4. ผลของการวิจัยแบบจำลองวิเคราะห์การเป็นโรคมะเร็ง

การวิเคราะห์การเป็นโรคมะเร็งดำเนินการโดยสร้างแบบจำลองซึ่งประยุกต์ใช้โครงข่ายเพอร์เซปตรอนแบบหลายชั้น (Multi-Layer Perceptrons Network) และเปรียบเทียบประสิทธิภาพการทำงานกับแบบจำลองที่สร้างด้วยโครงข่ายประสาทเทียมแบบฟังก์ชันฐานหลักที่แผ่รัศมี (Radial Basis Function Network) ซึ่งทั้งสองแบบจำลองนี้ถูกสร้างโดยใช้ข้อมูลที่รวบรวมได้ดังตารางที่ 3.2 โดยแบ่งข้อมูลออกเป็นสองชุดคือชุดข้อมูลฝึกสอน (training data set) และชุดข้อมูลทดสอบ (testing data set) ด้วยสัดส่วน 80% ต่อ 20% โดยการสุ่ม นั่นคือจำนวนข้อมูลสำหรับฝึกสอนแบบจำลองเท่ากับ 540 คน และอีก 135 คนสำหรับทดสอบแบบจำลอง

4.1 แบบจำลองโครงข่ายเพอร์เซปตรอนแบบหลายชั้น (Multi-Layer Perceptron Network Model) เพื่อวิเคราะห์การเป็นโรคมะเร็ง

แบบจำลองโครงข่ายเพอร์เซปตรอนแบบหลายชั้นถูกสร้างขึ้นโดยขั้นแรกกำหนดโครงสร้างและพารามิเตอร์ต่างๆของแบบจำลองได้แก่

- จำนวนโหนดข้อมูลนำเข้าในชั้นนำเข้า ซึ่งกำหนดให้เท่ากับ 278 โหนดตามคุณสมบัติที่อธิบายข้อมูล
- จำนวนโหนดเซลล์ประสาทเทียมในชั้นซ่อน ซึ่งมีจำนวนขึ้นอยู่กับการทดลองและประสิทธิภาพการทำงานของแบบจำลอง โดยเริ่มต้นให้เท่ากับ 30 โหนด จากนั้นจึงเพิ่มครั้งละหนึ่งโหนด ทั้งนี้สามารถกำหนดจำนวนโหนดเริ่มต้นเป็นเท่าใดก็ได้ โดยควรให้น้อยกว่าจำนวนโหนดข้อมูลนำเข้าก่อน ถ้ากำหนดจำนวนโหนดในชั้นซ่อนมากขึ้นจะได้ความแม่นยำมากขึ้นหรืออย่างน้อยได้ผลเท่าเดิม
- จำนวนโหนดเซลล์ประสาทเทียมในชั้นผลลัพธ์ซึ่งให้เท่ากับ 1 โหนด โดยผลลัพธ์ได้แก่ 1 คือเป็นโรคมะเร็ง หรือ 0 คือไม่เป็นโรคมะเร็ง
- ฟังก์ชันกระตุ้นที่ใช้ประมวลผลในโหนดเซลล์ประสาทเทียม ซึ่งใช้ฟังก์ชันซิกมอยด์ (Sigmoid function)
- อัตราการเรียนรู้ (Learning rate) เท่ากับ 0.3
- เป้าหมายค่าความผิดพลาดกำลังสอง (Mean square error) เท่ากับ 0.001
- จำนวน epoch เท่ากับ 30,000

เมื่อกำหนดโครงสร้างโครงข่ายแล้ว จากนั้นเป็นการฝึกสอนแบบจำลองด้วยขั้นตอนวิธีการเรียนรู้แบบแพร่ย้อนกลับกับข้อมูลชุดฝึกสอนและทดสอบการทำงานของแบบจำลองด้วยชุดข้อมูลทดสอบและวัดประสิทธิภาพการทำงานดังแสดงในตารางที่ 4.1 – 4.3

ตารางที่ 4.1 ความถูกต้องของการวิเคราะห์การเป็นโรคมะเร็ง
ด้วยแบบจำลองโครงข่ายเพอร์เซปตรอนแบบหลายชั้น

จำนวนโหนดในชั้นซ่อน	ข้อมูลชุดฝึกสอน	ข้อมูลชุดทดสอบ
30	94.81%	89.63%
31	97.59%	90.37%
32	97.59%	93.33%
33	97.22%	93.33%

ตารางที่ 4.2 ความผิดพลาดของการวิเคราะห์การเป็นโรคมะเร็งจากชุดข้อมูลฝึกสอน
ด้วยแบบจำลองโครงข่ายเพอร์เซปตรอนแบบหลายชั้น

จำนวนโหนดในชั้นซ่อน	False positive	False negative
30	0.56%	4.63%
31	0.93%	1.48%
32	0.19%	2.22%
33	0.37%	2.41%

ตารางที่ 4.3 ความผิดพลาดของการวิเคราะห์การเป็นโรคมะเร็งจากชุดข้อมูลทดสอบ
ด้วยแบบจำลองโครงข่ายเพอร์เซปตรอนแบบหลายชั้น

จำนวนโหนดในชั้นซ่อน	False positive	False negative
30	1.48%	8.89%
31	0.74%	8.89%
32	0%	6.67%
33	0%	6.67%

จากผลการทำงานของแบบจำลองในตารางที่ 4.1-4.3 แบบจำลองโครงข่ายเพอร์เซปตรอนแบบหลายชั้นที่มีจำนวนโหนดในชั้นซ่อนเท่ากับ 32 โหนดสามารถวิเคราะห์การเป็นโรคมะเร็งได้ถูกต้องมากที่สุดทั้งจากชุดข้อมูลฝึกสอนและชุดข้อมูลทดสอบ

4.2 แบบจำลองโครงข่ายประสาทเทียมแบบฟังก์ชันฐานหลักที่แผ่รัศมี (Radial Basis Function Network Model) เพื่อวิเคราะห์การเป็นโรคมะเร็ง

การสร้างแบบจำลองโครงข่ายประสาทเทียมแบบฟังก์ชันฐานหลักที่แผ่รัศมีนี้ เริ่มด้วยการกำหนดโครงสร้างของแบบจำลองเช่นเดียวกับแบบจำลองโครงข่ายเพอร์เซปตรอนแบบหลายชั้น โดยต่างกันที่จำนวนโหนดในชั้นซ่อน และฟังก์ชันที่ประมวลผลในเซลล์ประสาทเทียมรวมถึงค่าพารามิเตอร์อื่นๆ ดังนี้

- จำนวนโหนดข้อมูลนำเข้าในชั้นนำเข้า ซึ่งกำหนดให้เท่ากับ 278 โหนดตามคุณสมบัติที่อธิบายข้อมูล
- จำนวนโหนดเซลล์ประสาทเทียมในชั้นซ่อน ซึ่งมีจำนวนขึ้นอยู่กับการทดลองและประสิทธิภาพการทำงานของแบบจำลอง โดยเริ่มต้นให้เท่ากับ 1 โหนดแล้วเพิ่มครั้งละหนึ่งโหนดจนกว่าจะได้โครงข่ายที่ทำงานได้ประสิทธิภาพสูงสุด
- จำนวนโหนดเซลล์ประสาทเทียมในชั้นผลลัพธ์ซึ่งให้เท่ากับ 1 โหนด โดยผลลัพธ์ได้แก่ 1 คือเป็นโรคมะเร็ง หรือ 0 คือไม่เป็นโรคมะเร็ง
- ฟังก์ชันกระตุ้นที่ใช้ประมวลผลในโหนดเซลล์ประสาทเทียม ซึ่งใช้ฟังก์ชันกรีน (Green's function) สำหรับโหนดในชั้นซ่อน และฟังก์ชันเชิงเส้น (Linear function) สำหรับโหนดในชั้นผลลัพธ์
- ค่ารัศมีฟังก์ชันฐานหลักที่แผ่รัศมี (spread) เริ่มต้นเท่ากับ 1 แล้วปรับเพิ่มขึ้นหรือลดลงครั้งละ 0.2 จนกว่าจะได้โครงข่ายที่ทำงานได้ประสิทธิภาพสูงสุด
- เป้าหมายค่าความผิดพลาดกำลังสอง (Mean square error) เท่ากับ 0.001

เมื่อปรับโครงสร้างและคำนวณผลลัพธ์ของโครงข่ายแล้วได้ผลการทำงานดังแสดงในตารางที่ 4.4-4.6 โดยพบว่าแบบจำลองโครงข่ายประสาทเทียมแบบฟังก์ชันฐานหลักที่แผ่รัศมีที่กำหนดค่ารัศมีเท่ากับ 1 ให้ความถูกต้องในการวิเคราะห์การเป็นโรคมะเร็งมากที่สุด

ตารางที่ 4.4 ความถูกต้องของการวิเคราะห์การเป็นโรคมะเร็ง
ด้วยแบบจำลองโครงข่ายประสาทเทียมแบบฟังก์ชันฐานหลักที่แผ่รัศมี

จำนวนโหนดในชั้นซ่อน	ค่ารัศมีฟังก์ชันฐานหลักที่แผ่รัศมี (spread)	ข้อมูลชุดฝึกสอน	ข้อมูลชุดทดสอบ
540	1	99.63%	97.78%
540	0.8	99.63%	94.07%
540	1.2	99.63%	77.04%

ตารางที่ 4.5 ความผิดพลาดของการวิเคราะห์การเป็นโรคมะเร็งจากชุดข้อมูลฝึกสอน
ด้วยแบบจำลองโครงข่ายประสาทเทียมแบบฟังก์ชันฐานหลักที่แผ่รัศมี

จำนวนโหนดในชั้นซ่อน	ค่ารัศมีฟังก์ชันฐานหลักที่แผ่รัศมี (spread)	False positive	False negative
540	1	0.19%	0.18%
540	0.8	0%	0.37%
540	1.2	0%	0.37%

ตารางที่ 4.6 ความผิดพลาดของการวิเคราะห์การเป็นโรคมะเร็งจากชุดข้อมูลทดสอบ
ด้วยแบบจำลองโครงข่ายประสาทเทียมแบบฟังก์ชันฐานหลักที่แผ่รัศมี

จำนวนโหนดในชั้นซ่อน	ค่ารัศมีฟังก์ชันฐานหลักที่แผ่รัศมี (spread)	False positive	False negative
540	1	0%	2.22%
540	0.8	5.19%	0.74%
540	1.2	0%	22.96%

จากรายละเอียดการทดลองข้างต้นสามารถแสดงการเปรียบเทียบการออกแบบการทดลองเพื่อวิเคราะห์การเป็นโรคมะเร็งด้วยแบบจำลองโครงข่ายประสาทเทียมเพอร์เซปตรอนแบบหลายชั้นและแบบจำลองโครงข่ายประสาทเทียมแบบฟังก์ชันฐานหลักที่แผ่รัศมีดังตารางที่ 4.7

ตารางที่ 4.7 การออกแบบการทดลองเพื่อวิเคราะห์การเป็นโรคมะเร็ง

ข้อมูลสำหรับออกแบบการทดลอง	แบบจำลองโครงข่ายประสาทเทียมเพอร์เซปตรอนแบบหลายชั้น	แบบจำลองโครงข่ายประสาทเทียมแบบฟังก์ชันฐานหลักที่แผ่รัศมี
จำนวนโหนดเซลล์ประสาทเทียมในชั้นนำเข้า	278	278
จำนวนโหนดเซลล์ประสาทเทียมในชั้นซ่อน	เริ่มต้นด้วย 30 โหนด	เริ่มต้นด้วย 1 โหนด
จำนวนโหนดเซลล์ประสาทเทียมในชั้นผลลัพธ์	1	1
ฟังก์ชันกระตุ้น	ฟังก์ชันซิกมอยด์	ฟังก์ชันกรีนและฟังก์ชันเชิงเส้น
อัตราการเรียนรู้	0.3	ไม่กำหนด
จำนวน epoch	30,000	ไม่กำหนด
ค่ารัศมีเริ่มต้นของฟังก์ชันฐานหลักที่แผ่รัศมี	ไม่กำหนด	1
เป้าหมายค่าผิดพลาดกำลังสอง	0.001	0.001
วิธีฝึกสอนโครงข่ายประสาทเทียม	ขั้นตอนวิธีการเรียนรู้แบบแพร่ย้อนกลับ	การคำนวณด้วยฟังก์ชันฐานหลักที่แผ่รัศมี

5. ผลของการวิจัยแบบจำลองวิเคราะห์ชนิดโรคมะเร็ง

การวิเคราะห์ชนิดโรคมะเร็งดำเนินการด้วยแบบจำลองโครงข่ายประสาทเทียมเช่นเดียวกับการวิเคราะห์การเป็นโรคมะเร็ง โดยประยุกต์ใช้โครงข่ายเพอร์เซปตรอนแบบหลายชั้น (Multi-Layer Perceptrons Network) เปรียบเทียบกับโครงข่ายประสาทเทียมแบบฟังก์ชันฐานหลักที่แผ่รัศมี (Radial Basis Function Network) แต่ใช้จำนวนข้อมูลตามที่แสดงในตารางที่ 3.4 พร้อมทั้งแบ่งข้อมูลออกเป็นสองชุดคือชุดข้อมูลฝึกสอน (training data set) จำนวน 758 คน และชุดข้อมูลทดสอบ (testing data set) จำนวน 191 คน ดังแสดงในตารางที่ 5.1

ตารางที่ 5.1 จำนวนข้อมูลฝึกสอนและทดสอบสำหรับสร้างแบบจำลองวิเคราะห์ชนิดโรคมะเร็ง

ชนิดโรค	ชุดข้อมูลฝึกสอน	ชุดข้อมูลทดสอบ
มะเร็งปอด	162	41
มะเร็งตับ	263	66
มะเร็งเต้านม	210	53
มะเร็งลำไส้ใหญ่	123	31
รวม	758	191

5.1 แบบจำลองโครงข่ายเพอร์เซปตรอนแบบหลายชั้น (Multi-Layer Perceptron Network Model) เพื่อวิเคราะห์ชนิดโรคมะเร็ง

การกำหนดโครงสร้างและพารามิเตอร์สำหรับแบบจำลองโครงข่ายเพอร์เซปตรอนแบบหลายชั้นเพื่อวิเคราะห์ชนิดโรคมะเร็งเป็นดังนี้

- จำนวนโหนดข้อมูลนำเข้าในชั้นนำเข้า ซึ่งกำหนดให้เท่ากับ 278 โหนดตามคุณสมบัติที่อธิบายข้อมูล
- จำนวนโหนดเซลล์ประสาทเทียมในชั้นซ่อน ซึ่งมีจำนวนขึ้นอยู่กับการทดลองและประสิทธิภาพการทำงานของแบบจำลอง โดยเริ่มต้นให้เท่ากับ 30 โหนด แล้วเพิ่มครั้งละหนึ่งโหนด
- จำนวนโหนดเซลล์ประสาทเทียมในชั้นผลลัพธ์ซึ่งให้เท่ากับ 4 โหนด โดยผลลัพธ์และการแปลผลได้แก่
  - 1000 คือโรคมะเร็งปอด

- 0100 คือโรคมะเร็งตับ
- 0010 คือโรคมะเร็งเต้านม
- 0001 คือโรคมะเร็งลำไส้ใหญ่

- ฟังก์ชันกระตุ้นที่ใช้ประมวลผลในโหนดเซลล์ประสาทเทียมซึ่งใช้ฟังก์ชันซิกมอยด์ (Sigmoid function)
- อัตราการเรียนรู้ (Learning rate) เท่ากับ 0.3
- เป้าหมายค่าความผิดพลาดกำลังสอง (Mean square error) เท่ากับ 0.001
- จำนวน epoch เท่ากับ 30,000

ผลการวิเคราะห์ชนิดโรคมะเร็งดังแสดงในตารางที่ 5.2-5.4

ตารางที่ 5.2 ความถูกต้องของการวิเคราะห์ชนิดโรคมะเร็ง
ด้วยแบบจำลองโครงข่ายเพอร์เซปตรอนแบบหลายชั้น

จำนวนโหนดในชั้นซ่อน	ข้อมูลชุดฝึกสอน	ข้อมูลชุดทดสอบ
30	92.88%	85.86%
31	91.16%	86.91%
32	92.74%	86.91%
33	90.37%	87.43%
34	91.95%	90.52%
35	91.69%	89.01%

ตารางที่ 5.3 ผลการวิเคราะห์ชนิดโรคมะเร็งจากชุดข้อมูลฝึกสอน
ด้วยแบบจำลองโครงข่ายเพอร์เซปตรอนแบบหลายชั้นด้วย 34 โหนดซ่อน

ชนิดโรค	ผลการวิเคราะห์ชนิดโรคมะเร็ง			
	มะเร็งปอด	มะเร็งตับ	มะเร็งเต้านม	มะเร็งลำไส้ใหญ่
มะเร็งปอด	158	2	2	0
มะเร็งตับ	10	238	0	15
มะเร็งเต้านม	0	0	208	2
มะเร็งลำไส้ใหญ่	1	28	1	93

ตารางที่ 5.4 ผลการวิเคราะห์ชนิดโรคมะเร็งจากชุดข้อมูลทดสอบ
ด้วยแบบจำลองโครงข่ายเพอร์เซปตรอนแบบหลายชั้นแบบ 34 โหนดซ่อน

ชนิดโรค	ผลการวิเคราะห์ชนิดโรคมะเร็ง			
	มะเร็งปอด	มะเร็งตับ	มะเร็งเต้านม	มะเร็งลำไส้ใหญ่
มะเร็งปอด	36	4	0	1
มะเร็งตับ	1	61	0	4
มะเร็งเต้านม	0	0	53	0
มะเร็งลำไส้ใหญ่	0	6	3	22

จากผลการวิเคราะห์ดังกล่าวพบว่าแบบจำลองโครงข่ายเพอร์เซปตรอนแบบหลายชั้นที่มี 34 โหนดในชั้นซ่อนมีความแม่นยำในการวิเคราะห์ชนิดมะเร็งจากข้อมูลชุดทดสอบมากที่สุด โดยวิเคราะห์มะเร็งเต้านมได้ถูกต้องมากที่สุดและวิเคราะห์มะเร็งลำไส้ใหญ่ได้ถูกต้องน้อยที่สุด

5.2 แบบจำลองโครงข่ายประสาทเทียมแบบฟังก์ชันฐานหลักที่แผ่รัศมี (Radial Basis Function Network Model) เพื่อวิเคราะห์ชนิดโรคมะเร็ง

การกำหนดโครงสร้างและพารามิเตอร์สำหรับแบบจำลองโครงข่ายประสาทเทียมแบบฟังก์ชันฐานหลักที่แผ่รัศมีเพื่อวิเคราะห์ชนิดโรคมะเร็งเป็นดังนี้

- จำนวนโหนดข้อมูลนำเข้าในชั้นนำเข้า ซึ่งกำหนดให้เท่ากับ 278 โหนดตามคุณสมบัติที่อธิบายข้อมูล
- จำนวนโหนดเซลล์ประสาทเทียมในชั้นซ่อน ซึ่งมีจำนวนขึ้นอยู่กับการทดลองและประสิทธิภาพการทำงานของแบบจำลอง โดยเริ่มต้นให้เท่ากับ 1 โหนดแล้วเพิ่มครั้งละหนึ่งโหนด จนกว่าจนกว่าจะได้โครงข่ายที่ทำงานได้ประสิทธิภาพสูงสุด
- จำนวนโหนดเซลล์ประสาทเทียมในชั้นผลลัพธ์ซึ่งให้เท่ากับ 4 โหนด โดยผลลัพธ์และการแปลผลได้แก่
  - 1000 คือโรคมะเร็งปอด
  - 0100 คือโรคมะเร็งตับ
  - 0010 คือโรคมะเร็งเต้านม
  - 0001 คือโรคมะเร็งลำไส้ใหญ่

- ฟังก์ชันกระตุ้นที่ใช้ประมวลผลในโหนดเซลล์ประสาทเทียม ซึ่งใช้ฟังก์ชันกรีน (Green's function) สำหรับโหนดในชั้นซ่อน และฟังก์ชันเชิงเส้น (Linear function) สำหรับโหนดในชั้นผลลัพธ์
- ค่ารัศมีฟังก์ชันฐานหลักที่แผ่รัศมี (spread) เริ่มต้นเท่ากับ 1 แล้วปรับขึ้นหรือลงครั้งละ 0.2 จนกว่าจะได้โครงข่ายที่ทำงานได้ประสิทธิภาพสูงสุด
- เป้าหมายค่าความผิดพลาดกำลังสอง (Mean square error) เท่ากับ 0.001

ผลการวิเคราะห์ชนิดโรคมะเร็งดังแสดงในตารางที่ 5.5-5.7 ซึ่งพบว่าแบบจำลองโครงข่ายประสาทเทียมแบบแบบฟังก์ชันฐานหลักที่แผ่รัศมีที่กำหนดค่ารัศมีฟังก์ชันฐานหลักที่แผ่รัศมีเท่ากับ 1 ให้ผลการวิเคราะห์ชนิดโรคมะเร็งถูกต้องที่สุด โดยมะเร็งตับถูกวิเคราะห์ได้ถูกต้องที่สุดในขณะที่มะเร็งลำไส้ใหญ่ถูกวิเคราะห์ได้ถูกต้องน้อยที่สุดจากชุดข้อมูลทดสอบ

ตารางที่ 5.5 ความถูกต้องของการวิเคราะห์ชนิดโรคมะเร็ง
ด้วยแบบจำลองโครงข่ายประสาทเทียมแบบฟังก์ชันฐานหลักที่แผ่รัศมี

จำนวนโหนดในชั้นซ่อน	ค่ารัศมีฟังก์ชันฐานหลักที่แผ่รัศมี (spread)	ข้อมูลชุดฝึกสอน	ข้อมูลชุดทดสอบ
758	1	98.55%	87.43%
758	1.5	98.55%	79.06%
758	1.3	98.55%	79.58%
758	0.8	98.55%	85.34%

ตารางที่ 5.6 ผลการวิเคราะห์ชนิดโรคมะเร็งจากชุดข้อมูลฝึกสอนด้วยแบบจำลอง
โครงข่ายประสาทเทียมแบบฟังก์ชันฐานหลักที่แผ่รัศมี ด้วย spread = 1

ชนิดโรค	ผลการวิเคราะห์ชนิดโรคมะเร็ง			
	มะเร็งปอด	มะเร็งตับ	มะเร็งเต้านม	มะเร็งลำไส้ใหญ่
มะเร็งปอด	162	0	0	0
มะเร็งตับ	1	259	0	3
มะเร็งเต้านม	2	0	208	0
มะเร็งลำไส้ใหญ่	2	3	0	118

ตารางที่ 5.7 ผลการวิเคราะห์ชนิดโรคมะเร็งจากชุดข้อมูลทดสอบด้วยแบบจำลองโครงข่ายประสาทเทียมแบบฟังก์ชันฐานหลักที่แผ่รัศมี ด้วย spread = 1

ชนิดโรค	ผลการวิเคราะห์ชนิดโรคมะเร็ง			
	มะเร็งปอด	มะเร็งตับ	มะเร็งเต้านม	มะเร็งลำไส้ใหญ่
มะเร็งปอด	38	3	0	0
มะเร็งตับ	1	64	0	1
มะเร็งเต้านม	0	3	50	0
มะเร็งลำไส้ใหญ่	1	14	1	15

จากรายละเอียดการทดลองข้างต้นสามารถแสดงการเปรียบเทียบการออกแบบการทดลองเพื่อวิเคราะห์ชนิดโรคมะเร็งด้วยแบบจำลองโครงข่ายประสาทเทียมเพอร์เซปตรอนแบบหลายชั้นและแบบจำลองโครงข่ายประสาทเทียมแบบฟังก์ชันฐานหลักที่แผ่รัศมีดังตารางที่ 5.8

ตารางที่ 5.8 การออกแบบการทดลองเพื่อวิเคราะห์ชนิดโรคมะเร็ง

ข้อมูลสำหรับออกแบบการทดลอง	แบบจำลองโครงข่ายประสาทเทียมเพอร์เซปตรอนแบบหลายชั้น	แบบจำลองโครงข่ายประสาทเทียมแบบฟังก์ชันฐานหลักที่แผ่รัศมี
จำนวนโหนดเซลล์ประสาทเทียมในชั้นนำเข้า	278	278
จำนวนโหนดเซลล์ประสาทเทียมในชั้นซ่อน	เริ่มต้นด้วย 30 โหนด	เริ่มต้นด้วย 1 โหนด
จำนวนโหนดเซลล์ประสาทเทียมในชั้นผลลัพธ์	4	4
ฟังก์ชันกระตุ้น	ฟังก์ชันซิกมอยด์	ฟังก์ชันกรีนและฟังก์ชันเชิงเส้น
อัตราการเรียนรู้	0.3	ไม่กำหนด
จำนวน epoch	30,000	ไม่กำหนด

ตารางที่ 5.9 การออกแบบการทดลองเพื่อวิเคราะห์ชนิดโรคมะเร็ง (ต่อ)

ข้อมูลสำหรับออกแบบการทดลอง	แบบจำลองโครงข่ายประสาทเทียมเพอร์เซปตรอนแบบหลายชั้น	แบบจำลองโครงข่ายประสาทเทียมแบบฟังก์ชันฐานหลักที่แผ่รัศมี
ค่ารัศมีเริ่มต้นของฟังก์ชันฐานหลักที่แผ่รัศมี	ไม่กำหนด	1
เป้าหมายค่าผิดพลาดกำลังสอง	0.001	0.001
วิธีฝึกสอนโครงข่ายประสาทเทียม	ขั้นตอนวิธีการเรียนรู้แบบแพร่ย้อนกลับ	การคำนวณด้วยฟังก์ชันฐานหลักที่แผ่รัศมี