令和3年度放射線対策委託費 (放射線安全規制研究戦略的推進事業費) 放射線安全規制研究推進事業

染色体線量評価のための AI自動画像判定アルゴリズム (基本モデル)の開発

国立研究開発法人量子科学技術研究開発機構 數藤由美子 (主任研究者)

課題名 染色体線量評価のためのAI自動画像判定アルゴリズム(基本モデル)の開発

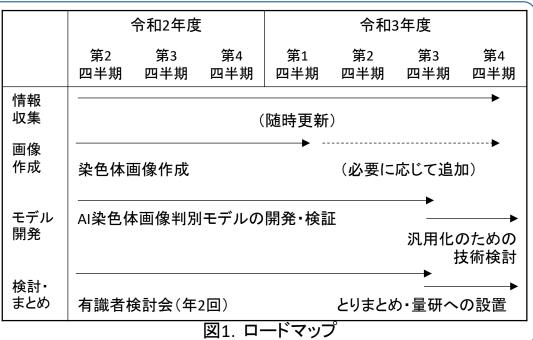
研究期間:令和2年度~令和3年度(2年間)

背景•目的

- 線量評価のための染色体異常判定の標準化および効率化を目指して、人工知能(AI)技術のひとつである深層学習法を基盤とした染色体画像自動判定モデルの開発を行う。
- 本事業で開発するモデルは量子科学技術研究開発機構(以下、量研)の基本モデルとする。汎用化に向けて、多様な染色体画像品質への対応やアプリケーション化のための技術検討を行う。

実施状況

- PNA-FISH画像と同一のメタフェーズの ギムザ画像のペア(2.0 Gy照射、2,638組) を追加作成した。
- ●量研の基本モデルを作成し、良好な性能を得た。染色体検査室の一般検査員と同等またはそれ以上の正確さで、1000細胞の解析に要する時間は1分以下、2.0 Gyトリアージ判定が可能であることを示すことができた。モデルを量研に設置した。
- 低品質標本を用いたFISH画像を用いて テストし、技術検討を行った。ユーザーを 考慮したアプリケーション化を検討した。



期待される成果

● AIの導入により、画像判定が1検体1000細胞につき1分以下で可能となった。大規模放射線事故における多検体トリアージ診断支援の大きな力となる。

研究実施体制

全体総括

數藤由美子(量研)

調査研究1: 染色体線量 評価および画像解析技術 に関する情報収集

- 〇 染色体線量評価 數藤由美子(量研)
- 〇解析技術 數藤由美子(量研)、 長田直樹(北海道大)

調査研究2: AI画像判別による線量評価法開発

- 教師データ等画像作成數藤由美子・穐山美穂(量研)、平井百樹(東京大)
- AI染色体判別モデル開発: 數藤由美子(量研)、(株)エルピクセル(外部委託)
- 〇 線量評価試験: 數藤由美子(量研)
- 〇 検討委員:

[AI関連]野里博和(産総研)、瀧川一学(理研)、 長田直樹(北海道大)

[物理線量評価] 栗原治(量研)

[被ばく医療] 富永隆子(量研)

[災害シミュレーション] 市川学(芝浦工大)

[統計] 江藤亜紀子(保健医療科学院)

[染色体研究]平井百樹(東京大)

研究概要(1) 背景と目的

染色体線量評価では、あらかじめ線量と染色体異常頻度から成る検量線を作成し、患者の末梢血リンパ球の染色体異常頻度を当てはめて被ばく線量を推定する。染色体画像の作成までは装置の自動化により高速化されたが、画像判定は依然、検査者の目視観察による(患者1人当たりの判定に高度熟練者で実質30時間以かかる)。熟練者養成は困難で、また、検査者により判定基準にブレが生じている。大規模原子力災害等に備え、染色体異常の画像判定の標準化と効率化が最大で喫緊の課題である。

研究概要(1) 背景と目的 (つづき)

一方、近年、分子細胞遺伝学の発展により染色体の染色方法の選択肢が増えた。並行して人工知能(以下、AI)による画像識別手法の開発には目覚ましいものがある。主任研究者らは平成30・31年度本事業において、染色体画像判定におけるAI導入の有効性の検証を行い、この分野での先鞭をつけた。染色体線量評価において、PNA-FISH法を適用することにより、AI利用による染色体画像判定アルゴリズム開発が有望であることが示された(図2~4)。線量効果関係(検量線)も得られることが分かった。



図2. メタフェーズのギムザ染色画像 (一部)

染色体異常の判定が必ずしも容易 でない。

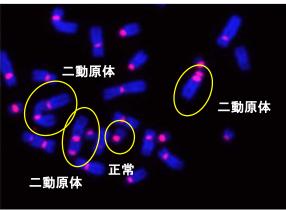


図3. メタフェーズのFISH画像(一部) 動原体領域: 赤色; 対比染色: 青色 図2と同一の標本でPNA-FISHを行った。 正確な染色体異常の検出、教師データ 作成が可能。

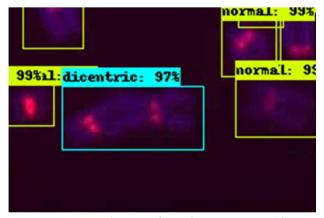


図4. AI自動画像判定により染色体 異常が検出されたFISH画像の例 (一部)

dicentric: 二動原体; normal: 正常;

%表示: 確度

研究概要(1) 背景と目的 (つづき)

以上の背景をふまえ、本研究では2年間で、AI技術のひとつである深層学習 法を基盤とした染色体画像自動判定モデルの開発を目標とする。

本事業で開発するモデルは、量研の基本モデルとし量研に設置する。これによりトリアージのための線量評価の画像判定が1検体につき約10分以下で可能となることを目指す。

加えて2年目後半には、汎用化に向けて、様々な品質の画像に対応するための技術検討、および他機関での利用を容易にするアプリケーション化のための技術検討を行う。

研究概要(2) 令和3年度実施事項

(1) 量研モデル作成(事業計画2/5)

- ① 教師用とテスト用の画像データを追加作成した。
- ② 令和2年度試作モデルをもとに、画像データを用いて訓練・検証・修正を行うことで基本モデルを作成した(量研に設置したAI画像解析PCに搭載・試用)。
- ③ 画像データ検討会(40回)(専門家1名が参加)および研究会合(2回)(本研究の協力者・参加者、各分野専門家検討委員)を開催して助言を得た。

(2) 汎用化のための検討(事業計画3/5)

*他の検査機関での使用を考慮した汎用化に向けて、多様な品質の画像やギムザ染色画像に対応するための技術検討やアプリケーション化のための技術検討を行った。

(3) 情報の更新・成果の公表・事業の進捗管理(事業計画1・4・5/5)

*本研究の推進にあたり、適宜、AI・画像解析技術・染色体線量評価法に関する情報収集、成果発表、進捗報告(月末報告書提出)を行った。

《補足》量研モデル作成の流れ

(1)画像データ作成

- ・PNA-FISH画像を作成。一部につきアノテーションを行い、教師データとした。 (注: 2021年1月モデルによるAI自動アノテーションにより、熟練観察者の判定作業時間を大幅に減じることができた。)
 - → 二動原体分析のAI自動画像判定アルゴリズム作成へ
- •同一細胞からギムザ染色画像およびそれに対応するPNA-FISH画像のペアを作成した。
 - → 本研究事業では、技術確立を果たし、画像作成するところまでで終了した。 令和4年度以降、汎用化研究に進む(注: 汎用化とは、ギムザ染色画像の二動原体自動 判定を指す。本研究事業における技術確立により、教師データとして、PNA-FISH画像を 用いることができる。PNA-FISH画像は、ギムザ染色の人目視観察による教師データより も正確で、判定再現性100%の教師データとなる。)

(2)モデルの性能向上

・アノテーション済み画像(教師データ)を、モデル作成用画像とモデル検証用画像に分けて使用し、モデルの性能評価と向上を行った。

(3)線量評価試験

- ・アノテーションを行っていない画像コレクションから、線量評価試験用画像を線量ポイントごとに70枚×3組取り置き、残りの画像を用いてAIによる自動判定を行って検量線を作成した。
- ・試験用画像をAIによって自動判定させた結果を、この検量線に当てはめて線量推定を行った。 (注:アノテーション済み画像から作成した検量線と同様な検量線が作成できた。機械学習を用いた線量評価では、検量線作成と染色体異常検出を同じ学習モデルで行うこと、その際それぞれの画像判定に人間による修正を加えない完全自動判定であることが重要である。)
- ・解析時間測定をした。

研究の進捗(1)

(1)画像データ作成

- ⁶⁰Co-ガンマ線2.0 Gy照射末梢血リンパ球染色体標本を用いてメタフェーズ画像を追加作成した(2,638枚)。(注:2.0 Gy以上照射すると死細胞や複雑な染色体異常をもつ細胞が増え、熟練者による判定が困難になり非効率的)
- 1) PNA-FISHの教師画像作成 * 15,311枚の画像コレクション
- → 0 Gy (12%), 0.50 Gy (15%), 1.0 Gy (17%), 2.0 Gy (29%), 3.0 Gy (18%), 4.0 Gy (9%); 二動原体染色体数1,562個、染色体断片数2,701個で、昨年度比それぞれ約1.5倍増)。
- 2) 同一細胞のFISH画像・ギムザ画像作成(特許申請のため詳細は非公開)
 - (現在 2,638組)
- → 令和4年度以降 汎用化の研究 開発で利用する (ギムザ染色 画像の対応へ)



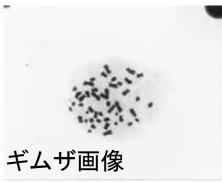




図5. 同一細胞の画像マッチング例

研究の進捗(2)

(2)AIアルゴリズム 量研モデルの開発と設置

- 量研モデルを開発・改良し、性能を向上させた。
 - → 染色体検出効率は一定してほぼ100%であったため、分類のミス(特に二動原体で)を課題として、分類性能を上げた(詳細は論文発表まで非公開)。

《改良の結果》

① 感度・精度が向上した。特に、二動原体の検出性能が良好になった。

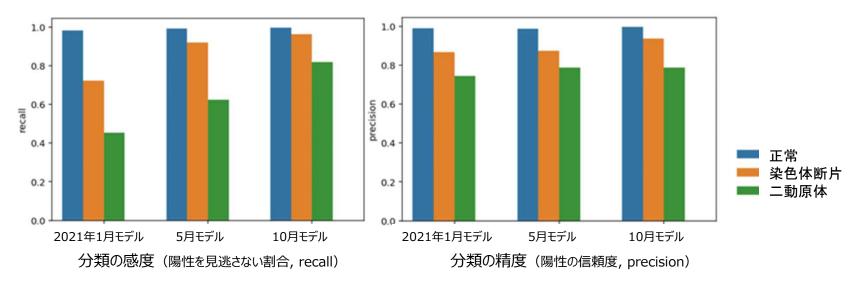


図6. AIモデルの感度と精度

[注:人目視観察の場合、二動原体および染色体断片の感度は0.95、0.95、精度は0.90、0.53(n=3)。]

研究の進捗(3)

《改良の結果》(つづき)

- ② 熟練者の判定を正解とした場合の 判定一致率が良好になった。特に 二動原体の一致率が上昇した。
- ③ 現状、2.0 Gyを超えたかどうかのトリアージ判定については1検体当たり70メタフェーズ以上を用いることで可能であることを確認した。

表1. 熟練者の判定を正解とした場合の判定一致率(%)

	二動原体	染色体断片
染色体検査者 (3名、経験年数は3ヶ月~ 20年超)	82.0±5.9	52.6±18.4
AI 2021年1月モデル	36.1	68.2
AI 2021年10月モデル	81.8	96.4

注:染色体検査者は熟練者(教師データが作成できるような診断確定責任者)を除いた。経験年数と判定一致率に相関が無かった(熟練度は年数に比例しない)のでひとつにまとめた。人目視判定とAI 1月モデルでは同一100メタフェーズを用いた。AI 10月モデルでは177メタフェーズを用いた。AI の判定再現率は100%のため誤差は無い。

- ④ 被ばく患者由来標本画像(2検体)に 試用し、トリアージ判定を行い、有用であることを確認した。
- 量研モデルを開発し、量研に設置した。
- *現スペックでは、1000細胞では約56秒、70細胞ではさらに少ない時間で判定できた。人目視観察の場合、約2000分(34時間)以上かかる。必要に応じて、複数台連結する等より高性能なPCを用意すれば更なる高速化が期待できる。

研究の進捗(4)

(3)汎用化のための技術検討

- 様々な品質の染色体画像への対応
- *QST・弘前大・福島医大・広島大・長崎大の染色体線量評価ラボ共通プロトコールに従い作成された、染色体凝縮の進んだ厚みのあるメタフェーズの画像(約2,000枚)について2021年5月モデルでテストした。熟練者目視観察が不採用とするメタフェーズを採用する率が上がり、特に染色体断片の判定性能が下がる傾向がみられた。
- *他の医用画像診断のAI利用研究報告にみられるように、染色体画像作成する機関ごとにファイン・チューニングを行う必要があるとおもわれる(脳腫瘍の画像対応でラボ当たり20枚の画像でファイン・チューニングが行われた例があるので、可能と考られるが、染色体の場合に要するチューニング用画像枚数は要検討)。ギムザ染色しかできないラボへの対応も、本研究で手法開発して得た同一細胞由来FISH画像・ギムザ画像を用いて開発可能である。
- 他機関での利用
- *本モデルではコンピュータ言語やコマンド入力の知識が必要。他機関に配布して利用する場合、ユーザーに使いやすいようなインターフェイスを開発することは可能。特定の機関で請け負って集中的に利用するという考え方もあり、可能性のある災害規模や需要を考慮し検討した。

研究の進捗(5)

(4)情報の更新、成果の公表、進捗管理

- 情報収集
- 1)人工知能EXPO(令和3年4月7日~4月9日、東京ビックサイト)
- 2) 第3回日本メディカルAI学会(令和3年6月11日~6月12日、オンライン開催)
- 3)日本人類遺伝学会第66回大会(令和3年10月14日~10月16日、オンライン開催)
- 4) ISO/TC85/SC2 (Radiological Protection) 会議, WG-18 (被ばく事故発生時の二動原体分析手順書の策定)、WG-25会議(被ばく事故・住民等対応手順書の策定)(令和3年9月7日~9月9日,令和4年2月・予定、オンライン開催)
- 5)文献・ウェブ情報探索(米・加グループによる二動原体解析自動化検討など) (注:参加予定していた国際学会1件は新型コロナウィルス感染症の影響により来年度に延期)
- 成果の公表 → スライド13参照
- 進捗管理 → 毎月末、POおよびPO補佐に報告書を提出

今年度の成果

1)原著論文:なし(作成中1報)

2) 学会発表: 中止 (国際学会1件がコロナ感染症の影響で延期)

3) その他: RCARO/AEANTOMプロジェクト「TECHNICAL REPORT: Guideline for Radioactivity Measurements in the Environment and Individual Dose Assessment following a Nuclear or Radiological Emergency」第3版、第8章「3. Biological Dosimetry」(p. 59 - 64)執筆。(RCARO and KIRAMS, 2021年10月刊行)。

4)その他: 国際標準化機構ISO/TC85/SC2(放射線防護関連)WG-18(バイオドシメトリー)の策定委員として参加(会議は2021年9月,2022年2月開催)。ISO 17099, ISO 19238の改訂に寄与。さらに新規課題「バイオドシメトリーの自動化に関する標準化」を立ち上げ2021年10月より策定委員として活動。

*参考業績: 関連研究として、原著論文1報、原著論文投稿4報、国際学会発表1題。

今年度の自己評価

1. 研究代表者(主任研究者)による自己評価

評価の視点	自己評価	コメント
評価時点までの実施が研究計画に沿って行われているか	2. 概ね計画通り	1) 二動原体分析による線量評価において、世界で初めて、AIを用いた自動画像判定ができることを示した。具体的には、 ●深層学習法などを利用した基本モデルを開発し、人と同等またはそれ以上という良好な性能を得た。 ●基本モデルを量研に設置した。現状のスペックではトリアージ判定(画像70枚)で1分かからず、画像1000枚は約56秒で判定できた。また、基本モデルをin vitro照射試料由来標本および被ばく者由来標本に試験適用して、2.0 Gy以上かどうかのトリアージ判定ができることを確認した。 4) 基本モデルを染色体線量評価担当5機関共通プロトコールで作成した標本画像に試験適用した。ラボによってファイン・チューニングが必要であることが示唆された。 5) 汎用化という点ではこのほかに、ギムザ染色しかできないラボのためのモデル開発、コンピュータ言語やコマンド入力に不慣れな人のためのインターフェース開発を検討した。

2. 分担研究者による自己評価 → (分担研究者 無し)

自己評価・コメントへの補足(成果のまとめ)

本研究では、以下の成果を得た。

- 1)深層学習法を利用した基本モデルを開発し、染色体検査者による目視判定と同等またはそれ以上という良好な性能を得た。人の場合、個人の資質や解析状況により、安定した正しい判定ができず、本来は検査者1名につき1個の検量線を作成する必要がある。AIの場合、再現性100%であり、染色体画像判定の標準化および検量線の統一化・共有が可能であることが重要な利点である。
- 2) 基本モデルを量研に設置した。現状のスペック(ラボ用コンピュータ)では2.0 Gy以上か否かのトリアージ判定のために画像70枚で迅速判定ができ、画像1000枚でも56秒であった。基本モデルを被ばく者由来標本に試験適用してトリアージ判定に有用であることを確認した。基本モデルを染色体線量評価担当5機関共通プロトコールで作成した標本画像に試験適用した。ラボごとのファイン・チューニングか、あるいは、基本モデルに様々な品質の画像を大量に学習させることが必要であると考えられる。
- 3)汎用化という点ではこのほかに、ギムザ染色しかできないラボのためのモデル開発、コンピュータ言語やコマンド入力に不慣れな人のためのインターフェース開発を検討した。
- 4) AIの導入により、トリアージに資する染色体画像判定が1検体につき1分未満で可能となることが期待でき、大規模放射線事故における多検体トリアージ診断支援の大きな力となる。

年次評価結果

評価: B

委員からのコメント:

AI 画像判定の実現性に向けた研究の進展は認められるが、3種の染色体標本画像(マルチカラーFISH、PNAFISH、ギムザ染色)に対する適用性の確認(①)、二動原体に関する正答率が非熟練染色体検査者と同程度の約82%に留まっている原因(②)及び国内の染色体線量評価関連研究機関への普及を目指した戦略(③)についても言及されたい。

①3種の染色体標本画像(マルチカラーFISH、PNAFISH、ギムザ染色)に対する適用性の確認

本研究事業で開発した学習モデルでは、PNA-FISH画像を用い、PNA-FISHによって検出される二動原体および染色体断片を自動判定する。二動原体分析による線量評価に適用する。

本モデルは、現状、マルチカラーFISH画像、ギムザ染色画像の判定には適用できない。

【以下、補足説明】

ギムザ染色に対しては、手法の世界的は普及度からいって、また不測の事態と被ばく事故が重なった場合に備えて、対応したいと考えている。本研究により、単一染色画像(DAPI、ギムザなど)での染色体検出が可能であることが示されたので、良質な教師データが得られればAIモデル開発が可能である。本稿、図2~4で示すように、ギムザ染色では正確な教師データ作成が困難で、熟練者の多大な時間と労力も要する。そこで、開発戦略として、1)本研究の基本モデルを適用して作成したPNA-FISH画像を教師データとし、2)PNA-FISH画像と同一の細胞のギムザ染色画像を判定する学習モデルを開発する、となる。2)で使用するギムザ画像の作成法は本研究事業において確立し、既に画像作成を始め、約2600組を得ている。AIのモデル開発に成功すれば、PNA-FISHでなくギムザ染色による二動原体分析が可能となる。

(次ページへ続く)

(①、補足説明 続き)

マルチカラーFISHは線量評価にも利用できるが、試薬が高額なため、むしろ被ばく後または長期追跡調査において疾病に結びつく染色体異常の検出(核型分析)に用いられる。主として交換型染色体異常が対象になるので、本研究で開発できた学習モデルの染色体検出段階はほぼそのまま適用できる。染色体異常を分類させる(異なる2色が隣り合う染色体の検出をさせる)段階についてモデル開発を行う必要がある。なお、本研究代表者は、環境省委託研究事業(令和4~6年度)により、その基本となる3カラーFISHに対するモデル開発を行う。3カラーFISHで検出される二動原体と転座を用いることで、緊急時および遡及的な線量評価が可能となるが、加えて、患者の長期追跡調査における染色体異常のスクリーニングを行うことができると考える。3カラーからマルチカラーへの拡大は技術的に容易と予想している。

②二動原体に関する正答率が非熟練染色体検査者と同程度の約82%に留まっている原因

本研究で、「非熟練」という言葉は、技術レベルを、本研究において教師データ作成を担当した熟練者と区別するために用いている。具体的には、非熟練者とは染色体線量評価ラボにおける一般検査員を指す。熟練者とは単独でも再現性の高い正確な判定ができ、各ラボの染色体分析の最終診断確定を担う責任者クラスの能力をもつ人である。国内でも世界的に見ても、染色体線量評価の各ラボに1名程度しかいない。なお、本研究の調査で、一般検査員の染色体分析の正確さは、経験年数に比例しないことが分かった(各人の集中力、学習・知識、関心度が関わると考えられる)。以上から、本研究で得られたモデルは二動原体について一般検査員と同等か(誤差範囲からいって)それ以上の判定レベルにあると言え、他の医用画像判定のAI開発研究報告から見ても、現時点のAI技術で最良レベルに達している可能性はある。なお、染色体断片は一般検査員以上の成績であった(本稿、表1参照)。

本研究では、さらに性能を良くするため、原因を検討し、以下の戦略を採った。本研究のモデルの染色体異常の分類性能が熟練者(教師データ作成者)に劣る一つの原因は、染色体同士の重なりにあった。これは、標本に播種する細胞密度を下げてメタフェーズの広がりを良くすること、1画像中に検出された染色体数が42~50個の画像のみをデータとして採択することで現状まで改善した(図6および表1)。(次ページに続く)

(②、つづき)

もう一つの原因として、教師データ作成の、すなわちアノテーションを行う(画像上に、染色体の位置と種類を記録する)方法が、1個の染色体を1個の矩形で囲むことにあると考えられた。本研究の深層学習で用いたCNN(畳み込みニューラルネットワーク)では、畳み込みを重ねるごとに細かい情報が失われていく。そこに含まれる情報や、画像上、より遠くにある(染色体をぎりぎり囲む矩形の外にある)人間の目では分からないような情報が、分類性能を上げる鍵になる可能性が、本研究の検討委員の知見や学会報告から指摘された。本研究でも最近発展した別の公開アルゴリズムを追加導入し試した。染色体画像判定にかかる時間はアルゴリズムを追加しても同じく1000細胞で1分弱であり、モデル追加による時間的損失は無かった。ただしこの方法ではより多くの教師データを必要とするため、本研究事業終了後のさらなる教師データの追加によるモデル改良をまつこととなった。

なお、本研究の基本モデルの運用上、一致率82%をさらに上げることが必須とは限らない。染色体線量評価では、安定した判定能力があることが重要である。判定結果の一部に誤判定が含まれても、判定再現性が高ければ、安定した検量線と安定した観察データが得られ、線量評価の再現性は高くなる。人目視観察では再現性が安定しないので検量線が共有できず、熟練者の養成も困難である。AIでは再現性100%なので、判定基準、判定結果、検量線が同モデル使用者間で統一化・共有できる。基本モデルの線量評価繰り返し試験でも線量評価の安定性が示された。

③国内の染色体線量評価関連研究機関への普及を目指した戦略

1) 染色体画像の品質多様性への対策(モデルの改良方法)

本研究の目標は量研基本モデル開発だが、品質多様性への対応検討として、QST・弘前大・福島医大・広島大・長崎大の染色体線量評価ラボ共通プロトコールに従い作成された、染色体凝縮の進んだ厚みのあるメタフェーズの画像(約2,000枚)について2021年5月モデルでテストした。熟練者目視観察が不採用とするメタフェーズを採用する率が上がり、特に染色体断片の判定性能が下がる傾向がみられた。

検討委員の指摘により、今後の開発として2つの可能性があることがわかった。ひとつの方法は、他のAIによる医用画像診断開発の学会報告にみられるように、染色体画像作成機関ごとにファイン・チューニングを行うことである。しかしながら必ずしも最善であるとはいえないという経験意見もある。統一化した標本作製プロトコールを用いても、患者の血液状態によっては得られる画像の低品質化が起こる。そこで別の方法として、量研モデルに対してより多様な画像を用いて学習させ、モデル改訂をしていくことが検討された。両方法を試すには、線量評価部会の染色体グループとして既に連携研究・検査を継続中の5センターに対して本研究への協力を依頼し、多様な品質の画像を集めてモデルの改訂を行うことは一案である。

(次ページに続く)

(③、つづき)

2)モデルの運用(提供または管理・更新)、インターフェイスの開発

検討委員の解説によれば、AI専門家無しに(Pythonを学んだ程度では)モデル管理は難しいとのことだった。例えばPythonやここで組み合わせて用いている様々なアルゴリズム等はしばしば新たなバージョンに更新され、全く使えなくなることがある。AI専門家不在の機関が用いる場合、ある時点のセットで固定し使用してもらうしかないだろうということである。大事故に備え染色体判定の標準化・均質化をはかるためにも、量研でモデルの一括管理と改良・更新版の提供を行うのが最善である。

5センター間で画像データや判定結果等を共有・授受する方法として、線量評価部会全体での情報伝達ネットワークシステムの導入が難しい場合、染色体グループのネットワークシステム導入が検討できる。具体的には、全機関保有の同じ顕微鏡システムに対し、最近入手可能となった、MetaSystems社のアプリケーション「NEON」を導入することで、情報管理(画像データの共有、連絡のチャット)が可能となる。

なお、インターフェイス開発の要不要は、予算と普及の方法による。量研で画像 データ回収を行い、染色体画像判定や線量評価を一括実行するのであれば開発は 不要、各機関で使用する場合はユーザーからの要望が強ければ開発し、50万円程 度かかる見込みである。

研究成果の放射線規制及び放射線防護分野への活用

AIの導入により、検量線作成および画像判定が、再現性100%、同一基準で行うことができるようになった。現モデルのスペックでは、1検体1000細胞につき1分以下で染色体判定が可能であり、2.0 Gy以上か否かの判定ができる。大規模放射線事故における多検体トリアージ診断支援の大きな力となる。

今後の運用にあたり、量研が責任機関として本モデルを維持管理し、また向上させて バージョンアップしていくことが望ましい。情報共有・伝達ネットワークを強化することで、5 センター間の連携・協力を一層強め、画像データ(医用データに相当)の授受を容易にし、 様々な品質への対応するモデル改良や、実際の原子力災害等事故発生時の連携(染色 体分析・線量評価連携)を高めることが望まれる。

本研究事業で令和2年度に開発した長期凍結保存リンパ球へのPNA-FISH法と組み合わせることで、緊急時作業者の事故対応前の状態を保管したり(バックグラウンド検査)、全患者の同時染色体検査を行うのでなく予測される必要度とラボの対応可能な規模に応じて染色体分析を実施したりすることができる。

将来的には本研究成果を元に3カラーFISH法やマルチカラーFISH法に適用可能なモデル開発を行うことで、災害・事故発生後1ヶ月以上経った被ばく患者(候補者)の遡及的線量評価や、長期追跡調査(染色体異常モニタリング/スクリーニング)にも適用できる。