รหัสโครงการ 28P13N00957

BloodScope

แอปพลิเคชันวิเคราะห์ความผิดปกติของเม็ดเลือดขาวด้วยปัญญาประดิษฐ์

อาจารย์ที่ปรึกษา

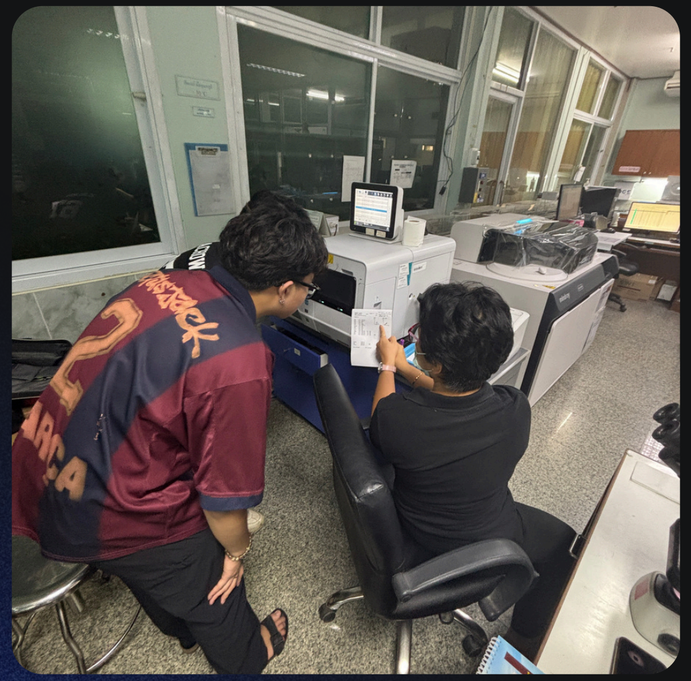
ผศ.ดร.กฤตคม ศรีจิรานนท์

ผู้จัดทำ

นายธนัช วิจิตราการลิขิต
นายเปรมช์ เผ่าเสถียรฐานนท์
นายพสธร สุดคง

ปัญหาจริง

ปัญหาที่พบจากการสัมภาษณ์



1 เครื่อง CBC อัตโนมัติบอกแค่ผิดปกติ แต่ไม่ระบุชนิด



2 เซลล์เม็ดเลือดขาวแต่ละชนิดมีความคล้ายกันมาก แยกด้วยตาเปล่าได้ยาก



3 นักเทคนิคการแพทย์มีจำนวนเฉลี่ย 4 คนต่อหนึ่งโรงพยาบาลชุมชน

อ้างอิง : รายงานบุคลากรด้านสาธารณสุข-ประจำปี-2568

ข้อจำกัดของเทคนิคในปัจจุบัน

1 Digital Cell Morphology Analyzer

เครื่องวิเคราะห์ภาพเซลล์เม็ดเลือดอัตโนมัติ



- ❌ มีราคาแพง
- ❌ ต้องลงทุนซื้อเครื่องใหม่

BloodScope



- ✅ ใช้กล้องจุลทรรศน์ที่โรงพยาบาลมีอยู่แล้ว
- ✅ ไม่ต้องลงทุนเพิ่ม

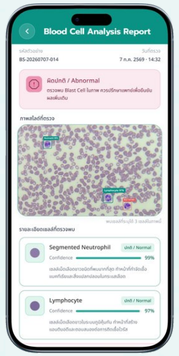
2 เครื่อง CBC ทั่วไป

Complete Blood Count Analyzer



- ❌ บอกได้แค่ว่า “ผิดปกติ”
- ❌ ไม่ระบุชนิด

BloodScope



- ✅ จำแนกชนิดเซลล์ได้ถึง **13** ชนิด
- ✅ พร้อมบอกเปอร์เซ็นต์ความมั่นใจ

3 การวิเคราะห์ด้วยตา



- ❌ ต้องอาศัยความชำนาญสูง
- ❌ ใช้เวลานาน

BloodScope



- ✅ วิเคราะผลบนเครื่องได้ทันที
- ✅ สะดวก รวดเร็ว และช่วยลดระยะเวลา

วิธีการใช้งาน

Blood Scope ใช้ง่าย แค่ 3 ขั้นตอน



1 เปิดกล้อง

เปิดใช้งานกล้องและเตรียมอุปกรณ์ เพื่อเริ่มถ่ายภาพสไลด์เลือดผ่านกล้องจุลทรรศน์

2 ถ่ายภาพสไลด์

จัดตำแหน่งให้ตรงกรอบและถ่ายภาพ สไลด์เลือดให้ชัดเจนเพื่อการวิเคราะห์ที่แม่นยำ

3 รับผลวิเคราะห์

ปัญญาประดิษฐ์ วิเคราะห์ชนิดเม็ดเลือดขาว และสรุปผลให้คุณภายในไม่กี่วินาที

โครงสร้างซอฟต์แวร์และระบบการทำงาน

1. ผู้ใช้ถ่ายภาพสไลด์เลือด โดยใช้กล้องจุลทรรศน์



รับภาพจากกล้อง (Camera)

ถ่ายภาพ

2. ผู้ใช้ถ่ายภาพเม็ดเลือดขาว ผ่านแอปพลิเคชัน

App: Flutter / Dart

Build ผ่าน Xcode สำหรับ iOS

เตรียมภาพ / แสดงผล
UI / จัดการการไหลของข้อมูล

ส่งภาพไป ประมวลผล

3. ระบบประมวลผลในแอปพลิเคชัน

CoreMLRuntime
(ประมวลผลบนเครื่อง ไม่พึ่ง Cloud/Internet)

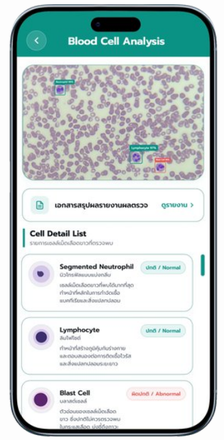
ultralytics
YOLO26

(Single-stage Detection + Classification with YOLO

โมเดล AI วิเคราะห์และจำแนกชนิดและ
ความผิดปกติของเม็ดเลือดขาว

ส่งผลลัพธ์ ไปแสดงผล

4. แสดงผลการ วิเคราะห์



แสดงผลในแอป

- **Bounding Box**
- **ชนิดของเซลล์(Class)**
- **Confidence Score**

ข้อมูลและการพัฒนาโมเดล

ชุดข้อมูล

BloodScope Dataset

- **รวม 4 แหล่งข้อมูล re-annotate ให้ 13 คลาส ตรงกันทั้งหมด**
- **มีชุดข้อมูลทั้งหมด 17,767 ภาพ, 13 คลาส**

01. KU-Optofil PBC

- กำลังขยาย 100x (Sysmex DI-60)
- Label โดยผู้เชี่ยวชาญ

02. MLL23

- กำลังขยาย 40x (Metafer scanner)
- Label โดยผู้เชี่ยวชาญ 5 ท่าน จาก Munich Leukemia Lab

03. LeukemiaAttri

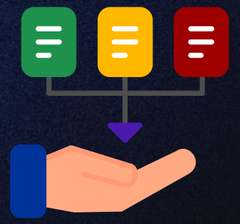
- เฉพาะชุดภาพกล้องคุณภาพสูง (H_100X_C1 + H_40X_C1)
- Label โดยผู้เชี่ยวชาญ

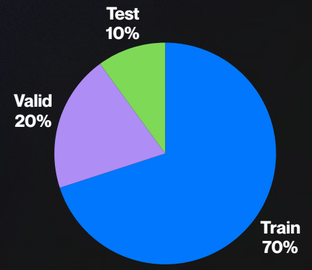
04. ภาพถ่าย iPhone จริง จำนวน 56 ภาพ

- ทีมถ่ายเองผ่านกล้องจุลทรรศน์
- Lebel โดยนักเทคนิคการแพทย์ โรงพยาบาล ห้างฉัตร

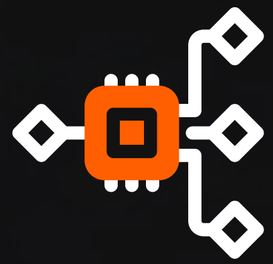
ข้อมูลและการพัฒนาโมเดล

ขั้นตอนพัฒนาโมเดล

1

Data collection
& reAnnotation

2


Split 70/20/10

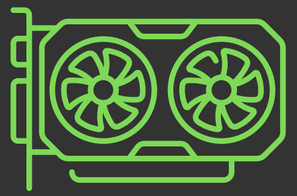
3

Augmentation

4

Training

5

Validation



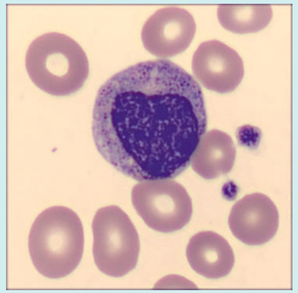
batch=32, 100 epochs,image size = 640 x 640
optimizer = auto (MuSGD) , lr0 = 0.01
ใช้ 3 เทคนิคเสริมเพื่อแก้ปัญหา Domain Gap และ Class Imbalance

เทคนิคที่ใช้แก้ปัญหา 2 ปัญหาหลัก

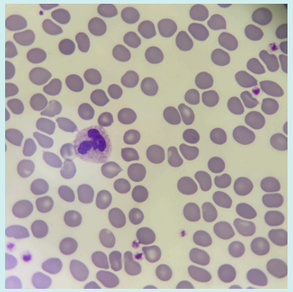
ปัญหาที่ 1

Domain Gap

ภาพจาก IPhone ต่างจากภาพแสกนที่ใช้ train



ภาพแสกน
(ใช้เทรน)



ภาพมือถือ
(เบลอ)

เทคนิคที่ใช้ :

Degradation Augmentation

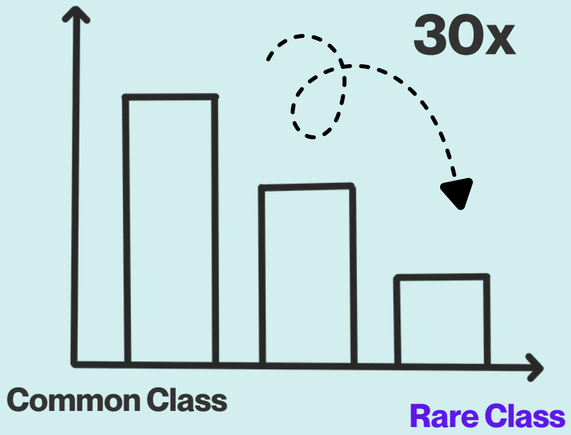
- จำลองความเบลอแบบภาพมือถือใส่เข้าไปตอนเทรน

- อ้างอิงจากงานวิจัย ACM ICISDM 2024 + Communications Biology 2022

ปัญหาที่ 2

Class Imbalance

บางเซลล์มีภาพน้อยกว่าเซลล์อื่นถึง 30 เท่า



เทคนิคที่ใช้ :

E-IRFS (Repeat-Factor Sampling)

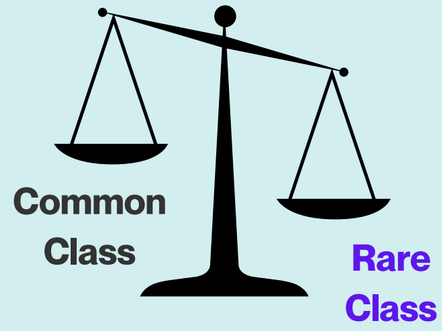
- ให้ภาพเซลล์หายากถูกเทรนซ้ำมากขึ้นอัตโนมัติ

อ้างอิงจากงานวิจัย IROS 2025

ปัญหาที่ 2

Class Imbalance

ช่วยให้โมเดลใส่ใจภาพเซลล์หายากมากขึ้นระหว่าง train



เทคนิคที่ใช้ :

EQFL (Equalized Quality Focal Loss)

- ปรับน้ำหนัก loss ให้ระบบใส่ใจเซลล์หายากมากขึ้นตอนเรียนรู้

- อ้างอิงจากงานวิจัย CVPR 2022

ผลลัพธ์

ผลการทดสอบ

Recall

81.75 %

ตรวจพบเซลล์ได้ 82 ต่อ 100 เซลล์

Precision

81.41 %

Macro F1

80.89 %

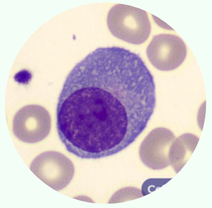
ให้น้ำหนักกับทุกคลาสเท่ากัน
เหมาะกับข้อมูลที่ไม่สมดุล

mAP50

86.04 %

mAP50-95
72.04 %

จุดเด่น (Best Perfomance)



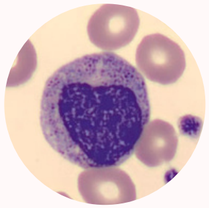
Plasma cell

F1 Score

0.9921

ทำได้ดีที่สุดใน 13 คลาส

จุดที่ท้าทาย (Challenge)



Metamyelocyte

F1 Score

0.5898

ทำได้ต่ำที่สุดใน 13 คลาส

ทดสอบกับภาพจริงจากโรงพยาบาล

ทดสอบแล้ว: 66 ภาพ / 74 เซลล์ โดยใช้สไลด์เลือดที่ได้มาจากโรงพยาบาลห้างฉัตรจังหวัดลำปาง
ถ่ายโดย iPhone ผ่าน Adapter ติดกับ Leica DM500

คลาส	n	mAP50	mAP50-95
Band Neutrophil	2	0.057	0.046
Eosinophil	3	0.325	0.284
Lymphocyte	5	0.715	0.448
Metamyelocyte	5	0.519	0.456
Reactive Lymphocyte	15	**0.913**	**0.828**
Segmented Neutrophil	44	0.884	0.742

Macro-average (ค่าเฉลี่ยทุกคลาส) — mAP50: **0.569** | mAP50-95: **0.467**

ถ่วงน้ำหนักตามจำนวนจริง — mAP50: **0.81** | mAP50-95: **0.68**

จุดเด่นของผลลัพธ์

- ✓ ค่า mAP50-95 ของ Reactive Lymphocyte สูงที่สุด (0.828)
- ✓ Segmented Neutrophil มีความแม่นยำสูง
- ✓ Metamylocyte และ Lymphocyte อยู่ในเกณฑ์ดี

⚠ จุดที่ควรปรับปรุง

- Band Neutrophil มีค่าความแม่นยำต่ำที่สุด
- Eosinophil ยังสามารถเพิ่มประสิทธิภาพได้
- ควรเพิ่มข้อมูลภาพในบางคลาสเพื่อให้โมเดลเรียนรู้ได้ดีขึ้น

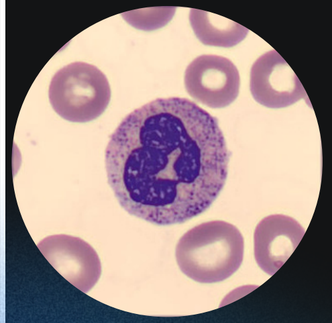
* หมายเหตุ: อีก 7 คลาส (Basophil, Blast, Erythroblast, Monocyte, Myeloblast, Myelocyte, Plasma cell) ยังไม่มีตัวอย่างในชุดทดสอบนี้

ข้อสรุปและข้อเสนอแนะ

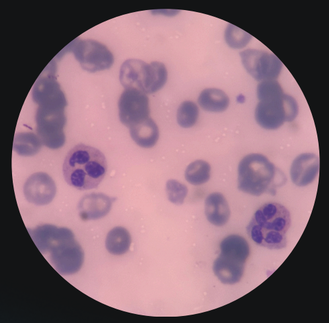
ข้อจำกัด

- รองรับเฉพาะ iOS
- ภาพเบลอ/แสงไม่สม่ำเสมอจากมือถือ ทำให้บางคลาสสับสนง่ายขึ้น

ภาพต้นทางจาก dataset



ภาพที่ถ่ายจริงผ่านแอป



แนวทางพัฒนาต่อยอด

- เก็บภาพจริงจากโรงพยาบาลเพิ่ม เพื่อลดข้อจำกัดเรื่องภาพจริงที่ใช้กับภาพในชุดข้อมูล
- เพิ่มการทดสอบโมเดลด้วยภาพจริงในคลาสที่ยังไม่มีภาพจริง



สรุปผลและข้อเสนอแนะ

ทดสอบกับภาพจริงจากอุปกรณ์ที่จะใช้งานจริงแล้ว 74 เซลล์

mAP50 80.87%

mAP50-95 = 68.27%

ข้อเสนอแนะ

ควรใช้เป็นแค่เครื่องมือช่วยตัดสินใจ นักเทศนิคการแพทย์ยังคงจำเป็นต้องตรวจสอบด้วยตัวเองในทุกครั้ง