

การแยกข้าวที่เป็นโรคและไม่เป็นโรคขอบใบแห้งออกจากกันด้วยเทคนิคการสำรวจระยะไกลแบบ
ไฮเปอร์สเปกตรัล

นายธีรภัทร เลิศปฏิภาณพงษ์



จุฬาลงกรณ์มหาวิทยาลัย
CHULALONGKORN UNIVERSITY

บทคัดย่อและแฟ้มข้อมูลฉบับเต็มของวิทยานิพนธ์ตั้งแต่ปีการศึกษา 2554 ที่ให้บริการในคลังปัญญาจุฬาฯ (CUIR)

เป็นแฟ้มข้อมูลของนิสิตเจ้าของวิทยานิพนธ์ ที่ส่งผ่านทางบัณฑิตวิทยาลัย

วิทยานิพนธ์นี้เป็นส่วนหนึ่งของการศึกษาตามหลักสูตรปริญญาวิทยาศาสตรมหาบัณฑิต
The abstract and full text of theses from the academic year 2011 in Chulalongkorn University Intellectual Repository (CUIR)

สาขาวิชาวิศวกรรมสำรวจ ภาควิชาวิศวกรรมสำรวจ
are the thesis authors' files submitted through the University Graduate School.

คณะวิศวกรรมศาสตร์ จุฬาลงกรณ์มหาวิทยาลัย

ปีการศึกษา 2558

ลิขสิทธิ์ของจุฬาลงกรณ์มหาวิทยาลัย

HYPERSPECTRAL REMOTE SENSING TECHNIQUES FOR SEPERATING RICE WITH AND
WITHOUT THE BACTEREAL LEAF BLIGHT DISEASE

Mr. Teerapat Lerpatipanpong



A Thesis Submitted in Partial Fulfillment of the Requirements
for the Degree of Master of Engineering Program in Survey Engineering

Department of Survey Engineering

Faculty of Engineering

Chulalongkorn University

Academic Year 2015

Copyright of Chulalongkorn University

หัวข้อวิทยานิพนธ์

การแยกข้าวที่เป็นโรคและไม่เป็นโรคขอบใบแห้งออกจากกันด้วยเทคนิคการสำรวจระยะไกลแบบไฮเปอร์สเปกตรัล

โดย

นายธีรภัทร เลิศปฏิภาณพงษ์

สาขาวิชา

วิศวกรรมสำรวจ

อาจารย์ที่ปรึกษาวิทยานิพนธ์หลัก

ดร.ชัยโชค ไวกาษา

คณะวิศวกรรมศาสตร์ จุฬาลงกรณ์มหาวิทยาลัย อนุมัติให้หัวข้อวิทยานิพนธ์ฉบับนี้เป็นส่วนหนึ่งของการศึกษาตามหลักสูตรปริญญาโทบริหารธุรกิจ

.....คณบดีคณะวิศวกรรมศาสตร์
(ศาสตราจารย์ ดร. บัณฑิต เอื้ออาภรณ์)

คณะกรรมการสอบวิทยานิพนธ์

.....ประธานกรรมการ
(รองศาสตราจารย์ ดร.ไพศาล สันติธรรมนนท์)

.....อาจารย์ที่ปรึกษาวิทยานิพนธ์หลัก
(ดร.ชัยโชค ไวกาษา)

.....กรรมการ
(ผู้ช่วยศาสตราจารย์ พันเอก ดร.กนก วีรวงศ์)

.....กรรมการภายนอกมหาวิทยาลัย
(ดร.วีระพงศ์ เกิดสิน)

ธีรภัทร เลิศปฏิภาณพงษ์ : การแยกข้าวที่เป็นโรคและไม่เป็นโรคขอบใบแห้งออกจากกันด้วยเทคนิคการสำรวจระยะไกลแบบไฮเปอร์สเปกตรัล (HYPERSPECTRAL REMOTE SENSING TECHNIQUES FOR SEPERATING RICE WITH AND WITHOUT THE BACTEREAL LEAF BLIGHT DISEASE) อ.ที่ปรึกษาวิทยานิพนธ์หลัก: ดร.ชัยโชค ไวกาษา, 53 หน้า.

งานวิจัยนี้มีวัตถุประสงค์หลักคือ เพื่อแยกข้าวพันธุ์ กข41 (RD41) ที่เป็นโรคขอบใบแห้งออกจากที่ไม่เป็นโรคด้วยการสำรวจระยะไกลแบบไฮเปอร์สเปกตรัลโดยอาศัยการคัดเลือกช่วงคลื่นที่เหมาะสม ด้วยขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรม โดยพื้นที่ศึกษาคือ แปลงพื้นที่ศึกษานาข้าว ในตำบลแพรงศรีราชา อำเภอสรรคบุรี จังหวัดชัยนาท

จากผลการศึกษสามารถสรุปได้ว่า การจำแนกโดยใช้วิธีการเลือกช่วงคลื่นที่เหมาะสมได้ค่าความถูกต้องโดยรวมเท่ากับ 89% ส่วนการจำแนกโดยใช้จำนวนช่วงคลื่นทั้งหมดได้ค่าความถูกต้องโดยรวมเพียง 82% โดยมีความแตกต่างกันอย่างมีนัยสำคัญทางสถิติ โดยพบว่ามีค่าส่วนเบี่ยงเบนมาตรฐานของค่าความถูกต้องในการจำแนกเท่ากับ 4.7% และ 2.1% ในกรณีการจำแนกโดยใช้วิธีการเลือกช่วงคลื่นและการจำแนกโดยใช้จำนวนช่วงคลื่นทั้งหมดตามลำดับ

งานวิจัยนี้เป็นครั้งแรกที่สามารถสรุปได้ว่าข้อมูลภาพไฮเปอร์สเปกตรัลสามารถทำการแยกข้าวพันธุ์ กข41 (RD41) ที่เป็นโรคและไม่เป็นโรคขอบใบแห้งออกจากกันได้เมื่อร่วมกับเทคนิคการคัดเลือกช่วงคลื่นแบบขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรม โดยวิธีการดังกล่าวให้ค่าความถูกต้องโดยรวม 89% อย่างไรก็ตามผลการทดลองนี้ยังคงมีข้อจำกัดในเรื่องของพื้นที่แปลงตัวอย่างที่ทำการศึกษานั้นมีขนาดเล็ก ช่วงการเจริญเติบโต รวมไปถึงชนิดของพันธุ์ข้าวที่เป็นโรคที่นำมาทำการศึกษามีเพียงชนิดเดียว ทำให้ไม่สามารถนำมาใช้เป็นตัวแทนในการแยกได้ดี โดยผู้วิจัยคาดหวังว่าวิธีการที่ใช้ในงานวิจัยนี้จะสามารถนำไปใช้กับการแยกและจำแนกโรคระดับสายพันธุ์กับพื้นที่อื่นและพืชชนิดอื่นต่อไป

ภาควิชา วิศวกรรมสำรวจ

ลายมือชื่อนิสิต

สาขาวิชา วิศวกรรมสำรวจ

ลายมือชื่อ อ.ที่ปรึกษาหลัก

ปีการศึกษา 2558

5670231021 : MAJOR SURVEY ENGINEERING

KEYWORDS: HYPERSPECTRAL REMOTE SENSING / GENETIC ALGORITHMS / RICE DISEASES

TEERAPAT LERTPATIPANPONG: HYPERSPECTRAL REMOTE SENSING TECHNIQUES FOR SEPERATING RICE WITH AND WITHOUT THE BACTEREAL LEAF BLIGHT DISEASE. ADVISOR: CHAICHOKE VAIPHASA, Ph.D., 53 pp.

The objective of this research is to separate the RD-41 rice with and without bacterial leaf blight disease by hyperspectral remote sensing techniques base on a scene of the EO-1 Hyperion imagery. The study site is rice field at Preak-Sriracha sub-district, Sankhaburi district, Chainat province, Thailand.

The results suggest that the overall accuracy of the separation without the influence of the genetic algorithm is 82%. After applying the genetic search, the overall accuracy went up to 89%. This superiority was confirmed by a statistical test (p -value < 0.01). The standard deviation (SD) of separations are 4.7% and 2.1% when using hyperspectral remote sensing techniques with and without the influence of the genetic algorithm, respectively.

This study demonstrated the capability of the hyperspectral remote sensing techniques for separating rice with and without the bacterial leaf blight disease. The Genetic Algorithm based bands selection helped improve the overall accuracy from 82% to 89%. However, this is a preliminary study that tests on a small area and a single species of rice. To increase the reliability of this result, the method should be tested on bigger areas and variety of species and diseases.

Department: Survey Engineering

Student's Signature

Field of Study: Survey Engineering

Advisor's Signature

Academic Year: 2015

กิตติกรรมประกาศ

ขอขอบพระคุณ ดร.ชัยโชค ไวกาษา อาจารย์ที่ปรึกษาวิทยานิพนธ์หลัก ที่ให้โอกาสความรู้และแนวคิด รวมไปถึงเทคนิควิธีการต่างๆในการนำเสนอ รวมทั้งวิธีการเขียนบทความวิจัย ซึ่งถือเป็นความรู้ที่มีคุณค่ายิ่ง

ขอบพระคุณคุณพ่อ คุณแม่ที่เป็นกำลังใจและคอยสอบถามอยู่เสมอ ขอขอบคุณคุณพ่อ นิวัฒน์ และคุณแม่อุษา เลิศปฏิภาณพงษ์ ที่คอยดูแลและคอยให้กำลังใจรวมถึงคอยช่วยเหลือในทุกๆอย่าง ที่ทำให้มีกำลังใจในการทำงานวิจัยชิ้นนี้

ขอบพระคุณ รศ.ดร. ไพศาล สันติธรรมนนท์ ประธานคณะกรรมการสอบวิทยานิพนธ์ ผศ. พนเอก ดร.กนก วีรวงศ์ กรรมการสอบ และ ดร.วีระพงศ์ เกิดสิน กรรมการภายนอกมหาวิทยาลัยจาก คณะเทคโนโลยีและสิ่งแวดล้อม มหาวิทยาลัยสงขลานครินทร์ วิทยาเขตภูเก็ต ที่กรุณาให้คำแนะนำพร้อมทั้งแนวคิดรวมถึงคำติชมต่างๆที่ทำให้วิทยานิพนธ์ฉบับนี้มีความสมบูรณ์

ขอบพระคุณอาจารย์ทุกท่านในภาควิชาวิศวกรรมสำรวจ ที่ให้ความรู้ในการทำงานวิจัยชิ้นนี้ ขอขอบคุณ พี่ ปฏิวิชัย สาระพินที่ให้ความช่วยเหลือด้านข้อมูลภาคสนามและอนุเคราะห์ข้อมูลภาพถ่ายดาวเทียมในการวิจัยครั้งนี้ รวมไปถึงขอบคุณมิตรภาพของเพื่อนๆน้องๆ นิสิตภาควิชาวิศวกรรมสำรวจทุกท่าน สำหรับความช่วยเหลือที่มีให้กันตลอดมา

สารบัญ

	หน้า
บทคัดย่อภาษาไทย.....	ง
บทคัดย่อภาษาอังกฤษ.....	จ
กิตติกรรมประกาศ.....	ฉ
สารบัญ.....	ช
สารบัญตาราง.....	ฅ
สารบัญรูป.....	ญ
บทที่ 1 บทนำ.....	1
1.1 ความเป็นมาและความสำคัญของปัญหา.....	1
1.2 วัตถุประสงค์.....	3
1.3 ขอบเขตโครงการวิจัย.....	3
1.4 ประโยชน์ที่คาดว่าจะได้รับ.....	4
บทที่ 2 ทฤษฎีที่เกี่ยวข้อง.....	5
2.1 คุณลักษณะของข้อมูลภาพถ่ายดาวเทียมที่ใช้ในการศึกษา.....	5
2.2 Spectral Angle Mapper.....	6
2.3 ขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรม (Genetic Algorithm).....	8
2.4 การตรวจสอบผลการจำแนก (Classification Accuracy Assessment).....	16
บทที่ 3 งานวิจัยที่เกี่ยวข้อง.....	17
3.1 งานวิจัยที่เกี่ยวข้องทางการจำแนกพืชด้วยข้อมูลแบบหลายช่วงคลื่นกับข้อมูลไฮเปอร์สเปกตรัล.....	17
3.2 งานวิจัยที่เกี่ยวข้องทางการหาโรคข้าวด้วยเทคโนโลยีสำรวจระยะไกล.....	19
บทที่ 4 วิธีดำเนินงานวิจัย.....	20
4.1 การเตรียมข้อมูล.....	20
4.1.1 พื้นที่ศึกษา.....	20

4.1.2 ชนิดของพันธุ์ข้าวที่นำมาศึกษา.....	22
4.1.3 โรคของข้าวที่นำมาศึกษา.....	22
4.1.4 ภาพถ่ายดาวเทียมที่ใช้ในการศึกษา	24
4.1.5 การเก็บข้อมูลภาคสนาม	24
4.2 การวิเคราะห์ข้อมูล	27
4.2.1 การแยกข้าวพันธุ์ กข 41 ที่เป็นโรคขอบใบแห้งออกจากบริเวณที่ไม่เป็นโรค	27
4.3 การทดสอบทางสถิติ.....	30
บทที่ 5 ผลการศึกษา.....	31
5.1 ขนาดของโครโมโซมที่เหมาะสมและการคัดเลือกช่วงคลื่นที่เหมาะสมด้วยขั้นตอนวิธีเชิง พันธุกรรม.....	31
5.2 ผลการวิเคราะห์เปรียบเทียบการจำแนกทางสถิติ	36
บทที่ 6 อภิปรายผล สรุปผลการวิจัย และข้อเสนอแนะ	37
6.1 อภิปรายผลการศึกษา	37
6.2 สรุปผลการศึกษา	39
6.3 ข้อเสนอแนะ	40
รายการอ้างอิง	41
ภาคผนวก.....	45
ภาคผนวก ก. ตารางแสดงช่วงคลื่นที่ถูกคัดเลือกทั้ง 30 โครโมโซมเมื่อกำหนดขนาดโครโมโซม ขนาดต่างๆ	46
ประวัติผู้เขียนวิทยานิพนธ์	53

สารบัญตาราง

หน้า

ตารางที่ 2.1 ลักษณะบางประการของภาพถ่ายดาวเทียมระบบ Hyperion	5
ตารางที่ 2.2 แสดงรายละเอียดช่วงคลื่นของภาพถ่ายดาวเทียมระบบ Hyperion	6
ตารางที่ 2.3 แสดงค่าความเหมาะสมและความน่าจะเป็นในการถูกเลือกของโครโมโซม	13
ตารางที่ 4.1 แสดงจำนวนแปลงตัวอย่างของข้าวที่ใช้ในการศึกษา.....	25
ตารางที่ 5.1 แสดงช่วงคลื่นที่ถูกคัดเลือกทั้ง 30 โครโมโซมกรณีขนาดโครโมโซมเท่ากับ 6 (เมื่อ OA คือ ค่าความถูกต้องโดยรวม (Overall Accuracy)).....	32
ตารางที่ 5.1 แสดงช่วงคลื่นที่ถูกคัดเลือกทั้ง 30 โครโมโซมกรณีขนาดโครโมโซมเท่ากับ 6 (เมื่อ OA คือ ค่าความถูกต้องโดยรวม (Overall Accuracy)) (ต่อ)	33
ตารางที่ 5.2 เปรียบเทียบค่าความถูกต้องรวมในการแยกข้าวพันธุ์ กข41 (RD41) ที่เป็นโรคและ ไม่เป็นโรคขอบใบแห้งออกจากกันของข้อมูลแปลงทดสอบ ระหว่างกรณีที่ใช้จำนวนช่วงคลื่นที่ เหมาะสมในการแยกด้วยขั้นตอนเชิงพันธุกรรม (Genetic Algorithm, GA) กับ กรณีที่ใช้จำนวน ช่วงคลื่นทั้งหมด	34
ตารางที่ 5.3 แสดงค่าที่ได้จากเปรียบเทียบการจำแนกทางสถิติ เมื่อ (ก) แสดงค่าสถิติพื้นฐานของ ค่าความถูกต้องที่ได้จากทั้งสองวิธีการ (ข) แสดงผลการทดสอบความแตกต่างระหว่างค่าเฉลี่ยของ ค่าความถูกต้องโดยรวมในการจำแนกของทั้งสองวิธีการ	36

สารบัญรูป

หน้า

รูปที่ 2.1 แสดงตัวอย่างของเวกเตอร์ A และ B เมื่อพิจารณาช่วงคลื่น 2 ช่วงคลื่น (Band 1 , Band 2).....	7
รูปที่ 2.2 แสดงการหาค่ามุม spectral angle (θ) ระหว่างเวกเตอร์ A และ B.....	7
รูปที่ 2.3 แสดงลักษณะของโครโมโซม.....	8
รูปที่ 2.4 ผังงานแสดงขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรม	10
รูปที่ 2.5 โครโมโซมความยาว 8 บิต ใช้แทนคำตอบที่ประกอบไปด้วยตัวแปร X1 และ X2.....	11
รูปที่ 2.6 ตัวอย่างโครโมโซมที่ถูกเข้ารหัสเป็นชื่อซึ่งแสดงถึงช่วงคลื่นจากภาพถ่ายดาวเทียม	11
รูปที่ 2.7 แสดงขั้นตอนพื้นฐานของการคัดเลือก (Selection).....	12
รูปที่ 2.8 แสดงการคัดเลือกโดยใช้วงล้อรูเล็ต	13
รูปที่ 2.9 แสดงการคัดเลือกโดยใช้ Stochastic Universal Sampling	14
รูปที่ 2.10 แสดงการไขว้เปลี่ยนแบบธรรมดาและแบบกระจาย เมื่อ (ก) แสดงการไขว้เปลี่ยนแบบธรรมดา (ข) แสดงการไขว้เปลี่ยนแบบกระจาย.....	15
รูปที่ 2.11 แสดงการกลายพันธุ์.....	16
รูปที่ 4.1 แสดงบริเวณแปลงพื้นที่ศึกษา เมื่อ (ก) แสดงรูปบริเวณพื้นที่ศึกษา มาตรฐาน 1:250000 ของจังหวัด ชัยนาท (ข) แสดงรูปบริเวณพื้นที่ศึกษาที่เป็นโรค มาตรฐานส่วน 1:100000 พร้อมกับแนวของภาพถ่ายไฮเปอร์สเปกตรัลซึ่งครอบคลุมแปลงพื้นที่ศึกษา.....	20
รูปที่ 4.2 แสดงบริเวณแปลงพื้นที่ศึกษา (ต่อ) เมื่อ (ค) แสดงรูปบริเวณพื้นที่ศึกษาที่เป็นโรค มาตรฐานส่วน 1:50000 พร้อมทั้งแปลงพื้นที่ศึกษา (ง) แสดงรูปบริเวณพื้นที่ศึกษาที่เป็นโรคเมื่อแสดงด้วยช่วงคลื่น Near-Infrared (NIR) ในโปรแกรม ENVI 4.7 (จ) แสดงรูปแปลงพื้นที่ศึกษาที่เป็นโรคด้วย Google Earth	21
รูปที่ 4.3 แสดงลักษณะของโรคที่นำมาทำการศึกษา เมื่อ (ก) แสดงรูปของต้นข้าวที่เป็นโรคขอบใบแห้งในระยะปักดำ ซึ่งเรียกว่า ครีเสค (Kresak) (ข) แสดงรูปของต้นข้าวที่เป็นโรคขอบใบแห้ง	

ในระยะแตกกอ (ค) แสดงรูปของต้นข้าวที่เป็นโรคขอบใบแห้งในระยะออกรวง (ง) แสดงรูปของต้นข้าวที่เป็นโรคขอบใบแห้งในระยะออกรวง ในบริเวณแปลงพื้นที่ศึกษาจริง 23

รูปที่ 4.4 แสดงบริเวณที่เป็นโรคขอบใบแห้งของข้าวพันธุ์ กข 41 ภายในบริเวณแปลงพื้นที่ศึกษาเมื่อ (ก) แสดงบริเวณพื้นที่ศึกษาที่เป็นโรคขอบใบแห้งของข้าวพันธุ์ กข41 ด้วยช่วงคลื่น Near-Infrared (NIR) (ข) แสดงบริเวณแปลงพื้นที่ศึกษาที่เป็นโรคขอบใบแห้งของข้าวพันธุ์ กข41 25

รูปที่ 4.5 แสดงบริเวณที่ไม่เป็นโรคขอบใบแห้งของข้าวพันธุ์ กข 41 ภายในบริเวณแปลงพื้นที่ศึกษาเมื่อ (ก) แสดงบริเวณพื้นที่ศึกษาที่ไม่เป็นโรคขอบใบแห้งของข้าวพันธุ์ กข41 ด้วยช่วงคลื่น Near-Infrared (NIR) (ข) แสดงบริเวณแปลงพื้นที่ศึกษาที่ไม่เป็นโรคขอบใบแห้งของข้าวพันธุ์ กข41 .. 26

รูปที่ 4.6 แสดงค่าการสะท้อนในแต่ละช่วงคลื่นของข้าวพันธุ์ กข 41 (RD - 41) บริเวณที่เป็นโรคและไม่เป็นโรค..... 26

รูปที่ 4.7 ผังงานแสดงการหาขนาดโครโมโซมที่เหมาะสม 28

รูปที่ 4.8 แสดงขั้นตอนการทำงาน..... 29

รูปที่ 5.1 แสดงการเปรียบเทียบค่าเฉลี่ยความถูกต้องโดยรวมในการแยกที่ขนาดโครโมโซมต่างๆ 31

รูปที่ 5.2 แสดงการแบ่งออกเป็น 8 กลุ่มย่อยพร้อมทั้งค่าส่วนเบี่ยงเบนมาตรฐานของวิธีการคัดเลือกช่วงคลื่นแบบขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรม 34

บทที่ 1

บทนำ

1.1 ความเป็นมาและความสำคัญของปัญหา

ข้าว (*Oryza sativa* L.) เป็นพืชที่ประชากรมากกว่าครึ่งหนึ่งของโลกบริโภคเป็นอาหารหลักในปัจจุบัน (สำนักงานเศรษฐกิจการเกษตร 2553) โดยเฉพาะในประเทศไทยที่ถือเป็นแหล่งเพาะปลูกและส่งออกอันดับต้นๆของโลก การแพร่ระบาดของโรคข้าวจึงเป็นปัจจัยหนึ่งที่มีผลต่อการผลิตข้าวเพื่อการอุปโภคบริโภคและการส่งออกก่อให้เกิดการระบาดและเกิดความเสียหายต่อต้นข้าว ในระยะต่างๆของวงจรการเจริญเติบโต ซึ่งการแพร่ระบาดหรือการระบาดของโรคจะรุนแรงขึ้นได้เมื่อพบสาเหตุของโรคเพิ่มมากขึ้นในสภาพนิเวศนั้นๆของพืช รวมไปถึงการจัดการเขตเกษตรกรรมก็เป็นอีกปัจจัยหนึ่งที่เอื้อต่อการเกิดความรุนแรงของโรคได้ โดยการระบาดของโรคจะพบได้เมื่อสภาพแวดล้อมเหมาะสม ต้นพืชอ่อนแอ และเชื้อโรคมีความรุนแรง เฉพาะในประเทศไทยสามารถพบการระบาดของโรคข้าวได้หลายชนิด เช่น โรคไหม้,โรคใบจุดสีน้ำตาล,โรคกาบใบแห้ง,โรคเมล็ดด่าง และโรคขอบใบแห้ง

โดยเฉพาะโรคขอบใบแห้ง (Bacterial Leaf Blight , BLB) ซึ่งถือเป็นโรคข้าวที่สำคัญชนิดหนึ่งที่สามารถพบการระบาดได้ทั่วไปในประเทศไทย และส่งผลกระทบต่อผลผลิตและคุณภาพของข้าว โดยพบการระบาดของโรคในแหล่งปลูกข้าวทางภาคกลางของประเทศไทย ทั้งพื้นที่น่าน้ำฝนและในเขตชลประทาน ลักษณะการแพร่ระบาดจะระบาดติดไปกับน้ำ ในสภาพที่มีความชื้นสูง ฝนตกและลมพัดแรง ในท้องที่ที่อยู่ใกล้ถนนและที่ลุ่มที่มีน้ำขังเป็นเวลานาน ทำให้เกิดการแพร่ระบาดของโรคได้อย่างรวดเร็ว โดยพบว่าในปี พ.ศ. 2497 มีการระบาดอย่างรุนแรงในประเทศญี่ปุ่น ก่อให้เกิดความเสียหายเป็นบริเวณกว้างถึง 300,000 - 400,000 เฮกตาร์ (1 เฮกตาร์ = 6.25 ไร่) ส่งผลให้ผลผลิตของข้าวลดลง 20 - 30 เปอร์เซ็นต์และบางครั้งอาจทำให้ผลผลิตลดลงมากกว่า 50 เปอร์เซ็นต์ (Ou 1987) ส่วนในประเทศไทยพบการระบาดครั้งแรกที่จังหวัดปทุมธานี ในปี พ.ศ. 2506 (Eamchit and Mew 1982) รวมไปถึงตามแหล่งปลูกข้าวโดยทั่วไป โดยในการศึกษาที่ผ่านมาของการศึกษาโรคขอบใบแห้งในประเทศไทยจะอยู่ในลักษณะของการจำแนกสายพันธุ์เชื้อเพื่อการพัฒนา ยีนหรือปรับปรุงพันธุ์ให้มีความต้านทาน (โคเบลลีและคณะ 2556) หรือการหาวิธีป้องกันการเกิดโรค โดยคัดเลือกข้าวสายพันธุ์ดีเด่นที่มีความต้านทานต่อโรค (กันทาจันทร์และคณะ 2557)

ดังนั้นการค้นหามีบริเวณที่เกิดโรคขอบใบแห้งและจำกัดการกระจายตัวของโรคขอบใบแห้ง จึงเป็นจุดเริ่มต้นที่มีความสำคัญในการทำการศึกษาพื้นที่ที่เป็นโรคออกจากพื้นที่ที่ไม่เป็นโรค โดยในการศึกษาที่ผ่านมา (Bonhann-Smith et al. 1992, Miah et al. 2013, Zhang 2007) ได้เสนอการดัดแปลงลักษณะทางพันธุกรรมของข้าวเพื่อใส่ยีนที่เหมาะสม (R-gene-dependent disease

resistance) เพื่อทำการปรับปรุงพันธุ์ของข้าวให้มีความต้านทานต่อโรคข้าวชนิดต่างๆรวมถึงได้มีการทดสอบการศึกษาหาแหล่งของลักษณะความต้านทานต่อโรคขอบใบแห้งจากเชื้อพันธุกรรมของข้าว โดยใช้วิธีการคัดเลือกในสภาพแปลงทดสอบ (Phenotypic test) ร่วมกับการวิเคราะห์ลักษณะทางพันธุกรรมของเชื้อโดยใช้เทคนิคทางด้านพันธุศาสตร์โมเลกุล (โคเบลลี 2549) ซึ่งล้วนแต่เป็นขั้นตอนที่ใช้แรงงานและเวลาในการสำรวจเก็บข้อมูลสูง

ด้วยเหตุนี้เทคโนโลยีสำรวจระยะไกลจึงก้าวเข้ามาเป็นทางเลือกหนึ่งที่เหมาะสมที่จะนำมาใช้ เพราะเป็นวิธีการที่ไม่ทำลายตัวอย่าง ลดระยะเวลาและแรงงานในการสำรวจ รวมทั้งความสามารถของการสำรวจระยะไกลเป็นที่ยอมรับโดยทั่วไปว่ามีศักยภาพในการประเมินทรัพยากรธรรมชาติ เนื่องจากความสม่ำเสมอและครอบคลุมพื้นที่ที่กว้างขวางของดาวเทียม ทำให้เกิดการวิเคราะห์ติดตามการเปลี่ยนแปลงได้อย่างต่อเนื่อง โดยในการศึกษาที่ผ่านมาของการสำรวจระยะไกลในด้านของข้าวจะอยู่ในลักษณะของการใช้ค่าการสะท้อนดัชนีพืชพรรณของข้าวในช่วงคลื่นต่างๆเพื่อแสดงถึงอัตราการเจริญเติบโตของข้าวและรูปแบบการเปลี่ยนแปลงที่เกิดขึ้นในช่วงเวลาต่างๆกัน (Le Toan et al. 1997) รวมไปถึงสามารถทำการจำแนกชนิดของพืชพันธุ์ชนิดต่างๆรวมทั้งข้าวโดยใช้ช่วงคลื่น narrow band จากภาพถ่ายดาวเทียม EO-1 Hyperion (Thenkabail et al. 2013) ส่วนในด้านการตรวจหาและจำกัดบริเวณที่เป็นโรคของข้าวนั้นได้เริ่มมีการทำการตรวจหาโรคไหม้ในเมล็ด (Panicle Blast , *Magnaporthe oryzae*) ด้วยการใช้ค่าการสะท้อนจากภาพถ่ายทางอากาศและดาวเทียมร่วมกับค่าการสะท้อนจาก Spectroradiometer ในการหาความสัมพันธ์ของดัชนีพืชพรรณและช่วงคลื่นที่เหมาะสมในการจำแนกข้าวที่เป็นโรคไหม้ในเมล็ดกับข้าวที่ไม่เป็นโรค (Kobayashi et al. 2001) รวมไปถึง (Qin and Zhang 2005) ได้ทำการตรวจหาโรคกาบใบแห้ง (Sheath blight , *Rhizoctonia solani*) ในข้าว โดยใช้การตรวจสอบค่าการสะท้อนของค่าดัชนีพืชพรรณเทียบกับแปลงทดสอบตัวอย่างที่เป็นโรค และทำการตรวจสอบค่าทางสถิติด้วย T-test ซึ่งให้ค่าความเชื่อมั่น 95 % ส่วนการตรวจหาโรคขอบใบแห้งในข้าวโดยใช้เทคโนโลยีสำรวจระยะไกลนั้นยังไม่เคยมีใครทำการศึกษานี้มาก่อน

ซึ่งถ้าหากพิจารณาถึงเทคนิคการสำรวจระยะไกลที่ใช้ในการตรวจหาและจำกัดบริเวณที่เป็นโรคของข้าวในปัจจุบัน พบว่าการสำรวจระยะไกลแบบหลายช่วงคลื่น (Multispectral) เป็นวิธีการที่ให้มาซึ่งข้อมูลสำคัญที่ถูกนำมาใช้ในการตรวจหาและติดตามการเปลี่ยนแปลงในระยะต่างๆของโรค (Kobayashi et al. 2001, Qin and Zhang 2005) แต่อย่างไรก็ตามข้อมูลที่ได้จากวิธีการสำรวจระยะไกลแบบเก่าไม่เพียงพอในการศึกษาการจำแนกและติดตามความหลากหลายของการเกิดโรคเนื่องจากขาดความละเอียดเชิงพื้นที่ และ จำนวนช่วงคลื่นที่ไม่เพียงพอ ทำให้มีความพยายามในการพัฒนารูปแบบของการถ่ายภาพด้วยดาวเทียมเพื่อนำไปประยุกต์ใช้ในงานด้านการตรวจหาโรคมามากขึ้น โดยรูปแบบของการถ่ายภาพรูปแบบหนึ่งที่ถูกนำมาใช้ในปัจจุบัน คือ ภาพถ่ายดาวเทียมแบบไฮเปอร์

สเปกตรัล เพราะเป็นรูปแบบหนึ่งของการสำรวจระยะไกลที่ถูกพัฒนาขึ้นเพื่อทำการบันทึกช่วงคลื่นสั้นๆหรือแบนด์เล็กๆ จำนวนมากในช่วงคลื่น visible ถึง infrared ต่อเนื่องกันไป โดยใช้การบันทึกด้วยเครื่องกวาดภาพช่วงคลื่นละเอียดสูง (hyperspectral sensor หรือ imaging spectrometer) ซึ่งจะมีประโยชน์ในงานด้านการสำรวจและติดตามการเปลี่ยนแปลงของช่วงคลื่นที่มีลักษณะต่อเนื่องกัน การสำรวจในย่านคลื่นที่สูงขึ้นหรือการใช้งานด้านการสำรวจที่ต้องใช้การจำแนกในช่วงคลื่นที่ละเอียดมากขึ้น

ดังนั้นงานวิจัยนี้จึงเป็นครั้งแรกที่ใช้ภาพถ่ายดาวเทียมแบบไฮเปอร์สเปกตรัลในการนำเสนอการแยกข้าวที่เป็นโรคขอบใบแห้งพันธุ์ กข41 (RD41) ออกจากข้าวที่ไม่เป็นโรคชนิดนี้ โดยข้อมูลการสะท้อนที่ใช้ในการทดลองเก็บจากพื้นที่ปลูกข้าวหนาแน่นในตำบลแพรงศรีราชา อำเภอสรรคบุรี จังหวัดชัยนาท ด้วยวิธีการจำแนกแบบ Spectral Angle Mapper และกระบวนการเลือกลักษณะเด่น (Feature Selection) แบบขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรม (Genetic Algorithm) โดยจะทำการตรวจสอบความถูกต้องของการทดลองด้วยข้อมูลทดสอบที่เก็บจากสนาม

1.2 วัตถุประสงค์

เพื่อแยกข้าวพันธุ์ กข41 (RD41) ที่เป็นโรคขอบใบแห้งออกจากที่ไม่เป็นโรคด้วยการสำรวจระยะไกลแบบไฮเปอร์สเปกตรัลโดยอาศัยการคัดเลือกช่วงคลื่นที่เหมาะสม

1.3 ขอบเขตโครงการวิจัย

1.3.1 ขอบเขตการศึกษา

ในการศึกษาวิจัยนี้จะทำการแยกข้าวที่เป็นโรคขอบใบแห้งพันธุ์ กข 41 (RD41) ออกจากข้าวที่ไม่เป็นโรคในแปลงพื้นที่ศึกษาโดยใช้ภาพถ่ายดาวเทียมไฮเปอร์สเปกตรัล EO1-Hyperion โดยมีรายละเอียดของขอบเขตดังนี้

ในงานวิจัยนี้ใช้ข้อมูลภาพถ่ายดาวเทียมไฮเปอร์สเปกตรัล EO-1 Hyperion ในการแยกบริเวณที่เป็นโรคขอบใบแห้งบริเวณแปลงพื้นที่ศึกษาด้วยวิธีการจำแนกแบบ Spectral Angle Mapper โดยก่อนการแยกจะผ่าน กระบวนการเลือกลักษณะเด่น (Feature Selection) เพื่อหาช่วงคลื่นที่เหมาะสมด้วยวิธีการคัดเลือกแบบขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรม (Genetic Algorithm) โดยจะทำการตรวจสอบความถูกต้องของการทดลองด้วยข้อมูลทดสอบที่เก็บจากสนาม (Independent testing data)

เนื่องด้วยภาพถ่ายดาวเทียมไฮเปอร์สเปกตรัลที่นำมาใช้ในการศึกษาครั้งนี้ถูกบันทึกในวันที่ 13 กรกฎาคม 2557 เป็นภาพถ่ายของแปลงพื้นที่ศึกษาในช่วงเวลาที่พบการเป็นโรคในระยะออกรวง

โดยข้าวที่ใช้ในการศึกษาครั้งนี้มีอายุ 45 วัน ซึ่งแสดงลักษณะอาการของการเป็นโรคในช่วงระยะของการออกรวงซึ่งเป็นระยะสำคัญที่ทำให้เกิดการแพร่กระจายของโรค จึงมีความเหมาะสมที่จะนำมาใช้เป็นตัวแทนในการศึกษา โดยจำนวนจุดภาพ (pixel) ที่นำมาทำการศึกษามีขนาดเท่ากับ 25 จุดภาพ ซึ่งน่าจะเป็นตัวแทนที่ดีในการทำงานวิจัย เพราะเมื่อทำการเทียบเป็นพื้นที่ศึกษาจริงจะมีขนาด 14 ไร่ อย่างไรก็ตามอาจจะต้องมีการทำการเก็บข้อมูลเพิ่มเติมในหลายๆระยะเวลาของการปลูกข้าว เนื่องจากคุณสมบัติของโรคที่เกิดจากการเก็บข้อมูลในช่วงเวลาต่างๆกัน อาจแสดงอาการของโรคที่แตกต่างกันไป

1.4 ประโยชน์ที่คาดว่าจะได้รับ

1.4.1 สามารถทำการแยกข้าวที่เป็นโรคขอบใบแห้งพันธุ์ กข41 (RD41) ออกจากข้าวที่ไม่เป็นโรคได้ด้วยวิธีการแบบกึ่งอัตโนมัติ ด้วยวิธีการขั้นตอนเชิงพันธุกรรม

1.4.2 เกษตรกรหรือหน่วยงานที่เกี่ยวข้องจะสามารถนำวิธีการศึกษาในครั้งนี้ไปเป็นแนวทางในการบริหารจัดการการแพร่กระจายของโรคขอบใบแห้งได้ต่อไป

บทที่ 2

ทฤษฎีที่เกี่ยวข้อง

2.1 คุณลักษณะของข้อมูลภาพถ่ายดาวเทียมที่ใช้ในการศึกษา

2.1.1 ภาพถ่ายดาวเทียมระบบ Hyperion

ภาพถ่ายดาวเทียมระบบ Hyperion เป็นข้อมูลภาพไฮเปอร์สเปกตรัลที่ถูกบันทึกด้วยกล้องถ่ายภาพระบบ Hyperion ที่ติดตั้งอยู่บนดาวเทียม EO-1 ของประเทศสหรัฐอเมริกา ข้อมูลภาพที่ได้จะถูกจัดเก็บเป็นช่วงคลื่นแคบๆ ต่อเนื่องกัน (Narrow Bands) ทำการบันทึกข้อมูลที่มีความกว้างช่วงคลื่น 10 nm ใน 1 ช่วงคลื่น ต่อเนื่องกันไปตั้งแต่ 355 -2577 นาโนเมตร ครอบคลุมข้อมูลในช่วงคลื่นที่ตามองเห็น (visible), อินฟราเรดใกล้ และอินฟราเรดคลื่นสั้น จำนวนทั้งหมด 242 ช่วงคลื่น (ใช้งานได้เพียง 198 ช่วงคลื่น จากทั้งหมด 242 ช่วงคลื่น) (Datt et al. 2003) ดังรายละเอียดในตารางที่ 2.2 และมีการโคจรกลับมาถ่ายซ้ำที่เดิม (Revisit) ทุกๆ 16 วัน ดังแสดงรายละเอียดในตารางที่ 2.1

ตารางที่ 2.1 ลักษณะบางประการของภาพถ่ายดาวเทียมระบบ Hyperion
ที่มา: (USGS 2010)

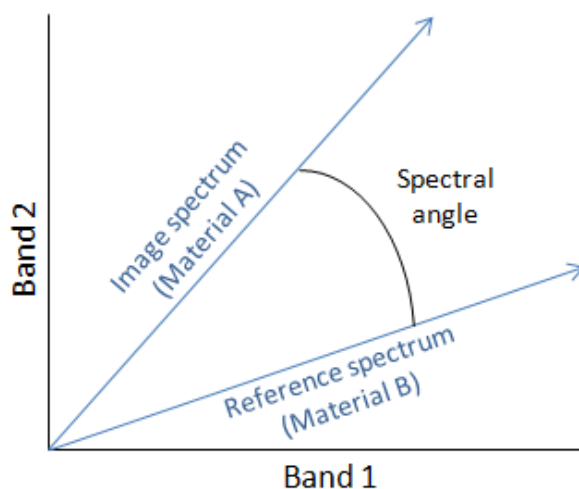
Spectral bands	242 bands (355-2577 nm.)
Bandwidth	10 nm.
Repeat cycle	16 days
Pixel size	30 m.
Land Area per Image	7.7 × 42 หรือ 7.7 × 185 ตารางกิโลเมตร

ตารางที่ 2.2 แสดงรายละเอียดช่วงคลื่นของภาพถ่ายดาวเทียมระบบ Hyperion
ที่มา: (USGS 2010)

	Band No.	ความยาวคลื่น (nm.)	สถานะ
Visible - NIR	1-7	355-416	ไม่มีสัญญาณ
	8-57	426 - 925	มีสัญญาณ
	58 - 76	935 - 1057 851 - 902	ไม่มีสัญญาณ , Overlap กับ VNIR 50-55
Shortwave Infrared	77 - 224	912 - 2395	มีสัญญาณ
	225 - 242	2405 - 2577	ไม่มีสัญญาณ

2.2 Spectral Angle Mapper

เป็นวิธีการหนึ่งที่ยิมนำมาใช้ในงานด้านการจำแนกของการสำรวจระยะไกลด้วยไฮเปอร์สเปกตรัล โดยมีหลักการทำงานคือ ทำการเปรียบเทียบสเปกตรัมของจุดภาพที่ไม่ทราบชนิดกับสเปกตรัมอ้างอิง โดยค่าการสะท้อนสเปกตรัมของแต่ละจุดภาพสามารถเขียนอยู่ในรูปของเวกเตอร์จำนวน n มิติโดยที่ n คือ จำนวนช่วงคลื่นที่นำมาใช้ในการจำแนก โดยค่าการสะท้อนในแต่ละช่วงคลื่นคือขนาดในองค์ประกอบในแกนนั้นๆ (ดัดแปลงจาก: (Koedsin and Vaiphasa 2013))



รูปที่ 2.1 แสดงตัวอย่างของเวกเตอร์ \bar{A} และ \bar{B} เมื่อพิจารณาช่วงคลื่น 2 ช่วงคลื่น (Band 1 , Band 2)

พิจารณารูปที่ 2.1 ซึ่ง \bar{A} คือเวกเตอร์ของจุดภาพที่ไม่ทราบชนิดและ \bar{B} คือ เวกเตอร์แสดงค่าการสะท้อนเฉลี่ยของจุดภาพอ้างอิง ในขณะที่ Band 1 และ Band 2 คือ ช่วงคลื่นที่นำมาใช้ในการจำแนก ส่วนมุม spectral angle (θ) คือ มุมระหว่างเวกเตอร์ \bar{A} และ \bar{B} หากใช้คุณสมบัติการคูณเวกเตอร์ (vector dot product) จะได้ดังรูปที่ 2.2

$$\bar{A} \cdot \bar{B} = |\bar{A}| \cdot |\bar{B}| \cos \theta$$

$$\cos \theta = \frac{\bar{A} \cdot \bar{B}}{|\bar{A}| |\bar{B}|}$$

$$\theta = \cos^{-1} \left(\frac{\bar{A} \cdot \bar{B}}{|\bar{A}| |\bar{B}|} \right)$$

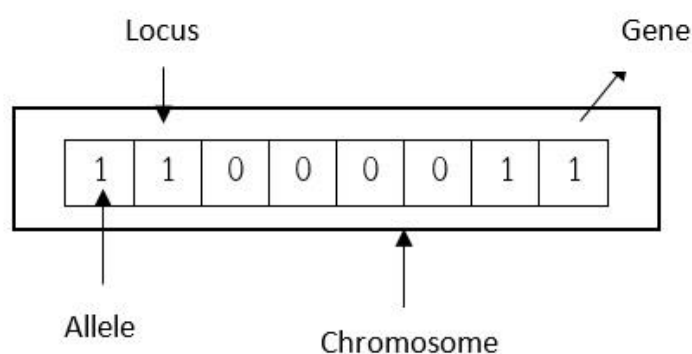
รูปที่ 2.2 แสดงการหาค่ามุม spectral angle (θ) ระหว่างเวกเตอร์ \bar{A} และ \bar{B}

โดยในการจำแนกจะทำการเปรียบเทียบค่ามุมของสเปกตรัม (θ) ที่ได้จากการหาค่ามุมในรูปที่ 2.2 ของเวกเตอร์จุดภาพไม่ทราบชนิดเทียบกับแต่ละเวกเตอร์อ้างอิง ค่ามุมของสเปกตรัมที่เทียบกับเวกเตอร์อ้างอิงใดที่มีค่าน้อยที่สุดของจุดภาพดังกล่าวจะเป็นสมาชิกของกลุ่มชนิดเวกเตอร์อ้างอิงนั้น

2.3 ขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรม (Genetic Algorithm)

ขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมหรือเจเนติกอัลกอริทึม (Genetic Algorithm) เป็นวิธีการค้นหาและสืบค้นเพื่อหาจุดที่เหมาะสมที่สุด (Optimal Solutions) ในการแก้ปัญหา โดยพัฒนามาจากการจำลองวิธึกระบวนการทางพันธุกรรมของ (Holland 1975) หลักการสำหรับวิธีการนี้มีรากฐานแนวคิดมาจากทฤษฎีการวิวัฒนาการของ ชาร์ล ดาร์วิน โดยอ้างอิงแนวคิดเรื่องการอยู่รอดของผู้ที่แข็งแรงที่สุด (survival of the fittest) กล่าวคือ สิ่งมีชีวิตทั้งหลายที่มีการถ่ายทอดลักษณะทางพันธุกรรมมีทั้งส่วนที่ดีและไม่ดี ซึ่งลักษณะที่เหมาะสมต่อการดำรงชีวิตจะได้รับการสนับสนุนและมีการถ่ายทอดจากบรรพบุรุษสู่รุ่นลูกหลาน โดยวิธีการขั้นตอนนี้ข้อมูลจะถูกเข้ารหัสที่เรียกว่าโครโมโซมซึ่งใช้เป็นตัวแทนของการถ่ายทอดลักษณะทางพันธุกรรม จากนั้นจะมีการพิจารณาค่าความเหมาะสม (Fitness Value) ของโครโมโซมที่มีต่อปัญหา โดยใช้ฟังก์ชันวัตถุประสงค์ (Objective Function) หรือฟังก์ชันความเหมาะสม (Fitness Function) ที่สอดคล้องกับปัญหาในการพิจารณา ส่วนการสร้างโครโมโซมรุ่นต่อไปจะใช้ตัวดำเนินการทางพันธุกรรมมากระทำกับโครโมโซมเดิมเพื่อให้ได้โครโมโซมรุ่นใหม่ที่มีความเหมาะสมต่อปัญหามากขึ้นและจะเกิดการทำซ้ำจนโครโมโซมรุ่นใหม่ที่ได้มีความเหมาะสมต่อปัญหามากที่สุด

เนื่องจากขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมเป็นกระบวนการค้นหาที่อยู่บนกลไกของกระบวนการเลือกสรรโดยธรรมชาติ ดังนั้นจะมีคำศัพท์ทางชีววิทยาเข้ามาเกี่ยวข้อง โดยกระบวนการขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมจะเริ่มต้นด้วยการเข้ารหัส (Encoding) ด้วยตัวอักษร (Character) ซึ่งเทียบได้กับโครโมโซม โดยแต่ละโครโมโซมจะประกอบไปด้วยส่วนย่อยคือ ยีน (Genes) โดยยีนหนึ่งๆจะมีตำแหน่งอยู่บนโครโมโซมที่แน่นอน โดยที่ตำแหน่งของแต่ละยีนนั้นจะเรียกว่า โลคัส (Locus) และโดยทั่วไปแล้วยีนแต่ละตัวจะมีลักษณะหรือสถานะที่เป็นไปได้หลายค่า ซึ่งแต่ละค่าที่เป็นไปได้นี้เรียกว่า แอลลีล (Allele) ดังรูปที่ 2.3



รูปที่ 2.3 แสดงลักษณะของโครโมโซม

ขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมอย่างง่าย (Goldberg 1989) แสดงผังงาน (Flow Chart) ในรูปที่ 2.4 ซึ่งสามารถอธิบายเป็นขั้นตอนดังนี้

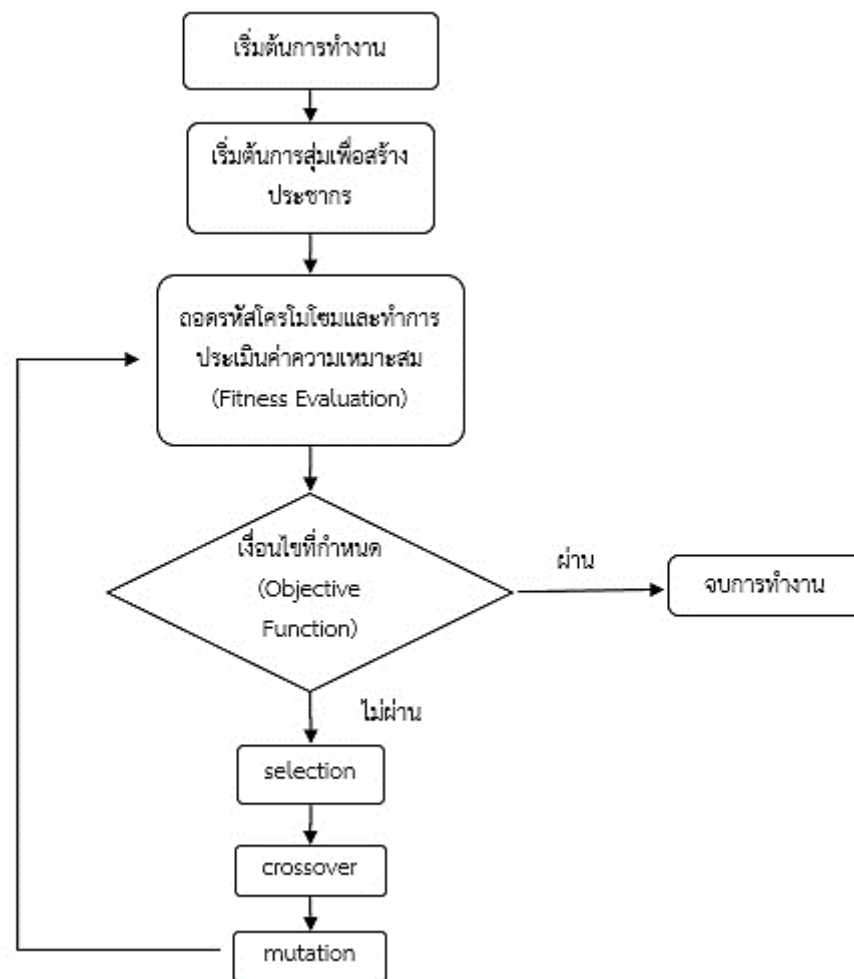
1. เริ่มจากการสร้างประชากรเริ่มต้น (Initial Population) ของทางเลือกที่เป็นไปได้ที่มีความสอดคล้องในแต่ละปัญหา โดยที่แต่ละชุดคำตอบจะถูกเข้ารหัสเหมือนกับโครโมโซมที่ประกอบไปด้วยยีน

2. ทำการถอดรหัสและคำนวณค่าความเหมาะสม (Fitness Value) ในแต่ละโครโมโซม เพื่อประเมินหาคำตอบที่เหมาะสมในแต่ละทางเลือก โดยค่าความเหมาะสมจะถูกประเมินด้วยฟังก์ชันวัตถุประสงค์ (Objective Function) ซึ่งจะแสดงถึงความน่าจะเป็นในการอยู่รอดและมีส่วนในการสร้างประชากรรุ่นต่อไป

3. พิจารณาค่าความเหมาะสมในแต่ละโครโมโซม เพื่อทำการคัดเลือกโครโมโซมบางกลุ่ม เพื่อนำมาใช้ในการสร้างประชากรรุ่นใหม่ด้วยวิธีการคัดเลือก (Selection)

4. นำประชากรที่ผ่านการคัดเลือกมากระทำด้วยตัวดำเนินการทางพันธุกรรม (Genetic Operators) อันได้แก่ การไขว้เปลี่ยน (Crossover) และการกลายพันธุ์ (Mutation)

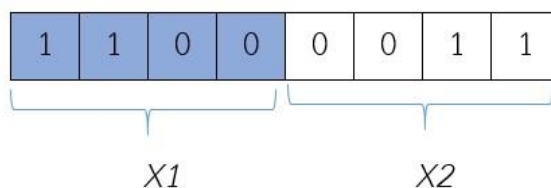
5. เริ่มต้นการทำซ้ำตามขั้นตอนที่ 2 ถึง 4 จนกระทั่งคำตอบที่ได้เข้าสู่คำตอบของปัญหาหรือครบตามจำนวนรอบของการทำซ้ำที่กำหนดไว้ โดยเรียกจำนวนรอบของการทำซ้ำตั้งแต่ขั้นตอนที่ 2 ถึง 4 ว่าหนึ่งรุ่นของการคำนวณ (Generations)



รูปที่ 2.4 ผังงานแสดงขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรม (Vaiphasa et al. 2007)

2.3.1 การเข้ารหัสโครโมโซม

ขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมจะทำการเข้ารหัสเพื่อใช้เป็นตัวแทนคำตอบของปัญหา โดยใช้ทั้งบิต (Bits) ตัวเลข (Numbers) และอาร์เรย์ (Arrays) ในการนำเสนอ แล้วอาศัยกระบวนการแทนค่าในแต่ละยีนเพื่อทำการเข้ารหัส ซึ่งการเข้ารหัสในแต่ละครั้งจะขึ้นอยู่กับความเหมาะสมและความสอดคล้องกับแต่ละปัญหาเป็นหลัก โดยในการเข้ารหัสของโครโมโซมเพื่อใช้แทนคำตอบของปัญหาแต่ละปัญหาจะประกอบไปด้วยเซตของยีน 0 หรือ 1 ส่วนขนาดหรือความยาวของโครโมโซมในแต่ละครั้งจะถูกกำหนดตามความต้องการของแต่ละปัญหา โดยตัวอย่างของโครโมโซมที่มีการเข้ารหัสแสดงดังรูปที่ 2.5 ซึ่งจากรูป สามารถถอดรหัสตัวแปรได้เป็น $X1 = 12$ และ $X2 = 3$ ตามลำดับ



รูปที่ 2.5 โครโมโซมความยาว 8 บิต ใช้แทนคำตอบที่ประกอบไปด้วยตัวแปร X_1 และ X_2

ในการนำเสนอขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมเพื่อใช้ในงานด้านการสำรวจระยะไกล โครโมโซมอาจจะประกอบไปด้วยชื่อซึ่งแสดงถึงช่วงคลื่นของการสะท้อน เพื่อใช้ในการคัดเลือกช่วงคลื่นที่เหมาะสมดังรูปที่ 2.6

B12	B45	B76	B100	B121	B157	B178	B201
-----	-----	-----	------	------	------	------	------

รูปที่ 2.6 ตัวอย่างโครโมโซมที่ถูกเข้ารหัสเป็นชื่อซึ่งแสดงถึงช่วงคลื่นจากภาพถ่ายดาวเทียม

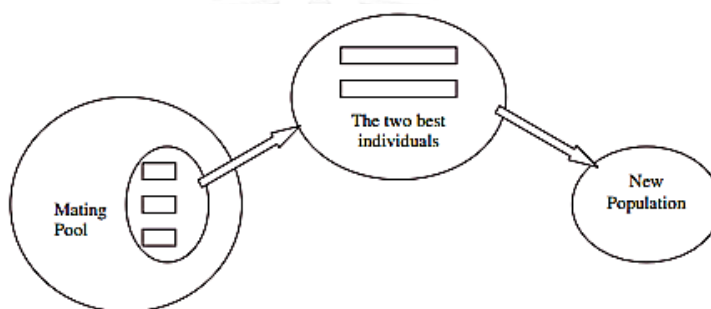
สำหรับการถอดรหัสโครโมโซมเพื่อทำการหาค่าความเหมาะสมนั้นสามารถทำได้โดยการนำค่าการสะท้อนพลังงานในแต่ละช่วงคลื่นของการสะท้อนในโครโมโซมมาทำการคำนวณด้วยฟังก์ชันความเหมาะสม

2.3.2 การประเมินความเหมาะสม (Fitness Evaluation)

เป็นการกำหนดเกณฑ์การประเมินความเหมาะสมของโครโมโซม โดยคำตอบที่ได้จากฟังก์ชันความเหมาะสมจะแสดงถึงความเหมาะสมของแต่ละชุดคำตอบว่ามีความสามารถเพียงใดในการเป็นตัวแทนสำหรับการแก้ไขปัญหา โดยฟังก์ชันวัตถุประสงค์จะต้องถูกสร้างขึ้นให้มีความเหมาะสมและสอดคล้องกับเงื่อนไขในแต่ละปัญหาเป็นหลัก เช่น ในงานวิจัยนี้จะใช้ค่าความถูกต้องโดยรวม (Overall Accuracy) เป็นค่าความเหมาะสม (Fitness Value) ในการคัดเลือกช่วงคลื่นที่เหมาะสมในการจำแนก ดังนั้นเมื่อเราทำการถอดรหัสโครโมโซมจากรูปที่ 2.6 โดยใช้ค่าการสะท้อนในแต่ละช่วงคลื่นของข้อมูลในการสอน (Training Data) มาเป็นข้อมูลในการจำแนก จากนั้นทำการคำนวณค่าความถูกต้องโดยรวมของการจำแนก หากรูปแบบการจำแนกของช่วงคลื่นในโครโมโซมนั้นมีค่าความถูกต้องโดยรวมมากก็จะถือว่ามีความเหมาะสมมากและในทางกลับกันหากความถูกต้องโดยรวมออกมามีค่าน้อยก็จะถือว่ามีความเหมาะสมน้อย และขั้นตอนวิธีการประเมินความเหมาะสมจะหยุดทำงานถ้าค่าความเหมาะสมดังกล่าวไม่มีการเปลี่ยนแปลงต่อเนื่องกัน ครบตามจำนวนที่กำหนดหรือมีการทำซ้ำจนครบจำนวนรุ่นที่ได้กำหนดไว้แล้ว

2.3.3 การคัดเลือก (Selection)

การคัดเลือก คือ กระบวนการคัดเลือกคู่ของโครโมโซมจากประชากรเพื่อทำการปรับปรุงพันธุ์ โดยเป็นขั้นตอนหลังจากการเข้ารหัสโครโมโซมเพื่อทำการคัดเลือกและกำหนดจำนวนโครโมโซมที่จะนำมาสร้างโครโมโซมรุ่นต่อไป (Offspring) โดยจุดประสงค์ของการคัดเลือก คือ คาดหวังว่าโครโมโซมที่มีความเหมาะสมหรือมีความน่าจะเป็นมากจะมีโอกาสสืบทอดไปยังรุ่นต่อไปได้ โดยโครโมโซมใดที่มีค่าความเหมาะสมหรือมีค่าความน่าจะเป็นมากก็จะมีโอกาสในการถูกเลือกหรือมีความเหมาะสมในการสืบทอดมากกว่าโครโมโซมที่มีค่าความเหมาะสมน้อย โดยเทคนิคที่นิยมใช้ได้แก่ Roulette Wheel Selection, Random Selection, Rank Selection, Tournament Selection, Boltzmann Selection และ Stochastic Universal Sampling (Melanie 1999, Sivanandam and Deepa 2008) ตัวอย่างขั้นตอนพื้นฐานของการคัดเลือกแสดงดังรูปที่ 2.7



รูปที่ 2.7 แสดงขั้นตอนพื้นฐานของการคัดเลือก (Selection)

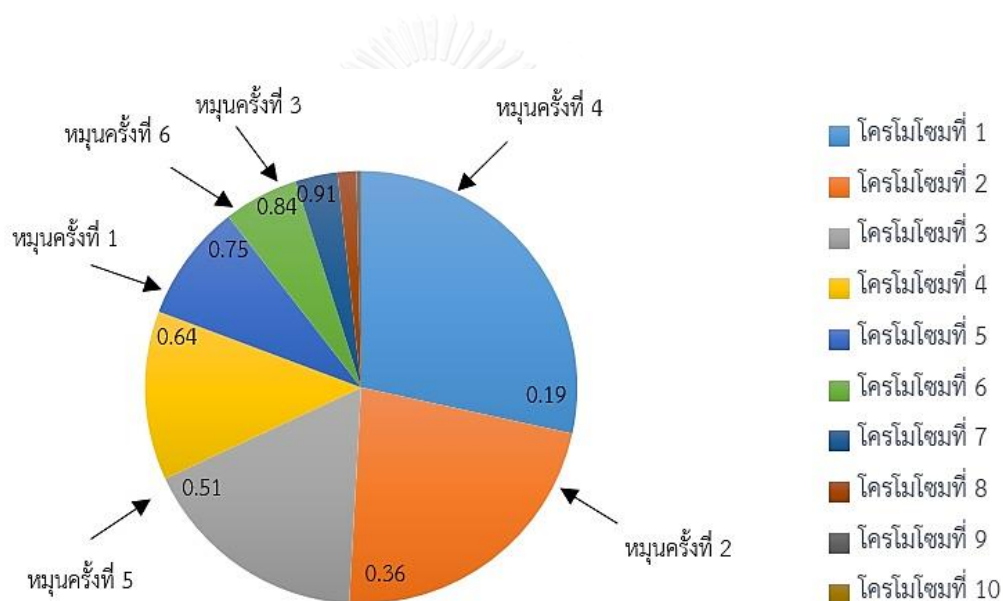
(Sivanandam and Deepa 2008)

ตัวอย่างเทคนิควิธีการคัดเลือกที่นิยมใช้กันโดยทั่วไปคือ การคัดเลือกชนิดวงล้อรูเล็ต (Roulette Wheel Selection) เทคนิคนี้มีลักษณะที่เปรียบได้กับวงล้อรูเล็ต โดยบนวงล้อจะถูกแบ่งออกเป็นช่องหรือพื้นที่ที่มีขนาดไม่เท่ากัน โดยพื้นที่ของช่องจะแบ่งตามสัดส่วนค่าความเหมาะสมของโครโมโซมแต่ละตัว ทำให้โครโมโซมที่มีค่าความเหมาะสมมากมีโอกาสที่จะถูกเลือกมากกว่า โดยยังไม่ทิ้งโอกาสที่จะถูกเลือกของโครโมโซมที่มีค่าความเหมาะสมน้อย ซึ่งโอกาสหรือค่าความน่าจะเป็นที่จะถูกเลือกของโครโมโซมแต่ละตัวหาได้จากอัตราส่วนของค่าความเหมาะสมของโครโมโซมแต่ละตัว เทียบกับผลรวมค่าความเหมาะสมของโครโมโซมทุกตัว อย่างไรก็ตามวิธีนี้จะมีความลำเอียง (Bias) ในการเลือกค่อนข้างมากเนื่องจากถ้าโครโมโซม (สมาชิกของกลุ่มประชากรตัวใด) มีค่าความเหมาะสมที่ดีกว่าก็จะมีโอกาสที่จะถูกเลือกซ้ำหลายครั้ง ตัวอย่างเช่น มีจำนวนโครโมโซม 10 ตัว แต่ละตัวมีค่าความเหมาะสมและค่าความน่าจะเป็นที่จะถูกเลือกดังตารางที่ 2.3

ตารางที่ 2.3 แสดงค่าความเหมาะสมและความน่าจะเป็นในการถูกเลือกของโครโมโซม

จำนวนโครโมโซม	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10
ค่าความเหมาะสม	1.9	1.7	1.5	1.3	1.1	0.9	0.7	0.5	0.3	0.1
ความน่าจะเป็นที่จะถูกเลือก	0.19	0.17	0.15	0.13	0.11	0.09	0.07	0.05	0.03	0.01

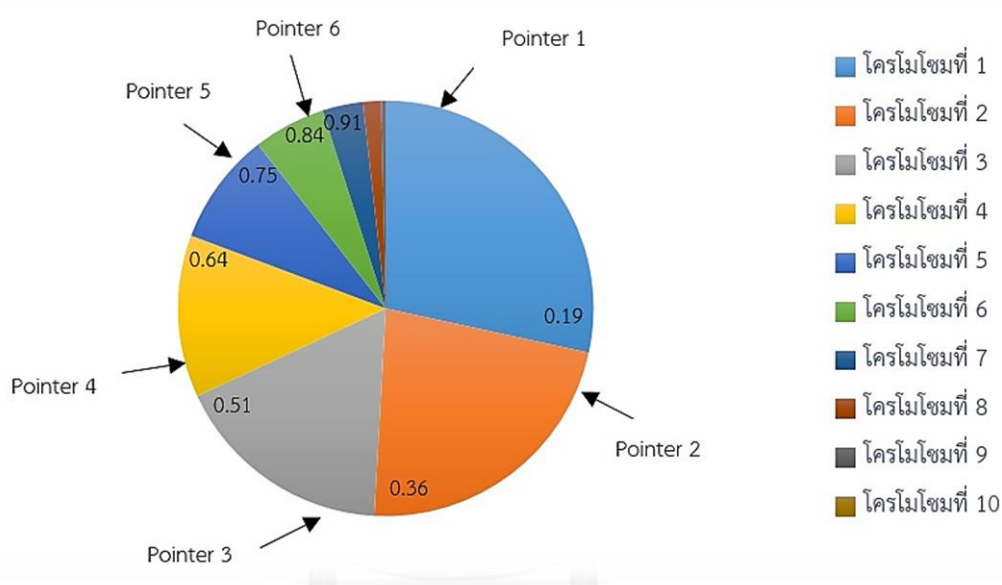
จากนั้นทำการสุ่มจุดเริ่มต้นของการหมุน เช่น เริ่มหมุนจากโครโมโซมตัวที่ 1 ทำการสุ่มค่าจาก 0 ถึง 1 เทียบกับจำนวนที่ต้องการ เช่น ต้องการหมุน 6 ครั้ง ก็จะได้ค่ามา 6 ค่าเช่น 0.70, 0.21, 0.85, 0.02, 0.49, 0.77 ก็จะได้โครโมโซมที่ถูกเลือกคือ โครโมโซมตัวที่ 5, 2, 6, 1, 3, 6 ดังรูปที่ 2.8



รูปที่ 2.8 แสดงการคัดเลือกโดยใช้วงล้อรูเล็ต
ดัดแปลงจาก: (Koedsin and Vaiphasa 2013)

การคัดเลือกอีกวิธีการที่ได้รับความนิยมและถูกเลือกใช้ในงานวิจัยนี้คือ Stochastic Universal Sampling ซึ่งเป็นวิธีการที่ไม่มีความลำเอียง (Bias) และมีการกระจายต่ำ (minimum spread) (Mitchell 1998, Zalzala and Fleming 1997) โดยเริ่มต้นวิธีการคัดเลือกจะคล้ายกับวิธีการวงล้อรูเล็ต ทำการกำหนดวิธีการคำนวณค่าความน่าจะเป็นในการถูกเลือกของแต่ละโครโมโซม โดยเริ่มจากค่าความน่าจะเป็นของทุกโครโมโซมรวมกันจะเท่ากับ 1 ซึ่งสามารถสร้างเป็นรูปวงล้อเหมือนรูปที่ 2.8 แตกต่างกันที่วิธีการแบบ Stochastic Universal Sampling หลังจากกำหนดจุดชี้ตำแหน่ง (Pointer) โดยการสุ่มในครั้งแรกแล้ว จะทำการเลือกสมาชิกของกลุ่มประชากรที่มีตัวชี้

ตำแหน่งที่อยู่เป็นตัวแรก ต่อจากนั้นจะทำการเลื่อนตำแหน่งของตัวชี้จากจุดเดิมทีละขั้น โดยที่แต่ละขั้นนั้นจะมีระยะห่างเท่ากับ $1/n$ Pointer โดยที่ n Pointer คือจำนวนตัวชี้หรือจำนวนโครโมโซมที่ต้องการ ตัวอย่างเช่น ต้องการคัดเลือกโครโมโซมจำนวน 6 โครโมโซม ดังนั้นระยะห่างระหว่างขั้นของตัวชี้จะมีค่าเท่ากับ $1/6$ ซึ่งมีค่าประมาณ 0.167 จากนั้นจะมีการสุ่มตำแหน่งของตัวชี้แรกโดยมีค่าอยู่ระหว่าง $[0, 0.167]$ เช่นในที่นี้กำหนดให้ตำแหน่งของตัวชี้แรกมีค่า 0.05 ดังนั้นจะได้ตำแหน่งตัวชี้ทั้ง 6 ตำแหน่ง คือ 0.05, 0.21, 0.38, 0.55, 0.71 และ 0.87 ตามลำดับ โดยมีโครโมโซมที่ถูกเลือกคือ โครโมโซมที่ 1, 2, 3, 4, 5, 6 ตามลำดับดังรูปที่ 2.9

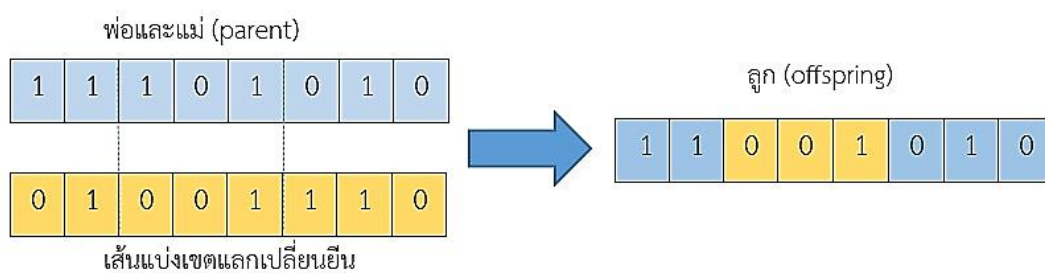


รูปที่ 2.9 แสดงการคัดเลือกโดยใช้ Stochastic Universal Sampling
ดัดแปลงจาก: (Koedsin and Vaiphasa 2013)

2.3.4 การไขว้เปลี่ยน (Crossover)

เป็นการนำเอาโครโมโซมของประชากรที่ได้มาจับคู่และผสมยีนระหว่างกันให้ได้โครโมโซมใหม่เพื่อหาลักษณะทางพันธุกรรมใหม่ที่มีความเหมาะสมมากกว่า ซึ่งขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมนำหลักการนี้มาใช้ในการสร้างคำตอบใหม่ที่ต้องการ โดยนำโครโมโซมพ่อพันธุ์และแม่พันธุ์มาทำการสุ่มเลือกตำแหน่งจุดบนโครโมโซมเพื่อทำการกำหนดจุดที่เกิดการไขว้เปลี่ยน โดยทั้งก่อนและหลังตำแหน่งจุดที่เกิดการไขว้เปลี่ยนจะมีการคัดลอกและแลกเปลี่ยนค่าของทั้ง 2 โครโมโซมจนกลายเป็นโครโมโซมใหม่ และใช้กระบวนการเดียวกันนี้กับโครโมโซมที่เหลือจนได้จำนวนโครโมโซมครบตามจำนวนประชากรเดิม โดยทั่วไปการไขว้เปลี่ยนจะไม่จำเป็นที่จะเกิดกับทุกคู่โครโมโซม ทั้งนี้ขึ้นอยู่กับค่าความเป็นไปได้หรือเปอร์เซ็นต์ในการเกิดการไขว้เปลี่ยน (Crossover Probability) ซึ่ง

ส่วนใหญ่จะนิยมใช้ค่าอยู่ระหว่าง 70 – 90 เปอร์เซ็นต์ โดยหากไม่มีการไขว้เปลี่ยนเกิดขึ้นจะมีผลทำให้โครโมโซมใหม่ที่ได้มีลักษณะเหมือนกับโครโมโซมพ่อแม่ทุกประการ ในส่วนของวิธีการไขว้เปลี่ยนมีหลากหลายวิธีการแต่ในงานวิจัยนี้ได้เลือกวิธีการไขว้เปลี่ยนแบบกระจาย (Scattered) โดยขั้นแรกจะมีการกำหนดค่าสุ่มประจำบิตเป็นระบบเลขฐานสอง (0 กับ 1) จำนวนเท่ากับขนาดของโครโมโซม โดยที่โครโมโซมใหม่ที่ได้จะเป็นการนำค่ามาจากค่าสุ่มประจำบิตของโครโมโซมรุ่นพ่อแม่ โดยหากค่าสุ่มประจำบิตมีค่าออกมาเป็น 1 จะนำค่ามาจากโครโมโซมพ่อ และหากค่าสุ่มประจำบิตมีค่าเป็น 0 จะนำค่ามาจากโครโมโซมแม่ ซึ่งตัวอย่างของการไขว้เปลี่ยนแสดงดังรูปที่ 2.10



(ก)

1	1	0	0	1	0	1	0
---	---	---	---	---	---	---	---

เวกเตอร์จากการสุ่ม

B12	B45	B76	B100	B121	B157	B178	B201
-----	-----	-----	------	------	------	------	------

โครโมโซมพ่อ

B22	B33	B72	B98	B102	B148	B167	B198
-----	-----	-----	-----	------	------	------	------

โครโมโซมแม่

B22	B45	B72	B98	B121	B148	B178	B198
-----	-----	-----	-----	------	------	------	------

โครโมโซมลูก

(ข)

รูปที่ 2.10 แสดงการไขว้เปลี่ยนแบบธรรมดาและแบบกระจาย เมื่อ (ก) แสดงการไขว้เปลี่ยนแบบธรรมดา (ข) แสดงการไขว้เปลี่ยนแบบกระจาย

2.3.5 การกลายพันธุ์ (Mutation)

เป็นกระบวนการหนึ่งซึ่งช่วยเสริมความสมบูรณ์ของการสืบพันธุ์ เนื่องจากถึงแม้ว่ากระบวนการสืบพันธุ์จะสามารถสร้างโครโมโซมใหม่ขึ้นมาได้ แต่กระบวนการดังกล่าวอาศัยข้อมูลจากโครโมโซมเดิมที่มีอยู่แล้ว และอาจไม่สามารถค้นพบโครโมโซมอื่นภายนอกข้อมูลในกลุ่มประชากรของโครโมโซมเดิมได้ การกลายพันธุ์เป็นกระบวนการหนึ่งซึ่งช่วยให้สามารถค้นพบคำตอบที่อาจไม่มีข้อมูลอยู่ในกลุ่มประชากรของโครโมโซมเดิมได้ด้วยการสุ่มเปลี่ยนยีนในโครโมโซม โดยโอกาสของการกลายพันธุ์จะถูกกำหนดโดยความน่าจะเป็นในการกลายพันธุ์ (Mutation Probability) ซึ่งค่าความน่าจะเป็นส่วนใหญ่จะอยู่ที่ 0 – 0.1 คือ 0 ถึง 10 เปอร์เซ็นต์ที่จะเกิดการกลายพันธุ์ ถึงแม้จะมีโอกาสในการเกิดน้อยเมื่อเทียบกับการไขว้เปลี่ยนแต่ก็เป็นอีกตัวดำเนินการหนึ่งซึ่งอาจสร้างโครโมโซมที่มีความเหมาะสมมากกว่าประชากรรุ่นพ่อแม่ได้

B12	B45	B76	B100	B121	B157	B178	B201
B12	B33	B76	B100	B121	B157	B178	B201

รูปที่ 2.11 แสดงการกลายพันธุ์

2.4 การตรวจสอบผลการจำแนก (Classification Accuracy Assessment)

ในงานวิจัยนี้ใช้การตรวจสอบผลจากการแยกข่าวที่เป็นโรคและไม่เป็นโรคด้วยวิธี T-Test แบบ dependent ในการทดสอบ เพื่อทดสอบความแตกต่างระหว่างค่าเฉลี่ยของกลุ่มตัวอย่างที่มีความสัมพันธ์กัน (Paired T-Test) โดยมีสมมติฐานว่าง (Null Hypothesis) $H_0 : \mu_1 = \mu_2$ และมีสมมติฐานทางเลือก (Alternative Hypothesis) $H_1 : \mu_1 \neq \mu_2$

2.4.1 ค่าความถูกต้องโดยรวม (Overall Accuracy)

เป็นค่าที่แสดงถึงความถูกต้องโดยรวมของการจำแนก โดยสามารถคำนวณได้จากผลรวมของจำนวนจุดภาพที่สามารถจำแนกได้ถูกต้องหารด้วยจำนวนจุดภาพทั้งหมดที่นำมาใช้ในการจำแนก ดังสมการ

$$\text{Overall Accuracy} = \sum_{i=1}^k n_{ii} \times 100$$

โดย n_{ii} คือจำนวนจุดภาพที่สามารถจำแนกได้ถูกต้อง

(ค่าของจำนวนจุดภาพในแนว diagonal matrix)

n คือ จำนวนจุดภาพทั้งหมดที่ใช้ในการจำแนก

บทที่ 3 งานวิจัยที่เกี่ยวข้อง

3.1 งานวิจัยที่เกี่ยวข้องทางการจำแนกพืชด้วยข้อมูลแบบหลายช่วงคลื่นกับข้อมูลไฮเปอร์สเปกตรัล

3.1.1 (Apan et al. 2004) ได้ทำการศึกษาหาความสัมพันธ์ระหว่างค่าดัชนีพืชพรรณผลต่างๆจากภาพถ่ายดาวเทียมระบบ Hyperion เพื่อทำการจำแนกบริเวณที่เป็นโรค Orange rust ในพืชไร่ประเภทอ้อย ออกจากบริเวณที่ไม่เป็นโรค โดยอาศัยค่าช่วงคลื่นใน band ที่มีความสัมพันธ์กับค่าดัชนีพืชพรรณต่างๆ เช่น leaf pigments, leaf internal structure, and leaf water content ซึ่งผลปรากฏว่าภาพถ่ายดาวเทียมระบบ Hyperion สามารถทำการจำแนกอ้อยที่เป็นโรค orange rust ออกจากบริเวณที่ไม่เป็นโรคได้ โดยค่าดัชนีพืชพรรณที่สามารถทำการแยกอ้อยที่เป็นโรคออกจากไม่เป็นโรคได้ดีที่สุดคือ moisture-sensitive bands in the SWIR region ให้ค่าความถูกต้อง 96.9 %

3.1.2 (Galvão et al. 2005) ได้ทำการศึกษาการจำแนกชนิดของพืชไร่ประเภทอ้อยโดยใช้ค่าการสะท้อนของพื้นผิวด้วยวิธีการเทคนิค MODTRAN4-based technique ส่วนในบริเวณที่มีความใกล้เคียงกันของค่าการสะท้อนของพื้นผิวจะใช้วิธีการแยกด้วยเทคนิค multiple discriminant analysis (MDA) แล้วทำการประมวลผลหาช่วงคลื่นของการสะท้อนของพื้นผิวที่ดีที่สุดที่เป็นตัวแทนของอ้อยชนิดนั้นๆ โดยผลการศึกษาที่ได้แสดงให้เห็นถึงปัจจัยที่มีผลต่อความไวของค่าการสะท้อนคือ ค่า chlorophyll content, leaf water, and lignin-cellulose โดยวิธีการแยกด้วยเทคนิค MDA ให้ค่าความถูกต้องประมาณ 87.5 %

3.1.3 (Hirano et al. 2003) ทำการศึกษาการแยกพันธุ์ไม้ป่าชายเลน โดยใช้ Airborne visible/Infrared Imaging Spectrometer (AVIRIS) ซึ่งมีจำนวน 224 ช่วงคลื่นมีความกว้างของแต่ละช่วงคลื่น 0.01 ไมโครเมตร และมีความละเอียดเชิงพื้นที่เท่ากับ 20 เมตร โดยป่าชายเลนประกอบด้วย Black, Red และ White Mangrove และป่าไม้ที่อยู่บริเวณเกาะ (Tree Island) อื่นๆ โดยข้อมูลพันธุ์ไม้ที่ใช้ในการนำมาจำแนกใช้ ฐานข้อมูล GIS ของ Center for Remote Sensing and Mapping Science (CRMS) ซึ่งเป็นแผนที่อัตราส่วน 1:40,000 โดยใช้เทคนิค Minimum Noise Fraction เพื่อทำการลดจำนวนช่วงคลื่นที่นำมาทำการจำแนก และใช้เทคนิค Spectral Angle

Mapper ในโปรแกรม ENVI 4.7 ในการจำแนก ซึ่งให้ผลการจำแนกตั้งแต่ 40–100 % ขึ้นอยู่กับชนิดพันธุ์ไม้

3.1.4 (Vaiphasa et al. 2007) ทำการศึกษาการใช้ขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรม (Genetic Algorithm) มาใช้ในการเลือกช่วงคลื่น (Bands Selection) ในกรณีที่มีมิติของข้อมูลสูงซึ่งในงานวิจัยคือมีจำนวนช่วงคลื่น 2151 ช่วงคลื่น โดยขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมจะทำการเลือกช่วงคลื่นที่เหมาะสมในการทำการจำแนกพันธุ์ไม้ป่าชายเลนจำนวน 16 พันธุ์ไม้ ผลจากการวิจัยขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมสามารถเลือกช่วงคลื่นที่เหมาะสมในการจำแนกป่าชายเลนระดับพันธุ์ไม้ได้ดี อยู่ในช่วงคลื่น 513, 717, 1263, 1385, 1489 และ 1669 นาโนเมตร นอกจากนี้ช่วงคลื่นดังกล่าวยังมีความสัมพันธ์กับคุณสมบัติของสรีรวิทยา-เคมี (Physio-Chemical) ของพืช

3.1.5 (Rao 2010) ทำการศึกษาการแยกชนิดของพันธุ์พืชในบริเวณ Andhra Pradesh state ในประเทศอินเดีย โดยทำการจำแนกเป็นพืชพันธุ์ 3 ชนิด คือ ข้าว พริก และข้าวโพดในขั้นต้นทำการปรับปรุงภาพดาวเทียมไฮเปอร์สเปกตรัลด้วยฟังก์ชัน Fast Fourier Transform technique ในโปรแกรม ERDAS IMAGINE 8.6 และแก้ไขความคลาดเคลื่อนเนื่องจาก Atmospheric error ด้วย FLAASH atmospheric correction software module แล้วใช้ค่าดัชนีพืชพรรณผลต่างแบบบอร์มอลโลซ์กำหนดค่า Threshold value เป็น 0.23 ในโปรแกรม ENVI 4.1 เพื่อทำการจำแนกบริเวณที่เป็นพืชและไม่ใช่พืชออกจากกัน สุดท้ายทำการจำแนกชนิดพืชพันธุ์ด้วยฟังก์ชัน SAM (Spectral Angle Mapper) ให้ค่าความถูกต้องประมาณ 89 %

3.1.6 (Koedsin and Vaiphasa 2013) ได้ทำการศึกษาการจำแนกพันธุ์ไม้ในป่าชายเลนระดับสายพันธุ์ด้วยขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรม (Genetic Algorithm) โดยใช้เทคนิคการสำรวจระยะไกลแบบไฮเปอร์สเปกตรัลจากภาพถ่ายดาวเทียมระบบ Hyperion บนดาวเทียม EO-1 ทำการจำแนกพันธุ์ไม้ป่าชายเลนด้วยข้อมูลไฮเปอร์สเปกตรัลที่ได้จากดาวเทียมนั้น แล้วทำการเปรียบเทียบผลการจำแนกด้วยวิธีการคัดเลือกช่วงคลื่น (Bands Selection) ด้วยขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมและวิธี Sequential Forward Selection โดยผลลัพธ์ที่ได้พบว่า ค่าความถูกต้องโดยรวมของข้อมูลทดสอบที่ได้จากการจำแนกมีค่า 86%, 87% และ 92% เมื่อไม่มีการคัดเลือกช่วงคลื่น, มีการคัดเลือกช่วงคลื่นด้วยวิธีการ SFS และมีการคัดเลือกช่วงคลื่นด้วยขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมตามลำดับ รวมไปถึงเมื่อพิจารณาค่าความถูกต้องของผู้ปฏิบัติงาน (User's Accuracy) และค่าความถูกต้องของผู้ผลิต (Producer's Accuracy) ต่างก็มีค่าเพิ่มสูงขึ้นเมื่อเลือกใช้วิธีการจำแนกด้วยวิธีขั้นตอนเชิงพันธุกรรม

โดยเมื่อทำการทดสอบผลการจำแนกด้วยวิธี Paired T-test พบว่าการจำแนกด้วยวิธีการคัดเลือกช่วงคลื่นด้วยขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมให้ผลที่สอดคล้องกับสมมติฐานหลักที่ระดับความเชื่อมั่น 99 % ซึ่งเป็นการยืนยันว่าผลการจำแนกที่ได้จากการคัดเลือกช่วงคลื่นด้วยขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมให้ผลการทดลองที่มีความถูกต้องในการจำแนกมากกว่าการจำแนกด้วยวิธีการคัดเลือกช่วงคลื่นแบบ SFS

3.2 งานวิจัยที่เกี่ยวข้องทางด้านการหาโรคข้าวด้วยเทคโนโลยีสำรวจระยะไกล

3.2.1 (Kobayashi et al. 2001) ทำการศึกษาหาโรคไหม้ในเมล็ดของข้าว ในบริเวณประเทศญี่ปุ่น ด้วยการใช้ภาพถ่ายทางอากาศและดาวเทียมแบบ Multispectral ร่วมกับการใช้ Multispectral radiometer ในแปลงทดสอบเพื่อหาความสัมพันธ์ของดัชนีพืชพรรณและช่วงคลื่นที่เหมาะสมในการจำแนกข้าวที่เป็นโรคไหม้ในเมล็ดกับข้าวที่ไม่เป็นโรค โดยผลการวิจัยพบว่า ช่วงคลื่นที่แสดงถึงบริเวณที่เป็นโรคในข้าวคือช่วงคลื่น visible 485 nm และ 675 nm ช่วงคลื่นใกล้ 1430 nm และช่วงคลื่น 1910 – 1935 nm

3.2.2 (Qin and Zhang 2005) ทำการศึกษาหาโรคกาบใบแห้งในข้าว โดยการใช้การตรวจสอบค่าการสะท้อนของค่าดัชนีพืชพรรณเทียบกับแปลงทดสอบตัวอย่างที่เป็นโรค ค้นพบว่าโรคข้าวมีความไวต่อการเปลี่ยนแปลงของโรคในช่วงคลื่น Visible รวมไปถึงสามารถทำการสร้างค่าดัชนีชี้ถึงการเป็นโรคในข้าว ในแปลงทดสอบ และทำการตรวจสอบค่าที่ได้ด้วยวิธีการทางสถิติด้วย T-test ซึ่งให้ค่าความเชื่อมั่น 95 %

3.2.3 (Yang 2009) ทำการศึกษาความรุนแรงของโรคขอบใบแห้งในข้าว โดยอาศัยการเปรียบเทียบค่าความรุนแรงของโรคในข้าวสองสายพันธุ์ (TCS10, TNG67) โดยอาศัยความแตกต่างของค่าการสะท้อนของช่วงคลื่นของภาพถ่ายไฮเปอร์สเปกตรัลเป็นข้อมูลในการเปรียบเทียบ ค้นพบว่าช่วงคลื่น 757 – 1039 nm เป็นช่วงของการสะท้อนที่ไวต่อการเปลี่ยนแปลงของโรคขอบใบแห้งในข้าวทั้งสองชนิดนี้

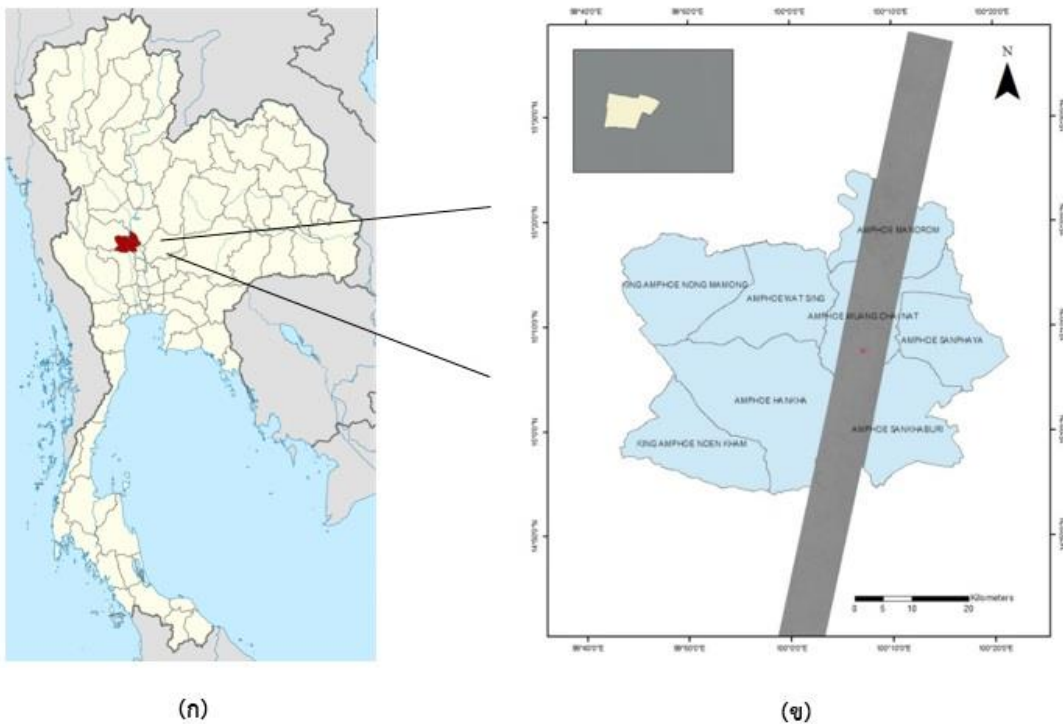
3.2.4 (Liu et al. 2010) ได้ใช้วิธี LVQ Neural Network ร่วมกับการใช้ Feature Transformation แบบ Principal Component Analysis ในภาพถ่ายไฮเปอร์สเปกตรัล เพื่อทำการตรวจหาโรคเชื้อราในข้าว (Glume Blight Disease , *Phoma sorghina*) ในบริเวณแปลงทดสอบ โดยผลของการวิจัยพบว่า ค่าความถูกต้องโดยรวมของวิธีการนี้กับข้อมูลดิบ (Raw Data), inverse logarithmic, ค่าอนุพันธ์ครั้งที่ 1 และครั้งที่ 2 มีค่า 91.6%, 86.4%, 95.5%, และ 100% ตามลำดับ

บทที่ 4 วิธีดำเนินงานวิจัย

4.1 การเตรียมข้อมูล

4.1.1 พื้นที่ศึกษา

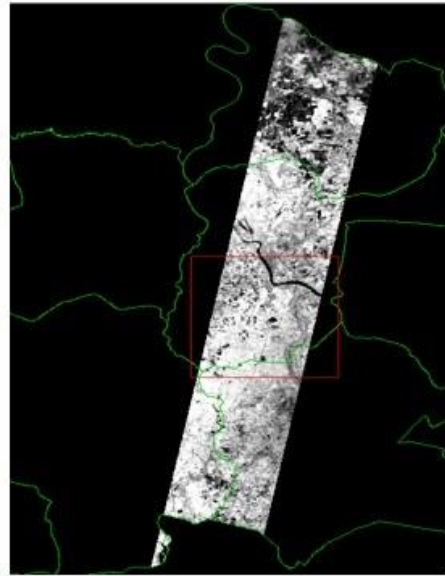
บริเวณพื้นที่ที่ทำการศึกษาเป็นนาข้าว ในตำบลแพรงศรีราชา อำเภอสรรคบุรี จังหวัดชัยนาท (ละติจูด $15^{\circ} 7'$ ถึง $15^{\circ} 8' N$, ลองจิจูด $100^{\circ} 7'$ ถึง $100^{\circ} 8' E$) มีลักษณะเป็นพื้นที่ราบและมีระบบชลประทานครอบคลุมทั้งพื้นที่เหมาะแก่การทำการเกษตรได้ตลอดทั้งปี เกษตรกรในพื้นที่ประกอบอาชีพทำนาเป็นส่วนใหญ่ทำให้เป็นแหล่งผลิตข้าวที่สำคัญแหล่งหนึ่งของจังหวัดชัยนาท แต่เนื่องจากการทำนาไม่พร้อมกันและมีการทำนาตลอดทั้งปีส่งผลให้เกิดเป็นแหล่งขยายพันธุ์ศัตรูพืชและโรคข้าวชนิดต่างๆมากมาย โดยบริเวณที่เป็นโรคขอบใบแห้ง มีขนาดประมาณ 14 ไร่ และพันธุ์ข้าวที่ปลูกในบริเวณพื้นที่ศึกษาเป็นข้าวพันธุ์ กข41 (RD41) ซึ่งเป็นพันธุ์ข้าวที่ได้รับความนิยมเพาะปลูกโดยทั่วไปของเกษตรกรภาคกลางในประเทศไทย



รูปที่ 4.1 แสดงบริเวณแปลงพื้นที่ศึกษา เมื่อ (ก) แสดงรูปบริเวณพื้นที่ศึกษา มาตรฐาน 1:250000 ของจังหวัดชัยนาท (ข) แสดงรูปบริเวณพื้นที่ศึกษาที่เป็นโรค มาตรฐาน 1:100000 พร้อมกับแนวของภาพถ่ายไฮเปอร์สเปกตรัลซึ่งครอบคลุมแปลงพื้นที่ศึกษา



(ค)



(ง)



(จ)

รูปที่ 4.2 แสดงบริเวณแปลงพื้นที่ศึกษา (ต่อ) เมื่อ (ค) แสดงรูปบริเวณพื้นที่ศึกษาที่เป็นโรค มาตรฐาน 1:50000 พร้อมทั้งแปลงพื้นที่ศึกษา (ง) แสดงรูปบริเวณพื้นที่ศึกษาที่เป็นโรคเมื่อแสดงด้วยช่วงคลื่น Near-Infrared (NIR) ในโปรแกรม ENVI 4.7 (จ) แสดงรูปแปลงพื้นที่ศึกษาที่เป็นโรคด้วย Google Earth

4.1.2 ชนิดของพันธุ์ข้าวที่นำมาศึกษา

ข้าวเจ้าพันธุ์ กข41 (RD41) เป็นข้าวเจ้าที่ได้จากการผสม 3 ทางระหว่าง ลูกผสมชั่วที่ 1 ของ CNT85059-27-1-3-2 และสุพรรณบุรี 60 นำไปผสมพันธุ์กับ RP217-635-8 ที่สถานีทดลองข้าวชัยนาทในฤดูนาปี 2539 ปลูกชั่วอายุที่ 1 ในฤดูนาปี 2540 และปลูกคัดเลือกชั่วอายุที่ 2 และ 3 จนได้เมล็ดชั่วอายุที่ 4 ที่สถานีทดลองข้าวชัยนาท จากนั้นนำไปปลูกชั่วอายุที่ 5 – 6 ที่ศูนย์วิจัยข้าวพิษณุโลก ตั้งแต่ฤดูนาปรัง 2541 ถึงฤดูนาปรัง 2542 จนได้สายพันธุ์ CNT96028-21-1-PSL-1-1 ซึ่งเป็นสายพันธุ์ที่มีความเหมาะสมในการเพาะปลูกของเกษตรกร โดยคณะกรรมการพิจารณาพันธุ์กรมการข้าวมีมติรับรองชื่อพันธุ์ กข41 เพื่อแนะนำให้เกษตรกรปลูกเมื่อวันที่ 17 กันยายน 2552

โดยลักษณะของข้าวพันธุ์ กข41 เป็นข้าวเจ้าที่ไม่ไวต่อช่วงแสง อายุเก็บเกี่ยว 105 วัน มีความสูงประมาณ 104 เซนติเมตร ให้ผลผลิตต่อไร่สูง เหมาะสำหรับปลูกในพื้นที่นาชลประทาน ภาคเหนือตอนล่าง สำหรับเป็นทางเลือกของเกษตรกร มีความต้านทานต่อการระบาดของเพลี้ยกระโดดสีน้ำตาลและโรคไหม้ แต่ยังคงมีความอ่อนแอต่อโรคขอบใบแห้ง

4.1.3 โรคของข้าวที่นำมาศึกษา

โรคขอบใบแห้ง (Bacterial Leaf Blight , BLB) เป็นโรคข้าวซึ่งเกิดจากเชื้อแบคทีเรียที่มีชื่อว่า *Xanthomonas oryzae* pv. *Oryzae* (ex *Ishiyama*) เข้าทำลายต้นข้าวทางแผลที่ใบหรือราก โดยเชื้อโรคนี้สามารถทำให้ต้นข้าวที่อยู่ในระยะแตกกอและออกรวงเกิดอาการของโรคได้อย่างรุนแรง โดยทำให้ใบของข้าวที่อยู่ในระยะแตกกอและใบธงของข้าวที่อยู่ในระยะออกรวงเกิดเป็นแผลซ้ำสีเทาอ่อน โดยแผลจะเริ่มจากขอบและปลายใบ แล้วขยายต่อไปในบริเวณข้อต่อของใบ แผลทุกใบของพันธุ์ข้าวที่ไม่มีความต้านทานจะเป็นโรคจนแห้งตายไปทั้งใบ นอกจากนี้เชื้อโรคก็อาจทำให้ต้นและใบของต้นข้าวหลังปักดำใหม่ๆแห้งและตายไปทั้งต้นได้ ซึ่งเรียกว่า ครีเสค (Kresak) (กรมการข้าว 2555)



(ก)



(ข)



(ค)



(ง)

รูปที่ 4.3 แสดงลักษณะของโรคที่นำมาทำการศึกษา เมื่อ (ก) แสดงรูปของต้นข้าวที่เป็นโรคขอบใบ
 แห่งในระยะปักดำ ซึ่งเรียกว่า ครีเสค (Kressek) (ข) แสดงรูปของต้นข้าวที่เป็นโรคขอบใบแห่งในระยะ
 แตกกอ (ค) แสดงรูปของต้นข้าวที่เป็นโรคขอบใบแห่งในระยะออกรวง (ง) แสดงรูปของต้นข้าวที่เป็น
 โรคขอบใบแห่งในระยะออกรวง ในบริเวณแปลงพื้นที่ศึกษาจริง

4.1.4 ภาพถ่ายดาวเทียมที่ใช้ในการศึกษา

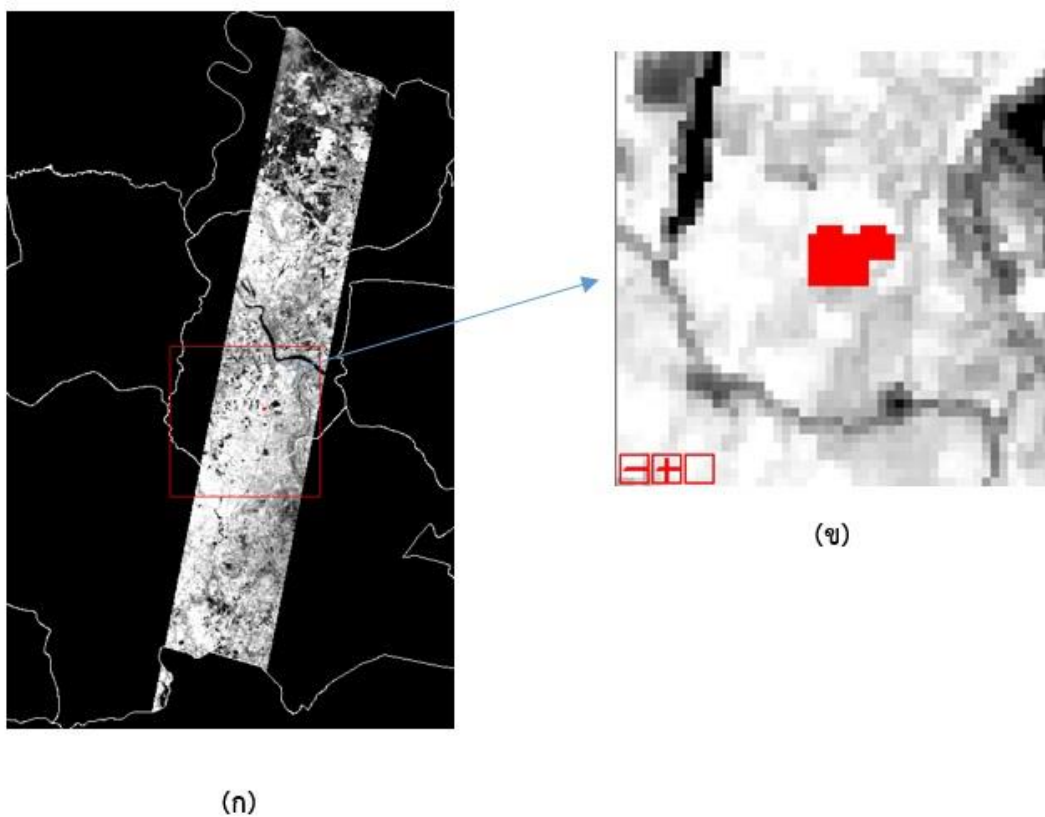
ใช้ข้อมูลภาพถ่ายดาวเทียม Hyperion บันทึกภาพเมื่อ 13 กรกฎาคม 2557 โดยในงานวิจัยนี้ได้ใช้จำนวนช่วงคลื่น 198 ช่วงคลื่นจากจำนวนทั้งหมด 242 ช่วงคลื่น โดยภาพถ่ายดาวเทียมดังกล่าวได้ทำการกำหนดพิกัดภูมิศาสตร์ด้วยวิธีการ Georeferencing บนระบบพื้นหลักฐานอ้างอิงแบบ WGS 1984 ระบบพิกัด UTM Zone 47 North มีค่าความคลาดเคลื่อนจากจุดควบคุมภาคพื้นดิน (Ground Control Point) 0.18 pixel โดยไม่ได้มีการทำการปรับแก้เชิงคลื่น (Radiometric Correction)

4.1.5 การเก็บข้อมูลภาคสนาม

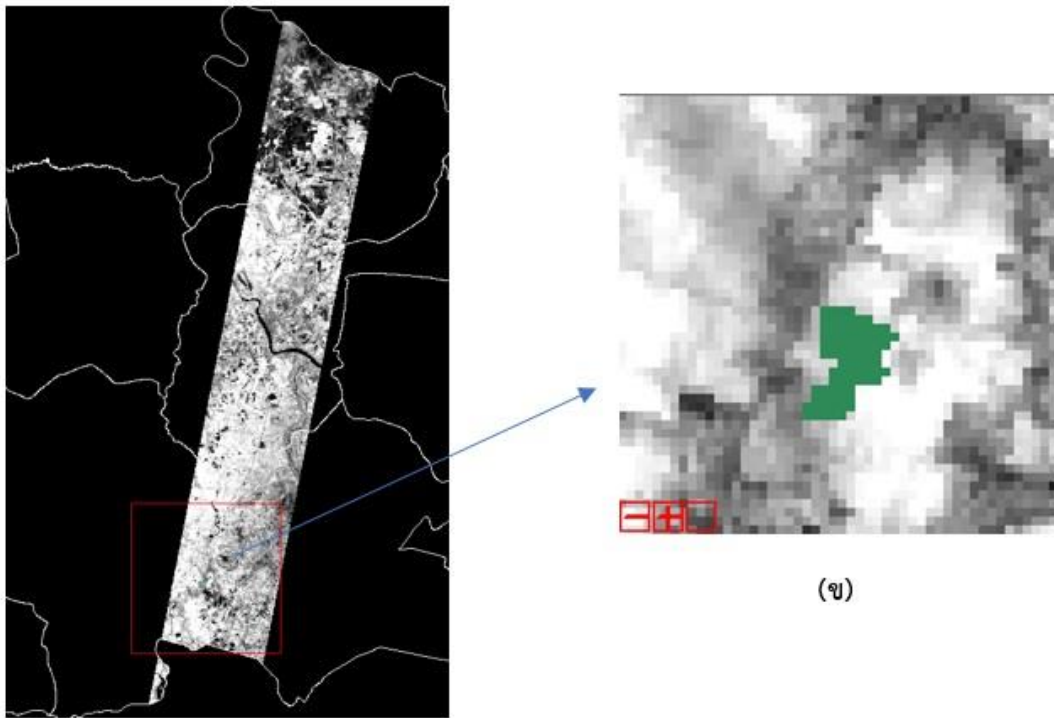
บันทึกค่าจุดกึ่งกลางแปลงตัวอย่างโดยใช้เครื่องมือรังวัดสัญญาณดาวเทียม GPS ชนิดพกพาี่ห้อ Garmin GPS รุ่น eTrex ในการเก็บค่าพิกัดของพื้นที่ที่ได้ลงไปทำการสำรวจตรวจสอบเพื่อระบุตำแหน่งและระบุบริเวณแปลงที่เป็นโรคและไม่เป็นโรค โดยในการศึกษานี้ใช้การบันทึกค่าจุดกึ่งกลางแปลงตัวอย่างโดยมีการปรับแก้ความถูกต้องโดยใช้หลักการ DGPS (Differential GPS) ซึ่งใช้เครื่องมือรับสัญญาณจีพีเอสแบบพกพา จำนวน 2 เครื่อง เรียกว่า Pseudorange-based Difference GPS ซึ่งวิธีนี้ให้ความถูกต้องทางตำแหน่งไม่เกิน 5 เมตร (เฉลิมชลัม 2552) โดยข้อมูลสนามได้รับการอนุเคราะห์มาจาก นาย ปฎิวิชัย สาระพิน

ตารางที่ 4.1 แสดงจำนวนแปลงตัวอย่างของข้าวที่ใช้ในการศึกษา

ชื่อพันธุ์ข้าว	ชื่อ วิทยาศาสตร์	Training Data (Pixel)	Testing Data (Pixel)
ข้าวพันธุ์ กข41 (บริเวณที่เป็นโรค)	RD - 41	25	25
ข้าวพันธุ์ กข41 (บริเวณที่ไม่เป็นโรค)	RD - 41	36	36
รวม		61	61

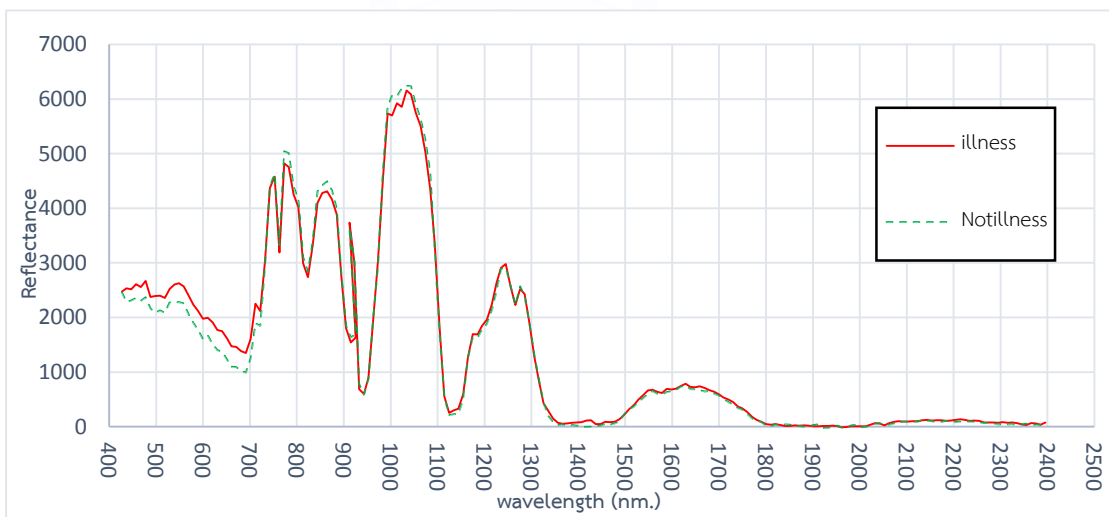


รูปที่ 4.4 แสดงบริเวณที่เป็นโรคขอบใบแห้งของข้าวพันธุ์ กข 41 ภายในบริเวณแปลงพื้นที่ศึกษา เมื่อ
 (ก) แสดงบริเวณพื้นที่ศึกษาที่เป็นโรคขอบใบแห้งของข้าวพันธุ์ กข41 ด้วยช่วงคลื่น Near-Infrared
 (NIR) (ข) แสดงบริเวณแปลงพื้นที่ศึกษาที่เป็นโรคขอบใบแห้งของข้าวพันธุ์ กข41



(ก)

รูปที่ 4.5 แสดงบริเวณที่ไม่เป็นโรคขอบใบแห้งของข้าวพันธุ์ กข 41 ภายในบริเวณแปลงพื้นที่ศึกษา
เมื่อ (ก) แสดงบริเวณพื้นที่ศึกษาที่ไม่เป็นโรคขอบใบแห้งของข้าวพันธุ์ กข41 ด้วยช่วงคลื่น
Near-Infrared (NIR) (ข) แสดงบริเวณแปลงพื้นที่ศึกษาที่ไม่เป็นโรคขอบใบแห้งของข้าวพันธุ์ กข41



รูปที่ 4.6 แสดงค่าการสะท้อนในแต่ละช่วงคลื่นของข้าวพันธุ์ กข 41 (RD - 41) บริเวณที่เป็นโรค
และไม่เป็นโรค

4.2 การวิเคราะห์ข้อมูล

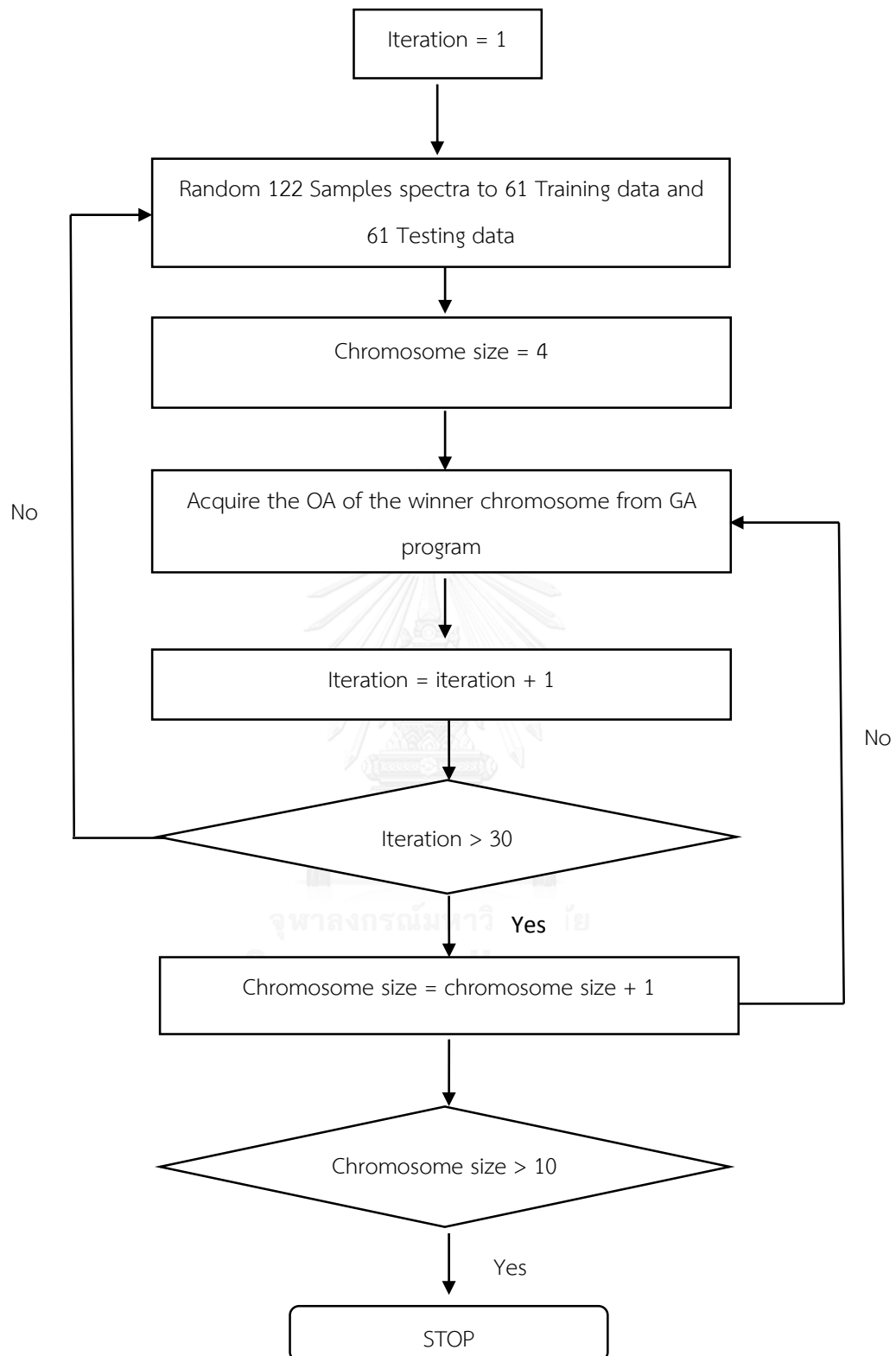
การวิเคราะห์ข้อมูลในงานวิจัยนี้สามารถแสดงรายละเอียดขั้นตอนต่างๆ ดังนี้

4.2.1 การแยกข้าวพันธุ์ กข 41 ที่เป็นโรคขอบใบแห้งออกจากบริเวณที่ไม่เป็นโรค

ในการแยกข้าวพันธุ์ กข41 ที่เป็นโรคขอบใบแห้งออกจากบริเวณที่ไม่เป็นโรคนั้นจะใช้เทคนิคการคัดเลือกช่วงคลื่นด้วยขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรม

โดยในงานวิจัยนี้ใช้เทคนิคการคัดเลือกช่วงคลื่นที่เหมาะสมในการแยกข้าวที่เป็นโรคขอบใบแห้ง พันธุ์ กข41 ออกจากบริเวณที่ไม่เป็นโรคด้วยเทคนิคการคัดเลือกช่วงคลื่นแบบขั้นตอนวิธีการเชิงพันธุกรรมโดยเทคนิควิธีการเชิงพันธุกรรมที่ใช้ในงานวิจัยนี้สามารถปรับขนาดของโครโมโซม (จำนวนช่วงคลื่น) ได้อย่างอิสระตามที่ผู้ใช้งานกำหนด ดังนั้นจึงมีการเปลี่ยนแปลงขนาดของโครโมโซมเพื่อทำการหาขนาดโครโมโซมหรือจำนวนช่วงคลื่นที่เหมาะสมโดยทำการเปลี่ยนแปลงขนาดตั้งแต่ 4 ถึง 8 โครโมโซม เป็นจำนวน 30 ครั้งในแต่ละขนาดของโครโมโซม เพื่อทำการหาจำนวนช่วงคลื่นหรือขนาดของโครโมโซมที่เหมาะสมที่แสดงถึงบริเวณที่เป็นโรค ซึ่งรายละเอียดสามารถเขียนเป็นผังงานได้ดังรูปที่ 4.7 ซึ่งเป็นผังงานแสดงขั้นตอนการคัดเลือกช่วงคลื่นที่เหมาะสมในการแยกข้าวที่เป็นโรคขอบใบแห้งออกจากบริเวณที่ไม่เป็นโรคของพันธุ์ข้าว กข41

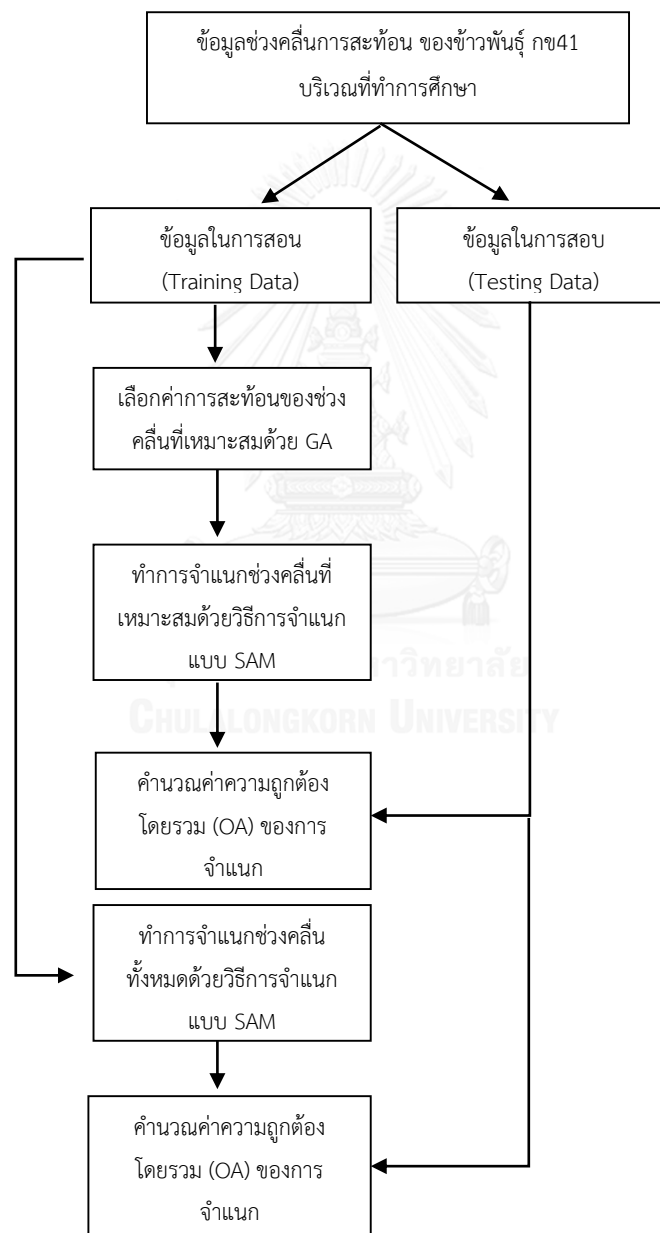
เพื่อเป็นการยืนยันผลที่ได้จากการทดลองจะมีการสุ่มตัวอย่างจากตัวอย่าง 122 ตัวอย่างออกเป็นข้อมูลในการสอน 61 ตัวอย่างและข้อมูลในการสอบ 61 ตัวอย่าง โดยจะทำการสุ่มข้อมูลใหม่ทุกครั้ง เป็นจำนวน 30 ครั้งต่อหนึ่งรอบของการเปลี่ยนขนาดของโครโมโซม เมื่อทำการสุ่มตัวอย่างเรียบร้อยแล้วจะเข้าสู่กระบวนการคัดเลือกช่วงคลื่นด้วยขั้นตอนวิธีการเชิงพันธุกรรม โดยแต่ละโครโมโซมจะถูกนำมาทำการหาค่าความเหมาะสมซึ่งในที่นี้ใช้ค่าความถูกต้องโดยรวมในการจำแนกของข้อมูลการสอนในแต่ละรอบ (ใน 30 รอบ) โครโมโซมที่มีค่าความเหมาะสมมากที่สุดจะถูกรายงานและนำมาหาค่าความถูกต้องโดยรวมในการจำแนกจากข้อมูลที่ใช้ในการทดสอบ จากนั้นทำการเฉลี่ยค่าความถูกต้องโดยรวมของข้อมูลทดสอบเพื่อหาขนาดโครโมโซมที่เหมาะสมต่อไป



รูปที่ 4.7 ผังงานแสดงการหาขนาดโครโมโซมที่เหมาะสม (ดัดแปลงจาก: (Koedsin and Vaiphasa 2013))

เมื่อสามารถทำการเลือกความยาวหรือขนาดโครโมโซมที่เหมาะสมในการทำการจำแนกได้แล้วค่าความถูกต้องโดยรวมของข้อมูลทดสอบทั้ง 30 ค่าในขั้นตอนข้างต้น จะถูกนำมาเปรียบเทียบกับผลที่ได้จากการจำแนกด้วยจำนวนช่วงคลื่นทั้งหมด โดยผลลัพธ์ที่ได้จากวิธีการทั้งสอง จะถูกนำมาเปรียบเทียบเพื่อทดสอบความแตกต่างระหว่างค่าเฉลี่ยของกลุ่มตัวอย่างที่มีความสัมพันธ์กัน (Paired T-Test)

โดยสามารถเขียนรายละเอียดขั้นตอนเป็นแผนผังการทำงานดังรูปที่ 4.7



รูปที่ 4.8 แสดงขั้นตอนการทำงาน

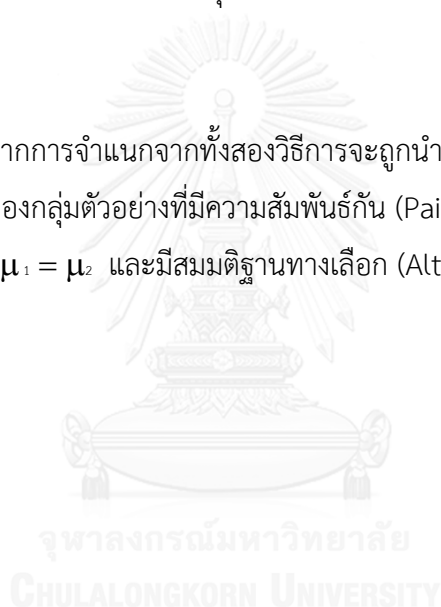
ในส่วนของรายละเอียดของการกำหนดวิธีการขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมที่ใช้ในงานวิจัยนี้มีดังนี้

ใช้การเข้ารหัสโครโมโซมแบบตรง (ใช้ชื่อช่วงคลื่นของการสะท้อนโดยตรงในการเข้ารหัส) จำนวนประชากร (จำนวนโครโมโซม) เท่ากับ 500 โครโมโซม กำหนดจำนวนรุ่น (generation) สูงสุดเท่ากับ 150 รุ่น (รอบการทำซ้ำของการสร้างโครโมโซม) เลือกใช้การไขว้เปลี่ยนแบบกระจาย (scattered) โดยมีอัตราการไขว้เปลี่ยน 80 เปอร์เซ็นต์ ความน่าจะเป็นในการกลายพันธุ์ 10 เปอร์เซ็นต์ และใช้วิธีการแบบ Stochastic Universal Sampling ในการคัดเลือก โดยใช้ค่าความถูกต้องโดยรวมในการจำแนกแบบ Spectral Angle Mapper ของข้อมูลในการสอนเป็นค่าความเหมาะสมของแต่ละโครโมโซม และขั้นตอนวิธีการเชิงพันธุกรรมจะหยุดทำงานถ้าค่าความเหมาะสมดังกล่าวไม่มีการเปลี่ยนแปลงต่อเนื่องกัน 10 รุ่น หรือมีการทำซ้ำจนครบ 150 รุ่นแล้ว

4.3 การทดสอบทางสถิติ

ค่าความถูกต้องจากการจำแนกจากทั้งสองวิธีการจะถูกนำมาเปรียบเทียบเพื่อทดสอบความแตกต่างระหว่างค่าเฉลี่ยของกลุ่มตัวอย่างที่มีความสัมพันธ์กัน (Paired T-Test) โดยมีสมมติฐานว่าง (Null Hypothesis) $H_0: \mu_1 = \mu_2$ และมีสมมติฐานทางเลือก (Alternative Hypothesis)

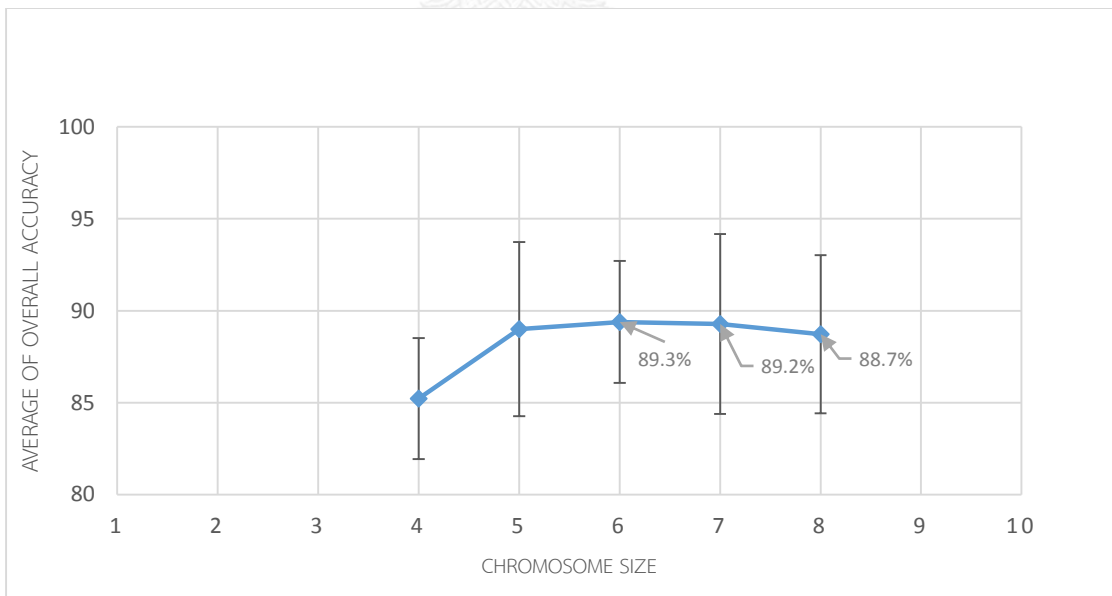
$$H_1: \mu_1 \neq \mu_2$$



บทที่ 5 ผลการศึกษา

5.1 ขนาดของโครโมโซมที่เหมาะสมและการคัดเลือกช่วงคลิ่นที่เหมาะสมด้วยขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรม

ในส่วนนี้จะเป็นการหาจำนวนช่วงคลิ่นที่เหมาะสมด้วยโปรแกรมขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมเพื่อใช้ในการกำหนดขนาดของโครโมโซม (ในที่นี้คือ จำนวนช่วงคลิ่นที่จะใช้ในการแยกโรคขอบใบแห้งของข้าวพันธุ์ กข41 ออกจากบริเวณที่ไม่เป็นโรค) ดังนั้นจึงมีการทดลองเพื่อหาขนาดของโครโมโซมที่เหมาะสมโดยทำการเปลี่ยนขนาดโครโมโซมตั้งแต่ 4 ถึง 8 โดยโปรแกรมจะทำการคัดเลือกช่วงคลิ่นที่เหมาะสมที่สุดตามขนาดของโครโมโซมเป็นจำนวน 30 ครั้งในแต่ละขนาดโครโมโซม โดยค่าความถูกต้องโดยรวมเฉลี่ยของข้อมูลทดสอบในแต่ละขนาดโครโมโซมแสดงดังรูปที่ 5.1 เส้นในแนวตั้งแต่ละจุดคือค่าเฉลี่ยของค่าความถูกต้องโดยรวมของผลการจำแนกทั้ง 30 รอบ จากกราฟดังกล่าวแสดงให้เห็นว่าขนาดโครโมโซมตั้งแต่ 4 ถึง 8 มีค่าค่อนข้างคงที่ อย่างไรก็ตามจะเห็นว่าที่ขนาดโครโมโซมเท่ากับ 6 มีค่าความถูกต้องโดยรวมสูงที่สุด ดังนั้นในการศึกษานี้จะใช้ขนาดโครโมโซมเท่ากับ 6 (มีค่าเฉลี่ยความถูกต้องโดยรวม 89.3 %) ในการทำงานวิจัย



รูปที่ 5.1 แสดงการเปรียบเทียบค่าเฉลี่ยความถูกต้องโดยรวมในการแยกที่ขนาดโครโมโซมต่างๆ

เนื่องจากข้อมูลในแต่ละรอบของข้อมูลที่ใช้ในการสอนทั้ง 30 รอบเป็นข้อมูลที่แตกต่างกัน ทำให้ผลลัพธ์ของช่วงคลื่นที่ผ่านการคัดเลือกอาจมีความแตกต่างกัน ในกรณีขนาดโครโมโซมเท่ากับ 6 (ในรูปที่ 5.1) ช่วงคลื่นที่ถูกคัดเลือกในแต่ละรอบจากทั้งหมด 30 รอบ สามารถแสดงรายละเอียดดังตารางที่ 5.1 ซึ่งโครโมโซมของรอบที่ 17 ซึ่งประกอบด้วยช่วงคลื่น 477 nm, 660 nm, 1144 nm, 1467 nm, 1739 nm และ 2254 nm ให้ค่าความถูกต้องโดยรวมของข้อมูลทดสอบที่มีค่ามากที่สุดเท่ากับ 98.33% (ข้อมูลในตาราง 5.1 ตัวหนา)

ตารางที่ 5.1 แสดงช่วงคลื่นที่ถูกคัดเลือกทั้ง 30 โครโมโซมกรณีขนาดโครโมโซมเท่ากับ 6 (เมื่อ OA คือ ค่าความถูกต้องโดยรวม (Overall Accuracy))

Run	Bands (nm.)						OA- train	OA- Test
	1	2	3	4	5	6		
1	650	762	1184	1426	1659	2092	100	90.00
2	548	650	1083	1396	1669	2163	100	90.00
3	569	620	1396	1426	1618	2254	100	91.67
4	426	620	1174	1426	2072	2123	100	93.33
5	721	854	1184	1426	1971	2113	100	81.67
6	426	844	1053	1487	1618	2143	100	88.33
7	548	650	1174	1598	1820	2284	100	90.00
8	650	962	1083	1598	2012	2082	100	88.33
9	569	782	1184	1457	1800	2143	100	95.00
10	721	844	972	1023	1588	2102	100	81.67
11	640	864	1295	1457	2042	2133	100	88.33
12	650	782	1174	1598	1820	2244	100	86.67
13	426	650	1043	1457	1800	2143	100	85.00
14	721	864	1305	1709	1840	2062	100	81.67
15	752	793	1336	1396	2002	2375	100	93.33
16	569	681	1174	1457	1840	2143	100	90.00
17	477	660	1144	1467	1739	2254	100	98.33

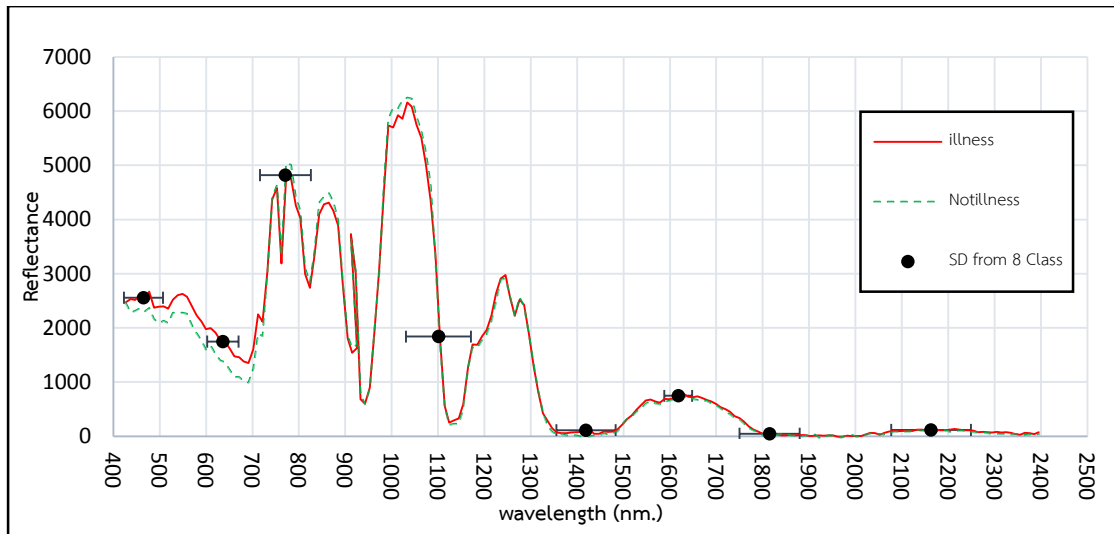
ตารางที่ 5.2 แสดงช่วงคลื่นที่ถูกคัดเลือกทั้ง 30 โครโมโซมกรณีขนาดโครโมโซมเท่ากับ 6 (เมื่อ OA คือ ค่าความถูกต้องโดยรวม (Overall Accuracy)) (ต่อ)

Run	Bands (nm.)						OA- train	OA- Test
	1	2	3	4	5	6		
18	487	782	1033	1477	1800	2133	100	93.33
19	426	701	1295	1477	1840	2244	100	90.00
20	701	803	1295	1416	1739	2193	100	85.00
21	650	742	1033	1114	1376	1820	100	91.67
22	457	762	1073	1457	1739	2244	100	96.67
23	487	681	1174	1396	1840	2133	100	88.33
24	487	599	1033	1467	1739	2264	100	96.67
25	640	660	1164	1517	1739	2193	100	83.33
26	426	711	1073	1346	1840	2244	100	86.67
27	477	671	1073	1396	1860	2133	100	91.67
28	426	813	1396	1517	1860	1961	100	96.67
29	640	711	1174	1467	1840	2264	100	83.33
30	457	721	1073	1517	1800	2193	100	85.00

OA-Train avg = 100

OA-Test avg = 89.3

จากตาราง 5.1 ผลการคัดเลือกช่วงคลื่นแบบขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรม (กรณีขนาดโครโมโซมเท่ากับ 6) เมื่อนำค่าในแต่ละช่วงคลื่นที่ถูกคัดเลือกทั้ง 30 รอบ ซึ่งมีจำนวนช่วงคลื่นรวมทั้งหมดที่สามารถเกิดขึ้นได้จำนวน 180 ช่วงคลื่น มาทำการจัดกลุ่มโดยพิจารณาให้มีค่าส่วนเบี่ยงเบนมาตรฐานในแต่ละกลุ่มน้อยที่สุด จะสามารถแบ่งออกเป็น 8 กลุ่มย่อย ประกอบไปด้วย ช่วงคลื่นมองเห็น (465 ± 42 และ 636 ± 34 nm), อินฟราเรดใกล้ (771 ± 55 , 1101 ± 70 และ 1419 ± 65 nm) และ อินฟราเรดกลาง (1618 ± 30 , 1815 ± 65 และ 2163 ± 86 nm) ตามลำดับ (ตัวเลขด้านหลังเครื่องหมาย \pm คือค่าส่วนเบี่ยงเบนมาตรฐาน)



รูปที่ 5.2 แสดงการแบ่งออกเป็น 8 กลุ่มย่อยพร้อมทั้งค่าส่วนเบี่ยงเบนมาตรฐานของวิธีการคัดเลือก ช่วงคลื่นแบบขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรม

ตารางที่ 5.3 เปรียบเทียบค่าความถูกต้องรวมในการแยกข้าวพันธุ์ กข41 (RD41) ที่เป็นโรคและไม่เป็นโรคขอบใบแห้งออกจากกันของข้อมูลแปลงทดสอบ ระหว่างกรณีที่ใช้จำนวนช่วงคลื่นที่เหมาะสมในการแยกด้วยขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรม (Genetic Algorithm, GA) กับ กรณีที่ใช้จำนวนช่วงคลื่นทั้งหมด

Runs	OA	
	GA (6 Bands)	GA (All Bands)
1	90	80
2	90	81.67
3	91.67	81.67
4	93.33	81.67
5	81.67	81.67
6	88.33	85
7	90	81.67
8	88.33	81.67
9	95	86.67

Runs	OA	
	GA (6 Bands)	GA (All Bands)
10	81.67	81.67
11	88.33	85
12	86.67	85
13	85	83.33
14	81.67	85
15	93.33	85
16	90	80
17	98.33	85
18	93.33	81.67
19	90	80
20	85	80
21	91.67	80
22	96.67	81.67
23	88.33	83.33
24	96.67	80
25	83.33	85
26	86.67	81.67
27	91.67	85
28	96.67	81.67
29	83.33	81.67
30	85	86.67

5.2 ผลการวิเคราะห์เปรียบเทียบการจำแนกทางสถิติ

จากตาราง 5.2 ค่าความถูกต้องของการจำแนกจากทั้งสองวิธีการจะถูกนำมาเปรียบเทียบเพื่อทดสอบความแตกต่างระหว่างค่าเฉลี่ยของกลุ่มตัวอย่างที่มีความสัมพันธ์กัน (Paired T-Test) ซึ่งได้ผลการเปรียบเทียบดังตารางที่ 5.3 ผลการทดสอบดังกล่าวสรุปได้ว่าสอดคล้องกับสมมติฐานหลักที่ระดับความเชื่อมั่น 99 % ซึ่งเป็นการยืนยันว่าผลการจำแนกที่ได้จากการคัดเลือกจำนวนช่วงคลื่นที่เหมาะสมด้วยวิธีการขั้นตอนเชิงพันธุกรรมให้ผลการทดลองที่มีความถูกต้องในการจำแนกมากกว่าการจำแนกที่ได้จากการคัดเลือกด้วยจำนวนช่วงคลื่นทั้งหมด

ตารางที่ 5.4 แสดงค่าที่ได้จากเปรียบเทียบการจำแนกทางสถิติ เมื่อ (ก) แสดงค่าสถิติพื้นฐานของค่าความถูกต้องที่ได้จากทั้งสองวิธีการ (ข) แสดงผลการทดสอบความแตกต่างระหว่างค่าเฉลี่ยของค่าความถูกต้องโดยรวมในการจำแนกของทั้งสองวิธีการ

Statistics	Genetic Algorithm (GA)	
	OA (6 Bands)	OA (All Bands)
Average	89.3	82.6
Standard Deviation	4.7	2.1
Maximum	98.3	86.6
Minimum	81.6	80.0

(ก)

Accuracy Assessment	T-Value	dF	P-Value
Overall Accuracy (OA)	7.032	29	0.00

(ข)

บทที่ 6

อภิปรายผล สรุปผลการวิจัย และข้อเสนอแนะ

ในบทนี้จะกล่าวถึงการอภิปรายผลการวิจัย และสรุปผลการวิจัยในประเด็นต่างๆ ข้อจำกัดในการศึกษาวิจัยในครั้งนี้และข้อเสนอแนะในการนำผลการวิจัยหรือเทคนิควิธีการที่นำเสนอในงานวิจัยนี้ไปใช้ประโยชน์ในอนาคต

6.1 อภิปรายผลการศึกษา

6.1.1 การแยกข้าวพันธุ์ กข41 (RD41) ที่เป็นโรคและไม่เป็นโรคขอบใบแห้งออกจากกันของข้อมูลแปลงทดสอบ

จากการทบทวนวรรณกรรมในปัจจุบันพบว่า มีหลายงานวิจัยทางด้านการสำรวจระยะไกลพยายามจะใช้ค่าการสะท้อนของดัชนีพืชพรรณของข้าวในช่วงคลื่นต่างๆ เพื่อแสดงถึงอัตราการเจริญเติบโตของข้าวและรูปแบบการเปลี่ยนแปลงที่เกิดขึ้นในช่วงเวลาต่างๆ กัน (Le Toan et al. 1997) รวมไปถึงสามารถทำการจำแนกชนิดของพืชพันธุ์ชนิดต่างๆ รวมทั้งข้าวโดยใช้ช่วงคลื่น narrow band จากภาพถ่ายดาวเทียม EO-1 Hyperion ซึ่งเป็นดาวเทียมแบบไฮเปอร์สเปกตรัล (Thenkabail et al. 2013) ส่วนในด้านการตรวจหาโรคในข้าว ในการศึกษาที่ผ่านมาได้มีการทำการตรวจหาโรคใหม่ในเมล็ด (Panicle Blast , *Magnaporthe oryzae*) ด้วยการใช้ค่าการสะท้อนจากภาพถ่ายทางอากาศและดาวเทียมร่วมกับค่าการสะท้อนจาก Spectroradiometer ในการหาช่วงคลื่นที่แสดงถึงบริเวณที่เป็นโรคของข้าว (Kobayashi et al. 2001) และ (Qin and Zhang 2005) ได้ทำการตรวจหาโรคกาบใบแห้ง (Sheath blight , *Magnaporthe oryzae*) ในข้าวโดยการใช้การตรวจสอบค่าการสะท้อนของค่าดัชนีพืชพรรณเทียบกับแปลงทดสอบตัวอย่างที่เป็นโรค นอกจากนี้ (Liu et al. 2010) ได้ใช้วิธี LVQ Neural Network ร่วมกับการใช้ Feature Transformation แบบ Principal Component Analysis ในการตรวจหาโรคเชื้อราในข้าว (Glume Blight Disease , *Phoma sorghina*) ในบริเวณแปลงทดสอบ อย่างไรก็ตามการตรวจหาโรคขอบใบแห้งในข้าวโดยใช้เทคโนโลยีสำรวจระยะไกลนั้นยังไม่เคยมีใครทำการศึกษามาก่อน ดังนั้นงานวิจัยนี้ถือว่าเป็นครั้งแรกที่สามารถสรุปได้ว่าข้อมูลภาพถ่ายไฮเปอร์สเปกตรัลบนดาวเทียมร่วมกับเทคนิคการคัดเลือกช่วงคลื่นที่เหมาะสมด้วยขั้นตอนวิธีการเชิงพันธุกรรมสามารถแยกข้าวพันธุ์ กข41 (RD41) ที่เป็นโรคและไม่เป็นโรคขอบใบ

แห้งออกจากกันได้ โดยข้อสรุปนี้สามารถยืนยันได้จากผลการทดลองในตารางที่ 5.3 นอกจากนี้การที่มีการสุ่มข้อมูลในการสอนและทดสอบออกเป็น 30 ชุดข้อมูลทำให้มั่นใจได้ว่าผลการทดลองที่ออกมา มีความน่าเชื่อถือและไม่มีความลำเอียง

โดยข้อมูลภาพถ่ายดาวเทียมไฮเปอร์สเปกตรัลที่นำมาใช้ในงานวิจัยชิ้นนี้ ไม่ได้ผ่านการปรับแก้เชิงคลื่น (Radiometric Correction) มาก่อน แต่ไม่น่าจะมีผลต่อการจำแนก เนื่องจากประชากรหรือโครโมโซมที่ได้จากการสุ่มสร้างจากค่าการสะท้อนของภาพถ่ายดาวเทียมไม่ได้รับอิทธิพลหรือผลกระทบจากค่าความคลาดเคลื่อนเชิงระบบ (Systematic error) จากการผ่านกระบวนการปรุงแต่งข้อมูลเข้ามาเกี่ยวข้อง ทำให้มีโอกาสเกิดจำนวนโครโมโซมในการเลือกมากขึ้น รวมไปถึงอาจเกิดการสุ่มสร้างโครโมโซมตัวใหม่ที่มีความเหมาะสมมากกว่าโครโมโซมตัวเดิม

นอกจากนี้จากตารางที่ 5.3 (ก) เมื่อพิจารณาเฉพาะกรณีที่ให้ผลการจำแนกสูงสุดในแต่ละวิธีการ จะแสดงให้เห็นว่าค่าความถูกต้องโดยรวมของข้อมูลทดสอบที่ทำการจำแนกด้วยวิธีการขั้นตอนเชิงพันธุกรรมให้ค่าความถูกต้องโดยรวมที่สูงกว่าการจำแนกโดยใช้จำนวนช่วงคลื่นทั้งหมด โดยค่าที่ได้เพิ่มขึ้นจาก 82.6% เป็น 89.3% เช่นเดียวกันกับเมื่อพิจารณาค่าความถูกต้องของผู้ปฏิบัติงาน (User's Accuracy) และค่าความถูกต้องของผู้ผลิต (Producer's Accuracy) ซึ่งโดยรวมมีค่าเพิ่มมากขึ้นเมื่อเลือกใช้การจำแนกด้วยวิธีการขั้นตอนเชิงพันธุกรรม โดยค่าความผิดพลาดของผู้ปฏิบัติงานจะมีค่าความผิดพลาดในกลุ่มข้อมูล (Commission error) ของผลลัพธ์ที่ได้จากการจำแนกด้วยวิธีการขั้นตอนเชิงพันธุกรรมประมาณ 12.5% ส่วนของวิธีการจำแนกโดยใช้จำนวนช่วงคลื่นทั้งหมดมีค่าประมาณ 33.3% ส่วนเมื่อพิจารณาถึงค่าความผิดพลาดของผู้ผลิตจะพบว่ามีค่าความผิดพลาดที่ถูกละเลย (Omission error) ของวิธีการขั้นตอนเชิงพันธุกรรมประมาณ 7.6 % ส่วนของวิธีการจำแนกโดยใช้จำนวนช่วงคลื่นทั้งหมดมีค่าประมาณ 33.3% ตามลำดับ

อย่างไรก็ตามแม้ว่าผลการจำแนกที่ได้จะมีค่าความถูกต้องโดยรวมสูงถึง 89% แต่ก็ยังมีข้อจำกัดในเรื่องของพื้นที่แปลงที่ทำการศึกษานั้นมีขนาดเล็ก รวมไปถึงชนิดของพันธุ์ข้าวที่เป็นโรคที่นำมาทำการศึกษามีเพียงชนิดเดียว อีกทั้งไม่มีความหลากหลายของช่วงการเจริญเติบโตทำให้ไม่สามารถนำมาใช้เป็นตัวแทนในการแยกได้ดี จึงจำเป็นต้องมีการศึกษาต่อเนื่องเพิ่มเติม โดยเพิ่มขนาดของพื้นที่ศึกษา พันธุ์ข้าว ช่วงการเจริญเติบโต และชนิดของโรค เพื่อยืนยันผลการทดลองต่อไป

การคัดเลือกช่วงคลื่นที่เหมาะสมที่จะใช้เป็นตัวแทนในวิธีการขั้นตอนเชิงพันธุกรรมนั้น อาจมีผลจากช่วงคลื่นของค่าการสะท้อนที่นำมาทำการศึกษาเข้ามาเกี่ยวข้องด้วย โดยช่วงคลื่นที่ได้จากงานวิจัยนี้สอดคล้องกับงานวิจัยของ (Kobayashi et al. 2001) ซึ่งได้ทำการแยกข้าวที่เป็นโรคเมล็ดใหม่ออกจากบริเวณที่ไม่เป็นโรคโดยอาศัยค่าการสะท้อนของช่วงคลื่นจากภาพถ่ายหลายช่วง

คลื่นร่วมกับภาพถ่ายทางอากาศเพื่อประมวลผลหาบริเวณที่เป็นโรค ผลการศึกษาที่ได้จากงานวิจัยนี้พบว่าช่วงคลื่นที่แสดงถึงบริเวณที่พบว่าเป็นโรคในระยะแบ่งก่อนการออกรวง (Dough stage) คือช่วงคลื่น visible 485 nm และ 675 nm ช่วงคลื่นใกล้ 1430 nm และช่วงคลื่น 1910 – 1935 nm รวมไปถึงงานวิจัยของ (Yang 2009) ที่ได้พยายามทำการเปรียบเทียบค่าความรุนแรงของโรคขอบใบแห้งในข้าวสองสายพันธุ์ (TNG67, TCS10) โดยอาศัยค่าการสะท้อนของช่วงคลื่นจากภาพถ่ายไฮเปอร์สเปกตรัล ค้นพบว่าช่วงคลื่นที่มีความไวต่อการเปลี่ยนแปลงของโรคขอบใบแห้งคือ ช่วงคลื่น 757 – 1039 nm

ท้ายที่สุดเนื่องจากขั้นตอนวิธีการเชิงพันธุกรรมนั้นมีความสามารถในการกำหนดค่าพารามิเตอร์ต่างๆได้หลากหลาย (Goldberg 1989, Mitchell 1998, Sivanandam and Deepa 2008, Vaiphasa et al. 2007) ดังนั้นเราสามารถทำการเปลี่ยนฟังก์ชันที่ใช้ในการพิจารณาค่าความเหมาะสมจากค่าความถูกต้องโดยรวมที่ได้จากการจำแนกด้วยวิธีการ Spectral Angle Mapper เป็นค่าความถูกต้องจากการจำแนกวิธีการอื่นๆ เช่น Maximum Likelihood เป็นต้น นอกจากนี้การกำหนดจำนวนโครโมโซมหรือพารามิเตอร์ที่จะนำมาใช้ในการคำนวณ ก็จะส่งผลต่อการเปลี่ยนแปลงทางพันธุกรรมในประชากรรุ่นต่อไป เช่น ความหลากหลายทางชีวภาพของประชากรรุ่นใหม่ ซึ่งจะส่งผลต่อ จำนวนรอบที่ใช้ และเวลาที่ใช้ในการหาคำตอบหรือเกิดการเรียนรู้ อย่างไรก็ตามด้วยความแข็งแกร่งของขั้นตอนวิธีการเชิงพันธุกรรมจะยังคงให้ผลลัพธ์ที่คล้ายคลึงกัน (Goldberg 1989) และผลกระทบดังกล่าวอยู่นอกเหนือจากขอบเขตของงานวิจัยนี้

6.2 สรุปผลการศึกษา

6.2.1 สรุปผลการวิจัยการแยกข้าวพันธุ์ กข41 (RD41) ที่เป็นโรคและไม่เป็นโรคขอบใบแห้งออกจากกัน

งานวิจัยนี้เป็นครั้งแรกที่สามารถสรุปได้ว่าข้อมูลภาพไฮเปอร์สเปกตรัลสามารถทำการแยกข้าวพันธุ์ กข41 (RD41) ที่เป็นโรคและไม่เป็นโรคขอบใบแห้งออกจากกันเมื่อร่วมกับเทคนิคการคัดเลือกช่วงคลื่นแบบขั้นตอนวิธีการเชิงพันธุกรรม โดยวิธีการดังกล่าวให้ค่าความถูกต้องโดยรวม 89% อย่างไรก็ตามผลการทดลองนี้ยังคงมีข้อจำกัดในเรื่องของพื้นที่แปลงที่ทำการศึกษานั้นมีขนาดเล็ก ช่วงการเจริญเติบโต รวมไปถึงชนิดของพันธุ์ข้าวที่เป็นโรคที่นำมาทำการศึกษามีเพียงชนิดเดียว ทำให้ไม่สามารถนำมาใช้เป็นตัวแทนในการแยกได้ดี โดยผู้วิจัยคาดหวังว่าวิธีการที่ใช้ในงานวิจัยนี้จะสามารถนำไปใช้กับการแยกและจำแนกโรคระดับสายพันธุ์กับพื้นที่อื่นและพืชชนิดอื่นๆต่อไป

6.3 ข้อเสนอแนะ

6.3.1 จำนวนแปลงตัวอย่างที่ใช้ในงานวิจัยมีจำนวนน้อยซึ่งอาจจะนำมาใช้เป็นตัวแทนในการแยกได้ไม่ดีนัก ในการวิจัยครั้งต่อไปควรมีการเพิ่มจำนวนแปลงตัวอย่างมากขึ้น

6.3.2 ฟังก์ชันความเหมาะสมของขั้นตอนวิธีเชิงพันธุกรรมสามารถกำหนดแบบหลายเกณฑ์ (multi-criteria) ในคราวเดียวกันได้ซึ่งอาจมีความเหมาะสมกับการนำไปใช้ในกรณีที่มีจำนวนแปลงพื้นที่ศึกษาจำนวนมาก รวมไปถึงโรคและพืชชนิดอื่นๆต่อไป

6.3.3 ในการแก้ปัญหาการหาโรคของข้าวชนิดอื่นๆ หรือโรคชนิดอื่นๆในแปลงทดสอบ อาจใช้ค่าตัวแปรดัชนีพืชพรรณ (Vis) ของค่าการสะท้อนของช่วงคลื่นต่างๆที่แตกต่างกัน รวมไปถึงเลือกใช้การจำแนกโดยใช้ฟังก์ชันความเหมาะสมตัวอื่นๆเป็นตัวทดสอบ



รายการอ้างอิง

- Apan, A., A. Held, S. Phinn and J. Markley (2004) Detecting sugarcane 'orange rust' disease using EO-1 Hyperion hyperspectral imagery. *International Journal of Remote Sensing*, 25, 489-498.
- Bonhann-Smith, P., T. Oancia and M. Moloney (1992) Cytoplasmic ribosomal protein S15a from *Brassicu nupus*: molecular cloning and developmental expression in mitotically active tissue. *Plant Mo1, Biol18*, 909-919.
- Datt, B., T. R. McVicar, T. G. Van Niel, D. L. B. Jupp and J. S. Pearlman (2003) Pre-processing EO-1 Hyperion hyperspectral data to support the application of agricultural indices. *TGRS Special Issue on EO1*.
- Eamchit, S. and T. W. Mew (1982) Comparison of virulence of *Xanthomonas campestris* pv. *oryzae* in Thailand and the Philippines. *Plant Disease* 66, 556-559.
- Galvão, L. S., A. R. Formaggio and D. A. Tisot (2005) Discrimination of sugarcane varieties in Southeastern Brazil with EO-1 Hyperion data. *Remote Sensing of Environment*, 94, 523-534.
- Goldberg, D. E. (1989) Genetic Algorithms in Search, Optimization, and Machine Learning. *Artificial Intelligence*, 40, 7.
- Hirano, A., M. Madden and R. Welch (2003) hyperspectral image data for mapping wetland vegetation. *WETLANDS*, 23, 436-448.
- Holland, J. H. (1975) Adaptation in Natural and Artificial Systems. USA: University of Michigan press.
- Kobayashi, T., E. Kanda, K. Kitada, K. Ishiguro and Y. Torigoe (2001) Detection of Rice panicle Blast with Multispectral Radiometer and the Potential of Using Airborne Multispectral Scanners. *Phytopathology*, 91, 316-326.

- Koedsin, W. and C. Vaiphasa (2013) Discrimination of Tropical Mangroves at the Species Level with EO-1 Hyperion Data. *Remote Sensing*, 5, 3562-3582.
- Le Toan, T., F. Ribbes, L. F. Wang, N. Floury, K.-H. Ding, J. A. Kong and M. Fujita (1997) Rice Crop Mapping and Monitoring Using ERS-1 Data Based on Experiment and Modelling Results. *IEEE Geoscience and Remote Sensing* 35, 41–56.
- Liu, Z.-Y., H.-F. Wu and J.-F. Huang (2010) Application of neural networks to discriminate fungal infection levels in rice panicles using hyperspectral reflectance and principal components analysis. *Computers and Electronics in Agriculture*, 72, 99-106.
- Melanie, M. (1999) An Introduction to Genetic Algorithms. . *MIT Press.*, 5th.
- Miah, G., M. Y. Rafii, M. R. Ismail, A. B. Puteh, H. A. Rahim, K. Islam and M. A. Latif (2013) A review of microsatellite markers and their applications in rice breeding programs to improve blast disease resistance. *International Journal of Molecular Sciences*, 14, 22499- 22528.
- Mitchell, M. 1998. *An Introduction to Genetic Algorithms*. Massachusetts, USA: Cambridge.
- Ou, S. H. (1987) Rice Diseases. *Centre for Agricultural Bioscience International*.
- Qin, Z. and M. Zhang (2005) Detection of rice sheath blight for in-season disease management using multispectral remote sensing. *International Journal of Applied Earth Observation and Geoinformation*, 7, 115-128.
- Rao, N. (2010) Development of a crop-specific spectral library and discrimination of various agricultural crop varieties using hyperspectral imagery. *International Journal of Remote Sensing*, 01/2008, 131-144.
- Sivanandam, S. N. and S. N. Deepa. 2008. *Introduction to Genetic Algorithms*. Springer.

Thenkabail, P. S., I. Mariotto, M. K. Gumma, E. M. Middleton, D. R. Landis and K. F. Huemmrich (2013) Selection of Hyperspectral Narrowbands (HNBs) and Composition of Hyperspectral Twoband Vegetation Indices (HVIs) for Biophysical Characterization and Discrimination of Crop Types Using Field Reflectance and Hyperion/EO-1 Data. *IEEE journal of selected topics in applied earth observations and remote sensing*, 6.

USGS, EO-1. (2010) Sensor-Hyperion [online]. <https://eo1.usgs.gov/sensors/hyperion>

Vaiphasa, C., A. K. Skidmore, W. F. de Boer and T. Vaiphasa (2007) A hyperspectral band selector for plant species discrimination. *ISPRS Journal of Photogrammetry and Remote Sensing*, 62, 225-235.

Yang, C.-M. (2009) Assessment of the severity of bacterial leaf blight in rice using canopy hyperspectral reflectance. *Precision Agriculture*, 11, 61-81.

Zalzala, A. M. S. and P. J. Fleming. 1997. *Genetic Algorithms in Engineering Systems*. The UK: Institution of Engineering and Technology.

Zhang, Q. (2007) Strategies for developing Green Super Rice. *Agricultural Sciences*.

ภาษาไทย

กรมการข้าว (2555) องค์ความรู้เรื่องข้าว. [http:// www.brrd.in.th/rkb/varieties](http://www.brrd.in.th/rkb/varieties). , 27 กรกฎาคม 2558.

กันทาจันทร์และคณะ (2557) ปฏิบัติการของพันธุ์ข้าวต่อโรคไหม้ และโรคขอบใบแห้ง ที่จังหวัด สกลนคร. ศูนย์วิจัยข้าวสกลนคร สกลนคร

โคเบลลี่ (2549) โรคขอบใบแห้งของข้าว (Bacterial leaf blight of rice). เอกสารประกอบการอบรม นักศึกษา ฝึกงาน คณะวิทยาศาสตร์ จุฬาลงกรณ์มหาวิทยาลัย, 20 มีนาคม-10 พฤษภาคม 2549, 6.

โคเบลล์และคณะ (2556) การจำแนกสายพันธุ์เชื้อและการวิเคราะห์ลักษณะทางพันธุกรรมของประชากรเชื้อ *Xanthomonas oryzae* pv. *oryzae* สาเหตุโรคขอบใบแห้งในระบบนิเวศน์นาข้าวในภาค ตะวันออกเฉียงเหนือ. การประชุมข้าวและธัญพืชเมืองหนาวกลุ่มศูนย์วิจัยข้าวภาคตะวันออกเฉียงเหนือ, 2556.

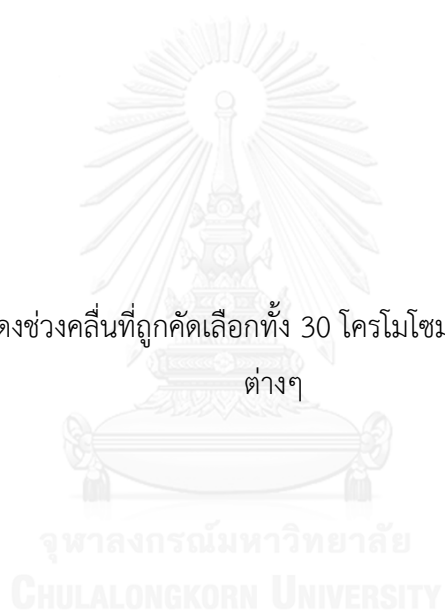
เฉลิมชลม์ (2552) ระบบกำหนดตำแหน่งบนโลก (Global Positioning System: GPS). ตำราเทคโนโลยี อวกาศและภูมิสารสนเทศศาสตร์ 2552, สำนักงานพัฒนาอวกาศและภูมิสารสนเทศ (องค์การมหาชน), 218-235.

สำนักงานเศรษฐกิจการเกษตร (2553) สถิติการนำเข้า-การส่งออกข้าว. <http://www.oae.go.th>, 26 กรกฎาคม 2558.





ภาคผนวก ก. ตารางแสดงช่วงคลื่นที่ถูกคัดเลือกทั้ง 30 โครโมโซมเมื่อกำหนดขนาดโครโมโซมขนาด
ต่างๆ



ตารางภาคผนวกที่ ก.1 แสดงช่วงคลื่นที่ถูกคัดเลือกทั้ง 30 โครโมโซมกรณีขนาดโครโมโซมเท่ากับ 4 (เมื่อ OA คือ ค่าความถูกต้องโดยรวม (Overall Accuracy))

Runs	Bands (nm.)				OA-Train	OA-Test
	1	2	3	4		
1	691	1073	1477	2062	100	86.67
2	721	874	1447	1689	100	83.33
3	721	864	1305	1840	100	81.67
4	721	742	1336	1911	100	88.33
5	681	803	1083	1759	100	91.67
6	721	874	1517	2304	100	81.67
7	721	823	1396	1709	100	81.67
8	650	782	1104	1124	100	88.33
9	721	884	1588	1689	100	83.33
10	721	732	2123	2284	100	90.00
11	691	1396	1497	1810	100	86.67
12	691	1073	1144	2324	100	86.67
13	650	793	1053	1558	100	88.33
14	1154	1396	2324	2365	100	86.67
15	721	864	1164	1426	100	81.67
16	457	1396	1870	2365	100	86.67
17	721	874	1316	2264	100	81.67
18	457	711	905	1426	100	86.67
19	721	884	1205	1638	100	81.67
20	691	721	844	1154	100	88.33
21	721	874	1437	2173	100	81.67
22	721	772	1043	1699	100	85.00
23	671	962	1053	2072	100	90.00

Runs	Bands (nm.)				OA-Train	OA-Test
	1	2	3	4		
24	972	1134	1396	2385	100	90.00
25	721	844	874	1709	100	81.67
26	721	854	1215	1699	100	81.67
27	721	864	1548	1870	100	80.00
28	650	823	1235	1689	100	86.67
29	1396	1709	2062	2365	100	86.67
30	732	742	1416	1426	100	81.67

OA-Train avg = 100

OA-Test avg = 85.22

ตารางภาคผนวกที่ ก.2 แสดงช่วงคลื่นที่ถูกคัดเลือกทั้ง 30 โครโมโซมกรณีขนาดโครโมโซมเท่ากับ 5 (เมื่อ OA คือ ค่าความถูกต้องโดยรวม (Overall Accuracy))

Runs	Bands (nm.)					OA-Train	OA-Test
	1	2	3	4	5		
1	640	1346	1447	2012	2345	100	95.00
2	660	993	1073	1124	1820	100	91.67
3	589	701	1346	1921	2375	100	91.67
4	640	823	1205	1346	1457	100	90.00
5	721	864	1396	1598	2153	100	81.67
6	721	823	884	1215	1406	100	83.33
7	721	762	854	1628	1800	100	81.67
8	620	691	701	1507	2032	100	95.00

Runs	Bands (nm.)					OA-Train	OA-Test
	1	2	3	4	5		
9	691	1053	1648	2012	2365	100	88.33
10	762	1396	1416	2092	2284	100	96.67
11	1426	1467	1810	1830	2173	100	91.67
12	691	1073	1396	1659	1931	100	88.33
13	721	874	1154	1184	1901	100	85.00
14	721	844	1305	1477	1891	100	83.33
15	681	1416	1497	2032	2335	100	86.67
16	457	467	569	691	2345	100	96.67
17	660	1073	1235	1870	2335	100	85.00
18	660	1073	1336	1356	1709	100	86.67
19	691	962	1094	1840	2244	100	90.00
20	487	691	1134	2203	2385	100	96.67
21	721	874	1326	1780	2193	100	81.67
22	569	711	782	894	962	100	81.67
23	650	752	1104	1396	1568	100	90.00
24	844	1134	1376	1396	2304	100	95.00
25	691	782	1083	1396	2274	100	91.67
26	701	793	1124	1174	2365	100	90.00
27	68	1134	1396	1416	2365	100	93.33
28	650	752	925	1154	1497	100	88.33
29	660	952	1063	1416	1537	100	88.33
30	732	762	1467	1638	2092	100	85.00

OA-Train avg = 100

OA-Test avg = 89.00

ตารางภาคผนวกที่ ก.3 แสดงช่วงคลื่นที่ถูกคัดเลือกทั้ง 30 โครโมโซมกรณีขนาดโครโมโซมเท่ากับ 7 (เมื่อ OA คือ ค่าความถูกต้องโดยรวม (Overall Accuracy))

Run	Bands (nm.)							OA- train	OA- Test
	1	2	3	4	5	6	7		
1	528	844	1023	1376	1457	1880	1921	100	96.67
2	691	793	905	1467	1588	1891	2264	100	86.67
3	691	844	1053	1406	1638	1870	2304	100	90.00
4	691	933	1013	1437	1689	1891	2092	100	88.33
5	487	681	925	1437	1638	1891	1921	100	86.67
6	528	650	844	1406	1588	1608	1971	100	88.33
7	487	762	1023	1295	1638	1891	2113	100	81.67
8	426	721	1194	1578	1749	1921	2153	100	90.00
9	487	721	1013	1154	1638	1870	2143	100	98.33
10	650	782	983	1305	1447	1880	2193	100	91.67
11	721	864	884	1215	1588	1669	2193	100	81.67
12	426	650	962	1447	1638	1921	2284	100	90.00
13	620	762	962	1467	1638	1739	2143	100	88.33
14	477	660	1013	1447	1487	1921	2022	100	96.67
15	528	650	1073	1406	1598	1880	2375	100	86.67
16	447	752	1013	1457	1588	1891	2113	100	83.33
17	681	793	1083	1083	1689	1870	2254	100	91.67
18	487	660	1023	1235	1487	1739	2193	100	91.67
19	487	752	1144	1487	1638	1880	2234	100	86.67
20	477	701	863	1416	1638	1921	2375	100	88.33
21	721	854	1164	1437	1648	1991	2314	100	81.67
22	538	579	1073	1447	1588	1880	2143	100	96.67
23	528	620	1356	1416	1638	1780	2203	100	96.67

Run	Bands (nm.)							OA- train	OA- Test
	1	2	3	4	5	6	7		
24	447	691	1073	1457	1588	1921	2113	100	86.67
25	487	721	1194	1437	1648	1921	2022	100	83.33
26	650	793	1144	1416	1679	1891	2375	100	90.00
27	426	640	1134	1447	1598	1870	2314	100	98.33
28	650	732	1013	1235	1487	1739	2375	100	90.00
29	447	721	1073	1305	1588	1971	2113	100	88.33
30	538	772	1174	1416	1638	1870	1921	100	83.33

OA-Train avg = 100

OA-Test avg = 89.27

ตารางภาคผนวกที่ ก.4 แสดงช่วงคลื่นที่ถูกคัดเลือกทั้ง 30 โครโมโซมกรณีขนาดโครโมโซมเท่ากับ 8 (เมื่อ OA คือ ค่าความถูกต้องโดยรวม (Overall Accuracy))

Run	Bands (nm.)								OA- Train	OA- Test
	1	2	3	4	5	6	7	8		
1	630	952	1023	1195	1205	1608	1901	2254	100	88.33
2	721	752	1114	1134	1437	1648	1860	1991	100	90.00
3	691	721	864	1215	1437	1689	1780	2022	100	86.67
4	691	803	983	1174	1568	1830	1911	2304	100	90.00
5	691	864	925	1083	1275	1689	1870	2375	100	91.67
6	660	962	1013	1184	1406	1558	1870	2324	100	86.67
7	691	874	1023	1134	1255	1618	1780	2294	100	90.00
8	721	762	833	1184	1356	1689	1729	2123	100	83.33
9	650	854	905	1406	1376	1558	1911	2395	100	88.33
10	711	762	952	1356	1437	1588	1911	2294	100	88.33
11	650	671	874	1023	1568	1780	1870	2002	100	90.00

Runs	Bands (nm.)								OA-Train	OA-Test
	1	2	3	4	5	6	7	8		
12	538	691	952	1083	1326	1679	1780	2123	100	86.67
13	711	803	905	1205	1598	1659	1860	2264	100	90.00
14	721	732	772	1134	1568	1689	1870	2294	100	81.67
15	711	874	962	1184	1437	1739	1961	2355	100	88.33
16	457	589	1114	1386	1669	1739	1860	2375	100	96.67
17	711	844	952	1023	1689	1860	2072	2163	100	86.67
18	630	782	854	1134	1215	1659	2012	2304	100	88.33
19	660	742	915	1255	1568	1588	1860	2193	100	85.00
20	711	864	1184	1396	1568	1618	1699	2284	100	86.67
21	660	752	1083	1164	1638	1769	1981	2304	100	90.00
22	650	721	762	1396	1679	1689	1780	2254	100	88.33
23	711	854	962	1225	1396	1931	2022	2324	100	86.67
24	579	691	962	1406	1568	1739	1870	2375	100	85.00
25	487	681	915	1215	1598	1689	1800	2324	100	90.00
26	589	884	952	1275	1568	1769	1961	2355	100	93.33
27	660	952	1033	1164	1467	1618	1850	2304	100	90.00
28	436	660	762	1487	1517	1689	1891	2314	100	98.33
29	640	782	1154	1447	1517	1598	1780	2264	100	88.33
30	721	752	1124	1255	1356	1396	1659	1981	100	88.33

OA-Train avg = 100

OA-Test avg = 89.05

ประวัติผู้เขียนวิทยานิพนธ์

ประวัติผู้เขียนวิทยานิพนธ์

นายธีรภัทร เลิศปฏิภาณพงษ์ เกิดเมื่อวันที่ 14 เมษายน พ.ศ. 2534 ที่จังหวัดสุพรรณบุรี

ประวัติการศึกษา

- สำเร็จการศึกษาหลักสูตร วิศวกรรมสำรวจ เมื่อปี พ.ศ. 2555 จาก คณะวิศวกรรมศาสตร์ จุฬาลงกรณ์มหาวิทยาลัย

ผลงานตีพิมพ์ในวารสารทางวิชาการ

- การแยกข้าวที่เป็นโรคและไม่เป็นโรคขอบใบแห้งออกจากกันด้วยเทคนิคการคัดเลือกช่วงคลื่นที่เหมาะสมของการสำรวจระยะไกลแบบไฮเปอร์สเปกตรัล, งานประชุมวิชาการเทคโนโลยีอวกาศและภูมิสารสนเทศแห่งชาติ ประจำปี 2559