



การระบุตำแหน่งอ้างอิงแบบอัตโนมัติเพื่อการวินิจฉัยมะเร็งเต้านม ด้วยการจับคู่เทมเพลต

Automatic Reference Point Detection for Breast Cancer Diagnosis using Template Matching Technique

อัจฉรา เจริญทรัพย์* ทรงพล องค์วัฒนกุล* และ ชลทิพย์ วรรตกพันธ์**

บทคัดย่อ

การสกัดคุณสมบัติเป็นพื้นฐานสำคัญก่อนการนำข้อมูลไปประมวลผลในงานวิจัยต่างๆ หลักการโดยทั่วไปของการสกัดคุณสมบัตินั้นมักอาศัยกระบวนการทางคณิตศาสตร์และสถิติช่วยในการสกัดค่าที่จะใช้เป็นตัวแทนในการประมวลผล เช่น ค่าเฉลี่ยของสัญญาณ คาบของสัญญาณ พิสัยของสัญญาณ เป็นต้น การสกัดคุณสมบัติด้วยเทคนิคเหล่านี้จะมีสูตรคำนวณที่สอดคล้องกับการโมเดลระบบและตัวแปรต่างๆ ที่เกี่ยวข้อง ทั้งนี้หลายๆ ระบบสามารถมีความแม่นยำในเชิงทฤษฎีที่สูง แต่ในการนำมาประยุกต์กลับพบว่า ข้อมูลที่ปรากฏขึ้นตามธรรมชาตินั้นมีความซับซ้อนและหลากหลายเกินกว่าที่โมเดลไว้ทางในทางทฤษฎี ปัญหาที่เกิดขึ้นในทางปฏิบัติ อาจประกอบขึ้นได้จาก 2 ส่วน คือ กระบวนการบกพร่อง และสกัดคุณสมบัติบกพร่อง งานวิจัยนี้จะเน้นไปที่การสกัดคุณสมบัติที่ต้องการโดยใช้เทมเพลตที่ได้จากผู้เชี่ยวชาญ โดยใช้เทคนิคการปรับแนวด้วยวิธีไดนามิกไทม์วอร์ปิง เทคนิคการสกัดคุณสมบัตินี้จะถูกทดสอบกับข้อมูลภาพถ่ายแมมโมแกรม เพื่อหาพิกัดตำแหน่งของหัวนมซึ่งเป็นจุดอ้างอิงสำคัญในการประมวลผลภาพเพื่อวินิจฉัยโรคมะเร็งเต้านม ผลการทดลองพบว่าอัลกอริธึมนี้สามารถบอกตำแหน่งได้อย่างถูกต้อง ด้วยความแม่นยำสูงมาก

คำสำคัญ: การสกัดคุณสมบัติ ไดนามิกไทม์วอร์ปิง การจับคู่เทมเพลต

Abstract

Feature extractions, which are the fundamental basis for

* คณะวิศวกรรมศาสตร์ มหาวิทยาลัยมหิดล

** ศูนย์ตรวจวินิจฉัยมะเร็งเต้านม โรงพยาบาลรามารับดี มหาวิทยาลัยมหิดล

information processing in all researches, mainly rely on mathematical and statistical formulas to represent the signals such as the average signal value, the period of signal, the range of the signal, etc. In fact, these feature extractions are formulated according to the modeling of the system and its associated variables. In many systems, the theoretical accuracies are very close to perfect, but, in reality, the nature of the data is more complicated and diversities than the modeled theory can capture. In practice, the faults could come from 2 sources; the algorithmic faults and the feature extraction faults. This research aims to extract the sought features using alignment of Dynamic Time Warping (DTW) method on the template provided by the expert. The proposed algorithm is tested on a digital mammogram archive to perform nipple localization which is the only reference point for breast cancer image processing. The results show that the proposed algorithm is extremely accurate for this application.

Keyword: Feature Extraction, Dynamic Time Warping, Template Matching.

1. บทนำ

การประมวลผลข้อมูลในระบบต่างๆ นั้น จะต้องมีการโมเดลระบบ ซึ่งประกอบด้วย กระบวนการประมวลผล และตัวแปรต่างๆ ที่เกี่ยวข้องกับระบบ ในการนำระบบมาประยุกต์ใช้จริง มักจะพบปัญหาว่าความแม่นยำทางทฤษฎีนั้น ไม่สอดคล้องกับข้อมูลจริงขณะปฏิบัติงาน ส่งผลให้ความแม่นยำ

ในการทำงานจริงลดลงเป็นอย่างมาก โดยเฉพาะกับระบบงานที่ต้องการความแม่นยำสูง เช่น โปรแกรมทางการแพทย์ เป็นต้น ความแม่นยำที่ลดลงอาจส่งผลถึงความเป็นความตายของมนุษย์ได้

ความแม่นยำที่ลดลงนั้น อาจแบ่งออกได้เป็น 2 กรณี คือ ความแม่นยำลดลงอันเนื่องมากระบวนกรบกพร่อง และความแม่นยำลดลงอันเนื่องจากการสกัดคุณสมบัติบกพร่อง

ในกรณีแรกนั้น กระบวนการประมวลผลของระบบนั้น อาจจะไม่สอดคล้องกับโดเมนของปัญหาเพียงบางส่วน จึงทำให้การทดลองทางทฤษฎีให้ความแม่นยำที่ดี แต่เมื่อพัฒนาสู่ระบบเพื่อการใช้งาน โดเมนของปัญหาที่อยู่นอกเหนือจากการโมเดลเริ่มปรากฏขึ้น ส่งผลให้ความแม่นยำนั้นลดลงตามลำดับ การปรับปรุงแก้ไข อาจทำได้ด้วยการปรับปรุงการประมวลผล การเพิ่มตัวแปรที่เกี่ยวข้อง การสกัดคุณสมบัติที่มีความสอดคล้องมากกว่าเดิม เป็นต้น

ในกรณีที่สองนั้น การสกัดคุณสมบัติบกพร่องเกิดจากกระบวนการสกัดที่ไม่สามารถได้ค่าที่มีความเหมาะสม และ/หรือแม่นยำเพียงพอในการเป็นตัวแทนของตัวแปรนั้นๆ ในโมเดลที่กำหนด การแก้ความบกพร่องนี้ปกติจะทำได้ด้วยการปรับปรุงกระบวนการสกัด ซึ่งอาจส่งผลให้เกิดการปรับปรุงกระบวนการของการประมวลผลในกรณีที่ 1 ได้ด้วย

ดังนั้น งานวิจัยนี้จึงได้เน้นการปรับปรุงความแม่นยำของการสกัดคุณสมบัติ โดยใช้เทคนิคของการปรับแนวด้วยวิธีไดนามิกไทม์วอร์ปिंग ในการจับคู่เทมเพลต เพื่อค้นหาตำแหน่งของข้อมูลที่ต้องการสกัด รายละเอียดของทฤษฎีการปรับแนวโดยไดนามิกไทม์วอร์ปिंगแสดงไว้ในหัวข้อที่ 2 ส่วนรายละเอียดของการทดลองและผลการทดลองจะถูกแสดงไว้ในหัวข้อที่ 3 และ 4 ตามด้วยบทสรุปในหัวข้อที่ 5

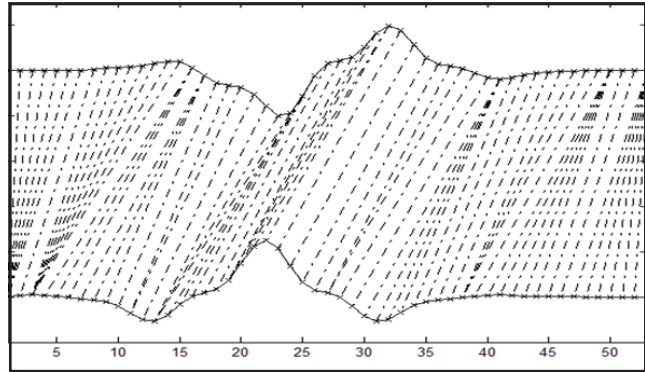
2. ทฤษฎีการปรับแนวโดยไดนามิกไทม์วอร์ปिंग

ไดนามิกไทม์วอร์ปिंग (Dynamic Time Warping) เป็นหนึ่งในเครื่องมือวัดความเหมือน (Similarity Measure) ที่ได้รับความนิยมเป็นอย่างมากในปัจจุบัน โดยเฉพาะในสาขาที่เกี่ยวข้องกับการประมวลผลอนุกรมเวลา (Time Series) ผลลัพธ์จากการคำนวณด้วยไดนามิกไทม์วอร์ปिंगประกอบด้วย 2 ส่วน คือ ระยะทาง (Distance) ระหว่างอนุกรมเวลาที่นำมาวัด และการปรับแนวระหว่างอนุกรมทั้งสอง

ระยะทางดังกล่าวสื่อได้ถึง ความเหมือนกันระหว่าง

อนุกรมเวลาทั้งสอง หากระยะทางมีค่ามากแสดงว่า อนุกรมทั้งสองมีความแตกต่างกันมาก อนุกรมเวลาที่มีความเหมือนกันมากจะมีค่าระยะทางใกล้ศูนย์

การปรับแนว (Alignment) นั้นเป็นอีกผลลัพธ์หนึ่งของการทำไดนามิกไทม์วอร์ปिंग ซึ่งแสดงถึงการจับคู่กันของแต่ละจุดข้อมูลที่มีตำแหน่งสอดคล้องกัน ซึ่งเป็นกุญแจสำคัญในการประมวลผลเพื่อสกัดคุณสมบัติที่ต้องการได้ ตัวอย่างของการปรับแนวระหว่างอนุกรมเวลาแสดงในภาพที่ 1



ภาพที่ 1 การปรับแนว (เส้นประ) ระหว่างอนุกรมเวลาที่ 1 (บน) และอนุกรมเวลาที่ 2 (ล่าง)

2.1 ไดนามิกไทม์วอร์ปिंग (DTW)

การคำนวณไดนามิกไทม์วอร์ปिंगเริ่มต้นจาก การสร้างเมตริกซ์ระยะทาง D ของอนุกรมเวลา 2 อนุกรมคือ Q และ C ซึ่งจะมีขนาด m และ n จุดข้อมูล ตามลำดับ ตามสมการ(1)

$$D_{ij} = (Q_i - C_j)^2 \quad (1)$$

ทำการค้นหาระยะทางสะสมที่น้อยที่สุดจาก $D_{0,0}$ ถึง $D_{m,n}$ ซึ่งสามารถใช้ไดนามิกโปรแกรมมิ่งช่วยในการค้นหาเพื่อลดความซับซ้อนลงเหลือ $O(n^2)$ ดังนั้นฟังก์ชันที่ใช้ในการค้นหาจึงถูกเปลี่ยนเป็นสมการรีเคอร์ซีฟตามสมการ (2)

$$A_{ij} = D_{ij} + \min(A_{i,j-1}, A_{i-1,j-1}) \quad (2)$$

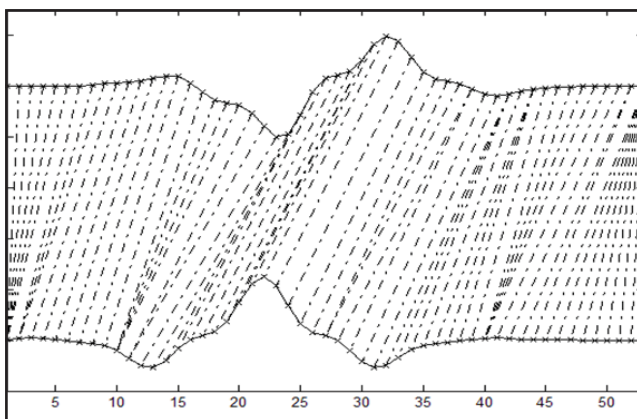
โดยที่ A_{ij} จะเป็นจะเป็นระยะทางสะสมในทิศทางที่ให้ค่าระยะสะสมน้อยที่สุดที่ตำแหน่ง (i, j) หลังจากการคำนวณ $m \times n$ ครั้ง $A_{m,n}$ จะมีค่าเป็นกำลังสองของค่าความเหมือนระหว่างทั้งองอนุกรม ส่วนของการปรับแนวจะได้จากเส้นทางการวอร์ป (Warping Path) ซึ่งจะจับคู่ระหว่างจุดข้อมูลที่ถูกเลือกมาคำนวณระยะทางสะสมที่น้อยที่สุดรายละเอียดเพิ่มเติมสามารถศึกษาได้จาก [1], [2]

2.2 ไฮบริดไดนามิกไทม์วอร์ปปีง (Hybrid DTW)

การคำนวณไดนามิกไทม์วอร์ปปีงจะใช้เพียง ค่าของ แต่ละจุดข้อมูลของทั้งสองอนุกรมในการคำนวณเท่านั้น โดยไม่มีการใช้คุณสมบัติอื่นของอนุกรมแต่อย่างใด การที่ใช้แต่เพียงค่าของจุดข้อมูลในบางครั้งทำให้เกิดซิงกูลาริตี (Singularity) หรือจุดที่มีการจับคู่ที่ไม่เป็นแบบ 1:1 ดังแสดง ในภาพที่ 1 ดังนั้นจึงเกิดแนวคิดที่จะใช้ข้อมูลอนุพันธ์ ในการคำนวณระหว่างอนุกรม ในปี ค.ศ. 2009 มีการนำเสนออัลกอริทึมใหม่ชื่อ ไฮบริดไดนามิกไทม์วอร์ปปีง [3] ซึ่งเป็นการผนวกกันระหว่างระยะทางปกติ และระยะทางที่เกิดจากอนุพันธ์ของจุดข้อมูล ตามสมการระยะใหม่แสดงใน สมการ (3)

$$D_{i,j} = \left(\frac{D_{i,j} - \mu}{\sigma} \right) + \left(\frac{D'_{i,j} - \mu'}{\sigma'} \right) \quad (3)$$

โดยที่ $D_{i,j}$, $D'_{i,j}$, μ , μ' , σ และ σ' คือ ระยะทางระหว่าง ค่าของ Q_i และ C_j อนุพันธ์ของระยะทางดังกล่าว ค่าเฉลี่ยของระยะทาง ค่าเฉลี่ยของอนุพันธ์ของระยะทาง ส่วนเบี่ยงเบนมาตรฐานของระยะทาง และส่วนเบี่ยงเบนมาตรฐานของอนุพันธ์ของระยะทาง ตามลำดับ ส่วนการคำนวณที่เหลือนั้น ทำเช่นเดียวกับไดนามิกไทม์วอร์ปปีงตามปกติ ผลลัพธ์ที่ได้จะมีการกระจายตัวของซิงกูลาริตีที่ดีกว่า โดยปกติจะมีซิงกูลาริตีที่มีน้อยลงและ/หรือขนาดที่เล็กลง ดังแสดงใน ภาพที่ 2



ภาพที่ 2 การปรับแนวที่เกิดจากไฮบริดไดนามิกไทม์วอร์ปปีง

3. การสกัดคุณสมบัติด้วยวิธีจับคู่เทมเพลต

การจับคู่เทมเพลต (Template Matching) เป็นการจับคู่

ระหว่างข้อมูลจริง กับต้นแบบหรือเทมเพลต ที่ถูกสร้าง (ร่างด้วยมือ) หรือคัดเลือกมาโดยผู้เชี่ยวชาญ โดยที่แต่ละเทมเพลตจะมีการระบุตำแหน่งที่ต้องการสกัดข้อมูลเอาไว้แล้ว ในงานวิจัยนี้การจับคู่เทมเพลตจะใช้ไฮบริดไดนามิกไทม์วอร์ปปีง ในการปรับแนวระหว่างเทมเพลต กับข้อมูลที่นำมาเปรียบเทียบ

สมมติให้ C เป็นเทมเพลตขนาด n จุด และ Q เป็นข้อมูลขนาด m จุด ที่ต้องการการสกัดค่าในตำแหน่งที่สอดคล้องกับตำแหน่ง p บนเทมเพลต C ดังนั้นงานวิจัยนี้จึงเสนอกรรมวิธีในการสกัดคุณสมบัติดังนี้

ขั้นตอนที่ 1 หากการปรับแนว A ระหว่าง Q และ C โดยที่ A จะเป็นอาร์เรย์ของคู่ลำดับในการปรับแนว (ดังแสดงด้วยเส้นประในภาพที่ 1 และ 2)

ขั้นตอนที่ 2 หาตำแหน่งของ $C(p)$ ใน A เพื่อหาคู่ลำดับที่สอดคล้องกัน $Q(q)$ (ตามเส้นประในภาพที่ 1 และ 2) ซึ่งจะได้ q เป็นตำแหน่งของข้อมูลที่ต้องการนั่นเอง

ทั้งนี้ การหาตำแหน่งอาจทำควบคู่กับการคำนวณทางสถิติเพื่อให้ได้ค่าที่เหมาะสม ในการประมวลผลตามโมเดลของระบบที่ตั้งไว้

4. การทดลอง

งานวิจัยนี้ใช้ข้อมูลภาพถ่ายดิจิตอลแมมโมแกรม (Digital Mammogram) จากโครงการพัฒนาด้านแบบเหมืองข้อมูล การตรวจวินิจฉัยโรคมะเร็งเต้านม ศูนย์ตรวจวินิจฉัยมะเร็งเต้านม โรงพยาบาลรามารบิต โดยจะใช้วิธีที่นำเสนอในการหาตำแหน่งของห้วงในภาพถ่ายแมมโมแกรม ซึ่งตำแหน่งของห้วงเป็นจุดอ้างอิงตามธรรมชาติเพียงจุดเดียว ที่แพทย์ใช้ประกอบการวินิจฉัยโรคจากภาพถ่าย

ดังนั้นการทดลองนี้จึงได้นำภาพถ่ายแมมโมแกรม ซึ่งถ่ายจากด้านบน LCC และ RCC และด้านข้าง LMLO และ RMLO จากผู้ป่วยจำนวน 45 คน จำนวน 180 ภาพ โดยภาพทั้งหมดจะผ่านขั้นตอนการทดลอง ดังนี้

ขั้นตอนที่ 1 ทำการแยกภาพเต้านมออกจากฉากหลัง และข้อมูลภาพอื่นๆ โดยใช้เทคนิคการทำ Image Segmentation เพื่อให้เหลือเฉพาะจุดภาพที่เป็นส่วนหนึ่งของเต้านม ตัวอย่างของภาพถ่ายแสดงในภาพที่ 3 และ 4

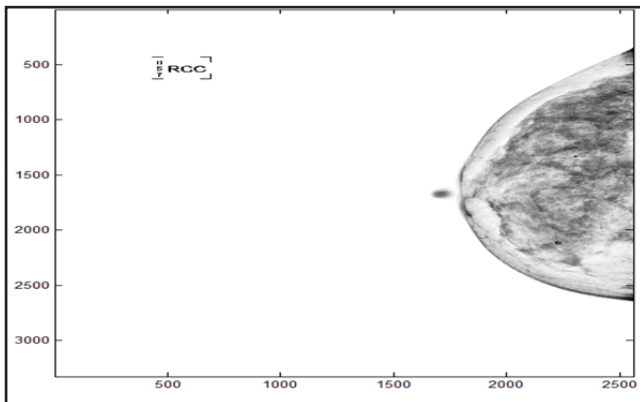
ขั้นตอนที่ 2 ทำการหาขอบ (Contour) ของเต้านม เพื่อให้ได้อยู่ในรูปแบบของข้อมูล 1 มิติ ดังแสดงในภาพที่ 5

ขั้นตอนที่ 3 นำขอบที่ได้มาทำการปรับแนวกับเทมเพลตตามทิศทางของการถ่าย (ด้านบน หรือด้านข้าง) เทมเพลตด้านบนและด้านข้างแสดงในภาพที่ 6 ซึ่งในที่นี้เทมเพลตได้รับการคัดเลือกให้เป็นตัวแทนของขอบสำหรับเต้านมปกติ โดยมีจุดอ้างอิง 3 จุดที่ต้องการค้นหา คือจุดยอดของหัวนม a และโคนของหัวนมทั้งสองข้าง b และ c

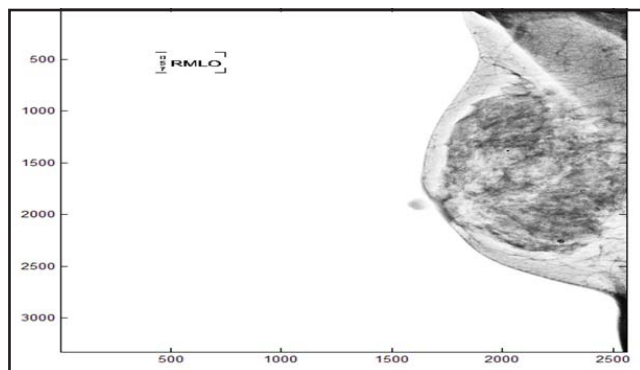
ขั้นตอนที่ 4 คำนวณค่าพิคตของจุดอ้างอิงทั้งสามจุด ดังแสดงในภาพที่ 7 และคำนวณพิคตอ้างอิงใหม่เพียงจุดเดียวเพื่อใช้อ้างอิงในการประมวลผลภาพด้วยสมการ (4)

$$p = \left(\frac{a}{2} + \frac{b+c}{4} \right) \quad (4)$$

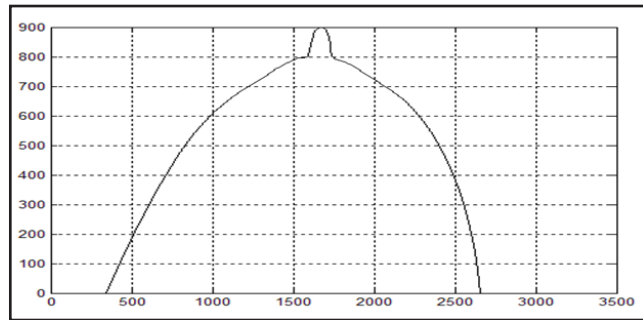
ขั้นตอนที่ 5 ตรวจสอบด้วยตาว่ามีการแจ้งพิคตตำแหน่งที่ไม่ใช่หัวนมหรือไม่ พร้อมเก็บค่าความแม่นยำเพื่อทำสถิติกระบวนการทดลองทั้ง 5 ขั้นตอนจะทำการทดสอบกับทั้ง 180 ภาพ เพื่อคำนวณความแม่นยำที่เกิดขึ้นจากวิธีที่นำเสนอ



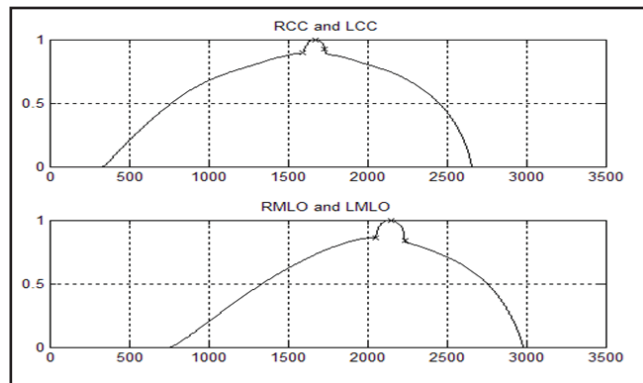
ภาพที่ 3 การปรับแนวที่เกิดจากไฮบริดไดนามิกไทม์วอร์ปิง



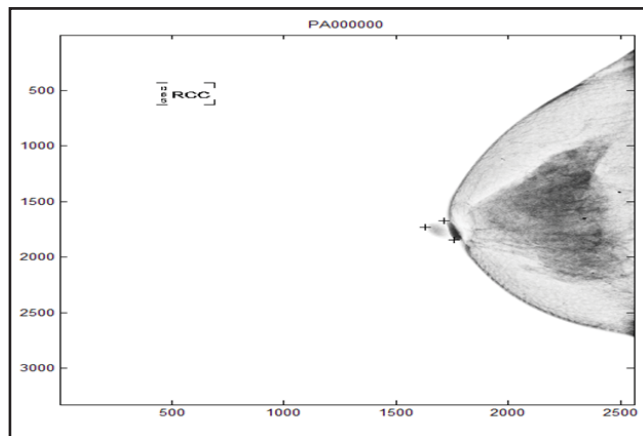
ภาพที่ 4 ตัวอย่างภาพถ่ายแมมโมแกรมจากด้านข้าง RMLO



ภาพที่ 5 ภาพขอบ (Contour) ของเต้านมจากภาพที่ 3



ภาพที่ 6 เทมเพลตสำหรับการจับคู่จากภาพถ่ายด้านบน (บน) และด้านข้าง (ล่าง) และจุดอ้างอิงทั้งสามจุด



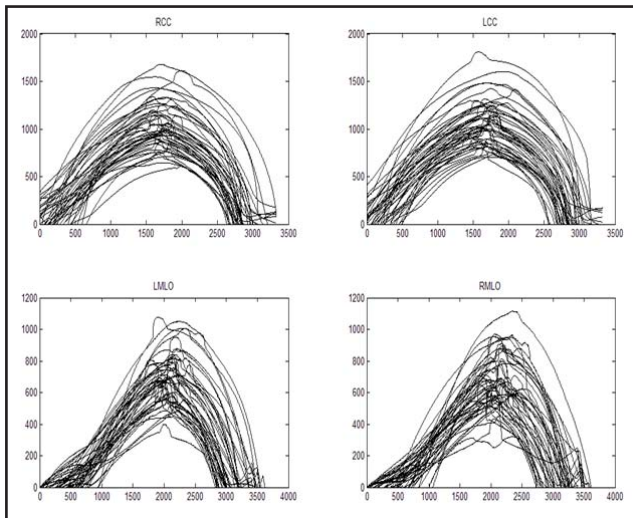
ภาพที่ 7 ผลลัพธ์จากการค้นหาจุดอ้างอิงทั้ง 3 จุด

5. ผลการทดลอง

การทดลองกับข้อมูลขอบทั้ง 180 ภาพ แสดงในภาพที่ 8 ได้ผลลัพธ์โดยสรุปคือ วิธีนี้สามารถบอกตำแหน่งหัวนมได้อย่างถูกต้องทั้ง 180 ภาพ ดังแสดงในตารางที่ 1

ตารางที่ 1: ความแม่นยำของการระบุตำแหน่งหัวนมใน
ภาพถ่ายแมมโมแกรม

ชนิดของ ภาพถ่าย	จำนวนภาพที่ นำมาทดสอบ	จำนวนภาพที่ระบุ ตำแหน่งได้ถูกต้อง	% ความ ถูกต้อง
RCC	45	45	100
LCC	45	45	100
LMLO	45	45	100
RMLO	45	45	100



ภาพที่ 8: ภาพขอบ (Contour) ทั้ง 180 ภาพที่ใช้ใน
การทดลองแบ่งออกเป็น RCC, LCC, LMLO
และ RMLO อย่างละ 45 ภาพ

6. สรุป

จากการทดลองแสดงให้เห็นว่า การจับคู่เทมเพลตสามารถใช้ในการสกัดคุณสมบัติได้อย่างแม่นยำ ทั้งนี้ปัจจัยสำคัญอยู่ที่การกำหนดเทมเพลตที่เหมาะสม และการกำหนดจุดอ้างอิงบนเทมเพลตที่ต้องการสกัดข้อมูล วิธีนี้ไม่เพียงแต่จะได้ข้อมูลที่น่าเชื่อถือ แต่ยังสามารถตรวจสอบการปรับแนวเพื่อใช้ในการปรับปรุงเทมเพลตที่ดีขึ้นได้ในอนาคต

7. เอกสารอ้างอิง

- [1] D. Berndt and J. Clifford, "Using Dynamic Time Warping to Find Patterns in Time Series," in *Proceedings of AAAI Workshop on Knowledge Discovery in Databases*, pp. 359-370, 1994.
- [2] C. A. Ratanamahatana and E. Keogh, "Three Myths about Dynamic Time Warping," in *Proceedings of SIAM International Conference on Data Mining Newport Beach, CA, USA*, pp. 506-510, 2005.
- [3] D. Srisai and C. A. Ratanamahatana, "Efficient Time Series Classification using Template Matching using Time Warping Alignment", in *Proceedings of International Conference on Computer Sciences and Convergence Information Technology*, Seoul, Korea, 2009.