

โมเดลเรียนรู้เชิงลึกสำหรับตรวจจับแพลงก์ตอนพืชในแหล่งน้ำ เพื่อเป็นต้นแบบในการประเมินคุณภาพน้ำ

รวิทย์ ผ่านภูวษ์^{1*}, จิรวัดน์ อมรโอภาสเสถียร¹, กันต์ธร ไข่มุกข์¹

ธัญญรัตน์ คำเกาะ¹และ อรรวรรณ เชาวลิ²

¹โรงเรียนมหิดลวิทยานุสรณ์ จังหวัดนครปฐม ประเทศไทย

²ภาควิชาคอมพิวเตอร์ คณะวิทยาศาสตร์ มหาวิทยาลัยศิลปากร วิทยาเขตพระราชวังสนามจันทร์

*rawit.pha_g31@mwit.ac.th

บทคัดย่อ

ในประเทศไทย มีรายงานการพบยูกลีนาในสกุล *Euglena*, *Phacus*, *Trachelomonas*, *Lepocinclis* และ *Strombomonas* ซึ่งส่วนใหญ่พบในแหล่งน้ำที่มีอินทรีย์วัตถุมาก ยูกลีนาหลายชนิดจึงถูกใช้บ่งชี้คุณภาพน้ำเสีย จนถึงเสียมาก ยูกลีนาในกลุ่มนี้มีสัณฐานอิสระทำให้การระบุสกุลและนับจำนวนมีโอกาสมิผิดพลาดสูง รายงานนี้เสนอโปรแกรมตรวจจับวัตถุเพื่อลดความผิดพลาดดังกล่าว ข้อมูลภาพของยูกลีนาทั้งหมดทั้ง 5 สกุลถูกรวบรวมตั้งแต่เดือนมิถุนายนถึงเดือนตุลาคม ค.ศ. 2022 ด้วยกล้องดิจิทัลสำหรับกล้องจุลทรรศน์และกล้องโทรศัพท์จากการส่งตัวอย่างน้ำจากคลองมหาสวัสดิ์ จังหวัดนครปฐม ประเทศไทย ชุดข้อมูลถูกกำหนดขอบเขตวัตถุบนรูปภาพและฝึกฝนโปรแกรมด้วยโมเดลเรียนรู้เชิงลึก 4 โมเดลได้แก่ Detectron2, YOLOv5, YOLOv7 และ YOLOv8 วัดค่าความแม่นยำและความไวของโมเดลและปรับปรุงโมเดลด้วยการแต่งเติมรูปภาพเพื่อครอบคลุมความเป็นไปได้ของภาพภายใต้กล้องจุลทรรศน์ โมเดลที่ดีที่สุดคือโมเดล YOLOv5l มีค่าความแม่นยำและความไวเท่ากับ 0.839 และ 0.873 ตามลำดับ โมเดลนี้มีประสิทธิภาพสูงในแง่ของความถูกต้อง โดยมีอัตราการระบุสกุลผิดที่ต่ำ

คำสำคัญ การประเมินคุณภาพน้ำ, ยูกลีนา, การตรวจจับวัตถุ, การเรียนรู้เชิงลึก

1. บทนำ

การวัดคุณภาพน้ำเป็นสำคัญในงานวิจัยด้านวิทยาศาสตร์สิ่งแวดล้อม มีหลายวิธีในการทดสอบคุณภาพน้ำ เช่น การตรวจสอบสี ความสามารถในการส่งผ่านแสง คุณสมบัติทางเคมีเช่น ปริมาณออกซิเจนที่ละลายในน้ำ (DO) ความเป็นกรด-เบส ความเค็ม และคุณสมบัติทางชีวภาพเช่น ค่า BOD และการวัดความหลากหลายและปริมาณของสิ่งมีชีวิตในน้ำ การขยายตัวของชุมชนและโรงงานอุตสาหกรรมในประเทศไทยก่อให้เกิดการเปลี่ยนแปลงคุณภาพน้ำในแม่น้ำเจ้าพระยาและแม่น้ำท่าจีน เช่น ค่า DO ต่ำ ปริมาณแอมโมเนีย-ไนโตรเจนสูงและค่า BOD สูง (Simachaya, W., 2003) ซึ่งมีผลกระทบต่อสิ่งมีชีวิตในน้ำ น้ำที่มีคุณภาพแตกต่างกันจะมีสิ่งมีชีวิตชนิดและ

ปริมาณที่แตกต่าง จึงใช้สิ่งมีชีวิตบางชนิดในการประเมินคุณภาพน้ำ

งานวิจัยนี้ใช้ข้อมูลการบ่งชี้คุณภาพน้ำโดยใช้แพลงก์ตอนคือคะแนน AARL-PP (Assessment of Water Quality in Standing Water by Using Dominant Phytoplankton) ของยุวดี พิรพรพิศาล (2007) ซึ่งเป็นวิธีที่ไม่ต้องใช้สารเคมีและบ่งชี้คุณภาพน้ำได้ในเวลาอย่างกว้าง การประเมินวิธีนี้ใช้ค่าคะแนน 2 ส่วนในการประเมิน ส่วนที่ 1 เป็นการสร้างคะแนนมาตรฐานคุณภาพน้ำโดยอิงระดับสารอาหารแบ่งแต่ละระดับโดยใช้ประสบการณ์ที่มีมาก่อนดังตารางที่ 1 ในขณะที่ส่วนที่ 2 เป็นการให้คะแนนแพลงก์ตอนพืชชนิดเด่นที่ปรากฏในแหล่งน้ำซึ่งมีคุณภาพต่าง

ค่า คะแนน	คุณภาพน้ำโดยอิง ระดับสารอาหาร	คุณภาพน้ำทั่วไป
1.0 - 2.0	ดี	สะอาด
2.1 - 3.5	ดีถึงปานกลาง	สะอาดถึง ปานกลาง
3.6 - 5.5	ปานกลาง	ปานกลาง
5.6 - 7.5	ปานกลางถึงไม่ดี	ปานกลาง ถึงมลพิษ
7.6 - 9.0	ไม่ดี	มลพิษ
9.1 - 10.0	ไม่ดีมาก	มลพิษมาก

ตารางที่ 1 ค่าคะแนนคุณภาพน้ำอิงระดับสารอาหารและทั่วไป

กัน โดยให้คะแนน 1 - 10 คะแนนน้อยจะบ่งชี้คุณภาพน้ำดี ส่วนคะแนนมากจะบ่งชี้คุณภาพน้ำไม่ดี การศึกษาคุณภาพน้ำในแหล่งน้ำที่ศึกษา ทำได้โดยรวบรวมแพลงก์ตอนพืชมาวินิจฉัยและนับจำนวนเล็กน้อยของแต่ละสกุล นำสกุลเด่นซึ่งเรียง

ตามลำดับความมาอย่างน้อย 3 - 5 สกุล ให้คะแนนระดับคุณภาพน้ำจากส่วนที่ 2 หาค่าเฉลี่ยแล้วนำไปเปรียบเทียบกับคะแนนมาตรฐานคุณภาพน้ำในส่วนที่ 1 จะสามารถหาคุณภาพน้ำได้ มีการทดลองใช้การประเมินนี้ ในแหล่งน้ำ 50 แห่งในภาคเหนือ ส่วนภาคตะวันออกเฉียงเหนือและภาคใต้ ภาคละ 20 แห่ง ผลปรากฏว่าให้ความถูกต้องมากกว่าร้อยละ 95 เมื่อเปรียบเทียบกับคุณภาพน้ำทางด้านกายภาพและเคมี เช่นค่า BOD ค่า DO

เลือกศึกษายูกลีโนยด์ 5 สกุล โดยสกุล Euglena, Phacus, Trachelomonas และ Strombomonas มีคะแนนเท่ากับ 10, 8, 8 และ 8 ตามลำดับ ในขณะที่สกุล Lepocinclis ยังไม่มีคะแนน เนื่องจากสิ่งมีชีวิตในกลุ่มนี้มีคะแนน AARL-PP สูง ดังนั้นแหล่งน้ำที่พบยูกลีโนยด์มักจะเป็นน้ำคุณภาพไม่ดีมาก (Hypereutrophic status)

แต่อย่างไรก็ตาม ยูกลีโนยด์สามารถเปลี่ยนแปลงสัณฐานได้อย่างอิสระ ทำให้มีโอกาสที่จะระบุสกุลผิดได้ เนื่องจากสมาชิกยูกลีโนยด์ต่างสกุลมีคะแนน AARL-PP ต่างกัน การระบุสกุลของสิ่งมีชีวิตที่ถูกต้อง มีผลต่อคะแนนและความเที่ยงตรงในการประเมินคุณภาพน้ำ งานวิจัยนี้จึงเสนอโปรแกรมตรวจจำวัตถุ

เพื่อลดความผิดพลาดดังกล่าว เพื่อสร้างโปรแกรมที่สามารถระบุสกุลยูกลีโนยด์ออกจากแพลงก์ตอนชนิดอื่นและสิ่งปนเปื้อนภายใต้กล้องจุลทรรศน์ได้ เพื่อในอนาคตผู้วิจัยสามารถต่อยอดนำข้อมูลยูกลีโนยด์ในฐานะตัวบ่งชี้ทางชีวภาพ (Bio indicator) จากโปรแกรมมาใช้ในการประเมินคุณภาพน้ำด้วยการอ้างอิงตามคะแนน AARL-PP ด้วยความเที่ยงตรง หนึ่งในวิธีการแก้ปัญหาที่ถูกเสนอคือการตรวจจำอายุสเปอต (Eye spot) เนื่องจากอายุสเปอตเป็นออร์แกเนลล์คล้ายเม็ดสี มักพบในยูกลีโนยด์ใช้ในการรับแสง ดังนั้นถึงแม้สัณฐานของยูกลีโนยด์จะอิสระมาก การตรวจจำอายุสเปอตยังคงสามารถช่วยในการระบุยูกลีโนยด์

การเรียนรู้เชิงลึก (Deep Learning) คือวิธีการเรียนรู้แบบอัตโนมัติด้วยการเลียนแบบการทำงานของโครงข่ายประสาทของมนุษย์ โดยนำระบบโครงข่ายประสาท (Neural Network) มาซ้อนกันหลายชั้น (Layer) และทำการเรียนรู้ข้อมูลตัวอย่าง ซึ่งข้อมูลดังกล่าวจะถูกนำไปใช้ในการตรวจจำรูปแบบหรือจัดหมวดหมู่ข้อมูล หลักการของทุกโมเดลคือแบ่งภาพในชุดข้อมูลเป็นหลายส่วน ประมวลแต่ละส่วนด้วยสมการที่เชื่อมโยงกันคล้ายโครงข่ายประสาท แสดงผลลัพธ์ออกมาและทุกครั้งที่แสดงผลลัพธ์จะมีการเปลี่ยนแปลงบางพารามิเตอร์ในสมการจนกว่าผลลัพธ์จะตรงกับต้นแบบที่ออกแบบ ในโมเดลแต่ละโมเดลมีการออกแบบระบบโครงข่ายประสาทและจำนวนชั้นที่แตกต่างกันเกิดเป็นโมเดลการเรียนรู้ที่มีประสิทธิภาพ การเรียนรู้หลากหลายรูปแบบ ซึ่งสามารถชี้วัดประสิทธิภาพเหล่านี้ด้วยค่าสำหรับการประเมิน (Evaluation metrics) เช่นค่าความแม่นยำ ค่าความไว คะแนนเอฟวัน (IBM, 2024)

สำหรับการสร้างโมเดลตรวจจำวัตถุ เริ่มจากการเลเบลตำแหน่งของวัตถุเพื่อบอกตำแหน่งและลักษณะของวัตถุให้โปรแกรมเรียนรู้ แล้วนำข้อมูลออกแยกเป็น 3 ชุดได้แก่ชุดสำหรับฝึกฝน (Training set) ชุดสำหรับการตรวจสอบ (Validation set) และชุดสำหรับการทดสอบ (Testing set) เป็นสัดส่วนที่ต้องการ เพื่อให้โปรแกรมฝึกฝนเรียนรู้ตามหลักการที่กล่าวไป ตรวจสอบโปรแกรมกับชุดตรวจสอบและทดสอบจริง

2. การทดลอง

การเก็บตัวอย่างและการเตรียมชุดข้อมูล

สรุปการวิจัยได้รวบรวมตัวอย่างน้ำจากพิกัด 13°48'25"N, 100°17'3"E ที่คลองมหาสวัสดิ์ ตำบลศาลายา อำเภอฟุทธรณทล จังหวัดนครปฐม ตั้งแต่เดือนมิถุนายนถึงตุลาคม ค.ศ. 2022 ด้วยตาข่ายขนาด 21 ไมครอน และใช้กล้องจุลทรรศน์แบบใช้แสงโพไรท์ฟิลด์กับการขยาย 400 เท่า เพื่อบันทึกภาพสัณฐานวิทยาของ *Euglena* spp., *Phacus* spp., *Trachelomonas* spp., *Lepocinclis* spp. และ *Strombomonas* spp. จำแนกสกุลงและเตรียมชุดข้อมูลทั้งหมดอ้างอิงจาก Wongrat, L. และคณะ (2017) และฐานข้อมูล AlgaeBase จัดทำโดย M.D. & Guiry, G.M. ดังตารางที่ 2 นอกจากนี้ยังรวบรวมชุดข้อมูลภาพเคลื่อนไหวจาก Solito de Solis (2020) และนำมาคัดเลือกภาพตามเกณฑ์ที่กำหนด โดยต้องมีอย่างน้อย 1 สกุลงของยูกลีโนยด์จาก 5 สกุลงและมีสิ่งมีชีวิตอื่นอย่างเช่น สาหร่าย และมีสิ่งปนเปื้อน เช่น เศษตะกอนในน้ำ ภาพไม่จำกัดสี ความสว่าง และค่ารับแสงจากกล้องจุลทรรศน์ และไม่จำกัดความละเอียดของภาพที่ถูกเลือกไว้ในการวิจัยนี้

รวบรวมเกณฑ์การระบุสกุลงและรวบรวมรูปภาพของยูกลีโนยด์ที่ผ่านการคัดเลือก นำรูปภาพมาระบุสกุลง ตำแหน่งของยูกลีโนยด์แต่ละตัวบนรูปภาพเรียกกระบวนนี้ว่าการเลเบล (Labeling) เลเบลด้วยกล่องกำหนดขอบเขต (Bounding box) โดยมีเกณฑ์ในการเลเบลภาพจะได้ชุดข้อมูล 2 ชุดได้แก่ชุดข้อมูลที่เลเบลด้วยกล่องกำหนดขอบเขตและชุดข้อมูลที่เลเบลแบบแบ่งส่วน (Instance segmentation) นำข้อมูลออก

แยกเป็น 3 ชุดได้แก่ชุดสำหรับฝึกฝน (Training set) ชุดสำหรับการตรวจสอบ (Validation set) และชุดสำหรับการทดสอบ (Testing set) เป็นสัดส่วนร้อยละ 70, 20 และ 10 ตามลำดับ จากการรวบรวมชุดข้อมูลจากตัวอย่างน้ำและแหล่งภายนอกได้รูปภาพของ *Euglena* spp., *Phacus* spp., *Trachelomonas* spp., *Lepocinclis* spp. และ *Strombomonas* spp. ที่สามารถนำไปใช้ต่อไปได้จำนวน 284, 180, 115, 187 และ 102 ภาพตามลำดับ

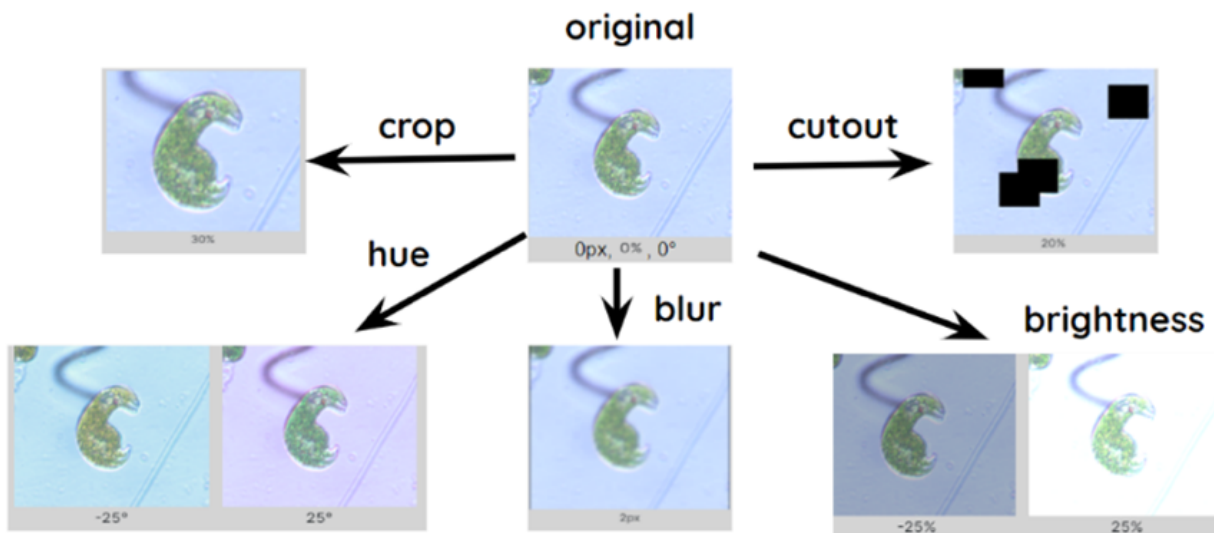
หลังจากการนำภาพไปเลเบลแล้วจะนำภาพที่ได้ทำการแต่งเติมชุดข้อมูลภาพ (Image augmentation) เพื่อจำลองปัจจัยในภาพที่ส่งผลต่อการระบุสกุลงได้แก่ ความสว่างและสีของแสงจากกล้องจุลทรรศน์ โพกัสและความคมชัดของภาพ ตำแหน่งของสัณฐานยูกลีโนยด์และสิ่งกีดขวางภาพ สามารถแต่งเติมด้วยหลากหลายวิธีได้แก่การครอบตัดภาพ (Crop) ร้อยละ +0 ถึง +30 การเปลี่ยนแปลงสี (Hue) ร้อยละ -25 ถึง +25 การตัดภาพบางส่วน (Cutout) ร้อยละ 20 ความขุ่นมัว (Blur) ค่า 0 ถึง 2 พิกเซลและความสว่าง (Brightness) ร้อยละ -25 ถึง +25 และเพิ่มจำนวนชุดข้อมูลเป็น 2,055 ภาพจะได้ผลลัพธ์ดังรูปที่ 1

การสร้างโมเดลค่าโครงข่ายการเรียนรู้เชิงลึก

สร้างโมเดลโครงข่ายการเรียนรู้เชิงลึกจากโมเดล 4 แบบได้แก่ Detectron2, YOLOv5, YOLOv7 และ YOLOv8 โดยสร้างโมเดลการเรียนรู้ของโมเดลย่อยของ YOLOv5 ได้แก่ YOLOv5s, YOLOv5n, YOLOv5m, YOLOv5l และ YOLOv5x หลักการของโมเดลโครงข่าย

สกุลงของยูกลีโนยด์	ที่มาของชุดข้อมูล	ที่มาของเกณฑ์การจำแนก
<i>Euglena</i> Ehrenberg, 1830	ภาพถ่ายจากตัวอย่างน้ำจาก คลองมหาสวัสดิ์ จ.นครปฐม	M.D. Guiry in Guiry, M.D. & Guiry, G.M. (2017)
<i>Phacus</i> Dujardin, 1841		E.A. Molinari Novoa in Guiry, M.D. & Guiry, G.M. (2021)
<i>Trachelomonas</i> Ehrenberg, 1834		M.D. Guiry in Guiry, M.D. & Guiry, G.M. (2017)
<i>Lepocinclis</i> Perty, 1849	ภาพถ่ายจากตัวอย่างน้ำจาก คลองมหาสวัสดิ์ จ.นครปฐมและ จาก Solito de Solis (2020)	G.M. Guiry in Guiry, M.D. & Guiry, G.M. (2022)
<i>Strombomonas</i> Deflandre, 1930		M.D. Guiry in Guiry, M.D. & Guiry, G.M. (2018)

ตารางที่ 2 ตารางที่มาของชุดข้อมูลและเกณฑ์ที่ใช้จำแนกสกุลงของยูกลีโนยด์



รูปที่ 1 ผลลัพธ์ชุดข้อมูลผ่านการแต่งเติม (Image augmentation)

การเรียนรู้เชิงลึกคือแบ่งภาพในชุดข้อมูลเป็นหลายส่วน ประมวลแต่ละส่วนด้วยสมการ แสดงผลลัพธ์ออกมา และทุกครั้งที่ได้ผลลัพธ์จะมีการเปลี่ยนแปลงสมการจนกว่าผลลัพธ์จะตรงกับโมเดลที่ออกแบบฝึกฝน โมเดล YOLO มีขนาดโมเดลที่เหมาะสมกับขนาดชุดข้อมูลที่แตกต่างกัน ซึ่งระบุขนาดโมเดลที่ตัวอักษรสุดท้ายของชื่อโมเดลเช่น s แทนขนาดเล็ก (Jocher, G., 2022) ปัจจุบันมีการพัฒนาจนถึงเวอร์ชันที่ 8 เรียกว่า YOLOv8 แต่อย่างไรก็ตามโมเดลเวอร์ชันที่ 5 หรือ YOLOv5 เป็นที่นิยมใช้มากที่สุด ในขณะที่โมเดล Detectron เป็นโมเดลขั้นตอนวิธีในการตรวจจับวัตถุที่มีความเร็วสูงและนำไปใช้งานได้อย่างยืดหยุ่น (Wu, Y., 2019)

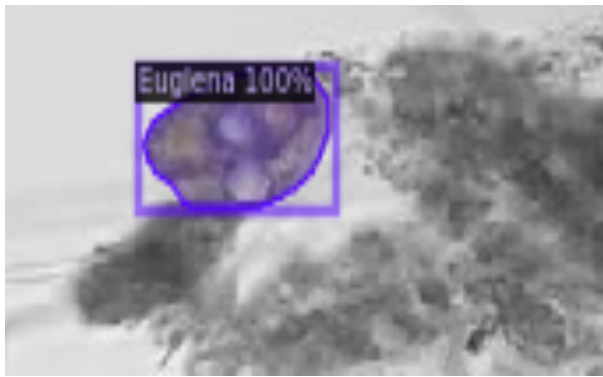
ทำการเรียนรู้โมเดลด้วยจำนวนรอบการเรียนรู้ (Epoch) เท่ากับ 300 ครั้ง ตรวจสอบค่าสำหรับการประเมิน (Evaluation metrics) ซึ่งมีหลากหลายได้แก่ ค่าความถูกต้องในการจำแนก (Classification accuracy) ค่าความแม่นยำ (Precision) ค่าความไว (Recall/Sensitivity) และคะแนนเอฟวัน (F1-score) โดยคะแนนเอฟวันมักถูกใช้ในการเปรียบเทียบโมเดลการเรียนรู้ โมเดลที่มีคะแนนเอฟวันสูงกว่า จะมีความสามารถในการจำแนกมากกว่า แต่ละค่ามีสูตรคำนวณดังนี้ โดยสูตรคำนวณจากจำนวนของ True Positive (TP), True Negative (TN), False Positive

(FP) และ False Negative (FN) ตามลำดับ ค่าความถูกต้องในการจำแนกคำนวณจากสัดส่วนระหว่างจำนวน TP + TN ต่อจำนวน TP + TN + FP + FN ค่าความแม่นยำคำนวณจากสัดส่วนระหว่างจำนวน TP ต่อจำนวน TP + FP ค่าความไวคำนวณจากสัดส่วนระหว่างจำนวน TP ต่อจำนวน TP + FN และคะแนนเอฟวันเป็นค่าเฉลี่ยฮาร์มอนิกของค่าความถูกต้องกับค่าความไว

นอกจากนี้มีการประเมินค่าเฉลี่ยของความแม่นยำที่ IoU Threshold เท่ากับ k หรือค่า mean Average Precision at k (mAP@k) เป็นค่าการประเมิน (Evaluation metrics) ที่เหมาะสมกับการวัดความสามารถของโมเดลที่มีการจำแนกและเรียงอันดับ ซึ่งเหมาะสมกับการใช้ประยุกต์ใช้ในการประเมินคุณภาพน้ำด้วย AARL-PP Score ในการตรวจจับวัตถุในภาพ (Object detection) ค่า k ที่นิยมใช้คือ 50 ถึง 95

3. ผลและอภิปรายการทดลอง

หลังจากสร้างโมเดลและทดลองป้อนรูปภาพเข้าโปรแกรมพบว่า โมเดลสามารถใช้จับภาพได้ตัวอย่างดังรูปที่ 2 และ 3 บนภาพระบุชื่อสกุลของยูกลีนาอยด์ที่ตรวจจับได้ พร้อมกับค่าความเชื่อมั่น ตัวอย่างเช่นรูปที่ 2 ตรวจพบ Euglena sp. ที่ระดับความเชื่อมั่นที่ร้อยละ

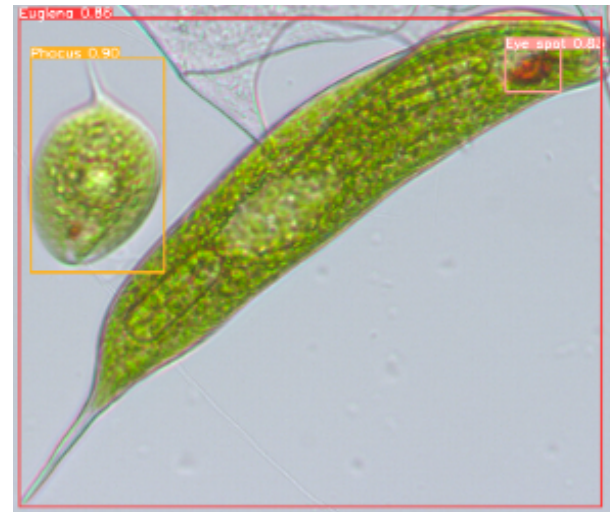


รูปที่ 2 ตัวอย่างการจับภาพของโมเดล Detectron2

100 และรูปที่ 3 ตรวจพบ Euglena sp., Phacus sp., และ อายสปอตด้วยระดับความเชื่อมั่นที่ร้อยละ 88, 90 และ 83 ตามลำดับ

หลังจากนำรูปภาพที่ได้ไปทำการเรียนรู้ด้วยโมเดลการเรียนรู้เชิงลึกทั้ง 8 โมเดล ได้ผลดังตารางที่ 3 เมื่อเปรียบเทียบคะแนนเอฟวันของทั้ง 8 โมเดล โดย 8 โมเดลนี้รวมโมเดลย่อยของ YOLOv5 แล้ว โมเดลย่อยของ YOLOv5 หมายถึงขนาดโมเดลที่แตกต่างกันเหมาะสมกับขนาดชุดข้อมูลแทนด้วยตัวอักษรสุดท้ายของชื่อโมเดลเช่น s แทนข้อมูลขนาดเล็ก

โมเดลที่ดีที่สุดคือ YOLOv5l เนื่องจากมีคะแนนเอฟวันสูงสุด คะแนนเอฟวันคือค่าเฉลี่ยฮาร์โมนิกของค่าความแม่นยำและค่าความไว ซึ่งสองตัวแปรนี้เป็นค่าประเมินผลการเรียนรู้ของโมเดลที่มีประสิทธิภาพพิจารณาค่าเฉลี่ยฮาร์โมนิกของทั้งสองตัวแปรจึงเหมือนการพิจารณาทั้งสองตัวแปรโดยไม่ให้น้ำหนักการพิจารณาไปที่ตัวแปรใดและไม่เกิดความลำเอียงใน



รูปที่ 3 ตัวอย่างการจับภาพของโมเดล YOLOv5

การพิจารณาประสิทธิภาพของโมเดล ซึ่งโมเดลนี้มีรายละเอียดดังจะกล่าวต่อไปแนวโน้มการเปลี่ยนแปลงของค่าสำหรับการประเมิน (Metrics) ในแต่ละรอบการเรียนรู้ (Epoch) ดังรูปที่ 4

จากรูปที่ 4 พบว่ามีค่า Box loss, Objectness loss และ Classification loss ลดลงในแต่ละรอบการเรียนรู้ทั้งในชุดข้อมูลสำหรับการฝึกฝน (ดังรูปที่ 4A, 4B และ 4C) และชุดข้อมูลสำหรับการตรวจสอบ (ดังรูปที่ 4F, 4G และ 4H) ค่า Box loss แสดงถึงความสามารถของโมเดลในการระบุตำแหน่งกลางของวัตถุที่ตรวจจับและความสามารถในการทำนายกล่องกำหนดขอบเขตรอบวัตถุ ค่า Objectness หมายถึงความน่าจะเป็นที่วัตถุจะอยู่ในพื้นที่ในรูปภาพที่สนใจและ Classification loss แสดงถึงความสามารถของโมเดล

โมเดล	Precision	Recall	F1-score	mAP@50	mAP@50-95
Detectron2	0.833	0.847	0.840	0.915	0.731
YOLOv5					
YOLOv5s	0.871	0.804	0.836	0.844	0.527
YOLOv5n	0.877	0.750	0.809	0.831	0.532
YOLOv5m	0.841	0.858	0.849	0.868	0.687
YOLOv5l	0.839	0.873	0.856	0.894	0.715
YOLOv5x	0.833	0.847	0.840	0.915	0.731
YOLOv7	0.773	0.789	0.781	0.829	0.584
YOLOv8	0.854	0.833	0.803	0.866	0.567

ตารางที่ 3 ผลการเรียนรู้ของแต่ละโมเดล

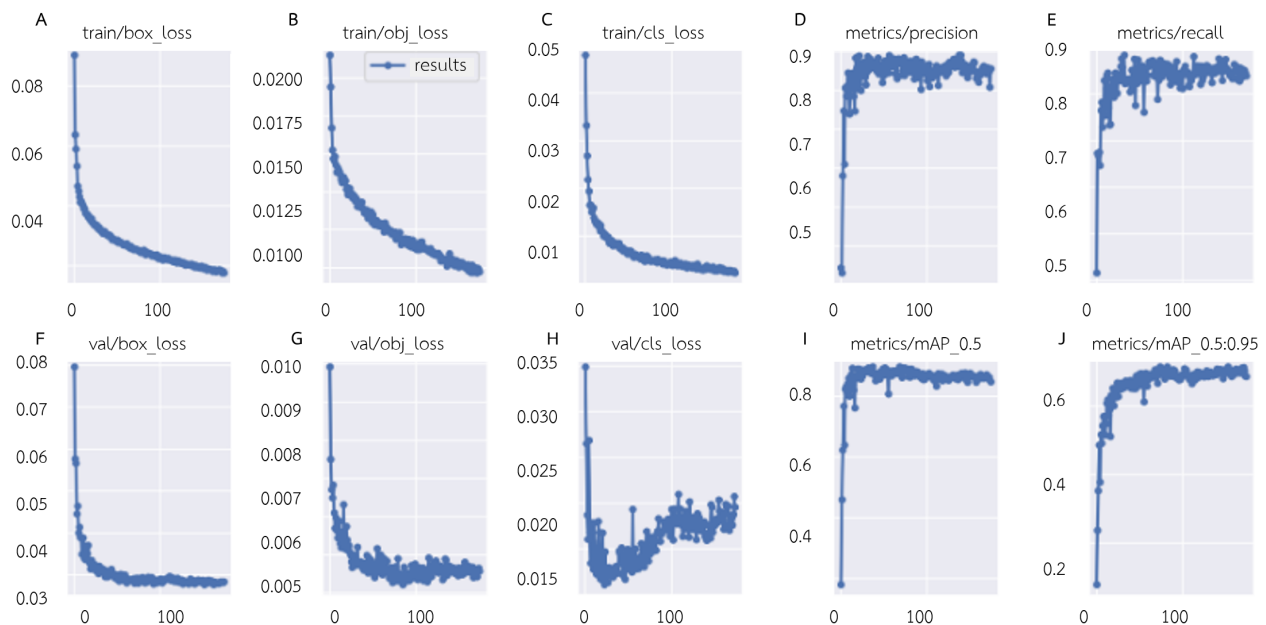
สกุล	Precision	Recall	F1-score	mAP@50	mAP@50-95
Euglena	0.772	0.881	0.822	0.900	0.763
Phacus	0.972	0.863	0.914	0.938	0.834
Trachelomonas	0.732	0.952	0.827	0.921	0.841
Lepocinclis	0.888	0.855	0.871	0.933	0.804
Strombomonas	0.904	0.947	0.925	0.964	0.757

ตารางที่ 4 ผลการเรียนรู้ของแต่ละสกุลของโมเดล YOLOv5L

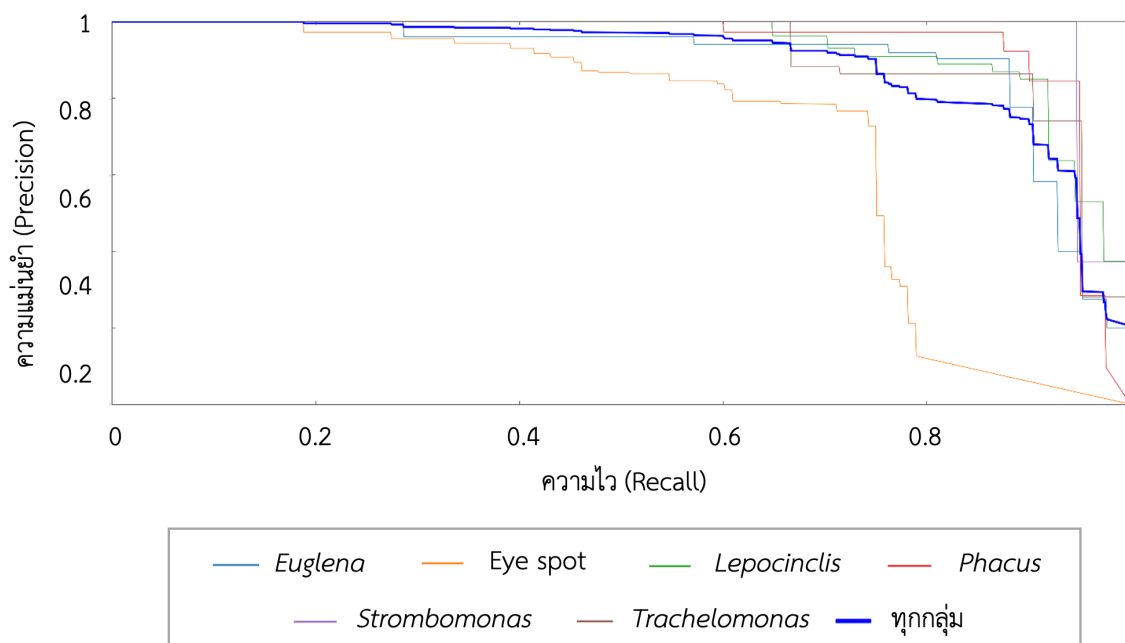
ในการทำนายการจัดจำแนกของวัตถุ ในขณะที่รูปที่ 4D, 4E, 4I และ 4J แสดงถึงค่าสำหรับการประเมิน ได้แก่ ความแม่นยำ ความไว ค่า mAP@50 และค่า mAP@50-95 ตามลำดับ ทั้งสี่รูปมีการเพิ่มขึ้นของค่าสำหรับการประเมินแสดงว่าประสิทธิภาพของโมเดลโดยรวมจะเพิ่มขึ้นตามจำนวนรอบการฝึกฝน รูปที่ 5 แสดงกราฟความสัมพันธ์ระหว่างความแม่นยำและความไว พื้นที่ใต้กราฟของกราฟสามารถแสดงว่าโมเดลมีทั้งความแม่นยำและความไวสูง ซึ่งความแม่นยำสูงหมายถึงอัตราการตรวจจับ False Positive ต่ำและความไวสูงหมายถึงอัตราการตรวจจับ False Negative ต่ำ พื้นที่ใต้กราฟข้างต้นสามารถแปลผลในลักษณะคล้ายกับคะแนนเอฟวันทีกล่าวไป เนื่องจากเป็นตัวแปรเพียงตัวเดียวแต่สามารถใช้ในการเปรียบเทียบตัวแปรทั้งสองตัวนั้นคือความแม่นยำและความไวได้ โดยไม่ให้น้ำหนักการพิจารณาไปที่ตัวแปร

ใดและไม่เกิดความลำเอียงในการพิจารณาประสิทธิภาพของโมเดล จากรูปที่ 5 แสดงว่าโมเดลสามารถตรวจจับอายุสปีดด้วยประสิทธิภาพที่ต่ำมาก ในขณะที่ยุคกลืนยดกลุ่มอื่นมีประสิทธิภาพที่สูงและค่าใกล้เคียงกัน ทำให้ข้อสันนิษฐานที่จะใช้อายุสปีดช่วยในการระบุชนิดของยุคกลืนยดจึงเป็นไปได้ เนื่องจากโมเดลสามารถตรวจจับยุคกลืนยดได้ดีกว่าอายุสปีด

จากเมทริกซ์ความสับสนในรูปที่ 6 พบว่าโมเดลระบุสกุล Lepocinclis และ Phacus ถูกต้องร้อยละ 84 และร้อยละ 82 ตามลำดับ ถือเป็นแพลงก์ตอนที่ถูกระบุผิดเป็นอย่างอื่นจำนวนมากที่สุดคือ 3 อย่าง สกุล Lepocinclis ถูกระบุผิดเป็นสกุล Euglena, Phacus และ Trachelomonas และสกุล Phacus ถูกระบุผิดเป็นสกุล Euglena, Trachelomonas และเป็นพื้นหลังภาพ โมเดลระบุสกุล Euglena ถูกต้องร้อยละ



รูปที่ 4 ค่าสำหรับการประเมินในแต่ละจำนวนรอบการเรียนรู้ของโมเดล YOLOv5L ที่ดีที่สุด

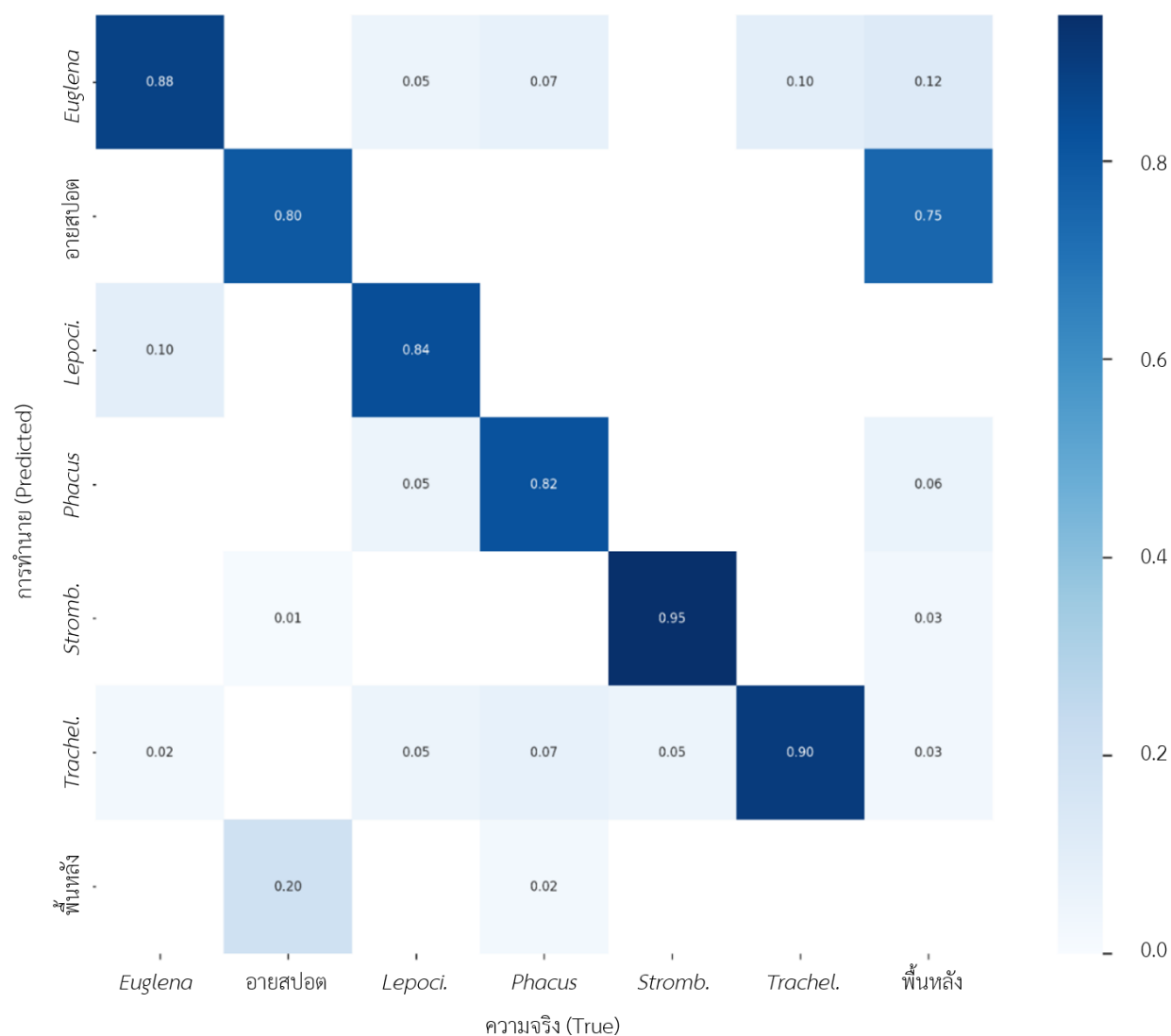


รูปที่ 5 ความสัมพันธ์ระหว่างความแม่นยำกับความไว (Precision-Recall curve) ของโมเดล YOLOv5l ของสกุล Euglena, Eye spot, Lepocinclis, Phacus, Strombomonas, Trachelomonas และทุกกลุ่มตามลำดับ

ระบุผิดเป็นสกุล Euglena, Trachelomonas และเป็นพื้นหลังภาพ โมเดลระบุสกุล Euglena ถูกต้องร้อยละ 88 ระบุสกุล Euglena ผิดเป็นสกุล Lepocinclis และ Trachelomonas ในทางตรงกันข้ามมีแพลงก์ตอน 2 สกุลที่ถูกระบุผิดเป็นอย่างอื่น 1 อย่างคือสกุล Strombomonas และสกุล Trachelomonas ถูกต้องร้อยละ 95 และ 90 ตามลำดับ โมเดลระบุสกุล Strombomonas ผิดเป็นสกุล Trachelomonas โมเดลระบุ Trachelomonas ผิดเป็นสกุล Euglena นอกจากนี้เมทริกซ์ความสับสนบ่งชี้ว่า โมเดลมีการระบุอายุสปีดและพื้นหลังภาพ (กล่าวคือไม่มีวัตถุใดในภาพ) จะพบว่าภาพพื้นหลังมักถูกระบุผิดเป็นอายุสปีดถึงร้อยละ 75 แสดงว่าโมเดลยังไม่สามารถแยกแยะระหว่างอายุสปีดกับพื้นหลังได้

จากรูปที่ 6 แพลงก์ตอนแต่ละชนิดถูกระบุผิด เนื่องจากบางสกุลมีลักษณะพื้นฐานคล้ายกับสกุลอื่นมาก เช่น Phacus sp. มีลักษณะเป็นแผ่นสีเขียวคล้ายใบไม้ บางครั้ง Phacus sp. ไม่มีสีเนื่องจากไม่ได้อยู่ภายใต้แสงแดด ทำให้โมเดลตรวจจับแพลงก์ตอนสกุลไม่ติดและตีความเป็นพื้นหลังมากกว่าสกุลอื่น รวมถึงอายุสปีด (Eye spot) มีสีหลากหลายอาทิ สีเขียวเข้ม สีแดง สีแดงใส สีขาว ซึ่งล้วนเป็นสีของยูกลีโนออยด์ ทำให้

โมเดลไม่สามารถแยกแยะความแตกต่างระหว่างสีของยูกลีโนออยด์กับสีของอายุสปีดได้ ส่งผลให้ความถูกต้องในการจำแนกอายุสปีดต่ำ ดังนั้นงานวิจัยนี้ไม่พิจารณาการจำแนกอายุสปีดของโมเดลการเรียนรู้ นอกจากนี้ยูกลีโนออยด์บางสกุลมีสีพื้นฐานในบางมุมมองคล้ายกันทำให้จำแนกยากเช่น Phacus sp. กับ Trachelomonas sp. แต่อย่างไรก็ตามโมเดลสามารถระบุสกุลของยูกลีโนออยด์ 5 สกุลและไม่สามารถระบุอายุสปีดได้ ด้วยข้อมูลนี้โมเดลสามารถระบุแหล่งน้ำดังกล่าวเป็นน้ำไม่ดีมาก (Hypereutrophic water) ได้ แต่การสร้างโปรแกรมประเมินคุณภาพน้ำที่สามารถคำนวณเป็นคะแนน AARL-PP อย่างทันทียังไม่สามารถคำนวณคะแนนที่แม่นยำได้ เนื่องจากการประเมินคุณภาพน้ำด้วยคะแนน AARL-PP ต้องนับจำนวนแพลงก์ตอนพืชทั้งหมดในยูวตี ฟิรพรพิศาลและคณะ (2007) ซึ่งมีมากกว่าจำนวนสกุลในงานวิจัยนี้ การพัฒนาโปรแกรมคำนวณคะแนน AARL-PP ได้ทันทีต้องสร้างโมเดลที่สามารถระบุแพลงก์ตอนพืชทั้งหมดในงานวิจัยของยูวตี ฟิรพรพิศาลและคณะ (2007) และทดลองตรวจสอบคะแนนที่ได้จากโปรแกรมกับตัวบ่งชี้วัดคุณภาพน้ำอื่น เช่นค่า DO ค่า BOD ในหลายช่วงเวลาและหลายสถานที่เก็บตัวอย่าง



รูปที่ 6 เมทริกซ์ความสับสน (Confusion matrix) ของโมเดล YOLOv5l ระหว่างแพลงก์ตอนจริงบนรูปภาพและการทำนายโดยโมเดล โดยสีน้ำเงินเข้มแทนสัดส่วนเท่ากับ 1.0 สีขาวแทนสัดส่วนเท่ากับ 0.0 โดยสัดส่วนของข้อมูลในแต่ละช่องแปรผันตรงกับความเข้มของสี

4. สรุปผลการทดลอง

ในการประเมินคะแนนคุณภาพน้ำใช้การระบุสกุลของแพลงก์ตอนพืชหลายสกุล แต่ยูกลีโนยด์มีพื้นฐานอิสระของยูกลีโนยด์ทำให้ยากต่อการระบุสกุลนำไปสู่ความคลาดเคลื่อนสูง โมเดลการเรียนรู้เชิงลึกจึงสร้างขึ้นเพื่อลดความผิดพลาดในการระบุสกุลและต่อยอดเป็นโปรแกรมการประเมินคะแนนคุณภาพน้ำคะแนน AARL-PP พบว่าโมเดล YOLOv5l มีคะแนนเอฟวันเท่ากับ 0.856 ซึ่งมีค่าสูงสุดในโมเดลทั้ง 8 โมเดลที่ทดสอบ โมเดลสามารถตรวจจับยูกลีโนยด์สกุล

Euglena, Phacus, Trachelomonas, Lepocinclis และ Strombomonas ได้ด้วยประสิทธิภาพใกล้เคียงกันและไม่สามารถระบุอายสโอดได้ โมเดลนี้มีประสิทธิภาพสูงในแง่ของความถูกต้อง โดยมีอัตราการระบุสกุลผิดที่ต่ำ ในอนาคตสามารถพัฒนาโปรแกรมโดยการสร้างโมเดลที่สามารถระบุแพลงก์ตอนพืชทุกสกุลในงานวิจัยของยูวดี พิรพรพิศาลและคณะ (2007) และทดลองตรวจสอบคะแนนที่ได้จากโปรแกรมกับตัวบ่งชี้วัดคุณภาพน้ำอื่น

5. อ้างอิง

ยุวดี พิรพรพิศาล, จีรพรเพกเกาะ, ดวงมล โพธิ์หวั่ง ประสิทธิ์, ธนพล ทนคำดี, อติณัฐ หงษ์สิริชาติ และทัตพร คุณประดิษฐ์. 2007. การประเมินคุณภาพน้ำในแหล่งน้ำนิ่งโดยใช้แฟล่งก์ตอนพืช ชนิดเด่นด้วย AARL-PP Score. วารสารวิจัยเทคโนโลยีการประมง, 1(1): 71-81.

E.A. Molinari Novoa in Guiry, M.D. & Guiry, G.M. (10 May 2021). AlgaeBase. World-wide electronic publication, National University of Ireland, Galway. <https://www.algaebase.org>

G.M. Guiry in Guiry, M.D. & Guiry, G.M. (04 March 2022). AlgaeBase. World-wide electronic publication, National University of Ireland, Galway. <https://www.algaebase.org>

IBM. (2024). What is deep learning? <https://www.ibm.com/topics/deep-learning>

Jocher, G., Chaurasia, A., Stoken, A., Borovec, J. & Kwon, Y. (2022). ultralytics/yolov5: v7.0 - YOLOv5 SOTA Realtime Instance Segmentation (v7.0). Zenodo. <https://doi.org/10.5281/zenodo.7347926>

M.D. Guiry in Guiry, M.D. & Guiry, G.M. (2017, December 30). AlgaeBase. World-wide electronic publication, National University of Ireland, Galway. <https://www.algaebase.org>

M.D. Guiry in Guiry, M.D. & Guiry, G.M. (2018, January 1). AlgaeBase. World-wide electronic publication, National University of Ireland, Galway. <https://www.algaebase.org>

Simachaya, W. (2003). A decade of water quality monitoring in Thailand's four major rivers: the results and the implications for management. 6th International Conference on the Environmental Management of Enclosed Coastal Seas, November 18-21, 2003, Bangkok, Thailand.

Solito de Solis. (2020, August 31). Strombomonas gibberosa [Video]. Youtube. <https://youtu.be/0kJilYOjqF0>

Solito de Solis. (2020, September 2). Strombomonas eurytoma [Video]. Youtube. <https://youtu.be/lrmUDwzsef0>

Solito de Solis. (2020, September 26). Lepocinclis spirogyroides [Video]. Youtube. <https://youtu.be/Csx2KcrnZs>

Solito de Solis. (2022, March 27). Lepocinclis fusca [Video]. Youtube. <https://youtu.be/87Tlb1FeQ-8>

Wongrat, L., Wongrat, P., & Ruangsomboon, S. (2017). Freshwater Phytoplankton in Thailand I: Euglenophyceae. Kasetsart University Fishery Research Bulletin, 27: 1-34.

Wu, Y., Kirillov, A., Massa, F., Lo, W. & Girshick, R. (2019). Detectron2. Github. <https://github.com/facebookresearch/detectron2>

กิตติกรรมประกาศ

รายงานวิจัยฉบับนี้สำเร็จลุล่วงด้วยดีเนื่องจากความกรุณาและความช่วยเหลืออย่างดียิ่งจากอาจารย์ ัญญรัตน์ ดำเกาะ และ ผศ.ดร.อรรพรรณ เชาวลิท ท่านได้เสียสละเวลาอันมีค่ายิ่ง ในการให้คำปรึกษาการดำเนินงานวิจัย ตลอดจนได้ตรวจสอบและแก้ไขข้อบกพร่อง ตั้งแต่เริ่มดำเนินการจนกระทั่งดำเนินการเสร็จสมบูรณ์ ขอขอบคุณอาจารย์ในสาขาวิชาชีววิทยา และวิทยาศาสตร์สุขภาพที่ให้คำแนะนำในการดำเนินการงานวิจัย และขอคุณ ดร.จิโรจน์ แสงรัตนประเสริฐ สำหรับการช่วยเหลือในการใช้งานอุปกรณ์ ขอคุณโรงเรียนมหิดลวิทยานุสรณ์ ที่ให้การสนับสนุนวัสดุ-อุปกรณ์และการเผยแพร่ผลงาน สุดท้ายนี้ ขอขอบคุณสถาบันส่งเสริมการสอนวิทยาศาสตร์และเทคโนโลยี (สสวท.) ที่ได้จัดรายการเพื่อพัฒนาและคิดค้นนวัตกรรมเพื่อสิ่งแวดล้อม ที่ได้ให้คำแนะนำและมอบเงินสนับสนุนในการดำเนินการพัฒนางานวิจัยต่อไป