไปประยุกต์ใช้งานจริงได้ เนื่องจากช่วยลดภาระในการนับเซลล์ด้วยตนเอง ลดโอกาสเกิดความผิดพลาดจากมนุษย์ และช่วยให้การวิเคราะห์ข้อมูลมีความรวดเร็วมากยิ่งขึ้น โดยเฉพาะในกรณีที่ต้องตรวจสอบตัวอย่างจำนวนมากติดต่อกัน

อย่างไรก็ตาม ผู้ใช้งานจำนวนหนึ่งได้ให้ข้อเสนอแนะเพิ่มเติมเกี่ยวกับฟีเจอร์การวิเคราะห์แบบเรียลไทม์ ซึ่งยังถือเป็นจุดที่ควรได้รับการปรับปรุงมากที่สุดของระบบ เนื่องจากผลลัพธ์ที่ได้ยังมีความแม่นยำต่ำเมื่อเทียบกับการวิเคราะห์จากภาพนิ่ง และการทำงานของระบบยังขาดความเสถียรในบางช่วงเวลา เช่น การตรวจจับวัตถุเกิดอาการกระพริบ การระบุตำแหน่งเซลล์ไม่ต่อเนื่อง การทำนายชนิดของเซลล์เปลี่ยนแปลงบ่อยระหว่างเฟรม หรือบางครั้งระบบไม่สามารถตรวจจับเซลล์ได้อย่างครบถ้วนเมื่อมีการเคลื่อนที่ การสั่นไหวของภาพหรือกล้องจุลทรรศน์

ข้อจำกัดระหว่างการทดสอบ User Acceptance Testing

1. **ข้อจำกัดด้านฮาร์ดแวร์**

   ปัญหาที่เกิดขึ้นระหว่างการทดสอบระบบแบบเรียลไทม์อาจมีสาเหตุมาจากข้อจำกัดด้านประสิทธิภาพของอุปกรณ์ที่ใช้ประมวลผล โดยแล็ปท็อปที่ใช้ในการทดสอบมีข้อจำกัดด้านกำลังประมวลผล ทำให้ระบบสามารถตั้งค่าการรับภาพได้เพียง 15 เฟรมต่อวินาที (15 FPS) ซึ่งอาจไม่เพียงพอต่อการวิเคราะห์ภาพแบบต่อเนื่อง ส่งผลให้การแสดงผลเกิดความไม่ลื่นไหล และอาจทำให้โมเดลตรวจจับหรือจำแนกชนิดของเซลล์ได้ไม่ครบถ้วนในบางช่วงเวลา โดยเฉพาะเมื่อมีการเคลื่อนไหวของกล้องจุลทรรศน์หรือมีจำนวนเซลล์ภายในภาพจำนวนมาก นอกจากนี้ ความเร็วในการส่งข้อมูลภาพผ่านเว็บเบราว์เซอร์ยังส่งผลต่อประสิทธิภาพของระบบ ทำให้เกิดความล่าช้าในการประมวลผลและการแสดงผลลัพธ์แบบเรียลไทม์

2. ข้อจำกัดด้านเครือข่ายอินเทอร์เน็ต

ระบบที่พัฒนาขึ้นเป็นเว็บแอปพลิเคชันที่จำเป็นต้องมีการรับส่งข้อมูลภาพระหว่างผู้ใช้งานและเซิร์ฟเวอร์อย่างต่อเนื่อง ดังนั้น ความเร็วและความเสถียรของเครือข่ายอินเทอร์เน็ตจึงมีผลโดยตรงต่อประสิทธิภาพของระบบ หากเครือข่ายมีความหน่วง (Latency) สูง หรือมีความเร็วในการรับส่งข้อมูลไม่เพียงพอ อาจทำให้การส่งภาพและการแสดงผลลัพธ์เกิดความล่าช้า ส่งผลให้การวิเคราะห์แบบเรียลไทม์ขาดความต่อเนื่อง รวมถึงอาจทำให้ผลลัพธ์ของการตรวจจับเซลล์มีความคลาดเคลื่อนมากยิ่งขึ้น โดยเฉพาะในกรณีที่ใช้งานผ่านเครือข่ายไร้สายหรือสภาพแวดล้อมที่มีสัญญาณอินเทอร์เน็ตไม่เสถียร

3. ข้อจำกัดด้านการประมวลผลของโมเดลตรวจจับวัตถุ (Object Detection)

การทำงานของระบบตรวจจับเซลล์แบบเรียลไทม์มีประสิทธิภาพขึ้นอยู่กับจำนวนเฟรมภาพต่อวินาที (Frames Per Second: FPS) ที่ระบบสามารถรับและประมวลผลได้อย่างต่อเนื่อง โดยหากอัตรา FPS ต่ำเกินไป อาจทำให้ภาพที่ส่งเข้าสู่โมเดลไม่ต่อเนื่อง ส่งผลให้การตรวจจับและติดตามตำแหน่งของเซลล์เกิดความคลาดเคลื่อน หรือไม่สามารถตรวจจับเซลล์ได้ครบถ้วนในบางช่วงเวลา นอกจากนี้ การประมวลผลแบบเรียลไทม์ยังจำเป็นต้องรักษาสมดุลระหว่าง “ความเร็ว” และ “ความแม่นยำ” ของโมเดล เนื่องจากการลดระยะเวลาในการประมวลผลเพื่อให้ระบบตอบสนองได้รวดเร็ว อาจส่งผลให้ความละเอียดในการวิเคราะห์ลดลง และทำให้ผลลัพธ์ที่ได้ยังไม่เสถียรเท่าที่ควร

อีกทั้ง ความเร็วและความเสถียรของเครือข่ายอินเทอร์เน็ตยังส่งผลโดยตรงต่อคุณภาพของภาพที่ส่งเข้าสู่ระบบ หากการรับส่งข้อมูลมีความล่าช้า หรือมีการสูญหายของข้อมูลระหว่างการส่งภาพผ่านเว็บเบราว์เซอร์ อาจทำให้จำนวน FPS ลดลง ส่งผลให้ภาพเกิดอาการกระตุก ขาดช่วง หรือมีคุณภาพลดลง ซึ่งส่งผลต่อประสิทธิภาพของโมเดล YOLO ในการตรวจจับและจำแนกชนิดของเซลล์

นอกจากนี้ ความละเอียดของกล้องจุลทรรศน์หรืออุปกรณ์ที่ใช้รับภาพยังเป็นอีกปัจจัยสำคัญที่ส่งผลต่อความแม่นยำของระบบ หากกล้องมีความละเอียดต่ำ อาจทำให้รายละเอียดของเซลล์ไม่ชัดเจน ส่งผลให้โมเดลไม่สามารถแยกขอบเขตหรือลักษณะทางสัณฐานวิทยาของเซลล์ได้อย่างถูกต้อง ในทางกลับกัน หากใช้กล้องที่มีความละเอียดสูงมาก อาจทำให้ขนาดข้อมูลภาพเพิ่มขึ้น ส่งผลให้ใช้เวลาในการประมวลผลนานขึ้น และทำให้จำนวน FPS ลดลงได้เช่นกัน ดังนั้น ประสิทธิภาพของ

ระบบจึงขึ้นอยู่กับความเหมาะสมระหว่างคุณภาพของภาพ ความเร็วในการรับส่งข้อมูล และประสิทธิภาพของอุปกรณ์ที่ใช้ประมวลผลร่วมกัน

7.5.3 Accuracy Testing

การทดสอบฟีเจอร์การนับจำนวนเซลล์ของระบบ Time Cell ดำเนินการโดยใช้ภาพตัวอย่างจำนวนทั้งสิ้น 123 ภาพ เพื่อประเมินประสิทธิภาพและความถูกต้องของระบบในการตรวจจับและนับจำนวนเซลล์เม็ดเลือดขาวแต่ละชนิด โดยผลลัพธ์ที่ได้จากระบบถูกนำมาเปรียบเทียบกับผลเฉลยที่จัดทำโดยอาจารย์จากภาควิชาเทคนิคการแพทย์ ซึ่งใช้เป็นข้อมูลอ้างอิงมาตรฐานในการประเมินความแม่นยำของระบบ

การทดสอบครอบคลุมการตรวจนับเซลล์เม็ดเลือดขาว 5 ชนิด ได้แก่ เบโซฟิล (Basophil) อีโอซิโนฟิล (Eosinophil) ลิมโฟไซต์ (Lymphocyte) โมโนไซต์ (Monocyte) และนิวโทรฟิล (Neutrophil) รวมถึงจำนวนเซลล์ทั้งหมดที่ตรวจพบภายในภาพทดสอบ โดยผลการทดสอบจะแสดงในรูปแบบการเปรียบเทียบระหว่างจำนวนเซลล์จากค่าเฉลยและจำนวนเซลล์ที่ระบบ Time Cell สามารถตรวจนับได้ เพื่อใช้วิเคราะห์ระดับความถูกต้อง ความคลาดเคลื่อน และประสิทธิภาพโดยรวมของระบบในการประยุกต์ใช้งานจริง ดังแสดงรายละเอียดในตารางที่ 7.6

ตารางที่ 7.6 ผลการทดสอบความถูกต้องของการนับจำนวนเซลล์ Time Cell

ชนิดเซลล์	**ผลลัพธ์ (จำนวนเซลล์)**	
	เฉลย	**Time Cell**
Basophil	0	1
Eosinophil	0	2
Lymphocyte	117	112
Monocyte	114	113
Neutrophil	30	30
รวม	**261**	**258**

บทที่ 8
อภิปรายและสรุปผล

8.1 อภิปราย

โครงงานนี้มุ่งพัฒนาระบบปัญญาประดิษฐ์บนเว็บแอปพลิเคชัน Time Cell สำหรับตรวจจับและจำแนกชนิดเซลล์เม็ดเลือดขาวจากของเหลวในร่างกาย 5 ชนิด โดยประยุกต์ใช้โมเดล Deep Learning สองโมเดลร่วมกัน คือ YOLO11m สำหรับงานตรวจจับวัตถุ และ MobileNetV3 สำหรับงานจำแนกภาพ ซึ่งผลการทดลองที่ได้สะท้อนให้เห็นถึงศักยภาพและข้อจำกัดของระบบในหลายมิติ

ด้านโมเดลตรวจจับวัตถุ (YOLO11m) โมเดลมีค่า Recall รวมสูงถึง 92.1% แสดงว่าระบบสามารถตรวจพบเซลล์ในภาพได้อย่างครอบคลุม มีโอกาสพลาดการตรวจจับต่ำ ซึ่งเป็นคุณสมบัติสำคัญสำหรับการใช้งานในบริบทการแพทย์ที่การตกหล่นของเซลล์ผิดปกติอาจส่งผลต่อการวินิจฉัย อย่างไรก็ตาม ค่า Precision รวมอยู่ที่ 64.7% ซึ่งบ่งชี้ว่าโมเดลยังมีการทำนายเกิน (False Positive) อยู่บ้าง โดยเฉพาะในเซลล์เบโซฟิล (Basophil) ที่มีค่า Precision เพียง 48.4% เนื่องจากจำนวนข้อมูลของเซลล์ชนิดนี้ในชุดข้อมูลต้นฉบับมีเพียง 9 ภาพ ซึ่งน้อยมากเมื่อเทียบกับชนิดอื่น ส่งผลให้โมเดลไม่สามารถเรียนรู้ลักษณะเฉพาะของเซลล์ชนิดนี้ได้เพียงพอ แม้จะใช้เทคนิค Data Augmentation ช่วยแล้วก็ตาม ในทางตรงกันข้าม เซลล์อีโอซิโนฟิล (Eosinophil) มีค่า mAP@50 สูงถึง 94.5% ซึ่งสะท้อนว่าเซลล์ชนิดนี้มีลักษณะทางสัณฐานวิทยาที่โดดเด่นและแตกต่างจากชนิดอื่นอย่างชัดเจน ทำให้โมเดลสามารถเรียนรู้และแยกแยะได้ดี ผลเหล่านี้สอดคล้องกับงานวิจัยของ Kasundra et al. (2024) ที่พบว่าโมเดล YOLO มีประสิทธิภาพสูงในการตรวจจับเซลล์เม็ดเลือดขาว แต่ประสิทธิภาพขึ้นอยู่กับความสมดุลและปริมาณของชุดข้อมูลเป็นสำคัญ

ด้านโมเดลจำแนกภาพ (MobileNetV3) โมเดลมีประสิทธิภาพโดยรวมในระดับสูง โดยมีค่า Accuracy เฉลี่ย 97.00% และค่า F1-Score เฉลี่ย 96.99% ซึ่งถือว่าเป็นผลลัพธ์ที่ดีสำหรับการจำแนกเซลล์จากของเหลวในร่างกายที่มีความซับซ้อนสูง น่าสังเกตว่าเซลล์เบโซฟิลซึ่งเป็นปัญหาในโมเดล YOLO กลับได้รับค่า F1-Score สูงที่สุดที่ 99.92% ในโมเดล MobileNetV3 เนื่องจากในขั้นตอนการเตรียมข้อมูลได้ใช้ Data Augmentation เพิ่มจำนวนข้อมูลของเซลล์ชนิดนี้จาก 9 ภาพ เป็น 3,000 ภาพ ทำให้โมเดลมีข้อมูลเพียงพอสำหรับการเรียนรู้ อย่างไรก็ตาม ยังพบความสับสนระหว่างเซลล์ลิมโฟไซต์ (Lymphocyte) และโมโนไซต์ (Monocyte) โดยมีตัวอย่างที่จำแนกผิด 29 และ 43 ภาพตามลำดับ ซึ่งสาเหตุหลักมาจากลักษณะทางสัณฐานวิทยาของเซลล์ทั้งสองชนิดที่มีความ

ใกล้เคียงกัน โดยเฉพาะในตัวอย่างที่มาจากของเหลวในร่างกาย ซึ่งเซลล์มักมีการเปลี่ยนแปลงรูปร่างและความเสื่อมสภาพมากกว่าตัวอย่างในกระแสเลือดปกติ

ด้านเว็บแอปพลิเคชัน Time Cell ผ่านการทดสอบ Functional Testing ได้ครบทุกฟังก์ชัน โดยระบบใช้เวลาประมวลผลภาพเดี่ยวเฉลี่ย 0.8 วินาที และการประมวลผลหลายภาพ (นับจำนวนเซลล์) เฉลี่ย 6.4 วินาที ซึ่งถือว่าอยู่ในระดับที่ยอมรับได้สำหรับการใช้งานจริงในห้องปฏิบัติการ ส่วนผลการประเมิน UAT จากนักศึกษาเทคนิคการแพทย์ 10 คน ได้ค่าเฉลี่ยรวม 3.89 จาก 5 อยู่ในระดับมาก โดยด้านที่ผู้ใช้พึงพอใจสูงสุดคือความง่ายต่อการใช้งาน (4.7) และการออกแบบหน้าจอ (4.5) สะท้อนว่าการออกแบบ UX/UI มีความเหมาะสม ในขณะที่ด้านความถูกต้องตามที่คาดหวัง (3.0) และความน่าเชื่อถือ (3.3) ได้คะแนนต่ำกว่าด้านอื่น ซึ่งสอดคล้องกับข้อจำกัดของโมเดลที่กล่าวถึงข้างต้น โดยเฉพาะในกรณีที่ภาพถ่ายมีคุณภาพต่ำหรือเซลล์มีลักษณะผิดปกติ

เมื่อเปรียบเทียบกับแอปพลิเคชันที่มีอยู่ในปัจจุบัน Time Cell มีจุดเด่นในแง่ที่รองรับการทำงานทั้งบน PC และสมาร์ตโฟน ประมวลผลแบบเรียลไทม์ผ่านกล้องจุลทรรศน์ทั่วไป สามารถนับและตรวจจับเซลล์หลายตำแหน่งในภาพเดียวพร้อมระบุตำแหน่งด้วย Bounding Box และออกรายงาน PDF ได้ ซึ่งเป็นฟังก์ชันที่หลายแอปพลิเคชันในตลาดยังไม่รองรับครบพร้อมกัน อย่างไรก็ตาม ระบบยังมีข้อจำกัดด้านการเชื่อมต่ออินเทอร์เน็ตและจำนวนชนิดเซลล์ที่รองรับ ซึ่งเป็นแนวทางสำหรับการพัฒนาต่อไปในอนาคต

8.2 สรุปผลการดำเนินงาน

โครงงานนี้ประสบความสำเร็จในการพัฒนาเว็บแอปพลิเคชัน Time Cell สำหรับตรวจจับและจำแนกเซลล์เม็ดเลือดขาวจากของเหลวในร่างกาย 5 ชนิด ได้แก่ เบโซฟิล อีโอซิโนฟิล ลิมโฟไซต์ โมโนไซต์ และนิวโทรฟิล โดยสรุปผลการดำเนินงานในแต่ละด้านได้ดังนี้

ด้านโมเดลตรวจจับวัตถุ โมเดล YOLO11m ที่ฝึกสอนด้วยชุดข้อมูลภาพเซลล์จากของเหลวในร่างกายจำนวน 5,848 ภาพ ให้ค่า Recall รวม 92.1% และค่า mAP@50 รวม 77.5% แสดงให้เห็นว่าโมเดลสามารถตรวจจับตำแหน่งและชนิดเซลล์ได้อย่างครอบคลุม โดยเซลล์อีโอซิโนฟิลและนิวโทรฟิลได้ผลลัพธ์ดีที่สุด ในขณะที่เซลล์เบโซฟิลและโมโนไซต์ยังมีประสิทธิภาพที่ควรปรับปรุงเพิ่มเติม

ด้านโมเดลจำแนกภาพ โมเดล MobileNetV3 ที่ฝึกสอนด้วยชุดข้อมูลสมดุล 15,000 ภาพ (ชนิดละ 3,000 ภาพ) ให้ค่า Accuracy เฉลี่ย 97.00% และค่า F1-Score เฉลี่ย 96.99% ซึ่งอยู่ในระดับสูงและเหมาะสมสำหรับการนำไปประยุกต์ใช้เป็นเครื่องมือสนับสนุนการตัดสินใจทางคลินิก

ด้านเว็บแอปพลิเคชัน ระบบ Time Cell ที่พัฒนาด้วย React.js, Node.js, FastAPI และ MySQL ผ่านการทดสอบ Functional Testing ได้ 100% ในทุกฟังก์ชันหลัก และได้รับค่าเฉลี่ยความพึงพอใจจากผู้ใช้งานจริง 3.89 จาก 5 โดยระบบรองรับการวิเคราะห์เซลล์ 3 รูปแบบ ได้แก่ การวิเคราะห์แบบเรียลไทม์ การจำแนกชนิดเซลล์จากภาพเดี่ยว และการนับจำนวนเซลล์จากหลายภาพ พร้อมออกรายงาน PDF

โดยรวม โครงงานนี้แสดงให้เห็นว่าการนำเทคโนโลยีปัญญาประดิษฐ์มาประยุกต์ใช้ในการวิเคราะห์เซลล์เม็ดเลือดขาวจากของเหลวในร่างกายมีความเป็นไปได้และมีศักยภาพสูง อย่างไรก็ตาม เพื่อให้ระบบมีความพร้อมสำหรับการใช้งานจริงในระดับคลินิกมากขึ้น ควรดำเนินการพัฒนาต่อใน 3 แนวทาง ได้แก่ (1) เพิ่มปริมาณและความหลากหลายของชุดข้อมูลโดยเฉพาะเซลล์เบโซฟิลและโมโนไซต์ (2) ปรับปรุงโมเดลให้รองรับการจำแนกเซลล์ชนิดอื่นที่พบได้จากของเหลวในร่างกาย และ (3) ทดสอบระบบกับกลุ่มผู้ใช้ที่หลากหลายในสภาพแวดล้อมห้องปฏิบัติการจริงเพื่อประเมินความน่าเชื่อถือในระดับที่สูงขึ้

รายการอ้างอิง

[1] Tigner A, Ibrahim SA, Murray IV. Histology, White Blood Cell. StatPearls Publishing; 2025 [อินเทอร์เน็ต]. เข้าถึงได้จาก: https://www.ncbi.nlm.nih.gov/books/NBK563148/. [เข้าถึงเมื่อ 27 กันยายน 2568].

[2] Lehman HK, Segal BH. The role of neutrophils in host defense and disease. The Journal of Allergy and Clinical Immunology. 2020;145(6):1535–1544.

[3] Huang Q, Li W, Zhang B, Li Q, Tao R, Lovell NH. Blood Cell Classification Based on Hyperspectral Imaging With Modulated Gabor and CNN. IEEE Journal of Biomedical and Health Informatics. 2020;24(1):160–170.

[4] Sysmex Europe SE. Body Fluids [อินเทอร์เน็ต]. Sysmex Europe SE; 2025. เข้าถึงได้จาก: https://www.sysmex-europe.com/academy/knowledge-centre/body-fluids/. [เข้าถึงเมื่อ 5 ตุลาคม 2568].

[5] Alcaide Martín MJ, Altimira Queral L, Sahuquillo Frías L, Valiña Amado L, Merino A, García de Guadiana-Romualdo L. Automated cell count in body fluids: a review. Advances in Laboratory Medicine. 2021;2(2):149–177.

[6] Sysmex Corporation. Cell Image Analysis [อินเทอร์เน็ต]. Sysmex Corporation; 2025. เข้าถึงได้จาก: https://www.sysmex.com/en-us/lab-solutions/hematology/cell-image-analysis. [เข้าถึงเมื่อ 12 ตุลาคม 2568].

[7] HDmall. White Blood Cells: What are the symptoms [อินเทอร์เน็ต]. HDmall; 2024. เข้าถึงได้จาก: https://hdmall.co.th/blog/health/white-blood-cells-what-are-the-symptoms/. [เข้าถึงเมื่อ 15 กันยายน 2568].

[8] GeeksforGeeks. Convolutional Neural Network (CNN) in Machine Learning [อินเทอร์เน็ต]. GeeksforGeeks; 2024. เข้าถึงได้จาก: https://www.geeksforgeeks.org/deep-learning/convolutional-neural-network-cnn-in-machine-learning/. [เข้าถึงเมื่อ 20 กันยายน 2568].

[9] Chan HP, Samala RK, Hadjiiski LM, Zhou C. Deep Learning in Medical Image Analysis. Advances in Experimental Medicine and Biology. 2020;1213:3–21.

[10] GeeksforGeeks. What is Data Augmentation? [อินเทอร์เน็ต]. GeeksforGeeks; 2024. เข้าถึงได้จาก: https://www.geeksforgeeks.org/computer-vision/what-is-data-augmentation-how-does-data-augmentation-work-for-images/. [เข้าถึงเมื่อ 2 ตุลาคม 2568].

[11] Roboflow. What is Object Detection? [อินเทอร์เน็ต]. Roboflow; 2024. เข้าถึงได้จาก: https://blog.roboflow.com/object-detection/. [เข้าถึงเมื่อ 22 ตุลาคม 2568].

[12] Ultralytics. YOLO12 [อินเทอร์เน็ต]. Ultralytics; 2025. เข้าถึงได้จาก: https://docs.ultralytics.com/models/yolo12/. [เข้าถึงเมื่อ 1 พฤศจิกายน 2568].

[13] TechUp. JavaScript คืออะไร [อินเทอร์เน็ต]. TechUp; 2023. เข้าถึงได้จาก: https://www.techupth.com/articles/what-is-javascript. [เข้าถึงเมื่อ 10 กันยายน 2568].

[14] TechUp. React คืออะไร [อินเทอร์เน็ต]. TechUp; 2023. เข้าถึงได้จาก: https://www.techupth.com/articles/react. [เข้าถึงเมื่อ 10 กันยายน 2568].

[15] BizIdea. Node.js คืออะไร [อินเทอร์เน็ต]. BizIdea; 2023. เข้าถึงได้จาก: https://bizidea.co.th/article-detail?id=171. [เข้าถึงเมื่อ 18 กันยายน 2568].

[16] VisperHost. MySQL คืออะไร [อินเทอร์เน็ต]. VisperHost; 2023. เข้าถึงได้จาก: https://www.visperhost.net/what-is-mysql/. [เข้าถึงเมื่อ 25 ตุลาคม 2568].

[17] Hui J. mAP (mean Average Precision) for Object Detection [อินเทอร์เน็ต]. Medium; 2018. เข้าถึงได้จาก: https://jonathan-hui.medium.com/map-mean-average-precision-for-object-detection-45c121a31173. [เข้าถึงเมื่อ 30 ตุลาคม 2568].

[18] Bourner G, De la Salle B, George T, Tabe Y, Baum H, Culp N, et al. ICSH guidelines for the verification and performance of automated cell counters for body fluids. International Journal of Laboratory Hematology. 2014;36(6):598–612.

[19] The Coverage. ภาวะเม็ดเลือดขาวต่ำ (Leukopenia) [อินเทอร์เน็ต]. The Coverage; 2022. เข้าถึงได้จาก: https://www.thecoverage.info/news/content/8599. [เข้าถึงเมื่อ 5 พฤศจิกายน 2568].

[20] Sysmex Corporation. XN-Series [อินเทอร์เน็ต]. Sysmex Corporation; 2025. เข้าถึงได้จาก: https://www.sysmex.com/en-us/lab-solutions/hematology/xn-series. [เข้าถึงเมื่อ 8 พฤศจิกายน 2568].

[21] Kasundra P, Khokhariya A, Thakkar A, Vaghela R, Dave D, Sarda J. Enhancing White Blood Cell Detection Using YOLOv8 Model. In: 2024 International Conference on Modeling, Simulation & Intelligent Computing (MoSICom); 2024. p. 439-444.

[22] Celly.AI Corporation. Celly AI Microscope. Celly.AI Corporation; 2025 [อินเทอร์เน็ต]. เข้าถึงได้จาก: https://celly.ai/. [เข้าถึงเมื่อ 20 พฤศจิกายน 2568].

[23] Baziluc M. Microscope AI Cell - MicroScan. Apple App Store; 2025 [อินเทอร์เน็ต]. เข้าถึงได้จาก: https://apps.apple.com/us/app/microscope-ai-cell-microscan/id6744826886. [เข้าถึงเมื่อ 17 พฤศจิกายน 2568].

[24] Matthieu. Hematoscan. Google Play Store; 2025 [อินเทอร์เน็ต]. เข้าถึงได้จาก: https://play.google.com/store/apps/details?id=br.com.matthieu.hematoscan. [เข้าถึงเมื่อ 19 พฤศจิกายน 2568].

[25] Sasa K. WBC Counter. Google Play Store; 2024 [อินเทอร์เน็ต]. เข้าถึงได้จาก: https://play.google.com/store/apps/details?id=hokudai.kazusasa.WBC_Counter. [เข้าถึงเมื่อ 20 พฤศจิกายน 2568].

[26] CellaVision AB. CellaVision. CellaVision AB; 2025 [อินเทอร์เน็ต]. เข้าถึงได้จาก: https://www.cellavision.com/. [เข้าถึงเมื่อ 20 พฤศจิกายน 2568].

[27] Scopio Labs Ltd. Scopio Labs. Scopio Labs Ltd.; 2025 [อินเตอร์เน็ต]. เข้าถึงได้จาก: https://scopiolabs.com/. [เข้าถึงเมื่อ 20 พฤศจิกายน 2568]

ภาคผนวก

ภาคผนวก ก. วิธีการติดตั้งโปรแกรม

ในการใช้งานระบบปัญญาประดิษฐ์บนเว็บสำหรับวิเคราะห์และจำแนกภาพเซลล์เม็ดเลือดขาวจากของเหลวในร่างกาย (Time Cell) จำเป็นต้องติดตั้งซอฟต์แวร์ที่เกี่ยวข้อง และทำการติดตั้งไฟล์โครงงาน โดยมีรายละเอียดดังนี้

1. ติดตั้ง Python version 3.13.7
2. ติดตั้ง Node.js
3. ติดตั้ง VS Code
4. ติดตั้ง MySQL Community
5. ติดตั้ง MySQL Workbench และทำการตั้งค่า Port
6. ติดตั้ง Docker
7. ติดตั้ง โฟลเดอร Project จาก GitHub

ขั้นตอนการติดตั้ง Python

โครงงานนี้มีการใช้ภาษา Python version 3.13.7 โดยมีขั้นตอนการติดตั้งดังนี้

1. ไปที่เว็บไซต์ https://www.python.org/downloads/release/python-3137/
2. ดาวนโหลด Windows installer (64-bit) หรือ version อื่น ๆ ที่เหมาะสมกับอุปกรณ์ของผู้ใช้งาน

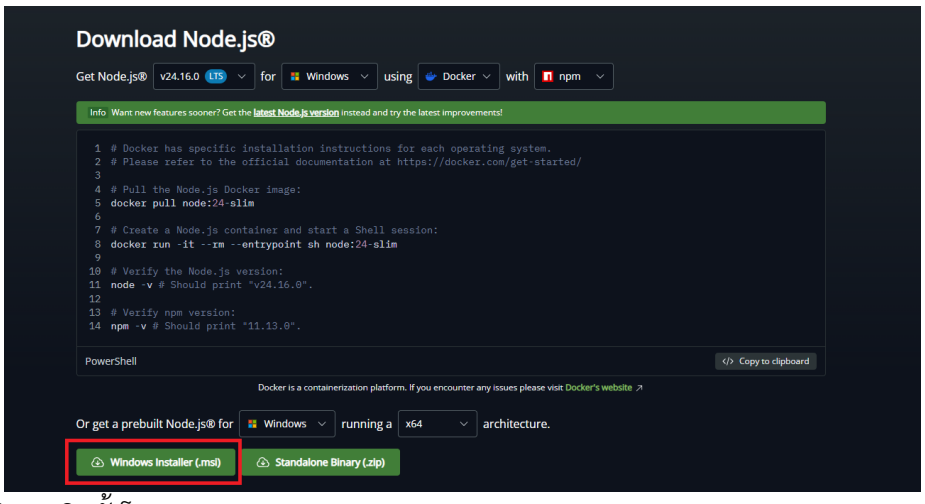
Version	Operating system	Description	File size	Sigstore	SBOM	GPG	MD5 checksum
Gzipped source tarball	Source release		28.0 MB	.sigstore	SPDX	SIG	138c2e19c835ead10499571e0d4cf189
XZ compressed source tarball	Source release		21.7 MB	.sigstore	SPDX	SIG	256cdb3bbf45cdce7499e52ba6c36ea3
macOS 64-bit universal2 installer	macOS	for macOS 10.13 and later	67.8 MB	.sigstore		SIG	ac0421b04eef155f4daab0b023cf3956
Windows installer (64-bit)	Windows	Recommended	27.5 MB	.sigstore	SPDX	SIG	1da92e43c79f3d1539dd23a3c14bf3f0
Windows installer (32-bit)	Windows		26.2 MB	.sigstore	SPDX	SIG	f501c1b321c82412ed330ec5604cac39
Windows installer (ARM64)	Windows	Experimental	26.8 MB	.sigstore	SPDX	SIG	66c0ba98b20b7d4ea0904223d484d369
Windows embeddable package (64-bit)	Windows		10.4 MB	.sigstore	SPDX	SIG	77f294ec267596827a2ab06e8fa3f18c
Windows embeddable package (32-bit)	Windows		9.2 MB	.sigstore	SPDX	SIG	53eaef0de1231fdf133ea703e3e43b30
Windows embeddable package (ARM64)	Windows		9.7 MB	.sigstore	SPDX	SIG	6a3fcfc7a10a3822459b1c214f769df1
Windows release manifest	Windows	Install with 'py install 3.13'	14.6 KB	.sigstore			6a5588452e73f959c9fa1ba009f42f75

3. ทำการติดตั้งโปรแกรม
   a) ไปที่ไฟล “python-3.13.7-amd64.exe” ที่ได้ทำการดาวน์โหลดไว้ และกดปุ่ม “Run” เพื่อดำเนินการต่อ
   b) เลือกการติดตั้งแบบ Install now และเลือก “Add Python 3.13 to PATH” เพื่อให้ระบบกำหนด PATH สำหรับการใช้งานภาษา Python บน Command Line
   c) รอจนกวาการติดตั้งจะเสร็จสมบูรณ์ หลังจากนั้นกดปุ่ม “Close” เพื่อเปนอันเสร็จสิ้นขั้นตอนการติดตั้ง Python

ขั้นตอนการติดตั้ง Node.js

โครงการนี้มีการใช้ Node.js โดยมีขั้นตอนการติดตั้งดังนี้

1. ไปที่เว็บไซต์ https://nodejs.org/en/download
2. ดาวนโหลด Windows installer (.msi) หรือ version อื่น ๆ ที่เหมาะสมกับอุปกรณ์ของผู้ใช้งาน



3. ทำการติดตั้งโปรแกรม
   a) ไปที่ไฟล “node-v24.16.0-x64.msi” ที่ได้ทำการดาวน์โหลดไว้ และกดปุ่ม “Run” เพื่อดำเนินการต่อ
   b) กดปุ่ม “Next” เพื่อเข้าสู่กระบวนการติดตั้ง จากนั้นเลือก “I accept the terms in the License Agreement” และกดปุ่ม “Next”เพื่อดำเนินการต่อ
   c) กดปุ่ม “Install” เพื่อทำการติดตั้งโปรแกรม รอจนกวาการติดตั้งจะเสร็จสมบูรณ์ หลังจากนั้นกดปุ่ม “Finish” เพื่อเปนอันเสร็จสิ้นขั้นตอนการติดตั้ง Node.js

ขั้นตอนการติดตั้ง VS Code

โครงการนี้มีการพัฒนาเว็บแอปพลิเคชันผ่านการใช้โปรแกรม VS Code โดยมีขั้นตอนการติดตั้งดังนี้

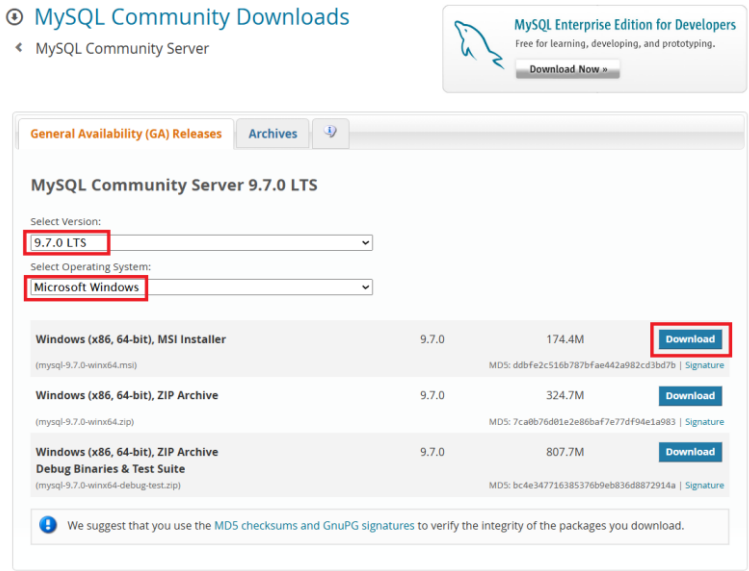
1. ไปที่เว็บไซต์ https://code.visualstudio.com/download
2. ดาวนโหลด Windows version หรือ version อื่น ๆ ที่เหมาะสมกับอุปกรณ์ของผู้ใช้งาน

3. ทำการติดตั้งโปรแกรม
   a) ไปที่ไฟล “VSCodeUserSetup-x64-1.121.0.exe” ที่ได้ทำการดาวน์โหลดไว้ และกดปุ่ม “Run” เพื่อดำเนินการต่อ
   b) ในหน้า License Agreement เลือก “I accept the agreement” และกดปุ่ม “Next”เพื่อดำเนินการต่อ
   c) ในหน้า Select Additional Tasks เลือก “Register Code as an editor for supported file types” และเลือก “Add to PATH”จากนั้น กดปุ่ม “Next”เพื่อดำเนินการต่อ
   d) กดปุ่ม “Install” เพื่อทำการติดตั้งโปรแกรม รอจนกวาการติดตั้งจะเสร็จสมบูรณ์ หลังจากนั้นกดปุ่ม “Finish” เพื่อเปนอันเสร็จสิ้นขั้นตอนการติดตั้ง VS Code

ขั้นตอนการติดตั้ง MySQL Community

โครงการนี้มีการใช้ MySQL สำหรับจัดการฐานข้อมูล โดยในการติดตั้ง MySQL Community มีขั้นตอนการติดตั้งดังนี้

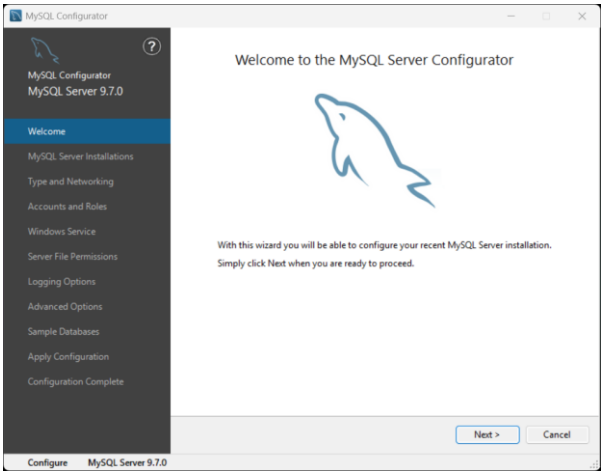
1. ไปที่เว็บไซต์ https://dev.mysql.com/downloads/mysql/8.0.html
2. เลือก Version 9.7.0 LTS จากนั้นเลือก Operating System เป็น Windows และดาวนโหลด Windows (x86, 64-bit), MSI Installer หรือ version อื่น ๆ ที่เหมาะสมกับอุปกรณ์ของผู้ใช้งาน จากนั้นกดปุ่ม “Download” และ กดปุ่ม “No thanks, just start my download.” เพื่อทำการดาวน์โหลด



3. ทำการติดตั้งโปรแกรม
   a) ไปที่ไฟล “mysql-9.7.0-winx64.msi” ที่ได้ทำการดาวน์โหลดไว้ และกดปุ่ม “Run” เพื่อดำเนินการต่อ
   b) กดปุ่ม “Next” เพื่อเข้าสู่กระบวนการติดตั้ง จากนั้นเลือก “I accept the terms in the License Agreement” และกดปุ่ม “Next”เพื่อดำเนินการต่อ
   c) เลือก Setup Type เป็นแบบ “Typical” จากนั้นกดปุ่ม “Install” เพื่อทำการติดตั้งโปรแกรม จากนั้นรอจนกวาการติดตั้งจะเสร็จสมบูรณ์
   d) เมื่อการติดตั้งเสร็จสิ้น เลือก “Run MySQL Configurator” หลังจากนั้นกดปุ่ม “Finish” เพื่อเปนอันเสร็จสิ้น

4. ดำเนินการในส่วนของ MySQL Configurator

a) หลังจากเข้ามาที่ MySQL Configurator กดปุ่ม “Next” เพื่อดำเนินการต่อ



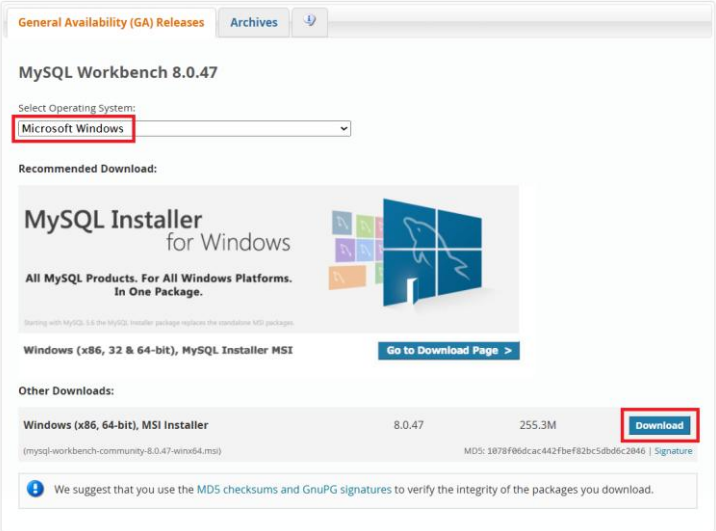
b) ทำการตั้งค่า โดยกำหนดให้ใช้ Protocol “TCP/IP” และทำการกำหนด PORT “3306” และตั้งค่า Root Password ตามต้องการ จากนั้นกดปุ่ม “Next” เพื่อดำเนินการต่อ

c) รอให้ระบบดำเนินการ Configuration รอจนกวาจะเสร็จสมบูรณ์ หลังจากนั้นกดปุ่ม “Finish” เพื่อเปนอันเสร็จสิ้นขั้นตอนการติดตั้ง MySQL Community

ขั้นตอนการติดตั้ง MySQL Workbench

โครงการนี้มีการใช้ MySQL สำหรับจัดการฐานข้อมูล โดยในการติดตั้ง MySQL Workbench มีขั้นตอนการติดตั้งดังนี้

1. ไปที่เว็บไซต์ https://dev.mysql.com/downloads/workbench/
2. เลือก Operating System เป็น Windows และดาวนโหลด Windows (x86, 64-bit), MSI Installer หรือ version อื่น ๆ ที่เหมาะสมกับอุปกรณ์ของผู้ใช้งาน จากนั้นกดปุ่ม “Download” และ กดปุ่ม “No thanks, just start my download.” เพื่อทำการดาวน์โหลด

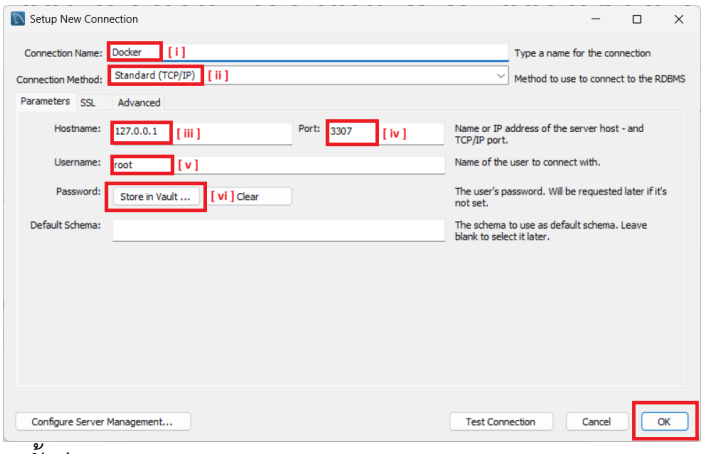


3. ทำการติดตั้งโปรแกรม
   a) ไปที่ไฟล “mysql-workbench-community-8.0.47-winx64.msi” ที่ได้ทำการดาวน์โหลดไว้ และกดปุ่ม “Run” เพื่อดำเนินการต่อ
   b) กดปุ่ม “Next” เพื่อเข้าสู่กระบวนการติดตั้ง จากนั้นเลือก Setup Type เป็น “Complete” และกดปุ่ม “Next”เพื่อดำเนินการต่อ
   c) กดปุ่ม “Install” เพื่อทำการติดตั้งโปรแกรม รอจนกวาการติดตั้งจะเสร็จสมบูรณ์ หลังจากนั้นกดปุ่ม “Finish” เพื่อเปนอันเสร็จสิ้นขั้นตอนการติดตั้ง MySQL Workbench

4. ดำเนินการตั้งค่า PORT โดยการ Setup New Connection

a) หลังจากเข้ามาที่ MySQL Workbench กดปุ่ม “+” เพื่อเพิ่ม Connection

b) ทำการตั้งค่า ดังนี้



i) ตั้งค่า Connection Name: “Docker”

ii) ตั้งค่า Connection Method: “Standard (TCP/IP)”

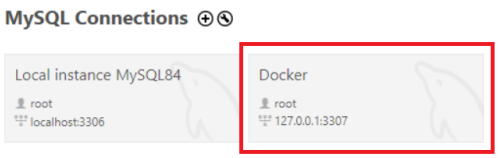
iii) ตั้งค่า Hostname: “127.0.0.1”

iv) ตั้งค่า Port: “3307”

v) ตั้งค่า Username: “root”

vi) ตั้งค่า Password โดยกดปุ่ม “Store in Vault...” จากนั้นตั้งค่า Password: “1234” แล้วกดปุ่ม “OK”

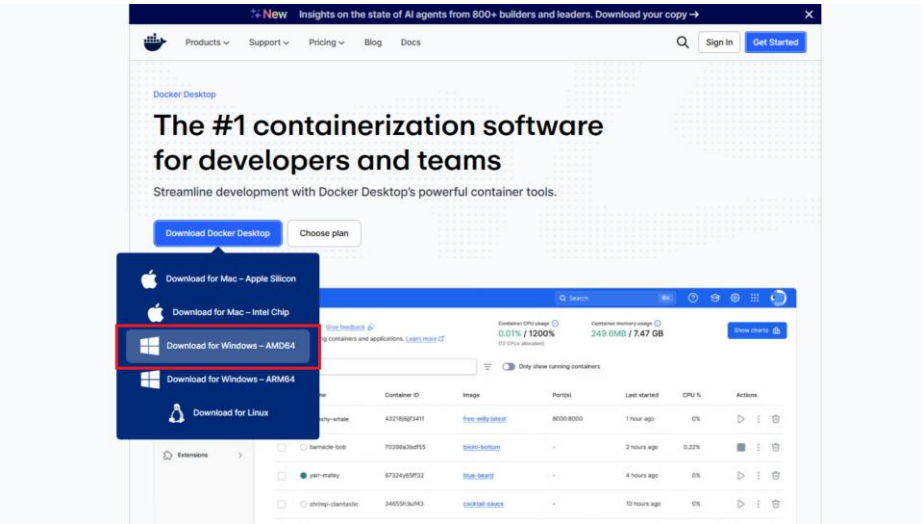
c) เมื่อทำการตั้งค่าเสร็จเรียบร้อยแล้ว กดปุ่ม “OK” เพื่อเปนอันเสร็จสิ้นขั้นตอนการ Setup New Connection เมื่อดำเนินการเรียบร้อยแล้วจะมี Connection ใหม่เพิ่มเข้ามา โดยในโครงงานนี้จะใช้ Connection ดังกล่าวสำหรับการดำเนินการที่เกี่ยวข้องกับฐานข้อมูล



ขั้นตอนการติดตั้ง Docker

โครงการนี้มีการใช้ Docker สำหรับจัดการสภาพแวดล้อม และการดำเนินการต่าง ๆ โดยมีขั้นตอนการติดตั้งดังนี้

1. ไปที่เว็บไซต์ https://www.docker.com/products/docker-desktop/
2. ดาวนโหลดโดยเลือกไปที่ “Download for Windows – AMD64” หรือ version อื่น ๆ ที่เหมาะสมกับอุปกรณ์ของผู้ใช้งาน



3. ทำการติดตั้งโปรแกรม
   a) ไปที่ไฟล “Docker Desktop Installer.exe” ที่ได้ทำการดาวน์โหลดไว้ และกดปุ่ม “Run” เพื่อดำเนินการต่อ
   b) ในหน้า Configuration เลือก “All-user installation” จากนั้นกดปุ่ม “OK” เพื่อดำเนินการต่อ
   c) รอจนกวาการติดตั้งจะเสร็จสมบูรณ์ หลังจากนั้นกดปุ่ม “Close” เพื่อเปนอันเสร็จสิ้นขั้นตอนการติดตั้ง Docker

ขั้นตอนการติดตั้งโฟลเดอร Project

การติดตั้งโฟลเดอทั้งหมดของโครงการนี้ มีขั้นตอนการติดตั้งดังนี้

1. เปิด Docker และเปิด Command Line
2. ทำการ Clone Folder ลงมาจาก Git ผ่านการรันคำสั่งบน Command Line ดังนี้

git clone https://github.com/ComSciThammasatU/2568-2-cs403-final-submission-68-1_12_tnt-r2.git

```
C:\Users\kanxx>git clone "https://github.com/ComSciThammasatU/2568-2-cs403-final-submission-68-1_12_tnt-r2.git"
Cloning into '2568-2-cs403-final-submission-68-1_12_tnt-r2'...
info: please complete authentication in your browser...
remote: Enumerating objects: 5330, done.
remote: Counting objects: 100% (186/186), done.
remote: Compressing objects: 100% (137/137), done.
remote: Total 5330 (delta 120), reused 49 (delta 49), pack-reused 5144 (from 2)
Receiving objects: 100% (5330/5330), 132.63 MiB | 14.37 MiB/s, done.
Resolving deltas: 100% (985/985), done.
Updating files: 100% (5219/5219), done.
```

3. รันคำสั่งต่อไปนี้บน Command Line เพื่อทำการติดตั้งไฟล์โครงงาน
   a) cd 2568-2-cs403-final-submission-68-1_12_tnt-r2
   b) cd ai
   c) docker build -f Dockerfile.base -t timecell-ai-base .
   d) cd ..
   e) docker-compose build --no-cache && docker-compose up
4. เมื่อรันคำสั่งทั้งหมดเสร็จสิ้น จะขึ้นกล่องข้อความ Serving! บน Command Line ดังรูป จากนั้นผู้ใช้งานสามารถรันโปรแกรมผ่าน http://localhost:3000/

```
timecell_frontend  |
timecell_frontend  |
timecell_frontend  |      Serving!
timecell_frontend  |
timecell_frontend  |      - Local:    http://localhost:3000
timecell_frontend  |      - Network:  http://172.18.0.5:3000
timecell_frontend  |
timecell_frontend  |
timecell_frontend  |
```

ภาคผนวก ข. เอกสารอ้างอิงที่เกี่ยวข้อง

1. หนังสือรับรองการอนุมัติจริยธรรมการวิจัยในมนุษย์ เลขที่ 120/2567 สำหรับชุดข้อมูลภาพเซลล์เม็ดเลือดขาวจากของเหลวในร่างกาย

ScF 03_01 (Eng)

The Human Research Ethics Committee of Thammasat University (Science), (HREC-TUSc) Room No 112 , Dome Administrative Building, 1st Floor, Thammasat University Rangsit Campus, Prathumthan 12121, Thailand, Tel: 0-2564-4440 ext.7358 E-mail: ecsctu3@tu.ac.th

COA No. 120/2567

Certificate of Approval

Project No. : 67AH137
Title of Project : Development and Evaluation of an AI-Based Cell Classification Model for Body Fluid Samples
Principle Investigator : Chollanot Kaset
Place of Proposed Study/Institution: Faculty of Allied Health Sciences, Thammasat University

The Human Research Ethics Committee of Thammasat University (Science), Thailand, has approved the above study project in accordance with the compliance to the Declaration of Helsinki, the Belmont report, CIOMS guidelines and the International practice (ICH-GCP).

Signature: .....
(Assoc. Prof. Jinda Wangboonskul, Ph.D.)
Chairman of the Human Research Ethics Committee of Thammasat University (Science).

Signature: .....
(Assoc. Prof.Laksana Laokiat, Ph.D.)
Secretary of the Human Research Ethics Committee of Thammasat University (Science

Date of Approval: November 7, 2024 **Approval Expire date:** November 6, 2025
Progressing Report Due: October 7, 2025

Date of Approval 1: November 28, 2025 **Approval Expire date:** November 6, 2026
Progressing Report Due: October 7, 2026

The approval documents
1) Research Proposal Version 2/ 31-10-67
2) Principal Investigator's Curriculum Vitae Version 2/ 31-10-67

2. ใบขอตรวจ Body Fluid Analysis ห้องปฏิบัติการกลาง ภาควิชาพยาธิวิทยาคลินิก คณะแพทยศาสตร์ศิริราชพยาบาล สำหรับใช้ในการอ้างอิงเพื่อการออกแบบเว็บแอปพลิเคชัน

ใบขอตรวจ BODY FLUID ANALYSIS ห้องปฏิบัติการกลาง ภาควิชาพยาธิวิทยาคลินิก
คณะแพทยศาสตร์ศิริราชพยาบาล อาคารนวมินทรบพิตร ๘๔ พรรษา ชั้น 1 โทร. 97048-9

(ติดสติกเกอร์)
ชื่อ-สกุล.....
H.N. .....อายุ.....ปี
OPD/WARD.....Tel.....

การวินิจฉัยโรค .....
แพทย์ผู้ส่งตรวจ .....รหัส.....
วันที่...../...../..... เวลาที่เก็บตัวอย่าง.....น.
ชื่อผู้เก็บตัวอย่าง.....

สิ่งส่งตรวจ
- ☐ Pleural effusion: ☐ Left ☐ Right
- ☐ Pericardial effusion
- ☐ Peritoneal effusion/Ascites/น้ำ drain จากช่องท้อง
- ☐ Other โปรดระบุ .....

} ปริมาตร ≥1 ml ใส่หลอด EDTA (จุกม่วง) และ mix 8-10 ครั้ง

- ☐ Joint fluid ระบุตำแหน่ง .....
- ☐ Peritoneal dialysis fluid (PDF)
- ☐ Bronchoalveolar lavage (BAL)
- ☐ CSF (เฉพาะนอกเวลาราชการเท่านั้น)

} ปริมาตร ≥1 ml ใส่ภาชนะสะอาด (เฉพาะ Joint fluid ให้เติม sodium heparin 1-2 หยด)

สำหรับติดสติ๊กเกอร์หมายเลขขอตรวจ

การทดสอบที่ต้องการส่งตรวจ

4010 ☐ Nucleated cell count and differentiation*
หมายเหตุ: การทดสอบนี้เป็นเพียงการคัดกรองเท่านั้น หากแพทย์สงสัย malignancy กรุณาส่งตรวจ cytology ที่ภาควิชาพยาธิวิทยาร่วมด้วยเสมอ
4033 ☐ RBC count (สำหรับ CSF เท่านั้น)
4040 ☐ Crystal (สำหรับ Joint fluid เท่านั้น โดยจะตรวจหาเฉพาะ MSU และ CPPD)

* หลังจากห้องปฏิบัติการรายงานผลแล้ว หากแพทย์ผู้ใช้บริการมีความประสงค์จะขอยืมสไลด์ cell differential count ออกไปนอกห้องปฏิบัติการ กรุณาติดต่อ ห้องปฏิบัติการกลาง ภาควิชาพยาธิวิทยาคลินิก เพื่อกรอกแบบฟอร์มและรับสไลด์ด้วยตนเอง ภายใน 5 วัน นับจากวันที่รายงานผล

รายงานผล (สำหรับเจ้าหน้าที่ห้องปฏิบัติการ)

Gross Examination: Color ☐ เหลืองฟาง ☐ เหลืองเข้ม ☐ สีปนเลือด ☐ ไม่มีสี ☐ อื่น ๆ .....
Clarity ☐ ใส ☐ ขุ่นเล็กน้อย ☐ ขุ่นทึบ ☐ อื่น ๆ .....

Nucleated cell count ..... /mm³ RBC count ..... /mm³

ช่องที่นับในแต่ละครั้ง ..... ช่องใหญ่ Dilution factor	ช่องที่นับในแต่ละครั้ง ..... ช่องใหญ่ Dilution factor .....
ครั้งที่ 1: ..... cells ครั้งที่ 2: ..... cells	ครั้งที่ 1: ..... cells ครั้งที่ 2: ..... cells
ครั้งที่ 3*: ..... cells	ครั้งที่ 3*: ..... cells

* ทำเมื่อผลในการนับครั้งที่ 1 และ 2 แตกต่างกันเกิน limit of agreement ☐ ประเมิน nucleated cell count และ RBC ด้วยกล้อง phase contrast

Nucleated cell count comment: .....

Cell differentiation (**Monocyte และ macrophage นับแยกเฉพาะใน CSF)

Neutrophil ..... %
Lymphocyte ..... %
** Monocyte ..... %
** Macrophage ..... %
Monocyte/Macrophage ..... %
Eosinophil ..... %
Basophil ..... %

Mesothelial cell..... %
Synovial cell ..... %
Plasma cell ..... %
Abnormal WBC (หากพบ โปรดระบุชื่อและรายงานเป็น %)
.....
.....
.....

Bacteria: ☐ Not found ☐ Found ○ Intracellular and extracellular ○ Only extracellular
Crystal: ☐ Not found ☐ Found ○ Monosodium urate crystal (MSU) ○ Calcium pyrophosphate crystal (CPPD)
○ อื่น ๆ โปรดระบุชื่อหรือบรรยายลักษณะ .....

Cytology comment: .....
.....

☐ พบ free cell ขนาดใหญ่ติดสีน้ำเงินเข้ม มี N:C ratio สูง ☐ พบกลุ่ม cell ติดสีน้ำเงินเข้ม ขอบเขต cell fuse ติดกัน
☐ กรุณาส่งตรวจยืนยันที่ภาควิชาพยาธิวิทยา

ผู้รายงานผล ..... วัน / เวลา ที่รายงานผล .....
ผู้ตรวจสอบการลงผลในระบบคอมพิวเตอร์..... วัน / เวลา ที่ตรวจสอบผล .....

CP-F-022-03

ภาคผนวก ค. ผลงานการนำเสนอและตีพิมพ์

1. การนำเสนอบทความวิจัยแบบบรรยาย การประชุมวิชาการระดับปริญญาตรีด้านคอมพิวเตอร์ภูมิภาคเอเชีย ครั้งที่ 14 (AUCC 2026) ในหัวข้อ การพัฒนาโมเดลจำแนกชนิดเซลล์เม็ดเลือดขาว ด้วยเทคนิคการปรับสมดุลฮิสโทแกรมและการเรียนรู้เชิงลึก

การประชุมวิชาการระดับปริญญาตรีด้านคอมพิวเตอร์ภูมิภาคเอเชีย ครั้งที่ 14 (AUCC2026)

ขอมอบเกียรติบัตร ฉบับนี้ไว้เพื่อแสดงว่า

กัญญารัตน์ กาญจนพยัคฆ์ รศ.ดร.ธนาธร ทะนานทอง

บทความเรื่อง การพัฒนาโมเดลจำแนกชนิดเซลล์เม็ดเลือดขาว ด้วยเทคนิคการปรับสมดุลฮิสโทแกรมและการเรียนรู้เชิงลึก

เป็นผู้เข้าร่วมนำเสนอบทความวิจัยแบบบรรยาย

ระดับดีมาก (Very Good)

การประชุมวิชาการระดับปริญญาตรีด้านคอมพิวเตอร์ภูมิภาคเอเชีย ครั้งที่ 14 (AUCC2026)

จัดขึ้นระหว่างวันที่ 4-6 กุมภาพันธ์ 2569 ณ มหาวิทยาลัยราชภัฏรำไพพรรณี

(ผู้ช่วยศาสตราจารย์ไวกูณฑ์ ทองอร่าม)
ประธานคณะกรรมการจัดงาน AUCC2026

(รองศาสตราจารย์ ดร.อรสา เตติวัฒน์)
ประธานคณะกรรมการอำนวยการกลาง
ภาคีเครือข่ายความร่วมมือ AUCC

Article ID: O-DSA-0038

2. การนำเสนอบทความวิจัยแบบบรรยาย การประชุมวิชาการระดับปริญญาตรีด้านคอมพิวเตอร์ภูมิภาคเอเชีย ครั้งที่ 14 (AUCC 2026) ในหัวข้อ การปรับปรุงประสิทธิภาพโมเดลจำแนกชนิดเซลล์เม็ดเลือดขาวจากของเหลวในร่างกายโดยใช้เทคนิคการเพิ่มภาพ StyleGAN3

การประชุมวิชาการระดับปริญญาตรีด้านคอมพิวเตอร์ภูมิภาคเอเชีย ครั้งที่ 14 (AUCC2026)

ขอมอบเกียรติบัตร ฉบับนี้ไว้เพื่อแสดงว่า

กุลธพร นาครัตน์ รศ.ดร.ธนาธร ทะนานทอง

บทความเรื่อง การปรับปรุงประสิทธิภาพโมเดลจำแนกชนิดเซลล์เม็ดเลือดขาวจากของเหลวในร่างกายโดยใช้เทคนิคการเพิ่มภาพ StyleGAN3

เป็นผู้เข้าร่วมนำเสนอบทความวิจัยแบบบรรยาย

ระดับดีมาก (Very Good)

การประชุมวิชาการระดับปริญญาตรีด้านคอมพิวเตอร์ภูมิภาคเอเชีย ครั้งที่ 14 (AUCC2026)

จัดขึ้นระหว่างวันที่ 4-6 กุมภาพันธ์ 2569 ณ มหาวิทยาลัยราชภัฏรำไพพรรณี

(ผู้ช่วยศาสตราจารย์ไวกูณฑ์ ทองอร่าม)
ประธานคณะกรรมการจัดงาน AUCC2026

(รองศาสตราจารย์ ดร.อรสา เตติวัฒน์)
ประธานคณะกรรมการอำนวยการกลาง
ภาคีเครือข่ายความร่วมมือ AUCC

Article ID: O-DSA-0039