



แอปพลิเคชันตรวจนับจำนวนจุลินทรีย์ในงานเพาะเชื้อและประมาณปริมาณจุลินทรีย์จาก
ความชุ่ม



พงศธร ต่ายทอง

วิทยานิพนธ์เสนอบัณฑิตวิทยาลัย มหาวิทยาลัยนเรศวร
เพื่อเป็นส่วนหนึ่งของการศึกษา หลักสูตรวิศวกรรมศาสตรมหาบัณฑิต
สาขาวิชาวิศวกรรมคอมพิวเตอร์
ปีการศึกษา 2564
ลิขสิทธิ์เป็นของมหาวิทยาลัยนเรศวร

แอปพลิเคชันตรวจนับจำนวนจุลินทรีย์ในงานเพาะเชื้อและประมาณปริมาณจุลินทรีย์จาก
ความชื้น



วิทยานิพนธ์เสนอบัณฑิตวิทยาลัย มหาวิทยาลัยนเรศวร
เพื่อเป็นส่วนหนึ่งของการศึกษา หลักสูตรวิศวกรรมศาสตรมหาบัณฑิต
สาขาวิชาวิศวกรรมคอมพิวเตอร์
ปีการศึกษา 2564
ลิขสิทธิ์เป็นของมหาวิทยาลัยนเรศวร

วิทยานิพนธ์ เรื่อง "แอปพลิเคชันตรวจนับจำนวนจุลินทรีย์ในงานเพาะเชื้อและประมาณปริมาณ
จุลินทรีย์จากความขุ่น"
ของ พงศธร ต่ายทอง
ได้รับการพิจารณาให้นับเป็นส่วนหนึ่งของการศึกษาตามหลักสูตร
ปริญญาวิทยาศาสตรมหาบัณฑิต สาขาวิชาวิศวกรรมคอมพิวเตอร์

คณะกรรมการสอบวิทยานิพนธ์

..... ประธานกรรมการสอบวิทยานิพนธ์
(ดร.ชูชาติ หล่อไชยศักดิ์)

..... ประธานที่ปรึกษาวิทยานิพนธ์
(ผู้ช่วยศาสตราจารย์ ดร.พนมขวัญ ธิยะมงคล)

..... กรรมการที่ปรึกษาวิทยานิพนธ์
(ดร.ศิริวรรณ วิชัย)

..... กรรมการผู้ทรงคุณวุฒิภายใน
(รองศาสตราจารย์ ดร.พงศ์พันธ์ กิจสนาโยธิน)

อนุมัติ

.....
(ศาสตราจารย์ ดร.ไพศาล มุณีสว่าง)
คณบดีบัณฑิตวิทยาลัย

ชื่อเรื่อง	แอปพลิเคชันตรวจนับจำนวนจุลินทรีย์ในงานเพาะเชื้อและประมาณปริมาณจุลินทรีย์จากความขุ่น
ผู้วิจัย	พงศธร ต่ายทอง
ประธานที่ปรึกษา	ผู้ช่วยศาสตราจารย์ ดร.พนมขวัญ ธิยะมงคล
กรรมการที่ปรึกษา	ดร.ศิริวรรณ วิชัย
ประเภทสารนิพนธ์	วิทยานิพนธ์ วศ.ม. สาขาวิชาวิศวกรรมคอมพิวเตอร์, มหาวิทยาลัยนเรศวร, 2564
คำสำคัญ	การประมาณความทึบแสง, การประมาณโคลีนีฟอร์มมิงยูนิต, การนับโคลีนี, ประมวลผลภาพ, เครื่องจักรเรียนรู้

บทคัดย่อ

การทดสอบคุณภาพอาหารทางด้านจุลินทรีย์มีความสำคัญต่อการควบคุมคุณภาพอาหาร ซึ่งในประเทศไทยมีสำนักงานคณะกรรมการอาหารและยาเป็นผู้ควบคุมคุณภาพอาหาร ปัจจุบันกระทรวงเกษตรและสหกรณ์ได้ออกประกาศมาตรฐานการรับซื้อน้ำนมโคซึ่งเป็นการควบคุมคุณภาพสินค้าทางการเกษตรรูปแบบหนึ่ง ก่อนการทดสอบคุณภาพอาหารต้องเตรียมจุลินทรีย์เพื่อใช้เป็นเกณฑ์มาตรฐานในการเปรียบเทียบ การเตรียมจุลินทรีย์ที่ได้มาตรฐานสำหรับการควบคุมคุณภาพอาหาร ต้องเตรียมภายในห้องปฏิบัติการ ซึ่งการเตรียมมีความซับซ้อน ใช้ระยะเวลานานและใช้สารเคมีจำนวนมาก การศึกษาครั้งนี้จึงพัฒนาวิธีการที่มีประสิทธิภาพและมีความแม่นยำเพื่อบับโคลีนีบนงานเพาะเชื้อ ประมาณปริมาณความขุ่นและโคลีนีฟอร์มมิงยูนิตจากความขุ่นแบบอัตโนมัติ วิธีการที่พัฒนาใช้ทดสอบกับจุลินทรีย์ที่พบในน้ำนมดิบ จำนวน 4 ชนิด ได้แก่ บาซิลลัส ซีเรียส เอสเชอริเชีย โคลิ แบคทีเรียโคลิฟอร์มและแบคทีเรียกรดแลคติก เทคนิคการประมวลผลภาพที่ใช้ในแต่ละขั้นตอนประกอบด้วย การแปลงสี การทำโปรเจกชันโปรไฟล์ การตรวจหาวัตถุจากภาพ เป็นต้น การวิเคราะห์การเรียนรู้ของเครื่องจักรใช้สำหรับการวิเคราะห์สมการถดถอยเป็นหลัก ความถูกต้องในการนับโคลีนีเฉลี่ยร้อยละ 87.35 ความถูกต้องในการประมาณปริมาณความขุ่นเฉลี่ยร้อยละ 83.96 ความถูกต้องในการประมาณโคลีนีฟอร์มมิงยูนิตเฉลี่ยร้อยละ 85.13 ซึ่งเมื่อเปรียบเทียบกับวิธีการเตรียมการทดสอบคุณภาพอาหารด้านจุลินทรีย์แบบเดิม วิธีการที่นำเสนอใช้ระยะเวลาสั้นกว่าประมาณ 48 ชั่วโมง

Title	APPLICATION FOR THE MICROBIAL COUNT ON PLATE AND ESTIMATE COUNT FROM TURBIDITY
Author	PHONGSATORN TAITHONG
Advisor	Assistant Professor Panomkhawn Riyamongkol
Co-Advisor	Dr. Siriwan Wichai
Academic Paper	M.Eng. Thesis in Computer Engineering - (Type A 1), Naresuan University, 2021
Keywords	Opacity estimation, Colony forming unit estimation, Counting colonies, Image processing, Machine learning

ABSTRACT

Microbial food quality testing is an important procedure. In Thailand, the Food and Drug Administration operates as the food quality controller. Recently, the Ministry of Agriculture and Cooperatives that oversees the quality control of agricultural products issued a notification on the purchase standard of cow milk. Several steps must be followed to prepare standardized inoculum for quality control within the testing laboratory. These are complicated, time-consuming, and require many different chemical reagents. A more efficient and accurate method was developed to count colonies on Petri dishes, and estimate turbidity content and colony-forming units using an algorithm. The new procedure was developed and tested against four microorganisms found in raw milk as *Bacillus cereus*, *Escherichia coli*, *Enterobacter aerogenes*, and Lactic acid bacteria. Analytical steps included color transformation, projection profile, and object detection image processing techniques. Machine learning algorithms are based on regression analysis. The new system counted colonies with 87.35% accuracy, estimated opacity at 83.96% accuracy, and estimated colony-forming units with 85.13 accuracy. Compared to the traditional microbial food quality test preparation method, our proposed technique reduced analysis time by approximately 48 hours.



ประกาศคุณูปการ

ผู้วิจัยขอกราบขอบพระคุณเป็นอย่างสูงในความกรุณาของ ผู้ช่วยศาสตราจารย์ ดร.พนมขวัญ ธิยะมงคล และ ดร.ศิริวรรณ วิชัย คณะกรรมการที่ปรึกษาวิทยานิพนธ์ ที่ได้สละเวลาอันมีค่ามาเป็น ที่ปรึกษา พร้อมทั้งให้คำแนะนำตลอดระยะเวลาในการทำวิทยานิพนธ์ฉบับนี้ และขอกราบขอบพระคุณ คณะกรรมการวิทยานิพนธ์อันประกอบไปด้วย ดร.ชูชาติ หลุยไชยศักดิ์ ประธานกรรมการสอบ วิทยานิพนธ์ และรองศาสตราจารย์ ดร.พงศ์พันธ์ กิจสนาโยธิน กรรมการผู้ทรงคุณวุฒิภายใน มหาวิทยาลัย ที่ได้กรุณาให้คำแนะนำตลอดจนแก้ไขข้อบกพร่องของวิทยานิพนธ์ด้วยความเอาใจใส่ จน ทำให้วิทยานิพนธ์ฉบับนี้สำเร็จลุล่วงได้อย่างสมบูรณ์และทรงคุณค่า

กราบขอบพระคุณ คณะวิศวกรรมศาสตร์ มหาวิทยาลัยนเรศวรเป็นอย่างสูง ที่ได้กรุณาให้การ สนับสนุนทุนการศึกษาค่าเทอมตลอดการศึกษา กราบขอบพระคุณคณะวิทยาศาสตร์การแพทย์ที่ให้ความอนุเคราะห์ใช้ห้องปฏิบัติการทางจุลชีววิทยา ตลอดจนสารเคมี วัสดุ และครุภัณฑ์ในการทดลอง ต่าง ๆ ขอขอบพระคุณนางสาวนุศรา ยินยอม นักศึกษาปริญญาโท สาขาวิชาจุลชีววิทยา คณะ วิทยาศาสตร์การแพทย์ที่ทำการทดลองเพาะเลี้ยงเชื้อจุลินทรีย์สำหรับการเก็บตัวอย่างภาพถ่าย

เหนือสิ่งอื่นใดขอกราบขอบพระคุณ บิดา มารดา ของผู้วิจัยที่เฝ้าก้าลังใจและให้การสนับสนุน ในทุก ๆ ด้านอย่างดีที่สุดเสมอมาคุณค่าและคุณประโยชน์อันพึงจะมีจากวิทยานิพนธ์ฉบับนี้ ผู้วิจัยขอ มอบและอุทิศแด่ผู้มีพระคุณทุก ๆ ท่าน ผู้วิจัยหวังเป็นอย่างยิ่งว่า งานวิจัยนี้จะเป็นประโยชน์ต่อการ เตรียมตัวอย่างจุลินทรีย์ในการทดสอบความชำนาญของห้องปฏิบัติการ

พงศธร ต่ายทอง

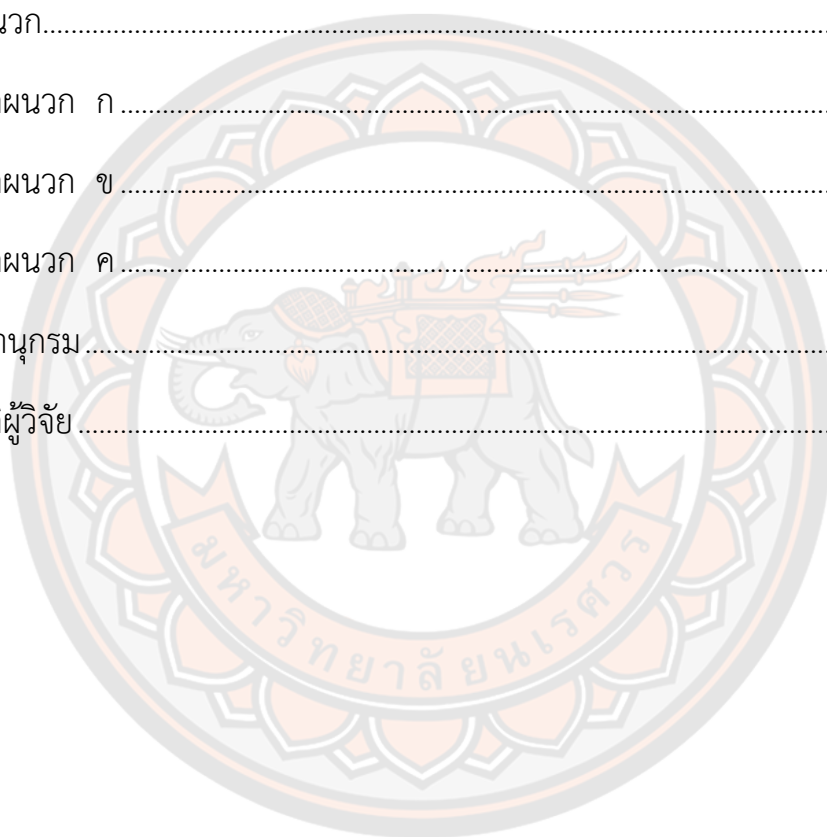
สารบัญ

	หน้า
บทคัดย่อภาษาไทย.....	ค
บทคัดย่อภาษาอังกฤษ.....	ง
ประกาศคุณูปการ.....	ฉ
สารบัญ.....	ช
สารบัญตาราง.....	ฅ
สารบัญรูปภาพ.....	ฐ
บทที่ 1.....	1
ความเป็นมาของปัญหา.....	1
จุดมุ่งหมายของการศึกษา.....	6
ขอบเขตของงานวิจัย.....	6
ข้อตกลงเบื้องต้น.....	7
นิยามศัพท์เฉพาะ.....	7
สมมติฐานของการวิจัย.....	8
บทที่ 2.....	9
การควบคุมคุณภาพผลิตภัณฑ์ทางการเกษตร.....	9
ฟาร์มโคนม.....	9
น้ำนมดิบ.....	10
จุลินทรีย์ในน้ำนมดิบ.....	10
การเน่าเสียของน้ำนมดิบ.....	11

การรับซื้อน้ำมันดิบ	11
วิธีตรวจนับจุลินทรีย์มาตรฐาน	12
เทคนิคเกลี่ยเชื้อบนผิวอาหาร.....	13
เทคนิคเทเชื้อ	13
เทคนิคการประมวลผลภาพ.....	14
โอเพนซีวีไลบรารี	15
การแปลงภาพสีเป็นภาพระดับเทา.....	15
การเบลอภาพ.....	16
การแปลงภาพระดับเทาเป็นภาพขาวดำ.....	19
การหาขอบของวัตถุ.....	22
แบบจำลองสี HSV	23
การลบความขุ่นมัวของรูปภาพ	24
การแยกวัตถุที่ติดกัน.....	27
ระบบปฏิบัติการสมาร์ทโฟน.....	30
ไอโอเอส (iOS)	30
แอนดรอยด์ (Android).....	30
แอนดรอยด์ สตูดิโอ (Android Studio).....	31
ผู้พัฒนา	31
ภาษาที่ใช้	31
การเรียนรู้ของเครื่องจักร (Machine Learning).....	32
การถดถอย (Regression).....	32
งานวิจัยที่เกี่ยวข้อง.....	33

บทที่ 3	41
ประชากรและกลุ่มตัวอย่าง	41
ตัวแปรที่ใช้ในการวิจัย	41
เครื่องมือที่ใช้ในการวิจัย	41
การเก็บรวบรวมข้อมูล	42
การตรวจจับกล่องบรรจุงานเพาะเชื้อและกล่องบรรจุหลอดทดลอง	56
การตรวจจับงานเพาะเชื้อ	59
การนับจำนวนโคโลนีของกลุ่มแบคทีเรียทนร้อน	60
การนับจำนวนโคโลนีของกลุ่มโคลิฟอร์มแบคทีเรีย	66
การนับจำนวนโคโลนีของแบคทีเรียกรดแลคติก	71
การสกัดค่าฟิกเชลจากความขุ่น	73
การวิเคราะห์ข้อมูล	74
การวิเคราะห์ข้อมูลเครื่องจักรเรียนรู้	106
สมการถดถอย (Regression equation)	114
บทที่ 4	118
การตรวจจับกล่องบรรจุงานเพาะเชื้อและกล่องบรรจุหลอดทดลอง	118
การนับโคโลนีของกลุ่มแบคทีเรียทนร้อน	119
การนับจำนวนโคโลนีของกลุ่มโคลิฟอร์มแบคทีเรีย	124
การนับจำนวนโคโลนีของกลุ่มแบคทีเรียกรดแลคติก	139
การประมาณปริมาณจุลินทรีย์บาซิลลัส ซีเรียส	149
การประมาณปริมาณจุลินทรีย์เอสเชอริเชีย โคลิ	154
การประมาณปริมาณจุลินทรีย์แบคทีเรียโคลิฟอร์ม	161

การประมาณปริมาณจุลินทรีย์แบบที่เรียกรดแลคติก.....	166
บทที่ 5	174
สรุปผลการวิจัย.....	174
อภิปรายผล	177
ข้อเสนอแนะ	184
ภาคผนวก.....	185
ภาคผนวก ก	186
ภาคผนวก ข	204
ภาคผนวก ค	222
บรรณานุกรม.....	224
ประวัติผู้วิจัย.....	233



สารบัญตาราง

	หน้า
ตาราง 1 แสดงเกณฑ์จำนวนจุลินทรีย์ส่งผลต่อราคาน้ำนมดิบ	12
ตาราง 2 แสดงความสัมพันธ์ของข้อมูล เชื้อบาซิลลัส ซีเรียส	75
ตาราง 3 แสดงความสัมพันธ์ของข้อมูล เชื้อเอสเชอริเชีย โคไล	83
ตาราง 4 แสดงความสัมพันธ์ของข้อมูล เชื้อแบคทีเรียโคลิฟอร์ม	91
ตาราง 5 แสดงความสัมพันธ์ของข้อมูล เชื้อแบคทีเรียกรดแลคติก	97
ตาราง 6 แสดงการคัดเลือกตัวแปรต้น เชื้อบาซิลลัส ซีเรียส	108
ตาราง 7 แสดงการคัดเลือกตัวแปรต้น เชื้อเอสเชอริเชีย โคไล	109
ตาราง 8 แสดงการคัดเลือกตัวแปรต้น เชื้อแบคทีเรียโคลิฟอร์ม	111
ตาราง 9 แสดงการคัดเลือกตัวแปรต้น เชื้อแบคทีเรียกรดแลคติก	112
ตาราง 10 ผลการทดลองการตรวจจับกล่องบรรจุงานเพาะเชื้อและหลอดทดลอง	118
ตาราง 11 ผลการนับโคโลนีของกลุ่มแบคทีเรียทนร้อนในงานเพาะเชื้อ	120
ตาราง 12 การนับโคโลนีของกลุ่มแบคทีเรียทนร้อนในงานเพาะเชื้อ	124
ตาราง 13 ผลการนับจำนวนโคโลนีของกลุ่มโคลิฟอร์มแบคทีเรียในงานเพาะเชื้อ	124
ตาราง 14 การนับโคโลนีของกลุ่มแบคทีเรียทนร้อนในงานเพาะเชื้อ	139
ตาราง 15 ผลการนับจำนวนโคโลนีของกลุ่มโคลิฟอร์มแบคทีเรียในงานเพาะเชื้อ	139
ตาราง 16 ผลการนับโคโลนีของกลุ่มแบคทีเรียทนร้อนในงานเพาะเชื้อ	148
ตาราง 17 ผลการประมาณปริมาณจุลินทรีย์บาซิลลัส ซีเรียส	149
ตาราง 18 ผลการประมาณปริมาณจุลินทรีย์เอสเชอริเชีย โคไล	154
ตาราง 19 ผลการประมาณปริมาณจุลินทรีย์แบคทีเรียโคลิฟอร์ม	161

ตาราง 20 ผลการประมาณปริมาณจุลินทรีย์แบบที่เรียกรดแลคติก	166
ตาราง 21 ผลการสรุปการนับจำนวนโคโลนี.....	175
ตาราง 22 ผลการสรุปการประมาณปริมาณความทึบแสงและโคโลนีฟอร์มมิงยูนิต.....	177
ตาราง 23 ความใกล้เคียงของค่าฟิกเซลในช่วงความชุ่มเริ่มต้น แบบที่เรียโคลิฟอร์ม	183
ตาราง 24 ความใกล้เคียงของค่าฟิกเซลในช่วงความชุ่มเริ่มต้น แบบที่เรียกรดแลคติก	183



สารบัญรูปภาพ

	หน้า
ภาพ 1 โคลนิจที่เจริญบนงานเพาะเชื้อด้วยเทคนิคต่างกัน	3
ภาพ 2 ความชุ่มชื้นของเชื้อจุลินทรีย์ที่ค่าความทึบแสงต่าง ๆ	4
ภาพ 3 กล่องสำหรับใช้ถ่ายภาพ	5
ภาพ 4 ภาพเปรียบเทียบภาพที่ถูกถ่ายภายนอกกล่องและภายในกล่อง	5
ภาพ 5 เทคนิคการเพาะโคลนิจของจุลินทรีย์	14
ภาพ 6 การแปลงภาพสีเป็นภาพระดับเทา	16
ภาพ 7 การเบลอภาพด้วยการกรองด้วยค้ำมัธฐาน	17
ภาพ 8 การเบลอภาพด้วยการกรองด้วยเกาส์เซียน	18
ภาพ 9 การแปลงภาพระดับเทาเป็นภาพไบนารี	20
ภาพ 10 การแปลงภาพระดับเทาเป็นภาพไบนารีแบบทูชีโร่	21
ภาพ 11 การแปลงภาพระดับเทาเป็นภาพไบนารีแบบอแดพทิฟ	22
ภาพ 12 การหาผลรวมของค่าพิกเซลในแนวแกนตั้งและนอน	23
ภาพ 13 การขยายฮิสโตแกรมแบบสมำเสมอ	26
ภาพ 14 การขยายฮิสโตแกรมด้วยฟังก์ชันยกกำลัง	27
ภาพ 15 ฮัฟทรานส์ฟอร์ม	27
ภาพ 16 ดิสเทนทรานส์ฟอร์ม	28
ภาพ 17 การเปรียบเทียบเทคนิคดิสเทนทรานส์ฟอร์มและเทคนิคควอเตอร์เซตทรานส์ ฟอร์ม	29
ภาพ 18 การกร่อนภาพ	29

ภาพ 19	ภาพอโรกราฟด้านข้างของกล้องถ่ายภาพ	43
ภาพ 20	ภาพอโรกราฟด้านบนของกล้องถ่ายภาพ	44
ภาพ 21	ภาพอโรกราฟด้านหน้าของกล้องถ่ายภาพ	45
ภาพ 22	ภาพอโรกราฟกล้องสำหรับบรรจุหลอดทดลอง	46
ภาพ 23	ภาพอโรกราฟกล้องสำหรับบรรจุหลอดทดลอง	47
ภาพ 24	ภาพถ่ายตัวอย่างโคลนบาซิลลัส ซีเรียสในงานเพาะเชื้อ	48
ภาพ 25	ภาพถ่ายตัวอย่างโคลนอีเอสเซอร์เรีย โคลไคในงานเพาะเชื้อ	49
ภาพ 26	ภาพถ่ายตัวอย่างโคลนแบคทีเรียโคลิฟอร์มในงานเพาะเชื้อ	51
ภาพ 27	ภาพถ่ายตัวอย่างโคลนแบคทีเรียกรดแลคติกในงานเพาะเชื้อ	53
ภาพ 28	ภาพถ่ายความขุ่นในหลอดทดลองของเชื้อชนิดต่าง ๆ	55
ภาพ 29	ภาพรวมของการตรวจนับกล้องบรรจุงานเพาะเชื้อ	56
ภาพ 30	ภาพถ่ายงานเพาะเชื้อ	57
ภาพ 31	ภาพไบนารี (ค่าขีดแบ่ง 220)	58
ภาพ 32	กราฟแสดงจำนวนฟิกเซลสีขาวในแนวแกนนอนและแกนตั้ง	58
ภาพ 33	ภาพกล้องบรรจุงานเพาะเชื้อ	59
ภาพ 34	ภาพงานเพาะเชื้อ	60
ภาพ 35	ภาพรวมการนับจำนวนโคลนของกลุ่มแบคทีเรียทนร้อน	60
ภาพ 36	ภาพงานเพาะเชื้อจุลินทรีย์บาซิลลัส ซีเรียส	61
ภาพ 37	ภาพบริเวณที่สว่างของงานเพาะเชื้อ	62
ภาพ 38	ภาพแสดงพื้นที่สว่างที่ถูกลบออกไป	62
ภาพ 39	ภาพการลบความขุ่นมัว	63
ภาพ 40	ภาพโคลนที่ถูกแยกออกจากพื้นหลัง	64

ภาพ 41	ภาพการแยกโคโลนีที่ติดกัน	65
ภาพ 42	ภาพแสดงจุดเว้าคอนเวกซ์ฮัล	66
ภาพ 43	ภาพรวมการนับจำนวนโคโลนีของกลุ่มโคลิฟอร์มแบคทีเรีย	66
ภาพ 44	ภาพงานเพาะเชื้อ	67
ภาพ 45	ภาพงานเพาะเชื้อจุลินทรีย์โคลิฟอร์มแบคทีเรีย.....	68
ภาพ 46	ภาพแสดงพื้นที่สว่างที่ถูกกลบออกไป	68
ภาพ 47	ภาพการลบความขุ่นมัว	69
ภาพ 48	ภาพโคโลนีที่ถูกแยกออกจากพื้นหลัง	69
ภาพ 49	ภาพการแยกโคโลนีที่ติดกัน	70
ภาพ 50	ภาพรวมการนับจำนวนโคโลนีของแบคทีเรียกรดแลคติก	71
ภาพ 51	ภาพงานเพาะเชื้อ	71
ภาพ 52	ภาพโคโลนีที่ถูกแยกออกจากพื้นหลัง	72
ภาพ 53	ภาพโคโลนีที่กำลังจัดฟิคเซลขอบลาดออกไป.....	72
ภาพ 54	ภาพการนับโคโลนี	73
ภาพ 55	ภาพแสดงตำแหน่งที่สกัดค่าฟิคเซล	74
ภาพ 56	ภาพเปรียบเทียบระยะห่างการวางกล่องบรรจุหลอดทดลอง	177
ภาพ 57	ภาพการแยกโคโลนีที่ติดกัน	178
ภาพ 58	ภาพการแยกโคโลนีที่ติดกัน	179
ภาพ 59	ภาพการแยกโคโลนีที่ติดกัน	179
ภาพ 60	ภาพการแยกโคโลนีจากพื้นหลังที่ไม่สมบูรณ์.....	180
ภาพ 61	ภาพการสะท้อนของแหล่งกำเนิดแสง.....	181
ภาพ 62	ภาพการสะท้อนของแหล่งกำเนิดแสง.....	182

บทที่ 1

บทนำ

ความเป็นมาของปัญหา

การควบคุมคุณภาพอาหารเป็นสิ่งสำคัญในการกำกับอาหารให้ออกมามีคุณภาพที่ดี สะอาด ทั้งส่วนของการผลิตและการบรรจุ การจัดระบบการดำเนินงานเกี่ยวกับการผลิตและบรรจุอาหารให้ เป็นไปตามมาตรฐานคุณลักษณะคุณภาพที่เกี่ยวกับปริมาณ เช่น รสชาติหรือสารเจือปน มาตรฐาน คุณลักษณะเกี่ยวกับสิ่งที่แสดงออก เช่น สี ขนาด รูปร่าง กลิ่น มาตรฐานคุณลักษณะเกี่ยวกับสิ่ง ซ่อนเร้น เช่น โปรีตีน ไขมัน สารเคมี และ จุลินทรีย์ เป็นต้น

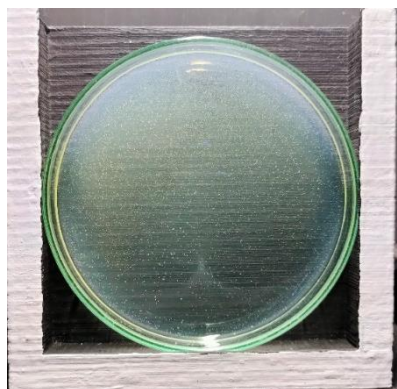
จุลินทรีย์เป็นองค์ประกอบหนึ่งของระบบนิเวศที่มีชีวิต โดยทั่วไปแล้วจุลินทรีย์จะทำหน้าที่ เป็นผู้ย่อยสลายซากพืชซากสัตว์ในระบบนิเวศนั้น ๆ แต่ก็ยังมีจุลินทรีย์บางชนิดที่ทำหน้าที่เป็นผู้ผลิต อาทิเช่น จุลินทรีย์บาซิลลัส เมกกาทีเรียม (*Bacillus megaterium*) จุลินทรีย์ที่สามารถผลิตสารใน รูปแบบของพอลิเมอร์ได้ ซึ่งเป็นสารตั้งต้นสำคัญในการผลิตพลาสติก ลักษณะพื้นฐานของจุลินทรีย์ คือมีขนาดเล็ก สามารถเคลื่อนที่ได้ จัดว่าเป็นสิ่งมีชีวิตขนาดเล็กที่ไม่สามารถมองเห็นได้ด้วยตาเปล่า ต้องอาศัยกล้องจุลทรรศน์ในการสังเกต ด้วยขนาดที่เล็กของจุลินทรีย์ทำให้สามารถดำรงอยู่ได้ในทุกที่ ทุกสภาพแวดล้อม อาทิเช่น บนฝ่ามือ บนธนบัตร หรือตามสภาพแวดล้อมทั่วไป แม้แต่ในบาง สภาพแวดล้อมที่ยากต่อการอยู่อาศัยของพืช และสัตว์ ก็ยังพบจุลินทรีย์อาศัยอยู่ ด้วยเหตุนี้มนุษย์ เราจึงใช้ประโยชน์จากจุลินทรีย์มากมายหลายด้าน อาทิเช่น ด้านการแพทย์ ใช้จุลินทรีย์ในการผลิต สารอินซูลิน (Insulin) ด้านอุตสาหกรรม ใช้จุลินทรีย์ในการผลิตสารตั้งต้นพลาสติก และด้าน การเกษตรก็ใช้จุลินทรีย์ในกำหนดราคามาตรฐานในการรับซื้อน้ำนมดิบจากเกษตรกร

น้ำนมที่วางจำหน่ายตามท้องตลาดนั้น เป็นผลิตภัณฑ์ที่แปรรูปมาจากน้ำนมดิบ ที่ผ่านการ ฆ่าเชื้อที่อุณหภูมิและระยะเวลาที่แตกต่างกันออกไป เนื่องจากน้ำนมดิบที่ยังไม่ได้ผ่านการฆ่าเชื้อจะมี จุลินทรีย์อยู่เป็นจำนวนมาก ทั้งจุลินทรีย์ที่ให้โทษและจุลินทรีย์ที่ให้ประโยชน์ จุลินทรีย์ที่พบใน น้ำนมดิบมีอยู่หลายชนิด เช่น แล็กโทบาซิลลัส (*Lactobacillus*) แล็กโทค็อกคัส (*Lactococcus*) แลคทีเรียกรดแลคติก (*Lactic acid bacteria*) บาซิลลัส (*Bacillus*) และโคลิฟอร์ม (*Coliform*) เป็น

ต้น ซึ่งจุลินทรีย์แต่ละชนิดจะส่งผลต่อคุณภาพของน้ำนมดิบแตกต่างกันออกไป จุลินทรีย์เหล่านี้ไม่ได้พบจากน้ำนมดิบ แต่มักจะปนเปื้อนมาจากถังเก็บน้ำ เต้านม ถังรีดนม และกระป๋องนม เป็นต้น จึงต้องมีการกำหนดมาตรฐานจุลินทรีย์ในน้ำนมดิบเพื่อควบคุมคุณภาพน้ำนมดิบ

กำหนดข้อกำหนดด้านจุลินทรีย์ในมาตรฐานสินค้าเกษตรและอาหารแห่งชาติ มกช.6003-2548 ระบุว่าในน้ำนมดิบจะมีจำนวนจุลินทรีย์ทั้งหมดไม่เกิน 600,000 โคโลนีต่อมิลลิลิตร มีแบคทีเรียชนิดโคลิฟอร์ม์ไม่เกิน 10,000 โคโลนีต่อมิลลิลิตร มีแบคทีเรียทนร้อนไม่เกิน 10,000 โคโลนีต่อมิลลิลิตร ซึ่งมาตรฐานการรับซื้อนมดิบของกระทรวงเกษตรและสหกรณ์ กำหนดราคาน้ำนมดิบจากจำนวนจุลินทรีย์ที่พบในน้ำนมดิบโดยใช้วิธีมาตรฐานในการตรวจนับ

การตรวจนับจุลินทรีย์บนอาหารเลี้ยงเชื้อด้วยวิธีมาตรฐานประกอบด้วย 2 เทคนิค คือ นับจำนวนจุลินทรีย์ที่เจริญบนอาหารเลี้ยงเชื้อแบบ Pour plate และแบบ Spread plate ซึ่งทั้ง 2 วิธีเลี้ยงด้วยอาหารแข็งในจานเพาะเชื้อ การนับจำนวนจุลินทรีย์มาตรฐานแบบ Spread plate เป็นวิธีที่นิยมใช้มากที่สุด เนื่องจากโคโลนีจะเจริญบนผิวอาหารเท่านั้น ซึ่งแตกต่างจากการนับจำนวนจุลินทรีย์มาตรฐานแบบ Pour plate โคโลนีจะเจริญอยู่ในอาหารและบนผิวอาหาร ซึ่งแต่ละวิธีก็เหมาะสมกับเชื้อจุลินทรีย์แต่ละชนิดแตกต่างกันออกไป แสดงตัวอย่างดังภาพ 1 เป็นการนับจำนวนจุลินทรีย์มาตรฐานแบบ Pour plate ของแบคทีเรียกรดแลคติก (*Lactic acid bacteria*) และ Spread plate ของเอสเชอริเชีย โคลิ (*Escherichia coli*) โดยจานเพาะเชื้อที่นำมานับจะมีจำนวนโคโลนีระหว่าง 30-300 เซลล์ เพื่อให้จำนวนโคโลนีที่เจริญบนจานเพาะเชื้ออยู่ในช่วงดังกล่าว จึงต้องทำการเจือจาง โดยจะเจือจางครั้งละ 10 เท่าจากความเข้มข้นก่อนหน้าด้วยสารละลายเจือจาง จากนั้นนำตัวอย่างที่เจือจางแล้วไปเกลี่ยในจานเพาะเชื้อที่เตรียมไว้ แล้วนำเข้าตู้บ่มที่อุณหภูมิ 32 องศาเซลเซียสโดยประมาณ ใช้เวลาประมาณ 24-48 ชั่วโมง เพื่อรอโคโลนีเจริญเติบโต เมื่อครบตามเวลาจะนับโคโลนีที่เจริญบนจานเพาะเชื้อ ถ้าจำนวนโคโลนีไม่อยู่ในช่วง 30-300 เซลล์ ก็จะมีการเจือจางอีก 10 เท่าจากความเข้มข้นก่อนหน้า และทำเช่นนี้ต่อไป จนกว่าจะได้จำนวนโคโลนีที่อยู่ในช่วง 30-300 เซลล์ จึงจะนำไปคำนวณหาค่าเฉลี่ยหน่วยโคโลนีฟอร์มมิงยูนิิตต่อมิลลิลิตร (Colony Forming Unit [CFU/mL])



แบคทีเรียกรดแลคติก (*Lactic acid bacteria*)

ด้วยเทคนิค Pour plate



เอสเชอริเชีย โคลิ (*Escherichia coli*)

ด้วยเทคนิค Spread plate

ภาพ 1 โคลินี่ที่เจริญบนจานเพาะเชื้อด้วยเทคนิคต่างกัน

จากภาพ 1 จะเห็นได้ว่าจำนวนโคลินี่ที่เจริญบนจานเพาะเชื้อมีจำนวนมาก มีขนาดเล็กลากต่อการนับ การนับในแต่ละจานเพาะเชื้อจึงใช้ระยะเวลาค่อนข้างยาวนานและความแม่นยำนั้นแตกต่างกันไปตามทักษะและประสบการณ์ของแต่ละบุคคล เพื่อลดระยะเวลาในการทำงานและอำนวยความสะดวกในการนับจำนวนโคลินี่ จึงได้พัฒนาแอปพลิเคชันบนระบบปฏิบัติการแอนดรอยด์ร่วมกับโอเพ่นซีวี (OpenCV) เพื่อใช้ในการนับจำนวนโคลินี่บนจานเพาะเชื้อ

การเตรียมจุลินทรีย์ทดสอบเพื่อใช้ในการตัวอย่างทดสอบความชำนาญในรายการทดสอบจุลินทรีย์ในน้ำนมดิบ ต้องการทราบจำนวนโคลินี่ฟอร์มมิงยูนิตจากความขุ่นของเซลล์แขวนตะกอน (Cell Suspension) ต้องนำมานับด้วยเทคนิค Pour plate และ Spread plate ในช่วงความขุ่นต่าง ๆ ซึ่งเป็นการใช้เวลาและทรัพยากรอย่างมาก ทั้งสารเคมี อาหารเลี้ยงเชื้อและทรัพยากรมนุษย์ จึงพัฒนาแอปพลิเคชันให้มีความสามารถประมาณโคลินี่ฟอร์มมิงยูนิตจากความขุ่น ซึ่งความขุ่นที่ได้ นั้น เกิดจากการเจือจางที่ความเข้มข้นต่าง ๆ นำไปเข้าเครื่องสเปกโตรโฟโตมิเตอร์ (Spectrophotometer) อ่านค่าความทึบแสง (Optical Density) ซึ่งในแต่ละช่วงจะมีจำนวนโคลินี่ฟอร์มมิงยูนิตแตกต่างกันออกไป โดยค่าความทึบแสงจะแปรผันตรงกับปริมาณโคลินี่ฟอร์มมิงยูนิต ในการประมาณโคลินี่ฟอร์มมิงยูนิตจากความขุ่น จะลดขั้นตอนการทำงานลงไปหลายขั้นตอน เช่น ขั้นตอนการเจือจาง ขั้นตอนการเพาะจุลินทรีย์ในจานเพาะเชื้อ ขั้นตอนการนับจำนวนโคลินี่บนจานเพาะเชื้อ เป็นต้น



ภาพ 2 ความขุ่นของเชื้อจุลินทรีย์ที่ค่าความทึบแสงต่าง ๆ

จากภาพ 2 ภาพถ่ายหลอดทดลองที่ค่าความทึบแสง 0.827 0.631 0.4 0.200 0.180 โดยประมาณตามลำดับจากซ้ายไปขวา ค่าความยาวคลื่นแสงที่ใช้ในการอ่านค่าความทึบแสงอยู่ที่ 600 นาโนเมตร เมื่อมองด้วยตาเปล่าจะพบว่าค่าความทึบแสงที่มากขึ้นจะส่งผลต่อความขุ่นที่มากขึ้น ลักษณะของการขุ่นของจุลินทรีย์เป็นสีขาวขุ่น มีตะกอนขนาดเล็ก ไม่ละลายเป็นเนื้อเดียวกันกับน้ำ

ภาพหลอดทดลองและจานเพาะเชื้อ ดังภาพ 1 และ 2 ถูกถ่ายภาพในกล่องถ่ายภาพที่พัฒนาขึ้นมาจากแผ่นอะคริลิก ทาทับบด้วยสีน้ำมันดำด้าน เพื่อควบคุมแสงและลดการสะท้อนการแสง ซึ่งภายในกล่องติดหลอดไฟ LED 18 ดวง กำลังไฟฟ้าส่องสว่าง 190 ลูเมน หรือ 3.5 วัตต์ ที่บรรจุอยู่ภายในกล่องกรองแสง พร้อมชั้นแผ่นอะคริลิก สำหรับปรับขนาดความสูงของชั้นวางภายในกล่องถ่ายภาพให้เหมาะสมกับตำแหน่งของกล้องสมาร์ทโฟนแต่ละรุ่น ดังภาพ 3



ภาพ 3 กล่องสำหรับใช้ถ่ายภาพ

การใช้กล่องถ่ายภาพควบคุมแสงจะช่วยให้สามารถควบคุมตัวแปรอิสระต่าง ๆ เช่น เงาสะท้อน ความสว่างของภาพ เป็นต้น เพื่อเพิ่มความถูกต้องของแอปพลิเคชัน เปรียบเทียบภาพถ่ายหลอดทดลองที่ถูกถ่ายภายในกล่องถ่ายภาพและถูกถ่ายภายนอกกล่องถ่ายภาพ ดังภาพ 4 แสดงให้เห็นว่าภาพที่ถ่ายภายในกล่องถ่ายภาพเห็นองค์ประกอบของภาพได้ชัดเจนกว่าภาพถ่ายภายนอกกล่องถ่ายภาพ



ภาพหลอดทดลองที่ถูกถ่ายภายนอกกล่องถ่ายภาพ



ภาพหลอดทดลองที่ถูกถ่ายภายในกล่องถ่ายภาพ

ภาพ 4 ภาพเปรียบเทียบภาพที่ถูกถ่ายภายนอกกล่องและภายในกล่อง

จุดมุ่งหมายของการศึกษา

1. เพื่อศึกษาความสัมพันธ์ระหว่างจำนวนโคโลนีกับความทึบแสง
2. เพื่อพัฒนาแบบจำลองสำหรับการประมาณโคโลนีฟอร์มมิ่งยูนิตจากความขุ่นของจุลินทรีย์ในหลอดทดลอง
3. เพื่อนับจำนวนโคโลนีจากภาพถ่ายจานเพาะเชื้อ
4. เพื่อประมาณค่าความทึบแสงจากภาพถ่ายความขุ่นในหลอดทดลอง
5. เพื่อประมาณโคโลนีฟอร์มมิ่งยูนิตจากภาพถ่ายความขุ่นในหลอดทดลอง

ขอบเขตของงานวิจัย

1. จำนวนโคโลนีที่เจริญบนจานเพาะเชื้อ ค่าความทึบแสงจากหลอดทดลอง ภาพถ่ายโคโลนีที่เจริญบนจานเพาะเชื้อ และค่าความทึบแสงจากหลอดทดลอง เก็บข้อมูลจากห้องปฏิบัติการทางจุลชีววิทยา โดยใช้จุลินทรีย์เดี่ยว 3 กลุ่ม จำนวน 4 ชนิด คือ
 1. บาซิลลัส ซีเรียส (*Bacillus cereus*)
 2. เอสเชอริเชีย โคลิ (*Escherichia coli*) หรือ อีโคไล (*E. coli*)
 3. แบคทีเรียโคลิฟอร์ม (*Enterobacter aerogenes*)
 4. แบคทีเรียกรดแลคติก (*Lactic acid bacteria*)
2. บาซิลลัส ซีเรียส เอสเชอริเชีย โคลิ และแบคทีเรียโคลิฟอร์มเลี้ยงใน Plate count agar (PCA) และแบคทีเรียกรดแลคติกเลี้ยงใน Lactobacillus MRS agar
3. อุปกรณ์รับภาพมีเซนเซอร์ความละเอียด 48 MP รูรับแสง F/1.7 หรือดีกว่า
4. ระบบประมวลผลด้วยชิป Qualcomm Snapdragon 730G Octa Core ความเร็ว 2.2 GHz บนระบบปฏิบัติการแอนดรอยด์ 8 หรือ ดีกว่า
5. ถ่ายภาพหลอดทดลองและจานเพาะเชื้อ ภายในกล่องควบคุมแสงและเปิดใช้ไฟ LED จากกล่อง โดยวางตำแหน่งของหลอดทดลองหรือจานเพาะเชื้อให้อุปกรณ์รับภาพสามารถจับภาพได้เต็มวัตถุและอยู่ในระนาบเดียวกันกับวัตถุ

ข้อตกลงเบื้องต้น

การนับจำนวนโคโลนีที่เจริญบนจานเพาะเชื้อใช้ระยะเวลายาวนาน รวมไปถึงต้องอาศัยความสามารถ ทักษะและประสบการณ์ของผู้เชี่ยวชาญ ในการนับแต่ละครั้ง ผู้ทดสอบจะนับประมาณ 9 จานเพาะเชื้อ ใน 3 ความเจือจางเป็นอย่างต่ำต่อ 1 ความทึบแสง

เครื่องสเปกโทรโฟโตมิเตอร์มีราคาแพง และขนาดใหญ่ ไม่สะดวกต่อการพกพา ต้องใช้ในห้องปฏิบัติการเฉพาะทาง มีความซับซ้อนในการตั้งค่าเครื่อง ซึ่งต้องอาศัยทักษะและประสบการณ์ที่เชี่ยวชาญในการใช้เครื่องสเปกโทรโฟโตมิเตอร์

การประมวลผลภาพและการวิเคราะห์ข้อมูลเครื่องจักรเรียนรู้ เป็นเทคโนโลยีที่นิยมใช้อย่างยิ่งในปัจจุบัน เนื่องจากเป็นเทคโนโลยีที่สามารถอำนวยความสะดวกและมีความแม่นยำสูง

การพัฒนาแอปพลิเคชันบนระบบปฏิบัติการแอนดรอยด์รวมกับการใช้เทคนิคการประมวลผลภาพและเทคนิคการวิเคราะห์ข้อมูลเครื่องจักรเรียนรู้ เพื่อนับจำนวนโคโลนีที่เจริญบนจานเพาะเชื้อและประมาณปริมาณโคโลนีฟอร์มมิงยูนิตจากหลอดทดลองเป็นการอำนวยความสะดวกลดขั้นตอนและระยะเวลาการทำงานลงเป็นอย่างมาก

นิยามศัพท์เฉพาะ

ระบบนิเวศที่มีชีวิต คือ ความสัมพันธ์ของสิ่งมีชีวิตที่อาศัยอยู่ด้วยกันในสิ่งแวดล้อมเดียวกัน

จุลินทรีย์ที่เจริญ คือ โคโลนีของจุลินทรีย์ที่มีชีวิตและเจริญเติบโต

อาหารแข็ง คือ อาหารเลี้ยงเชื้อจุลินทรีย์ ประกอบด้วย ความเป็นกรด-ด่าง ธาตุอาหารแตกต่างกันไปตามจุลินทรีย์ เพียงแต่มีวันเป็นส่วนประกอบเช่นเดียวกัน

การเจือจาง คือ การเติมน้ำกลั่นหรือสารละลายเจือจาง เพื่อให้มีจำนวนจุลินทรีย์ลดลง

โคโลนีฟอร์มมิงยูนิต คือ หน่วยของการนับปริมาณจุลินทรีย์ ที่คำนวณได้จากโคโลนีที่เจริญบนจานเพาะเชื้อในความขุ่นนั้น ๆ

โอเพ่นซอร์ คือ ไลบรารีเกี่ยวกับการมองเห็นของคอมพิวเตอร์

การวิเคราะห์ข้อมูลเครื่องจักรเรียนรู้ คือ คอมพิวเตอร์สามารถเรียนรู้และตัดสินใจได้เองเปรียบเสมือนเป็นสมองของปัญญาประดิษฐ์

R_p^2 คือค่าสัมประสิทธิ์การตัดสินใจ ที่มีจำนวน p พารามิเตอร์ เป็นตัวกำหนดตัวแบบที่เหมาะสม ค่า R_p^2 จะเพิ่มขึ้นตามจำนวนตัวแปรอิสระ ซึ่งค่า R_p^2 ที่มากขึ้นไม่ได้สื่อถึงรูปแบบนั้นจะเหมาะสมเสมอไป ดังนั้นการเลือกรูปแบบการถดถอยที่เหมาะสม จะเลือกรูปแบบที่เมื่อมีการเพิ่มตัวแปรต้นเข้ามาแล้วทำให้ค่า R_p^2 มีค่าเพิ่มขึ้นเล็กน้อย หรือที่มีค่า R_p^2 สูงแต่มีค่า SSE_p ต่ำ

R_a^2 คือค่าการตัดสินใจที่ปรับค่าแล้ว ค่า R_a^2 จะมีค่าแปรผกผันกับค่า MSE_p แสดงให้เห็นว่า ถ้า MSE_p มีค่าน้อยลง R_a^2 จะมีค่ามากขึ้น ซึ่งพิจารณารูปแบบโดยใช้ R_a^2 เช่นเดียวกับ R_p^2 จะเลือกรูปแบบที่เมื่อเพิ่มตัวแปรต้นเข้าไปแล้วทำให้ค่า R_a^2 ค่าเพิ่มขึ้นเล็กน้อย แต่การพิจารณา R_a^2 จะใช้ในรูปแบบการถดถอยแบบพหุมาก เนื่องจากมีการนำจำนวนตัวแปรต้นมาพิจารณาด้วย ทำให้พิจารณาได้ว่าตัวแปรต้นที่เพิ่มเข้ามามีผลต่อรูปแบบการถดถอยมากเพียงใด

MSE_p คือค่าเฉลี่ยความคลาดเคลื่อนกำลังสอง ที่มีจำนวน p พารามิเตอร์ ซึ่งเมื่อตัวแปรต้นเพิ่มขึ้น SSE_p จะลดลง ทำให้ MSE_p ลดลงเช่นเดียวกัน การเลือกใช้ค่า MSE_p เป็นเกณฑ์เลือกรูปแบบการถดถอย คือ การเลือกกลุ่มตัวแปรต้นที่มีค่า MSE_p ต่ำที่สุด หรือใกล้เคียงกับค่าต่ำที่สุด

C_p คือค่าพิจารณาจากค่าเฉลี่ยผลรวมของความคลาดเคลื่อนทั้งหมด (Total mean squared error) ของค่าประมาณตัวแปรตามในแต่ละรูปแบบ การเลือกใช้ค่า C_p เป็นเกณฑ์การคัดเลือกตัวแปรต้นนั้น จะพิจารณารูปแบบที่มีค่า C_p มีค่าน้อย ๆ และมีค่าเข้าใกล้ p

สมมติฐานของการวิจัย

1. แอปพลิเคชันสามารถนับจำนวนโคโลนีบนจานเพาะเชื้อได้ผลลัพธ์ใกล้เคียงกับการนับของผู้เชี่ยวชาญ
2. แบบจำลองสามารถประมาณค่าความทึบแสงได้ใกล้เคียงกับค่าที่อ่านได้จากเครื่องสเปกโตรโฟโตมิเตอร์
3. ความสัมพันธ์ระหว่างค่าความทึบแสงและจำนวนโคโลนีฟอร์มมิงยูนิตมีนัยสำคัญต่อกัน

บทที่ 2

เอกสารและงานวิจัยที่เกี่ยวข้อง

เอกสารและงานวิจัยที่เกี่ยวข้องกับวิทยานิพนธ์เล่มนี้เป็นการศึกษาจุลินทรีย์ที่อยู่ในน้ำนมดิบ เพื่อพัฒนาแบบจำลองสำหรับการประมาณโคโลนีฟอร์มมิงยูนิตโดยใช้การวิเคราะห์เครื่องจักรเรียนรู้และพัฒนาแอปพลิเคชันบนระบบปฏิบัติการแอนดรอยด์สำหรับการนับจำนวนโคโลนีบนงานเพาะเชื้อโดยใช้เทคนิคการประมวลผลภาพ

การควบคุมคุณภาพผลิตภัณฑ์ทางการเกษตร

ผลิตภัณฑ์ทางการเกษตรโดยส่วนใหญ่จะมีข้อกำหนดที่บ่งบอกถึงคุณภาพของผลิตภัณฑ์นั้น ๆ ผลิตภัณฑ์แต่ละประเภทมีมาตรฐานการทดสอบที่แตกต่างกันออกไป เช่น รูปทรง ขนาด ความชื้น น้ำหนักหรือจุลินทรีย์ เป็นต้น

กระทรวงเกษตรและสหกรณ์ได้ออกประกาศข้อกำหนดด้านจุลินทรีย์ในมาตรฐานสินค้าเกษตรและอาหารแห่งชาติ มกอช.6003-2548 เกี่ยวกับน้ำนมดิบกล่าวว่าในน้ำนมดิบจะมีจำนวนจุลินทรีย์ทั้งหมดไม่เกิน 600,000 โคโลนีต่อมิลลิลิตร มีแบคทีเรียชนิดโคลิฟอร์มไม่เกิน 10,000 โคโลนีต่อมิลลิลิตร มีแบคทีเรียทนร้อนไม่เกิน 10,000 โคโลนีต่อมิลลิลิตร ซึ่งมาตรฐานการรับซื้อน้ำนมดิบของกระทรวงเกษตรและสหกรณ์ กำหนดราคาน้ำนมดิบจากจำนวนจุลินทรีย์ที่พบในน้ำนมดิบ โดยวิธีการตรวจนับจุลินทรีย์มาตรฐาน(พระราชบัญญัติมาตรฐานสินค้าเกษตร พ.ศ.2551, 2551, หน้า 15)

ฟาร์มโคนม

ฟาร์มโคนมในประเทศไทยถือกำเนิดมาอย่างยาวนาน โคนมสายพันธุ์แรก ๆ คือ โคบังกาลา นำเข้ามาจากประเทศบังกลาเทศ ต่อมาในช่วงปีพุทธศักราช 2463 หม่อมเจ้าสิทธิพร กฤดากร ได้ทดลองเลี้ยงโคนมภายในครัวเรือน เพื่อบริโภคภายในครัวเรือน ซึ่งชาวบ้านให้

ความสนใจนำโคนมมาเลี้ยง แต่ยังไม่ได้รับความนิยมนักเท่าที่ควรจนกระทั่งในปีพุทธศักราช 2505 พระบาทสมเด็จพระบรมชนกาธิเบศร มหาภูมิพลอดุลยเดชมหาราช บรมนาถบพิตรทรงริเริ่มโครงการเลี้ยงโคนมสวนจิตรลดา เพื่อส่งเสริมการเลี้ยงโคนมในประเทศด้วยพระองค์เอง จึงทำให้การเลี้ยงโคนมได้รับความนิยมเป็นวงกว้าง(องค์การส่งเสริมกิจกรรมโคนมแห่งประเทศไทย, 2555, หน้า 27-33)

การเลี้ยงโคนมจึงเป็นอีกหนึ่งอาชีพที่สร้างรายได้ให้แก่ชาวบ้าน แต่เนื่องด้วยสภาพภูมิอากาศในประเทศไทยที่มีอากาศร้อนชื้น ทำให้แม่โคที่นำเข้ามาจากต่างประเทศให้น้ำนมน้อยกว่าปริมาณที่ควรจะได้ กระทรวงเกษตรและสหกรณ์ได้ปรับปรุงสายพันธุ์ให้เหมาะสมกับสภาพภูมิอากาศของประเทศไทย(เฟื่องฟ้า ศรีโนนยางและวีรพัฒน์ เศรษฐ์สมบูรณ์,2554,หน้าที่ 36-38)

น้ำนมดิบ

ในการรีदनน้ำนมโคจะนิยมรีดโดยใช้มือหรือเครื่องรีดนมวัว แม่โคจะพร้อมให้นมหรือมีน้ำนมหลังจากที่ออกลูก แต่จะมากหรือน้อยขึ้นอยู่กับตัวแม่โค น้ำนมที่รีดได้จากแม่โคจะเรียกว่าน้ำนมดิบ น้ำนมดิบที่รีดได้จะมีอุณหภูมิประมาณ 36 องศาเซลเซียส เพื่อลดอัตราการเพิ่มจำนวนของจุลินทรีย์ที่อาจจะปนเปื้อนติดตามทางเกษตรกรจะรีบน้ำส่งน้ำนมดิบไปยังศูนย์รวมนมน้ำดิบ แต่ในกรณีที่เป็นฟาร์มขนาดใหญ่จะทำให้ น้ำนมดิบมีอุณหภูมิอยู่ที่ประมาณ 25 องศาเซลเซียส เพื่อเป็นการรักษาคุณภาพน้ำนมดิบและทำให้น้ำนมดิบเก็บได้นานขึ้นก่อนส่งถึงโรงงาน(N. Pandey, A. Kumari, A. K. Varma, S. sahu and M. A. Akbar, 2014,754)

จุลินทรีย์ในน้ำนมดิบ

น้ำที่เป็นส่วนประกอบหลักของน้ำนมดิบมีสารอาหารและค่าแอกทิวิตี้ที่สูง (High Water Activity) ซึ่งเหมาะสมต่อการเจริญเติบโตของจุลินทรีย์ทั้งจุลินทรีย์ที่มีประโยชน์และจุลินทรีย์ที่ก่อให้เกิดโรคที่ทำให้อาหารเป็นพิษ นอกจากนี้ยังพบจุลินทรีย์ที่ไม่ได้พบในน้ำนมดิบแต่เกิดจากการปนเปื้อนของฟาร์มโคนม เช่น

จุลินทรีย์กลุ่มเมโซไฟล์ (*Mesophilic bacteria*) พบในน้ำนมดิบ เป็นจุลินทรีย์ที่ก่อให้เกิดโรคเกี่ยวกับทางเดินอาหาร เจริญเติบโตได้ดีในอุณหภูมิประมาณ 30-35 องศาเซลเซียส จึงเป็นสาเหตุหลักที่ทำให้เกิดการเสื่อมสภาพของน้ำนมดิบ เมื่อตั้งไว้ในอุณหภูมิห้อง (Berenhauser,

Ana Claudia, Soares, Douglas, Komora, Norton, De Dea Lindner, Juliano, Schwinden Prudêncio, Elane, Oliveira, J. Vladimir, Block, Jane Mara, 2018, หน้า 122-126)

จุลินทรีย์กลุ่มเทอร์โมดิวิคแบคทีเรีย (*Thermophilic bacteria*) พบในน้ำนมดิบ เป็นจุลินทรีย์ที่ทนต่ออุณหภูมิสูง (Priit Elias, Epp Songisepp, Andre Veskioja, Kadi Rammul, 2017, หน้า 5-12)

จุลินทรีย์กลุ่มโคลิฟอร์ม (*Coliform*) พบในน้ำนมดิบ เป็นจุลินทรีย์ที่มีแหล่งอาศัยบริเวณในลำไส้ของแมโค สามารถเจริญเติบโตได้ดีในที่ที่มีอากาศและไม่มีอากาศ มักพบในสภาพแวดล้อมที่เกี่ยวข้องกับน้ำ จึงปนเปื้อนมาจากภาชนะในฟาร์มโคนม เกษตรกร หรือในคอกสัตว์ที่ทำความสะอาดไม่ทั่วถึง (Paraffin, Annah S., Zindove, Titus J., Chimonyo, Michael, 2019, หน้า 1-7)

จุลินทรีย์กลุ่มไซโครโทรป (*Psychrotrophic bacteria*) พบในน้ำนมดิบ จุลินทรีย์นี้ไม่ทนต่ออุณหภูมิที่สูง เจริญเติบโตได้ดีในอุณหภูมิต่ำ สาเหตุของการปนเปื้อนจุลินทรีย์นี้ มาจากสัญลักษณ์ที่ไม่สะอาดของฟาร์ม การเพิ่มของจุลินทรีย์นี้ทำให้เกิดการสร้างเอนไซม์ ย่อยโปรตีนและไขมันในน้ำนม ส่งผลให้เกิดกลิ่นอันไม่พึงประสงค์ (Kraft, Allen A., Florida, 1992, หน้า 22-25)

การเน่าเสียของน้ำนมดิบ

การเน่าเสียของน้ำนมดิบมีสาเหตุหลัก 2 สาเหตุ คือ เน่าเสียจากปฏิกิริยาทางเคมีและเน่าเสียจากจุลินทรีย์ (Microbial spoilage) เช่น จุลินทรีย์กลุ่มโคลิฟอร์ม (*Coliform*) ทำให้เกิดฟองแก๊ส แบคทีเรียกรดแลคติก (*Lactic acid bacteria*) ทำให้ค่าความกรด-ด่างของน้ำนมดิบลดลง เกิดรสเปรี้ยวและลิ่มบริเวณผิวหน้านมดิบแยกชั้นอย่างชัดเจน แบคทีเรียโคลิฟอร์ม (*Enterobacter aerogenes*) ทำให้น้ำนม เหนียวข้น เป็นเมือกและยางขุ่น เป็นต้น

การรับซื้อน้ำนมดิบ

การเลี้ยงโคนมได้รับความนิยมเพิ่มขึ้นอย่างมากหลังจากพระบาทสมเด็จพระบรมชนกาธิเบศร มหาภูมิพลอดุลยเดชมหาราช บรมนาถบพิตรทรงริเริ่มโครงการเลี้ยงโคนมสวนจิตรลดา ทำให้ราคาน้ำนมดิบมีการผันผวนไม่คงที่ (องค์การส่งเสริมกิจการโคนมแห่งประเทศไทย, 2555, หน้า 27-33) กระทรวงเกษตรและสหกรณ์จึงได้ออกประกาศมาตรฐานการรับซื้อน้ำนมโค โดยมี

มาตรฐานด้านคุณภาพทั่วไป องค์ประกอบของน้ำนมโค คุณสมบัติทางด้านจุลินทรีย์ จำนวนเม็ดเลือดขาว จุดเยือกแข็ง

คุณสมบัติทางด้านจุลินทรีย์เป็นการหาจำนวนจุลินทรีย์ในน้ำนมโคโดยการตรวจด้วยวิธีตรวจนับจุลินทรีย์มาตรฐาน (Standard Plate Count : SPC) มีผลต่อการเพิ่มขึ้นหรือลดลงของราคา ดังตาราง 1 เพื่อควบคุมมาตรฐานของราคาน้ำนมดิบ

ตาราง 1 แสดงเกณฑ์จำนวนจุลินทรีย์ส่งผลต่อราคาน้ำนมดิบ

จำนวนจุลินทรีย์ที่พบ (โคโลนีต่อมิลลิลิตร)		ราคา
ไม่น้อยกว่า	ไม่มากกว่า	
1,000,000	-	ลดลง 0.5 บาทต่อกิโลกรัม
700,001	1,000,000	ลดลง 0.3 บาทต่อกิโลกรัม
500,001	700,000	ลดลง 0.2 บาทต่อกิโลกรัม
400,001	500,000	-
300,001	400,000	เพิ่มขึ้น 0.2 บาทต่อกิโลกรัม
200,001	300,000	เพิ่มขึ้น 0.3 บาทต่อกิโลกรัม
-	200,000	เพิ่มขึ้น 0.5 บาทต่อกิโลกรัม

วิธีตรวจนับจุลินทรีย์มาตรฐาน

โดยการทดสอบคุณสมบัติมาตรฐานทางด้านจุลินทรีย์ในน้ำนมดิบใช้วิธีตรวจนับจุลินทรีย์มาตรฐาน เป็นการนับจำนวนโคโลนี (Colony) ที่เจริญบนจานเพาะเชื้อ มีขนาดที่สามารถมองเห็นได้ด้วยตาเปล่าหรือแว่นขยาย ซึ่งโคโลนีแต่ละประเภทมีลักษณะแตกต่างกันออกไป ค่าที่ได้จากการตรวจนับจุลินทรีย์มาตรฐานคือโคโลนีฟอร์มมิงยูนิต (Colony Forming Unit :cfu) นิยมเพาะเลี้ยงด้วยอาหารเลี้ยงเชื้อ Nutrient agar ในจานเพาะเชื้อ (Petri Dish) และเพาะเชื้อแบบฟิล์มแห้ง (Compact Dry Plate)

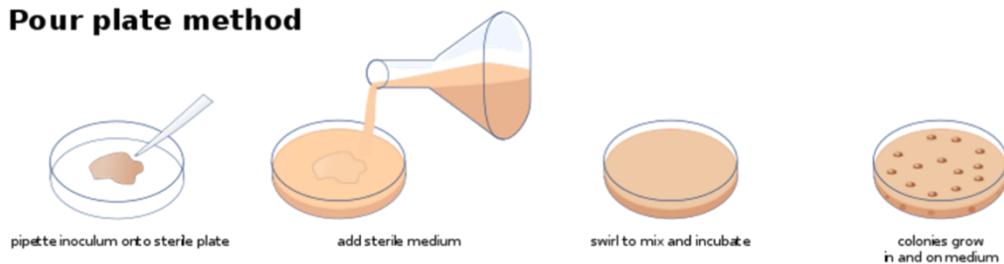
เทคนิคเกลี่ยเชื้อบนผิวอาหาร

การเพาะจุลินทรีย์ในอาหารเลี้ยงเชื้อด้วยเทคนิคเกลี่ยเชื้อบนผิวอาหาร (Spread Plate Technique) จำนวนโคโลนีที่เจริญบนจานเพาะเชื้อที่ใช้สำหรับการนับจะอยู่ในช่วง 30-300 เซลล์ การที่จะทำให้จำนวนโคโลนีที่เจริญบนจานเพาะเชื้อมีจำนวนอยู่ในช่วงดังกล่าว ต้องเจือจางเป็นลำดับ (Serial Dilution) คือ การเจือจางความเข้มข้นลดลงเป็นลำดับขั้น ขั้นละ 10 เท่า เมื่อเจือจางได้ความเข้มข้นตามที่ต้องการแล้วนั้นจะนำจุลินทรีย์ปริมาตร 1 มิลลิลิตรใส่ในจานเพาะเชื้อที่มีอาหารแข็งอยู่แล้ว จากนั้นจะทำการเกลี่ยเชื้อบนอาหารแข็งจนกว่าจะรู้สึกแห้ง ลำดับต่อไปคว่าจานเพาะเชื้อลงบ่ม (Incubate) ใช้ระยะเวลาประมาณ 24-48 ชั่วโมง แล้วแต่ชนิดของจุลินทรีย์ ขั้นตอนสุดท้ายคือการนับจุลินทรีย์ที่เจริญบนจานเพาะเชื้อและนำมาคำนวณหาค่าโคโลนีฟอร์มมิงยูนิิตต่อไป แสดงขั้นตอนดังภาพ 5

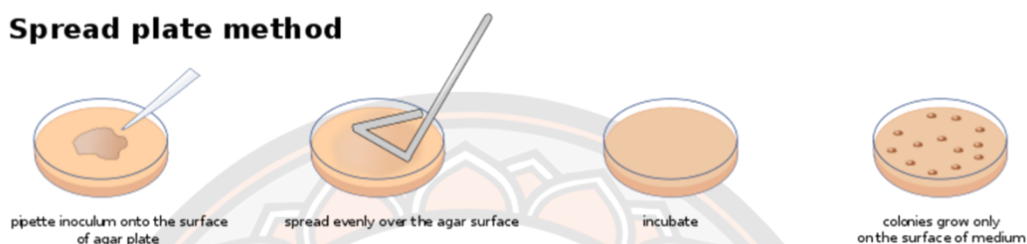
เทคนิคเทเชื้อ

การเพาะจุลินทรีย์ในอาหารเลี้ยงเชื้อด้วยเทคนิคเทเชื้อ (Pour Plate Technique) จำนวนโคโลนีที่เจริญบนจานเพาะเชื้อที่ใช้สำหรับการนับจะอยู่ในช่วง 30-300 เซลล์ การที่จะทำให้จำนวนโคโลนีที่เจริญบนจานเพาะเชื้อมีจำนวนอยู่ในช่วงดังกล่าว จำเป็นต้องเจือจางเป็นลำดับ (Serial Dilution) คือ การเจือจางความเข้มข้นลงเป็นลำดับขั้น ขั้นละ 10 เท่า เมื่อเจือจางได้ความเข้มข้นตามที่ต้องการแล้วนั้นจะนำจุลินทรีย์ปริมาตร 1 มิลลิลิตรใส่ในจานเพาะเชื้อ จากนั้นจะเทอาหารตามลงไปทำการหมუნจานเพาะเชื้อเบา ๆ เพื่อให้อาหารและเชื้อจุลินทรีย์ผสมกัน ทิ้งไว้ให้อาหารแข็งจากนั้นคว่าจานเพาะเชื้อลงบ่ม (Incubate) ใช้ระยะเวลาประมาณ 24-48 ชั่วโมง แล้วแต่ชนิดของจุลินทรีย์ ขั้นตอนสุดท้ายคือการนับจุลินทรีย์ที่เจริญบนจานเพาะเชื้อและนำมาคำนวณหาค่าโคโลนีฟอร์มมิงยูนิิตต่อไป แสดงขั้นตอนดังภาพ 5

Pour plate method



Spread plate method



ภาพ 5 เทคนิคการเพาะโคโลนีของจุลินทรีย์

ที่มา: https://commons.wikimedia.org/wiki/File:Plating_methods.svg

เทคนิคการประมวลผลภาพ

เทคนิคการประมวลผลภาพ (Image Processing Technical) มีมากมายหลายเทคนิคโดยส่วนใหญ่จะเป็นประมวลผลภาพดิจิทัล (Digital Image Processing) เพื่อปรับปรุงภาพให้เหมาะสมต่องานนั้น ๆ การจัดการข้อมูลภาพสำหรับการเก็บและส่งภาพ การวิเคราะห์ผลภาพอัตโนมัติ สร้างการมองเห็นในกับคอมพิวเตอร์ เป็นต้น ประโยชน์เหล่านี้ล้วนเป็นความสามารถของการประมวลผลภาพ ดิจิทัลในยุคแรกมีการส่งภาพดิจิทัลครั้งแรก ๆ โดยการส่งด้วยเคเบิลใต้น้ำจากประเทศอังกฤษไปยังประเทศอเมริกา แล้วพิมพ์ภาพออกที่ปลายทางด้วยเครื่องพิมพ์โทรเลข แทนการขนส่งทางเรือ (พนมขวัญ ธิยะมงคล, 2019, หน้า 3-8) หลังจากนั้นเทคนิคการประมวลผลภาพได้มีการเปลี่ยนแปลงตามเทคโนโลยีในแต่ละยุคสมัย จนในปัจจุบันเทคนิคการประมวลผลภาพถูกใช้กันอย่างแพร่หลายเป็นวงกว้าง เช่น ทางเทคโนโลยีการจำจดใบหน้าเพื่อปลดล็อกโทรศัพท์ หรือเครื่อง MRI (Magnetic Resonance Imaging) เป็นการตรวจร่างกายโดยใช้คลื่นสนามแม่เหล็กความเข้มสูงและคลื่นความถี่ในย่านความถี่วิทยุในการสร้างภาพเสมือนจริงของอวัยวะภายในต่าง ๆ ภาพที่ได้มีรายละเอียดและความคมชัดสูง จึงชัดเจนกว่าการตรวจเอกซเรย์คอมพิวเตอร์ แบบ CTScan ทำให้แพทย์สามารถตรวจวินิจฉัยความผิดปกติในร่างกายได้อย่างแม่นยำ

โอเพนซีวีไลบรารี

โอเพนซีวีไลบรารี (OpenCV) ย่อมาจาก Open Source Computer Vision Library เป็นไลบรารีที่ถูกพัฒนาโดยบริษัทอินเทล (Intel) เพื่อใช้ในการประมวลผลภาพ (Image Processing) และงานด้านการมองเห็นของคอมพิวเตอร์ (Computer Vision) ซึ่งโอเพนซีวีไลบรารีมีฟังก์ชันให้เรียกใช้หลากหลายรูปแบบ เช่น การเบลอภาพ การเพิ่มความสว่าง การบีบอัดภาพ เป็นต้น นอกจากนี้ความสามารถที่หลากหลายของโอเพนซีวีไลบรารีแล้วนั้น โอเพนซีวีไลบรารียังสามารถถูกพัฒนาได้หลากหลายภาษา เช่น ภาษาซี (C) ไพทอน (Python) หรือจาวา (Java) เป็นต้น

การแปลงภาพสีเป็นภาพระดับเทา

ภาพสีที่ได้จากการนำภาพเข้าระบบ (Preprocessing) เป็นภาพในระบบสี RGB (Red, Green และ Blue) เป็นการผสมแสงสีจากแม่สี 3 สี ได้แก่ สีแดง สีเขียว และสีน้ำเงิน ก่อให้เกิดแสงสีต่าง ๆ มากมาย แต่สำหรับวิทยานิพนธ์นี้ต้องการใช้ภาพขาวดำหรือภาพไบนารี (Binary Image) สำหรับการประมวลผลภาพ แต่ก่อนที่จะได้ภาพขาวดำ ขั้นตอนแรกคือการแปลงภาพสีเป็นภาพระดับเทา (Grayscale Image) ซึ่งภาพระดับเทาเป็นภาพที่ค่าพิกเซลในแต่ละจุดแทนด้วยค่าความสว่างของภาพอยู่ที่ 0-255 การแปลงภาพสีเป็นภาพระดับเทาอาศัยวิธีลูมิแนนซ์ (Luminance) ดังสมการ 1

$$y = 0.299R + 0.587G + 0.114B \quad (1)$$

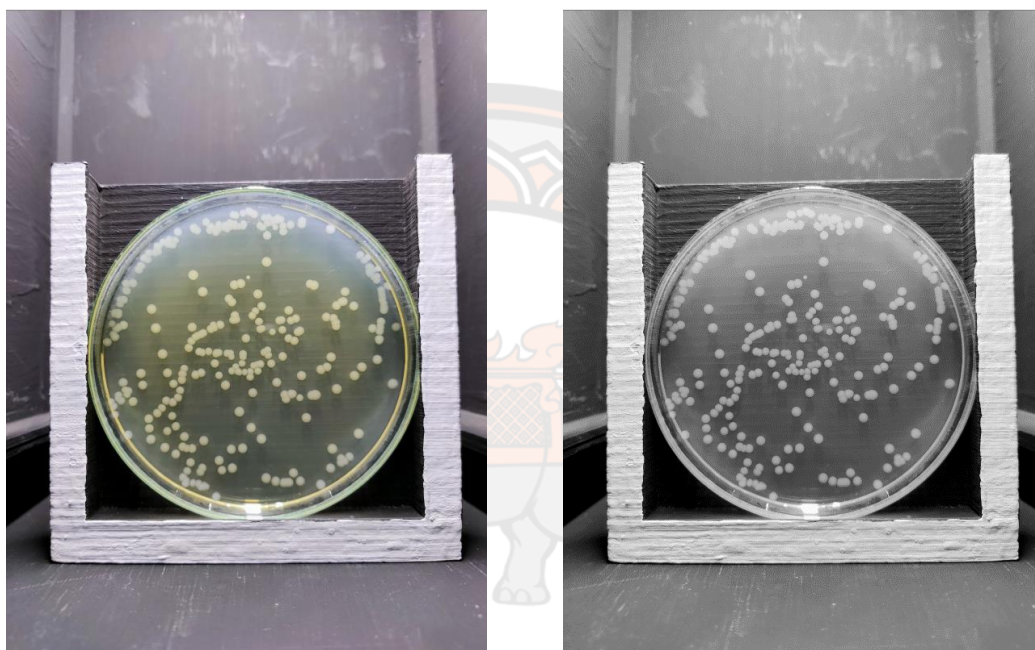
โดย y คือ ค่าพิกเซลในภาพระดับเทา

R คือ ค่าพิกเซลในเลเยอร์แสงสีแดง

G คือ ค่าพิกเซลในเลเยอร์แสงสีเขียว

B คือ ค่าพิกเซลในเลเยอร์แสงสีน้ำเงิน

จากสมการ 1 จะเห็นได้ว่า ในแต่ละตัวแปรมีค่าถ่วงน้ำหนักที่แตกต่างกันออกไป เนื่องจาก เทคนิคการแปลงภาพสีเป็นภาพระดับเทาโดยวิธีลูมินิเนนซ์นั้น มีการถ่วงค่าน้ำหนักให้เหมาะสมกับสายตามนุษย์มากที่สุด เป็นวิธีที่นิยมใช้กันอย่างแพร่หลายเป็นวงกว้าง แสดงให้เห็นดัง ภาพ 6



ภาพสี

ภาพระดับเทา

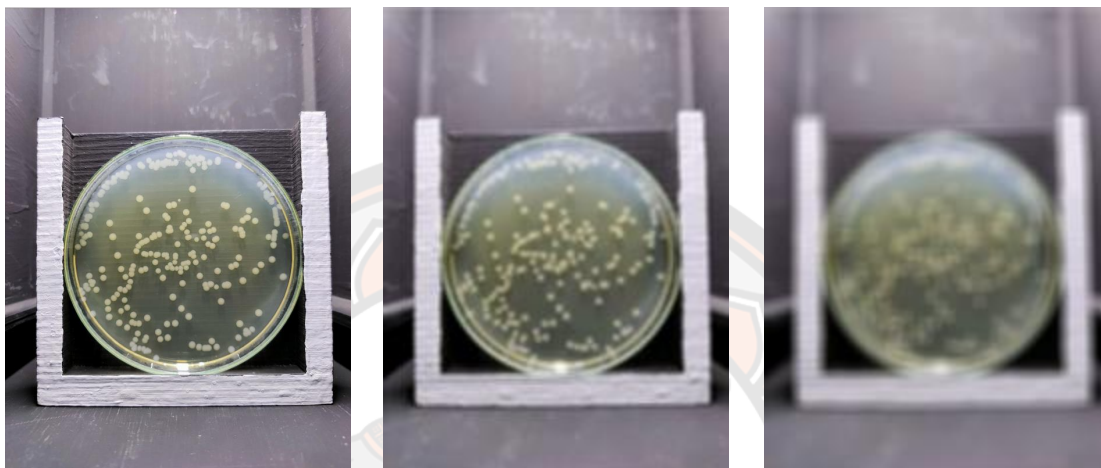
ภาพ 6 การแปลงภาพสีเป็นภาพระดับเทา

การเบลอภาพ

การกรองแบบความถี่ต่ำ (Low-pass Filter) เป็นวิธีการกรองสัญญาณภาพ บริเวณที่มีความถี่ต่ำผ่านได้ ส่วนบริเวณที่มีความถี่สูงกว่าที่กำหนดจะถูกกรองให้มีความถี่ลดลง ผลการกรองสัญญาณภาพจะทำให้ภาพมีความนุ่มนวลหรือเรียบมากขึ้น (ผู้ช่วยศาสตราจารย์.ดร. สมเกียรติ อุดมพระชากุล, 2554, หน้า 76)

การปรับภาพให้เรียบเนียนโดยการกรองด้วยค่ามัธยฐาน (Median Filtering) เป็นการนำเอาค่าระดับเทาของบริเวณข้างเคียงของจุดภาพที่ต้องการนำมาประมวลผลภาพมาหาค่ากลางของข้อมูล เพื่อนำผลลัพธ์ของค่ากลางของข้อมูลที่ได้ไปแทนค่าระดับเทาบริเวณตำแหน่งเดิม

ของจุดภาพนั้น ๆ โดยปกติทั่วไปแล้วขนาดมาร์คที่นิยมใช้มีขนาด 3X3 หรือ 5X5 ขนาดของมาร์คส่งผลต่อความเรียบของภาพ ขนาดมาร์คที่มีขนาดใหญ่ก็จะส่งผลให้การเบลอภาพมากตามไปด้วย (ผศ.ดร.สมเกียรติ อุดมธรรษากุล, 2554 ,หน้า 76-78) แสดงดังภาพ 7



ภาพต้นแบบ

มาร์คขนาด 3X3

มาร์คขนาด 5X5

ภาพ 7 การเบลอภาพด้วยการกรองด้วยค่านัยฐาน

การปรับภาพให้เรียบเนียนโดยการกรองโดยเกาส์เซียน (Gaussian filter) มาร์คแบบเกาส์เซียนจะมีผลต่อการพรางมัว (Blue) ของภาพน้อยกว่าต้นฉบับ ซึ่งการนำค่าสัมประสิทธิ์ที่ถูกออกแบบให้สอดคล้องกับสมการการกระจายของเกาส์เซียนแบบไม่ต่อเนื่อง (Discrete Gaussian Distribution) ดังสมการ 2

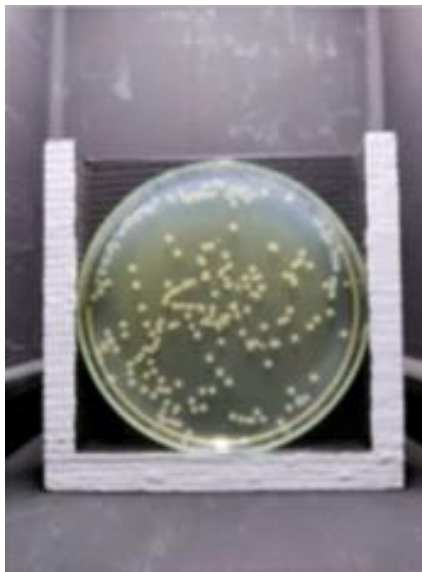
$$g(x,y) = Ce^{\frac{-(x^2+y^2)}{2\sigma^2}} \quad (2)$$

โดย $g(x,y)$ คือ สัมประสิทธิ์ของเกาส์เซียนฟังก์ชันแบบไม่ต่อเนื่อง

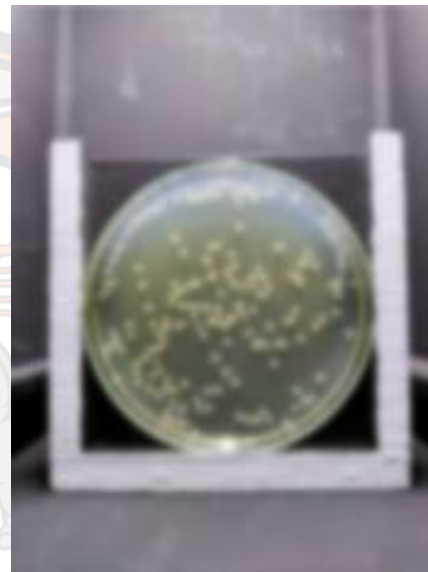
C คือ ค่าคงที่นอร์มอลไลซ์

σ คือ ค่าเบี่ยงเบนมาตรฐาน

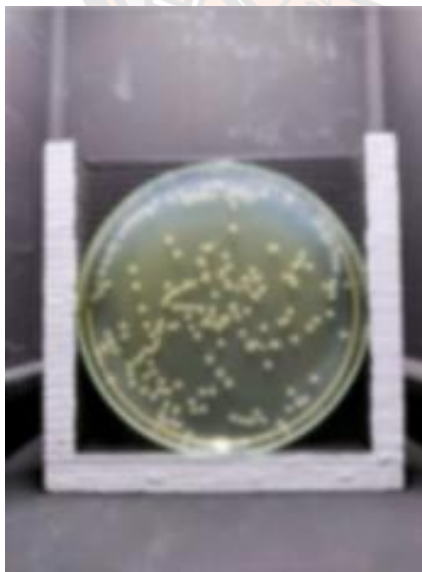
เนื่องจากมาร์คแบบเกาส์เซียนเป็นตัวกรองแบบความถี่ต่ำ จึงต้องมีการนอร์มอลไลซ์ค่าสัมประสิทธิ์ของมาร์คก่อน ความเรียบเนียนหรือความพร่ามัวของภาพนั้นขึ้นอยู่กับค่าเบี่ยงเบนมาตรฐาน (σ) ของเกาส์เซียนฟังก์ชันซึ่งในขณะเดียวกันขนาดของมาร์คก็ส่งผลต่อความเรียบเนียนหรือความพร่ามัวด้วยเช่นกัน ขนาดที่ใหญ่ของมาร์คจะส่งผลให้ความเรียบเนียนของภาพมากขึ้น (ผู้ช่วยศาสตราจารย์ ดร.สมเกียรติ อุตมหาราชกุล, 2554 ,หน้า 79-84) แสดงดังภาพ 8



ขนาดมาร์ค 5X5 $\sigma = 2$



ขนาดมาร์ค 5X5 $\sigma = 4$



ขนาดมาร์ค 7X7 $\sigma = 2$



ขนาดมาร์ค 7X7 $\sigma = 4$

ภาพ 8 การเบลอภาพด้วยการกรองด้วยเกาส์เซียน

การแปลงภาพระดับเทาเป็นภาพขาวดำ

การแปลงภาพระดับเทาเป็นภาพขาวดำนั้น วิธีที่นิยมใช้มากที่สุดคือ เทรชโฮลด์ดิ้ง (Thresholding) เป็นการแบ่งแยกส่วนพื้นหน้า (Foreground) หรือวัตถุ (Object) ออกจากพื้นหลัง (Background) โดยใช้ค่าเทรชโฮลด์หรือค่าขีดแบ่งสำหรับค่าระดับเทาของตำแหน่งนั้น ๆ เพื่อให้ภาพผลลัพธ์ที่ได้มีค่าพิกเซลเป็น 0 หรือ 1 (ดำ-ขาว) ในขั้นตอนการกำหนดค่าขีดแบ่งถ้ากำหนดค่าไม่เหมาะสมจะทำให้รายละเอียดของภาพนั้นไม่สมบูรณ์ ซึ่งการกำหนดค่าขีดแบ่งนั้นในปัจจุบันมีหลากหลายวิธี (ผู้ช่วยศาสตราจารย์ ดร.สมเกียรติ อุดมธรรษากุล, 2554 ,หน้า 122) เช่น

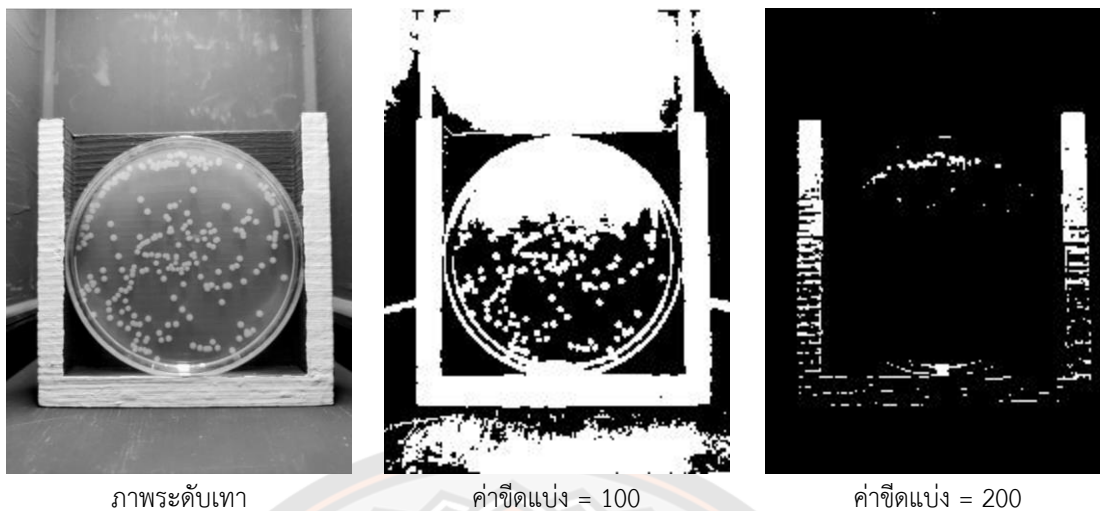
การกำหนดค่าขีดแบ่งแบบไบนารี (Binary) เป็นวิธีการแยกเป็นการแบ่งแยกส่วนพื้นหน้า (Foreground) หรือวัตถุ (Object) ออกจากพื้นหลัง (Background) โดยพิจารณาจากฮิสโทแกรม (Histogram) ซึ่งค่าพิกเซลจะถูกกำหนดให้เป็น 0 หรือ 1 (ดำ-ขาว) ขึ้นอยู่กับค่าระดับเทาที่ตำแหน่งนั้นมีค่าสูงหรือต่ำกว่าค่าขีดแบ่ง ถ้าตำแหน่งนั้นค่าระดับเทามีค่าต่ำกว่าค่าขีดแบ่งตำแหน่งนั้นจะถูกกำหนดให้เป็น 0 (ดำ) ในทางตรงกันข้ามตำแหน่งนั้นค่าระดับเทามีค่าสูงกว่าค่าขีดแบ่งตำแหน่งนั้นจะถูกกำหนดให้เป็น 1 (ขาว) ดังสมการ 3

$$f_{thr} = \begin{cases} 1; & f(x, y) < threshold \\ 0; & f(x, y) \geq threshold \end{cases} \quad (3)$$

โดย f_{thr} คือ ค่าพิกเซลในภาพไบนารี

$f(x,y)$ คือ ค่าพิกเซลระดับเทา

จากสมการ 3 จะเห็นได้ว่าหากพื้นหน้าหรือวัตถุมีค่าระดับเทาที่ใกล้เคียงหรือเท่ากับค่าระดับเทาของพื้นหลังภาพ จะทำให้ไม่สามารถแยกวัตถุออกจากพื้นหลังได้และในปัจจุบันยังไม่มีวิธีคำนวณค่าขีดแบ่งที่เหมาะสมกับทุกประเภท ซึ่งในแต่ละประเภทจะมีข้อจำกัด สามารถใช้ได้กับภาพในแต่ละชนิดเท่านั้น (ผู้ช่วยศาสตราจารย์ ดร.สมเกียรติ อุดมธรรษากุล , 2554 ,หน้า 122-126) แสดงการกำหนดค่าขีดแบ่งในแต่ละส่วนดังภาพ 9



ภาพ 9 การแปลงภาพระดับเทาเป็นภาพไบนารี

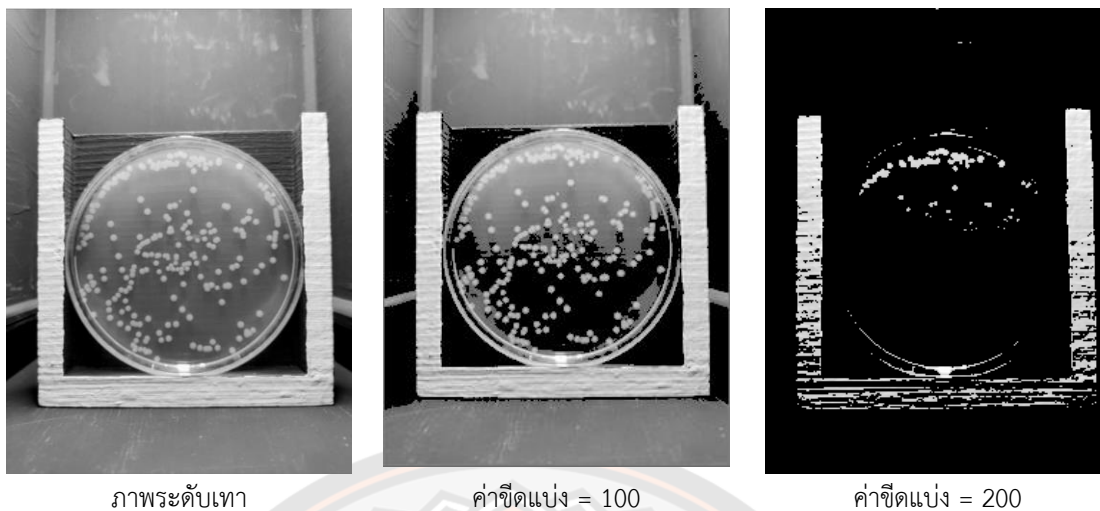
การกำหนดค่าขีดแบ่งแบบทูซีโร่ (Tozero) เป็นวิธีการแยกเป็นการแบ่งแยกส่วนพื้นหน้า (Foreground) หรือวัตถุ (Object) ออกจากพื้นหลัง (Background) เช่นเดียวกับแบบไบนารี แตกต่างกันที่ค่ากำหนดค่าฟังก์ชันผลลัพธ์ ถ้าตำแหน่งนั้นค่าระดับเทามีค่าต่ำกว่าค่าขีดแบ่งตำแหน่งนั้นจะถูกกำหนดให้เป็น 0 (ดำ) ในทางตรงกันข้ามตำแหน่งนั้นค่าระดับเทามีค่าสูงกว่าค่าขีดแบ่งตำแหน่งนั้นจะไม่เปลี่ยนแปลง ซึ่งแตกต่างจากแบบไบนารีที่จะกำหนดให้เป็น 1 (ขาว) ดังสมการ 4

$$f_{thr} = \begin{cases} f(x, y) ; f(x, y) < threshold \\ 0 ; f(x, y) \geq threshold \end{cases} \quad (4)$$

โดย f_{thr} คือ ค่าฟังก์ชันในภาพไบนารี

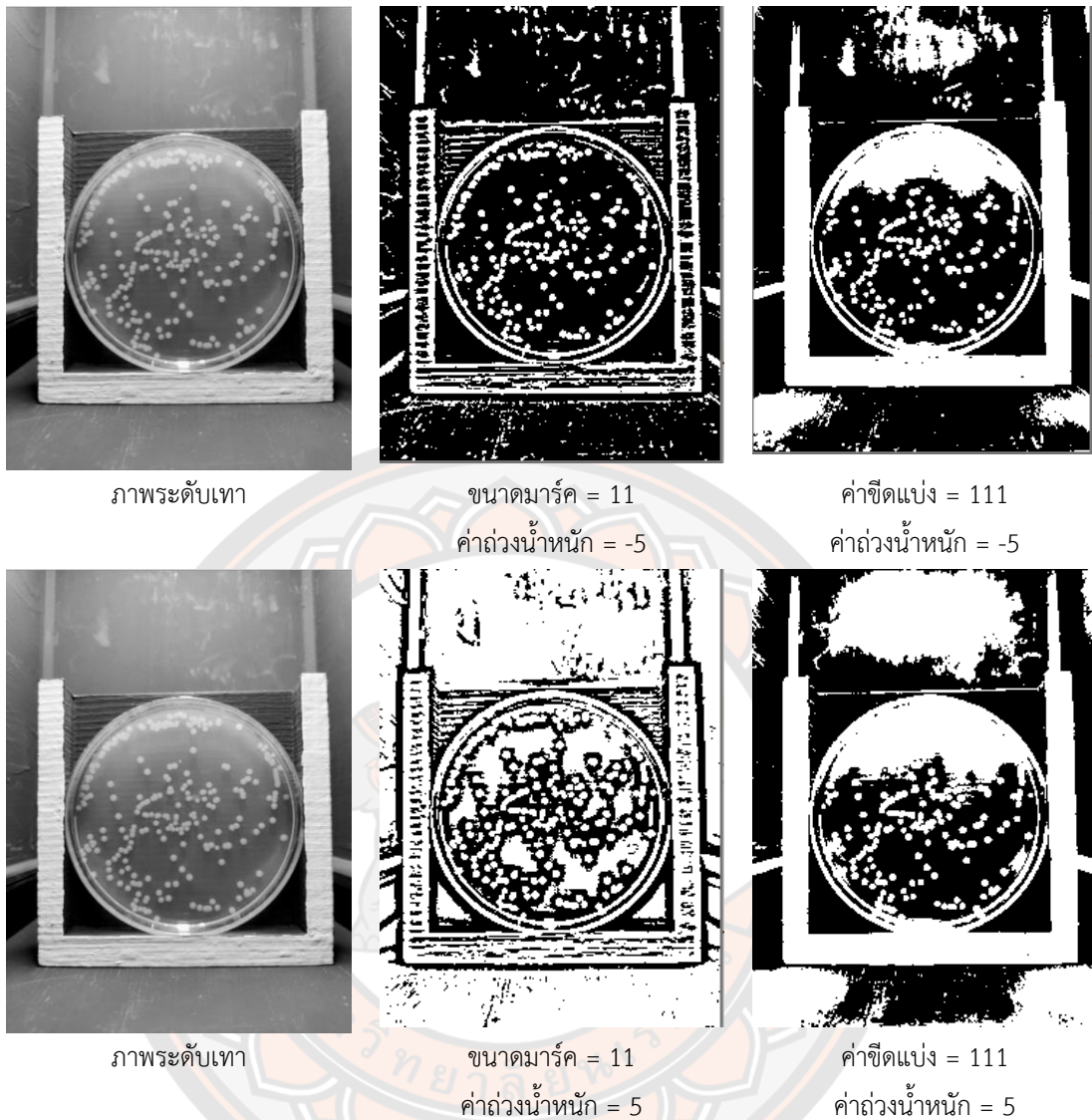
$f(x, y)$ คือ ค่าฟังก์ชันระดับเทา

จากสมการ 4 ไม่สามารถแก้ปัญหาการแยกวัตถุออกจากพื้นหลังได้ เนื่องจากเงื่อนไขยังคงเป็นไปในลักษณะเดียวกันกับสมการ 3 แต่ผลลัพธ์แตกต่างกัน แสดงดังภาพ 10



ภาพ 10 การแปลงภาพระดับเทาเป็นภาพไบนารีแบบทูลิชีโร่

การกำหนดค่าขีดแบ่งอแดพทีฟ (Adaptive) เป็นวิธีหาค่าขีดแบ่งโดยปรับค่าตามค่าพิกเซลที่อยู่โดยรอบ วิธีนี้เหมาะสำหรับภาพที่มีความสว่างไม่สม่ำเสมอหรือต้องใช้ค่าขีดแบ่งหลายค่า (Multilevel Thresholding) ค่าขีดแบ่งที่ได้จากวิธีนี้หาได้จากการหาค่าเฉลี่ยของพิกเซลภายในมาร์คที่กำหนดขนาดไว้ ซึ่งค่าขีดแบ่งในแต่ละตำแหน่งจะมีค่าไม่เท่ากัน (สายนที บุญกว้าง, พิรพัฒน์ ชูติมาโยธินกุล, สายยัญ สายยศ, 2015, หน้า 27-32) สำหรับเงื่อนไขพิกเซลผลลัพธ์นั้นจะคล้ายคลึงกับวิธีแบบไบนารี ถ้าตำแหน่งนั้นค่าระดับเทามีค่าต่ำกว่าค่าขีดแบ่งตำแหน่งนั้นจะถูกกำหนดให้เป็น 0 (ดำ) ในทางตรงกันข้ามตำแหน่งนั้นค่าระดับเทามีค่าสูงกว่าค่าขีดแบ่งตำแหน่งนั้นจะถูกกำหนดให้เป็น 1 (ขาว) แสดงดังภาพ 11



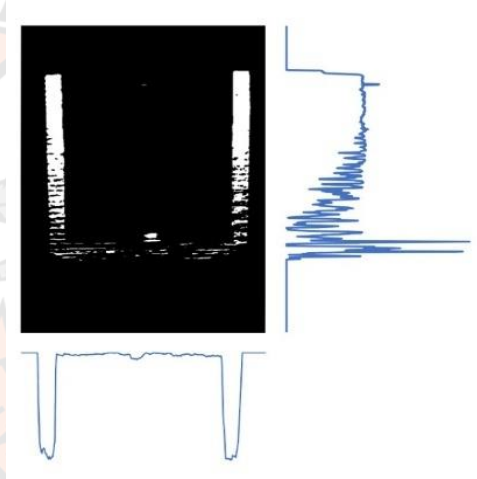
ภาพ 11 การแปลงภาพระดับเทาเป็นภาพไบนารีแบบอแดพทิฟ

การหาขอบของวัตถุ

ขอบของวัตถุ (Edge) เป็นส่วนที่แสดงถึงโครงร่างของวัตถุภายในภาพ ซึ่งประกอบด้วยค่าพิกเซลที่เปลี่ยนแปลงอย่างชัดเจน จากค่าระดับเทาต่ำ ๆ ไปเป็นค่าระดับเทาสสูง ๆ หรือในทางตรงกันข้ามอาจจะเปลี่ยนแปลงจากค่าระดับเทาสสูง ๆ ไปเป็นค่าระดับเทาต่ำ ๆ ส่วนที่เกิดจากความไม่ต่อเนื่องของค่าระดับเทาของพิกเซลที่อยู่ติดกัน (Neighborhood pixels) วิธีที่ใช้หาขอบวัตถุมีหลากหลายวิธี เช่น โปรเจคชันโปรไฟล์ (Projection Profile) โซเบล (Soble)

ลาปลาเซียน (Laplacian) (ผู้ช่วยศาสตราจารย์ ดร.สมเกียรติ อุดมธรรษากุล, 2554, หน้า 110-121) เป็นต้น

โปรเจกชันโปรไฟล์ เป็นการหาขอบวัตถุที่ลักษณะเป็นเส้นตรงมี หลักการของโปรเจกชันโปรไฟล์คือการหาผลรวมของค่าพิกเซลในแนวแกนตั้งและแนวนอน เพื่อหาจุดอ้างอิงในการระบุตำแหน่งที่ชัดเจนของวัตถุ ซึ่งภาพที่นำมาคำนวณหาผลรวมของพิกเซลนั้น ต้องเป็นภาพไบนารีจึงจะสามารถนำมาคำนวณได้ แสดงดังภาพ 12 เห็นได้ว่าในบริเวณที่เป็นขอบวัตถุนั้นเป็นสีขาว มีขนาดใหญ่ เหมาะสำหรับการใช้โปรเจกชันโปรไฟล์อย่างยิ่ง



ภาพ 12 การหาผลรวมของค่าพิกเซลในแนวแกนตั้งและแนวนอน

แบบจำลองสี HSV

แบบจำลองสีเป็นโมเดลของสีที่ใช้กำหนดสีต่าง ๆ ให้มีมาตรฐาน ซึ่งแบบจำลองสีในแต่ละแบบมีคุณสมบัติและการใช้งานที่แตกต่างกันออกไป ในแบบจำลองสีนั้นใช้สีหลัก ๆ อยู่ประมาณ 3-4 สี มาผสมผสานกลมกลืนกันเพื่อใช้ในการแสดงค่าสีอื่น ๆ โดยเรียกสีที่ใช้เป็นแหล่งผสมผสานว่าแม่สี แบบจำลองสีมีหลากหลายแบบจำลอง เช่น แบบจำลองสีอาร์จีบี (RGB : Red Green Blue) แบบจำลองสีซีเอ็มวาย (CMY : Cyan Magenta Yellow) แบบจำลองสีวายยูวี (YUV) แบบจำลองสีวายไอคิว (YIQ) แบบจำลองสีวายซีบีซีอาร์ (YCbCr) แบบจำลองสีเฮสเอสไอ (HSI : Hue Saturation Intensity) แบบจำลองสีเฮสเอสวี (HSV : Hue Saturation Value) เป็นต้น (ผู้ช่วยศาสตราจารย์ ดร.สมเกียรติ อุดมธรรษากุล, 2554, หน้า 141-154)

แบบจำลองสีเฮสเอสวี (HSV : Hue Saturation Value) เป็นแบบจำลองที่สามารถแสดงค่าความสว่างได้

Hue เป็นค่าของแม่สี (RGB : Red Green Blue) ซึ่งจะมีค่าอยู่ระหว่าง 0 ไปจนถึง 1 ซึ่ง 0 แทนด้วยสีแดง เมื่อ Hue มีค่าเพิ่มขึ้นสีจะเปลี่ยนแปลงไปตามสเปกตรัมของสี จนถึง 1 สีจะกลับมาเป็นสีแดงดังเดิม

Saturation คือ ความบริสุทธิ์ของสี ซึ่งจะมีค่าอยู่ระหว่าง 0 ไปจนถึง 1 โดย 0 หมายถึงสีนั้นไม่มีสีขาวผสมอยู่ร้อยละ 100 และสีนั้นจะไม่มีสีขาวผสมอยู่เลยถ้ามีค่าเป็น 1 นั้นแสดงว่าค่าความอิ่มตัว (Saturation) คือ ปริมาณของสีที่ถูกทำให้เจือจางด้วยสีขาว

Value คือ ค่าความสว่างของสี ซึ่งสามารถวัดได้จากความเข้มของความสว่างนั้น ๆ

แบบจำลองสีเฮสเอสวีเป็นแบบจำลองที่มีความเป็นจริงมากกว่าแบบจำลองอื่น ๆ เนื่องจากความเข้มของสีไม่ได้ขึ้นอยู่กับตัวเนื้อสีเพียงอย่างเดียวแต่ยังเกี่ยวข้องกับค่าความสว่างอีกด้วย แบบจำลองสีเฮสเอสวีสามารถปรับเพิ่มลดความสว่างของสีได้ (ผู้ช่วยศาสตราจารย์ ดร.สมเกียรติ อุดมธรรษากุล, 2554, หน้า 147-148) จึงเหมาะสำหรับการประมวลผลภาพที่ต้องการควบคุมแสงสว่าง การแปลงภาพสีอาร์จีบี จึงจำเป็นต้องกำหนดปริมาณของแม่สีในอยู่ในช่วง 0 – 1 ก่อน

การลบความขุ่นมัวของรูปภาพ

การขยายฮิสโตแกรมแบบสมมาตรหรือฮิสโตแกรมอิกวไลเซชัน (Histogram Equalization) เป็นวิธีหนึ่งในการปรับระดับความเข้มของภาพระดับเทา ที่มีการเกาะกลุ่มกันอยู่ในช่วงใดช่วงหนึ่ง การปรับให้ความเข้มของภาพระดับเทามีความสม่ำเสมออยู่ 2 วิธี คือ การทำฮิสโตแกรมให้เป็นบรรทัดฐาน (Normalized Histogram) และการบวกสะสมของฮิสโตแกรม (Cumulative Histogram) ดังสมการ 5 และ 6 ตามลำดับ

$$H = \frac{n_j}{N} \quad (5)$$

$$A = \sum_{j=0}^k \frac{n_j}{N} ; k = 0, 1, 2, \dots, L - 1 \quad (6)$$

โดย N คือ จำนวนพิกเซลของภาพทั้งหมด

n_j คือ จำนวนพิกเซลที่ระดับความเข้มเทาต่าง ๆ โดยที่ $j = 0, 1, 2, \dots$,

L-1

L คือ ค่าระดับความเข้มเทาสูงสุดของภาพ

H คือ การทำฮิสโตแกรมให้เป็นบรรทัดฐาน

A คือ การบวกเพิ่มสะสมของฮิสโตแกรมที่ระดับค่าความเทา

จากสมการ 5 และ 6 ผลลัพธ์ที่ได้จากการขยายฮิสโตแกรมแบบสมำเสมอสามารถเขียนแทนได้ด้วยสมการ 7 ภาพ 13 แสดงการขยายฮิสโตแกรมแบบสมำเสมอ (ผู้ช่วยศาสตราจารย์ ดร.สมเกียรติ อุดมพรชากุล, 2554, หน้า 52-61)

$$S_k = \sum_{j=0}^k \frac{n_j}{N} L \quad (7)$$

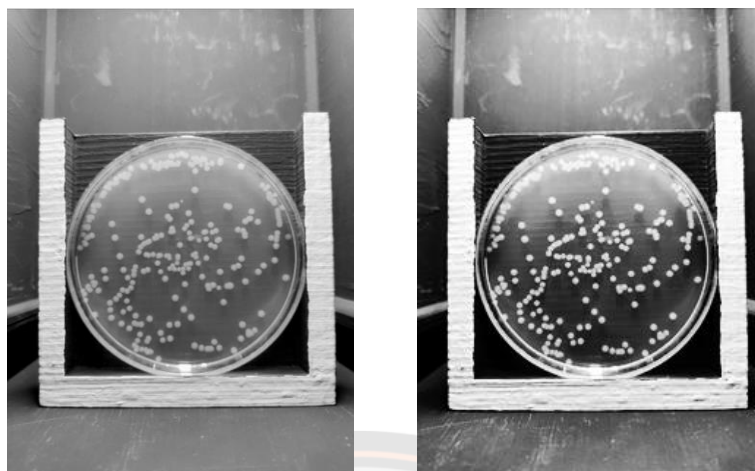
โดย S_k คือ ค่าระดับเทาใหม่ที่ได้จากการขยายฮิสโตแกรมแบบสมำเสมอ หากผลลัพธ์ที่ได้เป็นจำนวนทศนิยม จะทำการปัดเศษให้เป็นจำนวนเต็ม

n_j คือ จำนวนพิกเซลที่ระดับความเข้มเทาต่าง ๆ โดยที่ $j = 0, 1, 2, \dots$,

L-1

L คือ ค่าความเข้มระดับเทาสูงสุดของภาพ

N คือ จำนวนพิกเซลของภาพทั้งหมด



ภาพระดับเทา

ภาพขยายฮิสโตแกรมแบบสม่ำเสมอ

ภาพ 13 การขยายฮิสโตแกรมแบบสม่ำเสมอ

ฟังก์ชันยกกำลัง ทรานฟอร์ม หรือ พาวเวอร์ ลอร์ ทรานฟอร์ม (Power Law Transform) เป็นวิธีการขยายฮิสโตแกรมแบบไม่เป็นเชิงเส้น กล่าวได้ว่า ทุกตำแหน่งพิกเซลของภาพต้นฉบับจะถูกยกกำลังด้วยค่าคงที่หนึ่ง ๆ ดังสมการ 8

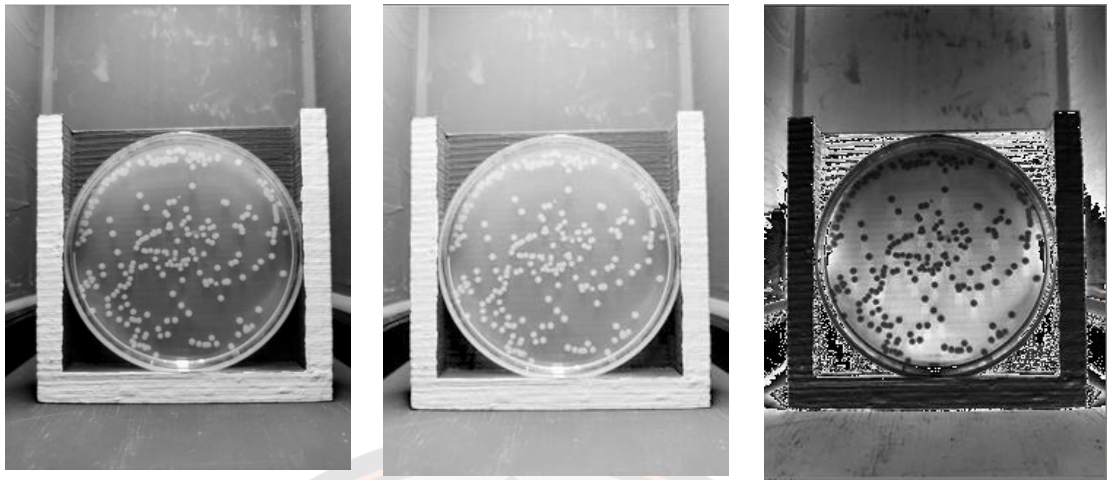
$$s = cr^\gamma \quad (8)$$

โดย r คือ ค่าความเข้มระดับเทาเดิมของภาพต้นฉบับ

s คือ ค่าระดับเทาใหม่ หลังจากการใช้ฟังก์ชันยกกำลัง ทรานฟอร์ม หรือ พาวเวอร์ ลอร์ ทรานฟอร์ม

c และ γ คือ ค่าคงที่หนึ่ง ๆ

จากสมการ 8 เห็นได้ชัดเจนว่าพิกเซลตำแหน่งนั้น ๆ จะมีค่าความสว่างน้อยลงเมื่อ γ มีค่ามากกว่า 1 ในทางตรงกันข้ามค่าความสว่างจะเพิ่มขึ้นเมื่อ γ น้อยกว่า 1 ภาพ 14 แสดงการเปรียบเทียบ γ ที่ 0.5 และ -0.5 (ผู้ช่วยศาสตราจารย์ ดร.สมเกียรติ อุดมพระชากุล, 2554, หน้า 48-52)



ภาพระดับเทา

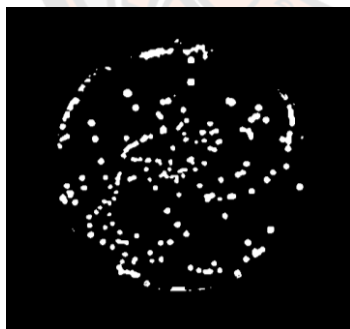
$$\gamma = 0.5$$

$$\gamma = -0.5$$

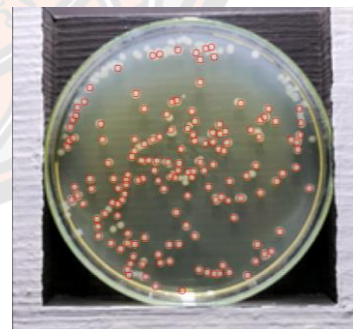
ภาพ 14 การขยายฮิสโตแกรมด้วยฟังก์ชันยกกำลัง

การแยกวัตถุที่ติดกัน

ฮัฟทรานส์ฟอร์ม (Hough transform) คือวิธีในการหาเส้นตรงและวงกลมจากจุดต่าง ๆ ภายในภาพ สำหรับการหาวงกลมจากวิธีฮัฟทรานส์ฟอร์มนั้นเป็นการหารัศมีจากจุดที่คาดว่าจะเป็นจุดศูนย์กลางของวงกลมไปยังขอบวัตถุ จากนั้นหาค่ารัศมีที่มีความถี่มากที่สุด เพื่อตรวจจับวงกลมจากจุดศูนย์กลางและรัศมีดังกล่าว ดังภาพ 15



ภาพไบนารี



ฮัฟทรานส์ฟอร์ม

ภาพ 15 ฮัฟทรานส์ฟอร์ม

ดิสเทนทรานส์ฟอร์ม (Distance transform) คือการคำนวณหาระยะห่างจากจุดกึ่งกลางของวัตถุไปยังขอบวัตถุ โดยปกติแล้วนั้นภาพไบนารีจะถูกกำหนดค่าระยะห่างระหว่างพิกเซลที่มีค่าไม่เท่ากับศูนย์ที่ใกล้ที่สุดของภาพไบนารีเอาไว้ ซึ่งสามารถนำค่าระยะห่างระหว่างพิกเซลที่มีค่าไม่เท่ากับศูนย์ที่ใกล้ที่สุดของภาพไบนารีออกมาแสดงได้จากสมการ 9 (Prakash, S., Jayaraman, U., Gupta, P., 2008, หน้า 1-5) แสดงดังภาพ 16

$$I^d(x, y) = \begin{cases} 0, & \text{if } (x, y) \text{ is a non-zero pixel} \\ d, & \text{otherwise} \end{cases} \quad (9)$$

โดย d คือ ระยะห่างแบบยุคลิดของพิกเซลถึงพิกเซลที่มีค่าไม่เท่ากับศูนย์

s คือ ค่าระดับเทาใหม่ หลังจากการใช้ฟังก์ชันยกกำลัง หรือ พาวเวอร์



ภาพไบนารี

ดิสเทนทรานส์ฟอร์ม

ภาพ 16 ดิสเทนทรานส์ฟอร์ม

วอเตอร์เชดทรานส์ฟอร์ม (Watershed transform) เป็นวิธีแยกวัตถุที่ติดออกจากกันที่ไม่ได้ใช้วิธีการลบภาพพื้นหลัง แต่เป็นการใช้ภาพระดับเทา โดยใช้หลักการวิเคราะห์ เริ่มจากการคำนวณระยะทางด้วย Euclidian distance map (EDM) และหาจุด Ultimate eroded points (UEPs) ซึ่งเป็นจุดศูนย์กลางของวัตถุแต่ละกลุ่ม เพื่อใช้เป็นจุดเริ่มต้น หรือจุดที่อยู่ศูนย์กลางที่คาดว่าจะป็นชุดข้อมูลที่มีความแตกต่างกันออกจากกัน หลังจากได้จุดศูนย์กลางของข้อมูลแล้วก็จะหาพื้นที่รอบจุดศูนย์กลางโดยการขยายขนาดออกไปเรื่อย ๆ จนกว่าจะไปสัมผัสกับกลุ่มข้อมูลชุดอื่น ๆ จุด

ตำแหน่งที่มีการสัมผัสกันจะเป็นส่วนที่ใช้ในการแบ่งแยกด้วยการสร้างเส้นแบ่งข้อมูลออกเป็นแต่ละกลุ่ม แสดงดังภาพ 17



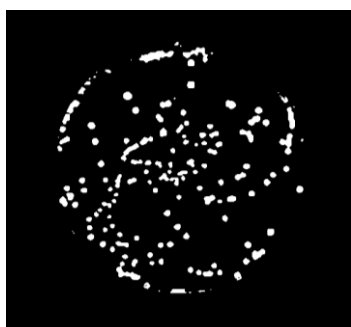
ดิสเทนทรานส์ฟอร์ม



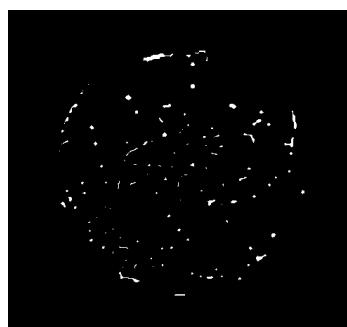
วอเตอร์เชดทรานส์ฟอร์ม

ภาพ 17 การเปรียบเทียบเทคนิคดิสเทนทรานส์ฟอร์มและเทคนิควอเตอร์เชดทรานส์ฟอร์ม

การกร่อนภาพ (Erosion) เป็นการดำเนินการขั้นพื้นฐาน ในการประมวลผลภาพแบบรูปร่างและโครงสร้างของภาพ การกร่อนภาพจะลดขนาดวัตถุและลบความผิดปกติเล็ก ๆ โดยการลบวัตถุด้วยรัศมีที่มีขนาดเล็กกว่าองค์ประกอบของโครงสร้าง กรณีที่เป็นภาพระดับเทา การกร่อนภาพจะลดความสว่างและขนาดของวัตถุที่มีความสว่างบนพื้นหลังสีเข้ม โดยการใช้พิกเซลใกล้เคียงที่ต่ำที่สุด แต่ในกรณีที่เป็นภาพไบนารี การกร่อนภาพจะลบวัตถุที่มีขนาดเล็กกว่าองค์ประกอบของโครงสร้างออกและการลบพิกเซลที่ขอบด้านนอกออกของวัตถุออก (บุญธรรม ภัทรจารกุล, 2556, หน้า 276) แสดงดังภาพ 18



ภาพไบนารี



การกร่อนภาพ

ภาพ 18 การกร่อนภาพ

ระบบปฏิบัติการสมาร์ทโฟน

อุปกรณ์พกพาที่นิยมใช้มีอยู่หลากหลายระบบ (Platforms) เช่น ไอโอเอส (iOS) แอนดรอยด์ (Android) วินโดวส์ (Windows) แบล็คเบอรี่ (BlackBerry) เป็นต้น ซึ่งแต่ละระบบนั้นจะใช้ภาษาในการพัฒนาที่แตกต่างกันออกไป รวมไปถึงอุปกรณ์ที่รองรับการทำงานของระบบนั้น ๆ โดยทั่วไปการพัฒนาโมบายแอปพลิเคชัน (Mobile Application) จะแบ่งออกเป็น 3 ประเภท คือ Native Apps, Web Apps หรือ HTML5 และ Hybrid Apps

ไอโอเอส (iOS)

ไอโอเอสเป็นระบบปฏิบัติการบนอุปกรณ์พกพา (Mobile operating system) ถูกพัฒนาขึ้นเพื่อใช้งานกับอุปกรณ์ในบริษัทแอปเปิลคอมพิวเตอร์ โดยไอโอเอสสามารถใช้งานบน ไอโฟน (iPhone) ไอแพด (iPad) เป็นต้น การพัฒนาแอปพลิเคชันทำได้โดยการเรียนชุดคำสั่งบนเครื่องแมคบุ๊กส์ (Macbook) ร่วมกับเครื่องมือเอ็กซ์โค้ด (Xcode) เท่านั้น (ดร.ขจรศักดิ์ สังข์เจริญ, 2556, หน้า 12)

แอนดรอยด์ (Android)

แอนดรอยด์เป็นระบบปฏิบัติการบนอุปกรณ์พกพา (Mobile operating system) ถูกพัฒนาขึ้นโดยใช้เคอร์เนล (Kernel) ของระบบปฏิบัติการลินุกซ์เป็นหลัก แอนดรอยด์ถูกพัฒนาขึ้นจากบริษัทแอนดรอยด์ก่อนที่จะถูกซื้อกิจการโดยกูเกิล (Google) ซึ่งเป็ระบบปฏิบัติการที่ไม่มีผู้ครอบครองกรรมสิทธิ์ (Non-Proprietary) จึงทำให้บริษัทผู้ผลิตอุปกรณ์พกพานำระบบปฏิบัติการแอนดรอยด์ไปใช้งานโดยไม่มีค่าใช้จ่ายด้านลิขสิทธิ์ นอกจากนี้แอนดรอยด์ยังเป็นระบบเปิดหรือโอเพ่นซอร์ส (Open source) (พร้อมเลิศ หล่อวอจิตร, 2558 หน้า 9) ด้วยเหตุนี้จึงถูกออกแบบและพัฒนาให้ใช้งานได้กับอุปกรณ์ที่มีรูปร่าง ขนาดหน้าจอที่แตกต่างกันออกไป ในปัจจุบันมีอุปกรณ์ที่ทำงานด้วยระบบปฏิบัติการแอนดรอยด์หลากหลายประเภท เช่น สมาร์ทโฟน แท็บเล็ต เน็ตบุ๊กส์ เครื่องอ่านหนังสืออิเล็กทรอนิกส์ นาฬิกาข้อมือ เป็นต้น (พร้อมเลิศ หล่อวอจิตร, 2558, หน้า 12-15)

แอนดรอยด์ สตูดิโอ (Android Studio)

แอนดรอยด์ สตูดิโอ คือ โปรแกรมที่เป็นสภาพแวดล้อมในการพัฒนาแอปพลิเคชัน (Integrated Development Environment : IDE) ซึ่งจัดเตรียมเครื่องมือต่าง ๆ ไว้ให้เราใช้พัฒนาแอปพลิเคชันแอนดรอยด์ได้อย่างสะดวก เครื่องมือในการทำงานเหล่านั้น อาศัยการทำงานของการพัฒนาจาวา (Java development kit : JDK) เพื่อเป็นคอมไพเลอร์ (Compiler) ในการพัฒนาแอนดรอยด์

ผู้พัฒนา

แอนดี รูบิน ริช ไมเนอร์ นิก เซียส์และ คริส ไวท์ ทั้ง 4 คน นับว่าเป็นผู้ก่อตั้งบริษัทแอนดรอยด์ ก่อนที่บริษัทจะถูกซื้อเข้ามาซื้อกิจการ จุดประสงค์แรกของบริษัทคือการพัฒนา ระบบปฏิบัติการสำหรับกล้องดิจิทัล แต่เมื่อตระหนักได้ว่าตลาดไม่กว้างพอ และต่อมาได้พยายามปรับเปลี่ยนที่จะทำระบบปฏิบัติการสำหรับสมาร์ตโฟน เพื่อแข่งกับซิมเบียนและวินโดวส์โมบาย

ภาษาที่ใช้

การพัฒนาแอปพลิเคชันที่ทำงานบนระบบปฏิบัติการแอนดรอยด์ จะใช้ภาษาจาวา (Java) โดยการเข้าถึงคุณสมบัติและความสามารถต่าง ๆ ของแอนดรอยด์จะทำได้โดยการเรียกใช้ไลบรารีของจาวา (Java library) ที่อยู่ในชุดพัฒนาซอฟต์แวร์สำหรับแอนดรอยด์ (Android software development kit : Android SDK)

จาวาเป็นภาษาที่ได้รับความนิยมอย่างมาก เนื่องจากเป็นภาษาที่พัฒนากันมาอย่างยาวนาน และรองรับบนอุปกรณ์หลากหลายชนิด โดยเริ่มต้นจากที่วิศวกรของ Sun Microsystems ได้พัฒนาโปรเจกต์เพื่อวิจัยการพัฒนาและสร้างอุปกรณ์อิเล็กทรอนิกส์ที่สามารถควบคุมการทำงานได้ด้วยรีโมทคอนโทรล หัวหน้าที่วิศวกรได้สร้างภาษาขึ้นมาใหม่เรียกว่า ภาษาโอ๊ค (Oak) (ภายหลังมีการเปลี่ยนชื่อเป็นจาวา) โดยมีข้อดีที่สามารถควบคุมการทำงานของอุปกรณ์ได้ โดยภาษามีขนาดเล็ก ใช้หน่วยประมวลผลไม่มาก ไม่ยึดติดกับอุปกรณ์ฮาร์ดแวร์อย่างใดอย่างหนึ่ง (Platform independent) แต่ไม่ประสบความสำเร็จ จนกระทั่งมีการใช้ภาษาจาวาในการพัฒนาเว็บเบราว์เซอร์ ทำให้ภาษาจาวาได้รับความนิยมอย่างมาก มีการนำเทคโนโลยีของจาวารวมไว้ด้วยกันและพัฒนาอย่างต่อเนื่องจนมาถึงปัจจุบัน (อรพิน ประวัตติบริสุทธิ์, 2561, หน้า 13)

การเรียนรู้ของเครื่องจักร (Machine Learning)

การเรียนรู้ของเครื่องจักร คือ การที่เครื่องคอมพิวเตอร์เรียนรู้งานใดงานหนึ่งด้วยตนเอง โดยอาศัยตัวอย่างหรือประสบการณ์ที่ผ่านมาในการเรียนรู้ อีกทั้งยังสามารถเพิ่มประสิทธิภาพได้จากการเรียนรู้ที่เพิ่มขึ้นได้ ทำให้การเรียนรู้ของเครื่องจักรเป็นเครื่องมือหนึ่งของปัญญาประดิษฐ์ที่ใช่มนุษย์ในการออกแบบระบบเท่านั้น การคิด วิเคราะห์และตัดสินใจจะเป็นการทำงานของคอมพิวเตอร์ (รองศาสตราจารย์ ดร.ปริญญา สงวนสัตย์, 2562, หน้า 3-9)

การถดถอย (Regression)

การวิเคราะห์การถดถอย (Regression analysis) เป็นวิธีการทางสถิติที่ใช้ในการศึกษาความสัมพันธ์ระหว่างตัวแปร สำหรับการพยากรณ์ของข้อมูล (ดร.พูลพงศ์ สุขสว่าง, 2556, หน้า 66) ซึ่งอาศัยสมการในการพยากรณ์ ข้อมูลแต่ละชุดก็จะมีคุณสมบัติคล่องกับสมการแตกต่างกันออกไป

สมการเชิงเส้น (Linear Equation) คือ สมการที่ในแต่ละพจน์มีเพียงค่าคงตัวหรือเป็นผลคูณระหว่างค่าคงตัวกับตัวแปรยกกำลังหนึ่ง ซึ่งจะมีดีกรีของพหุนามเท่ากับ 0 หรือ 1 สมการเหล่านี้เรียกว่าเชิงเส้น เนื่องจากสามารถวาดกราฟของฟังก์ชันบนระบบพิกัดคาร์ทีเซียนได้เป็นเส้นตรง รูปแบบทั่วไปของสมการเชิงเส้นในตัวแปร x และ y (Algebraic Equations, 2017) ดังสมการ 10

$$y = mx + c \quad (10)$$

โดย m คือ เกรเดียนต์หรือความชันของเส้นตรง

c คือ ค่าคงที่

สมการเอกซ์โพเนนเชียล (Exponential Equation) คือ สมการเลขชี้กำลัง เป็นฟังก์ชันที่อยู่ในรูปของเลขชี้กำลัง รูปแบบทั่วไปของสมการแสดงดังสมการ 11 ฟังก์ชันเลขชี้กำลังถูกใช้เพื่อจำลองความสัมพันธ์ เมื่อการเปลี่ยนแปลงคงตัว มีลักษณะตั้งชันขึ้นและมีอัตราเพิ่มเร็วยิ่งขึ้นเมื่อ x เพิ่มขึ้น กราฟจะวางตัวอยู่เหนือแกน x เสมอ (Goldstein, Lay, Schneider, Asmar, 2006)

$$y = e^x \quad (11)$$

โดย e คือ ค่าคงที่ มีค่าประมาณ 2.1782

สมการพหุนาม (Polynomial Equation) คือ สมการที่ในแต่ละพจน์มีเพียงค่าคงตัว หรือเป็นผลคูณระหว่างค่าคงตัวกับตัวแปรยกกำลังมากกว่าหนึ่งขึ้นไป ซึ่งจะมีดีกรีของพหุนามมีค่าตั้งแต่ 0 เป็นต้นไป โดยส่วนมากสมการพหุนามจะมีมากกว่า 1 พจน์ขึ้นไป แต่ในบางกรณีเราก็จะเห็นสมการพหุนามที่มีพจน์เดียว ดังนั้นจึงทำให้สมการพหุนามไม่มีรูปแบบของสมการที่ตายตัวดังเช่นสมการอื่น ๆ

สมการรูปคลื่นไซน์ (Sine Waveform Equation) คือ สมการที่ได้จากการหาค่าแรงดันชั่วขณะของแรงดันไฟฟ้า ในตำแหน่งต่าง ๆ ที่ขดลวดตัดกับสนามแม่เหล็กเป็นมุมต่าง ๆ กัน แล้วนำมาเขียนเป็นรูปแรงดันที่ได้ ทำให้ได้รูปของแรงดันไฟฟ้ากระแสสลับเปลี่ยนแปลงไปตามค่าของไซน์ (Sine) หรือที่รู้จักกันใน คลื่นไซน์ (Sine Wave) (ครูตุง วิทยาลัยสารพัดช่างพิจิตร, 2558) ดังสมการ 12

$$e = E_m \sin \theta \quad (12)$$

โดย E_m คือ แรงดันไฟฟ้าสูงสุดของรูปคลื่นไซน์

งานวิจัยที่เกี่ยวข้อง

เอกสารและงานวิจัยที่เกี่ยวข้องกับงานวิจัยนี้เป็นการศึกษาด้านจลนศาสตร์ที่อยู่ในน้ำนมดิบ ด้านการวิเคราะห์ข้อมูลด้วยเครื่องจักรเรียนรู้และด้านการประมวลผลภาพ เพื่อพัฒนาแบบจำลองสำหรับการประมาณโคโลนีฟอร์มมิงยูนิตและการนับจำนวนโคโลนีบนจานเพาะเชื้อ

เอกสารและงานวิจัยที่เกี่ยวข้องกับการศึกษาจลนศาสตร์ในน้ำนมดิบ ทั้งหมด 4 ชนิด ได้แก่ บาซิลลัส ซีเรียส เอสเชอริเชีย โคลิ แบคทีเรียโคลิฟอร์มและแบคทีเรียกรดแลคติก เพื่อให้เข้าใจถึงพฤติกรรมของจลนศาสตร์นั้น ๆ

Rocha-Mendoza Diana, Kosmerl Erica, Miyagusuku-Cruzado Gonzalo, Giusti M. Mónica, Jiménez-Flores Rafael และ García-Cano, Israel ได้ศึกษาการเจริญเติบโตของแบคทีเรียกรดแลคติกในนม พอสโพลีปิดช่วยเพิ่มการยึดเกาะกับเซลล์ Caco-2 เพื่อประเมินผลของผลผลิตหน่วยสุดท้าย (Marginal Product : MPL) ต่อการเจริญเติบโตของแบคทีเรียกรดแลคติกและลักษณะการทำงานของแบคทีเรียกรดแลคติกต่อการยึดเกาะเซลล์ Caco-2 พบว่า 5 ไอโซเลตจาก 7 ไอโซเลต สามารถเติบโตได้ในอาหารที่กำหนดทางเคมีเสริมด้วย MPL โดยแล็กโทบาซิลลัส รียูเทอริ OSU-PECh-48 (*Lactobacillus reuteri*) สามารถเจริญเติบโตได้ดีที่สุด มีค่าความทึบแสงมากที่สุด แบคทีเรียกรดแลคติกทั้ง 7 ไอโซเลตสามารถยึดเกาะกับเซลล์ Caco-2 ได้เพิ่มขึ้นหลังจากการเจริญเติบโตใน MPL แบคทีเรียที่มีการยึดเกาะดีที่สุดคือ แล็กโทบาซิลลัส พาราคาเซอี (*Lactobacillus paracasei*) OSU-PECh-3B

Saeed Z. K., Abbas B. A. และ Othman, R. M. ได้ศึกษาการระบุโมเลกุลและการวิเคราะห์ทางวิวัฒนาการของแบคทีเรียกรดแลคติกที่แยกได้จากนํ้านมแพะ เพื่อระบุความหลากหลายทางพันธุกรรมแบคทีเรียกรดแลคติกที่แยกได้จากนมแพะในท้องถิ่น โดยจากการเก็บตัวอย่างนํ้านมดิบ 100 ตัวอย่างจากตลาดท้องถิ่นรัฐแบสรา ประเทศอิรัก ผลการศึกษาพบว่าจาก 100 ตัวอย่างพบแบคทีเรียกรดแลคติกเพียง 64 ตัวอย่าง จากการจัดลำดับ DNA และ RNA สามารถระบุไอโซเลตแบคทีเรียกรดแลคติกได้ 9 ไอโซเลตเป็นของแล็กโทค็อกคัส (*Lactococcus*) และอีก 6 ไอโซเลตเป็นของ แล็กโทบาซิลลัส (*Lactobacillus*) ซึ่งไอโซเลตทั้งหมดที่ทดสอบมีความคล้ายคลึงกันมากกว่า 99%

R. C. Reuben, P. C. Roy, S. L. Sarkar, A. S. M. Rubayet Ul Alam, and I. K. Jahid ได้ศึกษาแบคทีเรียกรดแลคติกในนํ้านมดิบ จากชุมชนพื้นเมืองในประเทศบังคลาเทศ โดยการศึกษาไอโซเลตจากวัว 34 ตัวและแพะ 29 ตัว ลักษณะทางสัณฐานวิทยาทั่วไปเป็นแบคทีเรียแกรมบวก ไอโซเลตเหล่านี้ถูกใช้ในการเลือกสายพันธ์ที่เด็ดชัดตามคุณสมบัติของโปรไบโอติกที่อยู่ในมนุษย์และสัตว์

Tugba CEBECi, 2019 ได้ศึกษาคุณภาพของนํ้านมดิบที่มีขายตามท้องตลาดในจังหวัดจีก้าซัน ประเทศตุรกี ตรวจสอบจุลินทรีย์ที่อยู่ในนํ้านมดิบ โดยได้ศึกษาแบคทีเรียที่ชอบอยู่ในอุณหภูมิปานกลาง โคลิฟอร์ม แบคทีเรียกลุ่มแกรมลบ กรดแลคติก ยีสต์และรา เอสเชอริเชีย โคลิ และบาซิลลัส ซีเรียส ซึ่งจุลินทรีย์เหล่านี้พบอยู่ในนํ้านมดิบตามที่องค์การอาหารและยาได้กำหนดไว้

ผู้วิจัยได้ทำการวิเคราะห์แบคทีเรียและการจำแนกเชื้อที่ก่อให้เกิดโรค โดยใช้วิธีการสลายจุลินทรีย์ด้วย เลเซอร์ พบว่าค่าเฉลี่ยของจำนวนจุลินทรีย์เกินกว่าที่มาตรฐานกำหนด โดยพบ แบคทีเรียที่ชอบอยู่ใน อุณหภูมิปานกลาง 5.87 log cfu/ml โคลิฟอร์ม 4.85 log cfu/ml แบคทีเรียกลุ่มแกรมลบ 5.69 log cfu/ml แบคทีเรียกรดแลคติก 5.54 log cfu/ml ยีสต์และรา 5.16 log cfu/ml เอสเชอริเชีย โคลิ และบาซิลลัส ซีเรียสไม่พบในน้ำนมดิบ ซึ่งน้ำนมดิบที่ผ่านการบำบัดด้วยความร้อนแล้วนั้นจะมี จุลินทรีย์ไม่เกิน 100,000 cfu/ml. จึงจะถูกละเลยได้ว่าได้มาตรฐาน ซึ่งสาเหตุของการปนเปื้อนอาจจะ เกิดขึ้นระหว่างหรือหลังการรีดนมวัว

Peng Fei, Xiujuan Yuan, Shengjuan Zhao, Tongxiang Yang, Jinle Xiang, Lianxin Zhou and Mengdi Ji, 2019 ได้ศึกษาความหลากหลายทางพันธุกรรมของบาซิลลัส ซีเรียสที่แยกได้จากน้ำนมดิบและสภาพแวดล้อมในฟาร์มปศุสัตว์ทางภาคตะวันออกเฉียงเหนือของประเทศจีน คณะผู้วิจัยได้ศึกษาความหลากหลายทางพันธุกรรมของบาซิลลัส ซีเรียสจากดิน น้ำ อาหารสัตว์ อากาศ ถังนม เครื่องรีดนม มูลวัว เต้านมวัว บริเวณที่นอนของวัวและจากน้ำนมดิบจำนวน 50 ตัวอย่างจากวัวในฟาร์มปศุสัตว์ โดยใช้วิธีการเก็บตัวอย่างและเพาะเลี้ยงบนจานเพาะเชื้อ พบว่ามี บาซิลลัส ซีเรียสจำนวน 54 สายพันธุ์จากแหล่งที่มาข้างต้นและพบว่านอกจากบาซิลลัส ซีเรียส จะส่งผลเสียต่อการโภชนาการและอายุในการเก็บรักษาของผลิตภัณฑ์จากน้ำนมแล้วนั้น ยังเป็น อันตรายอย่างยิ่งต่อสุขภาพของผู้บริโภคอีกด้วย

C. Sethulekshmi, C. Latha and C. J. Anu, 2018 ได้ศึกษาการเกิดและปริมาณของ สารพิษเอสเชอริเชีย โคลิจากอาหาร โดยคณะผู้วิจัยได้รวบรวมตัวอย่างน้ำนมดิบ นมพาสเจอร์ไรส์ เนื้อวัว เนื้อควาย เนื้อแกะ เนื้อวัวสับ และไส้กรอกเนื้อวัว ทั้งหมด 758 ตัวอย่างจากเขตโคชิโคเดย์ ทิรัชเชอร์และอาระปูช่า ของเกรละ ประเทศอินเดีย ภายใต้การจำแนกแบบ STEC โดยใช้เทคนิค การเพาะเลี้ยงแบบธรรมชาติด พบว่าปริมาณของสารพิษเอสเชอริเชีย โคลิจากเนื้อวัวสับมีปริมาณสูง มาก สูงกว่าอาหารทุกชนิดที่เก็บตัวอย่างมา จากการศึกษาของคณะผู้วิจัยทำให้เห็นว่าจำเป็นต้องมี มาตรฐานความปลอดภัยในอาหารที่เข้มงวดเพื่อลดผลที่ตามมาจากรอคของแบคทีเรียที่เป็นอันตราย

Božena Szermer-Olearnik, Marta Sochocka, Katarzyna Zwolińska, Jaroslaw Ciekot, Anna Czary, Joanna Szydzik, Konrad Kowalski and Janusz Boratyński, 2014 ได้ ศึกษาการเปรียบเทียบวิธีทางจุลชีววิทยาและเคมีฟิสิกส์เพื่อการนับจำนวนจุลินทรีย์ การนับจำนวน จุลินทรีย์บนจานเพาะเชื้อเป็นวิธีที่นิยมใช้และมีความถูกต้องมากที่สุด แต่ต้องใช้เวลาในการนับ

คณะผู้วิจัยพัฒนาแบบจำลองการถดถอยเชิงเส้นสำหรับแบคทีเรีย 3 ชนิด สเตฟิโลค็อกคัส ออเรียส ซูโดโมแนส ออริจินาและเอสเชอริเชีย โคลิกับค่าความทึบแสงที่ความยาวคลื่น 585 นาโนเมตร ค่าดูดกลืนแสงยูวีที่ความยาวคลื่น 260 และ 280 นาโนเมตร พบว่าค่าความผันแปรของค่าดูดกลืนแสงยูวีที่ความยาวคลื่น 260 และ 280 นาโนเมตร สามารถอธิบายแบบจำลองการถดถอยเชิงเส้นได้ดีว่าค่าความทึบแสงที่ความยาวคลื่น 585

O. Berhilevych and V. Kasianchuk, 2017 ได้ศึกษาแบคทีเรียโคลิฟอร์มจากน้ำนมดิบและสภาพแวดล้อมจากฟาร์มโคนม พบว่าน้ำนมดิบจากฟาร์มตัวอย่าง 5 ฟาร์ม จำนวน 175 ตัวอย่างพบแบคทีเรียโคลิฟอร์มจำนวน 34 ตัวอย่าง โดยจากการเก็บตัวอย่างพบแบคทีเรียโคลิฟอร์มจากพื้นของโรงเลี้ยงปศุสัตว์มากที่สุดคิดเป็น 55.6%

N. Pandey, A. Kumari, A. K. Varma, S. sahu and M. A. Akbar, 2014 ได้ศึกษาผลกระทบของสุขลักษณะในฟาร์มต่อคุณภาพทางแบคทีเรียที่มีต่อน้ำนมดิบ โดยคณะผู้วิจัยได้นำตัวอย่างน้ำนมกระป๋องจำนวน 20 ตัวอย่าง จากมหาวิทยาลัยสัตวแพทย์และสัตวศาสตร์ ไฮเซ โดยเก็บตัวอย่างจากถังเก็บน้ำ น้ําดื่ม คนรีดนม ถังรีดนม เต้านมและกระป๋องนม จากการเก็บตัวอย่างพบว่าน้ำดื่มมีการปนเปื้อนแบคทีเรียโคลิฟอร์มและสเตร็ปโตคอคคัสน้อยกว่า เมื่อเปรียบเทียบกับถังรีดนม กระป๋อง คนรีดนมและเต้านม เมื่อน้ำที่ใช้ในฟาร์มไม่ถูกสุขลักษณะ ส่งผลให้น้ำนมดิบเกิดการปนเปื้อนแบคทีเรียโคลิฟอร์มและสเตร็ปโตคอคคัส จุลินทรีย์ส่วนใหญ่ปนเปื้อนมาจากการสัมผัสโดยตรงระหว่างน้ำนมดิบกับพื้นผิวของอุปกรณ์ จากการวิจัยพบแบคทีเรียโคลิฟอร์มมากที่สุดที่ถังรีดนมกระป๋อง

เอกสารและงานวิจัยที่เกี่ยวข้องกับการศึกษาการตรวจวัดความชื้นและการศึกษาการตรวจนับจำนวนจุลินทรีย์ในจานเพาะเชื้อ โดยใช้เทคนิคการประมวลผลภาพ มีดังนี้

Guozhen Zhua, Bin Yanb, Mengting Xinga, Chunna Tiana, 2018 ได้พัฒนาอุปกรณ์สำหรับการนับโคโลนิบนจานเพาะเชื้อ อุปกรณ์ดังกล่าวประกอบด้วยหลอดไฟที่ฉายทำมุมตกกระทบกับจานเพาะเชื้อด้านบน เพื่อแสงที่ตกกระทบเข้ากล้องรับภาพที่วางอยู่ด้านบนของจานเพาะเชื้อ ภาพที่ได้ใช้เทคนิคการประมวลผลภาพเข้ามาช่วย การทำงานจะมีในส่วนของอุปกรณ์และชุดคำสั่ง อุปกรณ์ที่ใช้สำหรับถ่ายภาพมีลักษณะคล้ายกล้องทรงกระบอก ด้านล่างมีไฟสำหรับส่องสว่างพร้อมแผ่นพลาสติกใสสำหรับวางจานเพาะเชื้อด้านบนสุดของกล้องมีอุปกรณ์รับภาพที่เชื่อมต่อกับคอมพิวเตอร์ สำหรับชุดคำสั่งในการประมวลผลภาพ ทางคณะผู้วิจัยได้พัฒนาชุดคำสั่งในการลบขอบ

งานเพาะเชื้อการแยกวัตถุจากพื้นหลัง โดยใช้มาร์กและมัลติ-เลเวล เทรซโฮลด์ติง การแยกโคโลนีที่ติดกันและการนับจำนวนโคโลนีทำได้โดยการหาพื้นที่ของโคโลนี ซึ่งค่าความคลาดเคลื่อนในการนับโคโลนีอยู่ที่ -7.4% และ + 8.3%

Marquard D, Austerjost J, Düsterloh S, Schneider-Barthold C, Beutel S, Scheper T and Lindner P, 2018 ได้พัฒนาแอปพลิเคชันสำหรับโทรศัพท์หรือแท็บเล็ตในการนับจำนวนโคโลนีด้วยการใช้เทคนิคการประมวลผลภาพจากจำนวนพื้นที่ของโคโลนีที่กระจายอยู่บนงานเพาะเชื้อ พื้นที่ว่างของงานเพาะเชื้อจึงถูกนำมาพิจารณาถึงจำนวนของโคโลนี ปัจจัยที่ส่งผลต่อความถูกต้องคือความหนาแน่นของโคโลนีที่เจริญบนงานเพาะเชื้อ เมื่อจำนวนโคโลนีที่เจริญบนงานเพาะเชื้อมีจำนวนมาก ค่าความถูกต้องจะลดลง เนื่องจากมีจำนวนมากทำให้โคโลนีเกิดใกล้กันจนบางโคโลนีซ้อนทับกัน ในส่วนของโคโลนีที่เกิดบริเวณขอบงานเพาะเชื้อ เป็นปัญหาในการตรวจสอบถึงการมีอยู่ของโคโลนี

Mattia Siragusa, Stefano Dall'Olio, Pil M. Fredericia, Mikael Jensen, Torsten Groesser, 2018 ได้ศึกษาการนับจำนวนโคโลนีที่มีชีวิตภายในกล้องจุลทรรศน์ โดยวิธีกึ่งอัตโนมัติ ชื่อ CoCoNut คือ การนับโคโลนีที่พัฒนาขึ้นโดยแผนก Nutech Technical ที่มหาวิทยาลัยเดนมาร์ก ซึ่งอุปกรณ์ประกอบด้วยโปรแกรม ImageJ กล้องถ่ายภาพซึ่งพิมพ์จากเครื่องพิมพ์ 3 มิติ ผลการทดลองพบว่า CoCoNut สามารถระบุได้ว่าเป็นโคโลนีเดี่ยวหรือโคโลนีที่อยู่ติดกัน

Yeqi Liu, Yingyi Chen and Xiaomin Fang, 2018 ได้ศึกษาการตรวจจับความขุ่นในน้ำ โดยใช้เทคโนโลยีการมองเห็นของคอมพิวเตอร์ คณะผู้วิจัยได้ใช้ 4 เทคนิคในการประมวลผลภาพ คือ ลูมิแนนซ์ สี กราฟแท่งระดับเทาและรูปทรง โดยเทคนิคที่มีความแม่นยำน้อยที่สุด คือ รูปทรง โดยตรวจจับความขุ่นจากรูปทรงของตะกอน ใช้วิธีการตรวจจับวงกลม ในส่วนของเทคนิคที่มีความแม่นยำมากที่สุด คือ สี มีค่าความคลาดเคลื่อนอยู่ที่ร้อยละ 2.8 โดยหาความสัมพันธ์แบบพหุนามระหว่างคุณลักษณะของสีและค่าที่วัดได้จากเครื่องวัดความขุ่น

X. Zhang, 2017 ได้ศึกษาการตรวจจับความขุ่นของน้ำโดยใช้เทคนิคการจดจำภาพ แต่เดิมการตรวจจับความขุ่นแบบเก่ามี 2 วิธี คือ 1) สเปกโตรโฟโตเมตริกสำหรับน้ำที่มีความขุ่นสูง 2) ความขุ่นจำลองเหมาะสมสำหรับน้ำที่มีความขุ่นต่ำ ในส่วนของวิธีที่ผู้วิจัยพัฒนาขึ้นมา คือ การใช้เทคนิคการจดจำภาพในการตรวจจับความขุ่น ร่วมกับการทำนายแบบจำลองโครงข่ายประสาทเทียม จากกลุ่มตัวอย่าง 5 แหล่งน้ำ พบว่า การตรวจจับความขุ่นของน้ำโดยใช้

เทคนิคการจดจำภาพ ร่วมกับการทำนายแบบจำลองโครงข่ายประสาทเทียมมีความเป็นไปได้ทางวิทยาศาสตร์และสมเหตุสมผลมากกว่าตรวจจับความขุ่นแบบเก่า

Darragh Mullins, Derek Coburn, Louise Hannon, Edward Jones, Eoghan Clifford and Martin Glavin, 2018 ได้ศึกษาระบบประมวลผลภาพแบบใหม่สำหรับการวัดความขุ่นในน้ำเสียจากชุมชนและโรงงาน การตรวจวัดความขุ่นแบบเก่าจะใช้เซนเซอร์ในการตรวจวัดซึ่งต้องทำ ความสะอาดตลอดเวลา คณะผู้วิจัยจึงได้พัฒนาเทคนิคการประมวลผลภาพโดยใช้หลอดลุ่มมิแนชและ กล้องถ่ายภาพความขุ่นของน้ำ ภาพที่ได้จากกล้องนำมาหาค่าเฉลี่ยของพิกเซล และสร้างกราฟแสดง ความสัมพันธ์ของเลขยกกำลังระหว่างค่าเฉลี่ยของพิกเซลและความขุ่น จากนั้นคณะผู้วิจัยได้ วิเคราะห์พบว่าค่าที่อ่านได้จากสเปกโตรโฟโตเมตริกมีความสัมพันธ์เชิงเส้นกับค่าเฉลี่ยของพิกเซลจาก ภาพถ่ายความขุ่น

Wei-Bang and Chengcui Zhang, 2009 ได้ศึกษาระบบการนับและจำแนกกลุ่ม แบบที่เรีย้อัตโนมัติโดยใช้เทคนิคการประมวลผลภาพร่วมการวิเคราะห์เครื่องจักรเรียนรู้แบบ เอสซีเอ็ม โดยใช้ ลาลลาเซียนของเกาเซียนพิวเตอร์ การแยกส่วนประกอบของภาพ การลบส่วนประกอบที่ไม่ ต้องการ การหาขอบภาพ เพื่อตรวจนับจำนวนโคลนินบนจานเพาะเชื้อ พบว่ามีความถูกต้องในการนับ จำนวนโคลนีอยู่ที่ร้อยละ 80 และการจำแนกกลุ่มแบบที่เรียโดยใช้การวิเคราะห์เครื่องจักรเรียนรู้แบบ เอสซีเอ็ม ในการแบ่งกลุ่มโคลนีจากลักษณะที่ปรากฏบนจานเพาะเชื้อ

Pei-Ju Chiang, Min-Jen Tseng, Zong-Sian He and Chia-Hsun Li, 2015 ได้ศึกษา การนับจำนวนแบคทีเรียในอาหารแข็งอัตโนมัติโดยใช้การวิเคราะห์ภาพ แต่เดิมการนับจำนวนโคลนี บนจานเพาะเชื้อนั้นใช้เวลานาน คณะผู้วิจัยจึงได้พัฒนาระบบนับจำนวนโคลนีอัตโนมัติโดยใช้เทคนิค การประมวลผลภาพและพัฒนากล่องควบคุมแสงสำหรับถ่ายภาพโดยจะมีไฟวางไว้ด้านล่างของจาน เพาะเชื้อและกล้องตรวจจับอยู่ด้านบน หลักการที่ใช้ในการประมวลผลภาพ คือ คณะผู้วิจัยจะแบ่ง ภาพออกเป็น 2 ส่วน คือ บริเวณส่วนกลางและบริเวณรอบข้างของจานเพาะเชื้อ จากนั้นใช้เทคนิค การแยกส่วนของภาพ เพื่อแยกจานเพาะเชื้อออกจากพื้นหลัง และแยกโคลนีออกจากจานเพาะเชื้อ ส่วนวิธีการนับจำนวนของโคลนีใช้เทคนิคการกัดกร่อนภาพ เพื่อให้โคลนีบริเวณที่ติดกันแยกออก จากกัน และใช้การหาขอบภาพเพื่อนับจำนวนโคลนี จากผลการทดลองพบว่ามีค่าความผิดพลาด สมบูรณ์อยู่ที่ร้อยละ 3.37

Nicholas Stolze, Carly Bader, Christopher Henning, Jared Mastin, Andrea E. Holmes and Arin L. Sutlief, 2019 ได้พัฒนาวิธีการนับโคโลนีอัตโนมัติโดยใช้ ImageJ สำหรับการวิเคราะห์โคโลนีฟอร์มมิงยูนิตของจำนวนยีสต์และเชื้อรา โดยใช้งานเพาะเชื้อจำนวน 50 งานที่ความเข้มข้นต่างกัน เปรียบเทียบการนับด้วยเทคนิคการประมวลผลภาพและมนุษย์ พบว่าค่าเฉลี่ยของวิธีนับอัตโนมัติและมนุษย์นับมีความใกล้เคียงกัน โดยการนับอัตโนมัติสามารถนับได้สูงถึง 400 CFU

P. Kalavathi and S. Naganandhini, 2016 ได้ศึกษาวิธีนับจำนวนโคโลนีอัตโนมัติในภาพไมโครสโคป วิเคราะห์ภาพจากกล้องจุลทรรศน์ เทคนิคที่เลือกใช้ คือ อินทิเกรตมาร์คและการกัดกร่อนภาพ ในส่วนของเทคนิคที่ใช้จำนวนโคโลนี คือ ลาเบลลิง ผลการทดลองคณะผู้วิจัยพบว่า การนับจำนวนโคโลนีในภาพไมโครสโคปด้วยเทคนิคการประมวลผลภาพและการนับโดยวิธีเก่า การนับด้วยเทคนิคการประมวลผลภาพมีความถูกต้องมากกว่าการนับโดยวิธีเก่า จากการทดลองจำนวน 10 ภาพ ซึ่งขอบเขตการทดลองคือจำนวนโคโลนีไม่เกิน 15 โคโลนี

เอกสารและงานวิจัยที่เกี่ยวข้องกับงานวิจัยในส่วนสุดท้ายนี้เป็นการศึกษาด้านการวิเคราะห์ข้อมูลด้วยเครื่องจักรเรียนรู้ เพื่อพัฒนาแบบจำลองสำหรับการประมาณโคโลนีฟอร์มมิงยูนิต

Jie Chen, Kees de Hoogh, John Gulliver, Barbara Hoffmann, Ole Hertel, Matthias Ketznel, Mariska Bauwelinck, Aaron van Donkelaar, Ulla A. Hvidtfeldt, Klea Katsouyanni, Nicole A. H. Janssen, Randall V. Martin, Evangelia Samoli, Per E. Schwarth, Massimo Stafoggia, Tom Bellander, Maciek Strak, Kathrin Wolf, Danielle Vienneau, Roel Vermeulen, Bert Brunekreef and Gerard Hoek, 2019 ได้ศึกษาการเปรียบเทียบการถดถอยเชิงเส้นริกัวร์าลิเซชันและการวิเคราะห์ข้อมูลของเครื่องจักรเพื่อพัฒนาแบบจำลองเชิงพื้นที่ทั่วยุโรปของฝุ่นละอองและไนโตรเจนไดออกไซด์ โดยได้เปรียบเทียบ 16 แบบจำลองเพื่อทำนายฝุ่นละอองและไนโตรเจนไดออกไซด์ การทดลองทั้ง 16 แบบจำลอง พบว่าแบบจำลองทั้งหมดมีประสิทธิภาพปานกลางถึงดี ซึ่งเปรียบเทียบได้จากค่าความคลาดเคลื่อนสมบูรณ์และแบบจำลองที่มีประสิทธิภาพดีที่สุด คือ แบบจำลองโครงข่ายประสาทเทียม รองลงมา คือแบบจำลองการถดถอยเชิงเส้น

Shola Elijah Adeniji, Sani Uba and Adamu Uzairu, 2020 ได้ศึกษาแบบจำลองการถดถอยเชิงเส้นหลายตัวแปรที่มีผลผูกพันระดับโมเลกุลและการออกแบบลิแกนด์ของสารประกอบที่

ยับยั้งโรควัณโรค คณะผู้วิจัยได้พัฒนาแบบจำลองถดถอยเชิงเส้นหลายตัวแปรเพื่อทำนายคุณภาพของยาชนิดใหม่ที่มีศักยภาพฆ่าเชื้อวัณโรค โดยตัวแปรที่นำมาสร้างแบบจำลอง คือ AATS7s, nHBint3, MinHCsatu, TDB9e, RDF90i และ RDF110s จากตัวแปรข้างต้นนำมาสร้างแบบจำลองการถดถอยเชิงเส้นหลายตัวแปรได้ 4 แบบจำลอง คณะผู้วิจัยพบว่าแบบจำลองที่ดีที่สุดมีค่า R-Squared อยู่ที่ 0.948 เป็นแบบจำลองที่ค่าถ่วงน้ำหนักส่วนมากอยู่ที่ nHBint3 ซึ่งแสดงให้เห็นว่าสารประกอบ nHBint3 เป็นคุณสมบัติหลักในการผลิตยารักษาโรควัณโรค

S.I. Abba, Sinan Jasim and Jazuli Abdullahi, 2017 ได้ศึกษาการทำนายความเข้มข้นของออกซิเจนในน้ำ โดยใช้แบบจำลองการถดถอยเชิงเส้นหลายตัวแปร โครงข่ายประสาทเทียม และพีชชี โดยมีตัวแปร ดังนี้ ค่าความขุ่น ค่าความเป็นกรด-ด่าง ค่าปริมาณออกซิเจนที่จุลินทรีย์ใช้ในการย่อยสลายสารอินทรีย์และอุณหภูมิของน้ำ ได้ทดลองในแหล่งน้ำ 3 แหล่ง พบว่าแบบจำลองที่ดีที่สุด คือ โครงข่ายประสาทเทียม ที่มีค่าความคลาดเคลื่อนสมบูรณ์น้อยที่สุด

Xuefeng konn and Jun Yang, 2019 ได้ศึกษาการทำนายอายุการใช้งานของล้อลูกปืน จาก RMS-MAVE โดยแบบจำลองการถดถอยแบบเลขชี้กำลัง คณะผู้วิจัยได้เห็นความแตกต่างระหว่าง RMS-MAVE ที่เป็นช่วงปกติและช่วงที่ไม่ปกติ จากนั้นกำจัดสัญญาณรบกวนโดยใช้เกาเซียนฟิวเตอร์เพื่อหาเอมพลิจูดในแต่ละช่วงเวลา เพื่อที่จะทำนายอายุการใช้งานของล้อลูกปืน

L. A. Jerry, K. M. Ng, K. Salam and M. S. A. Megat Ali, 2016 ได้ศึกษาการประมาณความเร็วของยานพาหนะจากการสั่นสะเทือนของมิวถนน โดยใช้การถดถอยแบบเลขชี้กำลัง คณะผู้วิจัยเก็บข้อมูลการสั่นสะเทือนบนมิวถนนจากเครื่องตรวจจับการสั่นสะเทือน ADXL355 ค่าที่ได้จะเป็นค่าการสั่นสะเทือนในแกนแนวตั้งและแกนแนวนอน จากนั้นนำข้อมูลไปเข้าสู่ตรรกะ g-rms นำข้อมูลความสัมพันธ์ระหว่างความเร็วและ g-rms ไปสร้างกราฟ หาความสัมพันธ์ได้สมการเลขชี้กำลัง ที่มีค่า R-Squared อยู่ที่ 0.947

บทที่ 3

วิธีดำเนินงานวิจัย

ประชากรและกลุ่มตัวอย่าง

ประชากร คือ จุลินทรีย์จำนวน 4 ชนิด ได้แก่ บาซิลลัส ซีเรียส เอสเชอริเชีย โคลิ โคลิฟอร์ม และแบคทีเรียกรดแลคติก

กลุ่มตัวอย่าง คือ จุลินทรีย์จำนวน 4 ชนิด ได้แก่ บาซิลลัส ซีเรียส เอสเชอริเชีย โคลิ โคลิฟอร์มและแบคทีเรียกรดแลคติก ที่ค่าความทึบแสง 0.02, 0.06 , 0.08 , 0.20 , 0.40 และ 0.80

ตัวแปรที่ใช้ในการวิจัย

ตัวแปรต้น คือ ค่าความทึบแสงของจุลินทรีย์ ภาพถ่ายหลอดทดลอง ภาพถ่ายจานเพาะเชื้อ จำนวนโคโลนีบนจานเพาะเชื้อ

ตัวแปรตาม คือ โคโลนีฟอร์มมิงยูนิตจากการประมาณ ค่าความทึบแสงจากการประมาณและจำนวนโคโลนีบนจานเพาะเชื้อจากการนับ

เครื่องมือที่ใช้ในการวิจัย

สมาร์ทโฟน OPPO Reno2

สมาร์ทโฟน VIVO V7

กล้องดิจิทัล Canon M10

โปรแกรม Matlab R2018a

โปรแกรม PyCharm Edu

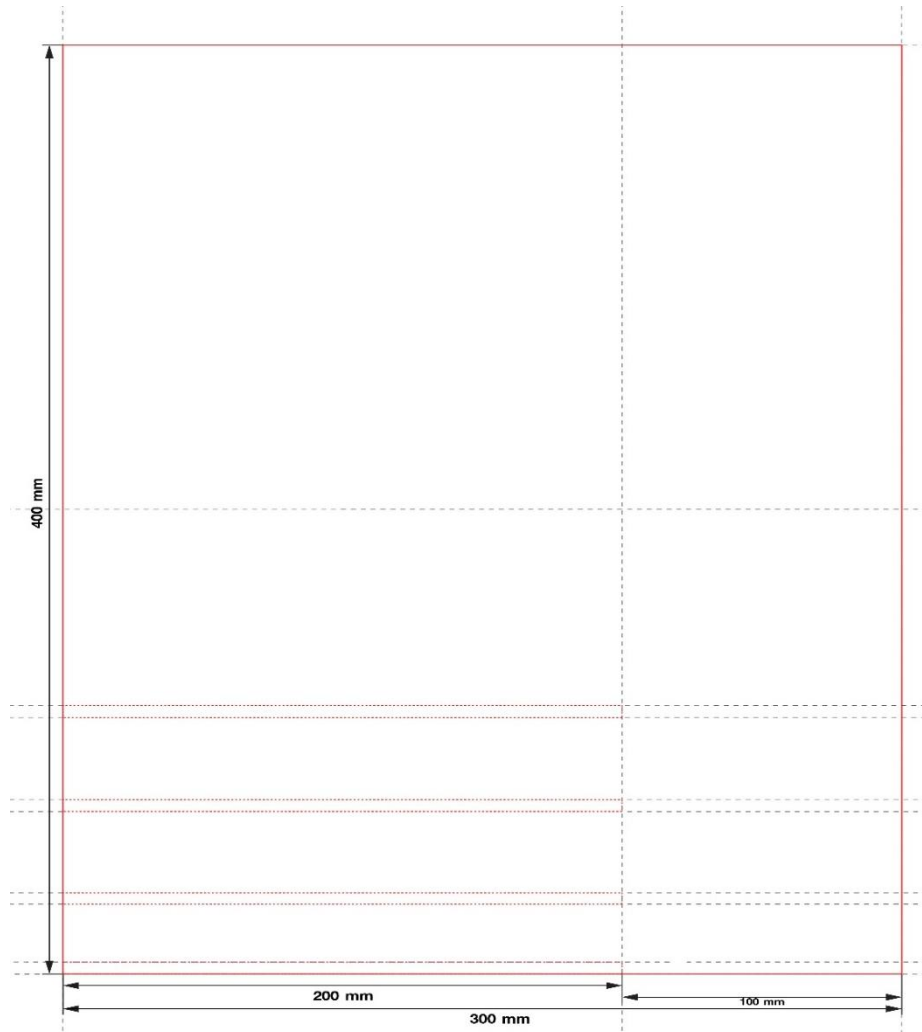
โปรแกรม IBM SPSS Statistics

โปรแกรม Android Studio IED

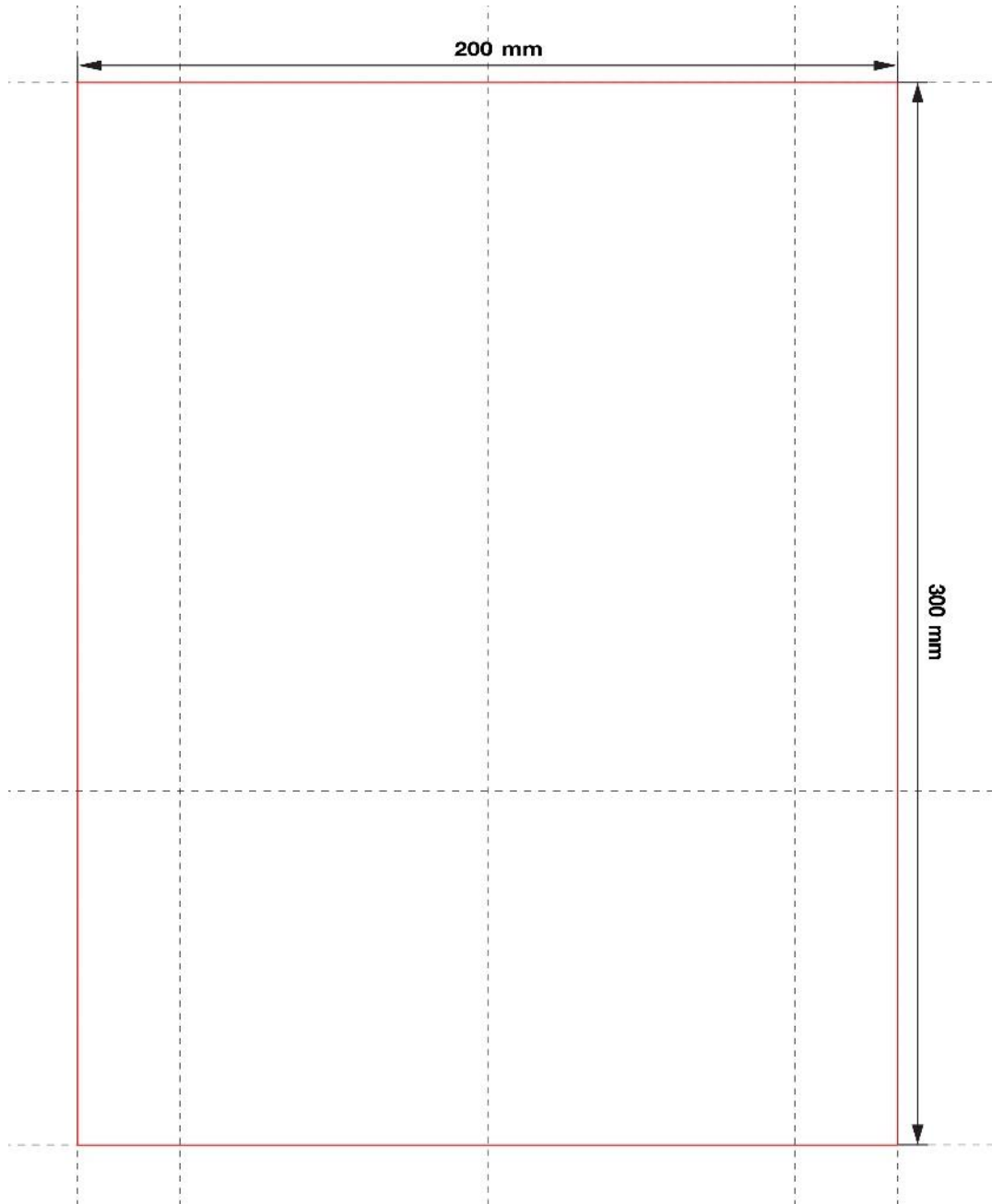
การเก็บรวบรวมข้อมูล

การเก็บข้อมูลภาพถ่าย ใช้กล้องถ่ายภาพจากสมาร์ทโฟน OPPO Reno2 ความละเอียดกล้อง 48 ล้านพิกเซล ภาพที่ได้มีความยาวโฟกัส 4.77 มิลลิเมตร ช่องรับแสง F/1.7 ISO อยู่ในช่วง 700-799 ถ่ายภาพภายในกล้องถ่ายภาพที่พัฒนาขึ้น เพื่อควบคุมแสงในการถ่ายภาพให้มีความสม่ำเสมอในทุก ๆ สถานที่ กล้องถ่ายภาพสูง 40 เซนติเมตร หน้ากว้าง 20 เซนติเมตร และยาว 30 เซนติเมตร ภายในกล้องถ่ายภาพประกอบด้วยชั้นจำนวน 4 ชั้น มีความสูงอยู่ที่ 5 มิลลิเมตร 35 มิลลิเมตร 75 มิลลิเมตรและ 115 มิลลิเมตร ตามลำดับชั้น จากล่างขึ้นบน เพื่อปรับระดับการวางของวัตถุที่ต้องการจะถ่ายภาพให้เหมาะสมกับตำแหน่งกล้องของสมาร์ทโฟนในแต่ละรุ่น แสดงภาพออโรกราฟของกล้องถ่ายภาพด้านข้าง ด้านบน และด้านหน้าของกล้องถ่ายภาพดังภาพ 19, 20, 21 ตามลำดับ กล้องถ่ายภาพผลิตจากอะคริลิก ทาด้วยสีน้ำมันดำด้าน

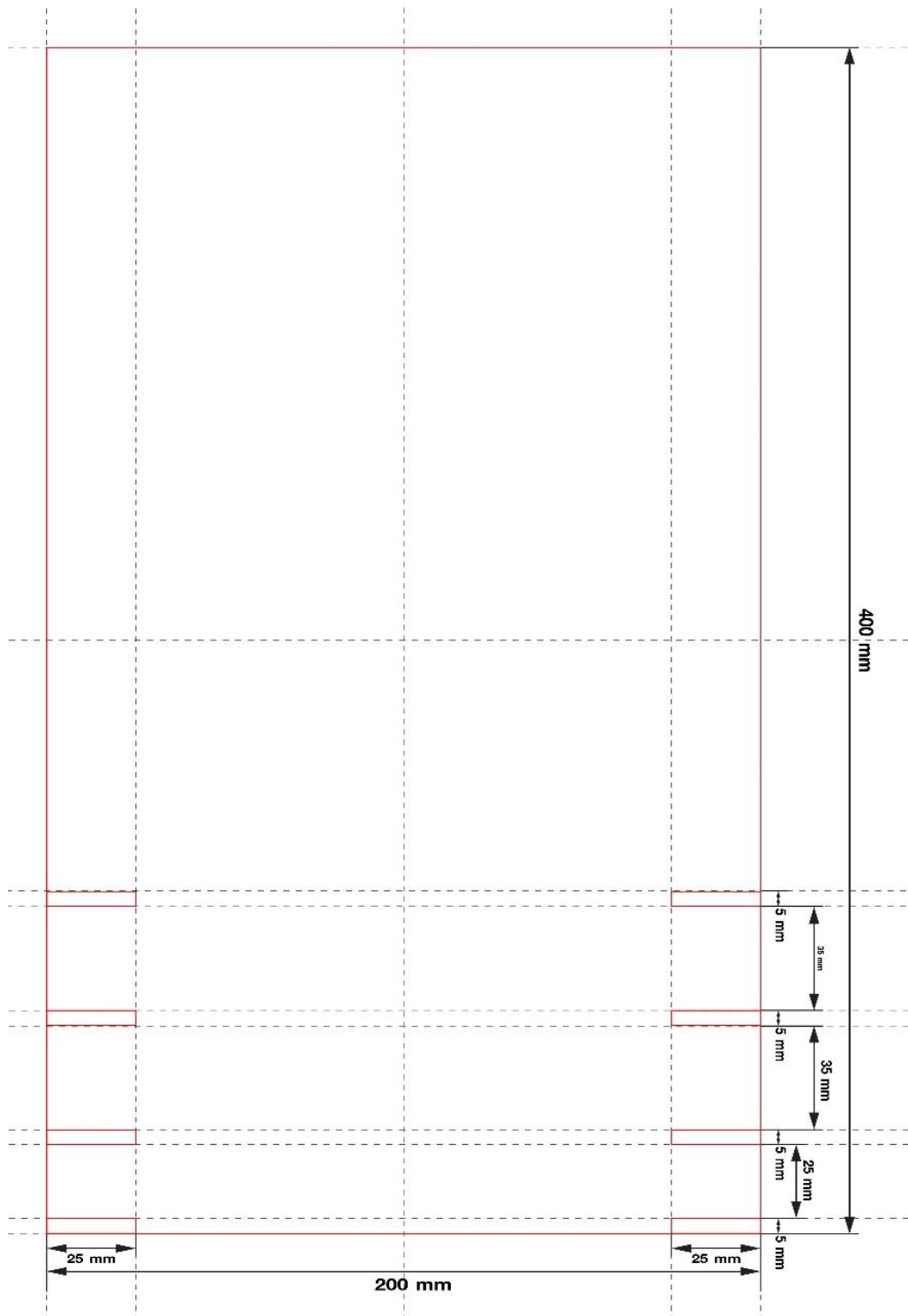




ภาพ 19 ภาพอโรกราฟด้านข้างของกล้องถ่ายภาพ

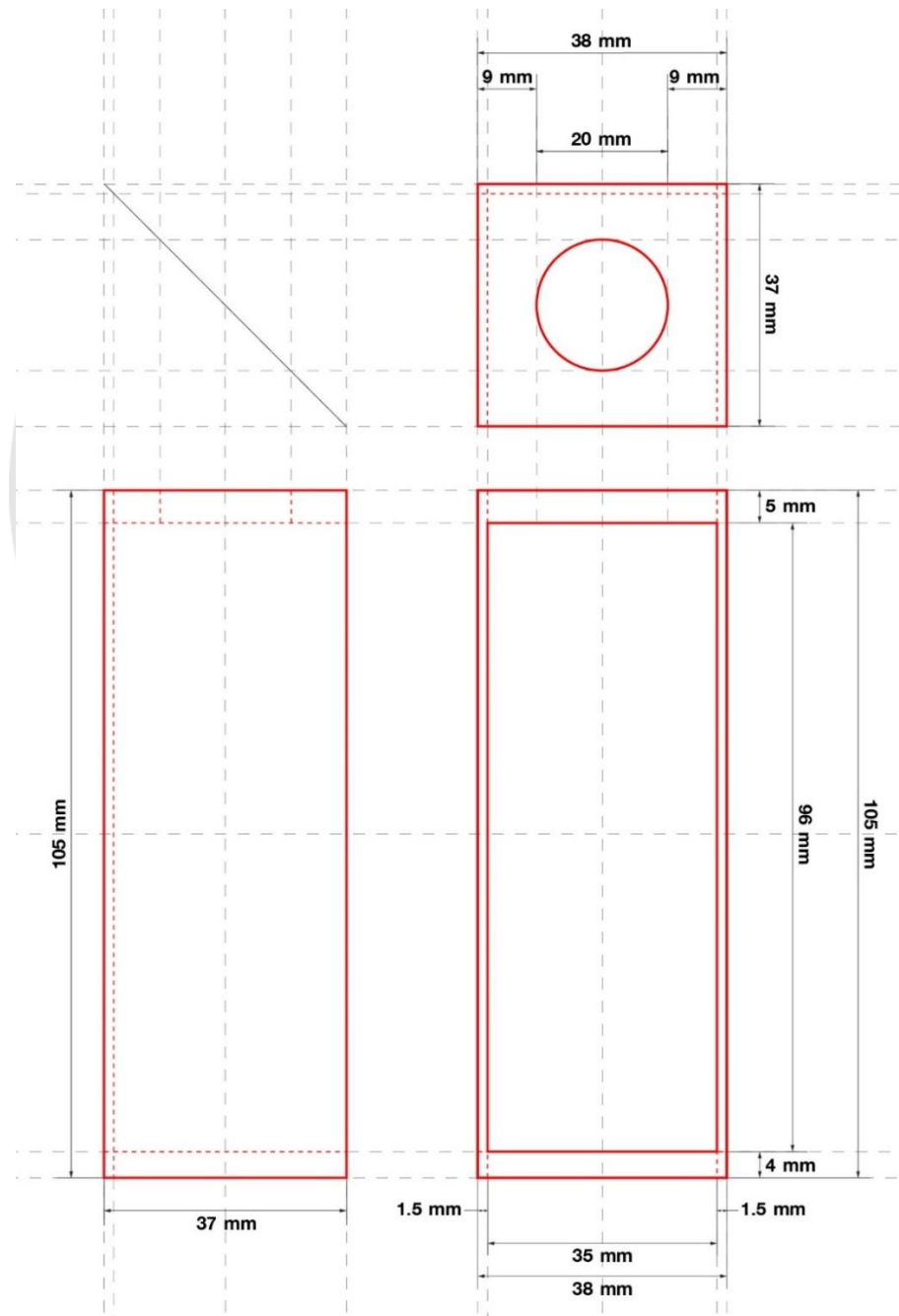


ภาพ 20 ภาพอโรกราฟด้านบนของกล่องถ่ายภาพ



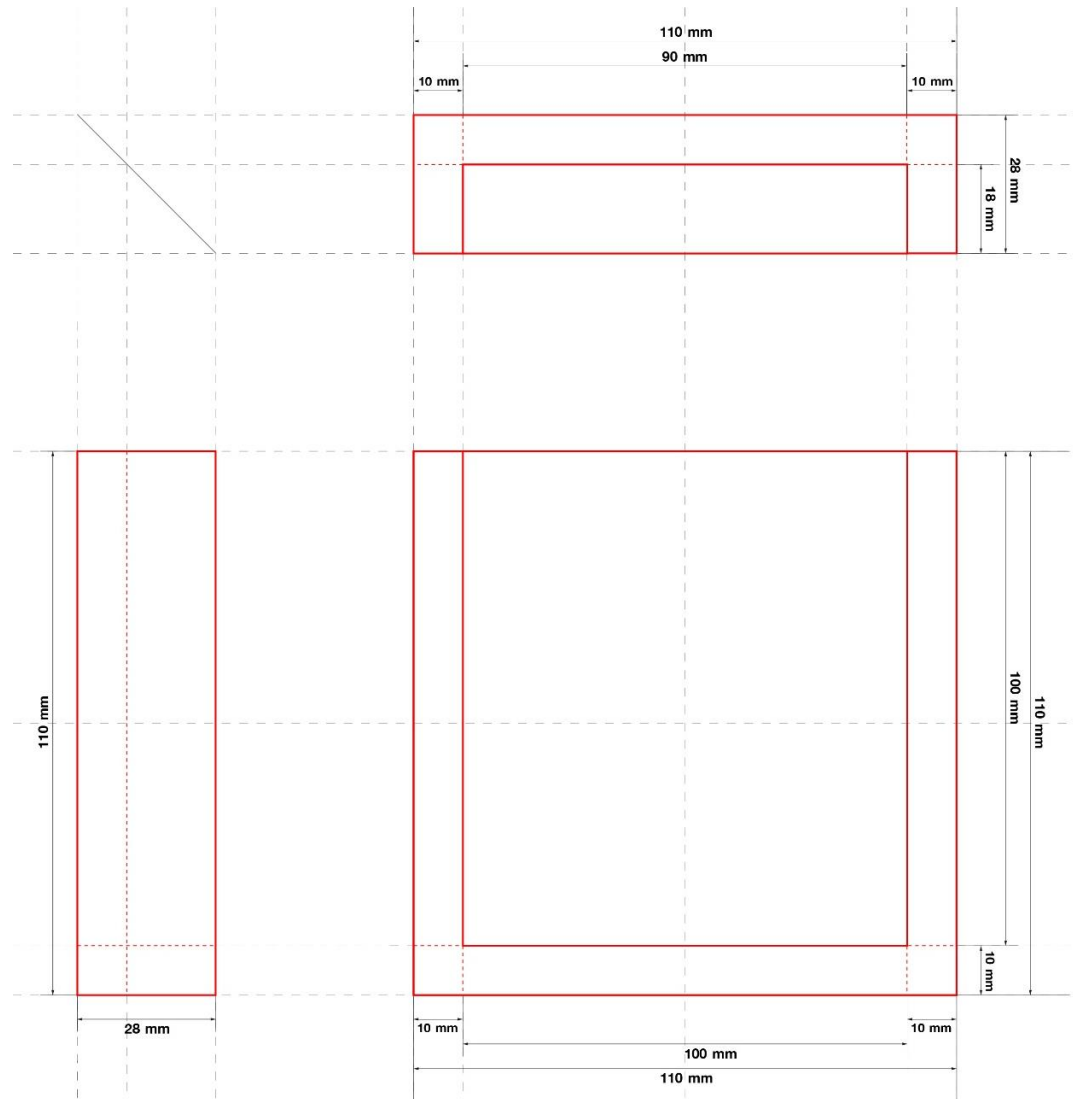
ภาพ 21 ภาพออโรกราฟด้านหน้าของกล้องถ่ายภาพ

กล่องสำหรับบรรจุหลอดทดลองที่พัฒนาขึ้นเพื่อบรรจุหลอดทดลองสำหรับถ่ายภาพ
สูง 105 มิลลิเมตร หน้ากว้าง 38 มิลลิเมตร และยาว 37 มิลลิเมตร บริเวณด้านบนของกล่อง
มีรูสำหรับสอดหลอดทดลองขนาดเส้นผ่านศูนย์กลาง 10, 12, 13, 16, 18, 20 และ 25
มิลลิเมตร ดังภาพ 22



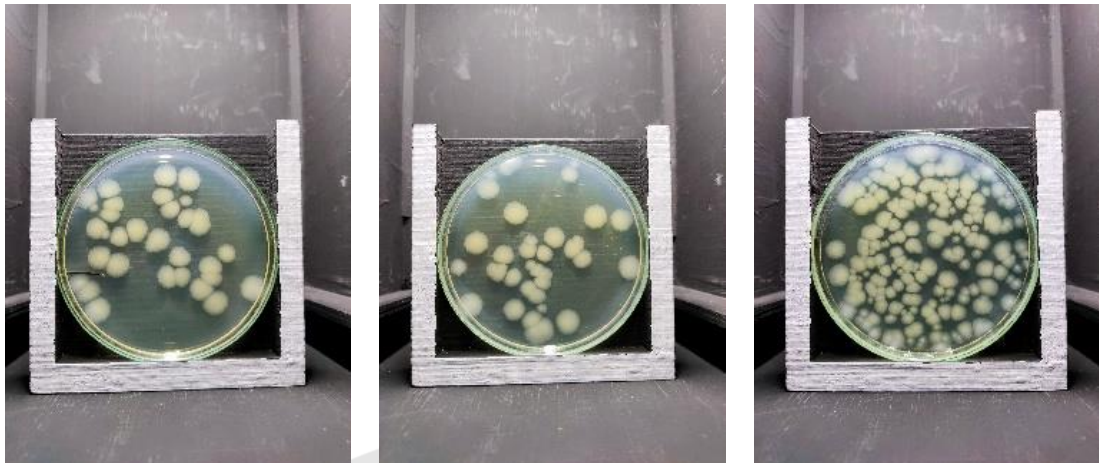
ภาพ 22 ภาพอโรกราฟกล่องสำหรับบรรจุหลอดทดลอง

กล่องสำหรับบรรจุงานเพาะเชื้อที่พัฒนาขึ้นเพื่อบรรจุงานเพาะเชื้อสำหรับถ่ายภาพ
สูง 110 มิลลิเมตร หน้ากว้าง 110 มิลลิเมตร และยาว 28 มิลลิเมตร ดังภาพ 23



ภาพ 23 ภาพออโรกราฟกล่องสำหรับบรรจุหลอดทดลอง

ภาพถ่ายโคโลนีบาซิลลัส ซีเรียสในงานเพาะเชื้อที่มีจำนวนโคโลนี 31, 33, 174, 192 และ 215 โคโลนีตามลำดับ ตัวอย่างภาพ 24 ซึ่งลักษณะโคโลนีมีขนาดใหญ่และเล็กปะปนกัน มีขนาดเส้นผ่านศูนย์กลางตั้งแต่ 1-10 มิลลิเมตร



จำนวนโคโลนี 31 เซลล์

จำนวนโคโลนี 33 เซลล์

จำนวนโคโลนี 174 เซลล์

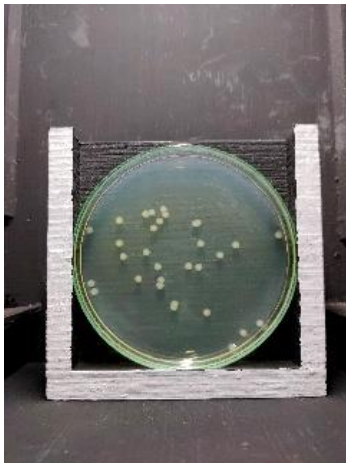


จำนวนโคโลนี 192 เซลล์

จำนวนโคโลนี 215 เซลล์

ภาพ 24 ภาพถ่ายตัวอย่างโคโลนีบาซิลลัส ซีเรียสในจานเพาะเชื้อ

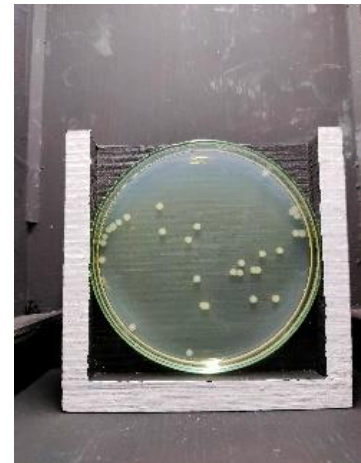
ภาพถ่ายโคโลนีเอสเชอริเชีย โคลิในจานเพาะเชื้อที่มีจำนวนโคโลนี 31, 32, 33, 47, 51, 54, 59, 72, 95, 137, 156, 177, 180 และมากกว่า 300 โคโลนีตามลำดับ ตัวอย่างดังภาพ 25 ซึ่งลักษณะของโคโลนีมีลักษณะกลมและเล็ก ขนาดเส้นผ่านศูนย์กลางประมาณ 2-3 มิลลิเมตร



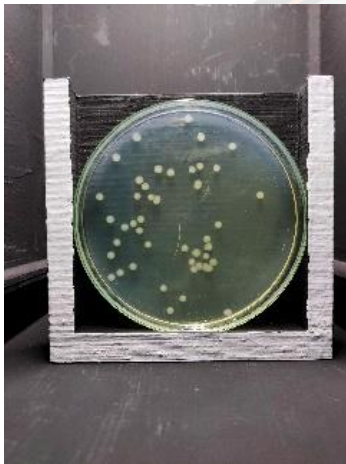
จำนวนโคโลนี 31 เซลล์



จำนวนโคโลนี 32 เซลล์



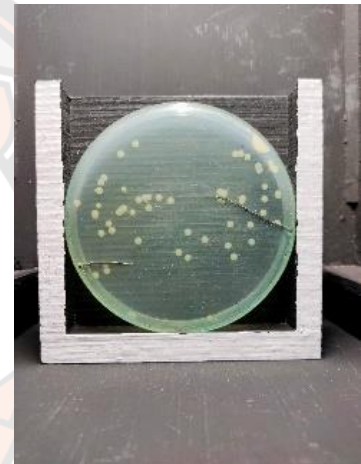
จำนวนโคโลนี 33 เซลล์



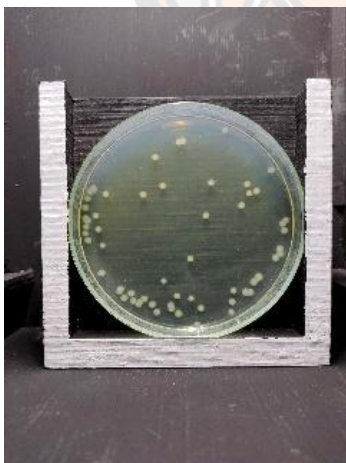
จำนวนโคโลนี 47 เซลล์



จำนวนโคโลนี 51 เซลล์



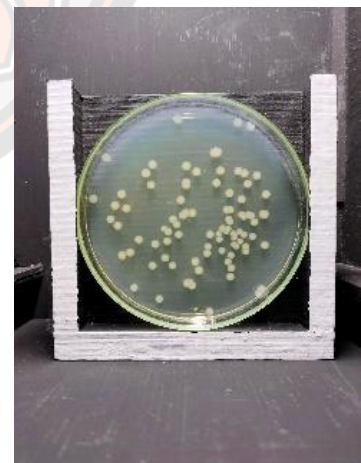
จำนวนโคโลนี 54 เซลล์



จำนวนโคโลนี 59 เซลล์

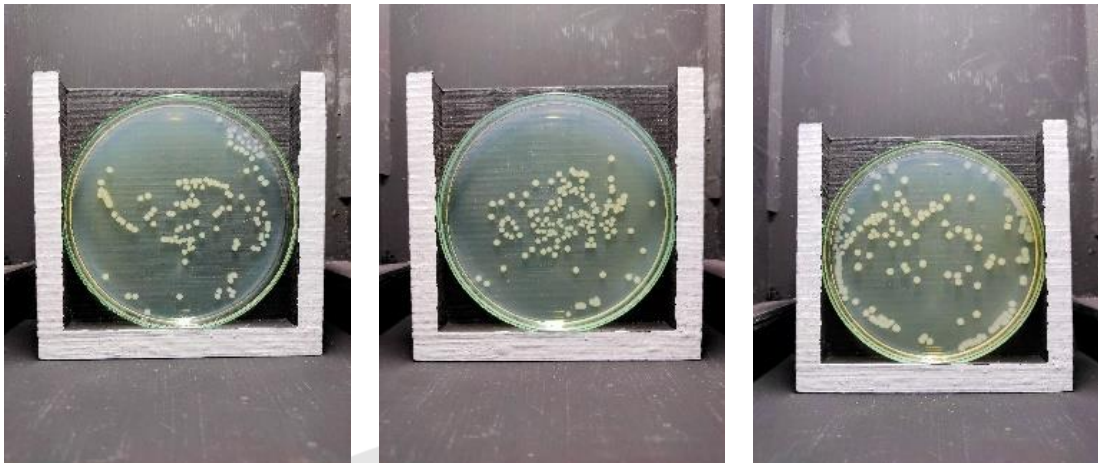


จำนวนโคโลนี 72 เซลล์



จำนวนโคโลนี 95 เซลล์

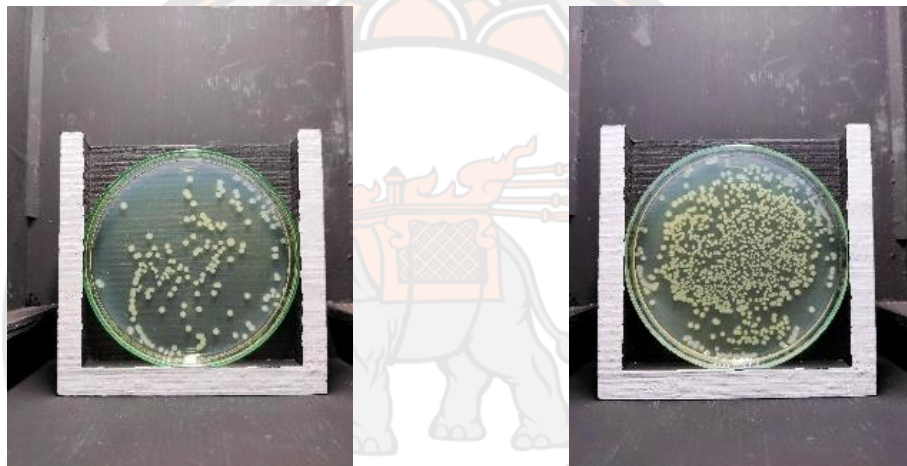
ภาพ 25 ภาพถ่ายตัวอย่างโคโลนีเอสเชอริเชีย โคลิในจานเพาะเชื้อ



จำนวนโคโลนี 137 เซลล์

จำนวนโคโลนี 156 เซลล์

จำนวนโคโลนี 177 เซลล์



จำนวนโคโลนี 180 เซลล์

จำนวนโคโลนีมากกว่า 300 เซลล์

ภาพ 25 ภาพถ่ายตัวอย่างเอสเชอริเชีย โคลิโคโลนีในงานเพาะเชื้อ (ต่อ)

ภาพถ่ายแบคทีเรียโคลิฟอร์มโคโลนีในงานเพาะเชื้อมีจำนวนโคโลนี 38, 51, 58, 59, 62, 66, 77, 84, 113, 116, 122, 261, 265 และมากกว่า 300 โคโลนีตามลำดับ ตัวอย่างดังภาพ 26 ซึ่งลักษณะของแบคทีเรียโคลิฟอร์มโคโลนีมีลักษณะกลมและเล็ก ขนาดเส้นผ่านศูนย์กลางประมาณ 2-3 มิลลิเมตร



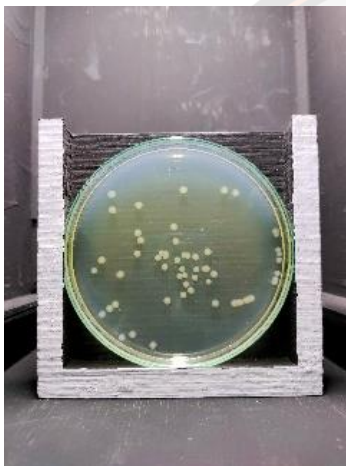
จำนวนโคโลนี 38 เซลล์



จำนวนโคโลนี 51 เซลล์



จำนวนโคโลนี 58 เซลล์



จำนวนโคโลนี 59 เซลล์



จำนวนโคโลนี 62 เซลล์



จำนวนโคโลนี 66 เซลล์



จำนวนโคโลนี 77 เซลล์

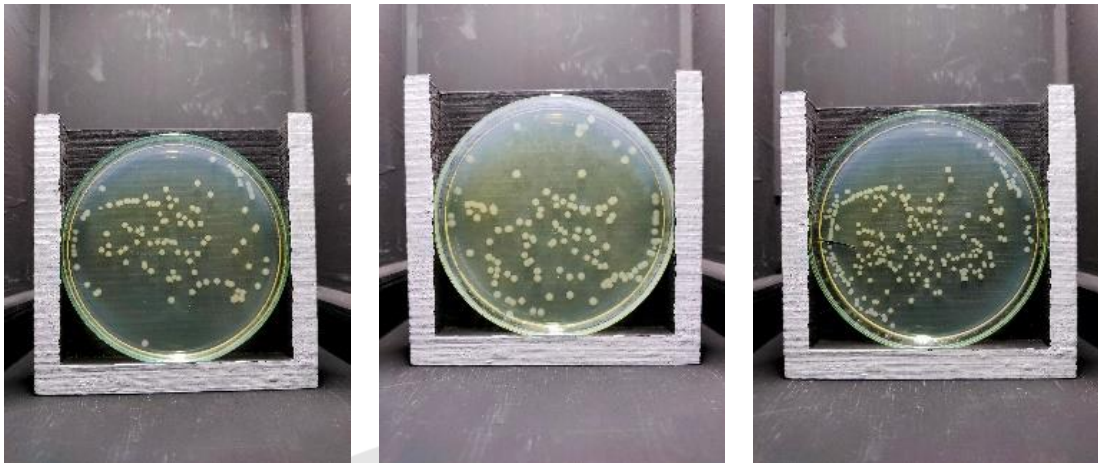


จำนวนโคโลนี 84 เซลล์



จำนวนโคโลนี 113 เซลล์

ภาพ 26 ภาพถ่ายตัวอย่างโคโลนีแบคทีเรียโคลิฟอร์มในจานเพาะเชื้อ



จำนวนโคโลนี 116 เซลล์

จำนวนโคโลนี 122 เซลล์

จำนวนโคโลนี 261 เซลล์

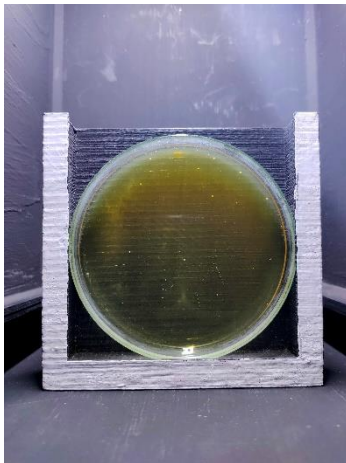


จำนวนโคโลนี 265 เซลล์

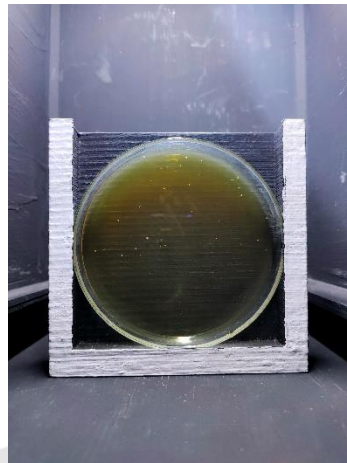
จำนวนโคโลนีมากกว่า 300 เซลล์

ภาพ 26 ภาพถ่ายตัวอย่างโคโลนีแบคทีเรียโคลิฟอร์มในจานเพาะเชื้อ (ต่อ)

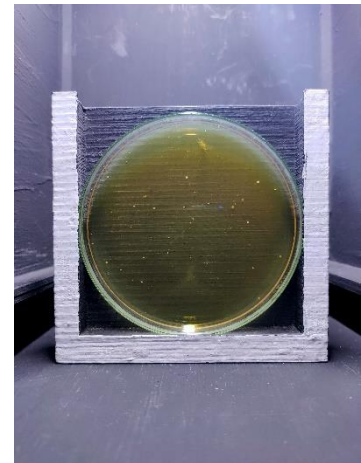
ภาพถ่ายโคโลนีแบคทีเรียกรดแลคติกในจานเพาะเชื้อมีจำนวนโคโลนี 22, 29, 30, 52, 64, 73, 90, 138, 160, 164, 165, 185, 227 และมากกว่า 300 โคโลนีตามลำดับ ตัวอย่าง ดังภาพ 27 ซึ่งโคโลนีมีลักษณะกลมและเล็กมาก ขนาดเส้นผ่านศูนย์กลางประมาณ 0.5 - 1 มิลลิเมตร



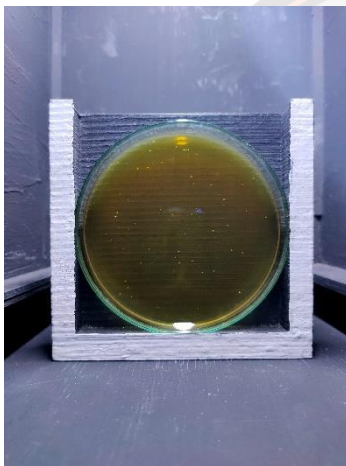
จำนวนโคโลนี 22 เซลล์



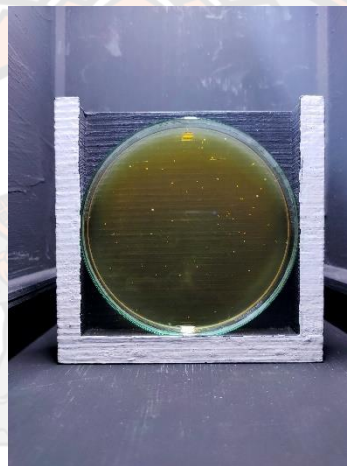
จำนวนโคโลนี 29 เซลล์



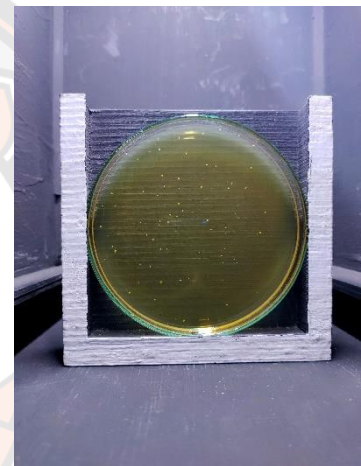
จำนวนโคโลนี 30 เซลล์



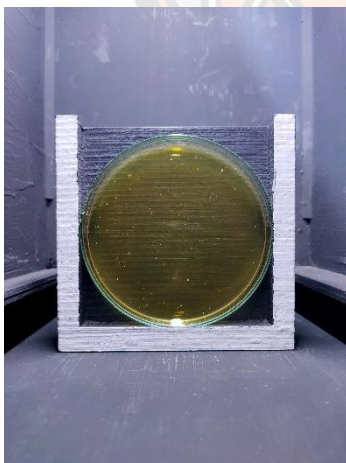
จำนวนโคโลนี 52 เซลล์



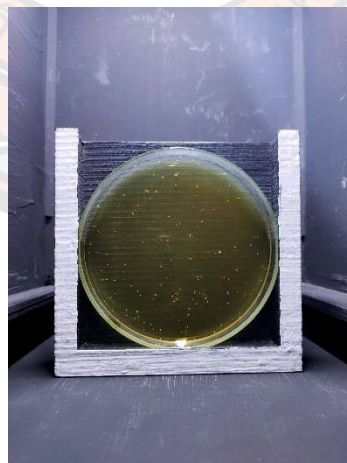
จำนวนโคโลนี 64 เซลล์



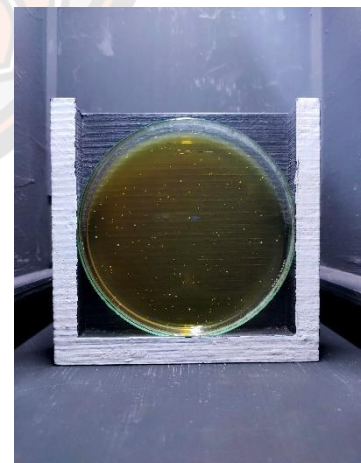
จำนวนโคโลนี 73 เซลล์



จำนวนโคโลนี 90 เซลล์

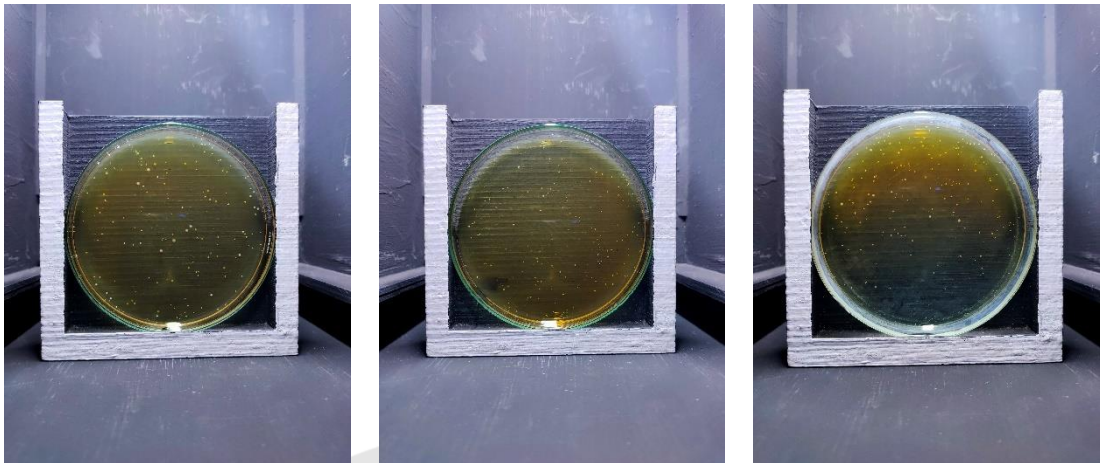


จำนวนโคโลนี 138 เซลล์



จำนวนโคโลนี 160 เซลล์

ภาพ 27 ภาพถ่ายตัวอย่างโคโลนีแบคทีเรียกรดแลคติกในงานเพาะเชื้อ



จำนวนโคโลนี 164 เซลล์

จำนวนโคโลนี 165 เซลล์

จำนวนโคโลนี 185 เซลล์

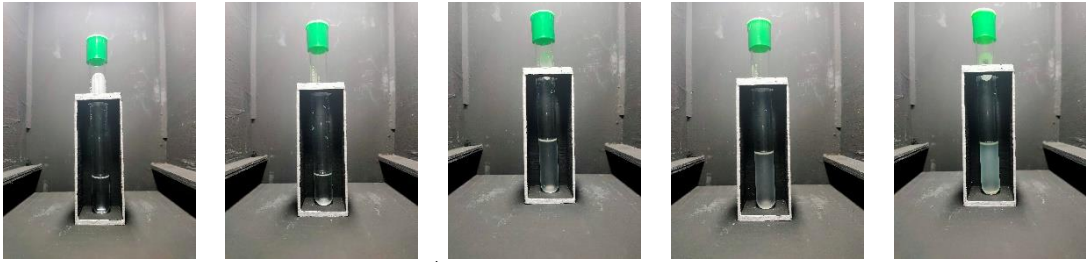


จำนวนโคโลนี 227 เซลล์

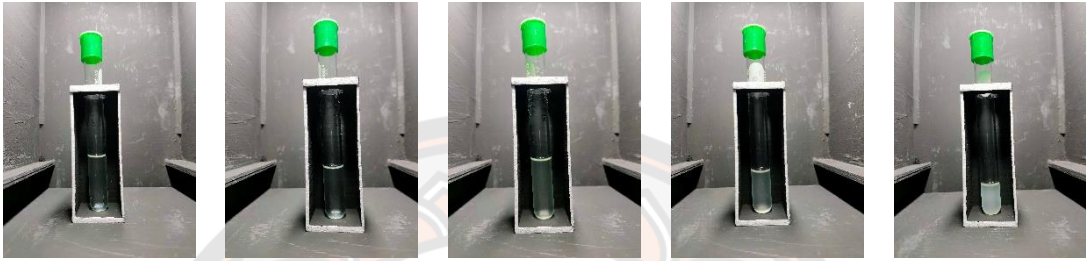
จำนวนโคโลนีมากกว่า 300 เซลล์

ภาพ 27 ภาพถ่ายตัวอย่างโคโลนีแบคทีเรียกรดแลคติกในจานเพาะเชื้อ (ต่อ)

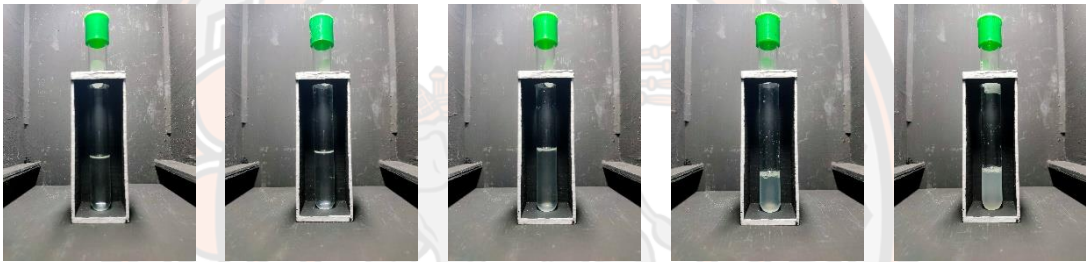
จากนั้นถ่ายภาพหลอดทดลองที่ค่าความทึบแสง 0.06, 0.08, 0.20, 0.40 และ 0.80 ของบาสซิลัส ซีเรียส เอสเซอริเชีย โคลไค หรือ อีโคลไค แบคทีเรียโคลิฟอร์ม และแบคทีเรียกรดแลคติก ดังภาพ 28



ภาพถ่ายหลอดทดลองที่ค่าความทึบแสงต่าง ๆ ของบราซิลีส ซีเรียส



ภาพถ่ายหลอดทดลองที่ค่าความทึบแสงต่าง ๆ ของเอสเซอร์เซีย โคลไล



ภาพถ่ายหลอดทดลองที่ค่าความทึบแสงต่าง ๆ ของแบคทีเรียโคลิฟอร์ม

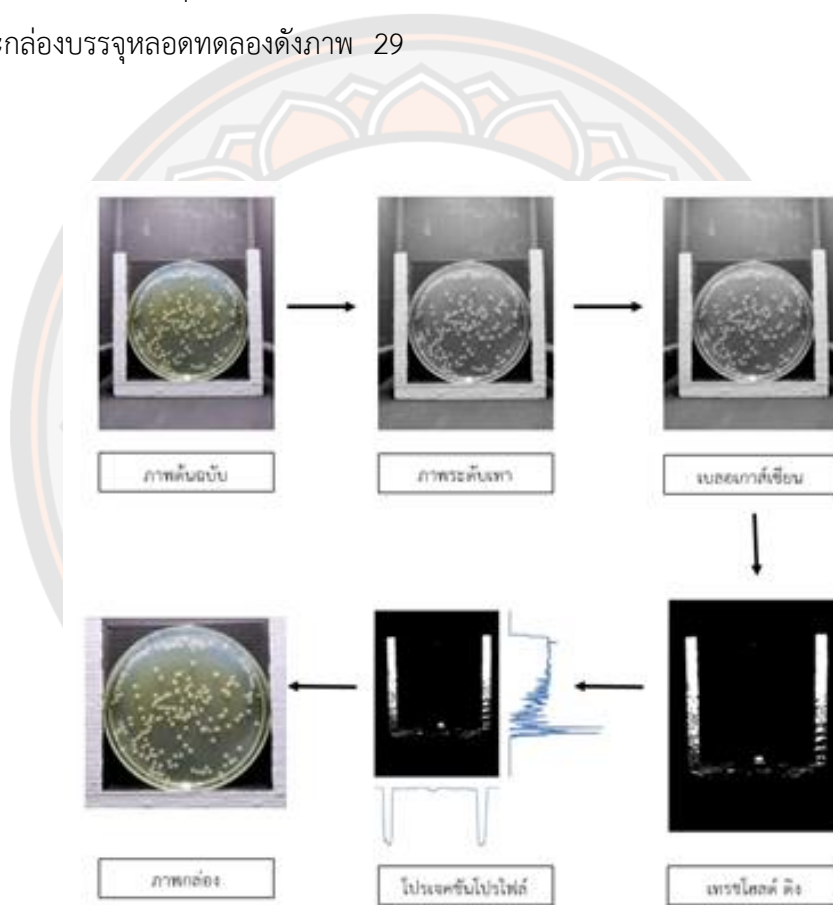


ภาพถ่ายหลอดทดลองที่ค่าความทึบแสงต่าง ๆ ของแบคทีเรียกรดแลคติก

ภาพ 28 ภาพถ่ายความขุ่นในหลอดทดลองของเชื้อชนิดต่าง ๆ

การตรวจจับกล้องบรรจุงานเพาะเชื้อและกล้องบรรจุหลอดทดลอง

การตรวจจับกล้องบรรจุงานเพาะเชื้อและกล้องบรรจุหลอดทดลองเป็นขั้นตอนแรกสำหรับการเตรียมภาพเพื่อนับจำนวนโคโลนีหรือประมาณปริมาณจุลินทรีย์ จากภาพตัวอย่างในหัวข้อการเก็บรวบรวมข้อมูล จะสังเกตเห็นว่ากล้องบรรจุงานเพาะเชื้อและกล้องบรรจุหลอดทดลองบริเวณขอบกล้องถูกทาสีขาว ซึ่งแตกต่างจากบริเวณอื่น ๆ การทาขอบกล้องด้วยสีขาวมีจุดประสงค์เพื่อให้สามารถใช้เทคนิคโปรเจกชันโปรไฟล์ (Projection Profile) ในการตรวจจับกล้องบรรจุงานเพาะเชื้อและกล้องบรรจุหลอดทดลองง่ายขึ้น แสดงภาพรวมของการตรวจจับกล้องบรรจุงานเพาะเชื้อและกล้องบรรจุหลอดทดลองดังภาพ 29

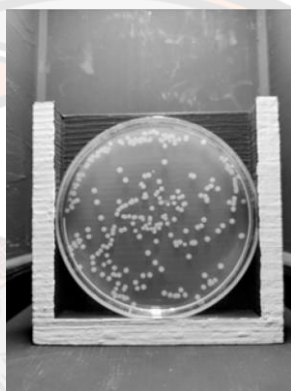


ภาพ 29 ภาพรวมของการตรวจจับกล้องบรรจุงานเพาะเชื้อ

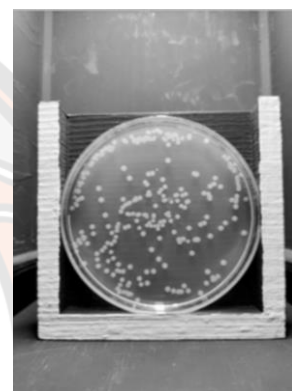
การตรวจจับกล่องบรรจุงานเพาะเชื้อและกล่องบรรจุหลอดทดลอง จากการแปลงภาพสีเป็นภาพระดับเทา โดยใช้สมการ 1 เมื่อได้ภาพระดับเทา ดังภาพ 30 จะเห็นได้ว่ารายละเอียดของภาพมีความคมชัดมาก ซึ่งส่งผลต่อการใช้เทคนิคโปรเจกชันโปรไฟล์ จึงจำเป็นต้องทำการเบลอภาพในเบื้องต้น เพื่อลดความคมชัดของภาพหรือสัญญาณรบกวนโดยใช้เทคนิคการปรับภาพให้เรียบเนียน โดยการกรองโดยเกาส์เซียน จากสมการ 2 กำหนดขนาดของขนาดมาร์ค 5X5 และ $\sigma = 0$ แสดงดังภาพ 30



ภาพต้นฉบับ

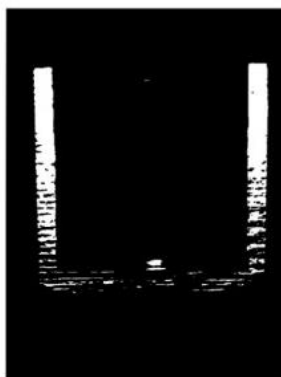


ภาพระดับเทา

เกาส์เซียนขนาดมาร์ค 5X5
และ $\sigma = 0$

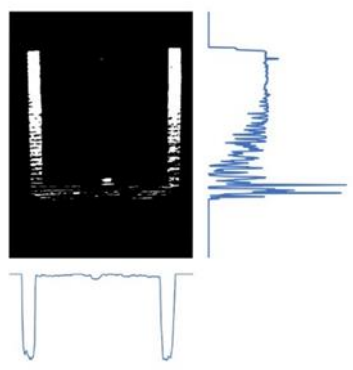
ภาพ 30 ภาพถ่ายงานเพาะเชื้อ

ขั้นตอนต่อไปการแปลงภาพระดับเทาเป็นภาพไบนารีหรือภาพขาวดำ โดยใช้สมการ 3 การทดลองใช้ค่าขีดแบ่งที่ 10, 20, 30, ... , 250 พบว่าค่าขีดแบ่งที่เหมาะสมที่สุด คือ 220 เนื่องจากภาพไบนารีที่ได้จากค่าขีดแบ่งดังกล่าว ภาพปรากฏขอบของกล่องเพียงอย่างเดียว สัญญาณรบกวนของภาพน้อย ทำให้สามารถใช้เทคนิคโปรเจกชันโปรไฟล์ในการกำหนดจุดอ้างอิงของกล่องได้อย่างแม่นยำ แสดงดังภาพ 31



ภาพ 31 ภาพไบนารี (ค่าขีดแบ่ง 220)

การใช้เทคนิคโปรเจกชันโปรไฟล์เป็นการใช้ค่าผลรวมพิกเซลสีขาวในแนวตั้งและแนวนอน ในการกำหนดตำแหน่งของกล่องบรรจุงานเพาะเชื้อและกล่องบรรจุหลอดทดลอง แสดงดังภาพ 32



ภาพ 32 กราฟแสดงจำนวนพิกเซลสีขาวในแนวแกนนอนและแกนตั้ง

จากภาพ 32 ตำแหน่งของพิกเซลสามารถกำหนดจุดเริ่มต้นและจุดสิ้นสุดของขอบ กล่องบรรจุงานเพาะเชื้อและกล่องบรรจุหลอดทดลองได้ ซึ่งจุดเริ่มต้นและจุดสิ้นสุดในแนวแกนตั้งและแกนนอน นำมาใช้เป็นจุดอ้างอิงในการตรวจจับกล่องบรรจุงานเพาะเชื้อ โดยตำแหน่งแรกที่มีผลรวมพิกเซลไม่เท่ากับศูนย์ในแกนตั้ง คือ ขอบบนสุดของกล่องบรรจุงานเพาะเชื้อ ตำแหน่งสุดท้ายที่มีผลรวมพิกเซลไม่เท่ากับศูนย์ในแกนตั้ง คือ ขอบล่างของกล่องบรรจุงานเพาะเชื้อ ตำแหน่งแรกที่มีผลรวมพิกเซลไม่เท่ากับศูนย์ในแกนนอน คือ ขอบด้านซ้ายของกล่องบรรจุงานเพาะเชื้อ และตำแหน่งสุดท้ายที่มีผลรวมพิกเซลไม่เท่ากับศูนย์ในแกนนอน คือ ขอบด้านขวาของกล่องบรรจุงาน

เพาะเชื้อ เมื่อได้ตำแหน่งอ้างอิง 4 จุด ขั้นตอนถัดไปจะทำการตัดกรอบภาพโดยใช้จุดอ้างอิงดังกล่าว แสดงดังภาพ 33

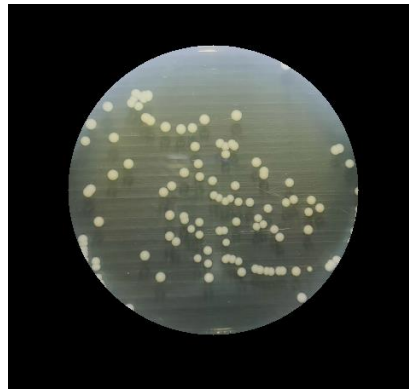


ภาพ 33 ภาพกล่องบรรจุจานเพาะเชื้อ

จากภาพ 33 เป็นภาพที่ได้จากการตรวจจับกล่องบรรจุจานเพาะเชื้อ สำหรับการตรวจจับกล่องบรรจุหลอดทดลองนั้น ใช้เทคนิคและขั้นตอนเดียวกันกับกล่องบรรจุจานเพาะเชื้อทุกขั้นตอน เนื่องจากขอบกล่องบรรจุจานเพาะเชื้อและกล่องบรรจุหลอดทดลองนั้น ถูกทาสีขาวทั้งคู่

การตรวจจับจานเพาะเชื้อ

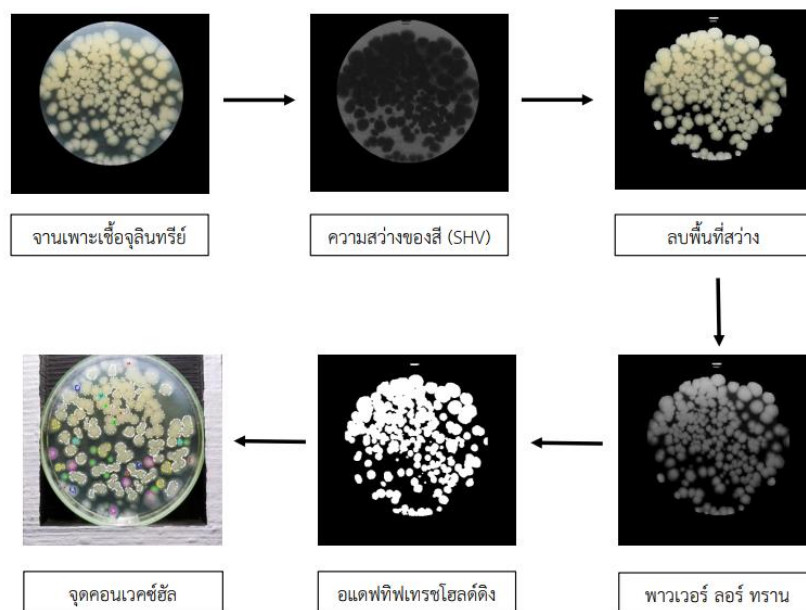
ในหัวข้อที่ผ่านมาการตรวจจับกล่องบรรจุจานเพาะเชื้อและกล่องบรรจุหลอดทดลอง แสดงภาพกล่องบรรจุจานเพาะเชื้อ ดังภาพ 33 การตรวจจับจานเพาะเชื้อเป็นขั้นตอนลำดับถัดไป สังเกตภาพ 33 จานเพาะเชื้อมีลักษณะเป็นวงกลม เทคนิคฮัฟทรานส์ฟอร์ม (Hough transform) เป็นเทคนิคที่สามารถตรวจจับวัตถุที่เป็นวงกลมได้ โดยการหารัศมีจากจุดที่คาดว่าจะเป็จุดศูนย์กลางของวงกลมไปยังขอบของวัตถุ จากนั้นจะหาค่ารัศมีที่มีความถี่มากที่สุด เพื่อตรวจจับวงกลมจากจุดศูนย์กลางและรัศมีดังกล่าว โดยกำหนดค่ารัศมีให้อยู่ในช่วง 150 – 200 ค่าที่ได้จากการใช้เทคนิคฮัฟทรานส์ฟอร์มที่เลือกใช้ได้แก่ จุดศูนย์กลางและรัศมีของวงกลม นำค่าทั้งสองมา กำหนดพื้นที่จานเพาะเชื้อ ตำแหน่งพิกเซลที่อยู่ด้านนอกของพื้นที่จานเพาะเชื้อจะถูกกำหนดให้เป็นสีดำ แสดงดังภาพ 34



ภาพ 34 ภาพจานเพาะเชื้อ

การนับจำนวนโคโลนีของกลุ่มแบคทีเรียทนร้อน

การนับจำนวนโคโลนีของกลุ่มแบคทีเรียทนร้อนสามารถแสดงภาพรวมการทำงานของเทคนิคการประมวลผลภาพที่ใช้ในแต่ละขั้นตอนได้ดังภาพ 35



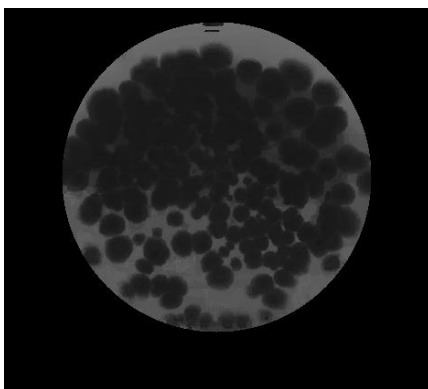
ภาพ 35 ภาพรวมการนับจำนวนโคโลนีของกลุ่มแบคทีเรียทนร้อน

จากการเก็บข้อมูลโคโลนีจะเห็นได้ว่าเชื้อจุลินทรีย์บาซิลลัส ซีเรียส เป็นจุลินทรีย์ชนิดเดียวในกลุ่มแบคทีเรียทนร้อน มีลักษณะเป็นวงกลมและวงรี มีขนาดเล็กไปจนขนาดใหญ่ ตั้งแต่ 1 มิลลิเมตรไปจนถึง 10 มิลลิเมตร แสดงภาพจานเพาะเชื้อจุลินทรีย์บาซิลลัส ซีเรียส ดังภาพ 36



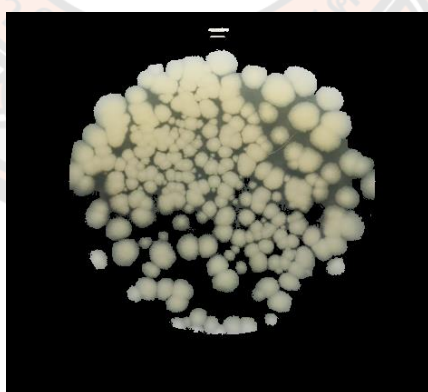
ภาพ 36 ภาพจานเพาะเชื้อจุลินทรีย์บาซิลลัส ซีเรียส

จากภาพ 37 จานเพาะเชื้อยังมีพื้นที่บริเวณขอบจานเพาะเชื้อที่สว่าง เกิดจากการสะท้อนของแสงไฟ เพื่อง่ายต่อการแยกพื้นหลังและวัตถุ การลบพื้นที่บริเวณที่สว่างจะทำให้การแยกพื้นหลังและวัตถุง่ายขึ้น วิธีที่ใช้สำหรับการลบพื้นที่บริเวณที่สว่าง คือ ระบบสี HSV (Hue Saturation Value) โดยใช้ V (Value) คือความสว่างของสี ซึ่งสามารถวัดได้โดยจากค่าความเข้มของความสว่างของแต่ละสีที่ประกอบกัน สามารถคำนวณได้จากค่าพิกเซลที่มากที่สุดใน 3 เลเยอร์ เมื่อ Value แสดงค่าความสว่างของสี จึงถูกนำมาใช้ในการลบพิกเซลบริเวณที่มีความสว่างมากเกินไป ดังภาพ 37



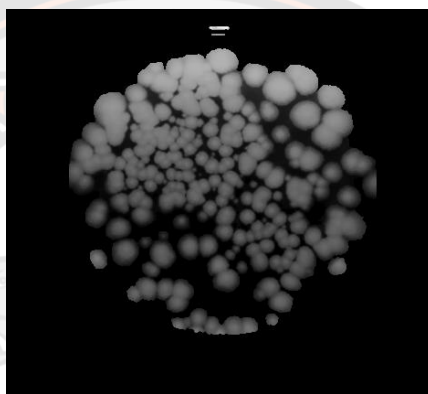
ภาพ 37 ภาพบริเวณที่สว่างของจานเพาะเชื้อ

เมื่อได้พื้นที่บริเวณขอบจานเพาะเชื้อที่สว่างเกิดจากการสะท้อนของแสงไฟแล้วนั้น จะทำการลบพื้นที่ดังกล่าว โดยให้พื้นที่บริเวณนั้นมีค่าพิกเซลเป็น 0 โดยการใช้เทคนิค เทรชโฮลด์ติงจะได้ภาพที่ 38 โดยใช้สมการ 3 การทดลองใช้ค่าขีดแบ่งที่ 10, 20, 30, ... , 250 พบว่าค่าขีดแบ่งที่เหมาะสมที่สุด คือ 60 เนื่องจากภาพไบนารีที่ได้จากค่าขีดแบ่งดังกล่าว ภาพปรากฏบริเวณที่สว่างได้ครบถ้วนและมีพื้นที่โคลนีน้อยที่สุด ทำให้สามารถลบพื้นที่ที่สว่างได้อย่างแม่นยำ



ภาพ 38 ภาพแสดงพื้นที่สว่างที่ถูกลบออกไป

การลบบริเวณขอบงานเพาะเชื้อที่สว่างออกไปนั้น ยังไม่สามารถแยกพื้นหลังและโคโลนีออกจากกันได้ เนื่องจากในภาพยังมีความขุ่นมัวของอาหารเลี้ยงเชื้อ ที่มีสีใกล้เคียงกับโคโลนี ซึ่งส่งผลต่อการแยกพื้นหลังและโคโลนีออกจากกัน การใช้เทคนิค พาวเวอร์ ลอร์ ทรานฟอร์ม (Power Law Transform) ซึ่งเป็นวิธีการขยายฮิสโตแกรมแบบไม่เป็นเชิงเส้น คือ ค่าพิกเซลทุกตำแหน่งของภาพต้นฉบับจะถูกยกกำลังด้วยค่าเท่ากับ 2.5 เพื่อเข้ามาแก้ไขปัญหาดังกล่าว แสดงดังภาพ 39



ภาพ 39 ภาพการลบความขุ่นมัว

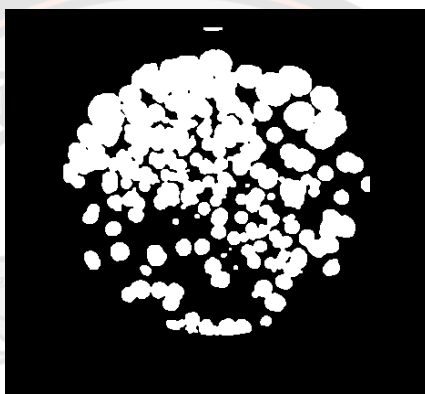
จะเห็นว่าพาวเวอร์ ลอร์ ทรานฟอร์มสามารถกำจัดความขุ่นมัวของอาหารเลี้ยงเชื้อได้เมื่อกำจัดความขุ่นมัวได้แล้วนั้นการแยกพื้นหลังและโคโลนีออกจากกัน วิธีที่เลือกใช้คือ เทรซโฮลด์ดิงในรูปแบบของอแดพทีฟ (Adaptive) ซึ่งขนาดของมาร์คที่ใช้แตกต่างกันไปตามจำนวนพิกเซลสีขาว ดังสมการ 13 ซึ่งได้จากการคำนวณหาสมการถดถอย

$$M = 0.0337 \times W - 723.78 \quad (13)$$

โดย M คือ ขนาดของมาร์คที่ได้จากการคำนวณพิกเซล

W คือ จำนวนพิกเซลสีขาวของภาพที่ใช้เทคนิคเทรซโฮลด์ดิง
ที่ค่าขีดแบ่ง 40

เมื่อได้ขนาดของมาร์คที่ได้จากการคำนวณพิกเซล (M) แล้วนั้นจะทำให้ขนาดมาร์คเป็นจำนวนเต็มคี่ เนื่องจากขนาดของมาร์คต้องเป็นจำนวนเต็มคี่เท่านั้น เริ่มต้นจากการปิดเศษทศนิยมทิ้งไป และตรวจสอบว่าเลขนั้นหาร 2 แล้วลงตัวหรือไม่ ถ้าลงตัวแสดงว่าขนาดมาร์คนั้นเป็นเลขคู่ จะทำการบวกค่าเพิ่มไปอีก 1 โดยอัตโนมัติ แต่ถ้าหาร 2 แล้วไม่ลงตัวแสดงว่าขนาดมาร์คนั้นเป็นเลขคี่อยู่แล้ว เมื่อได้ขนาดมาร์คที่แปรผันตามจำนวนของโคโลนีแล้วนั้น สามารถแยกโคโลนีออกจากพื้นหลังได้ แสดงดังภาพ 40

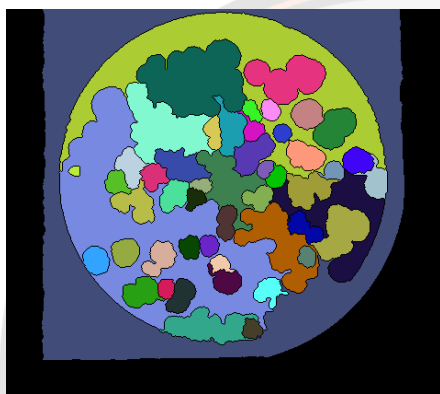


ภาพ 40 ภาพโคโลนีที่ถูกแยกออกจากพื้นหลัง

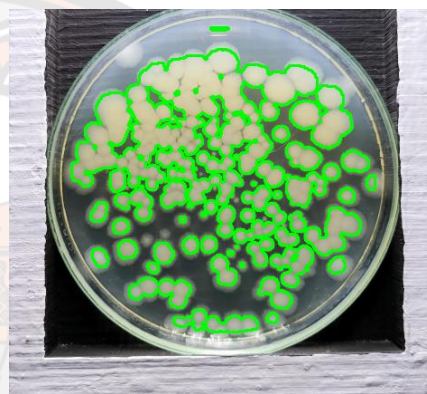
จากภาพ 40 จะเห็นได้ว่าโคโลนีของบาสซิลลัส ซีเรียสมีขนาดที่ต่างกันมาก ตั้งแต่ขนาดเล็ก 1 มิลลิเมตรไปจนถึงขนาดใหญ่กว่า 10 มิลลิเมตร ทำให้การแยกโคโลนีที่ติดกันไม่สามารถใช้ ฮัฟทรานส์ฟอร์ม เนื่องจากรูปร่างที่ไม่ใช่วงกลม จึงเลือกใช้วิธีวอเตอร์เชดทรานส์ฟอร์ม (Watershed transform) และวิธีดิสเทนทรานส์ฟอร์ม (Distance transform) แสดงดังภาพ 41

วิธีดิสเทนทรานส์ฟอร์มจะคำนวณหาระยะห่างจากจุดกึ่งกลางของวัตถุไปยังขอบของวัตถุ โดยปกติแล้วนั้นภาพไบนารีจะถูกกำหนดค่าระยะห่างระหว่างพิกเซลที่มีค่าไม่เท่ากับศูนย์ที่ใกล้ที่สุดของภาพไบนารีเอาไว้ ซึ่งสามารถนำค่าระยะห่างระหว่างพิกเซลที่มีค่าไม่เท่ากับศูนย์ที่ใกล้ที่สุดของภาพไบนารีออกมาแสดง

วอเตอร์เซตทรานส์จะคำนวณระยะทางด้วย Euclidian distance map (EDM) และหาจุด Ultimate eroded points (UEPs) ซึ่งเป็นจุดกลางของวัตถุแต่ละกลุ่ม เพื่อใช้เป็นจุดเริ่มต้น หรือจุดที่อยู่ศูนย์กลางที่คาดว่าจะเป็นชุดข้อมูลที่มีความแตกต่างกันออกจากกัน หลังจากได้จุดศูนย์กลางของข้อมูลแล้วก็จะหาพื้นที่รอบจุดศูนย์กลางโดยการขยายขนาดออกไปเรื่อย ๆ จนกว่าไปสัมผัสกับกลุ่มข้อมูลชุดอื่น ๆ ตำแหน่งที่มีการสัมผัสกันจะเป็นส่วนที่ใช้ในการแบ่งแยกด้วยการสร้างเส้นแบ่งข้อมูลออกเป็นแต่ละกลุ่ม



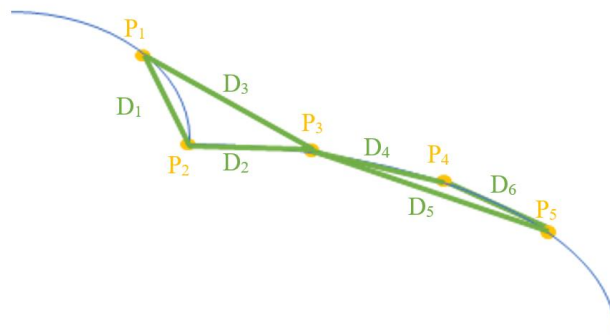
วอเตอร์เซตทรานส์ฟอร์ม



ดิสเทนทรานส์ฟอร์ม

ภาพ 41 ภาพการแยกโคโลนีที่ติดกัน

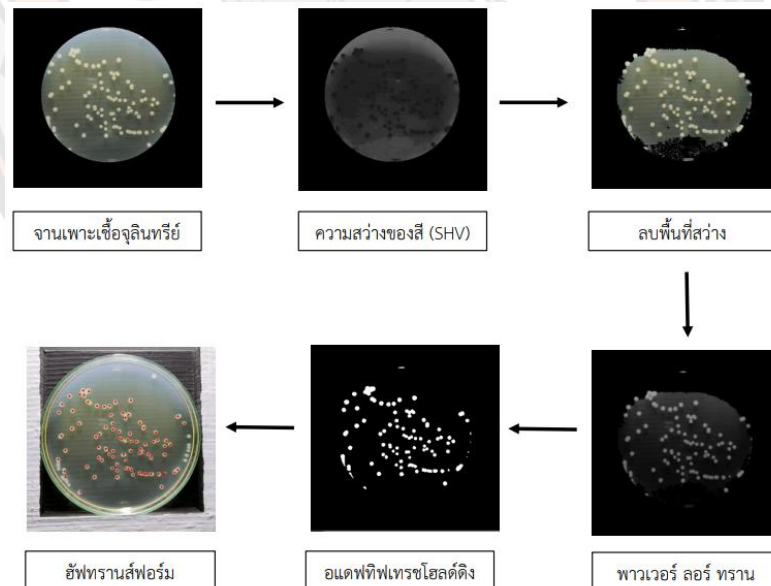
จากภาพ 41 เห็นได้ชัดเจนว่าวิธีวอเตอร์เซตทรานส์ฟอร์มและวิธีดิสเทนทรานส์ฟอร์ม ก็ไม่สามารถแยกโคโลนีที่ติดออกจากกันได้เช่นกัน แต่คอนทัวร์ (Contour) ที่ใช้ร่วมกับวิธีดิสเทนทรานส์ฟอร์มสามารถตรวจจับได้ดี จุดคอนเวกซ์ฮัล (Point Convex Hull) ค่าที่ได้จากการใช้คอนทัวร์ที่ถูกนำไปใช้วาดเส้นรอบรูป จึงถูกนำมาใช้ในการแยกจำนวนโคโลนี จากจุดคอนเวกซ์ฮัล โดยหลักการที่เลือกใช้ คือ การหาจุดที่เป็นจุดเว้าของพื้นที่โคโลนี จุดเว้า่นั้นจะสามารถแสดงจำนวนของโคโลนีที่เกาะกลุ่มกันได้ โดยการหาจุดเว้า่นั้น ทำได้โดยการหาระยะห่างระหว่างจุด เมื่อ $D_1 \approx D_2 \approx D_3$ แสดงว่าจุดนั้นเป็นจุดเว้า แต่ถ้า $2D_4 \approx D_5 \approx 2D_6$ แสดงว่าจุดนั้นไม่ใช่จุดเว้า แสดงดังภาพ 42 โดยจำนวนของจุดเว้าจะบ่งบอกถึงจำนวนโคโลนีในกลุ่มนั้น เช่นถ้ากลุ่มโคโลนีนั้นมีจุดเว้า 3 จุด แสดงถึงโคโลนี 3 เซลล์ แต่ถ้ากลุ่มโคโลนีนั้นมีจุดเว้า 4 จุด แสดงถึงโคโลนี 4 เซลล์ เช่นนี้



ภาพ 42 ภาพแสดงจุดเว้าคอนเวกซ์ฮัล

การนับจำนวนโคโลนีของกลุ่มโคลิฟอร์มแบคทีเรีย

การนับจำนวนโคโลนีของกลุ่มโคลิฟอร์มแบคทีเรียสามารถแสดงภาพรวมการทำงานของเทคนิคการประมวลผลภาพที่ใช้ในแต่ละขั้นตอนได้ดังภาพ 43



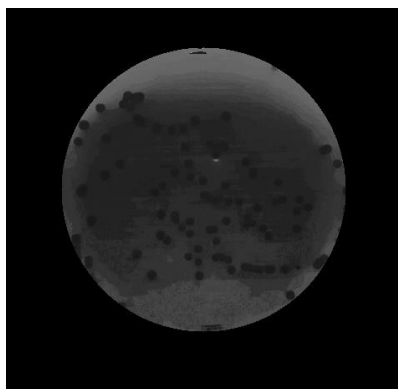
ภาพ 43 ภาพรวมการนับจำนวนโคโลนีของกลุ่มโคลิฟอร์มแบคทีเรีย

จากการเก็บข้อมูลโคโลนีจะเห็นได้ว่าเชื้อจุลินทรีย์เอสเซอร์เซีย โคลไค และเชื้อจุลินทรีย์แบคทีเรียโคลิฟอร์ม มีลักษณะใกล้เคียงกัน เนื่องจากเป็นจุลินทรีย์ในกลุ่มโคลิฟอร์มแบคทีเรียเช่นเดียวกัน เทคนิคการประมวลผลภาพเพื่อใช้ในการตรวจนับจำนวนโคโลนีของทั้ง 2 เชื้อนี้จึงเหมือนกัน ซึ่งโคโลนีมีลักษณะเป็นวงกลม ขนาดเล็กประมาณ 1 – 2 มิลลิเมตร ภาพงานเพาะเชื้อจุลินทรีย์กลุ่มโคลิฟอร์มแบคทีเรีย ดังภาพ 44



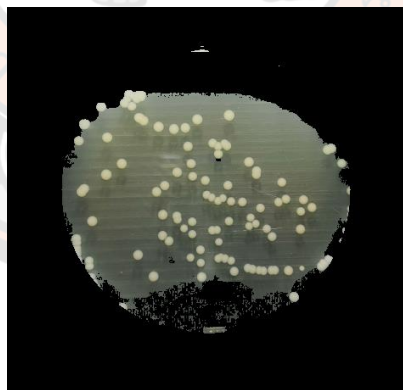
ภาพ 44 ภาพงานเพาะเชื้อ

จากภาพ 44 บริเวณงานเพาะเชื้อยังมีพื้นที่บริเวณขอบงานเพาะเชื้อที่สว่างเกิดจากการสะท้อนของแสงไฟ เพื่อง่ายต่อการแยกพื้นหลังและวัตถุออกจากกัน การลบพื้นที่บริเวณที่สว่างจะทำให้การแยกพื้นหลังและวัตถุง่ายขึ้น วิธีที่ใช้สำหรับการลบพื้นที่บริเวณที่สว่าง คือ ระบบสี HSV (Hue Saturation Value) โดยใช้ V (Value) คือความสว่างของสี ซึ่งสามารถวัดได้จากค่าความเข้มของความสว่างของแต่ละสีที่ประกอบกัน สามารถคำนวณได้จากค่าพิกเซลที่มากที่สุดภายใน 3 เลเยอร์ เมื่อ Value แสดงค่าความสว่างของสี จึงถูกนำมาใช้ในการลบพิกเซลบริเวณที่มีความสว่างมากเกินไป ดังภาพ 45



ภาพ 45 ภาพจานเพาะเชื้อจุลินทรีย์โคลิฟอร์มแบคทีเรีย

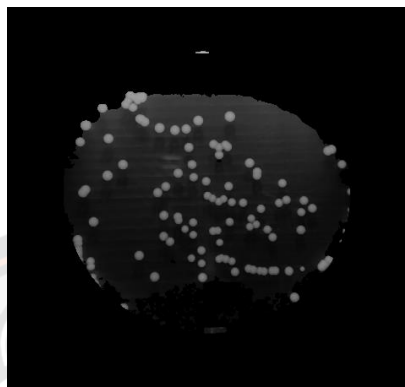
เมื่อได้พื้นที่บริเวณขอบจานเพาะเชื้อที่สว่าง ซึ่งเกิดจากการสะท้อนของแสงไฟแล้ว จะทำการลบพื้นที่ดังกล่าว โดยให้พื้นที่บริเวณนั้นมีค่าพิกเซลเป็น 0 โดยการใช้เทคนิค เทรซโฮลด์ติงจะได้ภาพที่ 46 โดยใช้สมการ 3 การทดลองใช้ค่าขีดแบ่งที่ 10, 20, 30, ... , 250 พบว่าค่าขีดแบ่งที่เหมาะสมที่สุด คือ 60 เนื่องจากภาพไบนารีที่ได้จากค่าขีดแบ่งดังกล่าว ปรากฏบริเวณที่สว่างได้ครบถ้วนและมีพื้นที่โคโลนีน้อยที่สุด ทำให้สามารถลบพื้นที่ที่สว่างได้อย่างแม่นยำ



ภาพ 46 ภาพแสดงพื้นที่สว่างที่ถูกลบออกไป

การลบบริเวณขอบจานเพาะเชื้อที่สว่างออกไปนั้น ยังไม่สามารถแยกพื้นหลังและโคโลนีออกจากกันได้ เนื่องจากในภาพยังมีความขุ่นมัวของอาหารเลี้ยงเชื้อ ที่มีสีใกล้เคียงกับโคโลนี ซึ่งส่งผลต่อการแยกพื้นหลังและโคโลนีออกจากกัน การใช้เทคนิค พาวเวอร์ ลอร์ ทรานส์ฟอร์ม (Power Law Transform) ซึ่งเป็นวิธีการขยายฮิสโตแกรมแบบไม่เป็นเชิงเส้น คือ ค่าพิกเซลทุก

ตำแหน่งของภาพต้นฉบับจะถูกยกกำลังด้วยค่าเท่ากับ 2.5 เพื่อเข้ามาแก้ไขปัญหาดังกล่าว แสดงดังภาพ 47



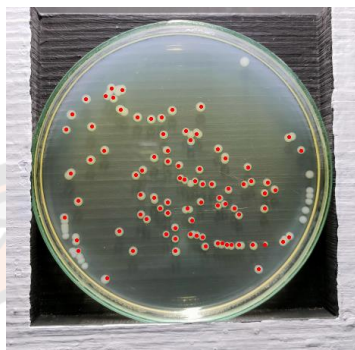
ภาพ 47 ภาพการลบความขุ่นมัว

จะเห็นได้ว่าพาวเวอร์ ลอร์ ทรานฟอร์มสามารถกำจัดความขุ่นมัวของอาหารเลี้ยงเชื้อได้เมื่อกำจัดความขุ่นมัวได้แล้วนั้นการแยกพื้นหลังและโคโลนีออกจากกัน วิธีที่เลือกใช้คือเทรชโฮลด์ดึงในรูปแบบของอแดพทีฟ (Adaptive) ซึ่งขนาดของมาร์คที่ใช้ คือ 111×111 ซึ่งสามารถแยกโคโลนีออกจากพื้นหลังได้ แสดงดังภาพ 48



ภาพ 48 ภาพโคโลนีที่ถูกแยกออกจากพื้นหลัง

จากภาพ 48 จะเห็นว่าโคโลนีของบาซิลลัส ซีเรียสมีขนาดที่ไม่ต่างกันมาก ทำให้การแยกโคโลนีที่ติดกันสามารถใช้วิธีฟทรานส์ฟอร์มได้ เนื่องจากโคโลนีมีขนาดใกล้เคียงกัน รวมถึงรูปร่างที่คล้ายคลึงกัน จึงใช้ฟทรานส์ฟอร์ม ในการแยกโคโลนีที่ติดกัน แสดงดังภาพ 49

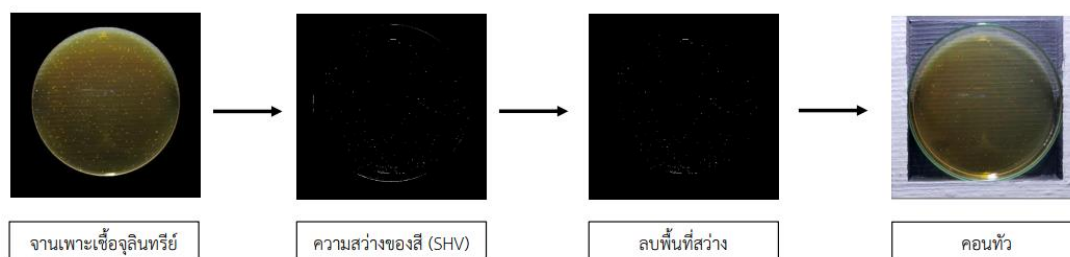


ภาพ 49 ภาพการแยกโคโลนีที่ติดกัน

จากภาพ 49 เห็นได้ชัดเจนว่าวิธีฟทรานส์ฟอร์มสามารถแยกโคโลนีที่ติดกันได้อย่างแม่นยำ เพื่อป้องกันการนับโคโลนีที่เกิดจากสัญญาณรบกวน จึงมีฟังก์ชันสำหรับการตรวจสอบการมีอยู่ของโคโลนี เนื่องจากค่าที่ได้จากการใช้เทคนิคฮัฟทรานส์ฟอร์มคือค่าจุดศูนย์กลางและค่ารัศมีของวงกลม ฟังก์ชันทำงานโดยใช้ 2 เงื่อนไข คือ จุดศูนย์กลางตรวจสอบว่ามีพิกเซลสีขาวและค่ารัศมีนำมาสร้างพื้นที่ครอบโคโลนีไว้และทำการนับจำนวนพิกเซล ถ้าพิกเซลสีขาวมีมากกว่าครึ่งหนึ่งของพื้นที่ที่ครอบโคโลนีอยู่ ถ้าผ่านทั้ง 2 เงื่อนไขนี้ บ่งบอกถึงการมีอยู่จริงของโคโลนี ไม่ได้เป็นการตรวจจับสัญญาณรบกวน

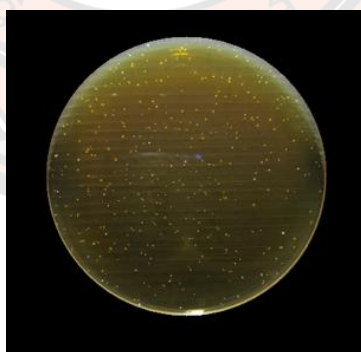
การนับจำนวนโคโลนีของแบคทีเรียกรดแลคติก

การนับจำนวนโคโลนีของแบคทีเรียกรดแลคติกสามารถแสดงภาพรวมการทำงานของเทคนิคการประมวลผลภาพที่ใช้ในแต่ละขั้นตอนได้ดังภาพ 50



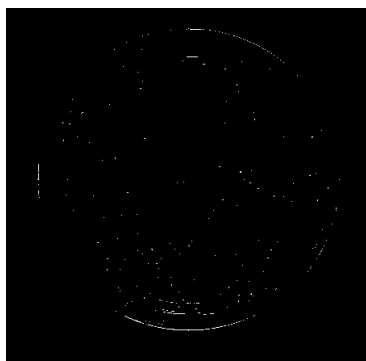
ภาพ 50 ภาพรวมการนับจำนวนโคโลนีของแบคทีเรียกรดแลคติก

จากการเก็บข้อมูลโคโลนีจะเห็นได้ว่าเชื้อจุลินทรีย์แบคทีเรียกรดแลคติก มีลักษณะไม่แน่ชัด มีขนาดเล็กประมาณ 0.5 – 1 มิลลิเมตร แสดงภาพจานเพาะเชื้อจุลินทรีย์แบคทีเรียกรดแลคติก ดังภาพ 51



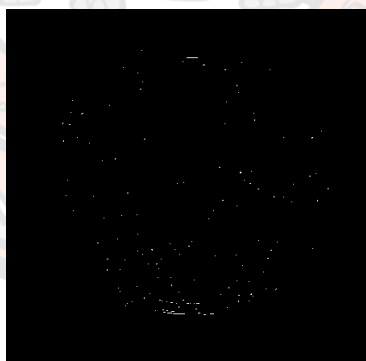
ภาพ 51 ภาพจานเพาะเชื้อ

จากภาพ 51 โคโลนีที่เจริญบนจานเพาะเชื้อสามารถแยกออกจากพื้นหลังได้ด้วยเทคนิคเทรซโฮลด์ดิ้งในรูปแบบของอแดปทีฟ (Adaptive) ซึ่งขนาดของมาร์คที่ใช้คือ 5X5 ซึ่งสามารถแยกโคโลนีที่มีขนาดเล็กออกจากพื้นหลังได้ แสดงดังภาพ 52



ภาพ 52 ภาพโคโลนิที่ถูกแยกออกจากพื้นหลัง

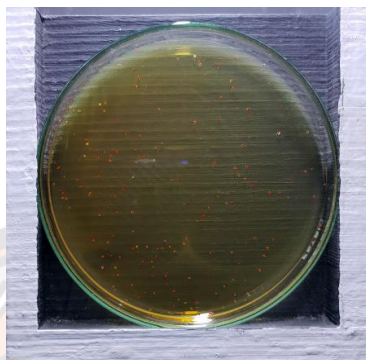
จากภาพ 52 จะเห็นได้ว่าบริเวณขอบของงานเพาะเชื้อยังปรากฏอยู่ในภาพ ซึ่งนั่นจะเป็นปัญหาสำหรับการคอนทัวร์ (Contour) นับโคโลนิ จึงสร้างมาร์ควงกลมที่มีขนาดและจุดศูนย์กลางเท่ากับภาพ 52 เพียงแต่รัศมีของวงกลมนั้นถูกลดลงมาจำนวน 5 พิกเซลเพื่อกำจัดพิกเซลบริเวณขอบงานเพาะเชื้อออกไป แสดงดังภาพ 53



ภาพ 53 ภาพโคโลนิที่กำจัดพิกเซลขอบเขตออกไป

จากภาพ 53 พิกเซลบริเวณขอบงานเพาะเชื้อได้ถูกกำจัดออกไปแล้ว ปัญหาที่พบต่อมาก็คือพื้นที่บางส่วนเกิดแสงสะท้อนทำให้พื้นที่นั้นสว่างกว่าพื้นที่ที่เป็นพื้นหลัง ทำให้การคอนทัวร์ (Contour) นับพื้นที่บริเวณนั้นเป็นโคโลนิ เพื่อแก้ปัญหาดังกล่าวพื้นที่ที่เกิดจากแสงสะท้อนจะมี

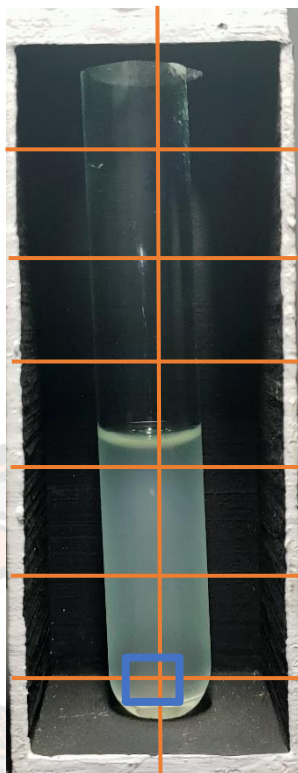
พื้นที่และขนาดที่ใหญ่กว่าโคโลนี ในการนับโคโลนีจึงมีการกำหนดพื้นที่และขนาดความกว้างและความยาวของพื้นที่ เพื่อเพิ่มความแม่นยำในการตรวจนับมากยิ่งขึ้น แสดงดังภาพ 54



ภาพ 54 ภาพการนับโคโลนี

การสกัดค่าพิกเซลจากความขุ่น

จากการเก็บข้อมูลถ่ายภาพหลอดทดลองจะเห็นได้ว่าจุลินทรีย์ทั้ง 4 ชนิดนั้น มีค่าพิกเซลแตกต่างกันออกไป ดังภาพ 55 ซึ่งการสกัดค่าพิกเซลจากความขุ่น เริ่มต้นจากการตรวจนับกล้องบรรจุหลอดทดลอง (อธิบายในหัวข้อที่ผ่านมา) จากนั้นจะแบ่งภาพแนวตั้งเป็น 2 ส่วน ส่วนละเท่า ๆ กัน และแบ่งภาพแนวนอนเป็น 7 ส่วน ส่วนละเท่า ๆ กัน และสร้างพื้นที่ในการสกัดค่าพิกเซลจากตำแหน่งอ้างอิง ขนาด 10×10 พิกเซล แสดงดังภาพ 51 และแสดงรายละเอียดการสกัดค่าพิกเซล ดังตาราง 2, 3, 4 และ 5





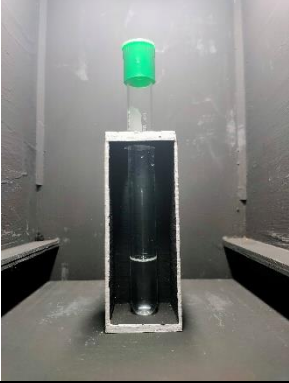
ภาพ 55 ภาพแสดงตำแหน่งที่สกัดค่าฟิกเซล

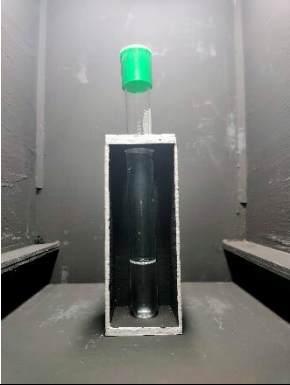
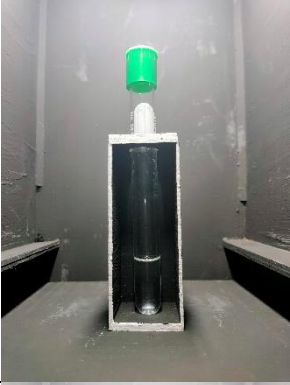
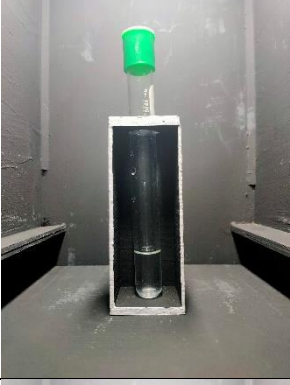
การวิเคราะห์ข้อมูล

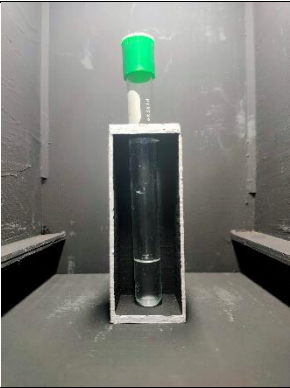
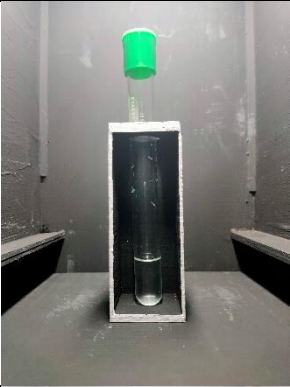
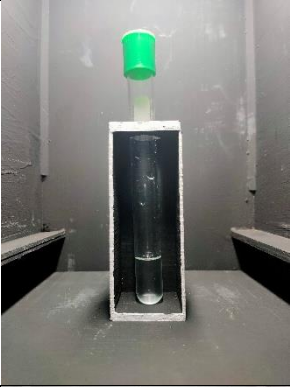
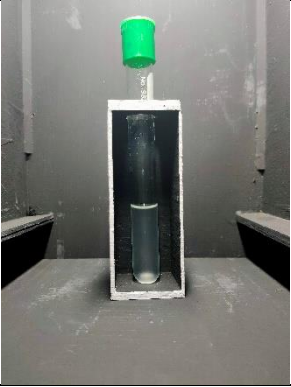
จากการเก็บข้อมูลภาพถ่ายความชุ่มชื้นในหลอดทดลอง ภาพถ่ายโคลนินในงานเพาะเชื้อ ค่าความทึบแสง จำนวนโคลนินในงานเพาะเชื้อ ข้อมูลที่มีความเชื่อมโยงกันคือ ค่าความทึบแสงมีความสัมพันธ์กับโคลนินฟอร์มมิงยูนิต ค่าระดับเทาจากภาพถ่ายความชุ่มชื้นในหลอดทดลองมีความสัมพันธ์กับค่าความทึบแสง

จากการเก็บข้อมูลค่าความทึบแสงของเชื้อจุลินทรีย์แต่ละชนิด การเก็บค่าความทึบแสงและถ่ายรูปลอดทดลอง ณ ความชุ่มชื้น ๆ ภาพถ่ายหลอดทดลองจะถูกสกัดค่าระดับเทาของฟิกเซลบริเวณที่เป็นความชุ่มชื้น โดยใช้เทคนิคการประมวลผลภาพ ซึ่งจะอธิบายวิธีการดำเนินการในหัวข้อที่ผ่านมา ภาพถ่ายหลอดทดลอง ค่าความทึบแสง และค่าฟิกเซลบริเวณที่เป็นความชุ่มชื้นสามารถแสดงความสัมพันธ์ของข้อมูล เชื้อบาซิลลัส ซีเรียส ดังตาราง 2

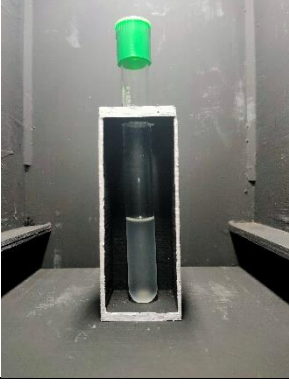
ตาราง 2 แสดงความสัมพันธ์ของข้อมูล เชื้อบาซิลลัส ซีเรียส

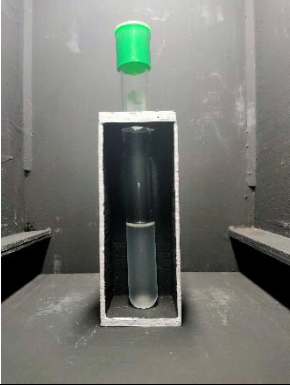
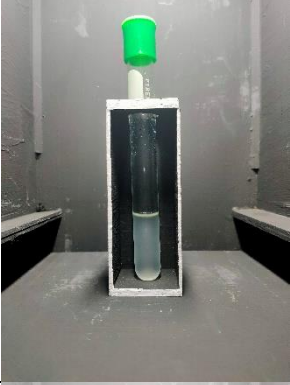
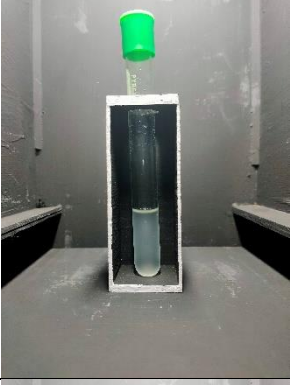
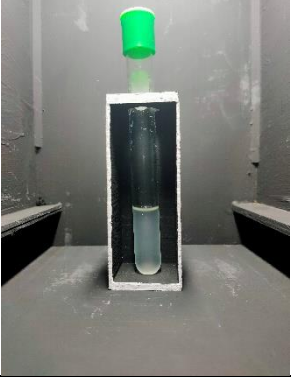
ภาพถ่ายหลอดทดลอง	ค่า ความ ทึบแสง	ค่าฟิกเชล				
		ค่าน้อย ที่สุด	ค่ามาก ที่สุด	ค่าเฉลี่ย	ค่า มาตรฐาน	ค่าฐาน นิยม
	0.022	21	91	34	32	31
	0.022	22	82	35	32	31
	0.028	20	79	38	34	33

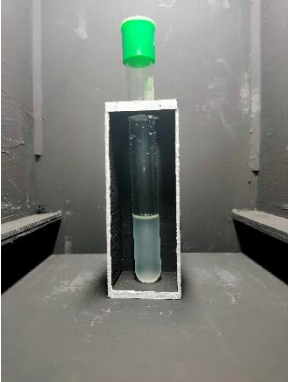
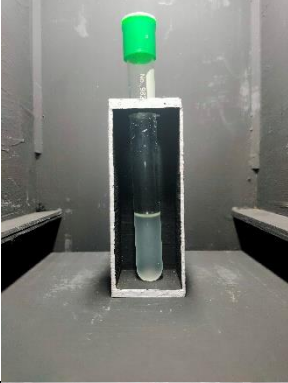
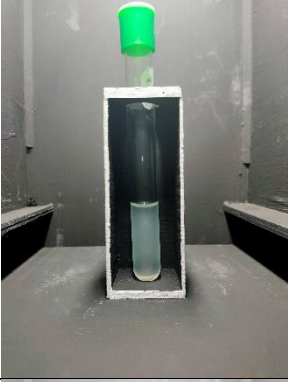
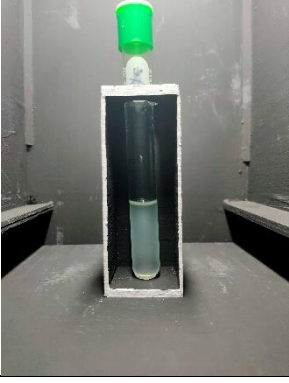
ภาพถ่ายหลอดทดลอง	ค่า ความ ทึบแสง	ค่าฟิกเชล				
		ค่าน้อย ที่สุด	ค่ามาก ที่สุด	ค่าเฉลี่ย	ค่า มัธยฐาน	ค่าฐาน นิยม
	0.022	24	99	42	39	37
	0.024	25	99	48	36	28
	0.086	32	99	52	49	52
	0.084	28	68	39	39	39

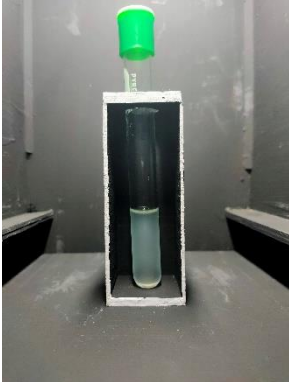
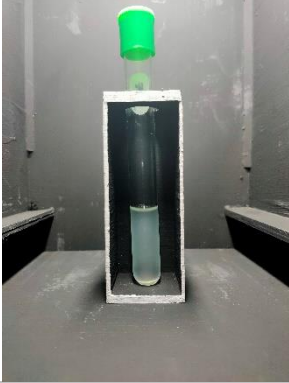
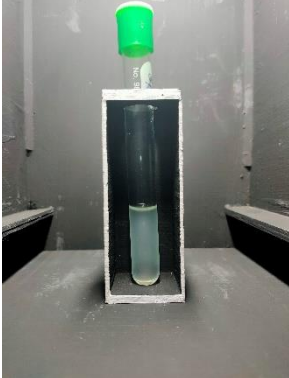
ภาพถ่ายหลอดทดลอง	ค่า ความ ทึบแสง	ค่าพิกเซล				
		ค่าน้อย ที่สุด	ค่ามาก ที่สุด	ค่าเฉลี่ย	ค่า มัธยฐาน	ค่าฐาน นิยม
	0.089	32	62	42	42	44
	0.081	31	75	42	41	48
	0.083	27	110	42	39	39
	0.206	63	92	72	72	72

ภาพถ่ายหลอดทดลอง	ค่า ความ ทึบแสง	ค่าพิกเซล				
		ค่าน้อย ที่สุด	ค่ามาก ที่สุด	ค่าเฉลี่ย	ค่า มัธยฐาน	ค่าฐาน นิยม
	0.204	67	97	76	74	71
	0.204	78	90	76	76	76
	0.200	61	79	69	78	78
	0.204	64	90	71	78	78

ภาพถ่ายหลอดทดลอง	ค่า ความ ทึบแสง	ค่าพิกเซล				
		ค่าน้อย ที่สุด	ค่ามาก ที่สุด	ค่าเฉลี่ย	ค่า มัธยฐาน	ค่าฐาน นิยม
	0.406	70	105	88	78	77
	0.410	67	107	88	78	76
	0.404	67	97	77	75	74
	0.403	67	95	78	78	78

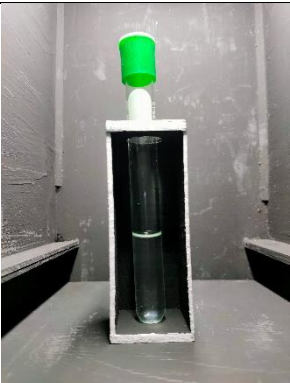
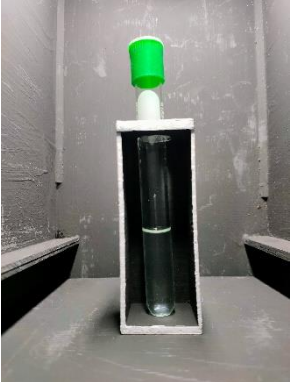
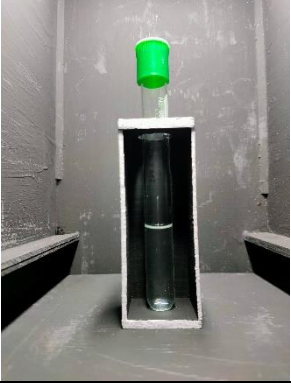
ภาพถ่ายหลอดทดลอง	ค่า ความ ทึบแสง	ค่าฟิกเชล				
		ค่าน้อย ที่สุด	ค่ามาก ที่สุด	ค่าเฉลี่ย	ค่า มัธยฐาน	ค่าฐาน นิยม
	0.405	68	104	76	74	74
	0.601	96	118	107	108	108
	0.606	101	115	107	108	109
	0.606	94	118	106	107	108

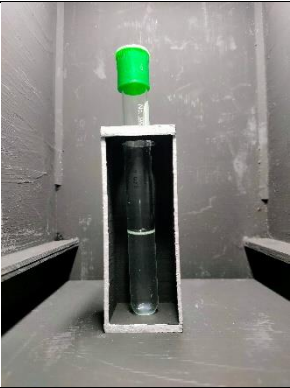
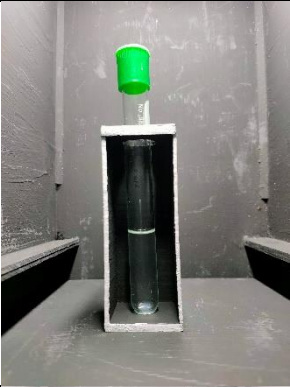
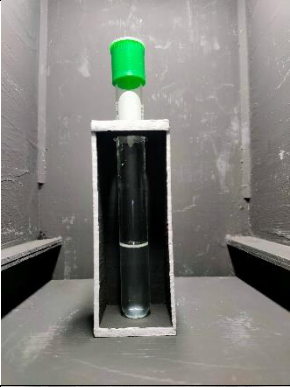

ภาพถ่ายหลอดทดลอง	ค่า ความ ทึบแสง	ค่าพิกเซล				
		ค่าน้อย ที่สุด	ค่ามาก ที่สุด	ค่าเฉลี่ย	ค่า มัธยฐาน	ค่าฐาน นิยม
	0.606	94	118	105	107	108
	0.607	97	114	105	105	105
	0.811	102	114	108	108	109
	0.806	95	112	105	106	106

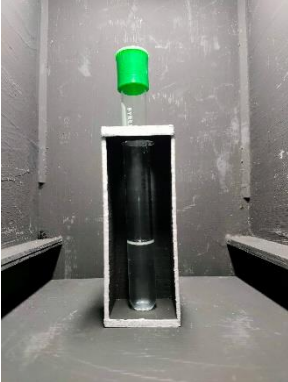
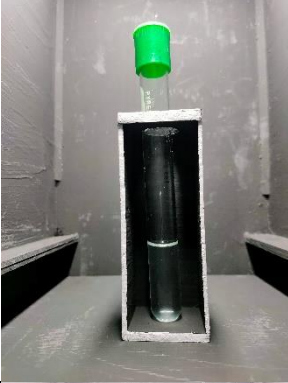
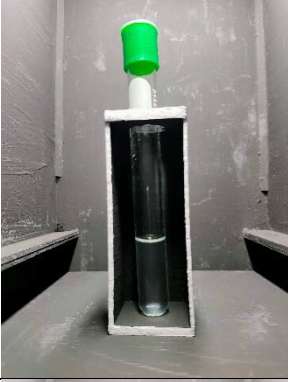
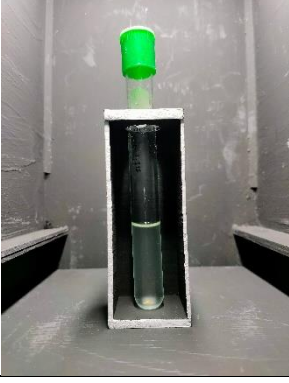
ภาพถ่ายหลอดทดลอง	ค่า ความ ทึบแสง	ค่าฟิกเชล				
		ค่าน้อย ที่สุด	ค่ามาก ที่สุด	ค่าเฉลี่ย	ค่า มัธยฐาน	ค่าฐาน นิยม
	0.802	90	105	98	99	99
	0.804	103	117	109	110	111
	0.804	101	112	106	107	108

ภาพถ่ายหลอดทดลอง ค่าความทึบแสง และค่าฟิกเชลบริเวณที่เป็นความขุ่น สามารถแสดงความสัมพันธ์ของข้อมูล เชื้อเอสเชอริเชีย โคลิ ดังตาราง 3

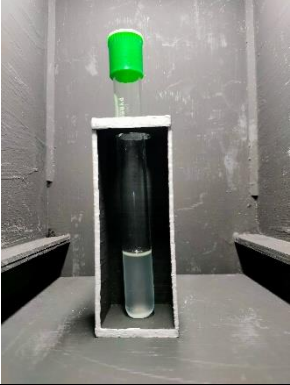
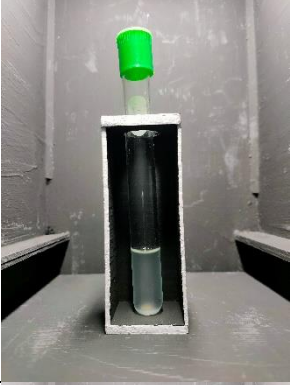
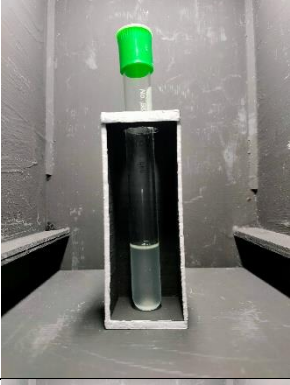
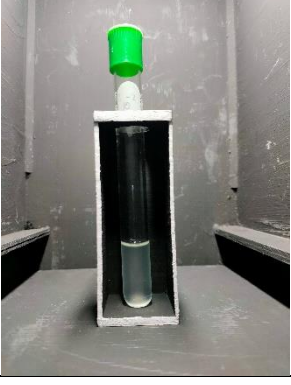
ตาราง 3 แสดงความสัมพันธ์ของข้อมูล เชื้อเอสเซอร์เรีย โคไล

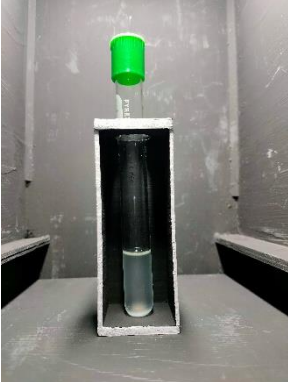
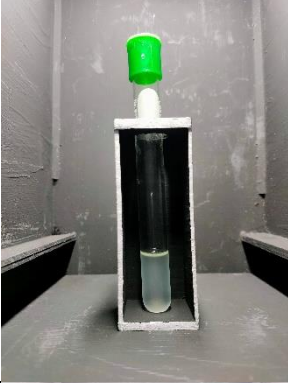
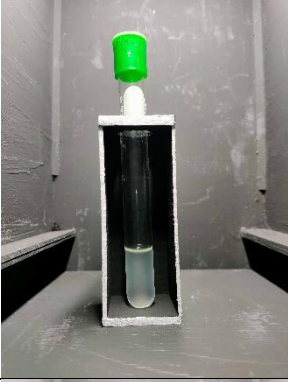
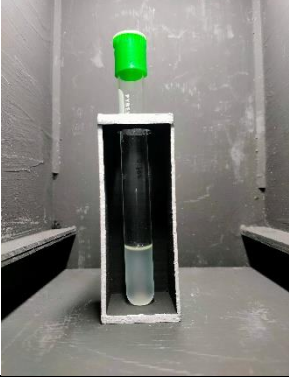
ภาพถ่ายหลอดทดลอง	ค่า ความ ทึบแสง	ค่าฟิกเชล				
		ค่าน้อย ที่สุด	ค่ามาก ที่สุด	ค่าเฉลี่ย	ค่า มัธยฐาน	ค่าฐาน นิยม
	0.062	41	116	57	54	54
	0.062	40	117	58	56	52
	0.062	44	84	60	59	58

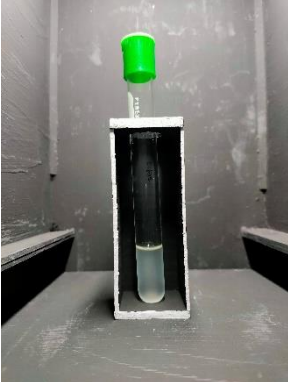
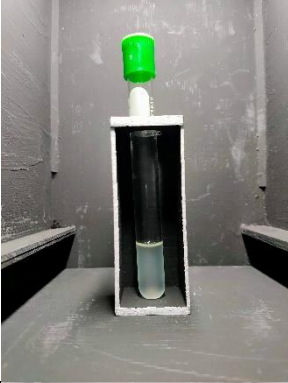
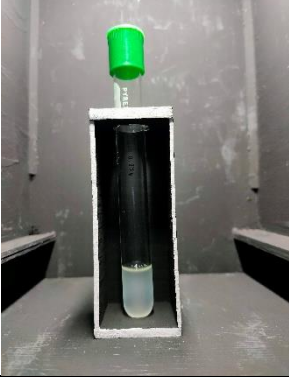
ภาพถ่ายหลอดทดลอง	ค่า ความ ทึบแสง	ค่าฟิกเชล				
		ค่าน้อย ที่สุด	ค่ามาก ที่สุด	ค่าเฉลี่ย	ค่า มัธยฐาน	ค่าฐาน นิยม
	0.062	50	79	60	61	62
	0.062	50	79	60	61	62
	0.082	36	87	53	54	57
	0.082	48	78	59	59	59

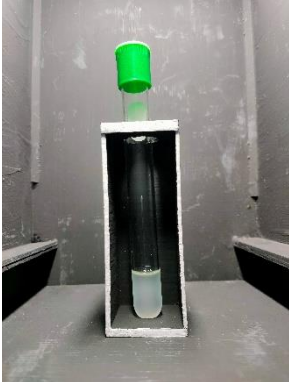
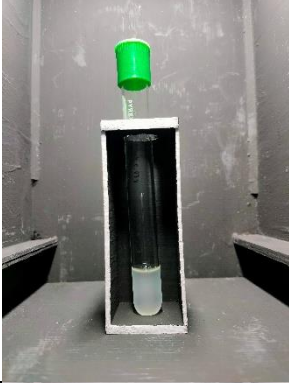

ภาพถ่ายหลอดทดลอง	ค่า ความ ทึบแสง	ค่าฟิกเชล				
		ค่าน้อย ที่สุด	ค่ามาก ที่สุด	ค่าเฉลี่ย	ค่า มัธยฐาน	ค่าฐาน นิยม
	0.082	45	81	58	58	56
	0.082	38	78	49	48	47
	0.082	24	60	43	45	47
	0.215	65	106	77	74	72

ภาพถ่ายหลอดทดลอง	ค่า ความ ทึบแสง	ค่าฟิกเชล				
		ค่าน้อย ที่สุด	ค่ามาก ที่สุด	ค่าเฉลี่ย	ค่า มัธยฐาน	ค่าฐาน นิยม
	0.215	54	107	75	75	77
	0.215	66	106	78	77	76
	0.215	61	95	72	70	69
	0.215	59	106	71	69	69

ภาพถ่ายหลอดทดลอง	ค่า ความ ทึบแสง	ค่าพิกเซล				
		ค่าน้อย ที่สุด	ค่ามาก ที่สุด	ค่าเฉลี่ย	ค่า มัธยฐาน	ค่าฐาน นิยม
	0.400	71	121	89	90	93
	0.400	89	114	96	95	95
	0.400	79	107	90	90	90
	0.400	80	121	90	87	85

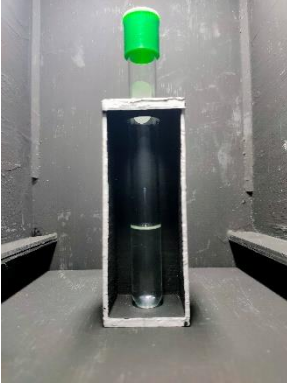
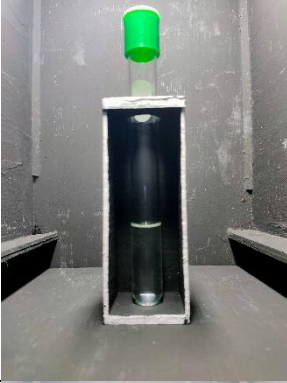
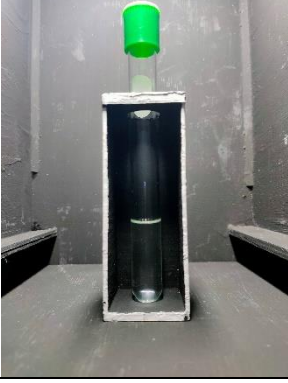
ภาพถ่ายหลอดทดลอง	ค่า ความ ทึบแสง	ค่าพิกเซล				
		ค่าน้อย ที่สุด	ค่ามาก ที่สุด	ค่าเฉลี่ย	ค่า มัธยฐาน	ค่าฐาน นิยม
	0.400	75	126	96	95	95
	0.607	107	125	113	112	111
	0.607	113	130	119	118	118
	0.607	113	130	118	118	118

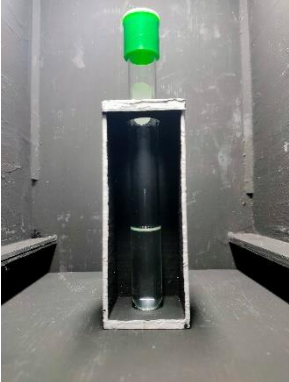
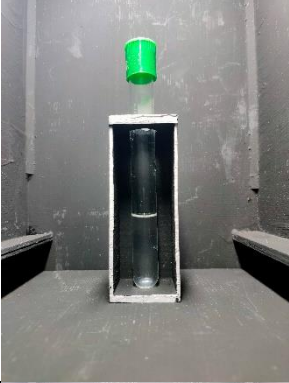
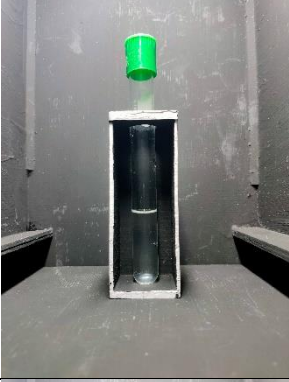
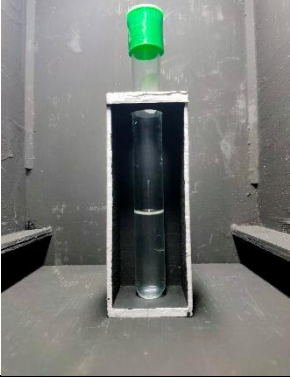
ภาพถ่ายหลอดทดลอง	ค่า ความ ทึบแสง	ค่าฟิกเชล				
		ค่าน้อย ที่สุด	ค่ามาก ที่สุด	ค่าเฉลี่ย	ค่า มัธยฐาน	ค่าฐาน นิยม
	0.607	107	120	111	112	111
	0.607	115	127	119	120	120
	0.876	134	145	140	141	142
	0.876	149	159	155	156	156

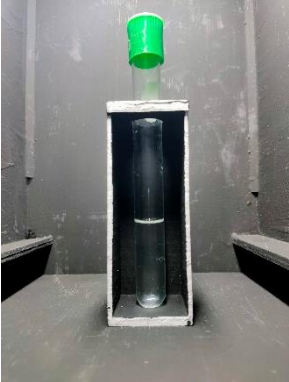
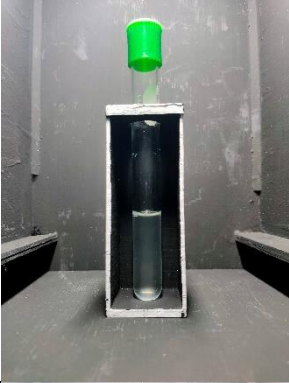
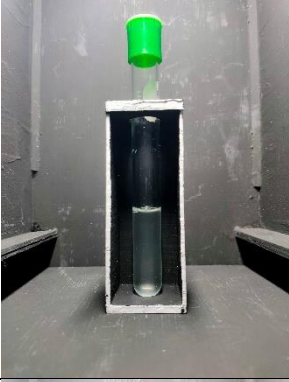
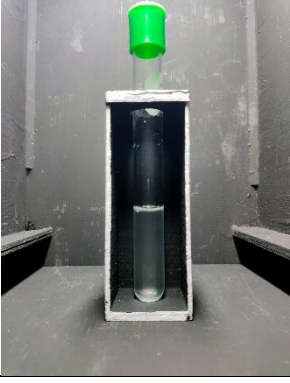
ภาพถ่ายหลอดทดลอง	ค่า ความ ทึบแสง	ค่าพิกเซล				
		ค่าน้อย ที่สุด	ค่ามาก ที่สุด	ค่าเฉลี่ย	ค่า มัธยฐาน	ค่าฐาน นิยม
	0.876	146	160	154	155	156
	0.876	141	155	150	152	152
	0.876	147	155	151	152	152

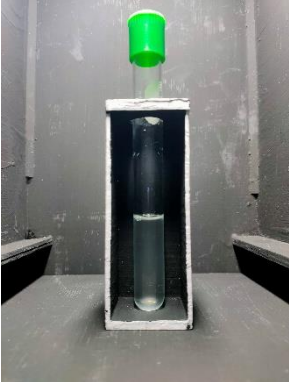
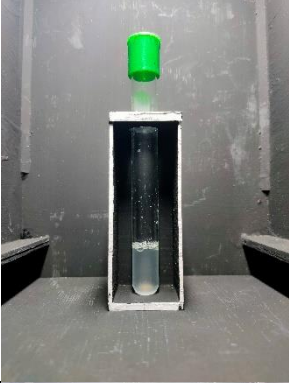
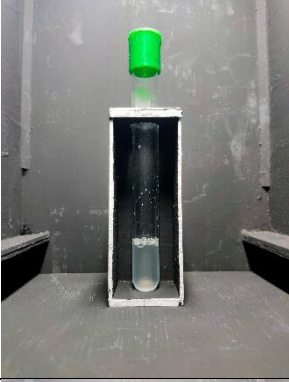
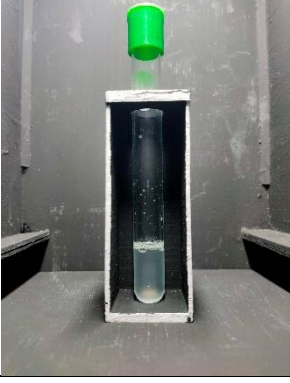
ภาพถ่ายหลอดทดลอง ค่าความทึบแสง และค่าพิกเซลบริเวณที่เป็นความขุ่น สามารถแสดงความสัมพันธ์ของข้อมูล เชื้อแบคทีเรียโคลิฟอร์ม ดังตาราง 4

ตาราง 4 แสดงความสัมพันธ์ของข้อมูล เชื้อแบคทีเรียโคลิฟอร์ม

ภาพถ่ายหลอดทดลอง	ค่า ความ ทึบแสง	ค่าพิทเชล				
		ค่าน้อย ที่สุด	ค่ามาก ที่สุด	ค่าเฉลี่ย	ค่า มัธยฐาน	ค่าฐาน นิยม
	0.065	45	85	56	55	53
	0.065	46	81	57	56	57
	0.065	45	85	53	52	52

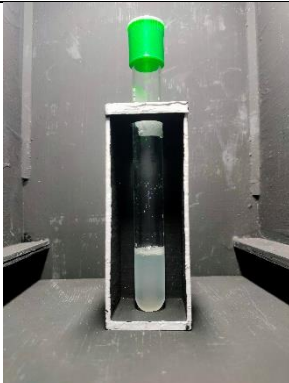
ภาพถ่ายหลอดทดลอง	ค่า ความ ทึบแสง	ค่าพิกเซล				
		ค่าน้อย ที่สุด	ค่ามาก ที่สุด	ค่าเฉลี่ย	ค่า มัธยฐาน	ค่าฐาน นิยม
	0.065	43	88	52	51	51
	0.087	52	86	63	62	59
	0.087	53	98	64	63	61
	0.087	59	99	70	68	64

ภาพถ่ายหลอดทดลอง	ค่า ความ ทึบแสง	ค่าพิกเซล				
		ค่าน้อย ที่สุด	ค่ามาก ที่สุด	ค่าเฉลี่ย	ค่า มัธยฐาน	ค่าฐาน นิยม
	0.087	57	98	69	67	64
	0.207	65	89	73	71	71
	0.207	64	89	72	72	71
	0.207	68	90	75	74	73

ภาพถ่ายหลอดทดลอง	ค่า ความ ทึบแสง	ค่าฟิกเชล				
		ค่าน้อย ที่สุด	ค่ามาก ที่สุด	ค่าเฉลี่ย	ค่า มัธยฐาน	ค่าฐาน นิยม
	0.207	69	92	76	75	73
	0.406	86	160	99	96	95
	0.406	94	148	105	102	102
	0.406	98	162	110	108	105

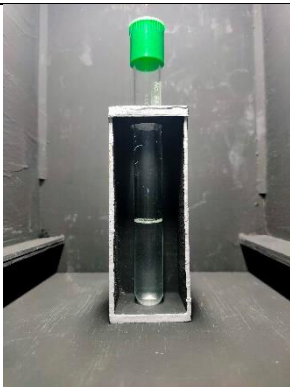
ภาพถ่ายหลอดทดลอง	ค่า ความ ทึบแสง	ค่าพิกเซล				
		ค่าน้อย ที่สุด	ค่ามาก ที่สุด	ค่าเฉลี่ย	ค่า มัธยฐาน	ค่าฐาน นิยม
	0.406	99	161	110	108	104
	0.616	115	125	121	121	122
	0.616	117	127	121	122	123
	0.616	114	122	117	118	117

ภาพถ่ายหลอดทดลอง	ค่า ความ ทึบแสง	ค่าพิกเซล				
		ค่าน้อย ที่สุด	ค่ามาก ที่สุด	ค่าเฉลี่ย	ค่า มัธยฐาน	ค่าฐาน นิยม
	0.616	117	126	121	122	122
	0.811	133	138	135	136	136
	0.811	134	139	136	136	136
	0.811	132	138	135	135	135

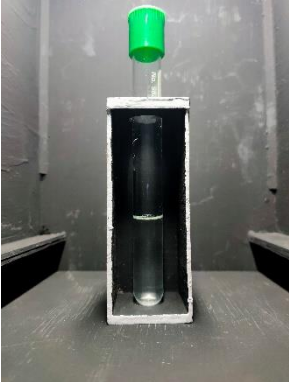
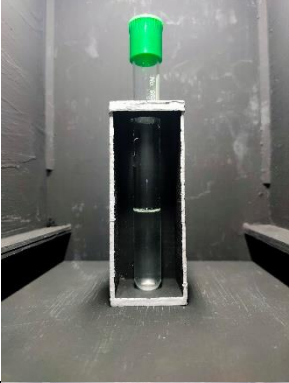
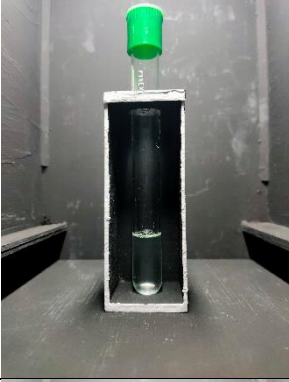
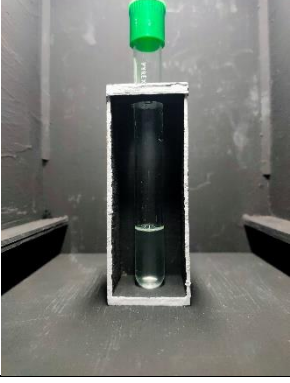
ภาพถ่ายหลอดทดลอง	ค่า ความ ทึบแสง	ค่าพิกเซล				
		ค่าน้อย ที่สุด	ค่ามาก ที่สุด	ค่าเฉลี่ย	ค่า มัธยฐาน	ค่าฐาน นิยม
	0.811	133	138	135	135	135

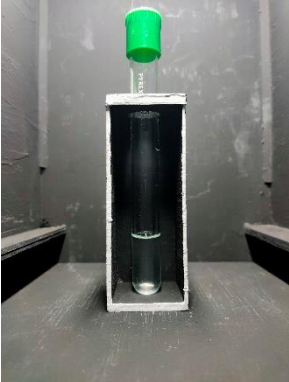
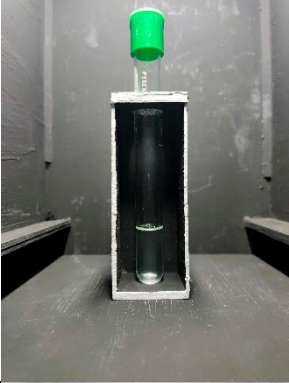
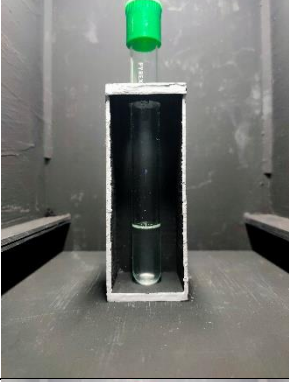
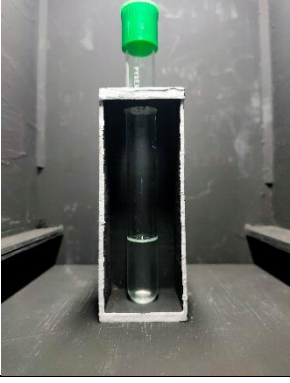
ภาพถ่ายหลอดทดลอง ค่าความทึบแสง และค่าพิกเซลบริเวณที่เป็นความขุ่น สามารถแสดงความสัมพันธ์ของข้อมูล เชื้อแบคทีเรียกรดแลคติก ดังตาราง 5

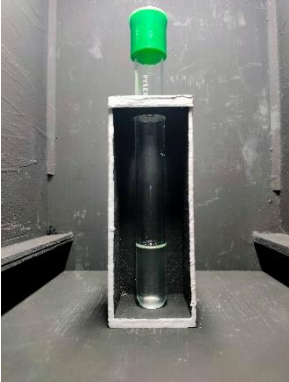
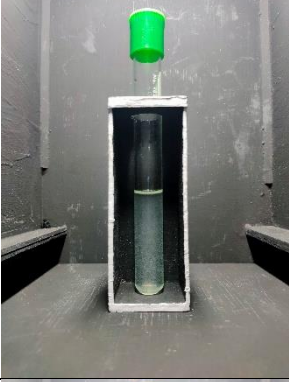
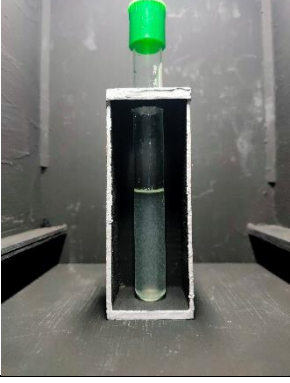
ตาราง 5 แสดงความสัมพันธ์ของข้อมูล เชื้อแบคทีเรียกรดแลคติก

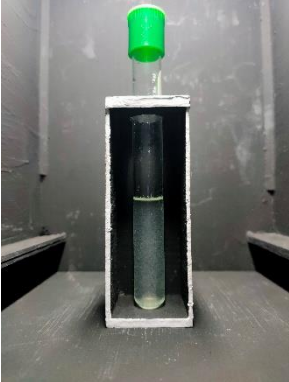
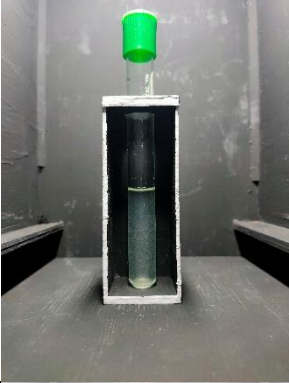
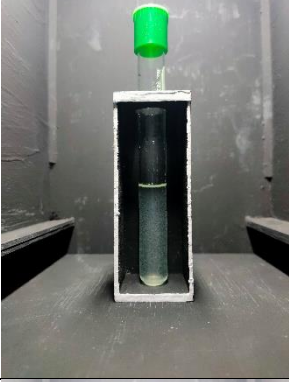
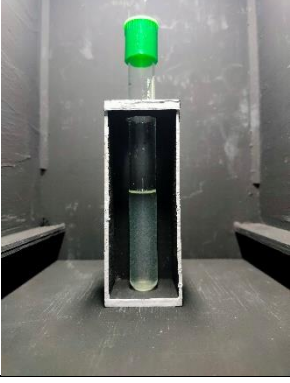
ภาพถ่ายหลอดทดลอง	ค่า ความ ทึบแสง	ค่าพิกเซล				
		ค่าน้อย ที่สุด	ค่ามาก ที่สุด	ค่าเฉลี่ย	ค่า มัธยฐาน	ค่าฐาน นิยม
	0.067	60	100	76	76	74

ภาพถ่ายหลอดทดลอง	ค่า ความ ทึบแสง	ค่าฟิกเชล				
		ค่าน้อย ที่สุด	ค่ามาก ที่สุด	ค่าเฉลี่ย	ค่า มัธยฐาน	ค่าฐาน นิยม
	0.067	60	97	74	74	72
	0.067	58	102	75	75	70
	0.067	60	105	74	73	71
	0.067	57	98	71	68	67

ภาพถ่ายหลอดทดลอง	ค่า ความ ทึบแสง	ค่าฟิกเชล				
		ค่าน้อย ที่สุด	ค่ามาก ที่สุด	ค่าเฉลี่ย	ค่า มัธยฐาน	ค่าฐาน นิยม
	0.067	62	107	75	73	71
	0.067	63	109	76	75	72
	0.079	42	61	49	49	49
	0.079	44	73	52	52	52

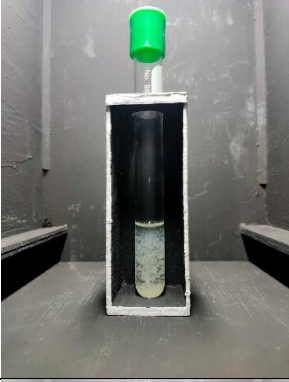
ภาพถ่ายหลอดทดลอง	ค่า ความ ทึบแสง	ค่าฟิกเชล				
		ค่าน้อย ที่สุด	ค่ามาก ที่สุด	ค่าเฉลี่ย	ค่า มัธยฐาน	ค่าฐาน นิยม
	0.079	43	64	51	52	52
	0.079	43	66	50	50	51
	0.079	40	63	48	49	49
	0.079	52	87	61	61	62

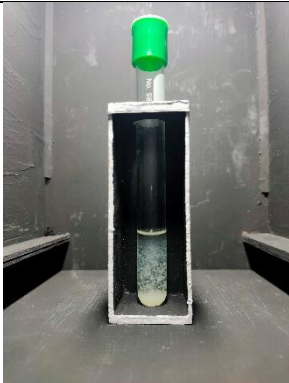
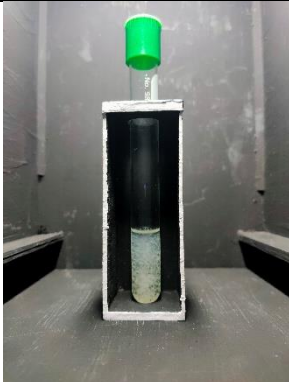
ภาพถ่ายหลอดทดลอง	ค่า ความ ทึบแสง	ค่าฟิกเชล				
		ค่าน้อย ที่สุด	ค่ามาก ที่สุด	ค่าเฉลี่ย	ค่า มัธยฐาน	ค่าฐาน นิยม
	0.079	41	74	50	48	47
	0.236	76	130	101	102	102
	0.236	83	125	101	101	100
	0.236	80	127	98	99	97

ภาพถ่ายหลอดทดลอง	ค่า ความ ทึบแสง	ค่าฟิกเชล				
		ค่าน้อย ที่สุด	ค่ามาก ที่สุด	ค่าเฉลี่ย	ค่า มัธยฐาน	ค่าฐาน นิยม
	0.236	80	125	97	97	94
	0.236	98	137	114	115	118
	0.236	94	135	113	113	115
	0.236	92	132	113	113	108

ภาพถ่ายหลอดทดลอง	ค่า ความ ทึบแสง	ค่าพิกเซล				
		ค่าน้อย ที่สุด	ค่ามาก ที่สุด	ค่าเฉลี่ย	ค่า มัธยฐาน	ค่าฐาน นิยม
	0.622	104	164	136	138	146
	0.622	83	170	136	139	140
	0.622	95	164	136	137	152
	0.622	113	163	143	144	149

ภาพถ่ายหลอดทดลอง	ค่า ความ ทึบแสง	ค่าพิกเซล				
		ค่าน้อย ที่สุด	ค่ามาก ที่สุด	ค่าเฉลี่ย	ค่า มัธยฐาน	ค่าฐาน นิยม
	0.622	102	164	142	145	150
	0.622	96	169	141	143	140
	0.622	102	163	131	131	132
	0.815	115	181	161	166	178

ภาพถ่ายหลอดทดลอง	ค่า ความ ทึบแสง	ค่าพิกเซล				
		ค่าน้อย ที่สุด	ค่ามาก ที่สุด	ค่าเฉลี่ย	ค่า มัธยฐาน	ค่าฐาน นิยม
	0.815	150	176	167	169	172
	0.815	111	179	165	168	174
	0.815	99	175	160	163	162
	0.815	87	175	156	162	168

ภาพถ่ายหลอดทดลอง	ค่า ความ ทึบแสง	ค่าพิกเซล				
		ค่าน้อย ที่สุด	ค่ามาก ที่สุด	ค่าเฉลี่ย	ค่า มัธยฐาน	ค่าฐาน นิยม
	0.815	103	182	157	162	168
	0.815	150	174	166	167	167

การวิเคราะห์ข้อมูลเครื่องจักรเรียนรู้

จากตาราง 2, 3, 4 และ 5 ที่แสดงรายละเอียดการสกัดค่าพิกเซลของเชื้อจุลินทรีย์ ทั้ง 4 ชนิด ได้แก่ บาซิลลัส ซีเรียส (*Bacillus cereus*) เอสเชอริเชีย โคลิ (*Escherichia coli*) หรือ อีโคไล (*E. coli*) แบคทีเรียโคลิฟอร์ม (*Enterobacter aerogenes*) แบคทีเรียกรดแลคติก (*Lactic acid bacteria*) ตามลำดับ จะเห็นได้ว่าในแต่ละเชื้อมีค่าทางสถิติจำนวน 5 ค่า ได้แก่ ค่าน้อยที่สุด (Minimal) ค่ามากที่สุด (Maximum) ค่าเฉลี่ย (Average) ค่ามัธยฐาน (Median) ค่าฐานนิยม ซึ่งเป็นค่าสถิติที่เป็นตัวเลขหรือข้อมูลสถิติ (Statistics Data)

การสร้างสมการถดถอย (Regression equation) เป็นการศึกษาความสัมพันธ์ระหว่างตัวแปรหนึ่ง เรียกว่าตัวแปรตามหรือตัวแปรตอบสนองและอีกตัวแปรหนึ่ง เรียกว่าตัวแปรอิสระหรือตัวแปรพยากรณ์ (วิรัชช พานิชวงศ์, 2545) ซึ่งจะทำให้เครื่องจักรสามารถวิเคราะห์ข้อมูล

ที่ดำเนินการวิเคราะห์ด้วยแบบจำลองได้อัตโนมัตินี้ ซึ่งเป็นปัญญาประดิษฐ์รูปแบบหนึ่ง (Artificial intelligence)

การสร้างสมการถดถอยเพื่อนำมาสร้างแบบจำลองโดยศึกษาความสัมพันธ์ระหว่างตัวแปรตามและตัวแปรอิสระในเบื้องต้น การเก็บรวบรวมข้อมูลในหัวข้อที่ผ่านมา ข้อมูลฟิสิกส์จากการสร้างพื้นที่เพื่อสกัดค่าฟิสิกส์นั้นมีข้อมูลจำนวนมากและมีตัวแปรหลายตัวแปร ซึ่งตัวแปรต้นนั้นบางตัวไม่มีความจำเป็นที่ต้องใช้ในการพยากรณ์ จึงต้องคัดเลือกตัวแปรต้นที่มีความเหมาะสมที่สุดในการอธิบายความผันแปรต่อตัวแปรตาม เพื่อให้ได้สมการพยากรณ์ที่ดีที่สุด ในการคัดเลือกตัวแปรต้นที่ถูกต้องตามวิธีการทางสถิติโดยการใช้เมทริกซ์มีความยุ่งยาก จึงจำเป็นต้องคัดเลือกตัวแปรต้นโดยวิธีทั้งหมด (All Possible Regression) เป็นวิธีที่คัดเลือกตัวแปรต้นจากตัวแปรการถดถอยทั้งหมดที่เป็นไปได้ ซึ่งอาจเป็นกลุ่มตัวแปรต้นกลุ่มเป็นกลุ่มที่ดี ตามเกณฑ์มาตรฐานที่กำหนดไว้สำหรับตรวจสอบรูปแบบการถดถอยทั้งหมด โดยที่มีรูปแบบการถดถอยที่เป็นไปได้ทั้งหมด โดยเริ่มต้นจากรูปแบบที่ไม่มีตัวแปรต้นเลย และต่อมามีรูปแบบตัวแปรต้น 1 ตัว รูปแบบตัวแปรต้น 2 ตัว จนถึงรูปแบบตัวแปรต้น k ตัว ดังนั้นรูปแบบทั้งหมดที่เป็นไปได้คือ 2^k ภายหลังจากการสร้างสมการถดถอยโดยวิธีกำลังสองที่น้อยที่สุด จะกำหนดให้ p เป็นจำนวนพารามิเตอร์ในรูปแบบการถดถอย โดย $p = k+1$ ซึ่งพิจารณาตามเกณฑ์มาตรฐาน 4 เกณฑ์ ดังต่อไปนี้

เกณฑ์ R_p^2 พิจารณารูปแบบที่ให้ค่า R_p^2 มากที่สุด โดย R_p^2 คือค่าสัมประสิทธิ์การตัดสินใจ ที่มีจำนวน p พารามิเตอร์ เป็นตัวกำหนดรูปแบบที่เหมาะสม

เกณฑ์ R_a^2 พิจารณารูปแบบที่ให้ค่า R_a^2 มากที่สุด โดย R_a^2 คือค่าการตัดสินใจที่ปรับค่าแล้ว ค่า R_a^2 จะมีค่าแปรผกผันกับค่า MSE_p

เกณฑ์ MSE_p พิจารณารูปแบบที่ให้ค่า MSE_p น้อยที่สุด โดย MSE_p คือค่าเฉลี่ยความคลาดเคลื่อนกำลังสอง ที่มีจำนวน p พารามิเตอร์

เกณฑ์ C_p พิจารณารูปแบบที่ให้ค่า C_p น้อยที่สุด โดย C_p คือค่าพิจารณาจากค่าเฉลี่ยผลรวมของความคลาดเคลื่อนทั้งหมด (Total mean squared error) ของค่าประมาณตัวแปรตามในแต่ละรูปแบบ

จากตาราง 2 แสดงความสัมพันธ์ของข้อมูล เชื้อบาซิลลัส ซีเรียส นำมาคัดเลือกตัวแปรต้นจากตัวแปรการถดถอยทั้งหมดที่เป็นไปได้ดังตาราง 6

ตาราง 6 แสดงการคัดเลือกตัวแปรต้น เชื้อบาซิลลัส ซีเรียส

รูปแบบ	R_p^2	R_a^2	MSE_p	C_p
min	0.807	0.610	65.064	123.868
max	0.798	0.698	127.017	141.908
avg	0.996	0.788	197.940	160.338
med	0.700	0.867	33.686	179.022
mod	0.940	0.545	149.401	185.236
min max	0.990	0.642	2.007	1.280
min avg	0.748	0.815	89.598	148.429
min med	0.763	0.800	155.225	44.039
min mod	0.672	0.570	233.306	44.641
max avg	0.878	0.718	208.177	178.344
max med	0.500	0.612	121.091	28.215
max mod	0.538	0.736	203.879	99.247
avg med	0.602	0.946	74.161	164.479
avg mod	0.549	0.690	108.148	39.448
med mod	0.697	0.727	194.579	86.402
min max avg	0.527	0.543	37.953	119.023
min max med	0.914	0.862	131.018	85.870
min max mod	0.723	0.533	179.105	64.690
min avg med	0.713	0.711	113.995	112.006
min avg mod	0.885	0.826	218.332	87.433
min med mod	0.817	0.544	195.842	162.954
max avg med	0.787	0.851	133.495	21.969
max avg mod	0.974	0.731	65.884	44.673
max med mod	0.552	0.893	228.565	189.951
avg med mod	0.706	0.780	91.709	111.194
min max avg med	0.638	0.596	103.694	164.785

รูปแบบ	R_p^2	R_a^2	MSE_p	C_p
min max avg mod	0.954	0.962	78.769	46.461
min max med mod	0.532	0.539	70.005	170.000
min avg med mod	0.530	0.683	57.460	172.026
min max avg med mod	0.610	0.825	160.074	99.382

จากตาราง 6 แสดงการคัดเลือกตัวแปรต้นจากตัวแปรการถดถอยทั้งหมดที่เป็นไปได้ของ เชื้อบาซิลลัส ซีเรียส จากการพิจารณาค่า R_p^2 ต่ำ พบว่ารูปแบบ min max เหมาะสมที่สุด พิจารณาตาราง 3 แสดงความสัมพันธ์ของข้อมูล เชื้อเอสเชอริเชีย โคลิ นำมาคัดเลือกตัวแปรต้นจากตัวแปรการถดถอยทั้งหมดที่เป็นไปได้ดังตาราง 7

ตาราง 7 แสดงการคัดเลือกตัวแปรต้น เชื้อเอสเชอริเชีย โคลิ

รูปแบบ	R_p^2	R_a^2	MSE_p	C_p
min	0.933	0.649	85.109	127.582
max	0.931	0.729	85.810	44.261
avg	0.627	0.692	143.750	73.836
med	0.807	0.728	137.188	128.004
mod	0.724	0.626	128.972	111.517
min max	0.976	0.984	256.889	206.955
min avg	0.897	0.813	39.314	109.208
min med	0.647	0.552	197.985	98.863
min mod	0.684	0.767	151.497	187.269
max avg	0.803	0.774	221.811	49.458
max med	0.630	0.654	242.048	169.650
max mod	0.435	0.693	19.905	115.414

รูปแบบ	R_p^2	R_a^2	MSE_p	C_p
avg med	0.587	0.722	70.000	58.551
avg mod	0.563	0.717	215.754	40.990
med mod	0.431	0.595	63.511	108.845
min max avg	0.651	0.584	31.908	146.684
min max med	0.466	0.629	130.843	124.855
min max mod	0.404	0.846	37.030	149.387
min avg med	0.780	0.938	244.909	105.478
min avg mod	0.952	0.822	156.723	65.498
min med mod	0.461	0.752	223.510	37.485
max avg med	0.686	0.709	99.948	101.619
max avg mod	0.884	0.971	183.674	62.575
max med mod	0.718	0.856	39.690	57.924
avg med mod	0.482	0.916	89.321	67.854
min max avg med	0.952	0.923	117.497	83.476
min max avg mod	0.824	0.750	241.398	147.267
min max med mod	0.925	0.624	25.337	100.774
min avg med mod	0.486	0.760	209.751	75.302
min max avg med mod	0.885	0.935	224.292	121.217

จากตาราง 7 แสดงการคัดเลือกตัวแปรต้นจากตัวแปรการถดถอยทั้งหมดที่เป็นไปได้ของเชื้อเอสเชอริเชีย โคลิ จากการพิจารณาค่า R_p^2 ต่ำ พบว่ารูปแบบ min max เหมาะสมที่สุด พิจารณาตาราง 4 แสดงความสัมพันธ์ของข้อมูล เชื้อแบคทีเรียโคลิฟอร์ม นำมาคัดเลือกตัวแปรต้นจากตัวแปรการถดถอยทั้งหมดที่เป็นไปได้ดังตาราง 8

ตาราง 8 แสดงการคัดเลือกตัวแปรต้น เชื้อแบคทีเรียโคลิฟอร์ม

รูปแบบ	R_p^2	R_a^2	MSE_p	C_p
min	0.777	0.908	75.583	30.444
max	0.628	0.573	152.351	180.920
avg	0.836	0.589	68.512	57.852
med	0.581	0.726	131.402	50.319
mod	0.685	0.745	147.768	44.811
min max	0.997	0.984	244.707	198.757
min avg	0.468	0.561	131.232	105.697
min med	0.402	0.595	210.640	137.132
min mod	0.830	0.922	159.576	60.230
max avg	0.788	0.784	202.606	109.669
max med	0.765	0.979	102.931	79.864
max mod	0.915	0.647	92.700	151.058
avg med	0.869	0.686	156.835	23.429
avg mod	0.615	0.838	235.455	184.472
med mod	0.750	0.644	72.484	93.530
min max avg	0.708	0.533	234.926	91.697
min max med	0.828	0.833	33.309	145.129
min max mod	0.447	0.612	143.001	103.064
min avg med	0.447	0.832	219.318	56.077
min avg mod	0.721	0.528	158.294	142.585
min med mod	0.684	0.562	17.028	167.160
max avg med	0.464	0.898	88.938	75.743
max avg mod	0.465	0.740	91.888	141.735
max med mod	0.842	0.798	12.691	189.089
avg med mod	0.712	0.932	215.577	164.437
min max avg med	0.717	0.795	130.989	87.063

รูปแบบ	R_p^2	R_a^2	MSE_p	C_p
min max avg mod	0.984	0.801	158.656	55.403
min max med mod	0.522	0.524	123.339	125.116
min avg med mod	0.745	0.728	243.459	134.602
min max avg med mod	0.404	0.608	143.713	24.159

จากตาราง 8 แสดงการคัดเลือกตัวแปรต้นจากตัวแปรการถดถอยทั้งหมดที่เป็นไปได้ของ เชื้อแบคทีเรียโคลิฟอร์ม จากการพิจารณาค่า R_p^2 ต่ำ พบว่ารูปแบบ min max เหมาะสมที่สุด พิจารณาตาราง 5 แสดงความสัมพันธ์ของข้อมูล เชื้อแบคทีเรียกรดแลคติก นำมาคัดเลือก ตัวแปรต้นจากตัวแปรการถดถอยทั้งหมดที่เป็นไปได้ดังตาราง 9

ตาราง 9 แสดงการคัดเลือกตัวแปรต้น เชื้อแบคทีเรียกรดแลคติก

รูปแบบ	R_p^2	R_a^2	MSE_p	C_p
min	0.553	0.634	200.358	155.562
max	0.548	0.571	211.202	163.287
avg	0.846	0.441	210.910	158.926
med	0.647	0.522	222.273	158.119
mod	0.720	0.530	215.269	184.856
min max	0.511	0.428	194.975	175.383
min avg	0.674	0.722	199.686	156.344
min med	0.639	0.542	207.721	190.983
min mod	0.753	0.588	187.134	199.537
max avg	0.635	0.469	209.610	154.465
max med	0.875	0.418	183.041	174.614
max mod	0.625	0.752	210.389	192.445

รูปแบบ	R_p^2	R_a^2	MSE_p	C_p
avg med	0.836	0.676	182.839	188.052
avg mod	0.856	0.695	218.968	164.770
med mod	0.513	0.553	197.810	164.749
min max avg	0.547	0.689	180.996	185.278
min max med	0.824	0.860	200.914	161.807
min max mod	0.796	0.524	209.759	152.825
min avg med	0.577	0.834	215.389	176.627
min avg mod	0.802	0.743	196.443	198.627
min med mod	0.667	0.530	208.917	156.576
max avg med	0.857	0.796	198.896	189.128
max avg mod	0.645	0.495	221.906	164.702
max med mod	0.572	0.890	219.312	185.327
avg med mod	0.538	0.456	216.100	184.958
min max avg med	0.679	0.822	224.299	199.791
min max avg mod	0.680	0.766	199.478	176.176
min max med mod	0.553	0.731	223.774	155.439
min avg med mod	0.636	0.555	194.079	189.745
min max avg med mod	0.696	0.714	212.522	174.061

จากตาราง 9 แสดงการคัดเลือกตัวแปรต้นจากตัวแปรการถดถอยทั้งหมดที่เป็นไปได้ของเชื้อแบคทีเรียกรดแลคติก จากการพิจารณาค่า R_p^2 ต่ำ พบว่ารูปแบบ min max เหมาะสมที่สุด

เมื่อได้รูปแบบที่เหมาะสมของเชื้อจุลินทรีย์แต่ละชนิดแล้วนั้น ขั้นตอนถัดไปคือการสร้างสมการถดถอยให้สอดคล้องกับข้อมูล โดยพิจารณาสมการฟังก์ชันกำลัง (Power Function) สมการฟังก์ชันพหุนาม (Polynomial Function) สมการฟังก์ชันตรรกยะ (Rational Function) สมการฟังก์ชันชี้กำลัง (Exponential Function) สมการฟังก์ชันกำลังทั่วไป (The General Exponential

Function) สมการฟังก์ชันลอการิทึม (Logarithm Function) สมการฟังก์ชันตรีโกณมิติ (Trigonometric Functions) สมการฟังก์ชันพหุนาม (Polynomial Functions) และสมการเส้นตรง (Linear) สมการฟังก์ชันต่าง ๆ ที่กล่าวมาข้างต้น เป็นสมการที่เลือกใช้ในการสร้างสมการถดถอยทั้งหมด แต่เนื่องด้วยสมการแต่ละฟังก์ชันมีกราฟรูปทั่วไปที่แตกต่างกัน ดังนั้นจึงได้ทำการทดสอบพล็อตจุดเปรียบเทียบความใกล้เคียงกับกราฟรูปทั่วไปของฟังก์ชันนั้น ๆ ในเบื้องต้น ดังภาคผนวก ก พบว่าฟังก์ชันที่มีความใกล้เคียงกับรูปแบบต่าง ๆ ได้แก่ สมการฟังก์ชันพหุนาม สมการฟังก์ชันชี้กำลัง สมการฟังก์ชันตรีโกณมิติ(คลื่นไซน์) และสมการเส้นตรง

ฟังก์ชันที่มีความใกล้เคียงกับรูปแบบต่าง ๆ ทั้ง 4 ฟังก์ชันจะถูกนำไปเทียบเคียงกับรูปแบบทั้งหมด เพื่อตรวจสอบความใกล้เคียง จากค่าสหสัมพันธ์ คือค่าที่แสดงทิศทางความสัมพันธ์ระหว่างตัวแปร 2 ตัว โดยมี Correlation Coefficient (r) หรือ ค่าสัมประสิทธิ์สหสัมพันธ์ เป็นตัวบ่งชี้ถึงความสัมพันธ์นี้ ซึ่งค่าสัมประสิทธิ์สหสัมพันธ์นี้จะมีค่าอยู่ระหว่าง -1.0 ถึง +1.0 ซึ่งหากมีค่าใกล้ -1.0 นั้นหมายความว่าตัวแปรทั้งสองตัวมีความสัมพันธ์กันอย่างมากในเชิงตรงกันข้าม หากมีค่าใกล้ +1.0 นั้นหมายความว่า ตัวแปรทั้งสองมีความสัมพันธ์กันโดยตรง และหากมีค่าเป็น 0 นั้นหมายความว่า ตัวแปรทั้งสองตัวไม่มีความสัมพันธ์ต่อกัน แสดงดัง ภาคผนวก ข

สมการถดถอย (Regression equation)

การสร้างสมการถดถอยจากการวิเคราะห์ข้อมูลเครื่องจักรเรียนรู้ สามารถแบ่งการวิเคราะห์ได้เป็น 2 ส่วน คือ การวิเคราะห์ความสัมพันธ์ระหว่างค่าพิกเซลและค่าความทึบแสง เพื่อประมาณปริมาณค่าความทึบแสงจากความชุ่ม และการวิเคราะห์ค่าความทึบแสงกับจำนวนโคโลนีฟอร์มมิงยูนิตเพื่อประมาณปริมาณจำนวนโคโลนีฟอร์มมิงยูนิตจากความชุ่ม เริ่มต้นการวิเคราะห์จากการเลือกตัวแปรและการเลือกฟังก์ชันในภาคผนวก ก และ ข ตามลำดับ จากนั้นจะสร้างสมการถดถอยจากชุดคำสั่งภาษาแมตแล็บ (MATLAB) โดยชุดคำสั่งจะสร้างสมการที่สอดคล้องกับชุดข้อมูลมากที่สุด

สมการ 14 สมการประมาณปริมาณความทึบแสงจากความขุ่นของเชื้อบาสซิลลัส ซีเรียส

$$\begin{aligned}
 y = & 6.69 - 0.09497 \times \min - 0.1867 \times \max \\
 & - 1.102 \times 10^{-4} \times \square\square\square^2 \\
 & + 1.978 \times 10^{-3} \times \min \times \max \\
 & + 1.714 \times 10^{-3} \times \square\square\square^2 \\
 & - 1.18 \times 10^{-6} \times \square\square\square^3 \\
 & + 3.84 \times 10^{-6} \times \min^2 \times \max \\
 & - 1.13 \times 10^{-5} \times \min \times \max^2 \\
 & - 4.993 \times 10^{-6} \times \max^3
 \end{aligned} \tag{14}$$

สมการ 15 สมการประมาณปริมาณความทึบแสงจากความขุ่นของเชื้อเอสเชอริเชีย โคไล

$$\begin{aligned}
 y = & 7.958 \times 10^{-2} - 2.648 \times 10^{-2} \times \min \\
 & + 1.193 \times 10^{-2} \times \max \\
 & + 2.916 \times 10^{-4} \times \square\square\square^2 \\
 & + 1.456 \times 10^{-4} \times \min \times \max \\
 & - 1.478 \times 10^{-4} \times \square\square\square^2 \\
 & + 2.211 \times 10^{-6} \times \square\square\square^3 \\
 & - 6.962 \times 10^{-6} \times \min^2 \times \max \\
 & + 4.065 \times 10^{-6} \times \max^2 \times \min \\
 & - 3.439 \times 10^{-7} \times \max^3
 \end{aligned} \tag{15}$$

สมการ 16 สมการประมาณปริมาณความทึบแสงจากความขุ่นของเชื้อแบคทีเรีย

โคลิฟอร์ม

$$\begin{aligned}
 y = & -0.08 - 3.221 \times 10^{-2} \times \min \\
 & + 3.112 \times 10^{-2} \times \max \\
 & - 1.668 \times 10^{-2} \times \square\square\square^2 \\
 & + 3.536 \times 10^{-2} \times \min \times \max \\
 & - 1.86 \times 10^{-2} \times \square\square\square^2 \\
 & + 1.113 \times 10^{-3} \times \square\square\square^3 \\
 & - 3.298 \times 10^{-3} \times \min^2 \times \max \\
 & + 3.243 \times 10^{-3} \times \max^2 \times \min \\
 & - 1.058 \times 10^{-3} \times \max^3
 \end{aligned} \tag{16}$$

สมการ 17 สมการประมาณปริมาณความทึบแสงจากความขุ่นของเชื้อแบคทีเรียกรดแลคติก

$$\begin{aligned}
 y = & 1.193 - 2.6 \times 10^{-2} \times \min \\
 & - 1.383 \times 10^{-2} \times \max \\
 & - 3.018 \times 10^{-3} \times \square\square\square^2 \\
 & + 4.134 \times 10^{-3} \times \min \times \max \\
 & - 1.173 \times 10^{-3} \times \square\square\square^2 \\
 & - 7.657 \times 10^{-7} \times \square\square\square^3 \\
 & + 1.89 \times 10^{-5} \times \min^2 \times \max \\
 & - 2.391 \times 10^{-5} \times \max^2 \times \min \\
 & + 7.324 \times 10^{-6} \times \max^3
 \end{aligned} \tag{17}$$

สมการ 14 – 17 เป็นสมการสำหรับการประมาณปริมาณค่าความทึบแสงของเชื้อจุลินทรีย์ทั้ง 4 ชนิด ได้แก่ บาซิลลัส ซีเรียส เอสเชอริเชีย โคลิ แบคทีเรียโคลิฟอร์ม และแบคทีเรียกรดแลคติก ตามลำดับ ค่าตัวแปร *min* แทนด้วยค่าฟิกเซลระดับเทาที่มีค่าน้อยที่สุด โดยมีค่าตั้งแต่ 0 ถึง 255 และค่าตัวแปร *max* แทนด้วยค่าฟิกเซลระดับเทาที่มีค่ามากที่สุด โดยมีค่าตั้งแต่ 0 ถึง 255 เมื่อแอปพลิเคชันสามารถประมาณค่าความทึบแสงได้แล้วนั้น ค่าความทึบแสงจะถูกนำไปแทนค่าในสมการเพื่อหาโคโลนีฟอร์มมิงยูนิต ซึ่งการวิเคราะห์ความสัมพันธ์ระหว่างค่าความทึบแสงและโคโลนีฟอร์มมิงยูนิตแสดงดัง ภาคผนวก ค ได้สมการที่เหมาะสมในแต่ละเชื้อจุลินทรีย์ดังนี้

สมการ 18 สมการประมาณปริมาณโคโลนีฟอร์มมิงยูนิตจากค่าความทึบแสงของเชื้อบาซิลลัส ซีเรียส

$$\begin{aligned}
 y = & (0.141 - 626.5 \cos(1.143 \times O.D.) \\
 & - 265.9 \sin(1.143 \times \square.\square.) \\
 & + 123.4 \cos(2.286 \times \square.\square.) \\
 & + 132.1 \\
 & \times \sin(2.286 \times O.D.)) \times 10^8
 \end{aligned} \tag{18}$$

สมการ 19 สมการประมาณปริมาณโคโลนีฟอร์มมิ่งยูนิตจากค่าความทึบแสงของเชื้อเอสเซอริเชีย โคลไ

$$\begin{aligned}
 y = & (-6.49 \times 10^{-4} - (523.3 \times O.D.^4) \\
 & + (215.5 \times \square.\square.^3) \\
 & + (11.19 \times \square.\square.^2) \\
 & - (0.7387 \times \square.\square.) \\
 & + 0.3738) \times 10^9
 \end{aligned}
 \tag{19}$$

สมการ 20 สมการประมาณปริมาณโคโลนีฟอร์มมิ่งยูนิตจากค่าความทึบแสงของเชื้อแบคทีเรียโคลิฟอร์ม

$$\begin{aligned}
 y = & (13.49 \sin((2.986 \times O.D.) - 0.347) \\
 & + 8.248 \sin((4.363 \times \square.\square.) \\
 & + 2.536)) \times 10^9
 \end{aligned}
 \tag{20}$$

สมการ 21 สมการประมาณปริมาณโคโลนีฟอร์มมิ่งยูนิตจากค่าความทึบแสงของเชื้อแบคทีเรียกรดแลคติก

$$\begin{aligned}
 y = & (40.72 \times O.D.^3 - 33.4 \times O.D.^2 \\
 & + 8.996 \times O.D. - 0.3036) \times 10^8
 \end{aligned}
 \tag{21}$$

สมการ 18 - 21 เป็นสมการสำหรับการประมาณปริมาณโคโลนีฟอร์มมิ่งยูนิตของเชื้อจุลินทรีย์ทั้ง 4 ชนิด ได้แก่ บาซิลลัส ซีเรียส เอสเซอริเชีย โคลไ แบคทีเรียโคลิฟอร์ม และแบคทีเรียกรดแลคติก ตามลำดับ ค่าตัวแปร $O.D.$ แทนด้วยค่าความทึบแสงของความขุ่น โดยมีค่าเป็นจำนวนบวก

บทที่ 4


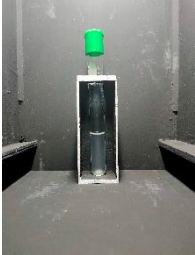
ผลการวิจัย

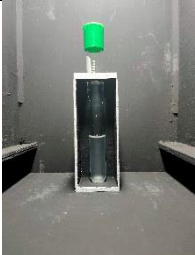
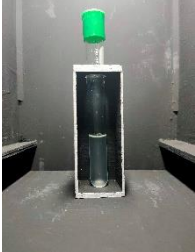
การตรวจจับกล้องบรรจุงานเพาะเชื้อและกล้องบรรจุหลอดทดลอง

กล้องบรรจุงานเพาะเชื้อและกล้องบรรจุหลอดทดลองเป็นอุปกรณ์สำหรับถ่ายภาพ ถูกออกแบบมาเพื่อบรรจุงานเพาะเชื้อและกล้องบรรจุหลอดทดลอง เนื่องจากบริเวณขอบของกล้อง บรรจุงานเพาะเชื้อและกล้องบรรจุหลอดทดลองเป็นสีขาวซึ่งแตกต่างจากบริเวณอื่นของกล้อง เพื่อช่วยให้ใช้เทคนิคการประมวลผลภาพในการตรวจจับกล้องบรรจุงานเพาะเชื้อและกล้องบรรจุหลอดทดลองได้ง่ายยิ่งขึ้น

ระยะห่างระหว่างตำแหน่งที่ตั้งของกล้องบรรจุงานเพาะเชื้อและกล้องบรรจุหลอดทดลอง กับผนังด้านในของกล้องถ่ายภาพ มีระยะการทดลองอยู่ 4 ช่วง ดังตาราง 10

ตาราง 10 ผลการทดลองการตรวจจับกล้องบรรจุงานเพาะเชื้อและหลอดทดลอง

ภาพประกอบ	ระยะห่าง	จำนวนภาพทั้งหมด	จำนวนภาพที่ตรวจจับได้	ร้อยละความถูกต้อง
	0 – 4 ซม.	90	78	86.66
	5 – 9 ซม.	90	82	91.11






ภาพประกอบ	ระยะห่าง	จำนวนภาพทั้งหมด	จำนวนภาพที่ตรวจจับได้	ร้อยละความถูกต้อง
	10 – 14 ซม.	110	101	91.82
	15 – 19 ซม.	110	108	98.19




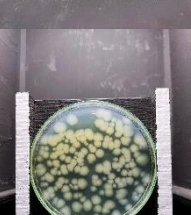

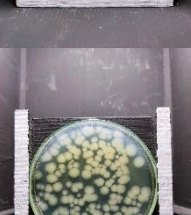
ระยะห่างที่มากขึ้นทำให้สามารถจับภาพกล่องบรรจุงานเพาะเชื้อและกล่องบรรจุหลอดทดลองได้แม่นยำมากยิ่งขึ้น เนื่องจากกล่องบรรจุงานเพาะเชื้อและกล่องบรรจุหลอดทดลองมีอัตราส่วนต่อภาพมากขึ้น เทคนิคโปรเจคชันโปรไฟล์สามารถสร้างกราฟฟิกเซลได้ค่าสูงกว่าภาพที่อัตราส่วนน้อย ทำให้ระยะการวางกล่องบรรจุงานเพาะเชื้อและกล่องบรรจุหลอดทดลองมีผลต่อการตรวจจับกล่องบรรจุงานเพาะเชื้อและหลอดทดลอง




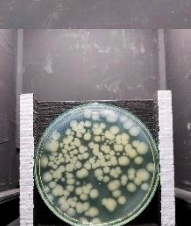


การนับโคโลนีของกลุ่มแบคทีเรียทนร้อน




แบคทีเรียทนร้อนที่ใช้ในการทดลองนี้ ได้แก่ บาซิลลัส ซีเรียส โคโลนีมีลักษณะเป็นวงกลมและวงรี มีขนาดเล็กไปจนขนาดใหญ่ ตั้งแต่ 1 มิลลิเมตรไปจนถึง 10 มิลลิเมตร แสดงดังภาพ 35 ผลการนับโคโลนีบาซิลลัส ซีเรียสในงานเพาะเชื้อ แสดงดังตาราง 11

ตาราง 11 ผลการนับโคโลนีของกลุ่มแบคทีเรียทนร้อนในงานเพาะเชื้อ

ภาพประกอบ	ตรวจนับ (Positive)		ไม่ตรวจนับ (Negative)	
	มีโคโลนี	ไม่มีโคโลนี	มีโคโลนี	ไม่มีโคโลนี
	(True)	(False)	(True)	(False)
	25	4	2	0
	29	1	1	0
	26	0	5	0
	23	1	7	0
	23	3	7	0

ภาพประกอบ	ตรวจนับ (Positive)		ไม่ตรวจนับ (Negative)	
	มีโคโลนี (True)	ไม่มีโคโลนี (False)	มีโคโลนี (True)	ไม่มีโคโลนี (False)
	22	0	11	0
	25	2	6	0
	174	38	0	0
	171	20	3	0
	169	40	5	0
	169	29	5	0

ภาพประกอบ	ตรวจนับ (Positive)		ไม่ตรวจนับ (Negative)	
	มีโคโลนี (True)	ไม่มีโคโลนี (False)	มีโคโลนี (True)	ไม่มีโคโลนี (False)
	162	7	12	0
	176	7	16	0
	190	1	2	0
	190	31	2	0
	192	21	0	0
	215	6	0	0

ภาพประกอบ	ตรวจนับ (Positive)		ไม่ตรวจนับ (Negative)	
	มีโคโลนี (True)	ไม่มีโคโลนี (False)	มีโคโลนี (True)	ไม่มีโคโลนี (False)
	212	0	3	0
	203	0	12	0
	187	0	28	0

ผลการทดลองการนับโคโลนีบาซิลลัส ซีเรียสในงานเพาะเชื้อพบว่า แอปพลิเคชันสามารถนับโคโลนี 2710 โคโลนีจากจำนวนโคโลนีทั้งหมด 2794 โคโลนี โดยนับถูกต้องจำนวน 2583 โคโลนี ซึ่งข้อผิดพลาดเกิดจากการนับโคโลนีในบริเวณที่เป็นแสงสะท้อนหรือไม่นับโคโลนีเนื่องจากขนาดหรือตำแหน่งของโคโลนีที่อยู่ชิดติดกันมากจนไม่สามารถหาจุดเว้าของโคโลนีได้ ทำให้มีค่าเฉลี่ยความใกล้เคียงในการนับโคโลนีร้อยละ 96.99 และค่าเฉลี่ยความถูกต้องในการนับโคโลนีร้อยละ 88.43 แสดงความถูกต้องในภาพรวมดังตาราง 12

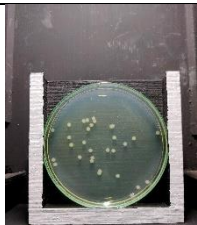
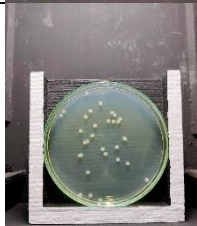
ตาราง 12 การนับโคโลนีของกลุ่มแบคทีเรียทนร้อนในงานเพาะเชื้อ







	มีโคโลนี (True)	ไม่มีโคโลนี (False)
ตรวจนับ (Positive)	2583	211
ไม่ตรวจนับ (Negative)	127	0







การนับจำนวนโคโลนีของกลุ่มโคลิฟอร์มแบคทีเรีย






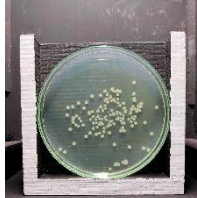
โคลิฟอร์มแบคทีเรียที่ใช้ในการทดลองนี้ ได้แก่ เอสเชอริเชีย โคลิ และแบคทีเรียโคลิฟอร์ม ทั้ง 2 มีลักษณะใกล้เคียงกัน โคโลนีมีลักษณะเป็นวงกลม มีขนาดเล็กประมาณ 1 – 2 มิลลิเมตร แสดงภาพงานเพาะเชื้อจุลินทรีย์กลุ่มโคลิฟอร์มแบคทีเรีย ดังภาพ 42 ผลการนับโคโลนีเอสเชอริเชีย โคลิ และแบคทีเรียโคลิฟอร์มในงานเพาะเชื้อ แสดงดังตาราง 13







ตาราง 13 ผลการนับจำนวนโคโลนีของกลุ่มโคลิฟอร์มแบคทีเรียในงานเพาะเชื้อ







ภาพประกอบ	ตรวจนับ (Positive)		ไม่ตรวจนับ (Negative)	
	มีโคโลนี (True)	ไม่มีโคโลนี (False)	มีโคโลนี (True)	ไม่มีโคโลนี (False)
	29	0	2	0
	29	2	2	0





ภาพประกอบ	ตรวจนับ (Positive)		ไม่ตรวจนับ (Negative)	
	มีโคโลนี (True)	ไม่มีโคโลนี (False)	มีโคโลนี (True)	ไม่มีโคโลนี (False)
	31	3	2	0
	31	3	1	0
	31	1	1	0
	30	0	1	0
	44	0	1	0
	45	7	0	0


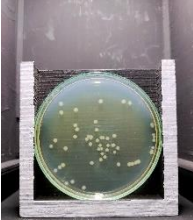
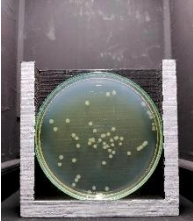
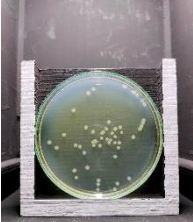
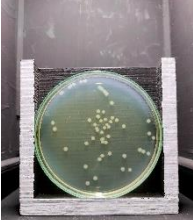

ภาพประกอบ	ตรวจนับ (Positive)		ไม่ตรวจนับ (Negative)	
	มีโคโลนี (True)	ไม่มีโคโลนี (False)	มีโคโลนี (True)	ไม่มีโคโลนี (False)
	50	0	1	0
	50	1	2	0
	54	4	4	0
	54	3	3	0
	67	5	3	0
	67	8	3	0







ภาพประกอบ	ตรวจนับ (Positive)		ไม่ตรวจนับ (Negative)	
	มีโคโลนี (True)	ไม่มีโคโลนี (False)	มีโคโลนี (True)	ไม่มีโคโลนี (False)
	84	1	2	0
	81	4	5	0
	106	5	15	0
	103	5	16	0
	119	0	19	0
	112	1	23	0







ภาพประกอบ	ตรวจนับ (Positive)		ไม่ตรวจนับ (Negative)	
	มีโคโลนี (True)	ไม่มีโคโลนี (False)	มีโคโลนี (True)	ไม่มีโคโลนี (False)
	107	2	47	0
	101	0	41	0
	136	1	30	0
	138	3	22	0
	36	0	2	0
	36	4	2	0

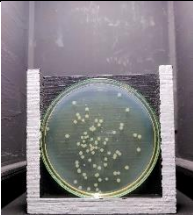
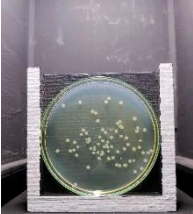

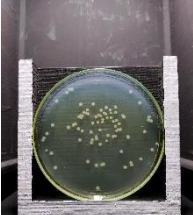

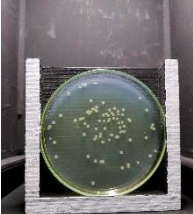
ภาพประกอบ	ตรวจนับ (Positive)		ไม่ตรวจนับ (Negative)	
	มีโคโลนี (True)	ไม่มีโคโลนี (False)	มีโคโลนี (True)	ไม่มีโคโลนี (False)
	37	3	1	0
	36	3	2	0
	36	1	2	0
	45	2	5	0
	44	11	5	0
	44	2	4	0

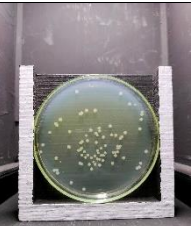
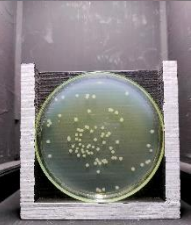

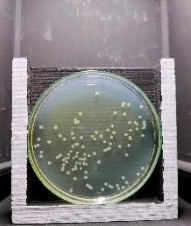


ภาพประกอบ	ตรวจนับ (Positive)		ไม่ตรวจนับ (Negative)	
	มีโคโลนี (True)	ไม่มีโคโลนี (False)	มีโคโลนี (True)	ไม่มีโคโลนี (False)
	45	0	4	0
	42	3	7	0
	50	2	7	0
	50	1	7	0
	50	1	7	0
	55	0	3	0

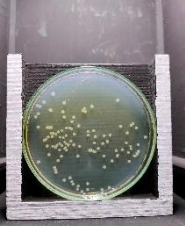





ภาพประกอบ	ตรวจนับ (Positive)		ไม่ตรวจนับ (Negative)	
	มีโคโลนี (True)	ไม่มีโคโลนี (False)	มีโคโลนี (True)	ไม่มีโคโลนี (False)
	48	1	8	0
	52	2	2	0
	50	2	4	0
	43	1	10	0
	46	1	8	0
	49	0	5	0

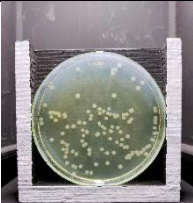





ภาพประกอบ	ตรวจนับ (Positive)		ไม่ตรวจนับ (Negative)	
	มีโคโลนี (True)	ไม่มีโคโลนี (False)	มีโคโลนี (True)	ไม่มีโคโลนี (False)
	57	1	4	0
	56	2	6	0
	58	4	2	0
	58	1	4	0
	50	3	11	0
	61	2	5	0





ภาพประกอบ	ตรวจนับ (Positive)		ไม่ตรวจนับ (Negative)	
	มีโคโลนี (True)	ไม่มีโคโลนี (False)	มีโคโลนี (True)	ไม่มีโคโลนี (False)
	63	2	1	0
	62	0	1	0
	59	0	4	0
	63	4	1	0
	70	0	6	0
	62	1	14	0

ภาพประกอบ	ตรวจนับ (Positive)		ไม่ตรวจนับ (Negative)	
	มีโคโลนี (True)	ไม่มีโคโลนี (False)	มีโคโลนี (True)	ไม่มีโคโลนี (False)
	70	0	7	0
	73	2	3	0
	71	1	7	0
	77	0	6	0
	64	0	18	0
	69	1	14	0

ภาพประกอบ	ตรวจนับ (Positive)		ไม่ตรวจนับ (Negative)	
	มีโคโลนี (True)	ไม่มีโคโลนี (False)	มีโคโลนี (True)	ไม่มีโคโลนี (False)
	73	1	10	0
	76	2	7	0
	102	0	5	0
	99	1	9	0
	88	0	18	0
	94	0	14	0

ภาพประกอบ	ตรวจนับ (Positive)		ไม่ตรวจนับ (Negative)	
	มีโคโลนี (True)	ไม่มีโคโลนี (False)	มีโคโลนี (True)	ไม่มีโคโลนี (False)
	100	0	9	0
	91	1	19	0
	91	0	19	0
	85	3	27	0
	85	0	20	0
	97	2	12	0

ภาพประกอบ	ตรวจนับ (Positive)		ไม่ตรวจนับ (Negative)	
	มีโคโลนี (True)	ไม่มีโคโลนี (False)	มีโคโลนี (True)	ไม่มีโคโลนี (False)
	112	8	8	0
	107	2	13	0
	108	0	15	0
	105	3	15	0
	109	6	11	0
	162	0	52	0

ภาพประกอบ	ตรวจนับ (Positive)		ไม่ตรวจนับ (Negative)	
	มีโคลินี (True)	ไม่มีโคลินี (False)	มีโคลินี (True)	ไม่มีโคลินี (False)
	172	0	42	0
	169	6	41	0
	159	1	53	0
	164	0	59	0

ผลการทดลองการนับโคลินีเอสเซอริเชีย โคลไลและแบคทีเรียโคลิฟอร์มในงานเพาะเชื้อพบว่า แอปพลิเคชันสามารถนับโคลินี 7117 โคลินีจากจำนวนโคลินีทั้งหมด 6343 โคลินี โดยนับถูกต้องจำนวน 6184 โคลินี ซึ่งข้อผิดพลาดโดยประมาณร้อยละ 90 เกิดจากไม่มีโคลินีแต่แอปพลิเคชันตรวจนับโคลินีในบริเวณที่เป็นสัญญาณรบกวน จากตาราง 13 จะเห็นได้ว่างานเพาะเชื้อที่มีจำนวนโคลินีมาก แอปพลิเคชันจะตรวจนับโคลินีผิดพลาดมากกว่างานเพาะเชื้อที่มีจำนวนโคลินีน้อยทำให้มีค่าเฉลี่ยความใกล้เคียงในการนับโคลินีร้อยละ 87.70 และค่าเฉลี่ยความถูกต้องในการนับโคลินีร้อยละ 84.99 แสดงความถูกต้องในภาพรวมดังตาราง 14

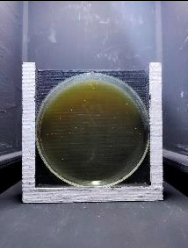
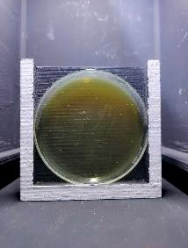
ตาราง 14 การนับโคโลนีของกลุ่มแบคทีเรียทนร้อนในงานเพาะเชื้อ

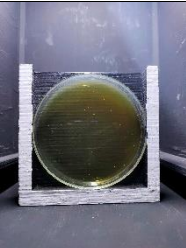
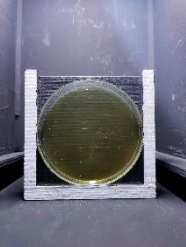
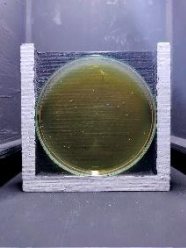
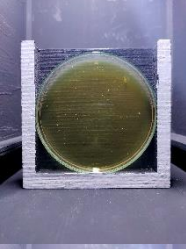
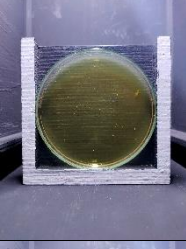
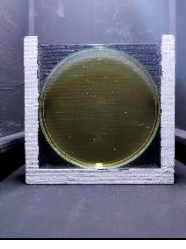
	มีโคโลนี (True)	ไม่มีโคโลนี (False)
ตรวจนับ (Positive)	6184	159
ไม่ตรวจนับ (Negative)	933	0

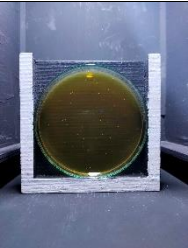
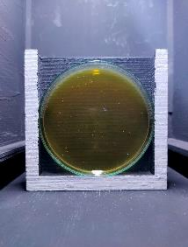
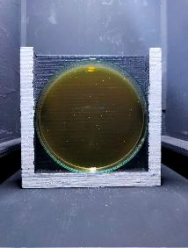
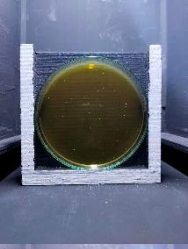
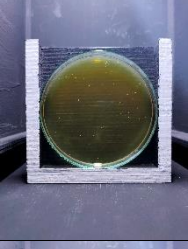
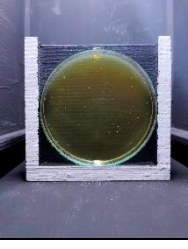
การนับจำนวนโคโลนีของกลุ่มแบคทีเรียกรดแลคติก

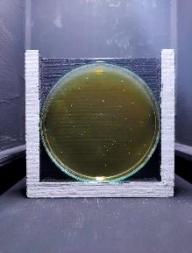
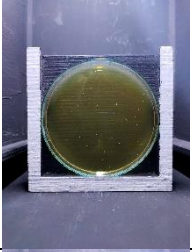
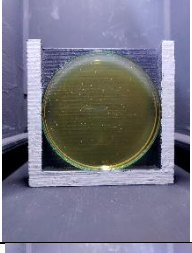
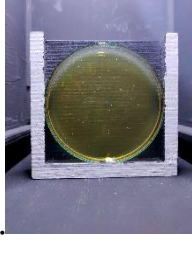
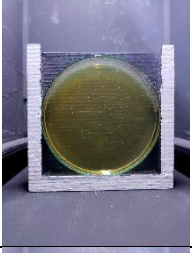
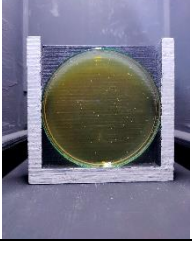
แบคทีเรียกรดแลคติก มีลักษณะใกล้เคียงกัน โคโลนีมีลักษณะเป็นวงกลม มีขนาดเล็ก ประมาณ 0.5 - 1 มิลลิเมตร แสดงภาพงานเพาะเชื้อจุลินทรีย์กลุ่มโคลิฟอร์มแบคทีเรีย ดังภาพ 42 ผลการนับโคโลนีแบคทีเรียกรดแลคติก และแบคทีเรียโคลิฟอร์มในงานเพาะเชื้อ แสดงดังตาราง 15

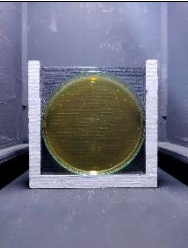
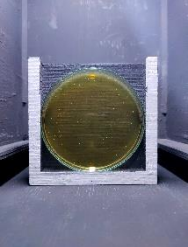
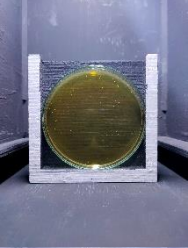
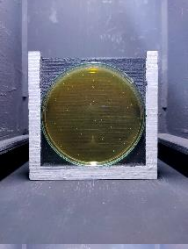
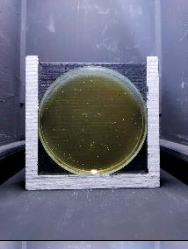
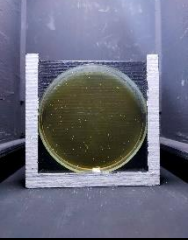
ตาราง 15 ผลการนับจำนวนโคโลนีของกลุ่มโคลิฟอร์มแบคทีเรียในงานเพาะเชื้อ

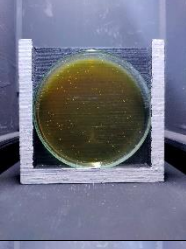
ภาพประกอบ	ตรวจนับ (Positive)		ไม่ตรวจนับ (Negative)	
	มีโคโลนี (True)	ไม่มีโคโลนี (False)	มีโคโลนี (True)	ไม่มีโคโลนี (False)
	23	0	3	0
	25	3	2	0

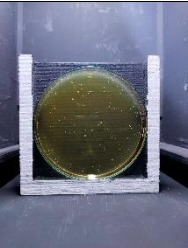
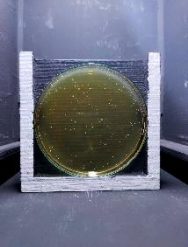
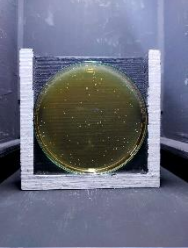
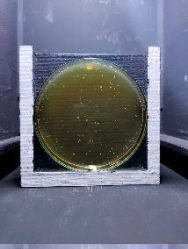
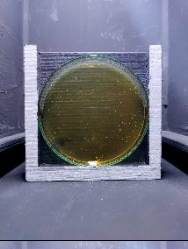
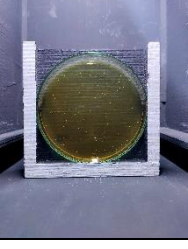
ภาพประกอบ	ตรวจนับ (Positive)		ไม่ตรวจนับ (Negative)	
	มีโคโลนี (True)	ไม่มีโคโลนี (False)	มีโคโลนี (True)	ไม่มีโคโลนี (False)
	27	2	1	0
	25	4	0	0
	30	1	2	0
	28	6	3	0
	32	4	3	0
	38	4	4	0

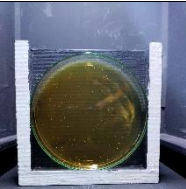
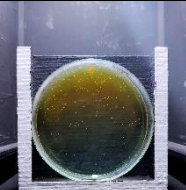
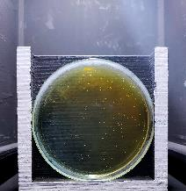
ภาพประกอบ	ตรวจนับ (Positive)		ไม่ตรวจนับ (Negative)	
	มีโคโลนี (True)	ไม่มีโคโลนี (False)	มีโคโลนี (True)	ไม่มีโคโลนี (False)
	47	3	6	0
	42	0	7	0
	39	0	9	0
	39	0	9	0
	56	2	2	0
	52	0	5	0


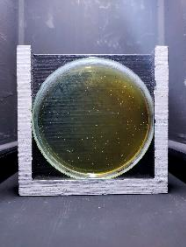
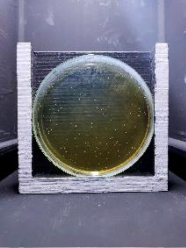
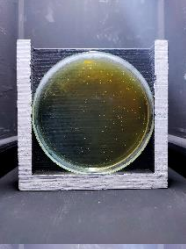
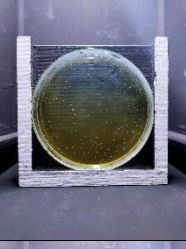
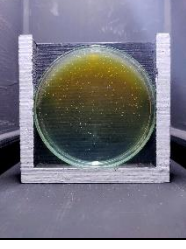
ภาพประกอบ	ตรวจนับ (Positive)		ไม่ตรวจนับ (Negative)	
	มีโคโลนี (True)	ไม่มีโคโลนี (False)	มีโคโลนี (True)	ไม่มีโคโลนี (False)
	54	1	3	0
	57	2	4	0
	61	0	8	0
	61	0	8	0
	57	0	3	0
	59	2	4	0

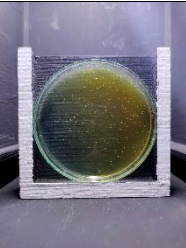
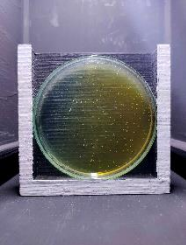
ภาพประกอบ	ตรวจนับ (Positive)		ไม่ตรวจนับ (Negative)	
	มีโคโลนี (True)	ไม่มีโคโลนี (False)	มีโคโลนี (True)	ไม่มีโคโลนี (False)
	83	23	2	0
	77	21	0	0
	83	5	1	0
	84	6	3	0
	115	4	5	0
	114	6	4	0

ภาพประกอบ	ตรวจนับ (Positive)		ไม่ตรวจนับ (Negative)	
	มีโคโลนี (True)	ไม่มีโคโลนี (False)	มีโคโลนี (True)	ไม่มีโคโลนี (False)
	116	5	6	0
	116	6	7	0
	140	1	7	0
	133	4	9	0
	133	2	8	0
	124	3	7	0

ภาพประกอบ	ตรวจนับ (Positive)		ไม่ตรวจนับ (Negative)	
	มีโคโลนี (True)	ไม่มีโคโลนี (False)	มีโคโลนี (True)	ไม่มีโคโลนี (False)
	145	16	5	0
	159	8	9	0
	154	6	7	0
	131	0	13	0
	144	6	0	0
	153	8	3	0

ภาพประกอบ	ตรวจนับ (Positive)		ไม่ตรวจนับ (Negative)	
	มีโคโลนี (True)	ไม่มีโคโลนี (False)	มีโคโลนี (True)	ไม่มีโคโลนี (False)
	152	4	5	0
	146	10	13	0
	144	6	0	0
	153	8	3	0
	152	4	5	0
	146	10	13	0

ภาพประกอบ	ตรวจนับ (Positive)		ไม่ตรวจนับ (Negative)	
	มีโคโลนี (True)	ไม่มีโคโลนี (False)	มีโคโลนี (True)	ไม่มีโคโลนี (False)
	157	13	26	0
	152	0	22	0
	156	5	17	0
	160	3	12	0
	187	1	33	0
	185	0	43	0

ภาพประกอบ	ตรวจนับ (Positive)		ไม่ตรวจนับ (Negative)	
	มีโคโลนี (True)	ไม่มีโคโลนี (False)	มีโคโลนี (True)	ไม่มีโคโลนี (False)
	208	0	24	0
	208	0	22	0

ผลการทดลองการนับโคโลนีแบคทีเรียกรดแลคติกในงานเพาะเชื้อพบว่า แอปพลิเคชันสามารถนับโคโลนี 4964 โคโลนี จากจำนวนโคโลนีทั้งหมด 4880 โคโลนี โดยนับถูกต้องจำนวน 4767 โคโลนี ซึ่งข้อผิดพลาดโดยประมาณร้อยละ 81 เกิดจากมีโคโลนีแต่แอปพลิเคชันไม่ตรวจนับโคโลนี จากตาราง 15 จะเห็นได้ว่างานเพาะเชื้อที่มีโคโลนีจำนวนมาก แอปพลิเคชันจะตรวจนับโคโลนีผิดพลาดมากกว่างานเพาะเชื้อที่มีโคโลนีน้อยทำให้ค่าเฉลี่ยความใกล้เคียงในการนับโคโลนীর้อยละ 93.00 และค่าเฉลี่ยความถูกต้องในการนับโคโลนীর้อยละ 88.64 แสดงความถูกต้องในภาพรวมดังตาราง 16

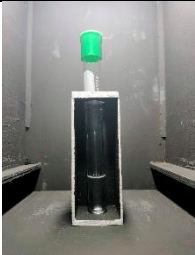
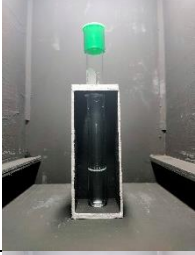
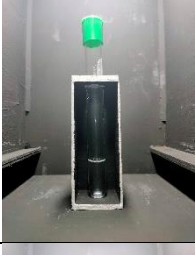
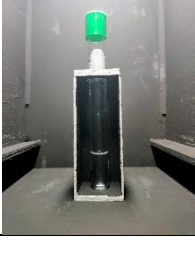
ตาราง 16 ผลการนับโคโลนีของกลุ่มแบคทีเรียทนร้อนในงานเพาะเชื้อ

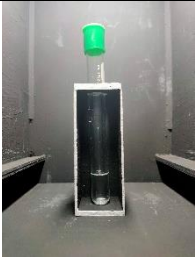
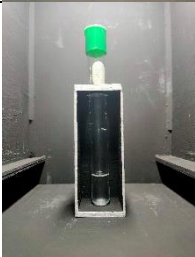
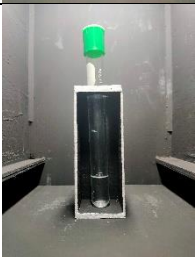
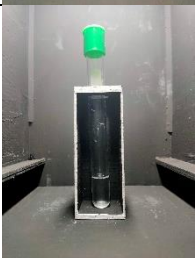
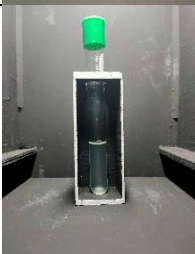
	มีโคโลนี (True)	ไม่มีโคโลนี (False)
ตรวจนับ (Positive)	4767	200
ไม่ตรวจนับ (Negative)	390	0

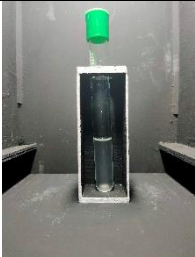
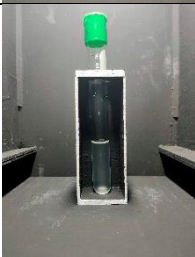
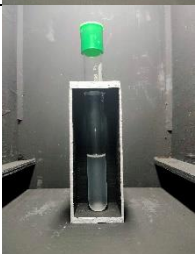
การประมาณปริมาณจุลินทรีย์บาซิลลัส ซีเรียส

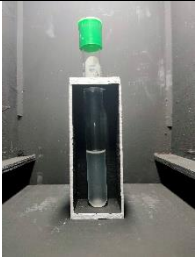
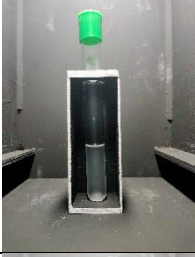
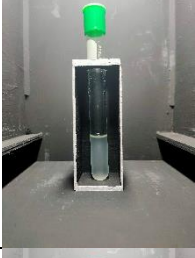
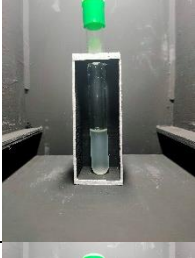
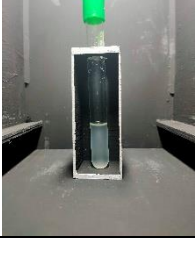
บาซิลลัส ซีเรียส มีลักษณะความขุ่นใกล้เคียงกับน้ำเปล่าในความขุ่นเริ่มต้นไปจนถึงความขุ่นในระดับใกล้เคียงกับน้ำล้างขวดนมเด็กทารก ค่าพิทเทิลจากความขุ่นถูกนำมาใช้ในการสร้างสมการถดถอยเพื่อประมาณปริมาณความทึบแสงและโคโลนีฟอร์มมิงยูนิต แสดงดังตาราง 17

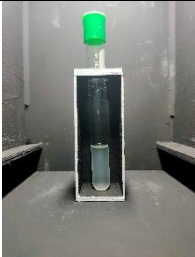
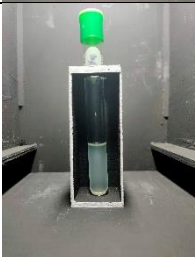
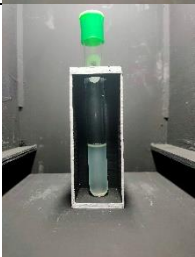
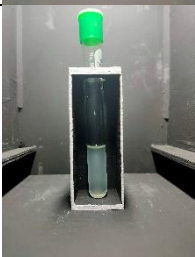
ตาราง 17 ผลการประมาณปริมาณจุลินทรีย์บาซิลลัส ซีเรียส

ภาพประกอบ	ความขุ่น			โคโลนีฟอร์มมิงยูนิต		
	ข้อมูล	ผลการทดลอง	ร้อยละความคลาดเคลื่อน	ข้อมูล (cfu/ml.)	ผลการทดลอง (cfu/ml.)	ร้อยละความคลาดเคลื่อน
	0.06	0.05	16.01	4.9×10^7	4.98×10^7	1.64
	0.06	0.06	5.33	4.9×10^7	4.98×10^7	1.64
	0.06	0.07	10.77	4.9×10^7	5.76×10^7	17.52
	0.06	0.07	12.76	4.9×10^7	5.98×10^7	22.13

ภาพประกอบ	ความชุ่ม			โคโลนีฟอร์มมิ่งยูนิต		
	ข้อมูล	ผลการทดลอง	ร้อยละความคลาดเคลื่อน	ข้อมูล (cfu/ml.)	ผลการทดลอง (cfu/ml.)	ร้อยละความคลาดเคลื่อน
	0.08	0.09	7.22	8.15×10^7	7.53×10^7	7.57
	0.08	0.09	12.79	8.15×10^7	7.94×10^7	2.63
	0.08	0.10	30.90	8.15×10^7	9.35×10^7	14.70
	0.08	0.07	7.80	8.15×10^7	6.53×10^7	19.87
	0.212	0.261	30.75	2.06×10^8	2.83×10^8	37.46

ภาพประกอบ	ความชุ่ม			โคโลนีฟอร์มมิงยูนิต		
	ข้อมูล	ผลการทดลอง	ร้อยละความคลาดเคลื่อน	ข้อมูล (cfu/ml.)	ผลการทดลอง (cfu/ml.)	ร้อยละความคลาดเคลื่อน
	0.212	0.348	71.69	2.06×10^8	3.6×10^8	74.93
	0.211	0.072	66.54	2.06×10^8	6.02×10^7	70.74
	0.223	0.255	22.81	2.06×10^8	2.46×10^8	28.55
	0.427	0.410	1.64	3.95×10^8	3.95×10^8	0.02
	0.405	0.370	8.27	3.95×10^8	3.76×10^8	4.92

ภาพประกอบ	ความชุ่ม			โคโลนีฟอร์มมิ่งยูนิต		
	ข้อมูล	ผลการทดลอง	ร้อยละความคลาดเคลื่อน	ข้อมูล (cfu/ml.)	ผลการทดลอง (cfu/ml.)	ร้อยละความคลาดเคลื่อน
	0.434	0.342	14.03	3.95×10^8	3.6×10^8	8.81
	0.461	0.382	4.10	3.95×10^8	3.85×10^8	2.58
	0.604	0.622	3.87	4.15×10^8	4.21×10^8	1.40
	0.634	0.592	0.87	4.15×10^8	4.15×10^8	0.01
	0.645	0.592	0.87	4.15×10^8	4.15×10^8	0.01

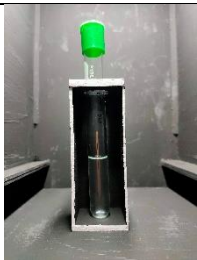
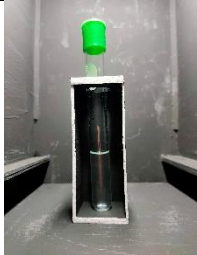
ภาพประกอบ	ความชื้น			โคโลนีฟอร์มมิ่งยูนิต		
	ข้อมูล	ผลการทดลอง	ร้อยละความคลาดเคลื่อน	ข้อมูล (cfu/ml.)	ผลการทดลอง (cfu/ml.)	ร้อยละความคลาดเคลื่อน
	0.664	0.718	17.53	4.15×10^8	4.77×10^8	14.09
	0.801	0.775	3.32	6.75×10^8	6.01×10^8	10.89
	0.800	0.704	12.66	6.75×10^8	4.7×10^8	30.43
	0.824	0.745	7.25	6.75×10^8	5.32×10^8	21.12
	0.845	0.784	2.61	6.75×10^8	6.15×10^8	8.82
			15.52			16.81

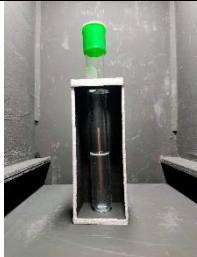

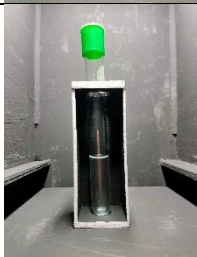
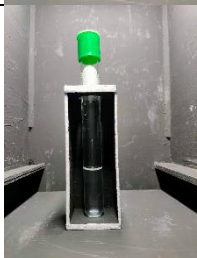
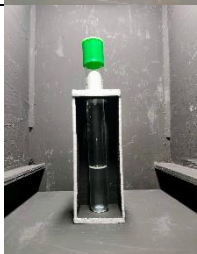
ผลการประมาณปริมาณจุลินทรีย์บาซิลลัส ซีเรียสพบว่า การประมาณความชุ่มมีค่าเฉลี่ยความคลาดเคลื่อนอยู่ที่ร้อยละ 15.52 และการประมาณโคโลนีฟอร์มมิงยูนิตมีค่าเฉลี่ยความคลาดเคลื่อนอยู่ที่ร้อยละ 16.81 ซึ่งความผิดพลาดการประมาณความชุ่มอยู่ในช่วงความชุ่มที่ 0.2 และความผิดพลาดการประมาณโคโลนีฟอร์มมิงยูนิตอยู่ในช่วง 0.2 เช่นเดียวกัน เนื่องจากค่าพิทเซลช่วงความชุ่มที่ 0.2 ไม่สอดคล้องกับฟังก์ชัน ดังเช่นช่วงความชุ่มอื่น ๆ จึงทำให้เกิดข้อผิดพลาดในช่วงความชุ่มดังกล่าว

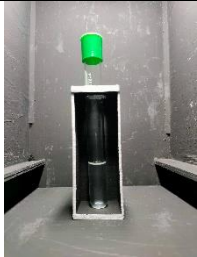
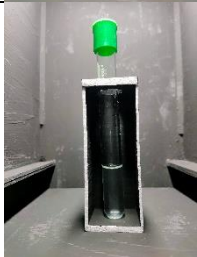



การประมาณปริมาณจุลินทรีย์เอสเชอริเชีย โคลิ

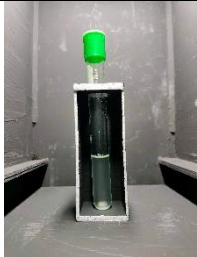
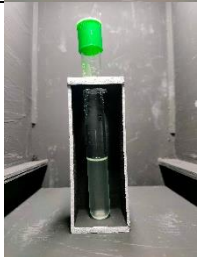

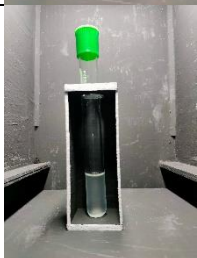
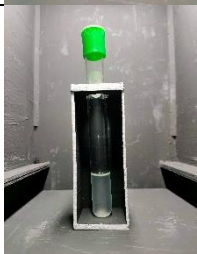
เอสเชอริเชีย โคลิ มีลักษณะความชุ่มใกล้เคียงกับน้ำเปล่าในความชุ่มเริ่มต้นไปจนถึงความชุ่มในระดับใกล้เคียงกับน้ำล้างขวดนมเด็กทารก ค่าพิทเซลจากความชุ่มถูกนำมาใช้ในการสร้างสมการถดถอยเพื่อประมาณปริมาณความทึบแสงและโคโลนีฟอร์มมิงยูนิต แสดงดังตาราง 18


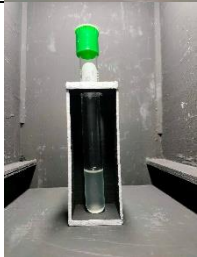
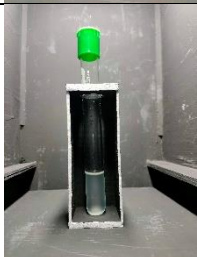
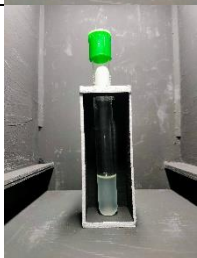
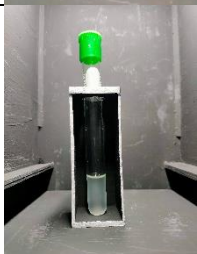
ตาราง 18 ผลการประมาณปริมาณจุลินทรีย์เอสเชอริเชีย โคลิ

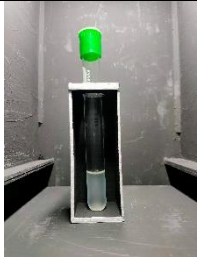
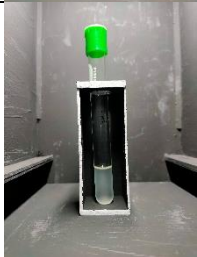
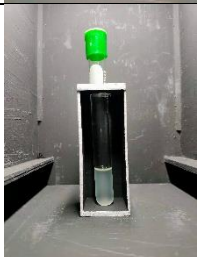
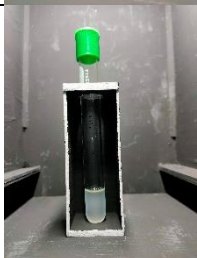
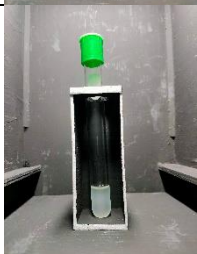
ภาพประกอบ	ความชุ่ม			โคโลนีฟอร์มมิงยูนิต		
	ข้อมูล	ผลการทดลอง	ร้อยละความคลาดเคลื่อน	ข้อมูล (cfu/mL)	ผลการทดลอง (cfu/mL)	ร้อยละความคลาดเคลื่อน
	0.064	0.074	19.12	4.15×10^8	4.47×10^8	7.64
	0.062	0.064	2.85	4.15×10^8	3.97×10^8	4.45

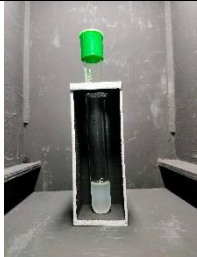
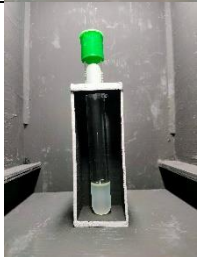
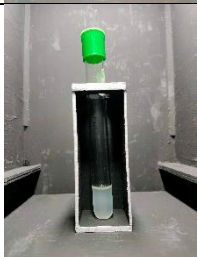
ภาพประกอบ	ความชุ่ม			โคโลนิฟอร์มมิ่งยูนิต		
	ข้อมูล	ผลการทดลอง	ร้อยละความคลาดเคลื่อน	ข้อมูล (cfu/mL)	ผลการทดลอง (cfu/mL)	ร้อยละความคลาดเคลื่อน
	0.069	0.096	55.51	4.15×10^8	5.26×10^8	26.85
	0.060	0.122	96.76	4.15×10^8	4.77×10^8	14.83
	0.060	0.122	96.76	4.15×10^8	4.77×10^8	14.83
	0.085	0.090	10.35	4.85×10^8	4.71×10^8	2.81
	0.089	0.103	25.04	4.85×10^8	4.53×10^8	6.56

ภาพประกอบ	ความขุ่น			โคโลนีฟอร์มมิ่งยูนิต		
	ข้อมูล	ผลการทดลอง	ร้อยละความคลาดเคลื่อน	ข้อมูล (cfu/mL)	ผลการทดลอง (cfu/mL)	ร้อยละความคลาดเคลื่อน
	0.082	0.085	3.35	4.85×10^8	4.88×10^8	0.64
	0.080	0.042	48.53	4.85×10^8	4.42×10^8	8.78
	0.080	0.042	48.64	4.85×10^8	4.47×10^8	7.90
	0.210	0.198	8.05	1.91×10^9	2.46×10^9	28.41
	0.219	0.241	12.03	1.91×10^9	1.57×10^9	18.19

ภาพประกอบ	ความชื้น			โคโลนิฟอร์มมิ่งยูนิต		
	ข้อมูล	ผลการทดลอง	ร้อยละความคลาดเคลื่อน	ข้อมูล (cfu/mL)	ผลการทดลอง (cfu/mL)	ร้อยละความคลาดเคลื่อน
	0.218	0.232	7.90	1.91×10^9	2.54×10^9	32.96
	0.211	0.173	19.73	1.91×10^9	1.32×10^9	30.79
	0.211	0.173	19.73	1.91×10^9	1.94×10^9	1.60
	0.400	0.395	1.26	5.65×10^9	4.83×10^9	14.5
	0.400	0.415	3.81	5.65×10^9	5.89×10^9	4.19

ภาพประกอบ	ความชุ่ม			โคโลนีฟอร์มมิ่งยูนิต		
	ข้อมูล	ผลการทดลอง	ร้อยละความคลาดเคลื่อน	ข้อมูล (cfu/mL)	ผลการทดลอง (cfu/mL)	ร้อยละความคลาดเคลื่อน
	0.400	0.365	8.8	5.65×10^9	3.94×10^9	30.3
	0.405	0.316	21.11	5.65×10^9	5.80×10^9	2.73
	0.401	0.415	3.81	5.65×10^9	5.96×10^9	5.46
	0.600	0.577	4.97	8.35×10^9	8.12×10^9	2.79
	0.608	0.644	6.04	8.35×10^9	8.46×10^9	1.34

ภาพประกอบ	ความชุ่ม			โคโลนีฟอร์มมิ่งยูนิต		
	ข้อมูล	ผลการทดลอง	ร้อยละความคลาดเคลื่อน	ข้อมูล (cfu/mL)	ผลการทดลอง (cfu/mL)	ร้อยละความคลาดเคลื่อน
	0.606	0.644	6.04	8.35×10^9	8.46×10^9	1.34
	0.606	0.577	4.97	8.35×10^9	8.02×10^9	3.96
	0.607	0.662	9.05	8.35×10^9	8.51×10^9	1.95
	0.872	0.826	5.66	1.47×10^{10}	1.11×10^{10}	24.12
	0.879	0.885	0.98	1.47×10^{10}	1.52×10^{10}	3.78

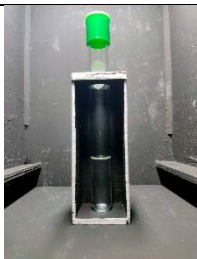
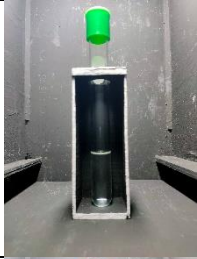
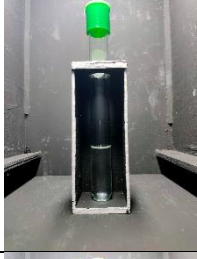
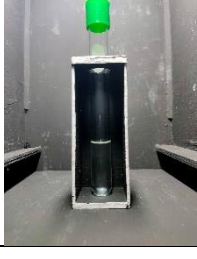
ภาพประกอบ	ความชื้น			โคโลนิฟอร์มมิ่งยูนิต		
	ข้อมูล	ผลการทดลอง	ร้อยละความคลาดเคลื่อน	ข้อมูล (cfu/mL)	ผลการทดลอง (cfu/mL)	ร้อยละความคลาดเคลื่อน
	0.876	0.885	0.98	1.47×10^{10}	1.45×10^{10}	1.04
	0.872	0.872	0.42	1.47×10^{10}	1.32×10^{10}	10.2
	0.873	0.872	0.42	1.47×10^{10}	1.51×10^{10}	2.94
			18.39			14.45

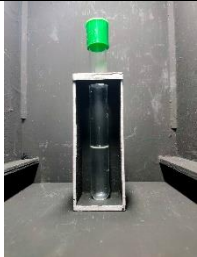
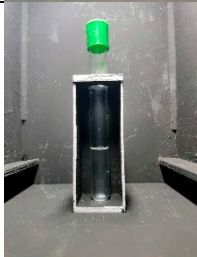
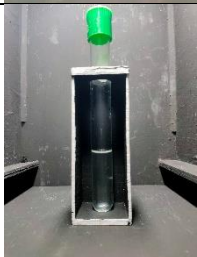
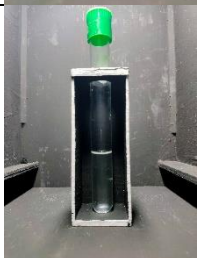
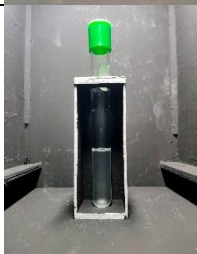
ผลการประมาณปริมาณจุลินทรีย์เอสเชอริเชีย โคลิพบว่า การประมาณความชื้นมีค่าเฉลี่ยความคลาดเคลื่อนอยู่ที่ร้อยละ 18.39 และการประมาณโคโลนิฟอร์มมิ่งยูนิตมีค่าเฉลี่ยความคลาดเคลื่อนอยู่ที่ร้อยละ 14.45 ซึ่งความผิดพลาดการประมาณความชื้นอยู่ในช่วง 0.06 เนื่องจากความชื้นช่วง 0.06 และ 0.08 มีลักษณะใกล้เคียงกันมาก ทำให้ค่าพิชเชลของความชื้น 0.06 ใกล้เคียงกับ 0.08 เมื่อใช้การวิเคราะห์ข้อมูลเครื่องจักรเรียนรู้ทำให้ไม่สามารถประมวลผลได้ถูกต้องและความผิดพลาดการประมาณโคโลนิฟอร์มมิ่งยูนิตอยู่ในช่วงความชื้น 0.2 เนื่องจากค่าพิชเชลช่วงความชื้นที่ 0.2 ไม่สอดคล้องกับฟังก์ชัน ดังเช่นช่วงความชื้นอื่น ๆ จึงทำให้เกิดข้อผิดพลาดในช่วงความชื้นดังกล่าว

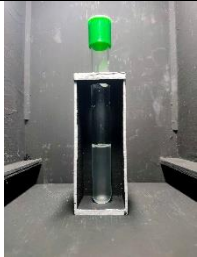
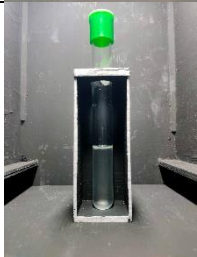
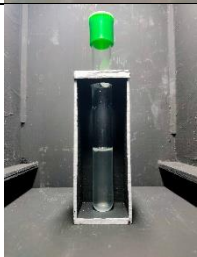
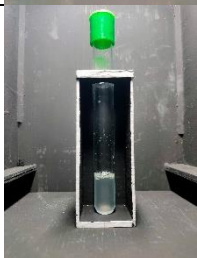
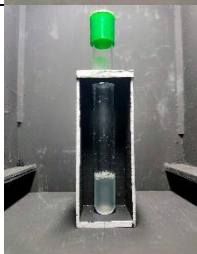
การประมาณปริมาณจุลินทรีย์แบบที่เรียโคลิฟอร์ม

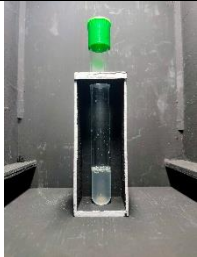
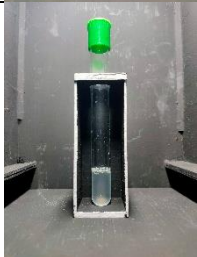
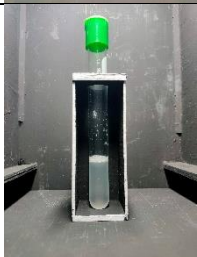
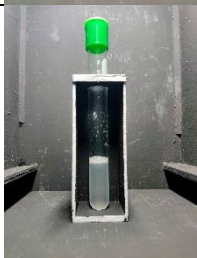
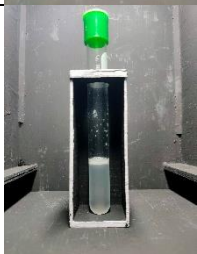
แบบที่เรียโคลิฟอร์ม มีลักษณะความขุ่นใกล้เคียงกับน้ำเปล่าในความขุ่นเริ่มต้นไปจนถึงความขุ่นในระดับใกล้เคียงกับน้ำล้างขวดนมเด็กทารก ค่าพิทเชลจากความขุ่นถูกนำมาใช้ในการสร้างสมการถดถอยเพื่อประมาณปริมาณความทึบแสงและโคโลนีฟอร์มมิ่งยูนิต แสดงดังตาราง 19

ตาราง 19 ผลการประมาณปริมาณจุลินทรีย์แบบที่เรียโคลิฟอร์ม

ภาพประกอบ	ความขุ่น			โคโลนีฟอร์มมิ่งยูนิต		
	ข้อมูล	ผลการทดลอง	ร้อยละความคลาดเคลื่อน	ข้อมูล (cfu/mL)	ผลการทดลอง (cfu/mL)	ร้อยละความคลาดเคลื่อน
	0.065	0.063	2.65	5.45×10^8	6.37×10^8	16.8
	0.065	0.085	30	5.45×10^8	6.43×10^8	17.89
	0.061	0.059	9.38	5.45×10^8	6.37×10^8	16.8
	0.060	0.055	15.46	5.45×10^8	6.36×10^8	16.75

ภาพประกอบ	ความขุ่น			โคโลนีฟอร์มมิ่งยูนิต		
	ข้อมูล	ผลการทดลอง	ร้อยละความคลาดเคลื่อน	ข้อมูล (cfu/mL)	ผลการทดลอง (cfu/mL)	ร้อยละความคลาดเคลื่อน
	0.087	0.097	11.58	6.95×10^8	6.47×10^8	6.91
	0.087	0.111	27.29	6.95×10^8	6.51×10^8	6.34
	0.089	0.133	52.88	6.95×10^8	6.55×10^8	5.76
	0.089	0.133	52.88	6.95×10^8	6.48×10^8	6.7
	0.207	0.191	7.68	1.19×10^9	1×10^9	15.92

ภาพประกอบ	ความขุ่น			โคโลนีฟอร์มมิ่งยูนิต		
	ข้อมูล	ผลการทดลอง	ร้อยละความคลาดเคลื่อน	ข้อมูล (cfu/mL)	ผลการทดลอง (cfu/mL)	ร้อยละความคลาดเคลื่อน
	0.200	0.191	7.68	1.19×10^9	9.29×10^8	21.93
	0.207	0.209	0.88	1.19×10^9	1.18×10^9	0.67
	0.207	0.209	0.88	1.19×10^9	1.10×10^9	7.41
	0.406	0.418	3.02	2.69×10^9	2.86×10^9	6.44
	0.408	0.490	20.67	2.69×10^9	2.84×10^9	5.49

ภาพประกอบ	ความขุ่น			โคโลนีฟอร์มมิ่งยูนิต		
	ข้อมูล	ผลการทดลอง	ร้อยละความคลาดเคลื่อน	ข้อมูล (cfu/mL)	ผลการทดลอง (cfu/mL)	ร้อยละความคลาดเคลื่อน
	0.409	0.522	28.63	2.69×10^9	2.82×10^9	4.84
	0.406	0.511	25.94	2.69×10^9	2.94×10^9	9.23
	0.616	0.744	20.74	6.25×10^9	5.96×10^9	4.56
	0.616	0.760	23.37	6.25×10^9	6.32×10^9	1.08
	0.619	0.669	8.65	6.25×10^9	6.03×10^9	3.57

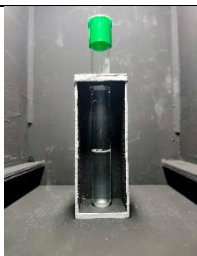
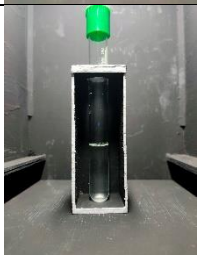
ภาพประกอบ	ความชื้น			โคโลนีฟอร์มมิ่งยูนิต		
	ข้อมูล	ผลการทดลอง	ร้อยละความคลาดเคลื่อน	ข้อมูล (cfu/mL)	ผลการทดลอง (cfu/mL)	ร้อยละความคลาดเคลื่อน
	0.619	0.744	20.74	6.25×10^9	6.41×10^9	2.55
	0.817	1.025	26.42	1.01×10^{10}	1.02×10^{10}	0.61
	0.818	1.025	26.42	1.01×10^{10}	1.04×10^{10}	3.19
	0.819	1.000	23.37	1.01×10^{10}	9.87×10^9	2.27
	0.819	1.000	23.37	1.01×10^{10}	1.02×10^{10}	0.61
			19.61			7.68

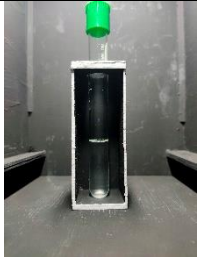
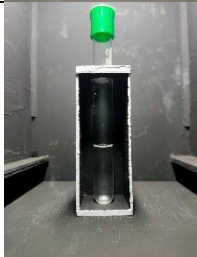
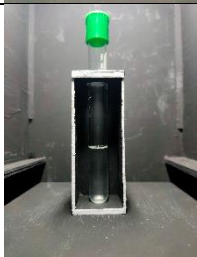
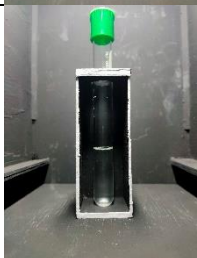
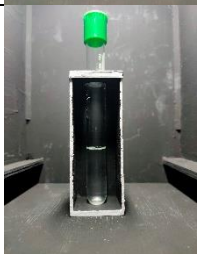
ผลการประมาณปริมาณจุลินทรีย์แบบที่เรียโคลิฟอร์มพบว่า การประมาณความชุ่นมีค่าเฉลี่ยความคลาดเคลื่อนอยู่ที่ร้อยละ 19.61 และการประมาณโคโลนีฟอร์มมิ่งยูนิตมีค่าเฉลี่ยความคลาดเคลื่อนอยู่ที่ร้อยละ 7.68 ซึ่งความผิดพลาดการประมาณความชุ่นอยู่ในช่วงความชุ่นที่ 0.08 เนื่องจากค่าพิทเซลช่วงความชุ่นที่ 0.08 ไม่สอดคล้องกับฟังก์ชัน ดังเช่นช่วงความชุ่นอื่น ๆ จึงทำให้เกิดข้อผิดพลาดในช่วงความชุ่นดังกล่าว และความผิดพลาดการประมาณโคโลนีฟอร์มมิ่งยูนิตอยู่ันกระจายตัวกันตามช่วงความชุ่นต่าง ๆ ไม่มีช่วงใดที่มีค่าความผิดพลาดมากกว่าช่วงอื่น

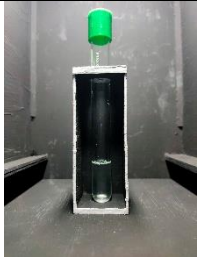
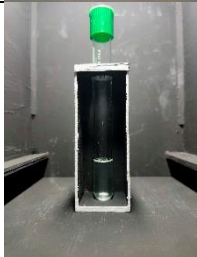
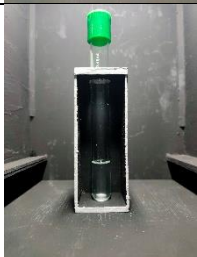
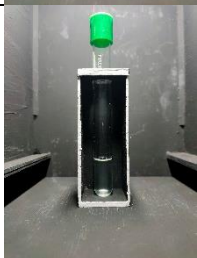
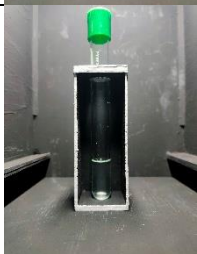
การประมาณปริมาณจุลินทรีย์แบบที่เรียกรดแลคติก

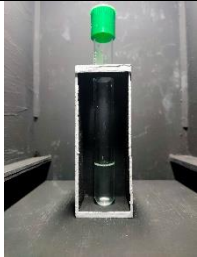
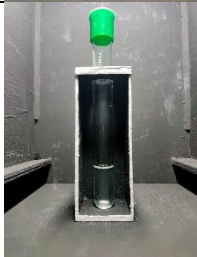
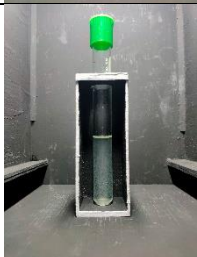
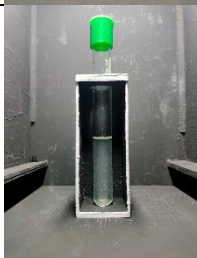
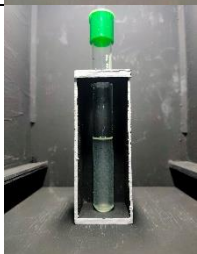
แบบที่เรียกรดแลคติก มีลักษณะความชุ่นใกล้เคียงกับน้ำเปล่าในความชุ่นเริ่มต้นไปจนถึงความชุ่นในระดับใกล้เคียงกับน้ำล้างขวดนมเด็กทารก มีตะกอนวุ้นที่เกิดจากการชูดโคลนี ค่าพิทเซลจากความชุ่นถูกนำมาใช้ในการสร้างสมการถดถอยเพื่อประมาณปริมาณความทึบแสงและโคโลนีฟอร์มมิ่งยูนิต แสดงดังตาราง 20

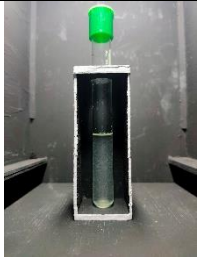
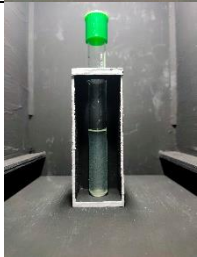
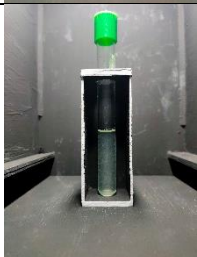
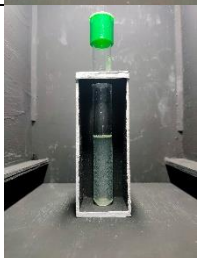
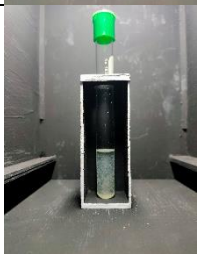
ตาราง 20 ผลการประมาณปริมาณจุลินทรีย์แบบที่เรียกรดแลคติก

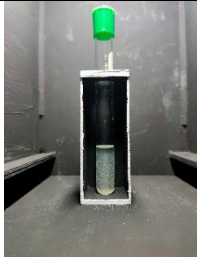
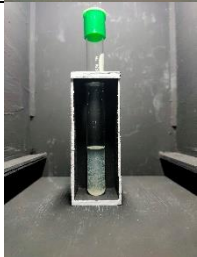
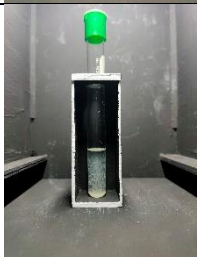
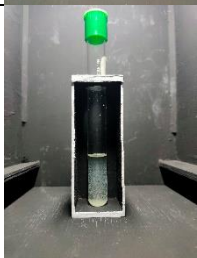
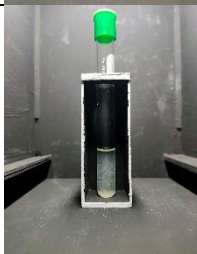
ภาพประกอบ	ความชุ่น			โคโลนีฟอร์มมิ่งยูนิต		
	ข้อมูล	ผลการทดลอง	ร้อยละความคลาดเคลื่อน	ข้อมูล (cfu/ml.)	ผลการทดลอง (cfu/ml.)	ร้อยละความคลาดเคลื่อน
	0.069	0.076	13.147	1.60×10^7	2.04×10^7	27.605
	0.068	0.071	5.325	1.60×10^7	1.79×10^7	12.006

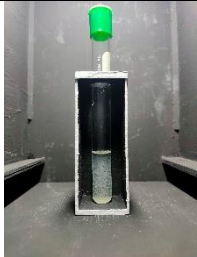
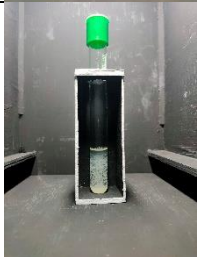
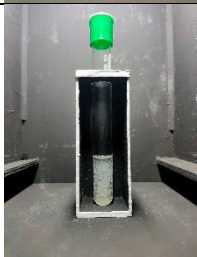
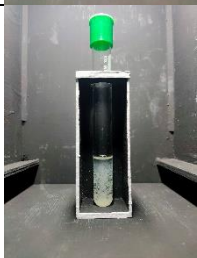

ภาพประกอบ	ความชื้น			โคโลนีฟอร์มมิ่งยูนิต		
	ข้อมูล	ผลการทดลอง	ร้อยละความคลาดเคลื่อน	ข้อมูล (cfu/mL)	ผลการทดลอง (cfu/mL)	ร้อยละความคลาดเคลื่อน
	0.067	0.055	18.522	1.60×10^7	9.46×10^6	40.886
	0.067	0.069	2.559	1.60×10^7	1.70×10^7	6.289
	0.066	0.057	14.191	1.60×10^7	1.11×10^7	30.663
	0.067	0.086	29.103	1.60×10^7	2.51×10^7	56.873
	0.066	0.094	40.32	1.60×10^7	2.81×10^7	75.486

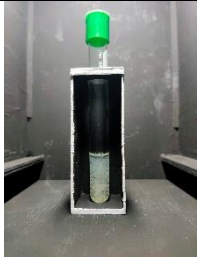
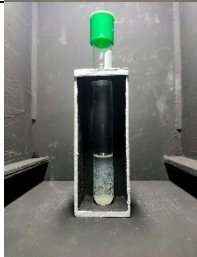

ภาพประกอบ	ความชื้น			โคโลนีฟอร์มมิ่งยูนิต		
	ข้อมูล	ผลการทดลอง	ร้อยละความคลาดเคลื่อน	ข้อมูล (cfu/mL.)	ผลการทดลอง (cfu/mL.)	ร้อยละความคลาดเคลื่อน
	0.070	0.063	20.398	2.22×10^7	1.40×10^7	36.864
	0.078	0.073	7.891	2.22×10^7	1.90×10^7	14.485
	0.079	0.066	16.263	2.22×10^7	1.57×10^7	29.221
	0.078	0.077	2.161	2.22×10^7	2.11×10^7	4.959
	0.079	0.106	34.761	2.22×10^7	3.25×10^7	46.262

ภาพประกอบ	ความขุ่น			โคโลนีฟอร์มมิ่งยูนิต		
	ข้อมูล	ผลการทดลอง	ร้อยละความคลาดเคลื่อน	ข้อมูล (cfu/mL.)	ผลการทดลอง (cfu/mL.)	ร้อยละความคลาดเคลื่อน
	0.073	0.052	34.674	2.22×10^7	7.73×10^6	65.179
	0.070	0.047	39.89	2.22×10^7	5.26×10^6	76.291
	0.238	0.244	3.256	4.94×10^7	4.94×10^7	0.093
	0.236	0.211	10.498	4.94×10^7	4.90×10^7	0.779
	0.237	0.244	3.475	4.94×10^7	4.94×10^7	0.09

ภาพประกอบ	ความชื้น			โคโลนีฟอร์มมิ่งยูนิต		
	ข้อมูล	ผลการทดลอง	ร้อยละความคลาดเคลื่อน	ข้อมูล (cfu/mL.)	ผลการทดลอง (cfu/mL.)	ร้อยละความคลาดเคลื่อน
	0.239	0.226	4.206	4.94×10^7	4.94×10^7	0.08
	0.232	0.253	7.151	4.94×10^7	4.94×10^7	0.014
	0.234	0.265	12.238	4.94×10^7	4.93×10^7	0.279
	0.234	0.233	1.347	4.94×10^7	4.94×10^7	0.058
	0.622	0.628	0.922	2.29×10^8	2.25×10^8	1.541

ภาพประกอบ	ความชื้น			โคโลนีฟอร์มมิ่งยูนิต		
	ข้อมูล	ผลการทดลอง	ร้อยละความคลาดเคลื่อน	ข้อมูล (cfu/mL.)	ผลการทดลอง (cfu/mL.)	ร้อยละความคลาดเคลื่อน
	0.628	0.650	4.562	2.29×10^8	2.62×10^8	14.473
	0.621	0.606	2.512	2.29×10^8	1.95×10^8	14.876
	0.622	0.609	2.142	2.29×10^8	1.98×10^8	13.517
	0.621	0.625	0.494	2.29×10^8	2.21×10^8	3.295
	0.621	0.667	7.228	2.29×10^8	2.92×10^8	27.51

ภาพประกอบ	ความชื้น			โคโลนีฟอร์มมิ่งยูนิต		
	ข้อมูล	ผลการทดลอง	ร้อยละความคลาดเคลื่อน	ข้อมูล (cfu/mL.)	ผลการทดลอง (cfu/mL.)	ร้อยละความคลาดเคลื่อน
	0.622	0.614	1.237	2.29×10^8	2.06×10^8	10.121
	0.818	0.832	2.121	2.29×10^8	2.29×10^8	5.965
	0.817	0.850	4.272	7.1×10^8	7.52×10^8	15.652
	0.819	0.805	1.169	7.1×10^8	8.21×10^8	7.712
	0.812	0.752	7.787	7.1×10^8	6.55×10^8	31.306

ภาพประกอบ	ความขุ่น			โคโลนีฟอร์มมิ่งยูนิต		
	ข้อมูล	ผลการทดลอง	ร้อยละความคลาดเคลื่อน	ข้อมูล (cfu/mL)	ผลการทดลอง (cfu/mL)	ร้อยละความคลาดเคลื่อน
	0.814	0.762	6.547	7.1×10^8	4.88×10^8	27.267
	0.815	0.855	4.956	7.1×10^8	5.16×10^8	18.858
	0.815	0.773	5.199	7.1×10^8	8.44×10^8	22.68
			10.644			20.541

ผลการประมาณปริมาณจุลินทรีย์แบบที่เรียกรวดแลคติกพบว่า การประมาณความขุ่น ค่าเฉลี่ยความคลาดเคลื่อนอยู่ที่ร้อยละ 10.64 และการประมาณโคโลนีฟอร์มมิ่งยูนิตมีค่าเฉลี่ยความคลาดเคลื่อนอยู่ที่ร้อยละ 20.54 ซึ่งความผิดพลาดการประมาณความขุ่นในช่วงความขุ่น 0.08 และความผิดพลาดการประมาณโคโลนีฟอร์มมิ่งยูนิตอยู่ในช่วง 0.06 – 0.08 เนื่องจากลักษณะความขุ่นมีตะกอนทำให้การสกัดค่าฟิกเชลมีข้อผิดพลาด อีกทั้งช่วง 0.06 และ 0.08 มีลักษณะคล้ายกันมากทำให้ค่าฟิกเชลที่สกัดได้มีความใกล้เคียงกันมาก การวิเคราะห์ข้อมูลเครื่องจักรเรียนรู้จึงผิดพลาดมากที่สุดในช่วง 0.06 – 0.08

บทที่ 5

บทสรุป

สรุปผลการวิจัย

จากผลการทดลองทั้งหมด 8 การทดลอง โดยการเก็บข้อมูลในห้องปฏิบัติการทาง จุฬาลงกรณ์มหาวิทยาลัย ภาพถ่ายถูกถ่ายในกล่องถ่ายภาพที่พัฒนาขึ้นมาเพื่อควบคุมแสงสว่าง โดยใช้สมาร์ทโฟน OPPO Reno2 ความละเอียดกล้อง 48 ล้านพิกเซล ภาพที่ได้มีความยาวโฟกัส 4.77 มิลลิเมตร ช่องรับแสง F/1.7 ISO อยู่ในช่วง 700-799 สำหรับการถ่ายภาพ ซึ่งการทดลองในบทที่ 4 สามารถแบ่งได้เป็น 3 ประเภท คือ การนับจำนวนโคโลนี การประมาณปริมาณค่าความทึบแสง และการประมาณปริมาณโคโลนีฟอร์มมิ่งยูนิต ความถูกต้องภาพรวมของระบบ คือ ร้อยละ 85.48 แบ่งออกเป็น การนับจำนวนโคโลนีร้อยละ 87.35 การประมาณปริมาณ ความทึบแสงร้อยละ 83.96 และการประมาณปริมาณโคโลนีฟอร์มมิ่งยูนิตร้อยละ 85.13

การทดลองตรวจจบบกล่องบรรจุงานเพาะเชื้อและกล่องบรรจุหลอดทดลอง ได้ทดลองหา ระยะห่างระหว่างตำแหน่งที่ตั้งของกล่องบรรจุงานเพาะเชื้อและกล่องบรรจุหลอดทดลองกับผนังด้าน ในของกล่องถ่ายภาพ เพื่อหาระยะห่างที่เหมาะสมที่สุดในการถ่ายภาพ จากการทดลองพบว่า ระยะห่างที่เหมาะสม คือ 10 – 14 เซนติเมตร มีค่าเฉลี่ยความถูกต้องร้อยละ 91.95 นั่นคือระยะที่ สามารถถ่ายภาพได้ชัดเจนและครบองค์ประกอบมากที่สุด ระยะห่างที่ใกล้หรือไกลเกินกว่าช่วง 10 – 14 เซนติเมตร มีความถูกต้องในการตรวจจบบกล่องบรรจุงานเพาะเชื้อและหลอดทดลองลด ต่ำลงตามลำดับ ซึ่งเป็นผลมาจากในระยะนั้นถ่ายภาพไม่ครบองค์ประกอบ

การนับโคโลนีบนงานเพาะเชื้อ เป็นการหาโคโลนีด้วยเทคนิคการประมวลผลภาพต่าง ๆ จากเชื้อจุลินทรีย์ทั้ง 4 เชื้อ ซึ่งแตกต่างกันออกไปตามลักษณะของจุลินทรีย์ชนิดนั้น ๆ พบว่า ค่าเฉลี่ยร้อยละความถูกต้อง คือ ร้อยละ 91.11 แสดงดังตาราง 21

การนับโคโลนีของกลุ่มแบคทีเรียทนร้อน ซึ่งจุลินทรีย์ที่เป็นตัวแทนของกลุ่มแบคทีเรียทน ร้อน คือ บาซิลลัส ซีเรียส ได้ทำการประมวลผลภาพเพื่อตรวจนับโคโลนีที่เจริญบนงานเพาะเชื้อ เพื่อ นำจำนวนโคโลนีที่เจริญไปคำนวณหาโคโลนีฟอร์มมิ่งยูนิต จากการทดลองพบว่าแอปพลิเคชัน

สามารถนับโคโลนีของกลุ่มแบคทีเรียทนร้อนได้ใกล้เคียงกับโคโลนีที่มีอยู่จริงร้อยละ 96.99 และมีค่าเฉลี่ยความถูกต้องในการตรวจนับร้อยละ 88.43 ดังตาราง 11

การนับจำนวนโคโลนีของกลุ่มโคลิฟอร์มแบคทีเรีย ซึ่งจุลินทรีย์ที่เป็นตัวแทนของกลุ่มโคลิฟอร์มแบคทีเรีย คือ เอสเซอริเชีย โคลิ และแบคทีเรียโคลิฟอร์ม ได้ทำการประมวลภาพเพื่อตรวจนับโคโลนีที่เจริญบนจานเพาะเชื้อ เพื่อนำจำนวนโคโลนีที่เจริญไปคำนวณหาโคโลนีฟอร์มมิ่งยูนิต จากการทดลองพบว่าแอปพลิเคชันสามารถนับโคโลนีของกลุ่มแบคทีเรียทนร้อนได้ใกล้เคียงกับโคโลนีที่มีอยู่จริงร้อยละ 87.70 และมีค่าเฉลี่ยความถูกต้องในการตรวจนับร้อยละ 84.99 ดังตาราง 13

การนับจำนวนโคโลนีของแบคทีเรียกรดแลคติก ซึ่งจุลินทรีย์ที่เป็นตัวแทนของกลุ่มจุลินทรีย์ทั้งหมดในน้ำนมดิบ คือ แบคทีเรียกรดแลคติก ได้ทำการประมวลภาพเพื่อนับโคโลนีที่เจริญบนจานเพาะเชื้อ เพื่อนำจำนวนโคโลนีที่เจริญไปคำนวณหาโคโลนีฟอร์มมิ่งยูนิต จากการทดลองพบว่าแอปพลิเคชันสามารถนับโคโลนีของกลุ่มแบคทีเรียกรดแลคติกได้ใกล้เคียงกับโคโลนีที่มีอยู่จริงร้อยละ 93.00 และมีค่าเฉลี่ยความถูกต้องในการตรวจนับร้อยละ 88.64 ดังตาราง 15

ตาราง 21 ผลการสรุปการนับจำนวนโคโลนี

เชื้อจุลินทรีย์	ตรวจนับ (Positive)		ไม่ตรวจนับ (Negative)		ร้อยละความถูกต้อง	
	มีโคโลนี (True)	ไม่มีโคโลนี (False)	มีโคโลนี (False)	ไม่มีโคโลนี (True)	การตรวจนับ	ความใกล้เคียง
แบคทีเรียทนร้อน	2,583	221	127	0	88.43	96.99
โคลิฟอร์มแบคทีเรีย	6,184	159	933	0	84.99	87.70
แบคทีเรียกรดแลคติก	4,767	200	390	0	93.00	88.64

การประมาณปริมาณความทึบแสงและโคโลนีฟอร์มมิ่งยูนิต เป็นการนำค่าพิกเซลบริเวณความขุ่นของหลอดทดลองมาสกัดค่าทางสถิติและสร้างสมการถดถอยจากค่าพิกเซลดังกล่าว จากเชื้อจุลินทรีย์ทั้ง 4 เชื้อ พบว่าค่าเฉลี่ยร้อยละความถูกต้อง คือ ร้อยละ 84.55 แสดงดังตาราง 22

การประมาณปริมาณจุลินทรีย์บาซิลลัส ซีเรียส ทดลองที่ค่าความทึบแสง 0.06 ถึง 0.85 โดยประมาณ มีช่วงความทึบแสงทั้งหมด 6 ช่วง ซึ่งในแต่ละช่วงประกอบด้วยภาพถ่ายจำนวน 4 ภาพ รวม 24 ภาพ ซึ่งผลลัพธ์ค่าเฉลี่ยความถูกต้องในการประมาณความทึบแสงอยู่ที่ร้อยละ 84.48 และค่าเฉลี่ยความถูกต้องในการประมาณโคโลนีฟอร์มมิ่งยูนิตอยู่ที่ร้อยละ 83.19 ดังตาราง 17

การประมาณปริมาณจุลินทรีย์เอสเชอริเชีย โคลิ ทดลองที่ค่าความทึบแสง 0.06 ถึง 0.88 โดยประมาณ มีช่วงความทึบแสงทั้งหมด 6 ช่วง ซึ่งในแต่ละช่วงประกอบด้วยภาพถ่ายจำนวน 5 ภาพ รวม 30 ภาพ ซึ่งผลลัพธ์ค่าเฉลี่ยความถูกต้องในการประมาณความทึบแสงอยู่ที่ร้อยละ 81.61 และค่าเฉลี่ยความถูกต้องในการประมาณโคโลนีฟอร์มมิ่งยูนิตอยู่ที่ร้อยละ 85.55 ดังตาราง 18

การประมาณปริมาณจุลินทรีย์แบคทีเรียโคลิฟอร์ม ทดลองที่ค่าความทึบแสง 0.06 ถึง 0.88 โดยประมาณ มีช่วงความทึบแสงทั้งหมด 6 ช่วง ซึ่งในแต่ละช่วงประกอบด้วยภาพถ่ายจำนวน 4 ภาพ รวม 24 ภาพ ซึ่งผลลัพธ์ค่าเฉลี่ยความถูกต้องในการประมาณความทึบแสงอยู่ที่ร้อยละ 80.39 และค่าเฉลี่ยความถูกต้องในการประมาณโคโลนีฟอร์มมิ่งยูนิตอยู่ที่ร้อยละ 92.32 ดังตาราง 19

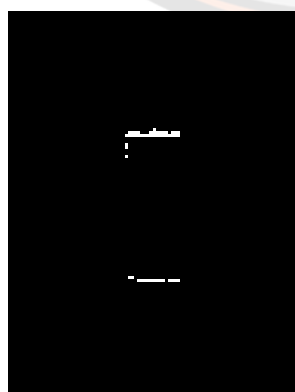
การประมาณปริมาณจุลินทรีย์แบคทีเรียกรดแลคติกทดลองที่ค่าความทึบแสง 0.06 ถึง 0.88 โดยประมาณ มีช่วงความทึบแสงทั้งหมด 5 ช่วง ซึ่งในแต่ละช่วงประกอบด้วยภาพถ่ายจำนวน 7 ภาพ รวม 35 ภาพ ซึ่งผลลัพธ์ค่าเฉลี่ยความถูกต้องในการประมาณความทึบแสงอยู่ที่ร้อยละ 89.36 และค่าเฉลี่ยความถูกต้องในการประมาณโคโลนีฟอร์มมิ่งยูนิตอยู่ที่ร้อยละ 79.46 ดังตาราง 20

ตาราง 22 ผลการสรุปการประมาณปริมาณความทึบแสงและโคโลนิฟอร์มมิงยูนิต

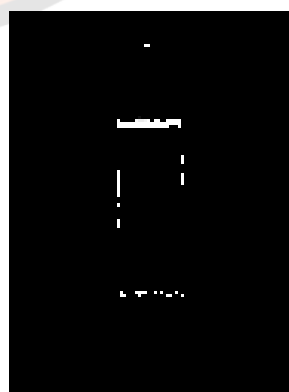
เชื้อจุลินทรีย์	ร้อยละความถูกต้องในการประมาณปริมาณ		ค่าเฉลี่ยร้อยละความถูกต้อง
	ความทึบแสง	โคโลนิฟอร์มมิงยูนิต	
บาซิลลัส ซีเรียส	84.48	83.19	83.84
เอสเชอริเชีย โคไล	81.61	85.55	83.58
แบคทีเรียโคลิฟอร์ม	80.39	92.32	86.36
แบคทีเรียกรดแลคติก	89.36	79.46	84.41

อภิปรายผล

การทดลองตรวจจับกล่องบรรจุงานเพาะเชื้อและกล่องบรรจุหลอดทดลองมีค่าเฉลี่ยความถูกต้องร้อยละ 91.95 ช่วงระยะ 10 – 14 เซนติเมตร คือ ระยะที่ความถูกต้องมากที่สุดเนื่องจากระยะนี้ดังกล่าวสามารถถ่ายภาพได้ชัดเจนและครบองค์ประกอบมากที่สุดกว่าระยะอื่นซึ่งใกล้หรือไกลเกินกว่าช่วงดังกล่าวซึ่งมีค่าความผิดพลาดในการตรวจจับซึ่งมากกว่า เป็นผลมาจากการใช้เทคนิคโปรเจกชันโปรไฟล์ในการหาตำแหน่งอ้างอิง ในกรณีที่ระยะไกลเกินไปเทคนิคโปรเจกชันโปรไฟล์จะหาผลรวมค่าพิกเซลบริเวณขอบกล่องได้น้อยเนื่องจากระยะที่ไกลออกไปพื้นที่ของขอบกล่องในภาพยิ่งน้อยลงไปด้วย ในทางกลับกันระยะใกล้เกินไปทำให้ภาพที่ได้เก็บองค์ประกอบไม่ครบ เช่น ภาพถ่ายไม่เห็นขอบกล่องด้านบนของกล่องทำให้เทคนิคโปรเจกชันโปรไฟล์หาจุดอ้างอิงไม่ครบ 4 จุด จึงเป็นสาเหตุให้เกิดข้อผิดพลาดดังกล่าว แสดงดังภาพ 56



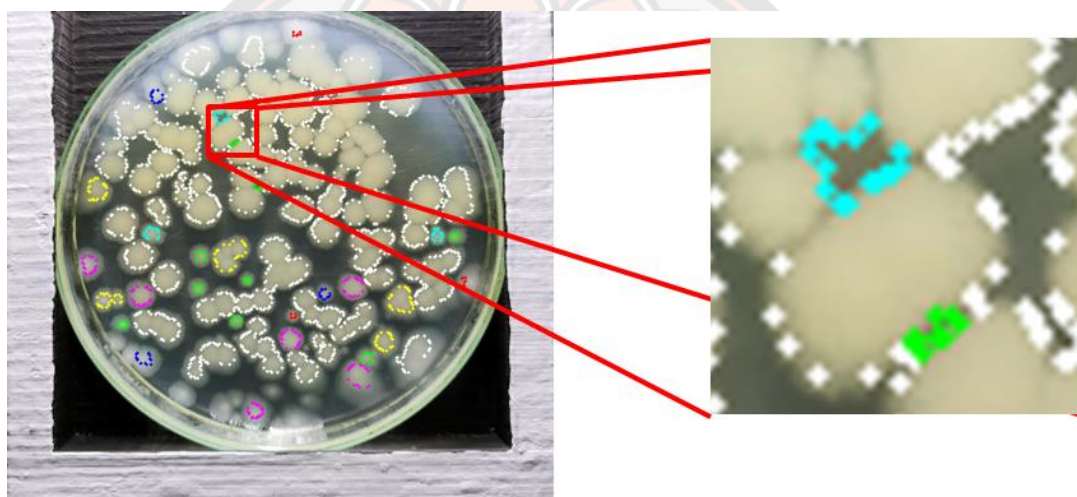
ภาพไบนารีในช่วง 0-4 ซม.



ภาพไบนารีในช่วง 10-14 ซม.

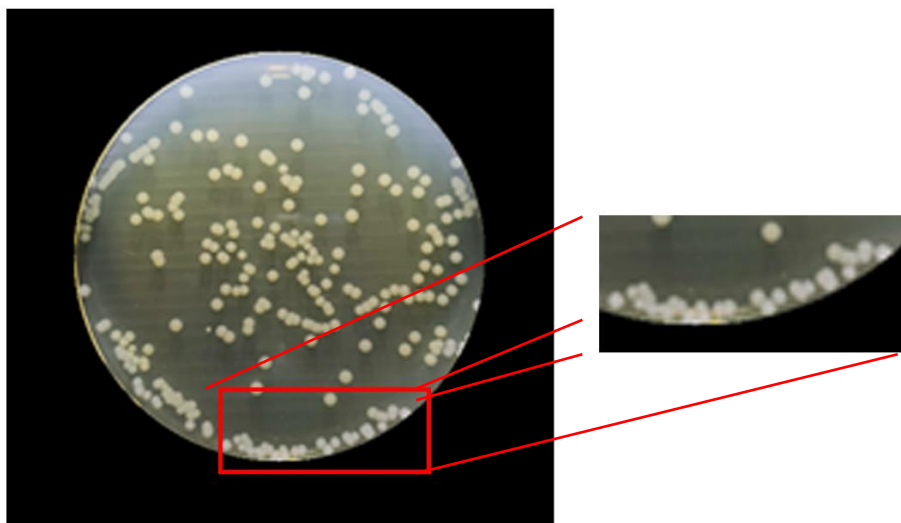
ภาพ 56 ภาพเปรียบเทียบระยะห่างการวางกล่องบรรจุหลอดทดลอง

การนับโคโลนีของกลุ่มแบคทีเรียทนร้อน ได้แก่ บาซิลลัส ซีเรียส มีค่าเฉลี่ยในการนับใกล้เคียงกับโคโลนีที่มีอยู่จริงร้อยละ 96.99 และมีค่าเฉลี่ยความถูกต้องในการตรวจนับร้อยละ 88.43 ข้อผิดพลาดส่วนใหญ่เกิดจากการที่แอปพลิเคชันตรวจนับโคโลนีบริเวณที่ไม่มีโคโลนี เป็นผลมาจากแอปพลิเคชันตรวจนับช่องว่างระหว่างโคโลนี กรณีตัวอย่างเช่น มีโคโลนี 5 ตัวเจริญติดกันเป็นดาวกระจาย ทำให้มีวงกลมเล็ก ๆ บริเวณศูนย์กลาง ซึ่งบริเวณดังกล่าวไม่มีโคโลนี แต่เนื่องด้วยลักษณะเป็นวงกลมทำให้แอปพลิเคชันตรวจนับว่าเป็นโคโลนีได้ ซึ่งปัญหานี้จะพบเมื่อโคโลนีอยู่รวมตัวกันตั้งแต่ 5 โคโลนีขึ้นไป แสดงดังภาพ 57



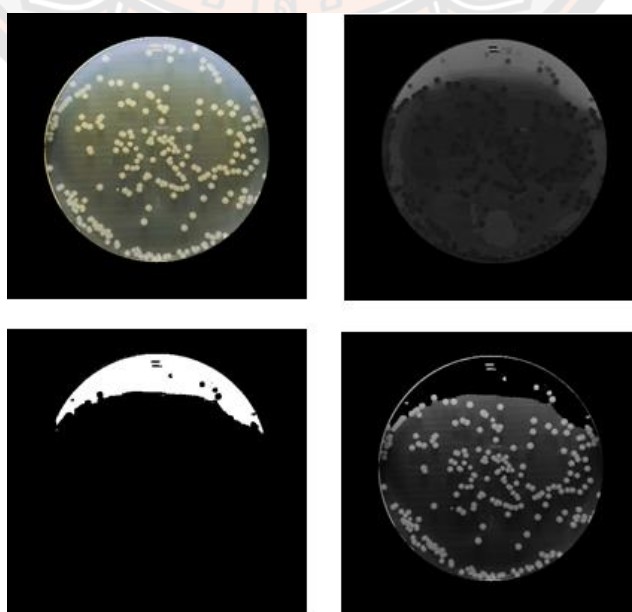
ภาพ 57 ภาพการแยกโคโลนีที่ติดกัน

การนับจำนวนโคโลนีของกลุ่มโคลิฟอร์มแบคทีเรีย ได้แก่ เอสเชอริเชีย โคลิ และแบคทีเรียโคลิฟอร์ม มีค่าเฉลี่ยในการนับใกล้เคียงกับโคโลนีที่มีอยู่จริงร้อยละ 87.70 และมีค่าเฉลี่ยความถูกต้องในการตรวจนับร้อยละ 84.99 ข้อผิดพลาดส่วนใหญ่เกิดจากแอปพลิเคชันตรวจนับจำนวนโคโลนีบริเวณชิดขอบจานเพาะเชื้อไม่ได้เนื่องจากลักษณะของโคโลนีบริเวณขอบจานเพาะเชื้อ มีลักษณะไม่ใกล้เคียงกับวงกลมเนื่องจากตำแหน่งที่เจริญติดกับขอบจานเพาะเชื้อ ทำให้ลักษณะของโคโลนีผิดรูปไป ไม่ใช่วงกลมที่สมบูรณ์ รวมถึงการเจริญของโคโลนีอยู่ติดกันมากเกินไป จนไม่สามารถให้แยกโคโลนีออกจากกันได้ทั้งหมด ซึ่งปัญหานี้จะพบได้บ่อยเมื่อโคโลนีอยู่ในช่วง 230 โคโลนีขึ้นไป แสดงดังภาพ 58



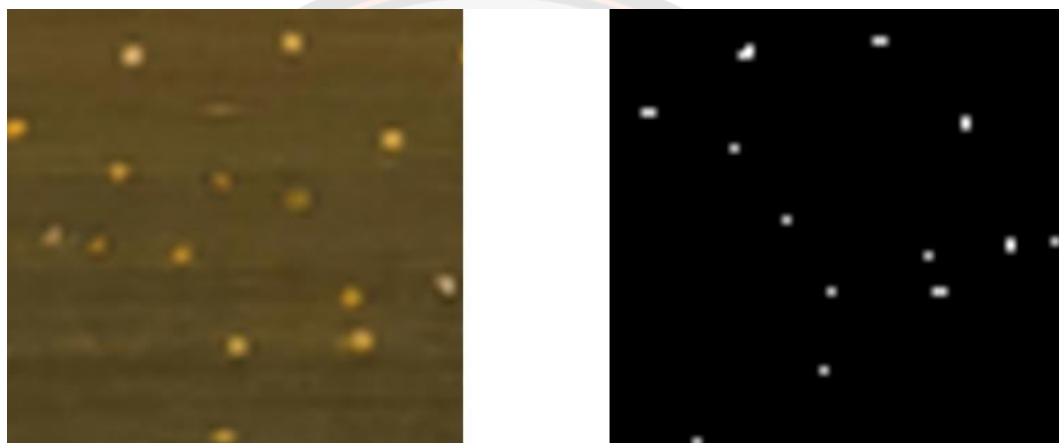
ภาพ 58 ภาพการแยกโคโลนีที่ติดกัน

สาเหตุอีกหนึ่งประการ คือการกำจัดพื้นที่พื้นหลังจะสว่างมากกว่าปกติ เป็นการใช้ระบบ สีเฮสเอสวี่ซึ่งผลลัพธ์ที่ได้นั้น มิใช่เพียงพื้นหลังเท่านั้นที่ถูกกำจัด แต่ยังมีโคโลนีบางส่วนนั้นกำจัดไป พร้อมกับส่วนที่สว่าง เนื่องจากโคโลนีเหล่านั้นอยู่ในบริเวณที่กระทบกับแสงได้มาก เช่น พื้นที่ บริเวณขอบจานเพาะเชื้อด้านบน แสดงดังภาพ 59



ภาพ 59 ภาพการแยกโคโลนีที่ติดกัน

การนับจำนวนโคโลนีของกลุ่มแบคทีเรียกรดแลคติก มีค่าเฉลี่ยในการนับใกล้เคียงกับโคโลนีที่มีอยู่จริงร้อยละ 93.00 และมีค่าเฉลี่ยความถูกต้องในการตรวจนับร้อยละ 88.64 ข้อผิดพลาดส่วนใหญ่เกิดจากแอปพลิเคชันไม่สามารถแยกโคโลนีบางเซลล์ออกจากพื้นหลังได้ เนื่องจากสีและขนาดของโคโลนีที่แตกต่างกันออกไป โคโลนีที่โดยส่วนมากที่ถูกแยกออกจากพื้นหลังโดยสมบูรณ์จะเป็นโคโลนีที่เจริญอยู่บนอาหารเลี้ยงเชื้อ ซึ่งจะมีความสว่างมากกว่าโคโลนีที่เจริญในอาหารเพาะเชื้อความสว่างจะน้อยกว่าโดยเป็นผลมาจากถูกอาหารเลี้ยงเชื้อบดบัง แสดงดังภาพ 60



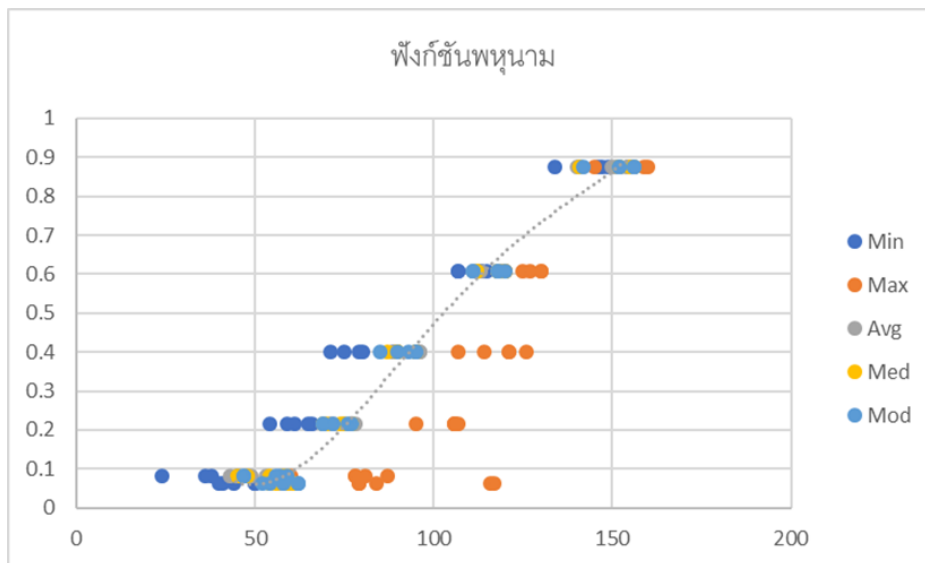
ภาพ 60 ภาพการแยกโคโลนีจากพื้นหลังที่ไม่สมบูรณ์

การประมาณปริมาณความทึบแสงและโคโลนีฟอร์มมิ่งยูนิตของจุลินทรีย์บาซิลลัส ซีเรียส มีค่าเฉลี่ยความถูกต้องในการประมาณความทึบแสงอยู่ที่ร้อยละ 84.48 และค่าเฉลี่ยความถูกต้องในการประมาณโคโลนีฟอร์มมิ่งยูนิตอยู่ที่ร้อยละ 83.19 ข้อผิดพลาดหลักในการประมาณปริมาณความทึบแสงส่วนมากพบในช่วง 0.06 เป็นผลมาจากการสะท้อนของหลอดทดลองที่ใส รวมกับเชื้อจุลินทรีย์ในช่วงความทึบแสง 0.06 มีลักษณะใสเหมือนกับน้ำสะอาด ไม่มีตะกอนไม่มีความขุ่นทำให้เกิดการสะท้อนของแสงสว่างได้มาก บริเวณที่สะท้อนจะส่งผลให้ค่าพิกเซลบริเวณนั้นพุ่งสูงกว่าบริเวณอื่น ส่งผลต่อการประมาณปริมาณความทึบแสงและโคโลนีฟอร์มมิ่งยูนิต แสดงดังภาพ 61



ภาพ 61 ภาพการสะท้อนของแหล่งกำเนิดแสง

การประมาณปริมาณจุลินทรีย์เอสเชอริเชีย โคไล มีค่าเฉลี่ยความถูกต้องในการประมาณความทึบแสงอยู่ที่ร้อยละ 81.61 และค่าเฉลี่ยความถูกต้องในการประมาณโคโลนีฟอร์มมิ่งยูนิตอยู่ที่ร้อยละ 85.55 ข้อผิดพลาดหลักในการประมาณปริมาณความทึบแสงส่วนมากพบขึ้นในช่วง 0.06 เป็นผลมาจากการสะท้อนของหลอดทดลองที่ใส ร่วมกับเชื้อจุลินทรีย์ในช่วงความทึบแสง 0.06 มีลักษณะใสเหมือนกับน้ำสะอาด ไม่มีตะกอนไม่มีความขุ่น ทำให้เกิดการสะท้อนของแสงสว่างได้มาก บริเวณที่สะท้อนจะส่งผลให้ค่าฟิคเซลบริเวณนั้นพุ่งสูงกว่าบริเวณอื่น ส่งผลต่อการประมาณปริมาณความทึบแสง ข้อผิดพลาดในส่วนของการประมาณปริมาณโคโลนีฟอร์มมิ่งยูนิตส่วนมากพบในช่วงความทึบแสง 0.2 ซึ่งเป็นความทึบแสงที่ไม่สามารถแยกได้ด้วยตาเปล่าซึ่งการประมาณปริมาณใช้สมการเลขชี้กำลัง ช่วงความทึบแสง 0.2 เป็นช่วงที่กราฟไม่สอดคล้องกับข้อมูลมากที่สุด แต่เนื่องด้วยภาพรวมของข้อมูลสอดคล้องกับกราฟโดยภาพรวม ทำให้การใช้การประมาณปริมาณโคโลนีฟอร์มมิ่งยูนิตของจุลินทรีย์เอสเชอริเชีย โคไล มีปัญหาด้านความถูกต้องในช่วงดังกล่าว แสดงดังภาพ 62



ภาพ 62 ภาพการสะท้อนของแหล่งกำเนิดแสง

การประมาณปริมาณจุลินทรีย์แบบที่เรียโคลิฟอร์ม มีค่าเฉลี่ยความถูกต้องในการประมาณความทึบแสงอยู่ที่ร้อยละ 80.39 และค่าเฉลี่ยความถูกต้องในการประมาณโคโลนีฟอร์มมีงูนิตอยู่ที่ร้อยละ 92.32 ข้อผิดพลาดในส่วนของการประมาณปริมาณความทึบแสงส่วนมากพบในช่วงความทึบแสง 0.08 ซึ่งมีความใกล้เคียงกันกับ 0.06 มาก โดยสายตาไม่สามารถแยกได้ ค่าพิทเชลที่สกัดได้ก็ไม่แตกต่างกันมากนัก ค่าพิทเชลความทึบแสง 0.06 และ 0.08 มีส่วนเบี่ยงเบนมาตรฐานของข้อมูล 0.82 บ่งบอกถึงความใกล้เคียงกันของข้อมูล ซึ่งลักษณะของความขุ่นที่คล้ายกันมาก ทำให้ค่าพิทเชลที่ไม่แตกต่างกัน ข้อผิดพลาดในส่วนของการประมาณปริมาณโคโลนีฟอร์มมีงูนิตกระจายตัวตามช่วงต่าง ๆ บ่งบอกถึงความเหมาะสมของสมการที่เลือกใช้ว่าสอดคล้องกับข้อมูลมาก แสดงดังตาราง 23

ตาราง 23 ความใกล้เคียงของค่าพิทเชลในช่วงความชุ่มเริ่มต้น แบบคิเรียโคลิฟอร์ม

ความทึบแสง	ค่าน้อยที่สุด	ค่ามากที่สุด	ค่าเฉลี่ย	ค่ามัธยฐาน	ค่าฐานนิยม
0.065	45	85	56	55	53
0.065	46	81	57	56	57
0.065	45	85	53	52	52
0.065	43	88	52	51	51
0.087	52	86	63	62	59
0.087	53	98	64	63	61
0.087	59	99	70	68	64
0.087	57	98	69	67	64
S.D.	6.071	7.171	6.989	6.627	5.235

การประมาณปริมาณจุลินทรีย์แบบคิเรียกรดแลคติกมีค่าเฉลี่ยความถูกต้องในการประมาณความทึบแสงอยู่ที่ร้อยละ 89.36 และค่าเฉลี่ยความถูกต้องในการประมาณโคโลนิฟอร์มมีงูนิตอยู่ที่ร้อยละ 79.46 ข้อผิดพลาดในส่วนของประมาณปริมาณความทึบแสงส่วนมากพบในช่วงความทึบแสง 0.08 ซึ่งมีความใกล้เคียงกันกับ 0.06 มาก โดยสายตาไม่สามารถแยกได้ ค่าพิทเชลที่สกัดได้ก็ไม่แตกต่างกันมากนัก ค่าพิทเชลความทึบแสง 0.06 และ 0.08 มีส่วนเบี่ยงเบนมาตรฐานของข้อมูล 0.88 บ่งบอกถึงความใกล้เคียงกันของข้อมูล ซึ่งลักษณะของความชุ่มที่คล้ายกันมาก ทำให้ค่าพิทเชลที่ไม่แตกต่างกัน ข้อผิดพลาดในส่วนของประมาณปริมาณโคโลนิฟอร์มมีงูนิตอยู่ในช่วง 0.06 – 0.08 เนื่องจากเป็นความชุ่มเริ่มต้น จุลินทรีย์ที่เจออาจมีลักษณะคล้ายน้ำใสทำให้เกิดการสะท้อนของแสงสว่างได้มาก แสดงดังตาราง 24

ตาราง 24 ความใกล้เคียงของค่าพิทเชลในช่วงความชุ่มเริ่มต้น แบบคิเรียกรดแลคติก

ความทึบแสง	ค่าน้อยที่สุด	ค่ามากที่สุด	ค่าเฉลี่ย	ค่ามัธยฐาน	ค่าฐานนิยม
0.067	60	100	76	76	74
0.067	60	97	74	74	72
0.067	58	102	75	75	70
0.067	60	105	74	73	71

ความทึบแสง	ค่าน้อยที่สุด	ค่ามากที่สุด	ค่าเฉลี่ย	ค่ามัธยฐาน	ค่าฐานนิยม
0.067	57	98	71	68	67
0.067	62	107	75	73	71
0.067	63	109	76	75	72
0.079	42	61	49	49	49
0.079	44	73	52	52	52
0.079	43	64	51	52	52
0.079	43	66	50	50	51
0.079	40	63	48	49	49
0.079	52	87	61	61	62
0.079	41	74	50	48	47
S.D.	9.048	18.396	12.278	11.869	10.645

ข้อเสนอแนะ

ข้อผิดพลาดที่เกิดจากการที่แอปพลิเคชันไม่สามารถตรวจจับโคลนนี้ได้ เนื่องจากตำแหน่งอยู่ใกล้ขอบจอภาพเพื่อทำให้โคลนนี้ไม่มีลักษณะเป็นวงกลมเป็นข้อผิดพลาดที่พบมากที่สุด แนวทางการแก้ไขควรมีการปรับปรุงภาพให้สมบูรณ์ก่อนเริ่มขั้นตอนการนับโคลนนี้ ซึ่งการใช้กระบวนการทางด้านการประมวลผลภาพเข้ามาเพิ่ม ถ้าสามารถเติมส่วนที่หายไปของโคลนนี้ในภาพได้ จะลดความผิดพลาดของแอปพลิเคชันลงไปได้อย่างมาก

การประมาณปริมาณความทึบแสงและโคลนนี้ฟอร์มมิงยูนิท ในบางช่วงที่กราฟฟังก์ชันไม่สอดคล้องกับข้อมูล นอกจากฟังก์ชันที่เลือกศึกษาแล้วนั้น ควรหาฟังก์ชันอื่น ๆ เพิ่มเติม เมื่อต้องการหาสมการที่สอดคล้องกับข้อมูลมากที่สุด หรือการหาข้อมูลนำเข้าใหม่ที่มาจากการพัฒนาสมการ ข้อมูลนั้นควรมีช่วงความถี่ที่สม่ำเสมอ สิ่งเหล่านั้นจะช่วยให้สามารถสร้างสมการถดถอยในการประมาณปริมาณได้อย่างแม่นยำมากยิ่งขึ้น รวมไปถึงการเลือกใช้ค่าทางสถิติค่าอื่นที่มีแนวโน้มว่าจะสอดคล้องกับข้อมูลรวมถึงการเพิ่มเทคนิคการประมวลผลภาพในขั้นตอนการสกัดค่าพิกเซล เพื่อลดแสงสะท้อนจากหลอดไฟ หรืออาจจะออกแบบกล้องถ่ายภาพให้สามารถปรับแสงสว่างได้อัตโนมัติ



ภาคผนวก

มหาวิทยาลัยนครพนม

ภาคผนวก ก การเปรียบเทียบความใกล้เคียงของข้อมูลพิทเทิลกับกราฟรูปทั่วไปของ

ฟังก์ชัน

การเปรียบเทียบความใกล้เคียงของข้อมูลกับกราฟรูปทั่วไปของฟังก์ชันนั้น ๆ ช่วยให้สามารถเลือกฟังก์ชันในการสร้างสมการถดถอยที่มีความสอดคล้องกับข้อมูลมากที่สุด โดยฟังก์ชันที่เลือกนำมาเปรียบเทียบ ได้แก่

1. ฟังก์ชันตรรกยะ (Rational Function)
2. ฟังก์ชันชี้กำลัง (Exponential Function)
3. ฟังก์ชันกำลังทั่วไป (The General Exponential Function)
4. ฟังก์ชันลอการิทึม (Logarithm Function)
5. ฟังก์ชันตรีโกณมิติ (Trigonometric Functions)
6. ฟังก์ชันพหุนาม (Polynomial Functions)
7. ฟังก์ชันเส้นตรง (Linear Functions)

ซึ่งแต่ละฟังก์ชันนั้นแตกต่างกัน ขึ้นอยู่กับรูปสมการ สามารถแสดงสมการและกราฟรูปทั่วไปของฟังก์ชันได้ ดังนี้

1. ฟังก์ชันตรรกยะ (Rational Function) คือ ฟังก์ชันของพหุนามสองตัวมาหารกัน ซึ่งสามารถแบ่งได้เป็น 2 รูปแบบ คือ
 1. ฟังก์ชันตรรกยะเศษส่วนแท้ หมายถึง ฟังก์ชันตรรกยะที่มีเลขยกกำลังของตัวเศษน้อยกว่ากำลังของตัวส่วน
 2. ฟังก์ชันตรรกยะเศษส่วนไม่แท้ ฟังก์ชันตรรกยะที่มีเลขยกกำลังของตัวเศษมากกว่าหรือเท่ากับกำลังของตัวส่วน

สมการรูปทั่วไป

$$f(\Delta) = \frac{p(\Delta)}{q(\Delta)}$$

โดย $p(\Delta)$ และ $q(\Delta)$ เป็นพหุนามของตัวแปร Δ

2. ฟังก์ชันชี้กำลัง (Exponential Function) คือ ฟังก์ชันของเลขยกกำลังที่เลขยกกำลังเป็นจำนวนเต็มบวก

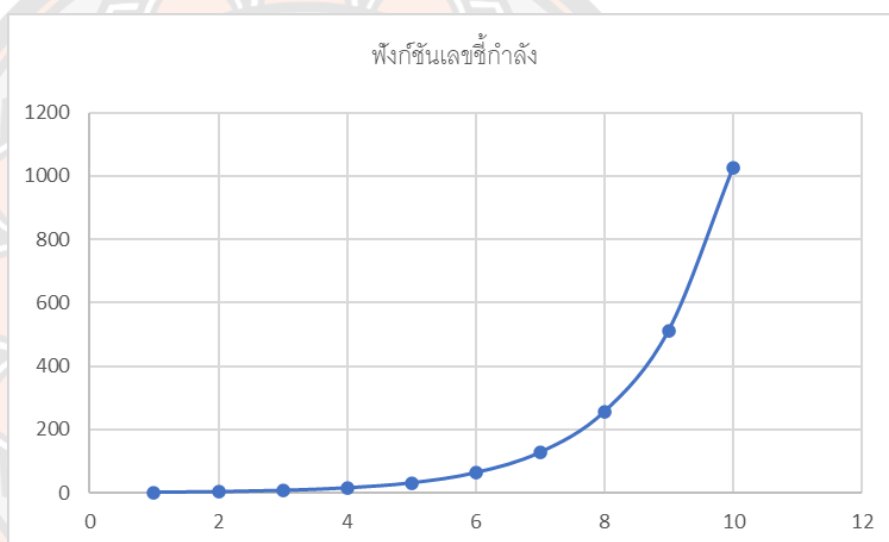
สมการรูปทั่วไป

$$y = a^x$$

โดย a เป็นจำนวนจริง

และ x เป็นจำนวนเต็มบวก

กราฟรูปทั่วไป



3. ฟังก์ชันกำลังทั่วไป (The General Exponential Function) คือ ฟังก์ชันของเลขยกกำลังที่เลขยกกำลังเป็นจำนวนเต็มบวกและมีค่าปริมาณหรือมูลค่าเริ่มต้นเพียงแสดงถึงการเจริญเติบโต

สมการรูปทั่วไป

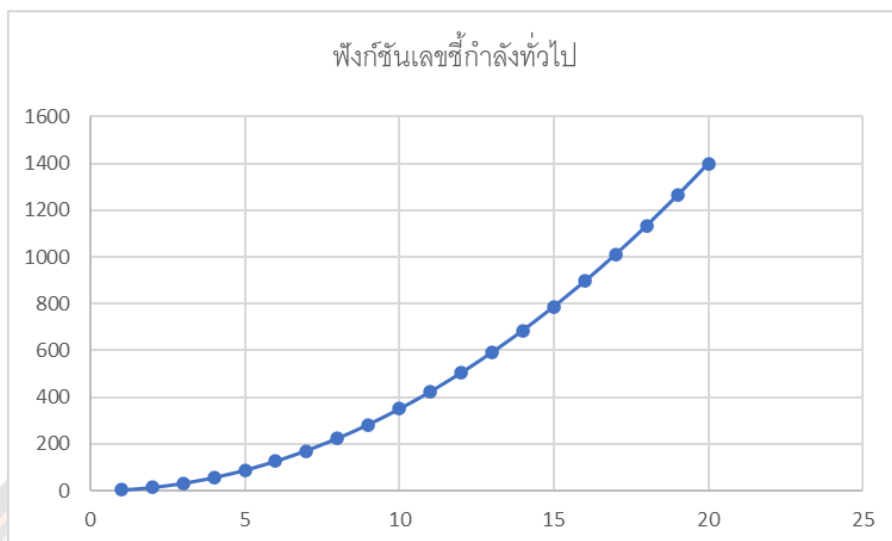
$$y = P_0 a^x$$

โดย a เป็นจำนวนจริง

และ x เป็นจำนวนเต็มบวก

และ P_0 เป็นค่าเริ่มต้นของปริมาณหรือมูลค่าที่เป็นจำนวนเต็ม

กราฟรูปทั่วไป



4. ฟังก์ชันลอการิทึม (Logarithm Function) คือ ฟังก์ชันของจำนวนที่บ่งบอกกำลังของฐาน ซึ่งเมื่อฐานยกกำลังด้วยจำนวนนี้แล้ว ย่อมมีค่าเท่ากับจำนวนที่กำหนดนั้น

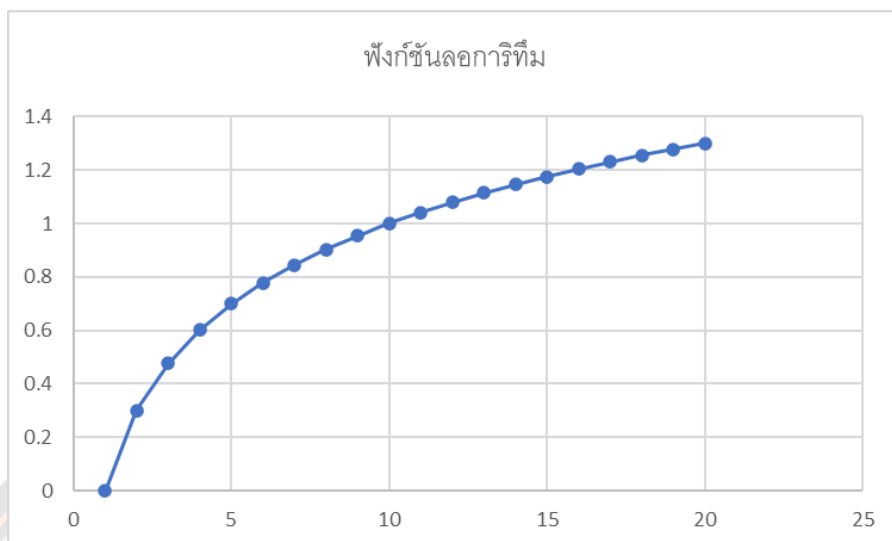
สมการรูปทั่วไป

$$y = \log_a x$$

โดย a เป็นฐานของลอการิทึม เป็นจำนวนเต็มบวก

และ x เป็นจำนวนเต็มบวก

กราฟรูปทั่วไป



5. ฟังก์ชันตรีโกณมิติ (Trigonometric Functions) คือ ฟังก์ชันทางเลขาคณิต มีความเกี่ยวข้องกับมุมและองศาต่าง ๆ ซึ่งในฟังก์ชันตรีโกณมิตินี้ ยังมีฟังก์ชันย่อยลงไปอีก อาทิเช่น ฟังก์ชันไซน์หรือโคไซน์ ใน ณ ที่นี้จะนำเสนอเฉพาะฟังก์ชันไซน์เท่านั้น

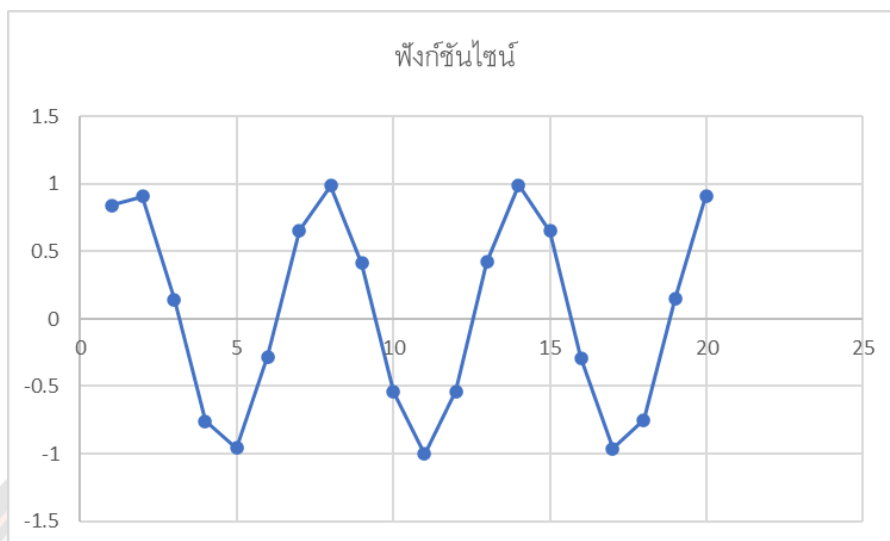
สมการรูปทั่วไป

$$y = \sin x + b$$

โดย x เป็นค่ามุม

และ b เป็นจำนวนเต็ม

กราฟรูปทั่วไป



6. ฟังก์ชันพหุนาม (Polynomial Functions) คือ ฟังก์ชันที่มีนิพจน์ที่สร้างจากตัวแปรอย่างน้อยหนึ่งตัวและจะมีค่าคงที่หรือไม่มีก็ได้ ซึ่งกราฟรูปทั่วไปของฟังก์ชันพหุนามจะแตกต่างกันออกไปตามเลขชี้กำลัง ซึ่งนั่นก็มีชื่อแรกที่แตกต่างกันออกไป เช่น กำลังสอง เรียกว่า Quadratic กำลังสาม เรียกว่า Cubic กำลังสี่ เรียกว่า Quartic กำลังห้า เรียกว่า Quinic เป็นต้น

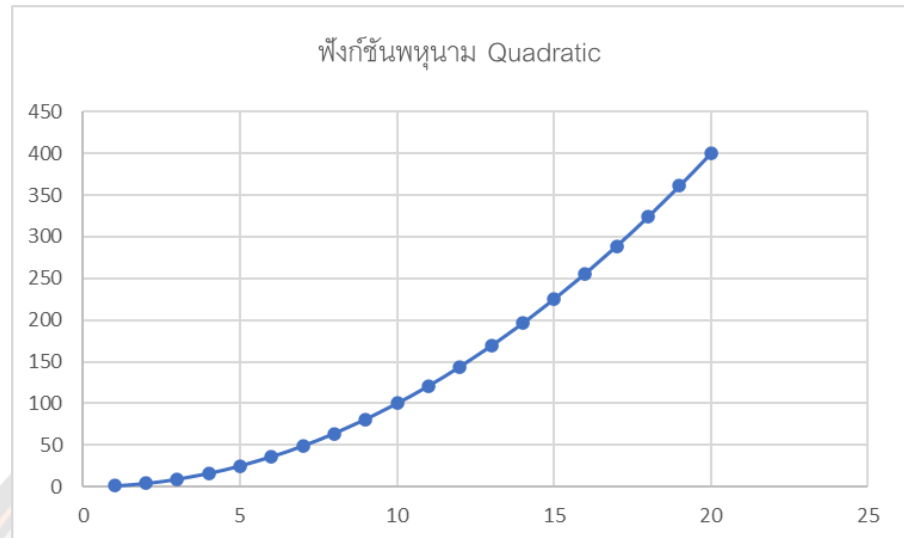
สมการรูปทั่วไป

$$y = a_n x^n + a_{n-1} x^{n-1} + \dots + a_1 x + a_0$$

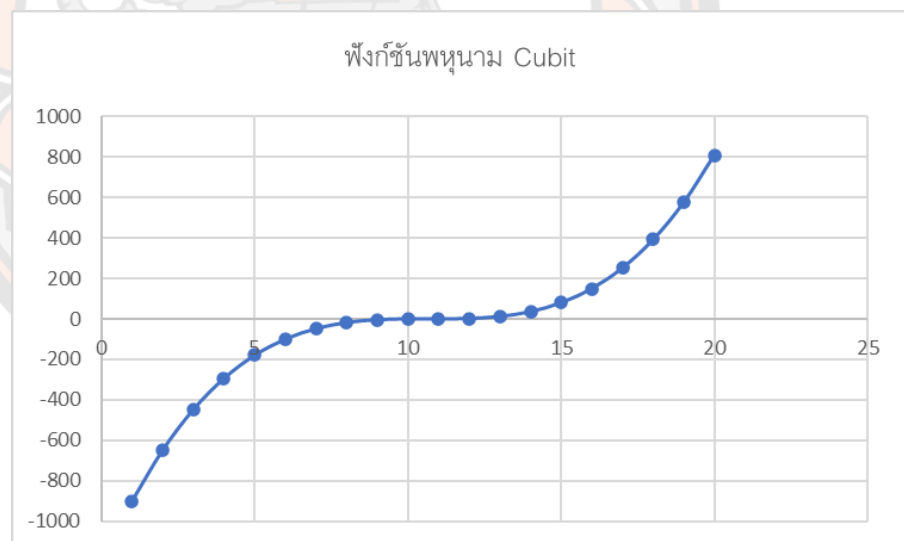
โดย n เป็นจำนวนนิพจน์ทั้งหมด

และ a, x เป็นจำนวนเต็ม

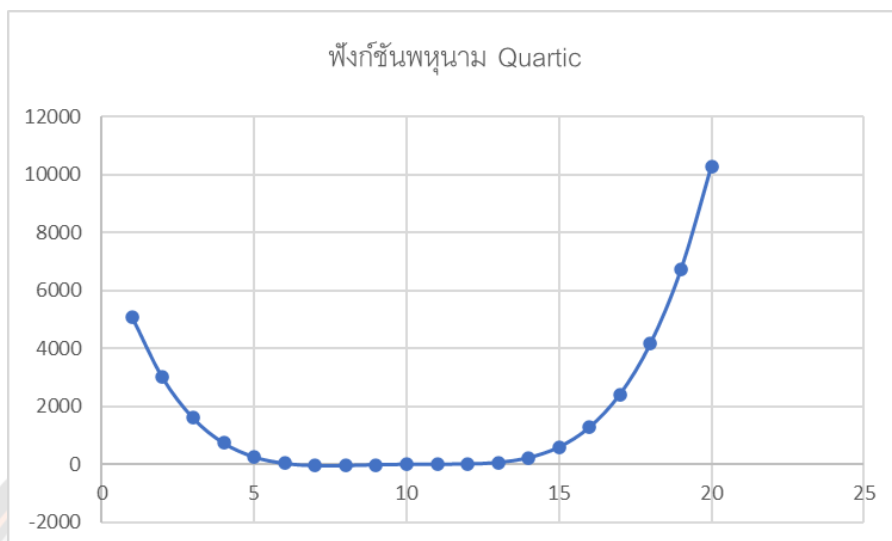
สมการรูปทั่วไป Quadratic



สมการรูปทั่วไป Cubic



สมการรูปทั่วไป Quartic



สมการรูปทั่วไป Quinic



7. ฟังก์ชันเส้นตรง (Linear Functions) คือ ฟังก์ชันเชิงเส้นที่มีกราฟเป็นเส้นตรง
ไม่มีเลขชี้กำลัง

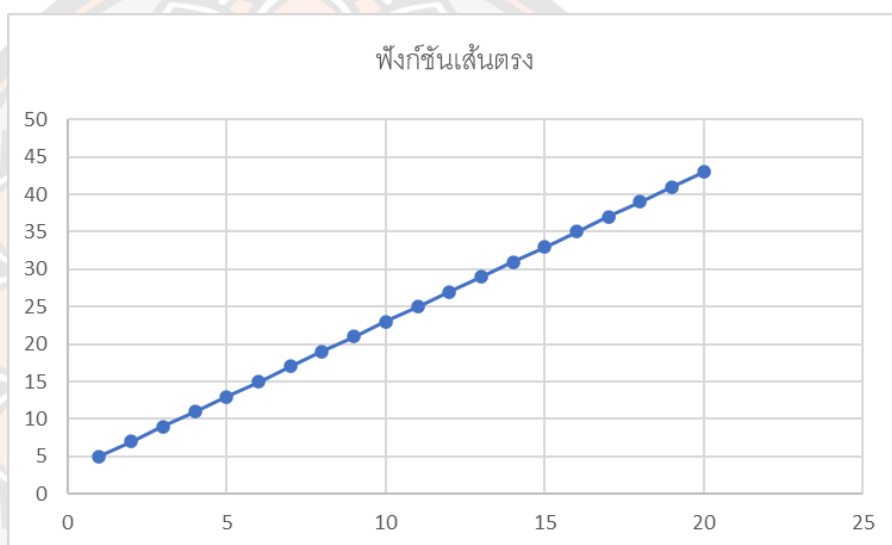
สมการรูปทั่วไป

$$y = mx + b$$

โดย m เป็นค่าความชัน

และ x, b เป็นจำนวนเต็ม

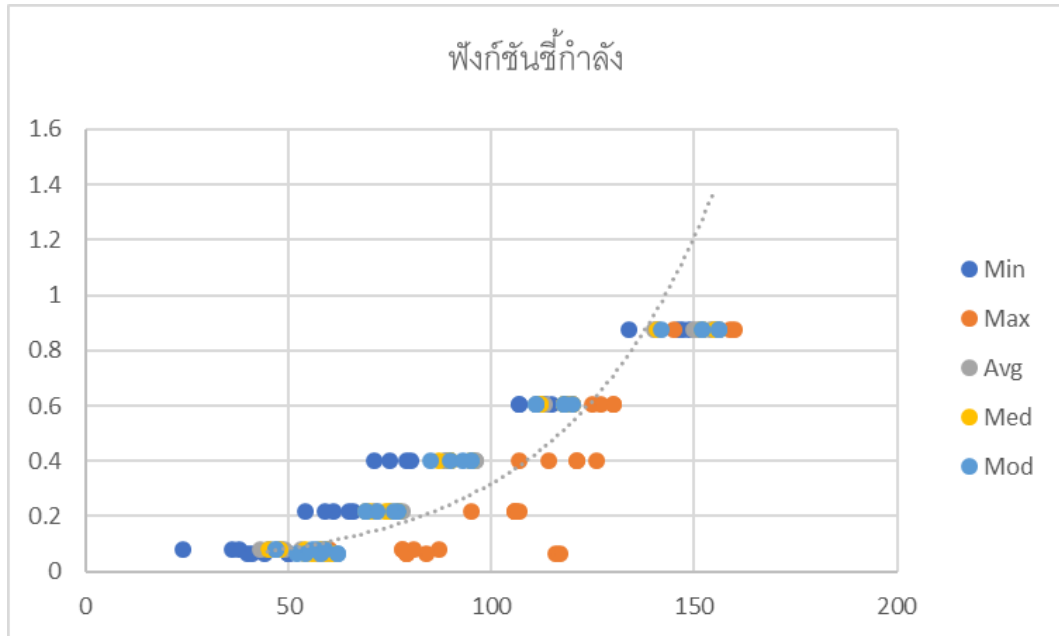
กราฟรูปทั่วไป



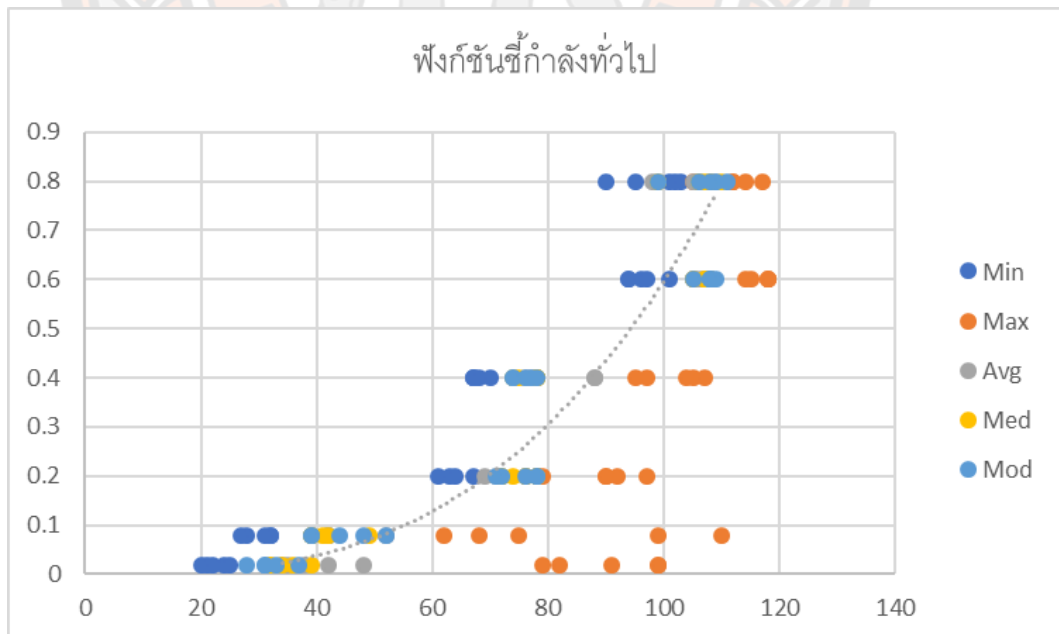
จะเห็นได้ว่ากราฟแต่ละฟังก์ชันนั้นมีลักษณะแตกต่างกันออกไป การเปรียบเทียบความใกล้เคียงระหว่างข้อมูลกับกราฟรูปทั่วไปของฟังก์ชันนั้น ๆ จะช่วยให้สามารถเลือกฟังก์ชันในการสร้างสมการถดถอยที่มีความสอดคล้องกับข้อมูลมากที่สุด โดยเปรียบเทียบข้อมูลพิกเซลทางสถิติกับกราฟรูปทั่วไปของฟังก์ชันนั้น ๆ ของแต่ละเชื้อจุลินทรีย์แสดงกราฟดังต่อไปนี้

1. บาซิลลัส ซีเรียส (*Bacillus cereus*)

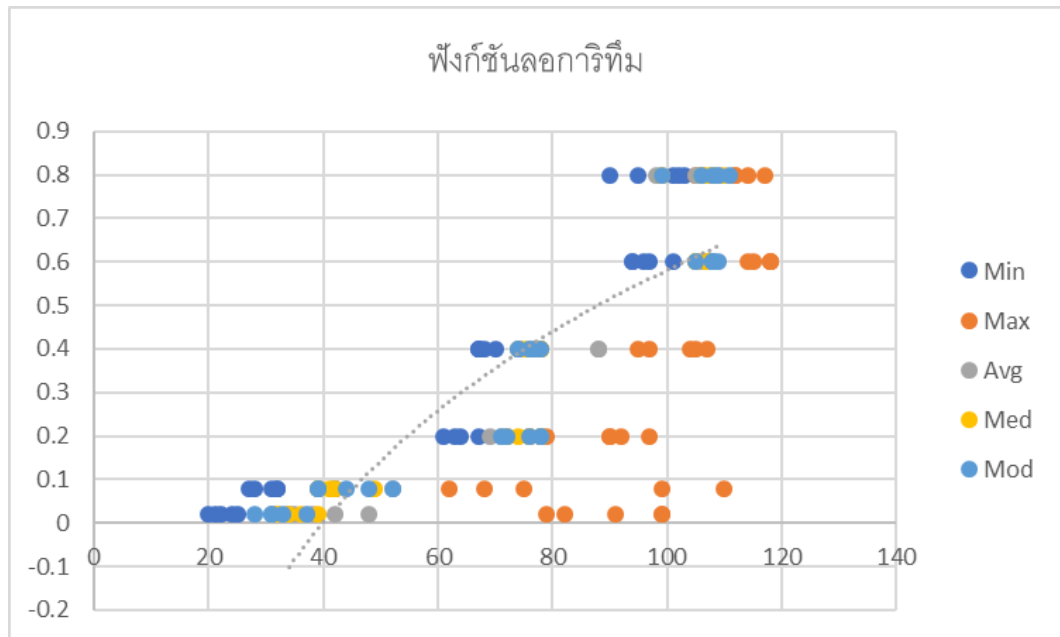
1.1. ฟังก์ชันชี้กำลัง (Exponential Function)



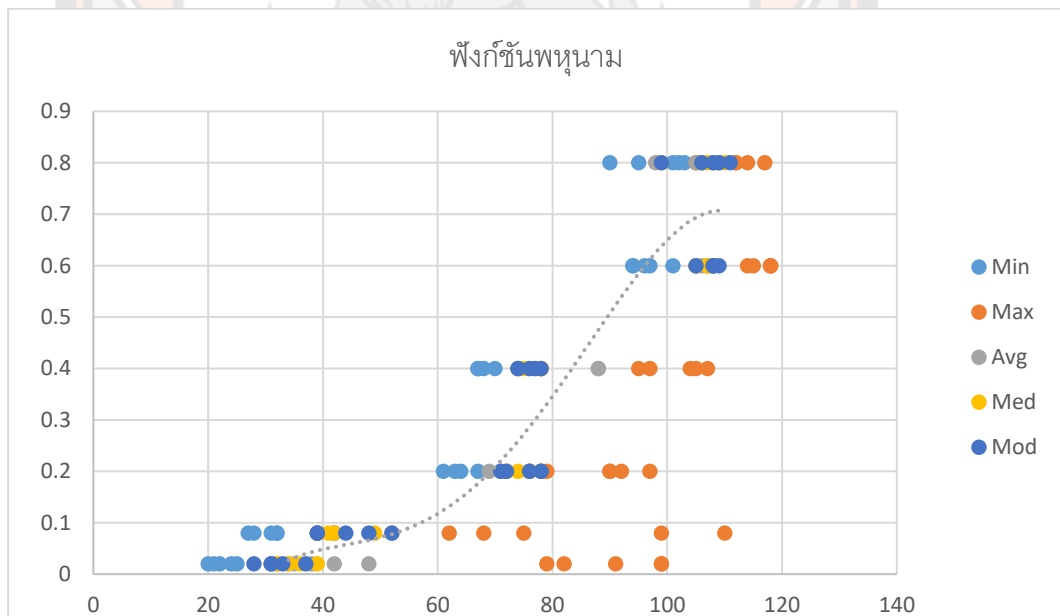
1.2. ฟังก์ชันกำลังทั่วไป (The General Exponential Function)



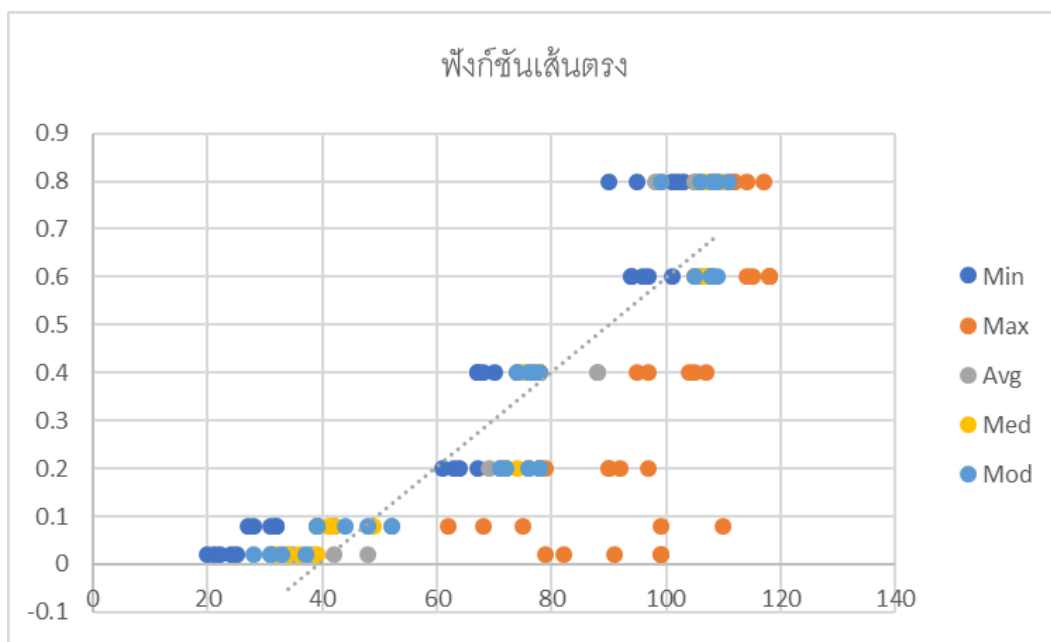
1.3. ฟังก์ชันลอการิทึม (Logarithm Function)



1.4. ฟังก์ชันพหุนาม (Polynomial Functions)



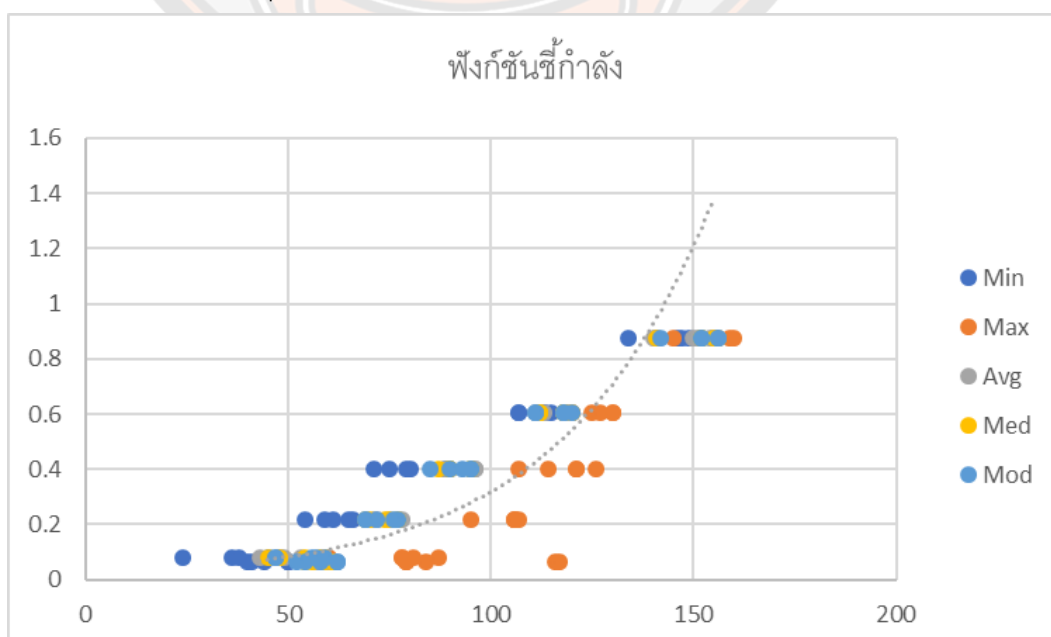
1.5. ฟังก์ชันเส้นตรง (Linear Functions)



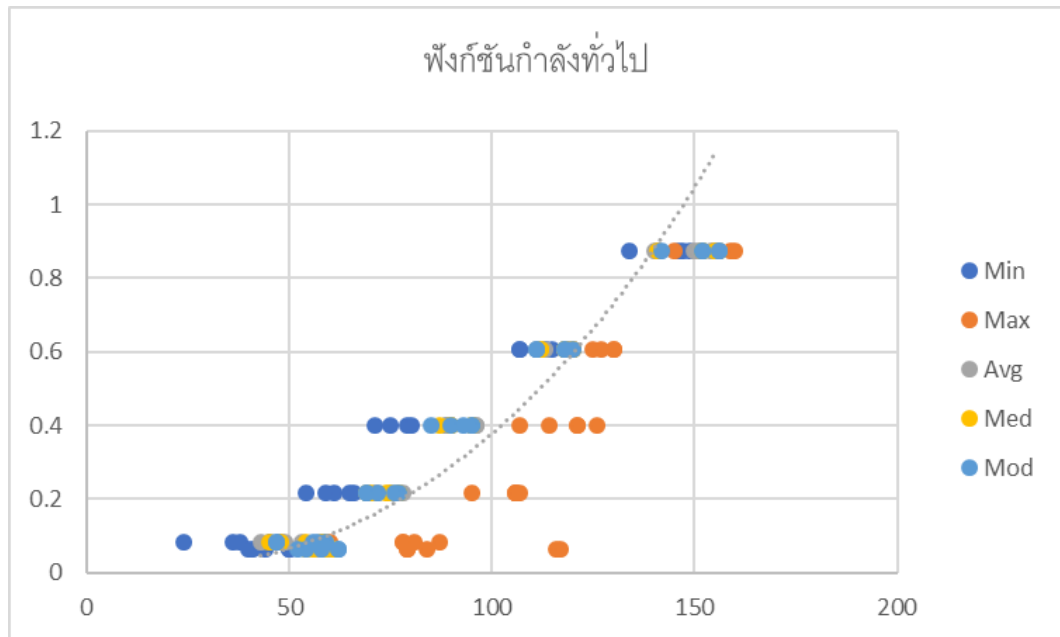
จะเห็นได้ว่ากราฟฟังก์ชันพหุนามมีความสอดคล้องกับข้อมูลมากที่สุด สำหรับจุลินทรีย์บาซิลลัส ซีเรียส ซึ่งการเลือกใช้ตัวแปรต้นในรูปแบบต่าง ๆ จะถูกวิเคราะห์ในภาคผนวก ข

2. เอสเชอริเชีย โคลิ (*Escherichia coli*) หรือ อีโคไล (E. coli)

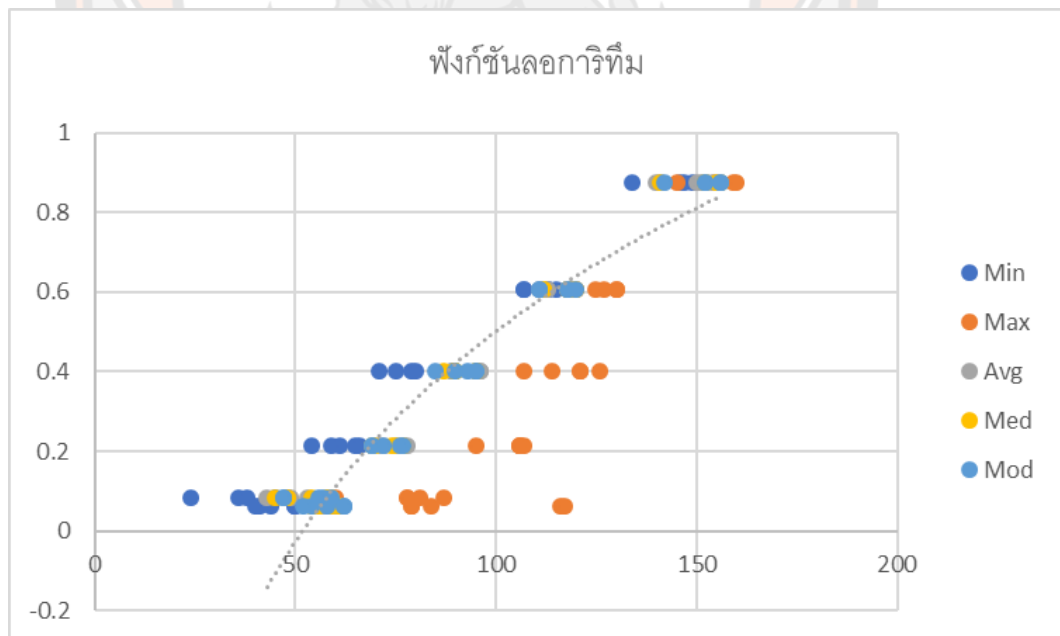
2.1. ฟังก์ชันชี้กำลัง (Exponential Function)



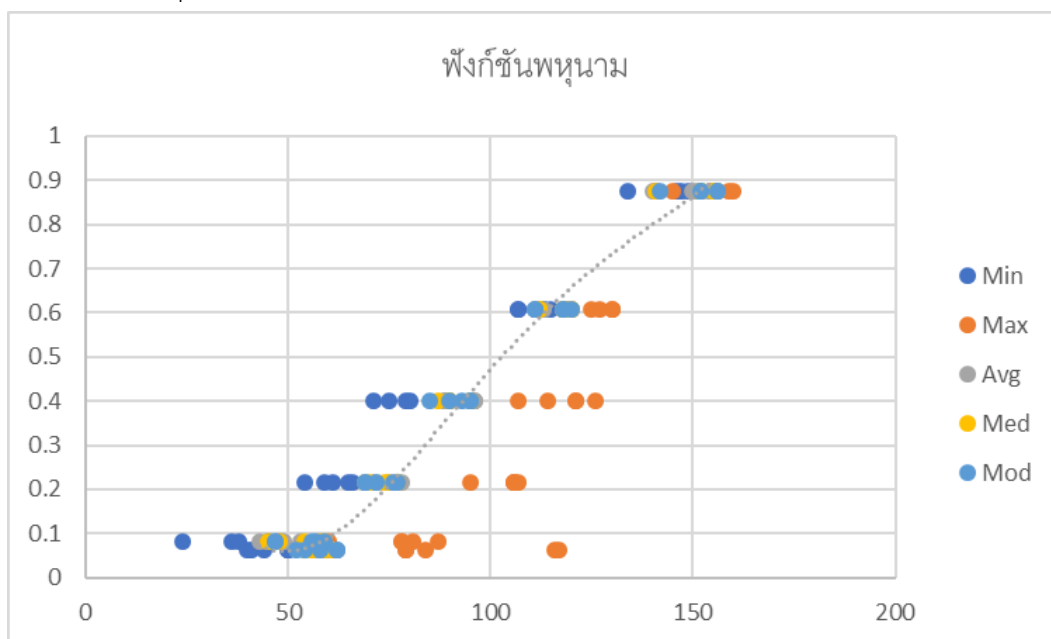
2.2. ฟังก์ชันกำลังทั่วไป (The General Exponential Function)



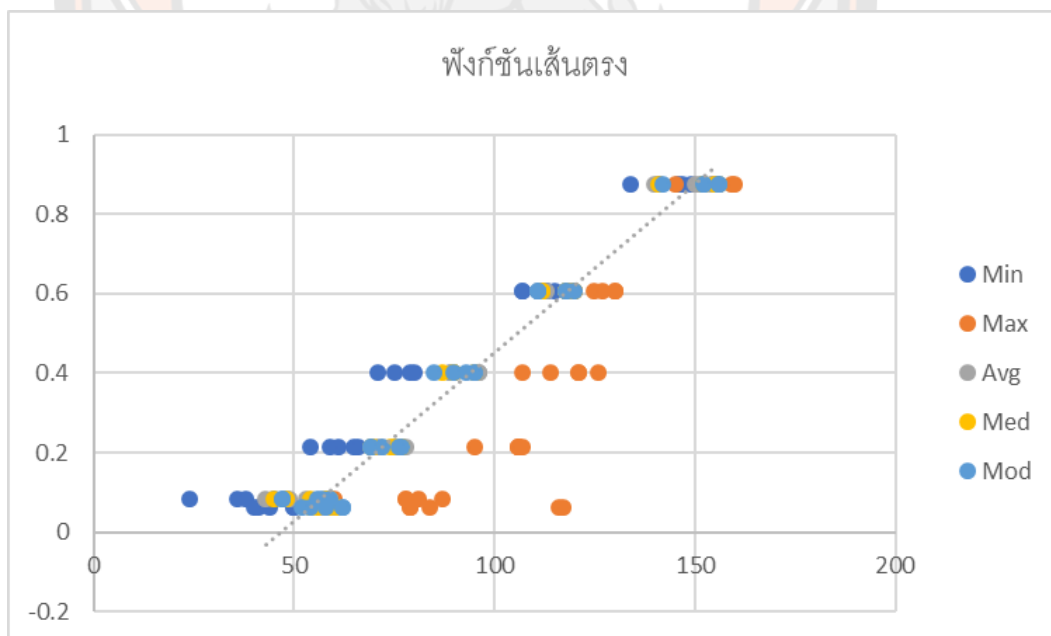
2.3. ฟังก์ชันลอการิทึม (Logarithm Function)



2.4. ฟังก์ชันพหุนาม (Polynomial Functions)



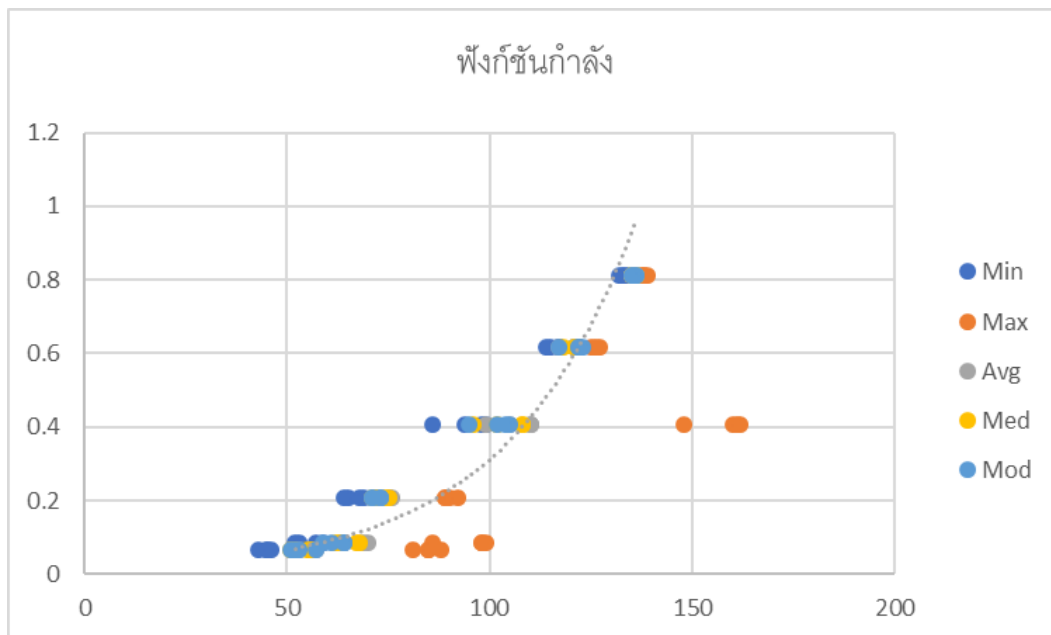
2.5. ฟังก์ชันเส้นตรง (Linear Functions)



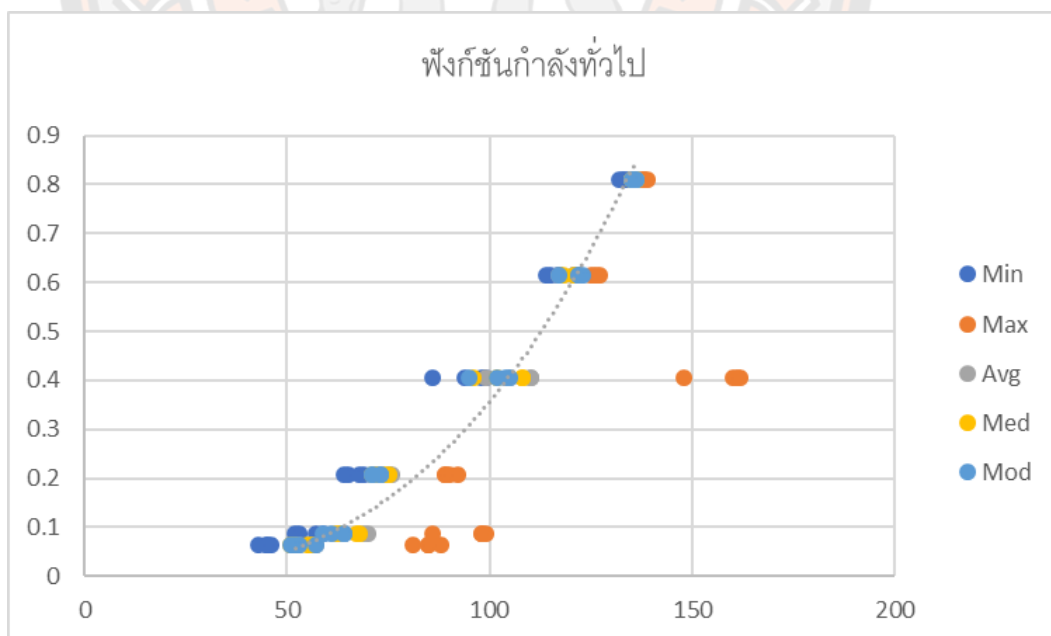
จะเห็นได้ว่ากราฟฟังก์ชันพหุนามมีความสอดคล้องกับข้อมูลมากที่สุด สำหรับจูลินทรีย์ เอสเซอริเซีย โคลไล ซึ่งการเลือกใช้ตัวแปรต้นในรูปแบบต่าง ๆ จะถูกวิเคราะห์ในภาคผนวก ข

3. แบคทีเรียโคลิฟอร์ม (*Enterobacter aerogenes*)

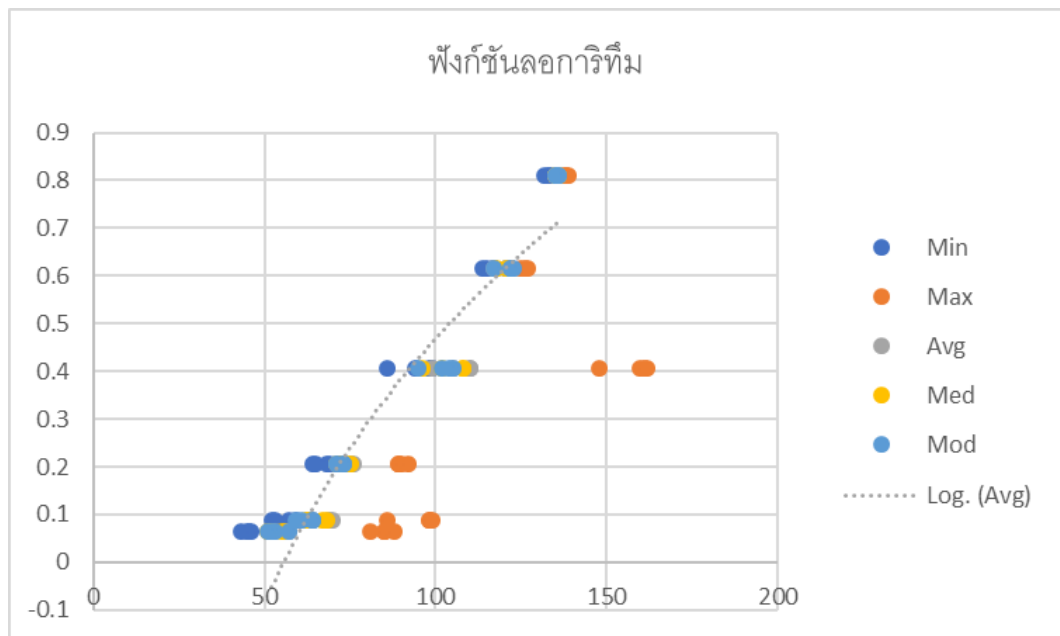
3.1. ฟังก์ชันชี้กำลัง (Exponential Function)



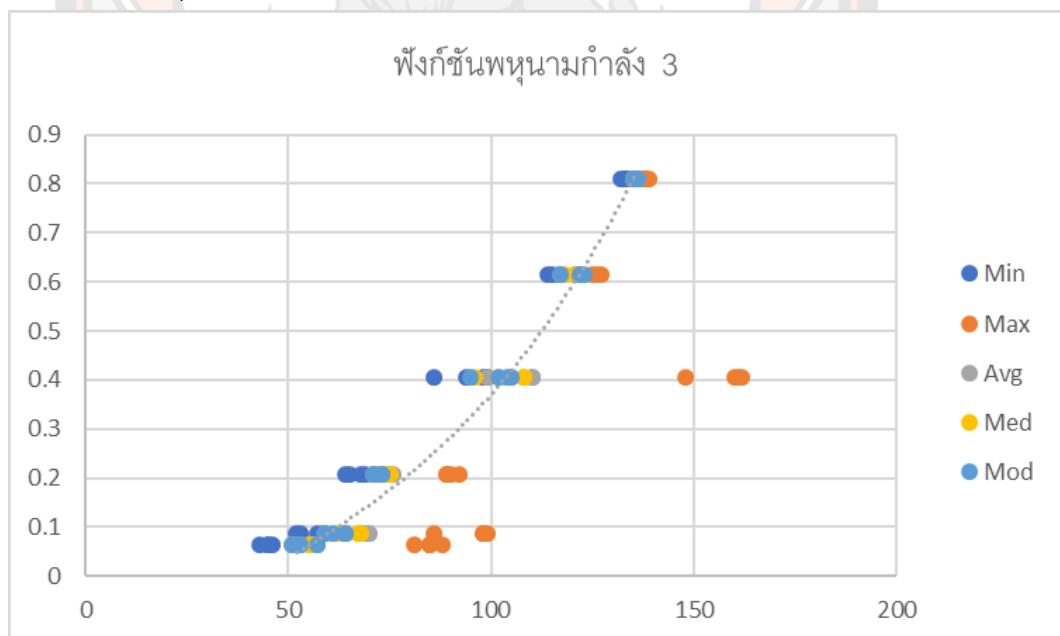
3.2. ฟังก์ชันกำลังทั่วไป (The General Exponential Function)



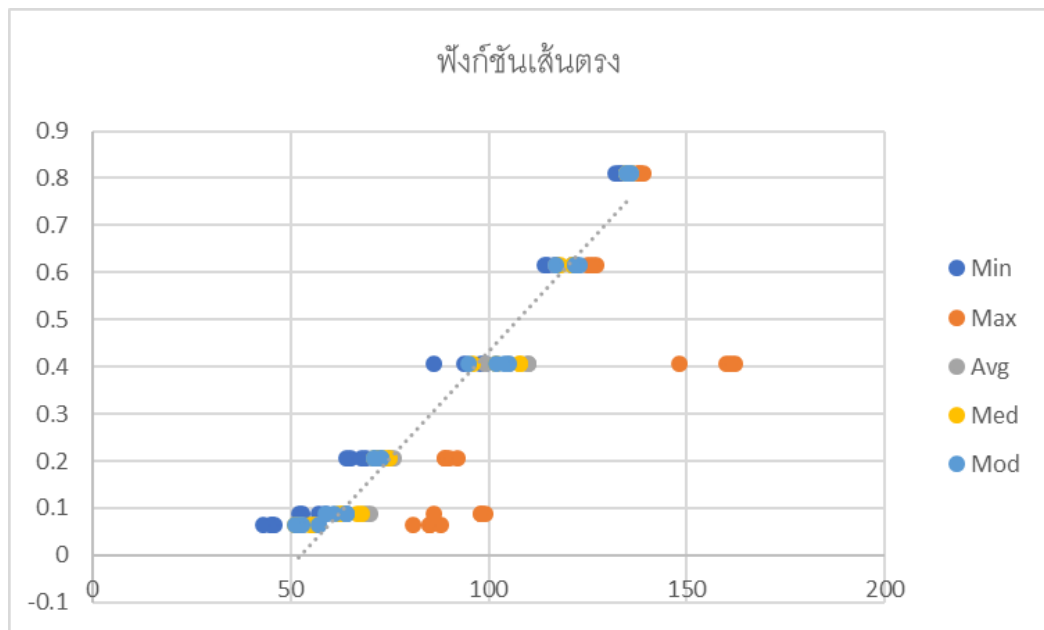
3.3. ฟังก์ชันลอการิทึม (Logarithm Function)



3.4. ฟังก์ชันพหุนาม (Polynomial Functions)



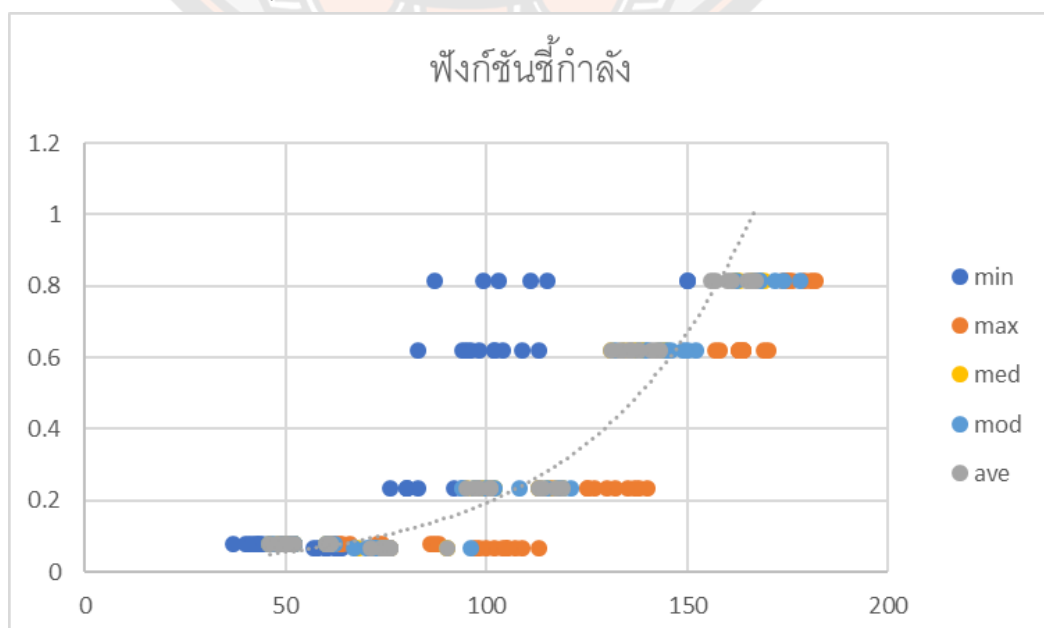
3.5. ฟังก์ชันเส้นตรง (Linear Functions)



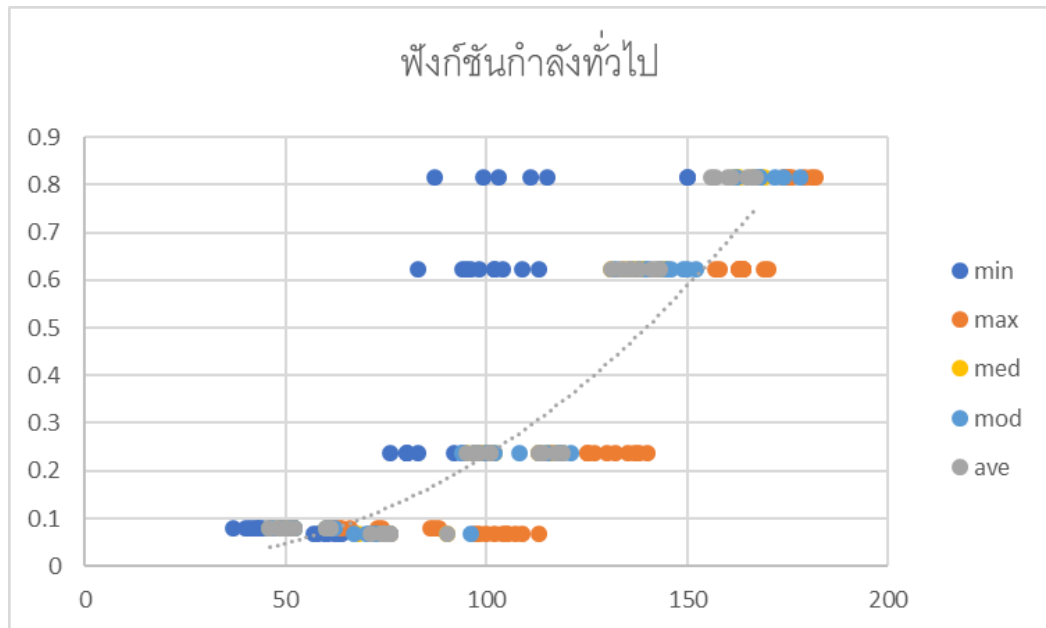
จะเห็นว่ากราฟฟังก์ชันพหุนามมีความสอดคล้องกับข้อมูลมากที่สุด สำหรับจุลินทรีย์แบบที่เรียโคลิฟอร์ม ซึ่งการเลือกใช้ตัวแปรต้นในรูปแบบต่าง ๆ จะถูกวิเคราะห์ในภาคผนวก ข

4. แบคทีเรียกรดแลคติก (*Lactic acid bacteria*)

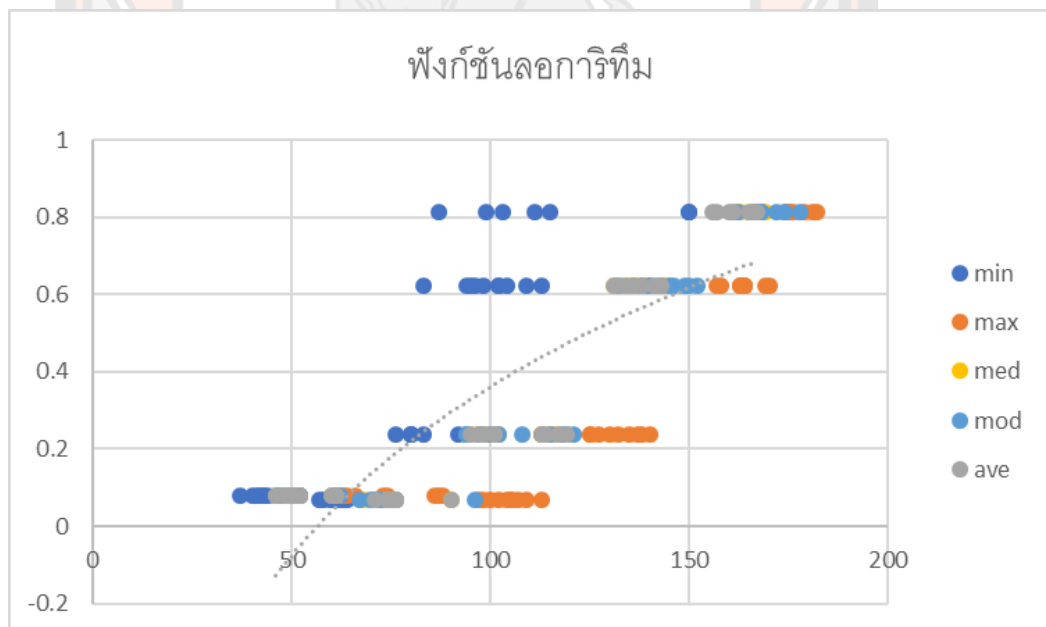
4.1. ฟังก์ชันชี้กำลัง (Exponential Function)



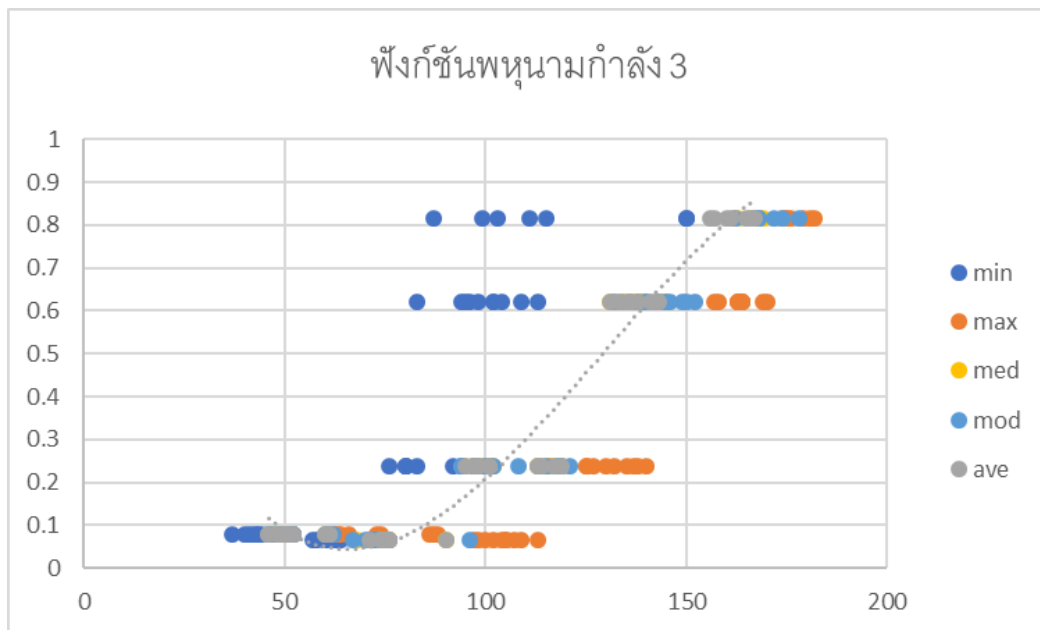
4.2. ฟังก์ชันกำลังทั่วไป (The General Exponential Function)



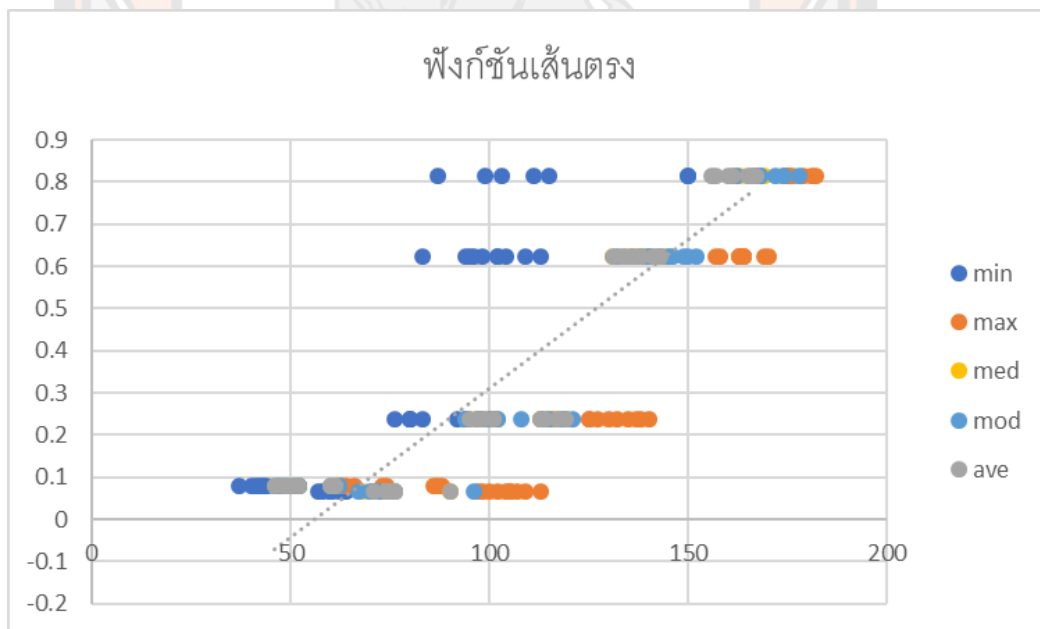
4.3. ฟังก์ชันลอการิทึม (Logarithm Function)



4.4. ฟังก์ชันพหุนาม (Polynomial Functions)



4.5. ฟังก์ชันเส้นตรง (Linear Functions)



จะเห็นได้ว่ากราฟฟังก์ชันพหุนามมีความสอดคล้องกับข้อมูลมากที่สุด สำหรับจูลินทรีย์แบบที่เรียกว่าลดเลคติก ซึ่งการเลือกใช้ตัวแปรต้นในรูปแบบต่าง ๆ จะถูกวิเคราะห์ในภาคผนวก ข

ภาคผนวก ข การเปรียบเทียบรูปแบบที่เหมาะสมข้อมูลฟิกเชลกับสมการถดถอย

ภาคผนวก ก แสดงความสัมพันธ์ระหว่างข้อมูลฟิกเชลกับฟังก์ชันที่มีความใกล้เคียงกันในรูปแบบต่าง ๆ ทั้ง 7 ฟังก์ชันจะถูกนำไปเทียบเคียงกับรูปแบบเพียง 4 ฟังก์ชันที่มีความใกล้เคียงมากที่สุดได้แก่ ฟังก์ชันซีกกำลัง ฟังก์ชันตรีโกณมิติ ฟังก์ชันพหุนาม และฟังก์ชันเส้นตรง ฟังก์ชันเหล่านี้จะถูกนำมาหารูปแบบที่เหมาะสม เพื่อตรวจสอบความใกล้เคียง จากค่าสหสัมพันธ์ค่าที่แสดงทิศทางความสัมพันธ์ระหว่างตัวแปร 2 ตัว โดยมี Correlation Coefficient (r) หรือค่าสัมประสิทธิ์สหสัมพันธ์ เป็นตัวบ่งชี้ถึงความสัมพันธ์นี้ ซึ่งค่าสัมประสิทธิ์สหสัมพันธ์นี้จะมีค่าอยู่ระหว่าง -1.0 ถึง +1.0 ซึ่งหากมีค่าใกล้ -1.0 นั้นหมายความว่าตัวแปรทั้งสองตัวมีความสัมพันธ์กันอย่างมากในเชิงตรงกันข้าม หากมีค่าใกล้ +1.0 นั้นหมายความว่า ตัวแปรทั้งสองมีความสัมพันธ์กันโดยตรงและหากมีค่าเป็น 0 นั้นหมายความว่า ตัวแปรทั้งสองตัวไม่มีความสัมพันธ์ต่อกัน

1. บาซิลลัส ซีเรียส (*Bacillus cereus*)

ฟังก์ชัน	รูปแบบ	Multiple R	R Square
Linear	min	0.932462	0.869485
Linear	max	0.743151	0.552274
Linear	ave	0.940299	0.884163
Linear	med	0.934064	0.872476
Linear	mod	0.933055	0.870592
Linear	min max	0.937887	0.879632
Linear	min ave	0.940702	0.884921
Linear	min med	0.935082	0.874379
Linear	min mod	0.935333	0.874848
Linear	max ave	0.940349	0.884256
Linear	max med	0.937643	0.879174
Linear	max mod	0.939249	0.882188
Linear	ave med	0.9406	0.884728
Linear	ave mod	0.941777	0.886944
Linear	med mod	0.934363	0.873035

ฟังก์ชัน	รูปแบบ	Multiple R	R Square
Linear	min max ave	0.941114	0.885695
Linear	min max med	0.939113	0.881933
Linear	min max mod	0.940625	0.884776
Linear	min ave med	0.940726	0.884966
Linear	min ave mod	0.941826	0.887036
Linear	min med mod	0.935449	0.875065
Linear	max ave med	0.940873	0.885243
Linear	max ave mod	0.942527	0.888356
Linear	max med mod	0.939263	0.882216
Linear	ave med mod	0.94437	0.891835
Linear	min max ave med	0.941178	0.885816
Linear	min max ave mod	0.94253	0.888364
Linear	min max med mod	0.941074	0.88562
Linear	min ave med mod	0.944416	0.891922
Linear	min max ave med mod	0.944918	0.892871
Polynomial	min	0.944338475	0.857718137
Polynomial	max	0.939441848	0.840331499
Polynomial	ave	0.988539899	0.846396615
Polynomial	med	0.961077089	0.850813264
Polynomial	mod	0.907325497	0.846156039
Polynomial	min max	0.901928256	0.842311364
Polynomial	min ave	0.902635387	0.846274374
Polynomial	min med	0.966590388	0.855793811
Polynomial	min mod	0.981647737	0.85727751
Polynomial	max ave	0.956441594	0.854845444
Polynomial	max med	0.93985902	0.85131232
Polynomial	max mod	0.961891703	0.855415181
Polynomial	ave med	0.942528425	0.840924981
Polynomial	ave mod	0.915496412	0.850679505

ฟังก์ชัน	รูปแบบ	Multiple R	R Square
Polynomial	med mod	0.903822584	0.845016867
Polynomial	min max ave	0.975236867	0.856101677
Polynomial	min max med	0.925186676	0.844763955
Polynomial	min max mod	0.902610975	0.857694991
Polynomial	min ave med	0.942136827	0.8484958
Polynomial	min ave mod	0.903397851	0.853985328
Polynomial	min med mod	0.919161907	0.84931984
Polynomial	max ave med	0.930387356	0.847685577
Polynomial	max ave mod	0.912995738	0.846460821
Polynomial	max med mod	0.924520249	0.857276052
Polynomial	ave med mod	0.95688121	0.857396763
Polynomial	min max ave med	0.977388474	0.842405678
Polynomial	min max ave mod	0.903967359	0.844609104
Polynomial	min max med mod	0.94824212	0.85838465
Polynomial	min ave med mod	0.966020275	0.846876911
Polynomial	min max ave med mod	0.95646492	0.850241157
Exponential	min	0.899114	0.802988
Exponential	max	0.951657	0.813132
Exponential	ave	0.958003	0.864333
Exponential	med	0.941187	0.847253
Exponential	mod	0.948778	0.834651
Exponential	min max	0.917159	0.815399
Exponential	min ave	0.960317	0.863981
Exponential	min med	0.920942	0.815244
Exponential	min mod	0.963336	0.84729
Exponential	max ave	0.944362	0.876097
Exponential	max med	0.891388	0.841298
Exponential	max mod	0.922532	0.862555
Exponential	ave med	0.915861	0.856329

ฟังก์ชัน	รูปแบบ	Multiple R	R Square
Exponential	ave mod	0.930313	0.855998
Exponential	med mod	0.958979	0.82511
Exponential	min max ave	0.919774	0.818326
Exponential	min max med	0.931004	0.809928
Exponential	min max mod	0.949977	0.816621
Exponential	min ave med	0.944825	0.848306
Exponential	min ave mod	0.924026	0.844023
Exponential	min med mod	0.901058	0.809983
Exponential	max ave med	0.882841	0.84861
Exponential	max ave mod	0.91778	0.861011
Exponential	max med mod	0.929132	0.826803
Exponential	ave med mod	0.96782	0.858882
Exponential	min max ave med	0.894541	0.82089
Exponential	min max ave mod	0.88622	0.812056
Exponential	min max med mod	0.934637	0.820039
Exponential	min ave med mod	0.957917	0.810341
Exponential	min max ave med mod	0.953556	0.819314
Sine Wave	min	0.972389827	0.879242915
Sine Wave	max	0.855954789	0.822599472
Sine Wave	ave	0.868200842	0.859250472
Sine Wave	med	0.854045189	0.839721411
Sine Wave	mod	0.844548411	0.823270012
Sine Wave	min max	0.855834915	0.857704685
Sine Wave	min ave	0.840813528	0.842555474
Sine Wave	min med	0.812069805	0.846765437
Sine Wave	min mod	0.863735255	0.795717874
Sine Wave	max ave	0.818771179	0.872213682
Sine Wave	max med	0.845157157	0.826601926
Sine Wave	max mod	0.878510239	0.855759041

ฟังก์ชัน	รูปแบบ	Multiple R	R Square
Sine Wave	ave med	0.80544346	0.791256178
Sine Wave	ave mod	0.861856503	0.82986761
Sine Wave	med mod	0.877211507	0.825022575
Sine Wave	min max ave	0.792540772	0.829561984
Sine Wave	min max med	0.862142451	0.873405529
Sine Wave	min max mod	0.804986742	0.86797208
Sine Wave	min ave med	0.879958553	0.870189229
Sine Wave	min ave mod	0.865922984	0.879455812
Sine Wave	min med mod	0.835931497	0.816073935
Sine Wave	max ave med	0.85164606	0.86866603
Sine Wave	max ave mod	0.820796649	0.833606972
Sine Wave	max med mod	0.849284257	0.85994623
Sine Wave	ave med mod	0.83726921	0.808616031
Sine Wave	min max ave med	0.868313637	0.827120013
Sine Wave	min max ave mod	0.801702964	0.878332403
Sine Wave	min max med mod	0.792488353	0.830489089
Sine Wave	min ave med mod	0.80270797	0.809206363
Sine Wave	min max ave med mod	0.826394442	0.802020306

2. เอสเชอริเชีย โคลิ (*Escherichia coli*) หรือ อีโคไล (E. coli)

ฟังก์ชัน	รูปแบบ	Multiple R	R Square
Linear	min	0.980316394	0.850952855
Linear	max	0.976798604	0.879324387
Linear	ave	0.985522391	0.86694646
Linear	med	0.976352797	0.857860202
Linear	mod	0.976778752	0.872356369
Linear	min max	0.980572771	0.87313158
Linear	min ave	0.980691126	0.869574705

ฟังก์ชัน	รูปแบบ	Multiple R	R Square
Linear	min med	0.980977982	0.862619581
Linear	min mod	0.970160192	0.881668056
Linear	max ave	0.977251094	0.859200829
Linear	max med	0.978730434	0.856401971
Linear	max mod	0.978385759	0.868124845
Linear	ave med	0.976333692	0.851646708
Linear	ave mod	0.981035329	0.886562682
Linear	med mod	0.979146182	0.885912747
Linear	min max ave	0.986683798	0.869905201
Linear	min max med	0.981034075	0.852299575
Linear	min max mod	0.988628848	0.87201471
Linear	min ave med	0.987408265	0.862780179
Linear	min ave mod	0.985953343	0.874060691
Linear	min med mod	0.988749601	0.865233971
Linear	max ave med	0.974148637	0.885093954
Linear	max ave mod	0.972193553	0.857120309
Linear	max med mod	0.975803404	0.884986845
Linear	ave med mod	0.986819864	0.856888588
Linear	min max ave med	0.980086478	0.874241068
Linear	min max ave mod	0.982405211	0.867411945
Linear	min max med mod	0.984471786	0.860607832
Linear	min ave med mod	0.981830499	0.859498195
Linear	min max ave med mod	0.987071611	0.861299779
Polynomial	min	0.980096734	0.850468339
Polynomial	max	0.978730127	0.868457923
Polynomial	ave	0.979331902	0.856318805
Polynomial	med	0.987063661	0.85106898
Polynomial	mod	0.98496229	0.885592007
Polynomial	min max	0.988591513	0.860025181

ฟังก์ชัน	รูปแบบ	Multiple R	R Square
Polynomial	min ave	0.978778648	0.860999848
Polynomial	min med	0.985446072	0.880800059
Polynomial	min mod	0.970165517	0.861382183
Polynomial	max ave	0.97543645	0.86651336
Polynomial	max med	0.978054533	0.881081938
Polynomial	max mod	0.981578543	0.882456991
Polynomial	ave med	0.974241164	0.867879974
Polynomial	ave mod	0.983345939	0.877118131
Polynomial	med mod	0.983000499	0.871275035
Polynomial	min max ave	0.979151598	0.852521623
Polynomial	min max med	0.984108246	0.880414698
Polynomial	min max mod	0.985736673	0.865391861
Polynomial	min ave med	0.977686452	0.884258739
Polynomial	min ave mod	0.978028196	0.854349449
Polynomial	min med mod	0.975093179	0.886800926
Polynomial	max ave med	0.984313088	0.880879949
Polynomial	max ave mod	0.971443903	0.889279835
Polynomial	max med mod	0.971655148	0.885735287
Polynomial	ave med mod	0.975509282	0.8656276
Polynomial	min max ave med	0.978353051	0.862532626
Polynomial	min max ave mod	0.987745597	0.850239567
Polynomial	min max med mod	0.980359866	0.869557944
Polynomial	min ave med mod	0.981379707	0.863482908
Polynomial	min max ave med mod	0.989212643	0.875197242
Exponential	min	0.975244327	0.88097723
Exponential	max	0.973046075	0.853835501
Exponential	ave	0.98520389	0.878198433
Exponential	med	0.971123777	0.885802467
Exponential	mod	0.973579937	0.88919962

ฟังก์ชัน	รูปแบบ	Multiple R	R Square
Exponential	min max	0.974325262	0.887111432
Exponential	min ave	0.979294054	0.854768711
Exponential	min med	0.983622983	0.868064555
Exponential	min mod	0.985377922	0.874930992
Exponential	max ave	0.976451316	0.85152624
Exponential	max med	0.989723078	0.867327201
Exponential	max mod	0.989168903	0.869939759
Exponential	ave med	0.974472988	0.867808253
Exponential	ave mod	0.983651293	0.861408984
Exponential	med mod	0.976996874	0.865547926
Exponential	min max ave	0.985646148	0.884449352
Exponential	min max med	0.986603877	0.880430247
Exponential	min max mod	0.97087641	0.856122445
Exponential	min ave med	0.987992952	0.887545753
Exponential	min ave mod	0.978591308	0.881058277
Exponential	min med mod	0.989189386	0.865802005
Exponential	max ave med	0.984988955	0.851908423
Exponential	max ave mod	0.977775982	0.882971519
Exponential	max med mod	0.988008876	0.887331947
Exponential	ave med mod	0.97943464	0.888933883
Exponential	min max ave med	0.974019999	0.868568288
Exponential	min max ave mod	0.971342532	0.87384559
Exponential	min max med mod	0.976643833	0.883154064
Exponential	min ave med mod	0.986219549	0.868197961
Exponential	min max ave med mod	0.981746826	0.850979504
Sine Wave	min	0.987519645	0.853175185
Sine Wave	max	0.98169179	0.85230585
Sine Wave	ave	0.97617154	0.880500234
Sine Wave	med	0.97227656	0.862582344

ฟังก์ชัน	รูปแบบ	Multiple R	R Square
Sine Wave	mod	0.989491265	0.86085672
Sine Wave	min max	0.972098532	0.855999131
Sine Wave	min ave	0.988791552	0.888474621
Sine Wave	min med	0.987658207	0.867390114
Sine Wave	min mod	0.975611003	0.887205156
Sine Wave	max ave	0.981382302	0.863499766
Sine Wave	max med	0.989715786	0.884150407
Sine Wave	max mod	0.984196652	0.858287429
Sine Wave	ave med	0.974143734	0.876718023
Sine Wave	ave mod	0.984741014	0.866152137
Sine Wave	med mod	0.987004137	0.864511817
Sine Wave	min max ave	0.987917637	0.852862689
Sine Wave	min max med	0.984225814	0.865422469
Sine Wave	min max mod	0.980301918	0.886978589
Sine Wave	min ave med	0.978983779	0.878510884
Sine Wave	min ave mod	0.987493255	0.86896241
Sine Wave	min med mod	0.98605068	0.871349476
Sine Wave	max ave med	0.978817971	0.872311315
Sine Wave	max ave mod	0.989818546	0.854686948
Sine Wave	max med mod	0.984284666	0.868522849
Sine Wave	ave med mod	0.981851494	0.864740053
Sine Wave	min max ave med	0.97150064	0.860451535
Sine Wave	min max ave mod	0.980410093	0.862830448
Sine Wave	min max med mod	0.983765183	0.864791919
Sine Wave	min ave med mod	0.977361722	0.889549843
Sine Wave	min max ave med mod	0.989709844	0.860625286

3. แบคทีเรียโคลิฟอร์ม (*Enterobacter aerogenes*)

ฟังก์ชัน	รูปแบบ	Multiple R	R Square
Linear	min	0.935331887	0.885488774
Linear	max	0.959432772	0.864413909
Linear	ave	0.987184337	0.879755572
Linear	med	0.900640943	0.867479554
Linear	mod	0.906986801	0.876790508
Linear	min max	0.973615044	0.864114898
Linear	min ave	0.986508167	0.885294063
Linear	min med	0.927510672	0.872287782
Linear	min mod	0.93876691	0.876959386
Linear	max ave	0.924302405	0.861845863
Linear	max med	0.934347848	0.882313608
Linear	max mod	0.978213568	0.886236371
Linear	ave med	0.964747577	0.85874645
Linear	ave mod	0.946578282	0.886654845
Linear	med mod	0.90051219	0.8681181
Linear	min max ave	0.948002409	0.882318972
Linear	min max med	0.977637798	0.87294087
Linear	min max mod	0.909291393	0.875112707
Linear	min ave med	0.902758581	0.855298435
Linear	min ave mod	0.951668351	0.863295719
Linear	min med mod	0.962065795	0.872544853
Linear	max ave med	0.941076171	0.879545713
Linear	max ave mod	0.906584254	0.871721228
Linear	max med mod	0.930355671	0.854885715
Linear	ave med mod	0.958667153	0.889055195
Linear	min max ave med	0.900681306	0.854736776
Linear	min max ave mod	0.901491329	0.872928048
Linear	min max med mod	0.909069759	0.85251859
Linear	min ave med mod	0.929302439	0.850712202

ฟังก์ชัน	รูปแบบ	Multiple R	R Square
Linear	min max ave med mod	0.907262817	0.87857574
Polynomial	min	0.915948566	0.853584106
Polynomial	max	0.977350029	0.881976577
Polynomial	ave	0.937946736	0.883917369
Polynomial	med	0.902989286	0.855868125
Polynomial	mod	0.954710095	0.874141325
Polynomial	min max	0.930221016	0.863056842
Polynomial	min ave	0.918329337	0.851517067
Polynomial	min med	0.940728875	0.864830592
Polynomial	min mod	0.985614201	0.874458764
Polynomial	max ave	0.908553469	0.887820164
Polynomial	max med	0.901678451	0.851503285
Polynomial	max mod	0.989899817	0.888974754
Polynomial	ave med	0.920606027	0.862377008
Polynomial	ave mod	0.931798389	0.879010562
Polynomial	med mod	0.917907247	0.853272768
Polynomial	min max ave	0.948699358	0.855099714
Polynomial	min max med	0.982943167	0.861609826
Polynomial	min max mod	0.989737741	0.867989537
Polynomial	min ave med	0.953094717	0.863799011
Polynomial	min ave mod	0.967192795	0.850129327
Polynomial	min med mod	0.97742464	0.854541872
Polynomial	max ave med	0.96136396	0.851707052
Polynomial	max ave mod	0.982565447	0.889788909
Polynomial	max med mod	0.927420484	0.860103137
Polynomial	ave med mod	0.924462505	0.8721924
Polynomial	min max ave med	0.986741817	0.873458424
Polynomial	min max ave mod	0.917452164	0.854640848
Polynomial	min max med mod	0.9243228	0.88118585

ฟังก์ชัน	รูปแบบ	Multiple R	R Square
Polynomial	min ave med mod	0.900876676	0.884018252
Polynomial	min max ave med mod	0.926479911	0.852012268
Exponential	min	0.974451593	0.856686461
Exponential	max	0.933606098	0.877655452
Exponential	ave	0.901200917	0.880682298
Exponential	med	0.925255427	0.867269066
Exponential	mod	0.986215342	0.868852449
Exponential	min max	0.926168583	0.875956812
Exponential	min ave	0.973840958	0.857329908
Exponential	min med	0.940859704	0.873834991
Exponential	min mod	0.950357831	0.872962061
Exponential	max ave	0.977465459	0.889886765
Exponential	max med	0.962328442	0.862060539
Exponential	max mod	0.949086553	0.888649957
Exponential	ave med	0.960257044	0.850183039
Exponential	ave mod	0.928245016	0.870671823
Exponential	med mod	0.935227868	0.876235538
Exponential	min max ave	0.921370105	0.854929235
Exponential	min max med	0.979089273	0.874498424
Exponential	min max mod	0.906563189	0.850677808
Exponential	min ave med	0.926607971	0.872932147
Exponential	min ave mod	0.909675857	0.876781958
Exponential	min med mod	0.923254974	0.864691669
Exponential	max ave med	0.961207832	0.886508551
Exponential	max ave mod	0.9469459	0.862364695
Exponential	max med mod	0.91494678	0.872820661
Exponential	ave med mod	0.923056365	0.871337803
Exponential	min max ave med	0.922166449	0.880472355
Exponential	min max ave mod	0.969684337	0.861877661

ฟังก์ชัน	รูปแบบ	Multiple R	R Square
Exponential	min max med mod	0.900894569	0.858555554
Exponential	min ave med mod	0.958367425	0.867192008
Exponential	min max ave med mod	0.948570769	0.86042763
Sine Wave	min	0.946618333	0.8732894
Sine Wave	max	0.969328419	0.871317642
Sine Wave	ave	0.960542283	0.877473791
Sine Wave	med	0.970782447	0.88644054
Sine Wave	mod	0.975618465	0.87850271
Sine Wave	min max	0.969525004	0.888827288
Sine Wave	min ave	0.986360295	0.863089828
Sine Wave	min med	0.960757399	0.877111453
Sine Wave	min mod	0.919984041	0.85366005
Sine Wave	max ave	0.901062103	0.852110595
Sine Wave	max med	0.981714138	0.850743678
Sine Wave	max mod	0.910617103	0.883546036
Sine Wave	ave med	0.917899777	0.867054347
Sine Wave	ave mod	0.966632851	0.875407707
Sine Wave	med mod	0.940534167	0.885190043
Sine Wave	min max ave	0.960140045	0.87121456
Sine Wave	min max med	0.90775253	0.850932152
Sine Wave	min max mod	0.91404725	0.875663118
Sine Wave	min ave med	0.922758335	0.85313995
Sine Wave	min ave mod	0.93679471	0.885024168
Sine Wave	min med mod	0.959498517	0.868676718
Sine Wave	max ave med	0.933526677	0.850054851
Sine Wave	max ave mod	0.917975237	0.875856414
Sine Wave	max med mod	0.923747293	0.886213926
Sine Wave	ave med mod	0.946845168	0.883608271
Sine Wave	min max ave med	0.986519348	0.85399336

ฟังก์ชัน	รูปแบบ	Multiple R	R Square
Sine Wave	min max ave mod	0.942893095	0.88130793
Sine Wave	min max med mod	0.909424041	0.881178942
Sine Wave	min ave med mod	0.928434794	0.864522143
Sine Wave	min max ave med mod	0.980658925	0.87402928

4. แบคทีเรียกรดแลคติก (*Lactic acid bacteria*)

ฟังก์ชัน	รูปแบบ	Multiple R	R Square
Linear	min	0.963738916	0.802449442
Linear	max	0.949001842	0.82540159
Linear	ave	0.935330106	0.837905803
Linear	med	0.92023288	0.854235197
Linear	mod	0.908679871	0.800365507
Linear	min max	0.958146738	0.83361238
Linear	min ave	0.915202574	0.883590018
Linear	min med	0.94463513	0.81141991
Linear	min mod	0.938148851	0.886347448
Linear	max ave	0.959948618	0.808344795
Linear	max med	0.909201651	0.812676535
Linear	max mod	0.912254487	0.857459251
Linear	ave med	0.985903557	0.871925202
Linear	ave mod	0.960128548	0.862276231
Linear	med mod	0.978207563	0.813302309
Linear	min max ave	0.984043283	0.82824214
Linear	min max med	0.971546305	0.842562718
Linear	min max mod	0.936152394	0.819611438
Linear	min ave med	0.93405914	0.842627263
Linear	min ave mod	0.922203022	0.841706301
Linear	min med mod	0.985381678	0.880639979

ฟังก์ชัน	รูปแบบ	Multiple R	R Square
Linear	max ave med	0.92183643	0.823742142
Linear	max ave mod	0.920766415	0.859630119
Linear	max med mod	0.943364224	0.879412497
Linear	ave med mod	0.952767752	0.814386476
Linear	min max ave med	0.98645122	0.874638667
Linear	min max ave mod	0.930377741	0.846875411
Linear	min max med mod	0.959954537	0.847301121
Linear	min ave med mod	0.938645014	0.834690847
Linear	min max ave med mod	0.951361296	0.882168869
Polynomial	min	0.956691735	0.803529655
Polynomial	max	0.954838236	0.803636763
Polynomial	ave	0.962545886	0.824945931
Polynomial	med	0.977542488	0.830199707
Polynomial	mod	0.98276983	0.804840114
Polynomial	min max	0.957367217	0.883125183
Polynomial	min ave	0.969203682	0.866093639
Polynomial	min med	0.922582085	0.875369566
Polynomial	min mod	0.967987974	0.85609997
Polynomial	max ave	0.952657062	0.874219662
Polynomial	max med	0.958099799	0.845336576
Polynomial	max mod	0.944165064	0.802099776
Polynomial	ave med	0.955240891	0.8313925
Polynomial	ave mod	0.900184788	0.878240351
Polynomial	med mod	0.921353898	0.855243006
Polynomial	min max ave	0.910435936	0.826596646
Polynomial	min max med	0.903981086	0.865669218
Polynomial	min max mod	0.935218867	0.883112389
Polynomial	min ave med	0.987089036	0.827804856
Polynomial	min ave mod	0.93403935	0.881570654

ฟังก์ชัน	รูปแบบ	Multiple R	R Square
Polynomial	min med mod	0.980221511	0.852587242
Polynomial	max ave med	0.942447524	0.844932023
Polynomial	max ave mod	0.922492589	0.840262431
Polynomial	max med mod	0.973460995	0.873221041
Polynomial	ave med mod	0.927171797	0.838044481
Polynomial	min max ave med	0.967453438	0.835554605
Polynomial	min max ave mod	0.965339185	0.80870485
Polynomial	min max med mod	0.908568724	0.858588417
Polynomial	min ave med mod	0.978172415	0.875442603
Polynomial	min max ave med mod	0.904901009	0.817823085
Exponential	min	0.914548584	0.811958056
Exponential	max	0.967839729	0.874923416
Exponential	ave	0.90134695	0.850653025
Exponential	med	0.985063472	0.874071309
Exponential	mod	0.953492896	0.863646476
Exponential	min max	0.948964395	0.837350545
Exponential	min ave	0.902820926	0.813275726
Exponential	min med	0.972877263	0.807890446
Exponential	min mod	0.927303396	0.85617661
Exponential	max ave	0.938693795	0.867887195
Exponential	max med	0.953748485	0.812218441
Exponential	max mod	0.91966091	0.883763445
Exponential	ave med	0.958908988	0.842803109
Exponential	ave mod	0.944288507	0.87046482
Exponential	med mod	0.916306735	0.852599634
Exponential	min max ave	0.921895912	0.866527735
Exponential	min max med	0.973632488	0.864519183
Exponential	min max mod	0.946249875	0.875038566
Exponential	min ave med	0.92288427	0.840724189

ฟังก์ชัน	รูปแบบ	Multiple R	R Square
Exponential	min ave mod	0.94221714	0.833907241
Exponential	min med mod	0.956080356	0.86284504
Exponential	max ave med	0.915962338	0.876261914
Exponential	max ave mod	0.964812935	0.865246029
Exponential	max med mod	0.908277367	0.80295003
Exponential	ave med mod	0.966235986	0.885349303
Exponential	min max ave med	0.959859574	0.85674381
Exponential	min max ave mod	0.950558739	0.873119175
Exponential	min max med mod	0.924194585	0.824903867
Exponential	min ave med mod	0.921540771	0.887451162
Exponential	min max ave med mod	0.946051641	0.848638615
Sine Wave	min	0.925976373	0.839349386
Sine Wave	max	0.90149145	0.872073423
Sine Wave	ave	0.958010128	0.833750728
Sine Wave	med	0.977113907	0.801677158
Sine Wave	mod	0.902303864	0.807977857
Sine Wave	min max	0.925399196	0.859737676
Sine Wave	min ave	0.902811154	0.8173379
Sine Wave	min med	0.974400457	0.824515001
Sine Wave	min mod	0.971772745	0.8442134
Sine Wave	max ave	0.935720061	0.832529393
Sine Wave	max med	0.9370967	0.883037037
Sine Wave	max mod	0.908539332	0.802433051
Sine Wave	ave med	0.954676495	0.869978693
Sine Wave	ave mod	0.969205892	0.837562524
Sine Wave	med mod	0.954306327	0.845391834
Sine Wave	min max ave	0.934355088	0.817568566
Sine Wave	min max med	0.914709623	0.821145482
Sine Wave	min max mod	0.933737125	0.844733497

ฟังก์ชัน	รูปแบบ	Multiple R	R Square
Sine Wave	min ave med	0.972159404	0.888169435
Sine Wave	min ave mod	0.915769054	0.832700731
Sine Wave	min med mod	0.978577383	0.880480974
Sine Wave	max ave med	0.924999472	0.835673446
Sine Wave	max ave mod	0.9190137	0.842627063
Sine Wave	max med mod	0.904155084	0.85994432
Sine Wave	ave med mod	0.909517742	0.86073567
Sine Wave	min max ave med	0.933497819	0.828742813
Sine Wave	min max ave mod	0.901405946	0.859228999
Sine Wave	min max med mod	0.919782525	0.87620191
Sine Wave	min ave med mod	0.952739418	0.88605442
Sine Wave	min max ave med mod	0.963738916	0.802449442



ภาคผนวก ค การเปรียบเทียบความใกล้เคียงของข้อมูลค่าความทึบแสงกับกราฟรูป

ทั่วไปของฟังก์ชัน

ภาคผนวก ค แสดงความสัมพันธ์ระหว่างข้อมูลค่าความทึบแสงกับฟังก์ชันที่มีความใกล้เคียงกันในรูปแบบต่าง ๆ ทั้ง 6 ฟังก์ชันได้แก่

1. ฟังก์ชันชี้กำลัง (Exponential Function)
2. ฟังก์ชันกำลังทั่วไป (The General Exponential Function)
3. ฟังก์ชันอนุกรมฟูเรียร์ (Fourier Series Function)
4. ฟังก์ชันตรีโกณมิติ (Trigonometric Functions)
5. ฟังก์ชันพหุนาม (Polynomial Functions)
6. ฟังก์ชันเส้นตรง (Linear Functions)

ในแต่ละฟังก์ชันจะถูกนำสร้างสมการถดถอยที่มีความสอดคล้องกับข้อมูลมาก โดยเลือกจากค่า Correlation Coefficient (r) หรือ ค่าสัมประสิทธิ์สหสัมพันธ์ เป็นตัวบ่งชี้ถึงความสัมพันธ์นี้ ซึ่งค่าสัมประสิทธิ์สหสัมพันธ์นี้จะมีค่าอยู่ระหว่าง -1.0 ถึง +1.0 ซึ่งหากมีค่าใกล้ -1.0 นั้นหมายความว่าตัวแปรทั้งสองตัวมีความสัมพันธ์กันอย่างมากในเชิงตรงกันข้าม หากมีค่าใกล้ +1.0 นั้นหมายความว่า ตัวแปรทั้งสองมีความสัมพันธ์กันโดยตรง และหากมีค่าเป็น 0 นั้นหมายความว่า ตัวแปรทั้งสองตัวไม่มีความสัมพันธ์ต่อกัน แสดงความสัมพันธ์ดังตารางต่อไปนี้

เชื้อจุลินทรีย์	ฟังก์ชัน	Multiple R	R Square
บาซิลลัส ซีเรียส	General Exponential	0.9372	0.9623
บาซิลลัส ซีเรียส	Fourier Series	0.9211	0.9994
บาซิลลัส ซีเรียส	Trigonometric	0.9333	0.9600
บาซิลลัส ซีเรียส	Polynomial	0.9969	0.9994
บาซิลลัส ซีเรียส	Linear	0.9746	0.9623
เอสเชอริเชีย โคไล	Exponential	0.9437	0.9549
เอสเชอริเชีย โคไล	General Exponential	0.9941	0.9953
เอสเชอริเชีย โคไล	Fourier Series	0.9890	0.9956
เอสเชอริเชีย โคไล	Trigonometric	0.9765	0.9859

ชื่อจุลินทรีย์	ฟังก์ชัน	Multiple R	R Square
เอสเซอร์เรีย โคลไล	Polynomial	0.9411	0.9974
เอสเซอร์เรีย โคลไล	Linear	0.9536	0.9458
แบคทีเรียโคลิฟอร์ม	Exponential	0.9923	0.9969
แบคทีเรียโคลิฟอร์ม	General Exponential	0.9978	0.9987
แบคทีเรียโคลิฟอร์ม	Fourier Series	0.9726	0.9921
แบคทีเรียโคลิฟอร์ม	Trigonometric	0.9431	0.9923
แบคทีเรียโคลิฟอร์ม	Polynomial	0.9412	0.9899
แบคทีเรียโคลิฟอร์ม	Linear	0.9975	0.9466
แบคทีเรียกรดแลคติก	Exponential	0.9024	0.9110
แบคทีเรียกรดแลคติก	General Exponential	0.9126	0.9177
แบคทีเรียกรดแลคติก	Fourier Series	0.8769	0.8878
แบคทีเรียกรดแลคติก	Trigonometric	0.9628	0.9682
แบคทีเรียกรดแลคติก	Polynomial	0.9171	0.9245
แบคทีเรียกรดแลคติก	Linear	0.7334	0.7413



บรรณานุกรม



- Abba, S. I., Hadi, S. J., & Abdullahi, J. (2017). River water modelling prediction using multi-linear regression, artificial neural network, and adaptive neuro-fuzzy inference system techniques. *Procedia Computer Science*, 120, 75.
- Adeniji, S. E., Uba, S., & Uzairu, A. (2020). Multi-linear regression model, molecular binding interactions and ligand-based design of some prominent compounds against Mycobacterium tuberculosis. *Network Modeling & Analysis in Health Informatics & Bioinformatics*, 9(1), 1.
- . Algebraic Equations. (2017).
- Ashley, R. A., & Parmeter, C. F. (2020). Sensitivity analysis of an ols multiple regression inference with respect to possible linear endogeneity in the explanatory variables, for both modest and for extremely large samples. 8(1/11), 1-24. doi:10.3390/econometrics8010011
- Austerjost, J., Marquard, D., Raddatz, L., Geier, D., Becker, T., Scheper, T., . . . Beutel, S. (2017). A smart device application for the automated determination of E. coli colonies on agar plates. *Engineering in Life Sciences*, 17(8), 959.
- Beck, V. L. (2017). *Linear Regression : Models, Analysis, and Applications*. Hauppauge, New York: Nova Science Publishers, Inc.
- Berenhauser, A. C., Soares, D., Komora, N., De Dea Lindner, J., Schwinden Prudêncio, E., Oliveira, J. V., & Block, J. M. (2018, 2018). *Effect of high-pressure carbon dioxide processing on the inactivation of aerobic mesophilic bacteria and Escherichia coli in human milk*.
- Berhilevych, O., & Kasianchuk, V. (2017). IDENTIFICATION OF CRONOBACTER SPP (ENTEROBACTER SAKAZAKII) FROM RAW MILK AND ENVIRONMENTAL SAMPLES OF DAIRY FARMS. *Eastern-European Journal of Enterprise Technologies*, 90(11), 4-10. doi:10.15587/1729-4061.2017.114637
- Bhavika Jagga, D. D. S. (2018). Image Processing Based Bacterial Colony Counter. *International Journal of Scientific Research in Computer Science*, 3(1), 5.
- Boukouvalas, D. T., Prates, R. A., Lima Leal, C. R., & de Araújo, S. A. (2019). Automatic segmentation method for CFU counting in single plate-serial dilution. *Chemometrics and Intelligent Laboratory Systems*, 195. doi:10.1016/j.chemolab.2019.103889

- Bożena, S.-O., Marta, S., Katarzyna, Z., Jarosław, C., Anna, C., Joanna, S., . . . Janusz, B. (2014). Comparison of microbiological and physicochemical methods for enumeration of microorganisms. *Postępy Higieny i Medycyny Doświadczalnej*, 1392. doi:10.5604/01.3001.0003.1379
- Cebeci, T. (2019). A Survey of Raw Milk For Microbiological Quality and Typing of Foodborne Pathogens by MALDI-TOF MS. *Çiğ Süt Örneklerinin Mikrobiyolojik Kalitesi ve Gıda Patojenlerinin MALDI-TOF MS ile Tiplendirilmesi Üzerine Bir Araştırma.*, 16(2), 185-191. doi:10.25308/aduziraat.575681
- Chen, J., Strak, M., Vermeulen, R., Brunekreef, B., Hoek, G., de Hoogh, K., . . . Wolf, K. (2019). A comparison of linear regression, regularization, and machine learning algorithms to develop Europe-wide spatial models of fine particles and nitrogen dioxide. *Environment International*, 130. doi:10.1016/j.envint.2019.104934
- Chiang, P.-J., Tseng, M.-J., He, Z.-S., & Li, C.-H. (2015). Automated counting of bacterial colonies by image analysis. *Journal of Microbiological Methods*, 108, 74-82. doi:10.1016/j.mimet.2014.11.009
- Christen, J. A., & Parker, A. E. (2020). Systematic Statistical Analysis of Microbial Data from Dilution Series. *Journal of Agricultural, Biological, and Environmental Statistics*, 25(3), 339-364. doi:10.1007/s13253-020-00397-0
- Ciaburro, G. (2017). *MATLAB for Machine Learning*. Birmingham, UK: Packt Publishing.
- Fargas, L. (2009). Reflecting What Light We Cant's Absorb. *Legal Studies Forum*, 33(2), 371-396.
- Fei, P., Yuan, X., Zhao, S., Yang, T., Xiang, J., Chen, X., & Zhou, L. (2019). Prevalence and Genetic Diversity of *Bacillus cereus* Isolated from Raw Milk and Cattle Farm Environments. *Current Microbiology*(11), 1355. doi:10.1007/s00284-019-01741-5
- G. CORKIDI, R. D.-U., J. L. FOLCH-MALLOL, AND J. NIETO-SOTELO. (1998). COVASIAM: an Image Analysis Method That Allows Detection of Confluent Microbial Colonies and Colonies of Various Sizes for Automated Counting. *APPLIED AND ENVIRONMENTAL MICROBIOLOGY*, 64(4), 5.

- Giuseppe, C. (2018). *Regression Analysis with R : Design and Develop Statistical Nodes to Identify Unique Relationships Within Data at Scale*. Birmingham: Packt Publishing.
- Goldstein, L., Schneider, Asmar. (2006). *Calculus & Its Applications*.
- Golovanov, V. I., Golovanov, S. V., & Varganov, M. S. (2018). Use of Contrast of Digital Photo Images for the Determination of the Turbidity of Liquids. *Journal of Analytical Chemistry*, 73(7), 667-673. doi:10.1134/S1061934818070067
- Hrnčířik, P., Moucha, T., Mareš, J., Náhlík, J., & Janáčková, D. (2019). Software Sensors for Biomass Concentration Estimation in Filamentous Microorganism Cultivation Process. *Chemical and Biochemical Engineering Quarterly*, 33(1), 141-151. doi:10.15255/CABEQ.2018.1387
- Jerry, L. A., Ng, K. M., Salam, K., & Ali, M. S. A. M. (2013). Estimating vehicle speed from road surface vibration using exponential regression (pp. 299-303): IEEE.
- Jonas Austerjost, D. M., Lukas Raddatz, Dominik Geier, Thomas Becker, Thomas Scheper, Patrick Lindner, Sascha Beutel. (2017). A smart device application for the automated determination of E. coli colonies on agar plates. *Engineering in Life Sciences*, 8.
- Kim, D.-j., Chung, S.-g., Lee, S.-h., & Choi, J.-w. (2012). Relation of microbial biomass to counting units for *Pseudomonas aeruginosa* (Vol. 6, pp. 4620-4622).
- Kong, X., & Yang, J. (2019). Remaining Useful Life Prediction of Rolling Bearings Based on RMS-MAVE and Dynamic Exponential Regression Model. *IEEE Access, Access, IEEE*, 7, 169705-169714. doi:10.1109/ACCESS.2019.2954915
- Kraft, A. A. (1992). *Psychrotrophic bacteria in foods: disease and spoilage* (1st ed. ed.): CRC Press.
- Lin, J., Amir, A., & Manhart, M. (2020). Evolution of Microbial Growth Traits under Serial Dilution. *Genetics*, 215(3), 767-777. doi:10.1534/genetics.120.303149
- Liu, Y., Chen, Y., & Fang, X. (2018). A Review of Turbidity Detection Based on Computer Vision (Vol. 6, pp. 60586-60604).
- Marco Grossi, C. P., Beatrice Vitali and Bruno Riccò. (2019). Computer Vision Approach for the Determination of Microbial Concentration and Growth Kinetics Using a Low Cost Sensor System. *Sensors 2019*, 14.

- Marquard D, A. J., Düsterloh S, Schneider-Barthold C, Beutel S, Scheper T and Lindner P. (2018). A Novel Image Analyzing Algorithm for Colony Plate Counting with Handheld Devices. *Advances in Biotechnology & Microbiology*, 11(1), 9.
- Mattia, S., Stefano, D. O., Pil, M. F., Mikael, J., & Torsten, G. (2018). Cell colony counter called CoCoNut. *PLoS ONE*, 13(11) , e0205823-e0205823. doi:10.1371/journal.pone.0205823
- Mullins, D., Coburn, D., Hannon, L., Jones, E., Clifford, E., & Glavin, M. (2018). A novel image processing-based system for turbidity measurement in domestic and industrial wastewater (Vol. 77, pp. 1469-1482).
- Natan, O., Gunawan, A. I., Dewantara, B. S. B., & Ispianto, J. (2020). Microorganism Estimation in a Shrimp Pond Using Gaussian Process Regressor and Gradient Tree Boosting. *International Journal of Intelligent Engineering & Systems*, 13(3), 1-10. doi:10.22266/ijies2020.0630.01
- Oprisan, A., Gandikota, G., Chatain, D., Garrabos, Y., & Beysens, D. (2019). Turbidity data obtained from image analysis in near critical hydrogen. *Physical review. E*, 052112. doi:10.1103/PhysRevE.100.052112
- Owen, T. (1999). Tutorial:. Qualification of UV-Visible Spectrophotometer - practical Implementation, 62.
- P. Kalavathi, S. N. (2016). A HYBRID METHOD FOR AUTOMATIC COUNTING OF MICROORGANISMS IN MICROSCOPIC IMAGES. *Advanced Computing: An International Journal (ACIJ)*, 7(1), 10.
- Pandey, N., Kumari, A., Varma, A. K., Sahu, S., & Akbar, M. A. (2014). Impact of applying hygienic practices at farm on bacteriological quality of raw milk. *Veterinary World(9)*, 754. doi:10.14202/vetworld.2014.754-758
- Paraffin, A. S., Zindove, T. J., & Chimonyo, M. (2019). Does physical state of farm housing and milking practices affect total bacteria and somatic cell count of cow milk? *Journal of Food Safety*, 39(3). doi:10.1111/jfs.12635
- Peñuelas-Urquides, K., Villarreal-Treviño, L., Silva-Ramírez, B., Rivadeneyra-Espinoza, L., Said-Fernández, S., & León, M. B. d. (2013). Measuring of Mycobacterium tuberculosis growth: a correlation of the optical measurements with colony

- forming units. *Brazilian Journal of Microbiology*, 44(1) , 287-290. doi:10.1590/S1517-83822013000100042
- Pereira, V. R., & Hosker, B. S. (2019). Low-cost (<€5), open-source, potential alternative to commercial spectrophotometers. *PLoS biology*, 17(6) , e3000321. doi:10.1371/journal.pbio.3000321
- Prakash, S., Jayaraman, U., & Gupta, P. (2008). Ear Localization from Side Face Images using Distance Transform and Template Matching (pp. 1-8): IEEE.
- Priit, E., Epp, S., Andre, V., & Kadi, R. (2017). Review: Biofilm as a major factor in contamination of milk and dairy products with thermotolerant bacteria. *Agraarteadus*, 28(1), 5-12. doi:10.15159/jas.17.05
- Reuben, R. C., Roy, P. C., Sarkar, S. L., Rubayet Ul Alam, A. S. M., & Jahid, I. K. (2020). Characterization and evaluation of lactic acid bacteria from indigenous raw milk for potential probiotic properties. *Journal of Dairy Science*, 103(2), 1223-1237. doi:10.3168/jds.2019-17092
- Richardson, A. C., & Messman, J. D. (1997). Tutorial: Calibration and Validation of UV-Vis Absorption Spectrophotometers, 7.
- Rocha-Mendoza, D., Kosmerl, E., Miyagusuku-Cruzado, G., Giusti, M. M., Jiménez-Flores, R., & García-Cano, I. (2020). Growth of lactic acid bacteria in milk phospholipids enhances their adhesion to Caco-2 cells. *Journal of Dairy Science*, 103(9), 7707-7718. doi:10.3168/jds.2020-18271
- Rousseau, E., & Felbacq, D. (2020). Concept of a Generalized Law of Refraction: A Phenomenological Model. *ACS Photonics*, 7(7), 1649-1654.
- S. Naganandhini, P. K. a. (2016). A hybrid method for automatic counting of microorganisms in microscopic images. *Advanced Computing: An International Journal (ACIJ)*, 7(1/2).
- Saeed, Z. K., Abbas, B. A., & Othman, R. M. (2020). Molecular identification and phylogenetic analysis of lactic acid bacteria isolated from goat raw milk. *التشخيص الجزيئي والتحليل النسلي لبكتريا حامض اللاكتيك المعزولة من حليب الماعز الخام في العراق*, 4 (2) , 263-269. doi:10.33899/ijvs.2019.125896.1176

- Safonov, A. S. K. a. I. V. (2018). An Overview of Watershed Algorithm Implementations in Open Source Libraries. *Journal of Imaging*, 15.
- Sethulekshmi, C., Latha, C., & Anu, C. J. (2018). Occurrence and quantification of Shiga toxin-producing *Escherichia coli* from food matrices. *Veterinary World*(2), 104. doi:10.14202/vetworld.2018.104-111
- Singh, P., Singh, R. K., Song, Q.-Q., Li, H.-B., Yang, L.-T., & Li, Y.-R. (2020). Methods for Estimation of Nitrogen Components in Plants and Microorganisms, 103.
- Stephen, O., Jamie, M., & Harvey, K. (2000). Using Wherry's Adjusted R^2 and Mallows's C_p for Model Selection from All Possible Regressions. *The Journal of Experimental Education*, 68(4), 365.
- Stolze, N., Bader, C., Henning, C., Mastin, J., Holmes, A. E., & Sutlief, A. L. (2019). Automated image analysis with ImageJ of yeast colony forming units from cannabis flowers. *Journal of Microbiological Methods*, 164. doi:10.1016/j.mimet.2019.105681
- Troy, C. H., Sangita, S., Spencer, G., Anne-Laure, M. L. N., Kevin, P. N., Joseph, E. P., . . . Sam, R. N. (2018). A phage-based assay for the rapid, quantitative, and single CFU visualization of *E. coli* (ECOR #13) in drinking water. *Scientific Reports*, 8(1), 1-8. doi:10.1038/s41598-018-33097-4
- Tutz, G. (2012). *Regression for Categorical Data*. Cambridge: Cambridge University Press.
- Wei-Bang, C., & Chengcui, Z. (2009). An automated bacterial colony counting and classification system. *Information Systems Frontiers*, 11(4), 349-368. doi:10.1007/s10796-009-9149-0
- Xiaoming Chen, S. L., Zhijun Zhang and Jun Gao. (2018). The Colony Count Based on Image Processing Using Matlab and Photoshop. *International Conference on Computer Science, Electronics and Communication Engineering (CSECE 2018)*, 80, 4.
- Yu, F., & Wang, Y. (2010). Regression analysis and programming based on Matlab of vibration wave attenuation formula on underwater demolition of rock (pp. 185-188).

- Zhang, X. (2018). *Water quality turbidity detection based on image recognition system design and implementation* (Vol. 613): Springer Verlag.
- Zhu, G., Yan, B., Xing, M., & Tian, C. (2018). Automated counting of bacterial colonies on agar plates based on images captured at near-infrared light. *Journal of Microbiological Methods*. doi:10.1016/j.mimet.2018.09.004
- ครบรอบ 50 ปี ฟาร์มโคนมไทย-เดนมาร์ค. (2555). องค์การส่งเสริมกิจการโคนมแห่งประเทศไทย (อ.ส.ค.).
- บุญกว้าง, ส., ชูติมาโยธินกุล, พ., & สายยศ, ส. (2015). การมองเห็นภาพ 3 มิติผ่านการควบคุมระยะไกลโดยใช้เทคนิคสเตอริโอโศปิค 3 มิติ แบบเรียลไทม์สำหรับตาหุ่นยนต์: สถาบันเทคโนโลยีไทย-ญี่ปุ่น.
- บุญธรรม, ภ. (2556). การประมวลผลภาพดิจิทัลเบื้องต้น = *Fundamentals of digital image processin*: ซีเอ็ดดูเคชั่น.
- พร้อมเลิศ, ท. (2559). คู่มือเขียนแอป *Android* ด้วย *Android Studio* (พิมพ์ครั้งที่ 3. ed.): โปรววิชั่น.
- พระราชบัญญัติมาตรฐานสินค้าเกษตร พ.ศ. 2551 : แก้ไขเพิ่มเติมโดย พระราชบัญญัติมาตรฐานสินค้าเกษตร (ฉบับที่ 2) พ.ศ. 2556. (2558). สำนัก.
- พัฒน์, ส. (2532). กฎหมายควบคุมอาหารและมาตรฐานอาหาร = *Food legislation & standardization* (พิมพ์ครั้งที่ 2. ed.): โอเดียนสโตร์.
- พานทอง, ช. (2558). ห้องเรียนออนไลน์ Byครูตั้ง.
- พลพงศ์, ส. (2556). โมเดลสมการโครงสร้าง = *Structural equation modeling*: โรงพิมพ์พัฒนาพานิช.
- ยุทธวิริยะ, ร., มณีรัตน์, น., & วรากุลศิริพันธุ์, ร. (2015). เครื่องจำแนกสีและนับจำนวนโคโลนีโดยใช้การประมวลผลภาพ: สถาบันเทคโนโลยีไทย-ญี่ปุ่น.
- ริยะมงคล, พ. (2019). การประมวลผลภาพดิจิทัล.
- วิรัชช, พ. (2549). การวิเคราะห์การถดถอย = *Regression analysis*: ศูนย์ผลิตตำราเรียน สถาบันเทคโนโลยีพระจอมเกล้าพระนครเหนือ.
- ศรีโนนยาง, เ., & เศรษฐ์สมบูรณ์, ว. (2016). การศึกษาความเป็นไปได้ในการลงทุนธุรกิจฟาร์มโคนมขนาดการผลิต 1,000 ลิตรต่อวัน ในพื้นที่อำเภอหนองวัวซอ จังหวัดอุดรธานี: วิทยาลัยบัณฑิตศึกษาการจัดการ มหาวิทยาลัยขอนแก่น.
- สงวนสัจย์., ป. (2562). *Artificial intelligence with machine learning*.

สมเกียรติ, อ. (2554). การประมวลผลภาพดิจิทัลเบื้องต้น = *Fundamentals of digital image processin*: ท็อป.

สังข์เจริญ, ด. ข. (2556). คู่มือเขียน *iPhone Apps* สำหรับผู้เริ่มต้น.

อรพิน, ป. (2556). คู่มือเขียนโปรแกรมด้วยภาษา *JAVA* ฉบับสมบูรณ์: โปรวิชั่น.

อิสยา, จ., & วัชรินทร์, ร. (2551). แบทที่เรียทางการแพทย์: แห่งจุฬาลงกรณ์มหาวิทยาลัย.

