

放射線安全規制研究戦略的推進事業費

[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]事業

令和 3 年度 事業成果報告書

令和 4 年 3 月

国立研究開発法人 量子科学技術研究開発機構

本報告書は、国立研究開発法人 量子科学技術研究開発機構が実施した「令和3年度放射線安全規制研究戦略的推進事業費[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]事業」の成果を取りまとめたものです。

## 目次

1. 研究の背景と目的	4
2. 研究の概要	8
3. 研究の成果	10
4. 今後の展望	10
5. 成果発表	10
6. 文献	12
7. 資料	
7-1. 事業概要資料	14
7-2. 研究計画書	15
7-3. 研究会合 議事録	18
7-4. 画像検討会 議事録	20
7-5. 情報収集(学会報告)	63
7-6. 情報収集(論文調査)	74
7-7. 現有顕微鏡システムにおける画像情報	79
7-8. AI 研究用コンピュータの構成・スペック	81
7-9. エルピクセル株式会社概要	82

## 1. 研究の背景と目的

(注:令和2年度 事業成果報告書と共通)

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。特に、二動原体染色体異常[参考図1]の生成頻度に基づく分析法(二動原体分析法)は、鋭敏で最も信頼性の高い生物学的線量評価法として国際的に標準化されている[文献1, 2, 3]。実際に、旧・放射線医学総合研究所、現・量子科学技術研究開発機構(以下、量研機構)では東京電力福島第一原子力発電所事故(2011年)で緊急時作業員の線量評価を実施し、被ばく医療に貢献した[文献4]。

二動原体染色体異常の生成頻度は個人差が小さく、かつ、バックグラウンド値が非常に低い(1000メタフェーズ当たり0~1個)。このため、直近の放射線被ばくの影響を反映するといえる。メタフェーズ1個当たりの二動原体頻度はポアソン分布にしたがうため、観察すべきメタフェーズ数は線量が低いほど大きくなる。患者1人につき、1000メタフェーズまたは二動原体染色体100個以上を観察することが国際的に推奨されて、さらに、患者1人につき、2名以上の染色体検査担当者によるブラインドテスト形式で染色体異常検出をすることが推奨されている[文献1, 2, 3]。

2010年頃までには、血液検体から染色体画像を作成するまでの過程が、装置の自動化により高速化された。染色体画像の解析自動化の開発は、この10年で、画像解析条件のパラメータを人間が設定する従来型の機械学習法によって行われてきているが、今なお実用段階には無い。具体的には、顕微鏡画像解析の自動化[文献5, 6, 7, 8]や、フローサイトメトリーにCCDカメラによるフロー撮影を結びつけた検出と解析の迅速化[文献9]が試みられている。

画像判定は依然、検査者の目視観察によっているのであるが、患者1人当たりの判定に高度熟練者で実質30時間以上かかる。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ることが知られている。長年、国際的に訓練が実施されてきたが、染色体異常の判定基準のラボ間・検査者間の変動が未だに大きいのである。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といえる。

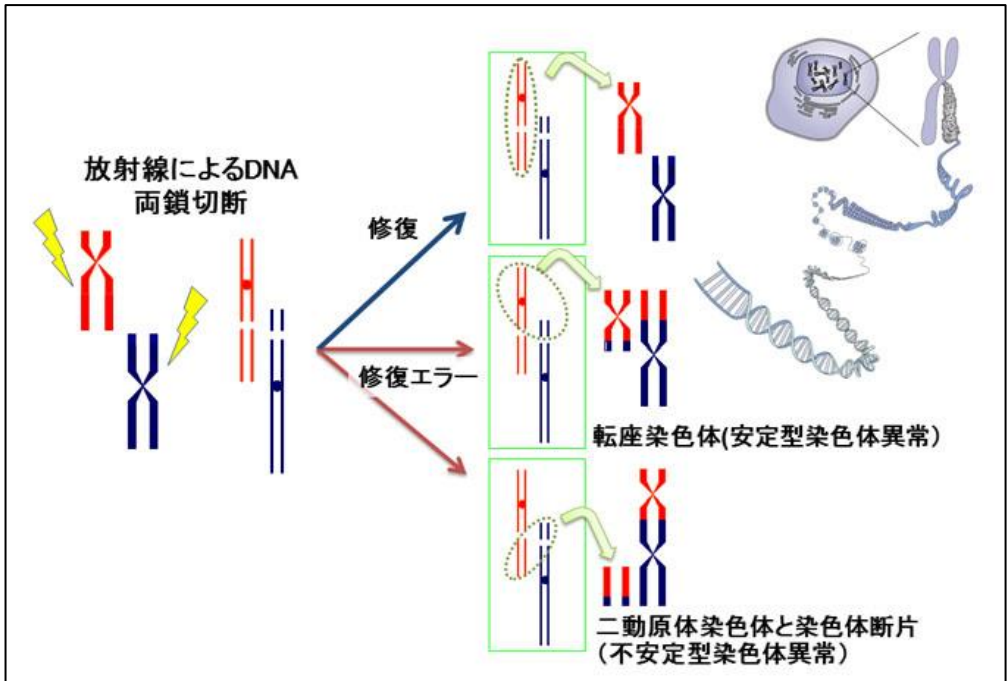
一方、近年、分子細胞遺伝学の発展により染色体の染色方法の選択肢が増えた。並行して人工知能(以下、AI)による画像識別手法の開発には目覚ましいものがある。

主任研究者らはフィージビリティ・スタディとして染色体画像判定におけるAI導入の有効性検証を行い(平成30・31年度放射線安全規制研究推進事業、課題名:染色体線量評価手法の標準化に向けた画像解析技術に関する調査研究)、この分野での先鞭をつけた。染色体線量評価において、AI利用による染色体画像判定アルゴリズム開発が非常に有望であることが示唆されたのである[参考図2, 3]。重要かつ特徴的なのは、ゲノムの塩基配列の相同性に基づいて動原体領域を短時間で染め分けることのできる、蛍光標識ペプチド核酸(peptide nucleic acid, PNA)プローブを用いた蛍光 *in situ* ハイブリダイゼーション(fluorescence *in situ* hybridization, FISH)法(以下、PNA-FISH)[文献10]を併用することで、主観や習熟度の差に影響されない、しかも効率の良い、正確な教師画像データを作成することに成功したことである[参考図2]。

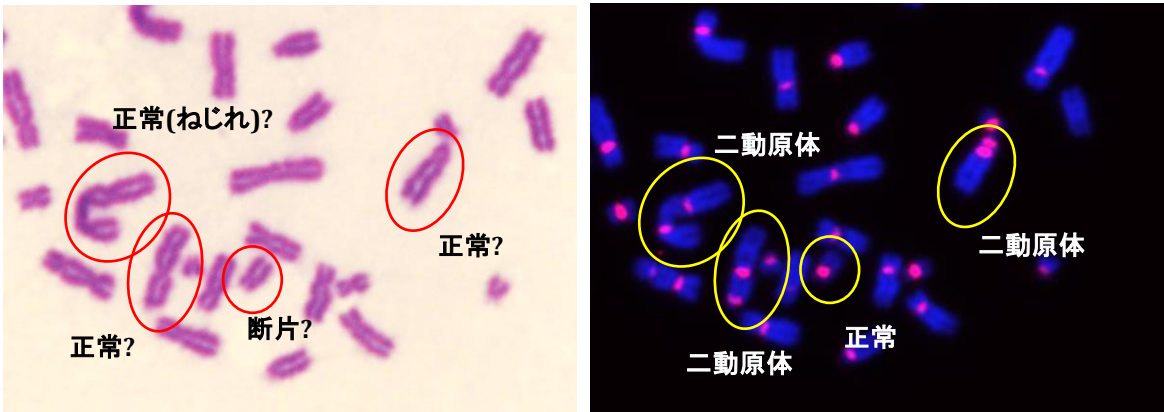
以上の背景をふまえ、本研究では2か年で、AI技術のひとつである深層学習法を基盤とした染色体画像自動判定モデルの開発を目標とした。本事業で開発するモデルは、量子科学技術研究開発機構の基本モデルとし設置する。これにより、トリアージのための線量評価の画像判定が1検体につき約10分以下で可能となる。加えて2年目後半には、汎用化に向けて、様々な品質の画像に対応するための技術検討、および、他機関での利用を容易にするギムザ染色画像の適用やアプリケーション化のための技術検討を行う。

AIによる画像識別の開発では、学習用の正解付き画像(以下、教師データ)の正確さと作成者の高い信頼性が最重要視されている。主任研究者らは染色体技術について国際的に高い評価を得ており、また量子科学技術研究開発機構(以下、量研)は国立研究機関として設備や人材の完備・維持がなされることから、長期間安定して信頼性の高い開発モデルの運用・管理・性能向上が提供できる。

研究に当たっては、主任研究者が中心となって画像データを作成し、AIの医用画像解析利用で高い実績のある外部機関と共同でモデル開発を行う。その評価・検討においては諸分野の専門家の協力を得る。人由来試料から取得した画像ファイルを利用するため、倫理委員会承認手続き・試料提供者同意取得確認等を行った試料を用いる。

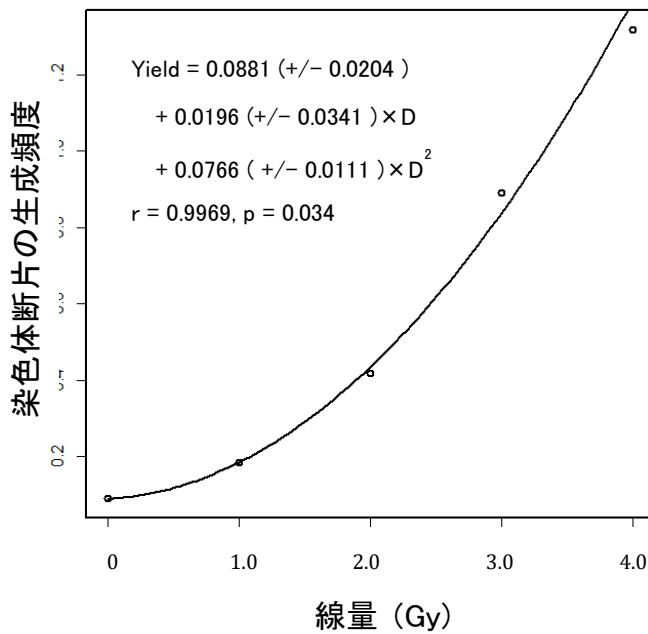
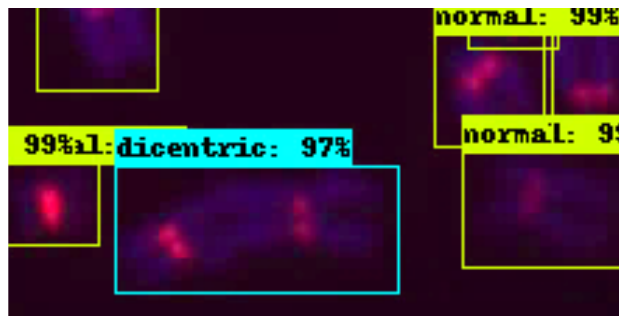


参考図1. 放射線被ばくによる染色体異常の生成  
(QST e-learning を改変)



参考図2. 同一メタフェーズの部分図  
ギムザ染色像(左)とPNA-FISH像(右)。PNA-FISHを用いれば、ギムザ染色より正確に染色体異常の判定ができるため、正確な教師画像が作成できることを示している。

注:「染色体線量評価手法の標準化に向けた画像解析技術に関する調査研究」令和元年度報告書より改変。



参考図3. AI 自動画像判定によりメタフェーズ(上)(部分表示)から検出された染色体断片を指標とした検量線(下)

dicentric: 二動原体; normal: 正常; %表示: 確度。染色体断片を指標にすることができれば、二動原体染色体を指標とした場合より精度が高い可能性が示された。

注: 「染色体線量評価手法の標準化に向けた画像解析技術に関する調査研究」令和元年度報告書より改変。

## 2. 研究の概要

### 【目的】

本研究では、2か年で、染色体異常を指標とする被ばく線量評価において、染色体異常の画像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の基本モデルとして量研に設置する。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。

### 【前年度までの進捗】

フィージビリティ・スタディ(平成30年度・令和元年度)では、染色体画像判定におけるAI導入の有効性検証を行い、染色体線量評価において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強く示唆された。

令和2年度(1年目)は、まず、フィージビリティ・スタディで示唆された線量評価の指標となり得る染色体異常について検証し、利用条件を明らかにし、以下の成果を得た。

1) 線量評価の指標となる染色体異常の条件を明らかにした。

- ・1回目分裂細胞の二動原体染色体
- ・1回目分裂細胞の染色体断片(世界で初めて証明)

(Y. Suto et al., 2021) [文献 11]

2) AIのアルゴリズムを開発した。(令和3年度継続)

- ・アルゴリズムのさらなる検討・開発を進め、各種評価値が向上した。

3) 同一標本でギムザ染色とPNA-FISHを行う技術、および同一細胞のギムザ画像とFISH画像のマッチング技術を確立した。



## 【令和3年度の成果】

+ 令和3年度(2年目)においては、研究計画書[7. 資料:7-2参照]にしたがい、研究開発、研究会合・画像検討会合[7. 資料:7-3, 4参照]、情報収集[7. 資料:7-5, 6参照]を実施し、以下の成果を得た。

- 1) 同一細胞の FISH 画像・ギムザ画像を追加作成した(2.0 Gy 照射サンプル、2638 組)。
- 2) 深層学習法を利用した基本モデルを開発し、**一般的な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、**染色体画像判定および検量線の統一化**が可能であることが重要な利点である。
- 3) 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**トリアージ判定のための画像 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。
- 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。**ラボごとのファイン・チューニングが必要か、あるいは、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。
- 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[上述 1)の技術が利用できる]、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。
- 6) 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。

### 3. 研究の成果

(省略)

### 4. 令和4年度の展望

(省略)

### 5. 成果発表

#### 5-1. 原著論文

なし(投稿中1報、準備中2報)

#### 5-2. 学会発表

なし。発表予定: EPR BioDose 2022 in Paris (2022年6月)

#### 5-3. 関連業績

##### 【論文】

1) Masahiro Satake, Yumiko Suto: Universal or selective irradiation: a comparison of approaches. *Transfusion and Apheresis Science*, 2022, Mar 10; 103403. doi: 10.1016/j.transci.2022.103403.

##### 【ガイドライン】

2) 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)

##### 【学会発表】

3) Yumiko Suto et al.: A preliminary report on retrospective dose assessment by FISH translocation assay in FDNPP Nuclear Emergency Worker Study (NEWS). EPR BioDose 2022 in Okayama (2022年3月28日～3月30日、オンライン発表参加)

#### 【国際協力】

4) 国際標準化機構 ISO/TC85/SC2 (Radiological Protection)、WG-18 (生物線量評価) 出席。

・2021年9月会議(2021年9月7日、9日、オンライン会議)

・2022年2月会議(2022年2月18日、オンライン会議)

① 「ISO 19238」および「ISO 17099」の改訂を行った。

② 新規課題候補に「染色体線量評価の自動化」が入った。

5) 国際標準化機構 ISO/TC85/SC2 (Radiological Protection)、WG-25 (被ばく事故・住民等対応) 出席。

・2021年9月会議(2021年9月8日、オンライン会議)

① 被ばく事故・住民等対応手順書作成。

以上。

## 6. 文献

- [1] International Atomic Energy Agency (IAEA). Cytogenetic dosimetry: Applications in preparedness for and response to radiation emergencies. Vienna: IAEA Publications. 2011.
- [2] ISO 19238: Radiological Protection – Performance criteria for service laboratories performing biological dosimetry by cytogenetics. Geneva: International Organization for Standardization (ISO) TC 85/SC 2; 2004.
- [3] ISO 21243: Radiation Protection – Performance criteria for service laboratories performing cytogenetic triage for assessment of mass casualties in radiological or nuclear emergencies - general principles and application to Dicentric Assay. Geneva: ISO TC 85/SC 2; 2008.
- [4] Suto Y, Hirai M, Akiyama M, Kobashi G, Itokawa M, Akashi M, Sugiura N. Biodosimetry of restoration workers for Tokyo Electric Power Company (TEPCO) Fukushima Daiichi Nuclear Power Station accident. *Health Physics* 105: 366–373, 2013.
- [5] Gruel G et al. Biological dosimetry by automated dicentric scoring in a simulated emergency. *Radiation Research* 179(5): 557–569, 2013. doi: 10.1667/RR3196.1.
- [6] Romm H et al. Automatic scoring of dicentric chromosomes as a tool in large scale radiation accidents. *Mutation Research* 756: 174–183, 2013. doi: 10.1016/j.mrgentox.2013.05.013.
- [7] Rogan PK et al. Radiation Dose Estimation by Automated Cytogenetic Biodosimetry. *Radiation Protection Dosimetry* 172: 207–217, 2016. doi: 10.1093/rpd/ncw161.
- [8] G. M. Ludovici et al.: Cytogenetic bio-dosimetry techniques in the detection of dicentric chromosomes induced by ionizing radiation: A review. *Eur. Phys. J. Plus* (2021).
- [9] Beaton LA et al. Analysis of chromosome damage for biodosimetry using imaging flow cytometry. *Mutation Research* 756: 192–195, 2013. doi: 10.1016/j.mrgentox.2013.04.002.

[10] Suto Y, Hirai M, Akiyama M, Suzuki T, Sugiura N. Sensitive and Rapid Detection of Centromeric Alphoid DNA in Human Metaphase Chromosomes by PNA Fluorescence In Situ Hybridization and Its Application to Biological Radiation Dosimetry. *Cytologia* 77: 261–267, 2012.

[11] Yumiko Suto, Takako Tominaga, Miho Akiyama, Momoki Hirai: Revisiting Microscopic Observation of Chromosomal Aberrations in Cultured Human Peripheral Blood Lymphocytes at the Second Mitotic Division after Gamma Irradiation In Vitro. *Cytologia* 86(1): 67–77, 2021.

## 7. 資料

### 7-1. 事業概要資料

<事業名>

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

<機関名>

国立研究開発法人 量子科学技術研究開発機構

<事業のポイント>

- ✓ 染色体異常を指標とする被ばく線量評価において、染色体異常の画像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。
- ✓ AI の導入により、画像判定が 1 検体(1000 細胞)につき 10 分以下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。
- ✓ 本事業で開発したモデルは、量子科学技術研究開発機構の基本モデルとする。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う。

<事業代表者名>

数藤 由美子 (量子科学技術研究開発機構 量子医学・医療部門  
高度被ばく医療センター 計測・線量評価部  
生物線量評価グループ、グループリーダー)

<共同実施者>

なし

## 7-2. 研究計画書

令和3年度放射線安全規制研究戦略的推進事業費  
[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]  
事業計画書

国立研究開発法人量子科学技術研究開発機構  
数藤 由美子

これまでの予備研究(AI 導入 Phase 1「フィージビリティ・スタディ」)から、AI の導入は大規模放射線事故における多検体トリアージ診断支援に有用であることが期待できた。そこで本研究では、染色体異常を指標とする被ばく線量評価において、染色体異常の画像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。本事業で開発したモデルは、量子科学技術研究開発機構の基本モデルとする。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う。

上記の目的を達成するため、令和3年度は次に示す項目を実施する。

### (1) 情報の更新

通年で染色体線量評価研究・AI 画像解析研究開発の動向を調査し、情報を随時更新する。(文献調査、関連学会などへの参加・情報収集3回を予定。ただしコロナの影響で学会は延期されることがある。)

### (2) AI 導入 Phase 2「実用化研究開発」

①令和2年度に引き続き、教師データと線量推定用の画像を作成する。画像データ作成において

は、画像データ検討会(週1回程度、計40回程度)(専門家1名が参加)を実施する。

②令和2年度に開発した試作モデルをもとに、①の画像データを用いて訓練を行う。

③訓練後モデルを量子科学技術研究開発機構に設置した AI 画像解析 PC にて検証を行い、検証データをもとにフィードバックし、再度モデルを作成する。

④③を繰り返し行い、基本モデルを作成する。

⑤本研究の協力者・参加者、検討委員(各分野専門家)により研究会合(2回)を開催して情報共有し、助言を得る。

(3) 汎用化のための検討

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う。

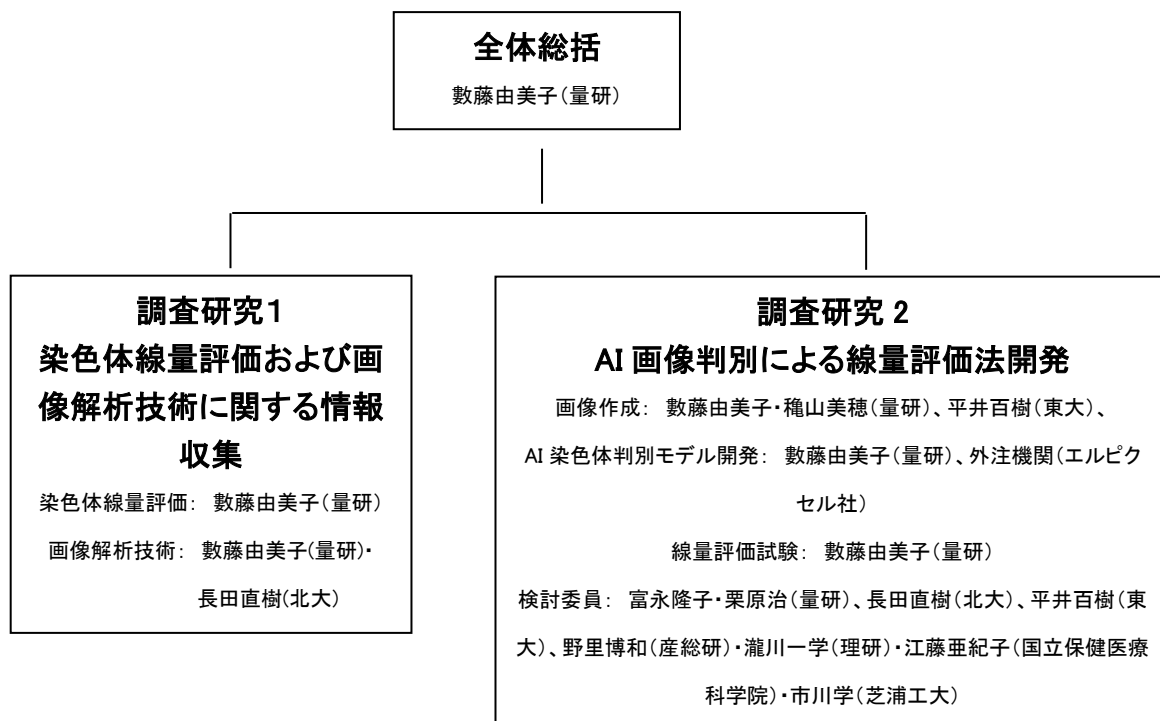
(4) 成果の公表

原子力規制庁が開催する成果報告会や論文投稿などにおいて、成果を報告する。

(5) 事業の進捗管理等

原子力規制庁並びにプログラムオフィサー(PO)及びPO 補佐に対し、研究班会議(事業当初、研究会合時、成果報告会の1ヶ月前頃)及び電子メール(月に1回程度)により、事業の進捗を報告するとともに、必要な助言を仰ぐ。特に、事業実施内容について疑問や変更すべき事項が生じた場合、PO 会合等を通じて報告し、その都度助言を仰ぐ。

<実施体制>







### 7-3. 研究会合 議事録

令和元年度放射線安全規制研究戦略的推進事業費  
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  
令和3年度第1回研究会合

#### 議事録

1. 日時・場所: 令和4年2月8日(火)10:00~12:00  
オンライン 開催(Microsoft Teams)

2. 議 題: ①年度末報告会予行(量研・数藤由美子)  
②特許取得について(量研・数藤由美子)  
③その他

3. 出席者: 瀧川一学(理研)、野里和博(産総研)  
数藤由美子、栗原治、富永隆子(量研)

3. 議事内容:

①年度末報告会予行

数藤(量研)により、2月14日原子力規制庁年度末報告会の予行練習が行われた。質疑応答において、瀧川氏よりデータセットの種類について質問があり、数藤が回答した。運用上の問題点について野里氏より経験をふまえた具体的なアドバイスがなされた。富永氏より、プレゼンテーションの時間配分についてアドバイスがなされた。

②特許取得について

企業との共同研究および特許のありかたについて、野里氏より経験をふまえた具体的なアドバイスがなされた。

③その他

数藤(量研)より、令和4年度からの2年間は環境省委託研究事業に採択されたことが公表された。

以上。

令和元年度放射線安全規制研究戦略的推進事業費  
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  
令和3年度第2回研究会合

議事録

1. 日時・場所: 令和4年2月21日(月)10:00~12:00

オンライン 開催(Microsoft Teams)

2. 議 題: ①研究成果 説明・質疑応答

(量研・数藤由美子、エルピクセル担当者)

②令和4年度以降の計画 その他(量研・数藤由美子)

3. 出席者: 瀧川一学(理研)、野里和博(産総研)、

市川学(芝浦工大)、長田直樹(北海道大)

数藤由美子、栗原治、富永隆子、穂山美穂(量研)

瀧野望、袴田和巳、神元健児(エルピクセル社)

オブザーバー参加:石井公太郎(量研)

3. 議事内容:

①研究成果 説明・質疑応答

数藤(量研)により、2か年の研究成果の概要説明がなされた。技術面における質疑応答において、瀧川氏よりデータの解像度について質問があり、数藤が回答した。野里氏、市川氏、瀧川氏、長田氏から、事前学習の有無ほか、具体的なアルゴリズム内容について質問があり、神元氏が回答した。運用上のAI管理について野里氏、瀧川氏より具体的な問題点と改善方法がアドバイスされた。富永氏、栗原氏により予算(委託元)による対象となる放射線事故の種類に制約が生じる可能性について説明がなされた。

②令和4年度以降の計画 その他

数藤(量研)より、年度末研究報告会における質疑応答内容および令和4年度環境省委託研究事業採択課題の研究計画内容について説明がなされた。

以上。

#### 7-4. 画像検討会 議事録

(注)

事業計画通り全 42 回、実施した。なお、新型コロナウイルス感染症拡大にともない、以下の 5 回を中止した。新型コロナウイルス感染状況が改善された 11 月以降、第 43 回～第 47 回として開催した。

第20回 令和3年8月 5日(木)11:00～15:00

第21回 令和3年8月11日(水)11:00～15:00

第22回 令和3年8月12日(木)11:00～15:00

第25回 令和3年8月25日(水)11:00～15:00

第26回 令和3年8月26日(木)11:00～15:00

令和元年度放射線安全規制研究戦略的推進事業費  
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  
令和3年度第1回画像検討会

議事録

1. 日時 令和3年6月3日(木) 11:00～15:00
2. 場所 量研機構 計測・線量評価部  
(千葉県稲毛区穴川 4-9-1 第3研究棟 L315 室)
4. 参加者 敷藤由美子(量研機構)(主任研究者)  
平井百樹(東京大学名誉教授)(検討委員)
5. 実施内容 1)被ばく者2名由来標本2枚のギムザ染色および画像撮影

以上。

令和元年度放射線安全規制研究戦略的推進事業費  
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  
令和3年度第2回画像検討会

議事録

1. 日時 令和3年6月4日(金) 11:00～15:00
2. 場所 量研機構 計測・線量評価部  
(千葉県稲毛区穴川 4-9-1 第3研究棟 L315 室)
4. 参加者 敷藤由美子(量研機構)(主任研究者)  
平井百樹(東京大学名誉教授)(検討委員)
5. 実施内容 1)被ばく者2名由来標本2枚の PNA-FISH 染色および画像撮影

以上。

令和元年度放射線安全規制研究戦略的推進事業費  
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  
令和3年度第3回画像検討会

議事録

1. 日時 令和3年6月9日(水) 11:00～15:00
2. 場所 量研機構 計測・線量評価部  
(千葉県稲毛区穴川 4-9-1 第3研究棟 L315 室)
4. 参加者 敷藤由美子(量研機構)(主任研究者)  
穂山美穂(量研機構)(研究参加者)  
平井百樹(東京大学名誉教授)(検討委員)
5. 実施内容 1)被ばく者2名由来標本2枚の PNA-FISH 染色および画像撮影  
(つづき)

以上。

令和元年度放射線安全規制研究戦略的推進事業費  
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  
令和3年度第4回画像検討会

議事録

1. 日時 令和3年6月10日(木) 11:00～15:00
2. 場所 量研機構 計測・線量評価部  
(千葉県稲毛区穴川 4-9-1 第3研究棟 L315 室)
4. 参加者 敷藤由美子(量研機構)(主任研究者)  
平井百樹(東京大学名誉教授)(検討委員)
5. 実施内容 1)被ばく者2名ギムザ染色画像 目視正解データ作成

以上。



令和元年度放射線安全規制研究戦略的推進事業費  
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  
令和3年度第5回画像検討会

議事録

1. 日時 令和3年6月16日(水) 11:00~15:00
2. 場所 量研機構 計測・線量評価部  
(千葉県稲毛区穴川 4-9-1 第3研究棟 L315 室)
4. 参加者 敷藤由美子(量研機構)(主任研究者)  
穂山美穂(量研機構)(研究参加者)  
平井百樹(東京大学名誉教授)(検討委員)
5. 実施内容 1)被ばく者2名 PNA-FISH 画像 目視正解データ作成

以上。

令和元年度放射線安全規制研究戦略的推進事業費  
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  
令和3年度第6回画像検討会

議事録

1. 日時 令和3年6月17日(木) 11:00～15:00
2. 場所 量研機構 計測・線量評価部  
(千葉県稲毛区穴川 4-9-1 第3研究棟 L315 室)
4. 参加者 数藤由美子(量研機構)(主任研究者)  
平井百樹(東京大学名誉教授)(検討委員)
5. 実施内容 1)被ばく者2名 PNA-FISH 画像 目視正解データ作成

以上。

令和元年度放射線安全規制研究戦略的推進事業費  
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  
令和3年度第7回画像検討会

議事録

1. 日時 令和3年6月23日(水) 11:00～15:00
2. 場所 量研機構 計測・線量評価部  
(千葉県稲毛区穴川 4-9-1 第3研究棟 L315 室)
4. 参加者 敷藤由美子(量研機構)(主任研究者)  
穂山美穂(量研機構)(研究参加者)  
平井百樹(東京大学名誉教授)(検討委員)
5. 実施内容 1) 被ばく者2名 AI自動判定結果と目視判定結果との比較検討

以上。

令和元年度放射線安全規制研究戦略的推進事業費  
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  
令和3年度第8回画像検討会

議事録

1. 日時 令和3年6月24日(木) 11:00～15:00
2. 場所 量研機構 計測・線量評価部  
(千葉県稲毛区穴川 4-9-1 第3研究棟 L315 室)
4. 参加者 敷藤由美子(量研機構)(主任研究者)  
平井百樹(東京大学名誉教授)(検討委員)
5. 実施内容 1) 被ばく者2名 AI自動判定結果と目視判定結果との比較検討  
(つづき)

以上。

令和元年度放射線安全規制研究戦略的推進事業費  
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  
令和3年度第9回画像検討会

議事録

1. 日時 令和3年6月30日(水) 11:00～15:00
2. 場所 量研機構 計測・線量評価部  
(千葉県稲毛区穴川 4-9-1 第3研究棟 L315 室)
4. 参加者 敷藤由美子(量研機構)(主任研究者)  
穂山美穂(量研機構)(研究参加者)  
平井百樹(東京大学名誉教授)(検討委員)
5. 実施内容 1)今後の画像準備についての検討  
2)0.5 Gy 画像作成 20 枚

以上。

令和元年度放射線安全規制研究戦略的推進事業費  
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  
令和3年度第10回画像検討会

議事録

1. 日時 令和3年7月2日(金) 11:00～15:00
2. 場所 量研機構 計測・線量評価部  
(千葉県稲毛区穴川 4-9-1 第3研究棟 L315 室)
4. 参加者 敷藤由美子(量研機構)(主任研究者)  
穂山美穂(量研機構)(研究参加者)  
平井百樹(東京大学名誉教授)(検討委員)
5. 実施内容 1)2.0 Gy 画像判定 20 枚

以上。

令和元年度放射線安全規制研究戦略的推進事業費  
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  
令和3年度第11回画像検討会

議事録

1. 日時 令和3年7月7日(水) 11:00~15:00
2. 場所 量研機構 計測・線量評価部  
(千葉県稲毛区穴川 4-9-1 第3研究棟 L315 室)
4. 参加者 敷藤由美子(量研機構)(主任研究者)  
穂山美穂(量研機構)(研究参加者)  
平井百樹(東京大学名誉教授)(検討委員)
5. 実施内容 1)2.0 Gy 画像判定 20 枚

以上。

令和元年度放射線安全規制研究戦略的推進事業費  
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  
令和3年度第12回画像検討会

議事録

1. 日時 令和3年7月8日(木) 11:00～15:00
2. 場所 量研機構 計測・線量評価部  
(千葉県稲毛区穴川 4-9-1 第3研究棟 L315 室)
4. 参加者 敷藤由美子(量研機構)(主任研究者)  
平井百樹(東京大学名誉教授)(検討委員)
5. 実施内容 1)2.0 Gy 画像判定 20 枚

以上。



令和元年度放射線安全規制研究戦略的推進事業費  
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  
令和3年度第13回画像検討会

議事録

1. 日時 令和3年7月14日(水) 11:00~15:00
2. 場所 量研機構 計測・線量評価部  
(千葉県稲毛区穴川 4-9-1 第3研究棟 L315 室)
4. 参加者 敷藤由美子(量研機構)(主任研究者)  
穂山美穂(量研機構)(研究参加者)  
平井百樹(東京大学名誉教授)(検討委員)
5. 実施内容 1)2.0 Gy 画像判定 20 枚

以上。

令和元年度放射線安全規制研究戦略的推進事業費  
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  
令和3年度第14回画像検討会

議事録

1. 日時 令和3年7月15日(木) 11:00～15:00
2. 場所 量研機構 計測・線量評価部  
(千葉県稲毛区穴川 4-9-1 第3研究棟 L315 室)
4. 参加者 敷藤由美子(量研機構)(主任研究者)  
平井百樹(東京大学名誉教授)(検討委員)
5. 実施内容 1)2.0 Gy 画像作成 標本4枚

以上。

令和元年度放射線安全規制研究戦略的推進事業費  
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  
令和3年度第15回画像検討会

議事録

1. 日時 令和3年7月20日(火) 11:00～15:00
2. 場所 量研機構 計測・線量評価部  
(千葉県稲毛区穴川 4-9-1 第3研究棟 L315 室)
4. 参加者 敷藤由美子(量研機構)(主任研究者)  
平井百樹(東京大学名誉教授)(検討委員)
5. 実施内容 1)2.0 Gy 画像判定 20 枚

以上。

令和元年度放射線安全規制研究戦略的推進事業費  
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  
令和3年度第16回画像検討会

議事録

1. 日時 令和3年7月21日(水) 11:00~15:00
2. 場所 量研機構 計測・線量評価部  
(千葉県稲毛区穴川 4-9-1 第3研究棟 L315 室)
4. 参加者 敷藤由美子(量研機構)(主任研究者)  
穂山美穂(量研機構)(研究参加者)  
平井百樹(東京大学名誉教授)(検討委員)
5. 実施内容 1)2.0 Gy 画像作成 標本4枚

以上。

令和元年度放射線安全規制研究戦略的推進事業費  
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  
令和3年度第17回画像検討会

議事録

1. 日時 令和3年7月28日(水) 11:00～15:00
2. 場所 量研機構 計測・線量評価部  
(千葉県稲毛区穴川 4-9-1 第3研究棟 L315 室)
4. 参加者 敷藤由美子(量研機構)(主任研究者)  
穂山美穂(量研機構)(研究参加者)  
平井百樹(東京大学名誉教授)(検討委員)
5. 実施内容 1)2.0 Gy 画像判定 20 枚  
2)論文化についての検討

以上。

令和元年度放射線安全規制研究戦略的推進事業費  
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  
令和3年度第18回画像検討会

議事録

1. 日時 令和3年7月29日(木) 11:00～15:00
2. 場所 量研機構 計測・線量評価部  
(千葉県稲毛区穴川 4-9-1 第3研究棟 L315 室)
4. 参加者 敷藤由美子(量研機構)(主任研究者)  
平井百樹(東京大学名誉教授)(検討委員)
5. 実施内容 1)2.0 Gy 画像判定 20 枚

以上。

令和元年度放射線安全規制研究戦略的推進事業費  
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  
令和3年度第19回画像検討会

議事録

1. 日時 令和3年8月4日(水) 11:00～15:00
2. 場所 量研機構 計測・線量評価部  
(千葉県稲毛区穴川 4-9-1 第3研究棟 L315 室)
4. 参加者 敷藤由美子(量研機構)(主任研究者)  
平井百樹(東京大学名誉教授)(検討委員)
5. 実施内容 1)2.0 Gy 画像作成 ギムザ染色 704 枚

以上。

令和元年度放射線安全規制研究戦略的推進事業費  
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  
令和3年度第23回画像検討会

議事録

1. 日時 令和3年8月18日(水) 11:00～15:00
2. 場所 量研機構 計測・線量評価部  
(千葉県稲毛区穴川 4-9-1 第3研究棟 L315 室)
4. 参加者 敷藤由美子(量研機構)(主任研究者)  
平井百樹(東京大学名誉教授)(検討委員)
5. 実施内容 1)2.0 Gy 画像作製 FISH 299 枚

以上。



令和元年度放射線安全規制研究戦略的推進事業費  
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  
令和3年度第24回画像検討会

議事録

1. 日時 令和3年8月19日(木) 11:00～15:00
2. 場所 量研機構 計測・線量評価部  
(千葉県稲毛区穴川 4-9-1 第3研究棟 L315 室)
4. 参加者 敷藤由美子(量研機構)(主任研究者)  
平井百樹(東京大学名誉教授)(検討委員)
5. 実施内容 1)2.0 Gy 画像作製 FISH 399 枚

以上。

令和元年度放射線安全規制研究戦略的推進事業費  
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  
令和3年度第27回画像検討会

議事録

1. 日時 令和3年9月10日(金) 11:00～15:00
2. 場所 量研機構 計測・線量評価部  
(千葉県稲毛区穴川 4-9-1 第3研究棟 L315 室)
4. 参加者 敷藤由美子(量研機構)(主任研究者)  
平井百樹(東京大学名誉教授)(検討委員)
5. 実施内容 1)2.0 Gy 画像判定 20 枚  
2)論文化についての検討

以上。

令和元年度放射線安全規制研究戦略的推進事業費  
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  
令和3年度第28回画像検討会

議事録

1. 日時 令和3年9月16日(木) 11:00～15:00
2. 場所 量研機構 計測・線量評価部  
(千葉県稲毛区穴川 4-9-1 第3研究棟 L315 室)
4. 参加者 敷藤由美子(量研機構)(主任研究者)  
平井百樹(東京大学名誉教授)(検討委員)
5. 実施内容 1)2.0 Gy 画像判定 20 枚  
2)論文化についての検討

以上。

令和元年度放射線安全規制研究戦略的推進事業費  
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  
令和3年度第29回画像検討会

議事録

1. 日時 令和3年9月29日(水) 11:00～15:00
2. 場所 量研機構 計測・線量評価部  
(千葉県稲毛区穴川 4-9-1 第3研究棟 L315 室)
4. 参加者 敷藤由美子(量研機構)(主任研究者)  
平井百樹(東京大学名誉教授)(検討委員)
5. 実施内容 1)2.0 Gy 画像判定 20 枚  
2)論文化についての検討

以上。

令和元年度放射線安全規制研究戦略的推進事業費  
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  
令和3年度第30回画像検討会

議事録

1. 日時 令和3年10月5日(火) 11:00～15:00
2. 場所 量研機構 計測・線量評価部  
(千葉県稲毛区穴川 4-9-1 第3研究棟 L315 室)
4. 参加者 敷藤由美子(量研機構)(主任研究者)  
穂山美穂(量研機構)(研究参加者)  
平井百樹(東京大学名誉教授)(検討委員)
5. 実施内容 1)2.0 Gy 画像判定 20 枚  
2)論文化についての検討

以上。

令和元年度放射線安全規制研究戦略的推進事業費  
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  
令和3年度第31回画像検討会

議事録

1. 日時 令和3年10月7日(木) 11:00～15:00
2. 場所 量研機構 計測・線量評価部  
(千葉県稲毛区穴川 4-9-1 第3研究棟 L315 室)
4. 参加者 敷藤由美子(量研機構)(主任研究者)  
平井百樹(東京大学名誉教授)(検討委員)
5. 実施内容 1)2.0 Gy 画像判定 20 枚  
2)論文化についての検討

以上。

令和元年度放射線安全規制研究戦略的推進事業費  
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  
令和3年度 32 回画像検討会

議事録

1. 日時 令和3年10月12日(火) 11:00～15:00
2. 場所 量研機構 計測・線量評価部  
(千葉県稲毛区穴川 4-9-1 第3研究棟 L315 室)
4. 参加者 敷藤由美子(量研機構)(主任研究者)  
平井百樹(東京大学名誉教授)(検討委員)
5. 実施内容 1)2.0 Gy 画像判定 20 枚  
2)論文化についての検討

以上。

令和元年度放射線安全規制研究戦略的推進事業費  
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  
令和3年度第33回画像検討会

議事録

1. 日時 令和3年10月14日(木) 11:00～15:00
2. 場所 量研機構 計測・線量評価部  
(千葉県稲毛区穴川 4-9-1 第3研究棟 L315 室)
4. 参加者 敷藤由美子(量研機構)(主任研究者)  
穂山美穂(量研機構)(研究参加者)  
平井百樹(東京大学名誉教授)(検討委員)
5. 実施内容 1)2.0 Gy 画像判定 20 枚  
2)論文化についての検討

以上。



令和元年度放射線安全規制研究戦略的推進事業費  
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  
令和3年度第34回画像検討会

議事録

1. 日時 令和3年10月21日(木) 11:00～15:00
2. 場所 量研機構 計測・線量評価部  
(千葉県稲毛区穴川 4-9-1 第3研究棟 L315 室)
4. 参加者 敷藤由美子(量研機構)(主任研究者)  
平井百樹(東京大学名誉教授)(検討委員)
5. 実施内容 1)2.0 Gy 画像判定 20 枚  
2)論文化についての検討

以上。

令和元年度放射線安全規制研究戦略的推進事業費  
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  
令和3年度第35回画像検討会

議事録

1. 日時 令和3年10月22日(金) 11:00～15:00
2. 場所 量研機構 計測・線量評価部  
(千葉県稲毛区穴川4-9-1 第3研究棟L315室)
4. 参加者 数藤由美子(量研機構)(主任研究者)  
平井百樹(東京大学名誉教授)(検討委員)
5. 実施内容 1)2.0 Gy 画像判定 20枚  
2)論文化についての検討

以上。

令和元年度放射線安全規制研究戦略的推進事業費  
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  
令和3年度第36回画像検討会

議事録

1. 日時 令和3年10月28日(木) 11:00～15:00
2. 場所 量研機構 計測・線量評価部  
(千葉県稲毛区穴川 4-9-1 第3研究棟 L315 室)
4. 参加者 敷藤由美子(量研機構)(主任研究者)(オンライン参加)  
穂山美穂(量研機構)(研究参加者)  
平井百樹(東京大学名誉教授)(検討委員)
5. 実施内容 1)2.0 Gy 画像判定 20 枚  
2)論文化についての検討

以上。

令和元年度放射線安全規制研究戦略的推進事業費  
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  
令和3年度第37回画像検討会

議事録

1. 日時 令和3年10月29日(金) 11:00～15:00
2. 場所 量研機構 計測・線量評価部  
(千葉県稲毛区穴川 4-9-1 第3研究棟 L315 室)
4. 参加者 敷藤由美子(量研機構)(主任研究者)  
平井百樹(東京大学名誉教授)(検討委員)
5. 実施内容 1)2.0 Gy 画像判定 20 枚  
2)論文化についての検討

以上。

令和元年度放射線安全規制研究戦略的推進事業費  
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  
令和3年度第38回画像検討会

議事録

1. 日時 令和3年11月4日(木) 11:00~15:00
2. 場所 量研機構 計測・線量評価部  
(千葉県稲毛区穴川 4-9-1 第3研究棟 L315 室)
4. 参加者 敷藤由美子(量研機構)(主任研究者)  
穂山美穂(量研機構)(研究参加者)  
平井百樹(東京大学名誉教授)(検討委員)
5. 実施内容 1)2.0 Gy 画像判定 20 枚  
2)論文化についての検討

以上。

令和元年度放射線安全規制研究戦略的推進事業費  
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  
令和3年度第39回画像検討会

議事録

1. 日時 令和3年11月5日(金) 11:00～15:00
2. 場所 量研機構 計測・線量評価部  
(千葉県稲毛区穴川 4-9-1 第3研究棟 L315 室)
4. 参加者 敷藤由美子(量研機構)(主任研究者)  
平井百樹(東京大学名誉教授)(検討委員)
5. 実施内容 1)2.0 Gy 画像判定 20 枚  
2)論文化についての検討

以上。

令和元年度放射線安全規制研究戦略的推進事業費  
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  
令和3年度第40回画像検討会

議事録

1. 日時 令和3年11月11日(木) 11:00～15:00
2. 場所 量研機構 計測・線量評価部  
(千葉県稲毛区穴川 4-9-1 第3研究棟 L315 室)
4. 参加者 敷藤由美子(量研機構)(主任研究者)  
平井百樹(東京大学名誉教授)(検討委員)
5. 実施内容 1)2.0 Gy 画像判定 20 枚  
2)論文化についての検討

以上。

令和元年度放射線安全規制研究戦略的推進事業費  
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  
令和3年度第41回画像検討会

議事録

1. 日時 令和3年11月16日(火) 11:00～15:00
2. 場所 量研機構 計測・線量評価部  
(千葉県稲毛区穴川 4-9-1 第3研究棟 L315 室)
4. 参加者 数藤由美子(量研機構)(主任研究者)  
平井百樹(東京大学名誉教授)(検討委員)
5. 実施内容 1)2.0 Gy 画像判定 20 枚  
2)論文化についての検討

以上。



令和元年度放射線安全規制研究戦略的推進事業費  
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  
令和3年度第42回画像検討会

議事録

1. 日時 令和3年11月18日(木) 11:00～15:00
2. 場所 量研機構 計測・線量評価部  
(千葉県稲毛区穴川 4-9-1 第3研究棟 L315 室)
4. 参加者 敷藤由美子(量研機構)(主任研究者)  
平井百樹(東京大学名誉教授)(検討委員)
5. 実施内容 1)2.0 Gy 画像判定 20 枚  
2)論文化についての検討

以上。

令和元年度放射線安全規制研究戦略的推進事業費  
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  
令和3年度第43回画像検討会

議事録

1. 日時 令和3年11月24日(水) 11:00～15:00
2. 場所 量研機構 計測・線量評価部  
(千葉県稲毛区穴川 4-9-1 第3研究棟 L315 室)
4. 参加者 数藤由美子(量研機構)(主任研究者)(オンライン参加)  
穂山美穂(量研機構)(研究参加者)  
平井百樹(東京大学名誉教授)(検討委員)
5. 実施内容 1)2.0 Gy 画像判定 20 枚  
2)論文化についての検討
6. 備考 8月コロナ禍のため中止した第20回画像検討会の振替開催

以上。

令和元年度放射線安全規制研究戦略的推進事業費  
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  
令和3年度第44回画像検討会

議事録

1. 日時 令和3年11月25日(木) 11:00～15:00
2. 場所 量研機構 計測・線量評価部  
(千葉県稲毛区穴川 4-9-1 第3研究棟 L315 室)
4. 参加者 敷藤由美子(量研機構)(主任研究者)  
平井百樹(東京大学名誉教授)(検討委員)
5. 実施内容 1)2.0 Gy 画像判定 20 枚  
2)論文化についての検討
6. 備考 8月コロナ禍のため中止した第21回画像検討会の振替開催

以上。

令和元年度放射線安全規制研究戦略的推進事業費  
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  
令和3年度第45回画像検討会

議事録

1. 日時 令和3年12月2日(木) 11:00～15:00
2. 場所 量研機構 計測・線量評価部  
(千葉県稲毛区穴川 4-9-1 第3研究棟 L315 室)
4. 参加者 敷藤由美子(量研機構)(主任研究者)  
平井百樹(東京大学名誉教授)(検討委員)
5. 実施内容 1)2.0 Gy 画像判定 20 枚  
2)論文化についての検討
6. 備考 8月コロナ禍のため中止した第22回画像検討会の振替開催

以上。

令和元年度放射線安全規制研究戦略的推進事業費  
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  
令和3年度第46回画像検討会

議事録

1. 日時 令和3年12月3日(金) 11:00～15:00
2. 場所 量研機構 計測・線量評価部  
(千葉県稲毛区穴川 4-9-1 第3研究棟 L315 室)
4. 参加者 敷藤由美子(量研機構)(主任研究者)  
穂山美穂(量研機構)(研究参加者)  
平井百樹(東京大学名誉教授)(検討委員)
5. 実施内容 1)2.0 Gy 画像判定 20 枚  
2)論文化についての検討
6. 備考 8月コロナ禍のため中止した第25回画像検討会の振替開催

以上。

令和元年度放射線安全規制研究戦略的推進事業費  
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  
令和3年度第47回画像検討会

議事録

1. 日時 令和3年12月7日(火) 11:00~15:00
2. 場所 量研機構 計測・線量評価部  
(千葉県稲毛区穴川 4-9-1 第3研究棟 L315 室)
4. 参加者 数藤由美子(量研機構)(主任研究者)(オンライン参加)  
穂山美穂(量研機構)(研究参加者)  
平井百樹(東京大学名誉教授)(検討委員)
5. 実施内容 1)2.0 Gy 画像判定 20 枚  
2)論文化についての検討
6. 備考 8月コロナ禍のため中止した第26回画像検討会の振替開催

以上。

## 7-5. 情報収集(学会報告)

(注)

令和3年度、新型コロナウイルス感染症の影響で、国際バイオドシメトリ学会 2022 は延期され、2022年3月28日～30日開催となったため、他の研究予算により、関連研究で発表参加した。本報告書には参加報告を含めない。

### (1)人工知能 EXPO

#### ●展示会概要

展示会名:第5回 AI・人工知能 EXPO 春

日時:2021年4月9日 10:00-18:00(EXPO 自体は4月7日～9日)

会場:東京ビッグサイト 青海展示棟

主宰:リード・エグジビション ジャパン(株)

出展者数:67ブース(同時開催の量子コンピューティング EXPO, ブロックチェーン EXPO を除く)

#### ●AI 開発のアウトソーシングを受託している企業

医療分野での実績がある企業は少ない。

##### ・ネットフォース株式会社

実績:スマート農業実現に向けた植物の物体検出

##### ・AIMENEXT JAPAN 株式会社

実績:農産物認識(トマト認識・収量カウント), 農産物の交配種 F1 予測システム

##### ・ハイパーダイン株式会社

実績:血液検査機器の癌陽性/陰性の判定アルゴリズム開発

##### ・株式会社菱友システムズ, デジタル技術活用支援サービス

##### ・株式会社モルフォ, イメージング AI

染色体検査の効率化

「技術としては継続しているが、人はあまり割いていない」(松尾さん)

- SRA Tohoku, Inc., JUDGE!

画像 AI に必要なすべてのサービス・ソリューションを提供

- MST 一般財団法人材料科学技術振興財団

- 株式会社 KDDI テクノロジー

- FPT コーポレーション

- Incubit, 画像認識 AI

実績: 神経細胞の発達観測とカウント

- ギリア株式会社

実績: 介護用ベッドの転倒転落対策

- FastLabel 株式会社, アノテーションサービス

レントゲン検査や超音波・内視鏡検査などの医療画像・動画から病原箇所を検出する教師データを提供

「教師画像提供なので薬機法は関係ない」

- 中外製薬, DIGITAL X

創薬事業での AI 活用

#### ●AI 解析プラットフォームを提供する企業

- 株式会社 aily, DAVinCI LABS

- 株式会社 Pros Cons, Gemini eye

教師あり&なし統合外観検査 AI

- 株式会社 MILIZE, milize Forecast; milize Auto ML

金融業界向けの予測のための AI 分析プラットフォーム

- 株式会社 Anamorphosis Networks, OpenPoC

実績: 外観検査

- 株式会社 MatrixFlow, MatrixFlow

ビジネス活用のための AI 構築プラットフォーム。環境構築・プログラミング一切不要。

- 株式会社コンピュータマインド, DeepEye

Deep Learning 技術を用いた画像分類・物体検出を行えるオールインワンパッケージ

- ソホビービー株式会社, HAMPANAI AI

実績: 海苔の等級判定



●生物系の解析に関与している企業

10//67 = 15%

●総合医療システム

・FPT コーポレーション

AI 支援の視覚診断, インテリジェントな顧客サービス管理

・住友電工情報システム株式会社, QuickSolution

医療系特化ではない

●OCR

・SRA Tohoku, Inc., JUDGE!

ワトソンが 1 行だけ記載されていた

・株式会社ダイレクトクラウド, Direct Cloud BOX

AI-OCR とのコラボにより帳票をテキストデータ化し、瞬時に検索できる。

・株式会社 MILIZE, milizeOCR

金融業界向け:顧客の書類を撮影>データ化>分析レポート作成

・株式会社 KDDI テクノロジー, OCR ソリューション

●学会系

・人工知能学会全国大会:2021 年 6 月 8 日~11 日 オンライン開催

・日本ディープラーニング協会:講座 AI For Everyone オンライン講座無料

●理論系出展団体

・中央大学理工学部 田口善弘教授

「テンソル分解を用いた教師なし学習による変数選択法を用いたデータサイエンス」

少量サンプルでも有意差のある変数を容易に同定でき、計算不可も少ない、次世代のデフ

ァクト「高次元小標本データ解析手法」

「理論ができたところで使用した事例はまだない」(中央大職員の方)

・大阪大学大学院情報科学研究科加納敏行先生

「ゆらぎ学習～ヒト脳に倣う次世代人工知能」

ヒト脳の認知メカニズムに倣うことで環境適応や発達機能を有し、わずかなデータによる学習で雑音や変動を含むデータを正確に識別分類する次世代人工知能技術

ベイジアンアトラクタモデル(Sebastian Bitzer, Jelle Bruineberg, Stefan J. Kiebel)を採用  
複雑な問題を簡単にする／省エネ

「ゆらぎ学習データ分析基盤」

CUI のゆらぎ学習基本モジュールは GitHub にて公開中

Core i7 以上, 16 GB メモリで動く

パラメータ設定の処理経過を保存するので各経過段階に戻れる

●顕微鏡系のメーカーは参加なし

## (2)第3回日本メディカル AI 学会学術集会 報告

集会名称	第3回日本メディカル AI 学会学術集会
場所	オンライン開催
期間	2021-06-11～2021-6-12
成果	医療分野での AI を用いた画像解析、自然言語処理の最新の研究成果を聴講し、AI 技術に関する知見を深めることができた。また AI を活用した医療機器の薬事規制に関する動向が得られた。本研究に直結する内容としては、多施設間試料格差の検討が有用である。

収集情報の抜粋(プログラム番号および内容):

- G-2 MRI による T2 強調像から STIR 像を敵対的生成ネットワーク(GAN)により生成した。T2 強調像から疑似的な STIR 像を生成する Generator と疑似的な STIR 像と本物の STIR 像を判別する Discriminator からなる。(ギムザ画像-FISH 画像の変換へ応用できそう)
- G-4 X 線像の読影で骨盤骨折の骨折型や転位量から大量出血を予測する。モデルが画像のどの部分に関心をもったのかという関心領域を Grad-CAM によって確認した。
- G-5 病期の膀胱がんの発見のため CycleGAN を用いて CT 画像を初期の病気分類に優位性がある MRI 画像に変換した。
- G-6 多施設間の画像差に対して頑強な脳腫瘍領域の自動セグメンテーションが目的。公開データセットである BraTS データセットと日本全国 10 施設より収集された JC データセットを用いた。BraTS データセットのみで学習した BraTS モデルに対してファインチューニングモデルは、BraTS モデルに対して少数(20 例以下)の各施設の画像を用いて各施設ごとにファインチューニングを行なったモデルとした。BraTS モデルとファインチューニングモデル間にはダイスコアの有意差を認めた。(多施設間の染色体像の差に対応できそう)
- G-7 医用画像のラベル付けの効率化を図る手法としてアクティブラーニング(AL)がある。AL は AI が判断に迷うデータを効率的に選択することができる。CT 画像から病変部を Faster R-CNN によって検出するモデルに対して AL を適用し、抽出された画像に対してアノテーションを行い学習データに追加した。ランダムに選択した場合に比べて有効性が示された。(染色体画像のアノテーションに適用できる)

- G-8 MRI 画像の 3D セグメンテーションが目的。計算モデルが大規模なためメモリ不足になりがち。実行環境に IBM の Large Model Support (LMS) を適用し、計算結果を一時的に CPU メモリに退避させることで大規模な計算に対応した。モデルのレイヤー数増加に対応できるようになった。(我々の環境でも適用可能だがその必要があるかは要検討)
- G-33 知識行列をモデルに組み入れた非負値行列因子分解(NMF)による解析手法 methPLIER(主成分分析により遺伝子の数を圧縮する)により Human Methylation 450 BeadChip (HM450K)プラットフォームのデータを Human Methylation EPIC (EPIC)や、全ゲノム DNA メチル化解析(WGBS)プラットフォームのデータと比較した。クラスタリング分析を行ったところ、raw データではプラットフォームごとにクラスタリングされたのに対し、methPLIER による因子負荷行列では解析サンプルごとにクラスタリングされた。
- G-37 一通りの実験を自動化できる LabDroid "Maholo"
- G-16 結腸がんの術後切除検体 HE 染色標本。AI 解析前に部分画像切り出しと Stain tools による染色の標準化を行った。
- G-17 腎生検の Periodic Acid-Schiff 染色画像。AI が誤判定した場合、画像のどの部分を誤認識したのかを Grand-CAM で調べた。
- G-18 免疫組織化学染色画像からの非小細胞肺癌未分化リンパ腫キナーゼ融合遺伝子異常 (ALKr) の有無の予測。学習コホートでは異なる 2 つの解像度 ( $1.0 \mu\text{m}/\text{pix}$ ,  $0.25 \mu\text{m}/\text{pix}$ ) にて ALKr 判別アルゴリズムを構築。低解像度の方が高い精度を示した (Samuel et al. ICRI 2018)
- G-45 AI 解析におけるブラックボックス化問題に対処するため、人工知能の先端技術であるルール抽出技術を導入し、ホワイトボックス化した説明できる人工知能を用いて緊急帝王切開術を検出するシステムを構築した。緊急帝王切開の要因となる可能性がある 52 因子を抽出し、人工知能を用いたルール抽出のアルゴリズム (ReRX with J48graft; Hayashi 2019)に入力し、2 つのクラスに分類されるルールセットを抽出した。ルールの平均精度は 81.94%であった。
- P-2 AI による画像診断の精度を高めるには学習させるデータの質と量がとても重要である。
- ラベル付き学習データを一括生成するシステム(Bise et al. MICCAI 2019)
  - 倍率、部位の知見を活かすシステム(Harada et al. EMBC 2019)
  - GAN を利用して病変画像を生成するシステム(Han et al. ACMCIKM 2019)

- G-50 膠原病肺の画像分類。Grad-CAM による特徴量の可視化(Selvaraju et al. 2017)により、AI が画像の肺野以外の領域に注目していたことがわかった。
- S-30 FDA で承認されている医療機器は全てアルゴリズムが固定されている”locked”医療機器である。現在”adaptive”医療機器についての議論がなされている:AI/ML-SaMD Action Plan。その日本版が改善・改良計画事前確認制度(IDATEN)。

## 特別講義

### ・AI 開発環境

NVIDIA の開発プラットフォーム Clara, オープンソースフレームワーク(ヘルスケア向け)MONAI。Clara Parabricks は GATK をベースにした解析ソフトウェアで、ヒトのバリエーションコーリングが 23 分(CPU で 1,200 分のところ)でできる。

AI 開発支援プラットフォーム(FUJI FILM, 国立がんセンター):AI 開発を All in One でサポートする。

### ・開発における課題

#### ・過学習 (Nakkiran arXiv 2019)

・Deep double descent: 複雑なモデルは過学習を起こすが、十分な学習で改善される。

#### ・現実的な対策:

・データ数を増やす(data augmentation, semi-supervised learning: 少数のラベル付きデータと多数のラベルなしデータを組み合わせた学習方法)

・正則化によりモデルの自由度を抑える。Dropout: 学習の際、隠れ層中のいくつかのノードを無効にして学習を行う。ネットワークの自由度が制限される。Batch normalization: ネットワークの学習プロセスを安定化させ、学習速度を高める。併用する場合は Dropout を Batch normalization より後に入れる。

・過学習する前に学習を停止する

### ・ブラックボックス問題

・Deep explanation: 説明可能な特徴量の学習技術

・Interpretable models: 構造化された、説明可能な因果モデルの学習技術

・Model induction: AI モデルを XAI (explainable)モデルで近似する技術

- XAI/Interpretable AI の分類(Arun and Paul arXiv 2020)

- ドメインシフト問題: 多施設共同研究などによるデータにはドメインバイアスがある。

- Fine-tuning 法(G-6, Takahashi et al. Cancers 2020)

- Domain Adaptation: 転移学習の一種で、十分な教師ラベルを持つドメインから得られた知識を、十分な情報がない目標のドメインに適用する。

- 医療 AI に関連する法制度の動向

- 学術研究に係る適用除外規定の見直し

- 現行法

- 個人情報取扱事業者の義務:学術研究は全て適用除外

- 見直し後

- 利用目的による制限:学術研究は例外

- 要配慮個人情報の取得制限:学術研究は例外

- 第三者提供の制限:学術研究は例外

- 安全管理措置等:学術研究も適用

- 保有個人データの開示等:学術研究も適用

### (3) 日本人類遺伝学会第 66 回大会 報告

集会名称	日本人類遺伝学会第 66 回大会
主催者	日本人類遺伝学会
場所・会場	オンライン開催
期間	2021-10-14～2021-10-16

#### 概要:

医療分野における AI 技術を用いた研究成果についての情報収集を行い、最新の知見を得た。

#### 本研究と直接関連のある研究発表情報:

##### 1) 診断支援システム構築における AI とデータベースの貢献

○藤原 豊史 (情報・システム研究機構 ライフサイエンス統合データベースセンター)

希少・遺伝性疾患の診断を支援する PubCaseFinder (<https://pubcasefinder.dbcls.jp>) を構築・運用している。日本語で記述された診療録を Human Phenotype Ontology (HPO) に標準化してデータを共有する。さらにゲノム情報ともリンクされている。入力された症状セットの類似度は GeneYenta アルゴリズムで計算される。GeneYenta がノイズに対してよりロバストになるよう新たに 3 つのパラメータを導入した(PubCaseFinder+)。4 手法の比較では PubCaseFinder+ が最も精度が高い。

##### 2) 畳み込みニューラルネットワークを活かした HLA インピュテーション

○岡田 随象(大阪大学 大学院医学系研究科 遺伝統計学)ほか

畳み込みニューラルネットワーク(Convolutional Neural Networks: CNN)は深層学習に分類される機械学習手法の一つである。対象データの局所的特徴を学習する畳み込み層を複数組み合わせて判別を行う手法であり、特に画像データの認識・分類予測における有用性が見出されてきた。一方、回帰型ニューラルネットワーク(Recurrent Neural Network; RNN)は、時系列・可変長入力データを対象に、連続したネットワークにおいて中間層の値を順次反映させる手法である。HLA imputation 法は、主要組織適合遺伝子複合体(MHC)領域内のヒト白血球抗原(HLA)遺伝子多型を周辺 SNP genotype 情報から推定する機械学習手法である。一般的な SNP genotype imputation は、欠損 SNP を中心としたハプロタイプ配列の連続性に基づ

くアルゴリズムが多く、即ち RNN との相性の良さを示されてきた。我々は、MHC 領域内の複雑な連鎖不平衡関係と HLA アレルの関係を示す特徴量抽出への有用性を期待し、CNN を用いた HLA imputation 法として DEEP\*HLA を実装した (Naito T et al. Nat Commun 2021)。MHC 領域内のヒト集団ゲノム行列を画像変換することで DL の適用を可能にした。近接する変異間の連鎖不平衡関係に依存しないため、従来の機械学習と比較して、稀な HLA 遺伝子型の推定精度が改善した。CNN genotype imputation では個別の変異に対する学習パラメータの推定が必要となる。DEEP\*HLA では複数の HLA 遺伝子を対象としたマルチタスク学習を用いて対応したが、genome-wide SNP imputation への適用は計算負荷の観点から現時点では実装が難しいと考えている。

### 3) 東北メディカル・メガバンク計画における大規模ゲノム解析と AI 技術の活用

○木下 賢吾 (東北大学 東北メディカル・メガバンク機構; 東北大学 情報化学研究科)

東北メディカル・メガバンク計画では、一般住民 15 万人の協力を得て前向きコホートの構築を行ってきた。その中から、現時点で約 1 万人、将来的には 10 万人規模の全ゲノム解析を実施している。参照パネルの利用では、SNP アレイデータに対する遺伝子型インピュテーションへの活用が重要であり、遺伝子型インピュテーションでは、SNP アレイ解析を行った対象検体とハプロタイプ参照パネルを構成する検体が民族的に近いことが好ましい。そのため、当機構で解析を行ったハプロタイプ参照パネルは日本のゲノム医療の推進に寄与することが期待されている。既存のインピュテーション手法では遺伝子型情報の中でもフェージング済のハプロタイプパネルを用いることが一般的であり、個人情報保護の観点からパネルそのものの配布が困難な状況である。そこで我々は、深層学習の手法を用いたインピュテーション手法を開発することで、個人特定性できない形式で配布可能なインピュテーション手法の開発を行った。従来の遺伝子型推定では SNP アレイ解析の結果を参照パネルを直接用いてアレイに載っていない場所の遺伝子型を統計的に補完するが、RNN-IMP 法は参照パネルから数値パラメータ情報をモデル化し、これを用いて補完を行うため個人情報共有する必要がなくなる。

### 4) AI は遺伝学研究に革命を起こせるか

○清田 純 (理化学研究所)

①2017 年将棋( $10^{226}$ ) PONANZA(機械学習) vs 佐藤叡王、2016 年囲碁( $10^{360}$ )

AlphaGo(深層学習) vs Lee Sedol など、深層学習の発展によりわかったこと: 人間による探求の限界  $10^{360}$  の可能性のうち人間が探求してきた範囲は局所解で、深層学習はそれ以外



の範囲の最適解を見つける。これは医学分野と似ている。②予測する深層学習:PhysioNet Challenge 2019 1500 万件の ICU データから 6 時間後の敗血症発症を予測する。異なるパラメータをもつ 5 つの学習モデルにデータを与え、それぞれの予測を上位の学習モデル(1 つ)に渡す。上位のモデルはデータと受け取った予測から最終予測を行う。③創造する深層学習:深層生成モデル:概念を学習することが可能。Discriminator 学習モデルが「概念」の例を学習し、画像が真か生成されたものかを判定する。Generator 学習モデルが画像を 1 から生成する。「人間の顔」、「胸部 X 線写真」といった概念を学習し、実在しない画像を生成できる。究極の暗黙知:芸術 デザイナーの世界観を学ぶ学習モデルを作製し、「巻貝」、「薔薇」といったモチーフと組み合わせた衣装デザインを生成した。東京コレクションの壇上に登った初めての AI 科学者となった。

以上。

## 7-6. 情報収集(論文調査)

(注)深層学習を用いない従来型の機会学習法(人がパラメータ設定を行って学習させる手法)による染色体画像自動解析ソフトウェアのうち、情報公開され、入手可能で、最も性能の高い「Automated Dicentric Chromosome Identifying software (ADCI)」(Cytognomix 社、カナダ)について、詳細な論文発表がなされているので、その内容をまとめ、検討／考察を添える。

### (1)論文 [文献8]

G. M. Ludovici et al.: Cytogenetic bio-dosimetry techniques in the detection of dicentric chromosomes induced by ionizing radiation: A review. Eur. Phys. J. Plus (2021)

#### [アブストラクト]

電離放射線は環境中に遍在する。電離放射線への過度の曝露は、生体組織に損傷を与え、深刻な健康問題を引き起こす。Cytogenetic bio-dosimetry は細胞遺伝学的生体線量測定には、個人間の変動を考慮に入れるという大きな利点があり、物理的線量測定が適用できない場合でも有益であり、WHO が推奨する方法である。主に二動原体染色体(DC)の頻度を数えることが行われる。本レビューでは、主としてアルゴリズム「Automated Dicentric Chromosome Identifying software (ADCI)」について、DC 検出のためのさまざまなアルゴリズムを分析、解説する。(注意:線量推定や DC 検出の記述は無い。)

#### **ADCI:**

二動原体を画像(ギムザ画像もしくは DAPI 画像)から検出・カウントするソフトウェア。基本アルゴリズムはほぼ一緒だがいくつかのバージョンがあり、C++や MATLAB など実装のパターンもいくつかある。単一のソフトウェアを指すというよりはアルゴリズム群を指す。機械学習的手法ではなく、明示的に記述されたルールに従って特徴量抽出や定量、分類を行う。

### (2)ADCI アルゴリズムの概要

ADCI はギムザ画像を以下の6つのモジュールで段階的に処理することによって DC の数を定量する。ただしこの手順や名称は引用文献 127 の論文 (<https://doi.org/10.1093/rpd/ncu>) およびその先行研究の論文

(<https://ieeexplore.ieee.org/document/5479183>)に準拠するもので、必ずしも ADCI 一般での名称や計算方法が以下の通りではない。

1. Metaphase ranking
2. Chromosome separation (引用元では Chromosome separation となっているときもある)
3. Gradient vector flow contour extraction (GVF)
4. Discrete curve evolution (DCE)
5. Centerline interpolation
6. Centromere detection

GUI を用いて操作を行いデスクトップ PC で、各ステップごとに諸条件のハイパーパラメータの設定を行いながら操作するのが基本だが、スーパーコンピュータ (cluster computer) で実行するバージョンもある。ADCI のこの基本 6 モジュールの他にも、追加で結果を再調整するための処理を追加するバージョンもある。

### (3) Module 1: Metaphase ranking

ADCI はすべての画像を解析しない。Metaphase ranking モジュールでは解析に使用するのに最適な画像を選出するため、ランキング付けを行い、ランキングスコアの高い画像を使用する。Metaphase ranking という名前だが、細胞周期のフェーズをランキングするわけではない。おもに染色体の広がり进行评估し、染色体の分布や染色体の数や長さ、シグナル強度が適切かどうかを判断する。

### (4) Module 2: Chromosome classification (separation)

まず、個々の物体検出を行う。次に、検出した物体が単一の染色体なのか、あるいは染色体が重なっているものなのかを判別する。のちの Centromere 検出の過程において、染色体の形状を利用するため、染色体が重なっていると DC 偽陽性の元になる。そのため重なって存在する染色体はそもそも解析対象から除くことが ADCI において重要となる。

### 手順

1. Otsu's method (大津法)で画像のシグナル強度のヒストグラムの閾値を決定し、画像のバックグラウンドと物体に画像を分割する。物体の小さな穴 (隣接するピクセルが4つ以下のもの)を埋める

2. 検出した物体の Skelton (大まかなライン) を抽出し、その Skelton が2つ重なっている物体は染色体が重なっているものとみなして排除する。Skelton が重なっていないものを単一染色体とみなして次の解析に回す

上記の出典元: <https://ieeexplore.ieee.org/document/5479183>

<https://ieeexplore.ieee.org/document/7080619>

#### (5) Module 3: Gradient vector flow contour extraction (GVF)

物体の輪郭をなめらかでより正確な曲線として決定するために用いられる。ADCI では染色体の輪郭の凹凸を利用して Centromere を決定するため、輪郭の決定法はクリティカルに結果を左右する。

#### (6) Module 4: Discrete curve evolution (DCE)

たくさん分岐した skeleton から些末な枝をとりのぞき、メインの skeleton を残すアルゴリズム。染色体のセンターラインとなるものを抽出するために利用する。

#### (7) Module 5: Centerline interpolation

前のモジュールで得られた skeleton (ライン) はノイズの影響で途切れていたり、カクカクしていたりする。それをなめらかに連続したものに補完し、センターラインを得る。

#### (8) Module 6: Centromere detection

ADCI の中心的なモジュール。染色体の形体から、Centromere の位置を推定する。赤線でセンターライン、青線で染色体の幅を表す。染色体の幅と輝度の2つの情報を用いて、「染色体のくびれ」を探し出し、Centromere の位置の候補とする。例えば幅の local minimum がのくびれ位置となる。異なる2つの Centromere が認識された場合、その物体を DC とみなす。

#### (9) ADCI の特徴

このレビューでメインに取り上げている ADCI が引用文献 127 のものであるため、その性能を中心に ADCI の特徴についてまとめる。

- DAPI 画像もしくはギムザがそうから、染色体のクビレの個数により DC をカウントする。
- 画像あたりの DC の頻度によって検量線をつくり、Normal などの染色体についてはそもそも検量線作成時に利用しない。

- 重なり合った染色体も解析対象としない
- 前処理で画像の選択をおこない、約20%の画像を利用する

#### (10) ACDI の性能 (全般)

- Centromere の誤検出が多い (1画像あたり 3~10)
- 専門家が判断した DC は 1 や 2 が多い (1~4 個の範囲) だが、ACDI が検出した DC は 10 個以上と、非常に DC の偽陽性が多い。

#### (11) ACDI の性能 (Sensitivity, Specificity)

このレビューでメインに取り上げている ACDI が引用文献 127 のものであるため、その性能を中心に ACDI の特徴についてまとめる。

- Sensitivity 85%, Specificity 94%

参考: 我々のアルゴリズムの場合 (Yolov5 + DenseNet161)

- Sensitivity 81.8%, Specificity 99.8% (= 8003/8019x100, 偽陽性は 8019 のうち 16)

ACDI は染色体のクビレで DC を認識するため、非常に誤検出 (偽陽性) が多く、正しい DC の数の数倍の DC を誤って検出することになる。Sensitivity と Specificity はトレードオフの関係にあるため、仮に specificity を多少落としても良いなら、我々のアルゴリズムでも DC として検出するか否かの閾値を下げるだけで、Sensitivity 96.1%, Specificity 99.4% のようなスコアになる。

#### (12) ACDI の性能: 実行時間

このレビューでメインに取り上げている ACDI が引用文献 127 のものであるため、その性能を中心に ACDI の特徴についてまとめる。

- 1025 枚の画像を処理したときの実行時間 (ただし最終的に解析対象としたのは 200 枚の画像)
  - ◆ 8コア デスクトップ PC での時間 : 68 h 54 m 19 s
  - ◆ 1024 コア スーパーコンピュータでの時間 : 1.4 h

#### (13) ACDI の実装

ソースコードは非公開。デモ版はリクエストに応じて無料で利用できるとのこと。  
正式なバージョンは有償 (<https://radiation.cytognomix.com>)

**ADCI\_Online subscriptions**

ADCI\_Online runs exclusively on a cloud-based system (Amazon Web Services [AWS] - [AppStream 2.0](#)) and pixels are streamed to the user through a web browser or [AppStream 2.0 client](#). An AWS Simple Storage Service ([S3](#)) Bucket is utilized for storage of uploaded metaphase images and ADCI results. Each user is assigned a unique directory within the S3 bucket. Images can be uploaded to S3 before the subscription start date. See the "ADCI Online" heading on the [adciwiki](#) for more information.

If this is a multi-institutional project (calibration curves for each laboratory and multiple sets of samples to be analyzed by each), please contact CytoGnomix for assistance in selecting appropriate subscription quantities and support levels.

<b>Standard - 96 hour subscription</b>	<b>\$1,000.00 USD</b>
<b>96 hour extension</b> (within one month of standard subscription expiry)	<b>\$500.00 USD</b>

(サブスクリプション情報は 2021 年6月時点のもの)

以上。

## 7-7. 現有顕微鏡システムにおける画像情報

本研究で使用した顕微鏡画像は、モノクロ CCD カメラ CoolCube 1m を搭載した顕微鏡システム Axio Imager Z2 とソフトウェア Metafer 4(以上、Zeiss / MetaSystems 社、ドイツ)を用いて自動撮影したものである。

本研究では PNA-FISH マージ画像を用いた。

表 A. 画像ファイルの情報

	ギムザ	PNA-FISH 各フィルター	マージ画像
種類	JPEG(80%圧縮)	TIF(LZW 圧縮)	TIF(LZW 圧縮)
大きさ (幅)	1280 pixel	1280 pixel	1280 pixel
(高さ)	1024 pixel	1024 pixel	1024 pixel
解像度 (水平方向)	96 dpi	96 dpi	96 dpi
(垂直方向)	96 dpi	96 dpi	96 dpi
ビットの深さ	24 bit	8 bit	24 bit
サイズ	~150 KB	~600 KB	~2.5 MB

(注: JPEG, TIF, BMP からの選択や圧縮無しを選択も可能)

表 B. 撮影に用いた CCD カメラおよび対物レンズのスペック

<b>Technical Specifications</b>	
<i>Resolution/Pixel Size</i>	1360 x 1024 pixels; 6.45 $\mu\text{m}$ x 6.45 $\mu\text{m}$
<i>Sensor</i>	2/3" EXview HAD CCD™, quadratic pixels, monochrome or color (BAYER pattern)
<i>Order Number</i>	<b>CoolCube 1m</b> (monochrome): <b>H-0310-009-MS</b> <b>CoolCube 1c</b> (color): <b>H-0310-010-MS</b>
<i>Frame Rate</i>	15 fps @ full resolution
<i>Full Well Capacity</i>	17,000 e
<i>Digitization Depth</i>	12 Bit
<i>Shutter</i>	Global Shutter
<i>Exposure Time</i>	20 $\mu\text{s}$ to 270 s
<i>Gain</i>	1 - 16
<i>Data Interface</i>	High Speed USB 2.0
<i>Power Supply / Power Consumption</i>	USB powered; 2.4 W
<i>Internal Image Memory</i>	32 MByte
<i>Mechanical Interface</i>	C-Mount
<i>Dimensions</i>	70 mm x 70 mm x 70 mm
<i>Weight</i>	730 g

CCD カメラ: CoolCube 1m (Metasystems 社製モノクロ CCD カメラ)

対物レンズ: PlanApochromat 63 倍油浸レンズ



## 7-8. AI 専用コンピュータの構成・スペック

(省略)

## 7-9. エルピクセル株式会社概要

### [企業情報]

住所：東京都千代田区大手町1-6-1 大手町ビル6階

ホームページ：<https://lpixel.net/>

事業概要および実績：東京大学発、ライフサイエンスと画像解析を背景に独自の技術を研究・開発。オリンパス、富士フイルム、キャノンメディカル等から出資を受け複数の医療、医薬用システムを開発。医用画像解析ソフトウェア(脳動脈瘤を診断支援する医療機器)が国内初の薬事・薬機法承認を取得し発売した(2019年10月15日)。

#### \* 研究事例 (一部抜粋。括弧内は共同研究先)

- ・Deep Learning を用いた脳動脈瘤検出アルゴリズム(大阪市立大学)
- ・生物画像自動分類ソフトウェア CARTA(東京理科大学、国立がん研究センター)

#### \* 国家プロジェクトへの参加

- ・経済産業省 / 戦略的基盤技術高度化支援事業：生体組織の立体構造情報と人工知能を活用する病理診断支援システム
- ・科学技術推進機構 / 戦略的創造研究推進事業(CREST)：栽培植物倍数体のマルチオミクス技術開発プロジェクト
- ・厚生労働省 / 革新的がん医療実用化研究事業：人工知能技術を用いた大腸内視鏡検査における病変検出・診断支援技術の開発

#### \* 特許

- ・第 4688954 号 能動学習型の生物医学画像自動分類ソフトウェアCARTA
- ・第 4696278 号 領域分割画像生成方法、領域分割画像生成装置及びコンピュータプログラム
- ・第 6329651 号 画像処理装置及び画像処理方法

#### \* 論文(2017~13年分省略)

- ・2019年 IMACEL: A cloud-based bioimage analysis platform for morphological analysis and image classification. PLOS ONE DOI:10.1371/journal.pone.0212619 ほか
- ・2018年 Deep Learning for MR Angiography: Automated Detection of Cerebral Aneurysms. Radiology DOI: 10.1148/radiol.2018180901 ほか

以上。