令和６年度原子力施設等防災対策等委託費（人工知能（AI）を用いた染色体線量評価法に関する実効性向上等）事業

成果報告書

令和７年３月

国立研究開発法人量子科学技術研究開発機構

目次

1. 事業目的.....1
2. 事業内容.....2
2.1 各高度被ばく医療支援センターにおける染色体標本作製..... 2
2.2 各高度被ばく医療支援センターが作製した染色体標本を用いた AI 自動画像判定システムによる評価..... 9
2.3 AI 染色体線量評価法の汎用性向上及び精度向上に向けた取組..... 18
2.4 その他、原子力災害時に AI 自動画像判定システムを活用するにあたっての課題についての調査・検証..... 23
3. まとめ 29
4. 参考文献.....30
5. 補足資料.....31

1. 事業目的

本事業の目的は、放射線災害時の被ばく線量評価手法として広く活用されている生物学的線量評価を高度化することにより原子力災害医療の実効性を向上させることである。具体的には、染色体異常の出現頻度と被ばく線量との間に一定の線量効果関係が認められることを利用した染色体線量評価法において、人工知能(AI)を用いた染色体画像自動判定システムの適用性を評価し、将来的な汎用化を目指す。

これまでの放射線安全規制研究戦略的推進事業（H31 年～R4 年）により、量子科学技術研究開発機構（QST）が作製した染色体標本を用いた AI 自動画像判定アルゴリズム（基本モデル）が開発され、一定以上の判定精度をもって染色体異常を検知できることが示されている。しかし、実際の運用においては、QST 以外の各高度被ばく医療支援センターが作製する多様な染色体標本に対しても適用可能であることが求められる。

令和 4 年度に実施された「緊急時の被ばく線量評価における人工知能を用いた染色体線量評価法の導入に関する実効性検証等事業」では、これらの各高度被ばく医療支援センターにおいて作製される染色体標本作製法を対象とし、AI 自動判定システムの適用性を評価した。その結果を基に、必要な改良を施し、染色体異常の判定精度を向上させることを目的とした。AI を活用することで、判定作業の標準化と迅速化を実現し、原子力災害等の緊急時における線量評価を大きく支援することが期待される。

また、本事業の一環として、令和 4 年度に実施された「緊急時の被ばく線量評価における人工知能を用いた染色体線量評価法の導入に関する実効性検証等事業」において提案された体制整備の一環として、AI の改良および高度被ばく医療支援センター間でのネットワーク化の検討を行う。これにより、各センターで作製される多様な染色体標本画像に対して適用可能な汎用モデルへと発展させる方策を検討する。

最終的に、本事業の成果を取りまとめ、染色体線量評価法の信頼性向上と広範な適用性を実現するための方法を提案する。これにより、今後の原子力災害時における迅速かつ正確な被ばく線量評価を支援し、被ばく医療の発展に寄与することを目指す。

2.　事業内容

2.1 各高度被ばく医療支援センターにおける染色体標本作製

AI 自動画像判定システムによる染色体異常検出を行うための染色体標本を各高度被ばく医療支援センターにおいて作製する。当該システムによる判定精度の向上のため、標本作製のためのプロトコール等の標準化を検討すること。(仕様書３（１）)

背景と目的

緊急時の被ばく線量評価に用いられる二動原体型異常を指標とする線量評価では、これまで主にギムザ染色法により染色された染色体標本を用いて行われてきた。ギムザ染色法は比較的簡便な方法であり、染色標本の長期保存が可能で標本作製に用いる試薬等も安価であることが利点である。一方で動原体の認識という観点では、その位置や有無を染色体の形態や染色の濃淡で判断することになり正確に動原体位置を判断することは高度な技術と経験が必要になる。これは AI による画像認識においても同様で、AI がギムザ染色した染色体標本から動原体を精度よく認識することは難易度が高い。そのため QST によりこれまで開発された染色体線量評価 AI システムでは、ギムザ染色による染色体標本ではなく PNA-FISH 法により動原体を正確に染め分けた染色体標本を用いてきた。

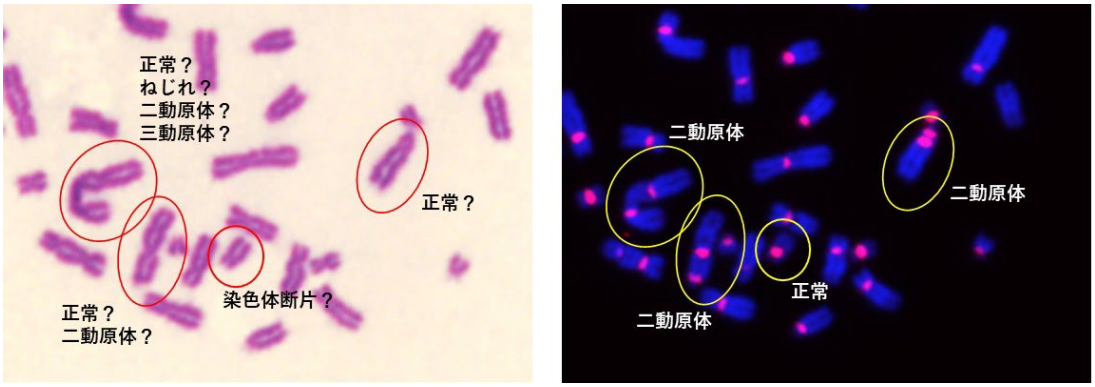


図１．ギムザ染色法による染色体画像(左)、PNA-FISH 法による染色体画像(右)

ペプチド核酸 (PNA) を用いる蛍光 in situ ハイブリダイゼーション法 (PNA-FISH) は、従来の DNA プローブによる FISH と比べて特異性と安定性が高い技術である。PNA は中性のペプチド骨格を有しており、電気的反発を受けにくいため、短い配列でも強固な結合力を発揮する。この特性により、試料中の標的配列に対して迅速かつ正確なハイブリダイゼーションが可能となり、非特異的な結合が著しく低減される。さらに、細胞や組織内での分子局在解析が容易となり、臨床診断における病原体の検出やがん細胞の同定、さらには環境試

料や微生物群集の解析にも用いられている。適切な実験条件の設定により標本上のメタフェーズのほぼ100%でハイブリダイゼーションを成功させることが可能であり、背景ノイズが低減され、信頼性の高い結果が得られることから、分子生物学、臨床診断、環境科学など多岐にわたる分野で実用性が認められている。

染色体標本に対するPNA-FISH法は一般的なFISH法に比べて簡便であるが、ギムザ法と比較すると染色手順のステップが多く使用する試薬なども多く高額と言える。そのため、これまでPNA-FISH法による二動原体型染色体異常の認識は一部の高度被ばく医療支援センターでのみ実施されてきた。しかしPNA-FISH法ではギムザ法に比べて明確に動原体を認識できることはAI開発においても有利となり、認識精度の高いAIモデルを開発することが可能となっている。

染色体線量評価AIシステムをすべての高度被ばく医療支援センターで使用可能とするための方法としては、現在のAIモデルを元にギムザ染色でも動原体認識可能なAIモデルを作成する方法と、すべての高度被ばく医療支援センターがPNA-FISH法を導入する方法の二つの道が考えられるが、各高度被ばく医療支援センターには既にこれまでの染色体関連研究でFISH法を導入済みのセンターが多いこと、そのためPNA-FISHの標本を観察可能な落射蛍光機能が付加された染色体観察用の顕微鏡システムが備わっていること、ギムザ染色標本の染色体異常を実用レベルの精度で判定可能なAIモデルを開発するためのコストの見込みなどから、すべての高度被ばく医療支援センターでPNA-FISH法を実施可能とすることの方が導入コストは比較的優位と考えられた。そのためPNA-FISH法のプロトコール標準化のための検討を行うこととした。

実施内容

PNA-FISH法のプロトコール標準化にあたっては、PNA-FISH自体のプロトコールのみならず、標本作製（スライドガラスへの染色体の展開）や顕微鏡画像撮影方法、さらに血液検体の輸送方法についても標準化を進める必要があることから、それぞれについてもプロトコール案を用いて検討を進めた。

標本作製プロトコール案

PNA-FISH 法に用いるスライドガラスに展開した染色体標本はこれまで各高度被ばく医療支援センターで実施してきた方法と同様なプロトコールにて作成した。なお、血液培養においては大規模原子力災害における多検体対応に備えて、リパ球を分離しない全血培養法を採用した。具体的には、インフォームドコンセントが得られた健常人成人より末梢血を採取し、染色体異常を誘発させるサンプルでは 60Co-ガンマ線照射（2.0 Ｇｙ、線量率 0.5 Gy/min）もしくはエックス線照射装置によるエックス線照射（3.0 Gy、線量率 1 Gy/min）を行った後、コルセミドを含む完全培地で37℃にて細胞培養を開始した。48時間後、細胞を回収し、低張液処理、メタノール／酢酸固定を行い、風乾法により標本作製を行った。48

時間コルセミド処理する方法は、すべてのメタフェーズが 1 回目分裂細胞となり、線量推定の過小評価が起こらないことが利点である。

全血培養（旧染色体ネットワークプロトコール）

試薬

・培養液 20%FCS（ウシ胎児血清＊） RPMI1640
・抗生物質(硫酸カナマイシン、最終濃度 60 μg/ml)
・２％フィトヘマグルチニン(phytohaemagglutinin ; PHA)
・コルセミド(10 μg/ml)

＊ウシ胎児血清は 56℃、30 分非動化処理をして使用。

器具・その他

・メスピペット（滅菌済み）
・マイクロピペット（滅菌済み 100 μl 用）
・ピペットマンチップ（滅菌済み）
・ウォーターバス（37℃）
・CO_2インキュベーター（37℃）
・15 ml 用コニカルチューブ

操作

・15ml コニカルチューブに検体名を記入し、20%FCS、抗生物質を含む培養液を 4.5 ml 分注する。
・全血を 0.5 ml 添加する。
・PHA を添加する（培養液 5 ml＋PHA0.1 ml：約 180 μg/ml）
・培養開始時からコルセミドを添加する（0.05 μg/ml）
・CO_2インキュベーター(5%CO_2)で 48 時間培養
・48 時間開始。

これら一連の操作はクリーンベンチで無菌的に行なう。また，血液を扱うため滅菌済みの手袋を着用する。

PNA-FISH プロトコール案

PNA-FISH のプロトコールは、高度被ばく医療支援センターにおける統一プロトコール策定に向けた初案として以下の方法を提案した。

準備

・初回：プローブ（50 ng/μl ddw, ~16 μM）、5–10 μl/vial（-20℃保存可能）・・・①
・ハードニング用ドライオーブン→64℃に設定
・標本 DNA 変性用ウォーターバス→70℃に設定
・氷冷用の氷をアイスボックスに用意
・ハイブリダイゼーション後の洗浄用ウォーターバス→57℃に設定

（1）標本（スライドグラス）のハードニング

1） スライドグラスをアルミホイルカバーしてドライオーブン（64℃）に入れ、2～3時間静置する。

この間に標本 DNA 変性溶液（70%ホルムアミド/2×SSC）を作り、70℃にする。

（2）標本 DNA の変性（ホルムアミド、エタノールは和光特級クラスを使用）

1） スライドグラスを 70℃、70%ホルムアミド／2×SSC に入れ、2 分間静置
2） 冷やした 70%エタノールに移して 3 分間静置
3） 95%エタノールに移して 3 分静置
4） 100%エタノールに移して 3 分間静置後、風乾

（3）プローブの準備（ホルムアミドは分子生物学実験用）

1） プローブ液①を 4～5 倍希釈（初回は① 3 μl + ddw 9 μl）・・・②
2） PCR 用チューブ（0.5 ml）に 100 倍希釈液を作成
3） （② 3μl + 2×SSC 120μl + ウルトラピュア・ホルムアミド 180μl / vial）
4） PCR 用サーマルサイクラー（またはヒートブロック）にて 90℃、5 分で熱変性・・・③

（4）ハイブリダイゼーション

1） 変性プローブ③を 60 μl/slide、パラフィルムカバー（約 25×30 mm）、印付け。
2） 箱に入れて遮光し、室温でインキュベーション（1 時間）

この間に洗浄用 2×SSCT（57℃）を用意する。

（5）ハイブリダイゼーション後の洗い、対比染色

1） パラフィルムカバーを外す。
2） 57℃、2×SSCT（2.5% Tween 20, 1 ml /2×SSC, 50 ml）、10 分
3） ddw でリンス
4） DAPI（125 ng/ml）、40 μl アプライ、カバーグラス（25×50 mm）、エナメルコートでシール。遮光し室温で 10–30 分静置。

血液検体輸送プロトコール案

材料（各 6 セット全て QST から配布）：

- ヘパリン採血管（可能な限りオーバーキャップ式）
- チューブ(FALCON, 352058)
- 蓄熱材（事前にインキュベーター等で 20℃に温めておく）
- 吸収剤
- 二次容器：密閉性のあるもの
- 三次容器：TACPack（15℃–25℃）
- 温度気圧ロガー（おんどとり）
- 線量計（D シャトルガラス素子）

方法

- 医師により採血対象者の問診を行う。健康状態と過去の採血時不具合を確認し、問題ないと判断した上で、研究対象者に質問票（別添）の回答をしてもらう。
- 採血対象者(1 名)から末梢血をヘパリン採血管で採取する（10 mL×2 本)。自動血球計数器のあるセンターでは血球計数を行う。チューブに 3 mL ずつ分注し、蓋をしっかり閉めてパラフィルムを巻く。
- 採血管を吸収剤とともに二次容器に入れ、さらに蓄熱材 (18–24℃に保つ)、温度気圧ロガー（内部と外部の温度を計測する)、線量計とともに三次容器に入れて宅配便で輸送する。

プロトコール標準化のための検討会開催

作成した PNA-FISH プロトコール案等の検証と改良点の抽出、また各高度被ばく医療支援センターにおける統一プロトコールの習得を目的に「AI を用いた染色体線量評価法に関する実効性向上に係る課題等検討委員会」を開催した。

図２． 検討会の様子(PNA-FISH 概要説明(左上)、PNA-FISH 実験(右上)および画像取得(左下)

本会では、すべての高度被ばく医療支援センターから染色体線量評価の実務担当者が参加して、実技を交えた検証と意見交換をすることができた。主な議事および検討事項は以下の通りである。

- PNA-FISH の概要説明
  → 検討会を始めるうえで統一プロトコール検討に必要となる基礎的知識と関連情報について確認を行った。
- PNA-FISH 実験および画像取得(第 1 回)
  → 統一プロトコール初案の解説を目的に、QST 担当者が染色体標本への PNA-FISH 染色法と顕微鏡システムによる自動的な画像取得法を実演した。
- PNA-FISH 実験および画像取得(第 2 回)
  → 第 1 回の実演を踏まえて、参加した各高度被ばく医療支援センター担当者がそれぞれ PNA-FISH 染色法と顕微鏡システムによる自動的な画像取得法を実施した。

- 染色体メタフェーズ標本作製装置の使用についての検討
  → 標本作製の均質化をするために作成条件を一定化する装置の本プロトコールへの導入について検討を行った。本装置を使用することによりスライドガラス上への染色体の展開を均質化することができる一方で、AI システムが精度よく認識するための条件設定をどのように行うかについて議論があった。各センターで気候変化とラボ内環境変化があるため、今後年間を通して条件設定に当たっての試験を全高度被ばく医療支援センター合同で行うこととした。
- 血液検体の輸送について
  → 染色体線量評価に用いる血液検体は培養を行う必要があることから、被検者から採血した後、染色体標本を作製する高度被ばく医療支援センターに輸送されるまで状態よく保つ必要がある。特に温度条件については 20℃前後を保った状態にて保管・輸送されることが望ましいことから、その方法について確認を行った。

まとめ

各高度被ばく医療支援センターが AI 自動画像判定システムによる染色体異常検出を導入するために、PNA-FISH 法の統一プロトコール案を作成し、染色体標本の作製を行った。統一プロトコール案は検討委員会を開催し、実技的に検討を行った。合わせて染色体標本画像の均質化に必要な PNA-FISH の前段階にある血液検体の保管・輸送方法やスライドガラスへの染色体展開方法についても情報共有を行い、これらについても AI システムによる判定精度の向上のためプロトコール統一化の必要性を確認した。さらに現在 QST にて動作している CUI 操作の AI システムの基本的操作マニュアルを作成した。

補足資料１　「被ばく線量評価のための PNA-FISH プロトコール(令和 7 年 3 月)」

補足資料２　AI 染色体線量評価システム操作手順

本検討会の後、各センターにおいて統一プロトコール案を用いて PNA-FISH の試験を行った。その結果、一部のセンターではバックグラウンドシグナルの高い画像が得られた。これはスライド上のメタフェーズの数に対してプローブの量が適当でないためと考えられる。ただしメタフェーズだけでなく、間期核の数も影響する。今後固定細胞のスライドグラス上への展開方法あるいはプローブ量の決定方法についてセンター間で議論する必要があると思われる。また、本試験では全血培養法を採用しているが、多検体対応のために手技の正確さを期すと共に時間短縮を目指して、全血培養由来の標本に適した PNA-FISH 実験条件を検討する必要があるということが検討会に参加した各センター実務担当者の一致した意見であった。

2.2 各高度被ばく医療支援センターが作製した染色体標本を用いた AI 自動画像判定システムによる評価

各高度被ばく医療支援センターが作製した染色体標本について AI 自動画像判定システムによる染色体異常検出を行い、標本作製から AI 自動画像判定アルゴリズムによる染色体異常検出までの各段階における課題等の解決方法を整理する。(仕様書３（２）)

背景と目的

本事業で使用する AI による異常検知モデルは、深層学習により、大量のデータから正常なパターンと逸脱した異常パターンを自動的に識別するシステムである。教師ありモデルは、事前に正常と異常のラベル付けがされた学習データを用いてモデルを訓練する手法であり、既知の異常に対して高い精度で検知を行うことができる。特に、医療や製造現場、ネットワークセキュリティなど、異常検知が重要な分野では、ラベル付きデータによる学習が有効であるため、迅速かつ正確な異常検出が求められる場合に教師ありモデルの有用性が際立つ。教師ありモデルは、事前に用意された異常の事例を基にして学習を行うため、未知のデータに対しても安定したパフォーマンスを発揮し、再現性の高い結果を得ることができる。一方、教師なしモデルは、ラベル情報を用いずにデータの分布やクラスタリングに基づいて異常を抽出する手法であり、ラベル付けが困難な状況や未知の異常パターンの検出に向いているが、誤検出のリスクが高くなる傾向がある。したがって、十分なラベル付きデータが確保できる場合は、教師ありモデルが信頼性と精度の面で優れているといえる。

QST がこれまで開発を行ってきた AI モデルは教師ありモデルであり、その教師データは QST 担当者が作成したデータセットを用いてきた。そのため、すべての高度被ばく医療支援センターでの均質的な線量評価につなげるためには、各センター担当者が作成した染色体画像を元としたデータセットにより AI モデルの検証と追加的な学習を行う必要がある。

そこで各高度被ばく医療支援センターが 2.1 の PNA-FISH プロトコールに基づき作成した染色体画像を集計し、既存の AI モデルを元にした解析と追加学習を行った。なお追加学習とその性能評価については、外部発注によりこれまで QST とともに AI モデルを開発した企業とともに実施している。

方法

AI に用いるデータセットについて

1. これまでの AI 学習および検証用のデータセット（データセット 1）

   これまで QST が作成した 0〜5Gy の放射線を照射したヒト末梢血リンパ球染色体顕微鏡画像 1457 枚がアノテーションされており、それぞれの画像に含まれる細胞は PNA-FISH 法によるセントロメア蛍光標識と DNA 染色試薬 DAPI による対比染色が

行われている。これらについて、学習、検証、テストとしてそれぞれ 995、135、327 枚に分割して使用していた。またアノテーションにおけるラベル付は、「normal（正常）」、「dicentric（二動原体）」、「acentric fragment（動原体なし断片）」以外のラベルの発生頻度は極めて低いので、ここではそれら以外のラベルを「others（その他）」として一つにまとめている。

2. 新たに各高度被ばく医療支援センターで取得された AI 学習および検証用のデータセット（データセット 2）

各高度被ばく医療支援センターよりより、統一プロトコールにより作成された染色体画像を提供された。それぞれの画像に含まれる細胞は PNA-FISH 法によるセントロメア蛍光標識と DNA 染色試薬 DAPI による対比染色が行われている。このデータセットは 401 枚の画像からなり、学習、検証、テストとしてそれぞれ 251、50、100 枚に分割した。データセットは放射線照射量や施設によって幾つかのグループに分かれるが、3Gy の放射線を照射した一部のグループでは染色体標本や PNA-FISH 染色の品質に問題のある画像データが多く、新しいモデルで著しく性能が落ちたため、テストデータから除いた。そのため、テストデータは 70 枚となった。

モデル

画像中の物体の位置をそれぞれ検出し、その種類を判定するという操作は物体検出（オブジェクトディテクション）と呼ばれる AI のタスクに該当する。これまでに Faster R-CNN, Retina Net, Efficient Det, Detection Transformer (DETR), YOLOx などのオブジェクトディテクションの手法を用いて染色体の検出プログラムの作成と検証を行ってきており、その中でも YOLOv5 [2]および DETR with Improved de Noising anchOr Boxes (DINO) [3]のアルゴリズムで良好な結果を得ていた。今回は、その二つの内でも特に性能が良かった DINO を用いた。モデルパラメータの初期値として COCO データセット[4]で事前学習後のパラメータを用い、それをもとに、提供された染色体画像（データセット 1 およびデータセット 2 を統合）で学習を行った。評価には今回新しく提供されたデータセット 2 のテストデータを用いた。また評価対象モデルとしては、データセット 1 のみで学習したモデルを用いた。以降データセット 1 のみで学習したモデルは旧モデル、データセット 1 およびデータセット 2 を統合したデータセットで学習したモデルは新モデルと呼ぶ。

モデルの評価指標

染色体の検出性能を評価するために、染色体線量評価担当者が目視で計数した染色体数と、自動検出できた染色体数の平均絶対誤差（Mean Absolute Error）を計算した。染色体の検出性能が高いほど、平均絶対誤差は小さな値をとる。

$$平均絶対誤差 = \frac{1}{n}\sum_{k=1}^{n} \quad |自動検出できた染色体数 - 実際の染色体数|$$

n はサンプル数。染色体の分類性能を評価するために、Recall と Precision を計算した。AI 画像判定モデルの評価指標として、Recall（再現率）と Precision（適合率）は分類の正確性を測る上で重要な役割を果たす指標である。

$$Recall = \frac{True\ Positives}{True\ Positives + False\ Negatives}$$

$$Precision = \frac{True\ Positives}{True\ Positives + False\ Positives}$$

Recall は、実際に陽性（たとえば画像に対象物が存在するとき）であるサンプルのうち、モデルが陽性と判定した割合を示す。そのため Recall の値は真陽性の数が多いほど高い値をとり、偽陰性が増えると値は下がる。例えば、dicentric 染色体が normal 染色体として判断されるケース（偽陰性）が少ないと、Recall の値は高くなる。一方、Precision はモデルが陽性と判定したサンプルのうち、実際に陽性であったサンプルの割合を表す指標である。そのため Precision の値は真陽性の数が多いほど高い値をとり、偽陽性が増えると値は下がる。例えば、normal 染色体が dicentric 染色体として判断されるケース（偽陽性）が少ないと、Precision の値は高くなる。

解析の実行環境

AI モデルの作成や検証を行う実行環境のスペックは、処理の効率性や開発のスムーズさに大きく影響する。基本的には GPU 性能が最も重要であり、深層学習には CUDA 対応 GPU が推奨される。CPU はデータ前処理や並列計算の処理速度に影響するため、高性能が求められる。また、開発環境には Ubuntu などの Linux 系 OS が適している。そのため今回の開発は下記の計算環境にて解析を行っている。

表 1．解析に使用された計算環境

項目	詳細
CPU	AMD rome 7742x2 2.25GHz (64Core/128 Threads)
GPU	NVIDIA Tesla A100(40GB)
OS	Ubuntu 20.04.6 LTS

結果

染色体の検出と分類

染色体の検出

まず旧モデルを用いて、染色体の検出および分類を行い、目視による Ground truth と比較してモデルの性能を評価した。まず、染色体検出について、Ground truth との平均絶対誤差は 1.486 であった（図 3，図 4）。

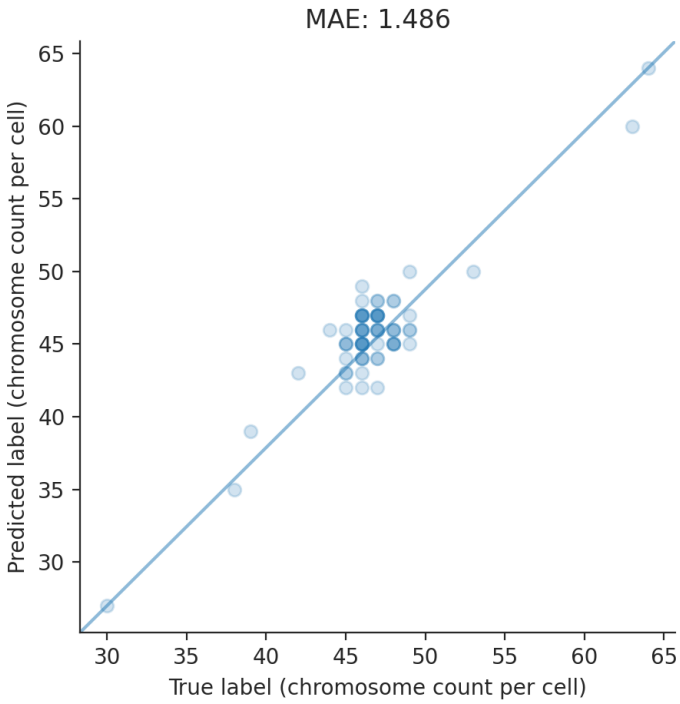


図 3．旧モデルで検出された染色体数と実際の染色体数の差の分布を示す散布図。横軸：目視カウントによる染色体数正答、縦軸：AI モデルにより検出された染色体数

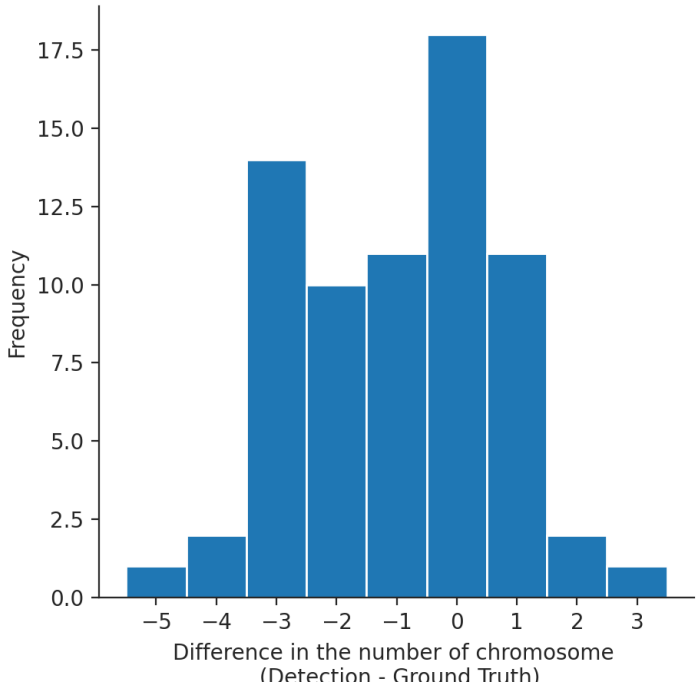


図４．旧モデルで検出された染色体数と実際の染色体数の差の分布を示すヒストグラム

（*自動検出された染色体数 − 目視カウントによる染色体数*）。

次に新モデルを用いて、染色体の検出および分類を行い、目視による Ground truth と比較してモデルの性能を評価した。まず、染色体検出について、Ground truth との平均絶対誤差は 2.586 であった（図５，図６）。

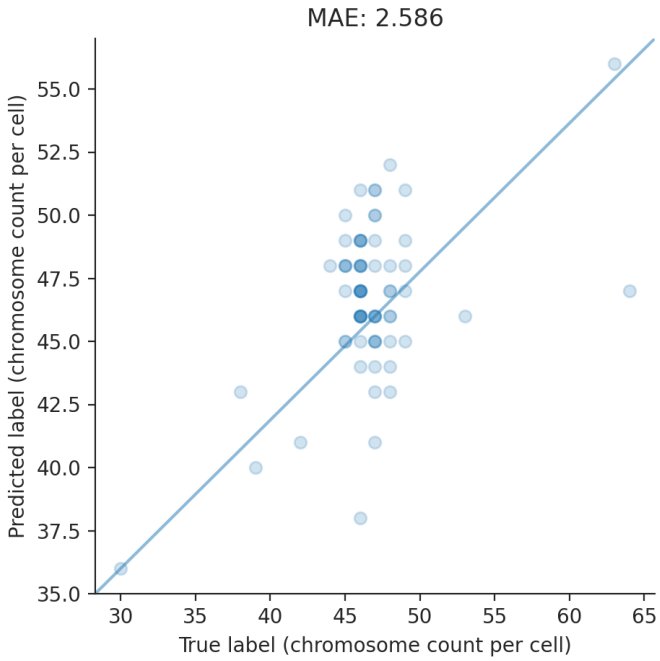


図５．新モデルで検出された染色体数と実際の染色体数の差の分布を示す散布図。横軸：目視カウントによる染色体数正答、縦軸：AI モデルにより検出された染色体数

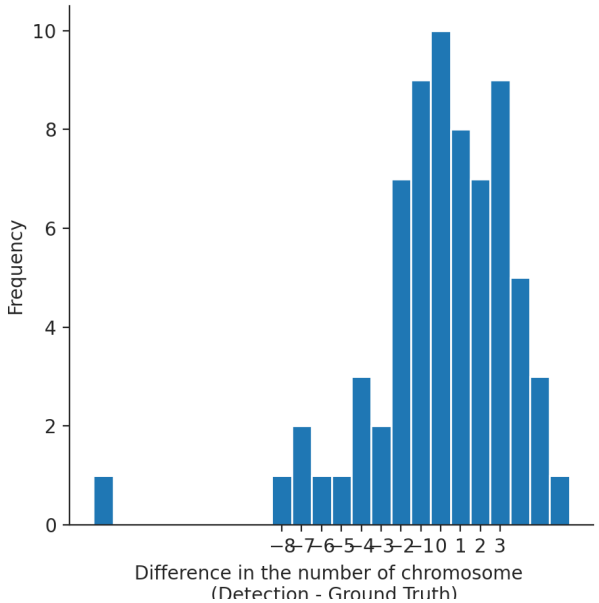


図６．新モデルで検出された染色体数と実際の染色体数の差の分布を示すヒストグラム

（*自動検出された染色体数 − 目視カウントによる染色体数*）。

染色体の分類

続いて、旧モデルで染色体の自動分類結果の評価を行った混同行列を示す（図７）。dicentric 染色体 Recall は 44.4%、Precision は 20.5%、acentric fragment についても Precision21.8%、Recall 85.0%と特異度が低くなった。また others は Recall が 0.9%とほとんど検出されなかった（表２）

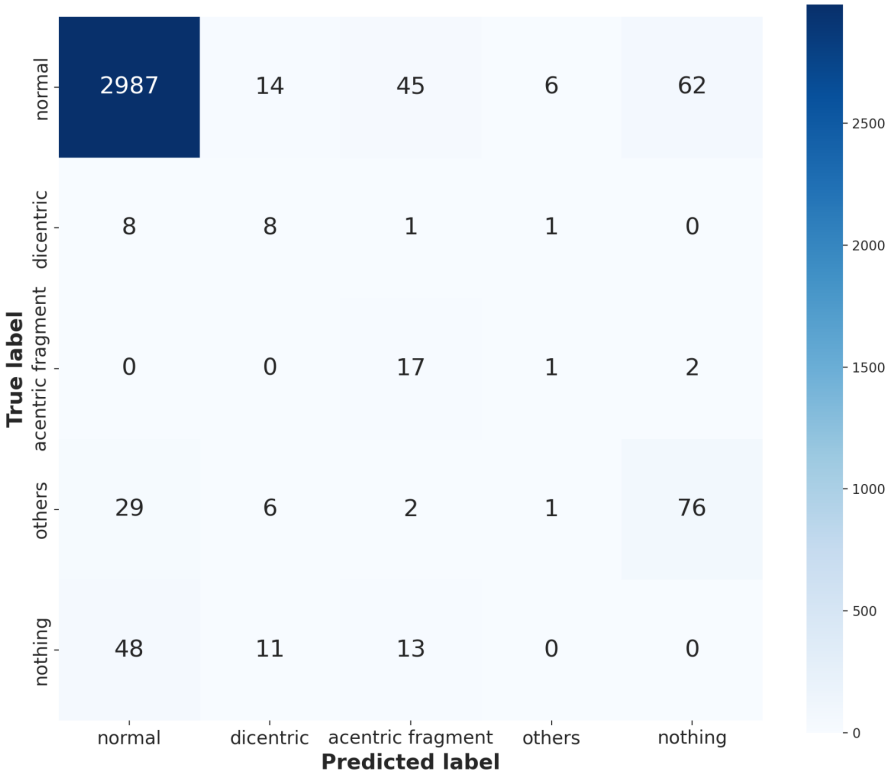


図７．Ground truth と旧モデルによる推論結果（Predicted label）を示す混同行列
（ラベルが割り当てられていなかった際には、「nothing」に分類している）

表２．旧モデルによる染色体分類性能

Label	Precision	Recall
normal	0.972	0.959
dicentric	0.205	0.444
acentric fragment	0.218	0.850
others	0.111	0.009

次に新モデルで染色体の自動分類結果の評価を行った混同行列を示す（図８）。normal の Precision, Recall の若干の低下、dicentric と acentric fragment の Recall の低下は見られたが、dicentric と acentric fragment の Precision の向上と others の Precision および Recall は大幅に向上した（表３）。

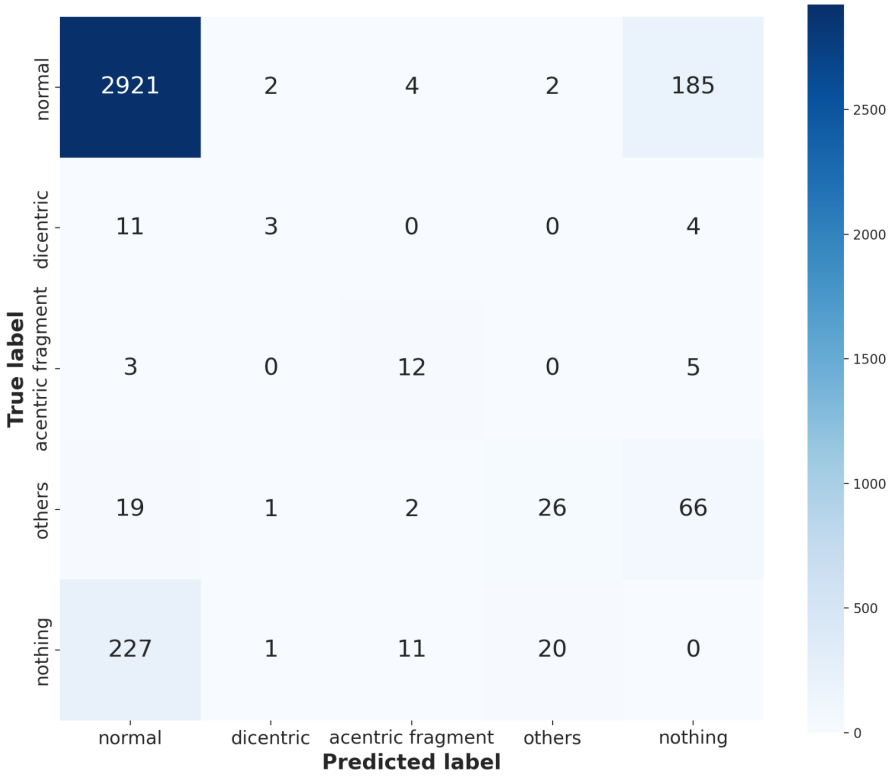


図８．Ground truth と新モデルによる推論結果（Predicted label）を示す混同行列
（ラベルが割り当てられていなかった際には、「nothing」に分類している）

表３．新モデルによる染色体分類性能

Label	Precision	Recall
normal	0.918	0.938
dicentric	0.429	0.167
acentric fragment	0.414	0.600
others	0.542	0.228

結論

本項では、これまでの AI を用いた染色体異常自動検出モデルの開発を更に進め、異なる環境で得られたデータセット（データセット 2）における性能改善を目指した。データセット 2 を適用することにより性能の改善が見られ部分と性能の低下する部分がみられた。

新モデルを用いて、染色体の検出および分類を行い、目視による Ground truth と比較してモデルの性能を評価したところ、染色体検出については Ground truth との平均絶対誤差は旧モデルの 1.486 から 2.586 と大きくなっている。本事業では PNA-FISH プロトコールの統一を行い、各高度被ばく医療支援センターにおいて均質な染色体画像の取得を目指しているが、現時点では QST 単独での結果から誤差が大きくなっており、PNA-FISH プロトコールや手技の均てん化をより一層進める必要性、あるいは本事業で使用した学習要画像枚数は少なかったことから、今後学習量を増やすことにより、改善が見込まれる結果となった。

また染色体分類性能の評価においては、正常染色体の判定における Precision, Recall の若干の低下、二動原体型染色体と染色体断片の Recall の低下は見られたが、二動原体型染色体と染色体断片の Precision の向上とその他分類の Precision および Recall は大幅に向上させることができた。二動原体型染色体の検出精度は染色体線量評価において最も重要な部分であり、この精度が向上したことは今回の追加学習によりこれまで開発してきた AI モデルの性能がさらに向上したことを示す。二動原体型染色体の Recall が低下した要因としては、データセット 2 の傾向として染色体同士が密集した画像が多く、近接した 2 つの染色体の学習頻度が高くなった結果として偽陰性の増加につながったことが考えられ、PNA-FISH プロトコールにてスライドガラス上に展開する染色体密度を現在より厳密に規定する必要がある。

今回の各高度被ばく医療支援センターデータの追加による結果は、AI モデルの性能の改善が見られた部分と性能の低下する部分双方が現れる結果となり、全体的な性能向上までは至らなかった。この結果の要因の一つとして学習データの偏りがあると考えられる。データセット 1 は学習および検証データがそれぞれ 995 枚、135 枚あるが、今回得たデータでは血液培養の失敗により標本作製まで進むことができなかったセンターや PNA-FISH 染色が上手くいかなかったセンターがあり十分な画像データセットを得ることができなかった。そのため追加したデータセット 2 はそれぞれ 251 枚、50 枚と学習データは 3 倍以上、検証データも 2 倍以上の差となっている。一般的に機械学習モデルの学習では、学習データセットのドメイン(データの出所や条件の違い)間やクラス(識別すべきラベル)間のインバランスが問題となり性能が伸びないことがある。本データセットでもドメイン間とクラス間

のインバランスとして、QST 作成のデータが比率として多いことや正常染色体に対して二動原体型染色体の比率が少ないこと、などが性能改善を阻害した可能性がある。また、旧モデルの others の検出性能が著しく低かったため、その向上が優先されたと思われる。そのため AI モデルの性能をさらに向上させ安定化させるには、有効な学習データをデータセット 1 と同程度以上である 1000 枚程度(データセットとして 1500 枚程度)まで増やし、ドメイン間の学習データ枚数のインバランスの改善や、クラス間インバランスについてサンプリングや重みづけをチューニングすることが次に行うべき手段として考えられる。また根本的な改善策として PNA-FISH 法による染色体標本作製の均てん化をさらに進め、各センターが作成する画像をデータセット 1 の画像に近づけることが重要である。

2.3　AI 染色体線量評価法の汎用性向上及び精度向上に向けた取組

> 2.2 において明らかとなった各段階における課題等に対応するため、標本作製のためのプロトコール等の見直し、各高度被ばく医療支援センターにおけるマニュアルの整備、AI 自動画像判定システムの修正等、必要な取組を行う。（仕様書３（３））

輸送における血液の品質管理

原子力災害等により被ばく患者が発生し染色体線量評価が適用される際には、被ばく患者が入院・通院等を行う発災地近傍の病院等から血液を高度被ばく医療支援センターへ輸送し細胞培養等を実施する必要がある。培養を行う血液細胞は培養に適した状態で輸送する必要があることから、輸送における品質管理を規定することは重要である。特に輸送時の温度環境の変化は血液細胞への影響が大きいことから、PNA-FISH 試験に合わせて輸送時の影響について検討した。

試験概要

2024 年 12 月 9 日　QST にて採血、15:00 発送（宅配便）

12 月 11 日 各センターに検体到着、血液凝固判定、全血培養開始

12 月 13 日 標本作製

2025 年 3 月 3 日 弘前大学にて採血、13：00 発送（宅配便）

3 月 5 日各センターに検体到着、血液凝固判定、全血培養開始

3 月 7 日標本作製

検討方法

① 被ばく線量

積算型線量計（千代田テクノル D シャトル）を血液近傍に設置し、輸送中に血液が受ける被ばく線量の確認を行った。測定される値は周辺線量当量 H＊(10)である。

② 温度測定

2ch 温度ロガーを血液近傍と輸送ボックス外装に配置し、輸送中の温度を経時的にモニタリングした。

③ May-Grunwald ギムザ染色による血液凝固の判定

・自動血球計数器のあるセンターでは血球計数を行う。

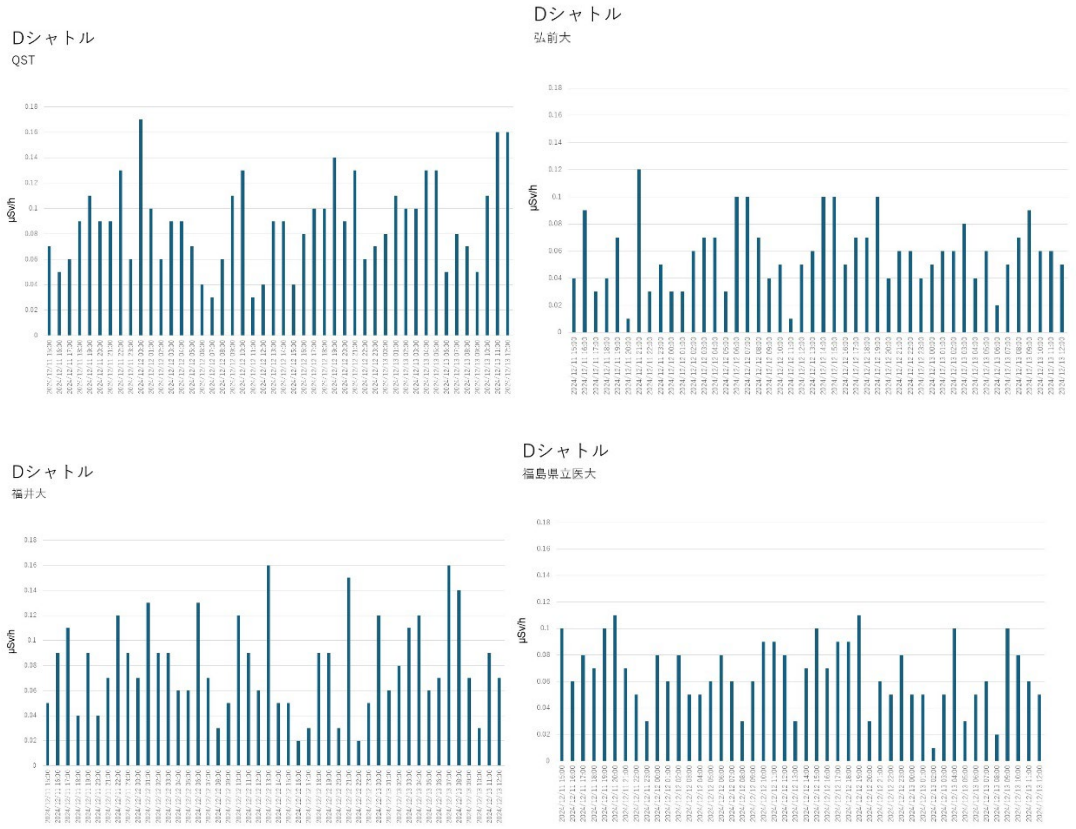
・スメア標本を観察して血液凝固が生じていないか確認する。

④ 分裂指数の測定

染色体標本を目視で観察し、分裂中期像かリンパ芽球最低 500 個について分裂指数を求める。

結果

①輸送中の被ばく線量



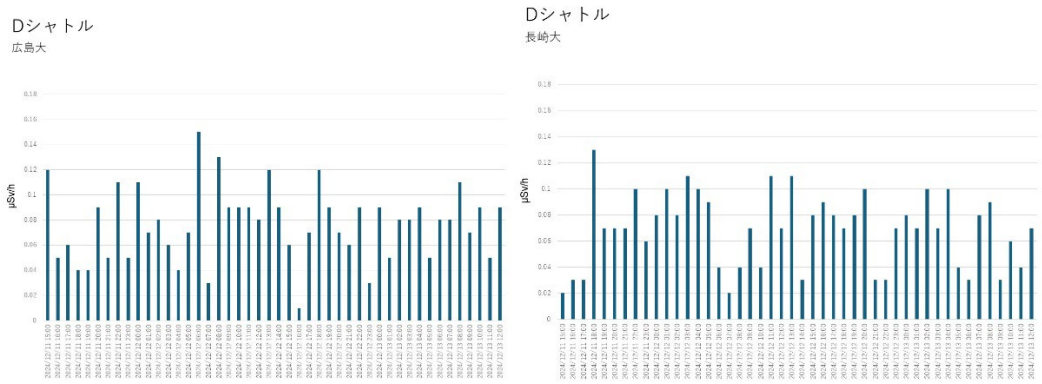


図９．12 月 9 日実施輸送試験における輸送中（1 時間おき）の被ばく線量の推移

全高度被ばく医療支援センターへの輸送時間に受けた線量はいずれもバックグラウンドレベルであった。輸送中の線量上昇への寄与可能性が高い航空機輸送はいずれの目的地への輸送においても行われていない。

②輸送中の温度変化

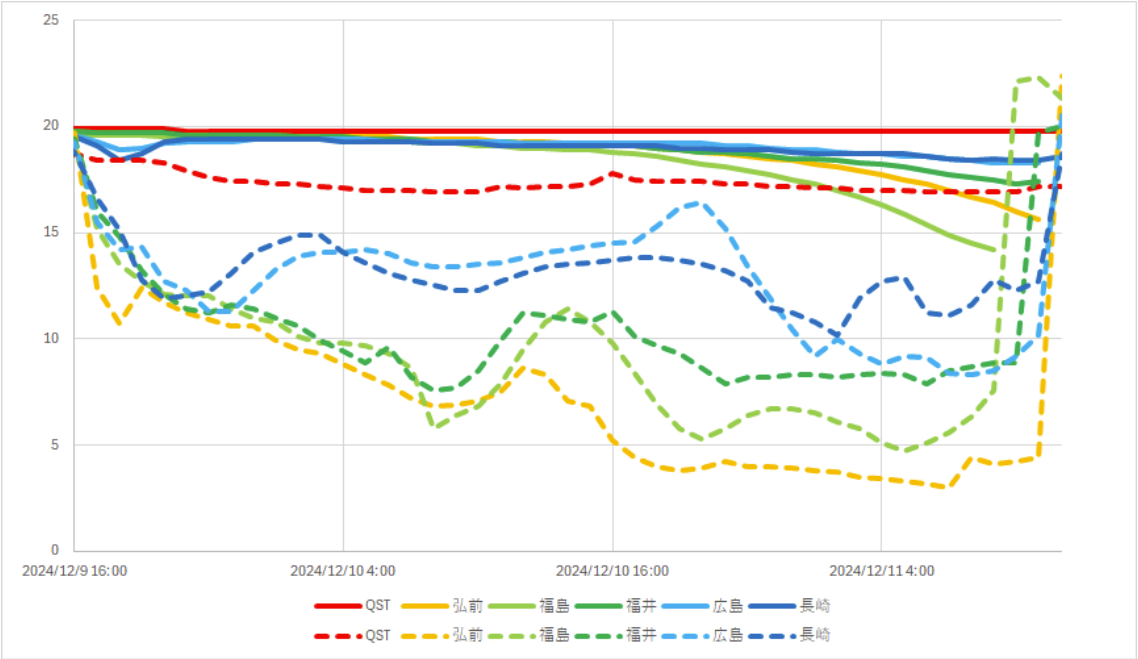


図１０．12 月 9 日実施輸送試験における温度変化。縦軸は温度（℃）を示す。実線、破線はそれぞれ血液近傍の温度と外装の温度を示す。

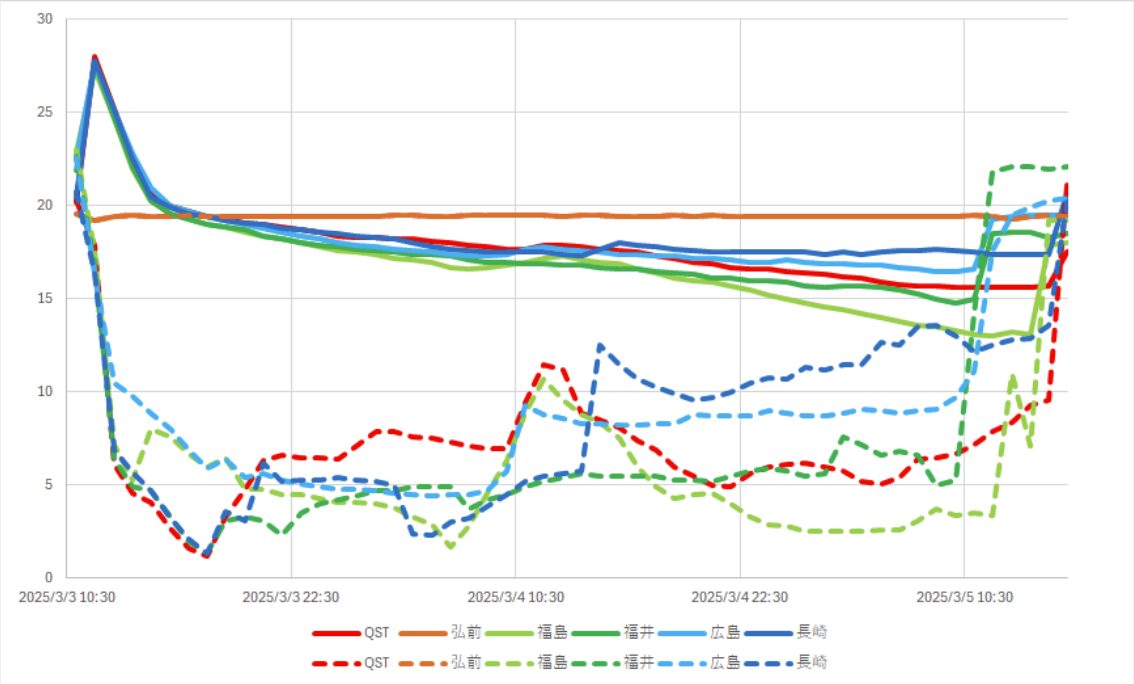


図１１．３月３日実施輸送試験における温度変化。縦軸は温度（℃）を示す。実線、破線はそれぞれ血液近傍の温度と外装の温度を示す。

外気温が氷点下となるような輸送環境においても血液環境の大きな温度変化は見られず、今回採用した輸送資機材を用いることにより 2，3 日程度の輸送においては十分な性能を確認することができた。

③血液凝固判定

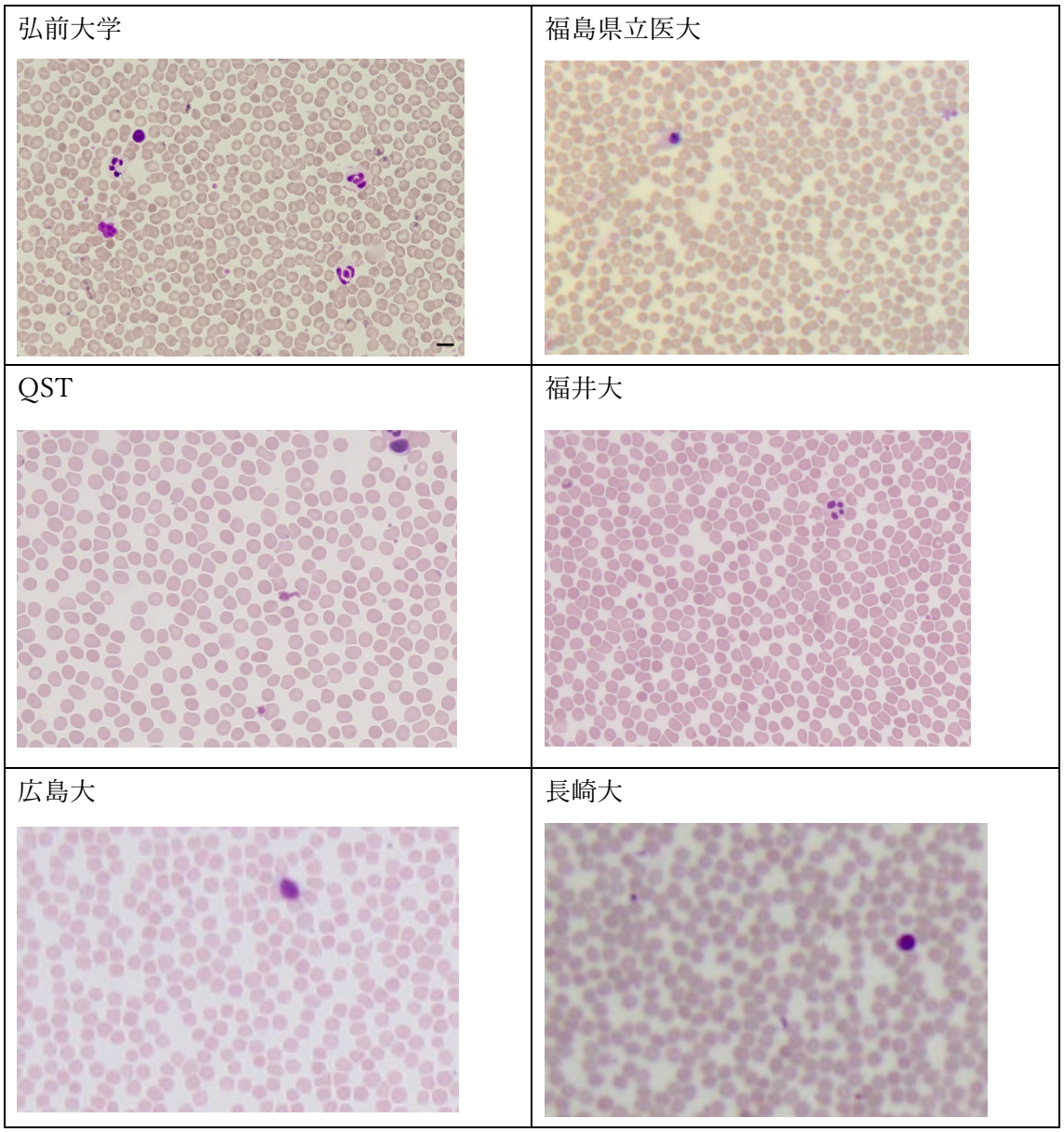


図１２．May-Grunwald ギムザ染色による血液凝固の判定

観察の結果、血小板の凝固は観察されず、リンパ球を含む白血球等の形態は良好であった。赤血球の形態は変化が起こっているように見受けられるが、ヘパリンの影響により、かつ輸送に 2 日を要している点も考慮する必要がある。

④分裂頻度

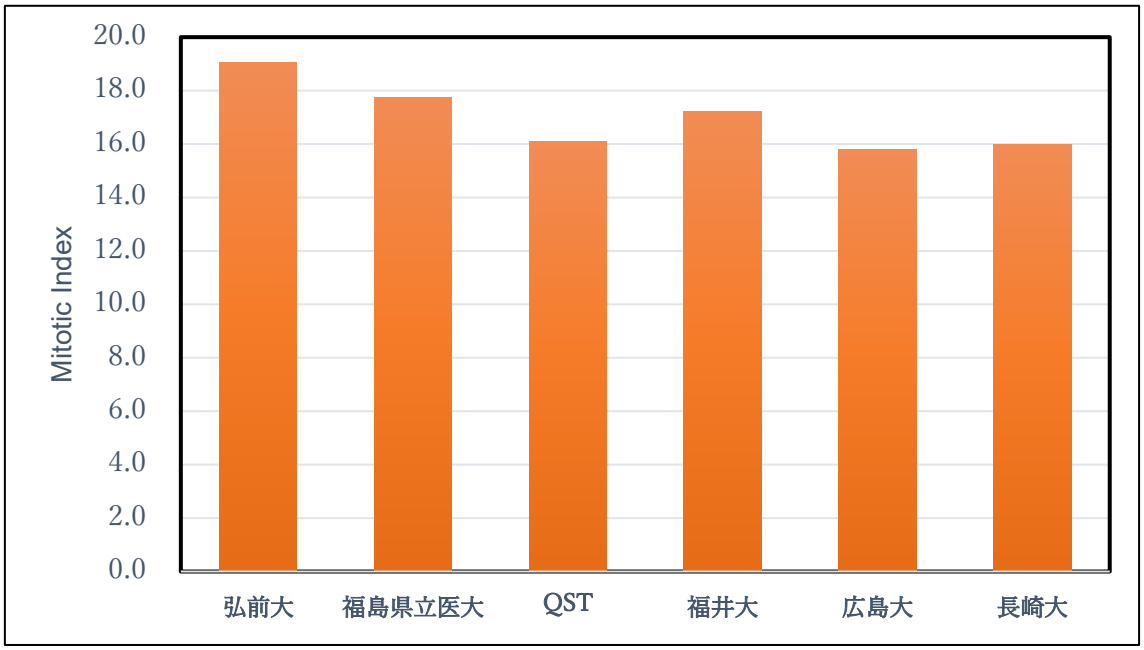


図１３．分裂指数の測定

Tukey 法にて比率の差の検定を行ったが、有意差はみられず各高度被ばく医療支援センターへ輸送された血液の状態はすべて良好であることが確認できた。

2.4 その他、原子力災害時に AI 自動画像判定システムを活用するにあたっての課題についての調査・検証

その他、原子力災害時に AI 自動画像判定システムを活用するにあたっての課題についての調査・検証（仕様書３（4））

AI 染色体線量評価システムを原子力災害医療体制へ導入段階で整理するべき事項や解決するべき課題はこれまで高度被ばく医療支援センター連携会議線量評価部会や令和 4 年度までに実施された「緊急時の被ばく線量評価における人工知能を用いた染色体線量評価法の導入に関する実効性検証等事業」、さらに 2.1 の検討会の場でも議論されてきた。これまでにあげられている主な課題は以下の通りである。

AI システムで解析するための被検者染色体画像データを高度被ばく医療支援センター間での授受する方法について

原子力災害時の被ばく線量評価では、対象となる被験者の人数や地域の被災状況に応じて全国の高度被ばく医療支援センター等が連携することが想定される。その際に AI 染色体

線量評価システムに用いる染色体画像の共有を行うにあたり、特に染色体画像データの取り扱いに関する特性を考慮しつつ、利便性、安定性、経済性等の多角的な観点を踏まえた最適な方法を導入する必要がある。また染色体画像データは仮名化情報であり情報セキュリティを考慮した取り扱いをするべきである。

原子力災害時の線量評価に用いるデータの遠隔地への共有については、JCO 事故後の緊急被ばく医療のあり方を議論する過程において問題提起されており、2009 年には放射線医学総合研究所が「緊急被ばく線量評価情報共有・伝達システム」を開発し、高度被ばく医療支援センター連携会議線量評価部会の前身である放射線医学総合研究所染色体ネットワーク会議の専門家間のデータ共有を可能としていた。しかし、このシステムは漏洩や改ざんのセキュリティを担保するために操作や管理が煩雑であり、2011 年福島第一原発事故の際にも、放射線医学総合研究所内の情報共有にのみ使用され、染色体ネットワーク会議等外部との情報共有には用いられなかった。その後染色体ネットワーク会議および線量評価部会では染色体画像データ共有のインフラの整備が何度か問題提起されているが、便利性とセキュリティの確保および維持・管理コストをバランスする解決方法の合意までには至らず、画像データをパスワードロックしたポータブルハードディスクにコピーし、郵送もしくは手交することによって行われている。しかしこの方法では、AI システムを導入することによる染色体異常検知の迅速化や多検体処理などの優位性を活かすことができないため、画像データの共有手段を構築することは AI システムの構築と同等に重要である。この検討は令和 4 年度事業においても行われているが、今回さらに具体的な検討を行った。

共有が想定される画像データ

① 顕微鏡撮影したヒト染色体画像

画像 1 枚 4MB。顕微鏡独自形式もしくは PNG および TIFF 形式。

患者 1 名当たりのデータ量は、2〜3MB×3,000 枚 ＝1 GB 程度と想定

② ①の解析結果に基づく線量評価数値(検査結果データ)

データ形式は、text, csv, 画像内座標(顕微鏡独自形式、アノテーションソフト形式)

患者 1 名当たりのデータは 1MB 以下

※ 災害発生時に 100 名の検査を実施と想定

※ 画像データおよび AI 解析結果は仮名加工情報であり、医療情報セキュリティガイドラインなども参考に取扱

共有に関与する機器

A）染色体画像撮影用顕微鏡システム

- 顕微鏡本体とワークステーションで構成されるハードウェア

- 撮影した画像を独自形式で保存

B）顕微鏡画像分析管理共有システム

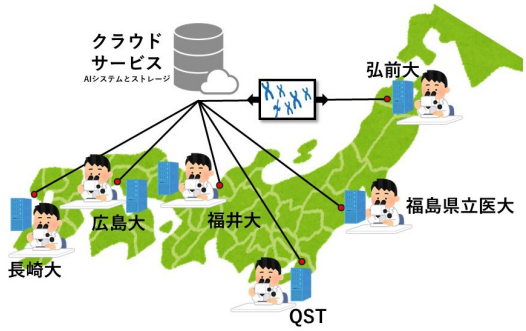
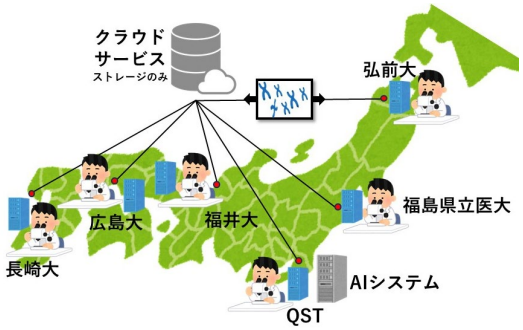
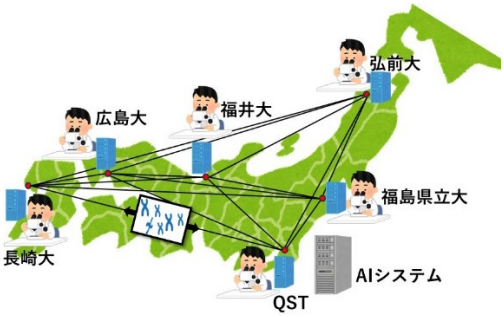
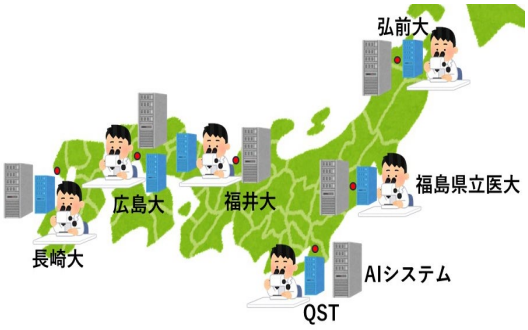
- 取得した染色体画像を用いて染色体異常分析を行う
- 主に A）の WS にインストールされているが、単体動作も可能
- 取得画像の DB 管理
- A）で取得した画像の TIFF エクスポート機能
- ネットワーク接続により、A）で撮影した画像を遠隔でシームレスに分析することが可能（通信には TCP139, UDP137,138,TCP/UDP445,5938,52050 を使用）

C）染色体異常判定 AI システム

- A) B) で生成された染色体画像(TIFF)から染色体数の計数と染色体異常部位の特定を行う AI 画像異常検知器
- 特定した染色体異常頻度から被ばく線量の推定値を算出
- Web インターフェイスを持ち、Web ブラウザにて操作可能。画像のインポート→検知器の選択→検知器の動作→線量推定値の算出、特定した異常部位の確認、結果の保存。
- 現在稼働させているのオンプレワークステーションのスペックは、Core i9-13900F, GeForce RTX4090, 128GB DDR5-4800, 6TB SSD

これらの機器を用いた高度被ばく医療支援センター間での情報共有を、①から④の 4 つのパターンを想定し検討を行った。

表４．AI 染色体線量評価システム導入方法パターン

<table>
<tr><td colspan="2">ネットワーク接続先
国内 6 か所に設置された A)＆B)システム
1 か所(＋バックアップ)以上に設置された C)システム
染色体画像等を保管するファイルストレージ
使用者数：6 センター専門家 10～30 名程度
アクセス頻度：災害未発生時では年 1～12 回程度</td></tr>
<tr><td>①クラウド上の AI システムを各センターが利用
 
</td><td>②クラウドストレージに各センターが画像をアップロードし、QST が AI システムで解析した結果を各センターへ返送
 
</td></tr>
<tr><td>③顕微鏡のオンラインデータベースサーバをクラウド上で稼働させ、QST が AI システムで解析してへ返送
 
</td><td>④ネットワークせず、各自が AI システムを保守・運用
 
</td></tr>
</table>

本案を元にAI染色体線量評価システムの構築と医療情報セキュリティに精通したメーカー計5社に対して、実現性(構築の難易度)、初期コストおよび構築後の維持費についてヒアリングを行ったところ、表5の結果が得られた。

表5．AI染色体線量評価システムの構築に関するヒアリング結果

方法	概要	費用比較
① AI染色体線量評価システム全体をクラウド化	・クラウド上のAIシステムと画像ファイル共有機能を各拠点から利用 ・各拠点からクラウドには、インターネット経由で接続 ・AIシステムが1か所に集約され、将来的にも各拠点側での保有は不要。	初期：高 維持：中
②－1 画像ファイルの共有機能のみクラウド化し、AIシステムはQSTにて運用（クラウドサーバー上に独自に構築）	・クラウド上に構築した画像ファイル共有機能を各拠点からインターネット経由で利用することにより最低限のセンター間連携を実現 ・用途に最適化されたファイル共有機能を設計することができる ・AIシステムはQSTのみに設置することになり、各センターが独自に使用することはできない。	初期：中 維持：中
②－2 画像ファイルの共有機能のみクラウド化し、AIシステムはQSTにて運用（既成の医療画像共有サービスを利用）	・医療情報の取扱いに最適化されたオンライン情報共有サービス(グループウェア)にて画像ファイル等を共有することにより、最低限のセンター間連携を実現 ・既成のサービスを利用することにより安価であり医療情報セキュリティをクリアしやすい。一方でソフトウェアライセンス費用が恒常的に発生 ・AIシステムはQSTのみに設置することになり、各センターが単独で使用することはできない。	初期：低 維持：高
③ 顕微鏡機能による検査データ集約・共有用データベースシステムを使用して画像のみ共有	・顕微鏡制御用ワークステーションをサーバとしてVPNで他センターの同様システムに接続 ・AIシステムはQSTのみに設置することになり、各センターが単独で使用することはできない。 ・国内に導入事例がなく、ネットワーク機器やその設定は顕微鏡メーカーが取り扱っていないことから別に準備する必要がある。	初期：中 維持：中

④ ネットワーク化せず各センターでオンプレ運用	・AI システムネットワーク化しないため医療情報セキュリティへの対応が不要になる。 ・センター間画像共有等手段がないため、センター間連携が困難 ・導入費用は比較的安価であるが、各センターへ設置した AI ワークステーションの定期的な機器更新費用などが発生	初期：低 維持：高

3. まとめ

人工知能(AI)による染色体異常判定技術を、原子力災害医療における生物線量評価体制に導入するための調査および検討を行った。

その結果、量研機構がこれまでに開発しているAIアルゴリズムは国内で標準的に用いられている染色体標本作製法のための細胞培養法においてもある程度の確度をもって染色体異常の検出が可能であった。今後は全国の高度被ばく医療センターにて実際に作成した染色体標本画像データを用いた場合のAI性能の評価の検証と、AIの強化学習の追加によるさらなる判定性能の向上を目指すべきである。

この開発したAIアルゴリズムを活用するためのアプリケーション化やセンター間データ共有方法、AIシステムの機能維持のために必要な冗長化について検討を行ったところ、現実的な方法を整理することができた。本事業で整理した方法にもとづき体制整備を実施するためには、各高度被ばく医療センターにおける状況の違いも考慮しつつ、各々の必要性に応じて機器等の整備が必要になる。

上記の調査及び検討をもとに、各高度被ばく医療センターと状況の共有を行い、今後のAI染色体線量評価の実現に向けて方向性の共通認識を得ることができた。

以上より本事業の結果は今後の生物線量評価の実効的の向上に資するものである。

4. 参考文献

[1] 量研機構: 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　年度末報告書

[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; 2023.

[3] Moriña D, Higueras M, Puig P, Ainsbury EA, Rothkamm K. Radir package: An R implementation for cytogenetic biodosimetry dose estimation. Journal of Radiological Protection 35: 557–569, 2015.

[4] 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.

[5] GRCh38/hg38 (https://www.ncbi.nlm.nih.gov/grc/human)

[6] 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. 補足資料

補足資料 1　PNA-FISH 統一プロトコール

PNA-FISH 統一プロトコール
発行日: 2025-01-28
発行機関: 量子科学技術研究開発機構（QST）

---

1. 目的
本作業手順書は、PNA-FISH（ペプチド核酸フルオロセンスインサイチュハイブリダイゼーション）を用いた染色体解析に関する標準作業を詳細に記述し、実験の再現性と精度を向上させることを目的とする。

2. 必要な機器・試薬
機器

- ドライオーブン（64℃）
- ウォーターバス（70℃、57℃）
- 氷
- PCR 機またはヒートブロック（90℃）
- 蛍光顕微鏡

試薬

- PNA プローブ（50 ng/μl ddw, ~16 μM）
- ホルムアミド（分子生物学実験用）
- 2X SSC（標本 DNA 変性および洗浄用）
- エタノール（70%、95%、100%）
- 2X SSCT（2.5% Tween 20, 1 ml / 2× SSC, 50 ml）
- DAPI（125 ng/ml）
- ウルトラピュア・ホルムアミド
- ddw（超純水）

3. 作業手順
3.1. 標本のハードニング

1. スライドグラスをアルミホイルでカバーし、ドライオーブン（64℃）で 2〜3 時間加熱する。
2. ハードニング中に標本 DNA 変性溶液（70%ホルムアミド/2X SSC）を調製し、ウォーターバス（70℃）にセットする。

3.2. 標本 DNA の変性

1. スライドグラスを 70℃の 70%ホルムアミド/2× SSC 溶液に 2 分間浸漬する。
2. 直ちに冷却した 70%エタノールに移し、3 分間処理する。
3. 95%エタノールに 3 分間浸漬する。
4. 100%エタノールに 3 分間浸漬し、風乾する。

3.3. プローブの準備

1. PNA プローブを 4〜5 倍希釈（例：3 μl + ddw 9 μl = 12 μl）。
2. PCR チューブ（0.5 ml）に 100 倍希釈液を調製（3 μl 希釈プローブ +2× SSC 120 μl + ウルトラピュア・ホルムアミド 180 μl）。
3. PCR 機またはヒートブロックで 90℃、5 分間加熱（熱変性）。

3.4. ハイブリダイゼーション

1. 変性プローブ 60 μl をスライドグラスに滴下し、パラフィルムカバー（約 25×30 mm）を装着。
2. 遮光した箱に入れ、室温で最大 2 時間インキュベーション。
3. 洗浄用 2X SSCT（57℃）を準備する。

3.5. ハイブリダイゼーション後の洗浄と対比染色

1. パラフィルムカバーを取り外す。
2. 57℃の 2× SSCT 溶液（2.5% Tween 20, 1 ml / 2× SSC, 50 ml）に 10 分間浸漬。
3. ddw でリンスする。
4. DAPI 溶液（125 ng/ml）40 μl を滴下し、カバーグラス（25×50 mm）を装着。
5. エナメルコートでシールし、遮光して室温で 10〜30 分間静置。
6. 蛍光顕微鏡を用いて画像取得を行う。

4. 注意事項

- ホルムアミドおよびエタノールは、適切な保護具（手袋、ゴーグル、白衣）を着用して取り扱う。
- すべての試薬は使用前に品質を確認し、汚染を防ぐため無菌的に操作する。
- PNA プローブは光および温度変化に敏感なため、-20℃で保存し、使用直前に適切に希釈する。
- DAPI は DNA 染色用の蛍光色素であり、取り扱いには特に注意する。
- 画像取得時には、蛍光強度の均一性とバックグラウンドノイズを考慮しながら適切な設定を行う。

5. 参考文献

1. QST 標準プロトコール（2025 年版）
2. 分子生物学実験マニュアル（最新版）
3. 国際標準 PNA-FISH プロトコールガイドライン

改訂履歴

改訂番号 改訂日　　変更内容 担当者

1.0　　2025-01-28 初版作成 線量評価部会 PNA-FISH 検討委員会

本プロトコールは、被ばく線量評価のための PNA-FISH 法の標準化と試験精度の向上を目的としており、今後の改訂を通じてさらに改善される予定である。

補足資料２　AI 染色体線量評価システム操作手順

操作手順(コマンドラインインターフェース版)

1. Docker container が作成されていることを確認。以下のコマンドで作成済みのコンテナの一覧を確認できる

```
docker container ls -al
```

この状態では、ホスト PC のデスクトップと container の/home/biodose/デスクトップ が接続されている状態です。

2. Container をスタートし、インタラクティブモード(bash)で使用を開始する。

```
# Docker container を開始。
docker container start qst_ubuntu

# Start bash in the container
docker container exec -it qst_ubuntu bash
```

Docker コンテナ内ではユーザ名の表示が root@f5d184cf772a:/# のように変わる。

3. Docker container 内で AI を操作。**PC1（日本語 OS）と PC2（英語 OS）ではファイルパスが違うので注意！**

```
# ホスト PC のデスクトップフォルダと Container の/home/biodose/デスクトップ
が接続されているので、
# コンテナ内で /home/biodose/デスクトップ に移動
cd /home/biodose/デスクトップ

# ホスト PC のデスクトップフォルダと Container の/home/biodose/Desktop が接続され
ているので、
# コンテナ内で /home/biodose/Desktop に移動
cd /home/biodose/Desktop
```

4. コンテナ内でコマンドを実行。

- 以下のコマンドは Desktop/demo_img というフォルダに入った PNA-Fish 画像を DINO で処理して、その結果を output というフォルダに格納するようなコマンド。

- 結果はコンテナ内のフォルダに格納されるが、コンテナの/home/biodose/デスクトップ（Desktop）とホスト PC のデスクトップ（Desktop）は繋がっているので、特別な処理なしでもコンテナ外から（ホスト PC 側から）結果を取り出せる。/home/biodose/デスクトップ（Desktop）ではないところで処理したファイルはコンテナ外からアクセスるのにファイル転送の操作が必要。

```
# ホスト PC のデスクトップフォルダと Container の/home/biodose/デスクトップ
が接続されているので、
# コンテナ内で /home/biodose/デスクトップ に移動
run_pna_dino --img_dir /home/biodose/Desktop/demo_img --out_dir output
```

5. Docker コンテナを終了

```
# コンテナ内で、以下のコマンドを入力してコンテナ環境から出る
（インタラクティブモードを終了）。
exit

# ホスト PC で、以下のコマンドを入力してコンテナの実行を終了
docker container stop qst_ubuntu
```

Web アプリ操作手順

1. Docker container が作成されていることを確認。以下のコマンドで作成済みのコンテナの一覧を確認できる

```
docker container ls -al
```

2. Container をスタートし、直接 Webapp を起動。

```
# Docker container を開始。
```

```
docker container start qst_ubuntu

# Start bash in the container
docker container exec -it qst_ubuntu streamlit run
/root/codes/pna_streamlit_app_2023_02/streamlit_main.py
```

3. ブラウザ（Chrome や Fire fox など）で AI を操作する。

- AI が動作している PC で直接ブラウザを開くときは下記のアドレスを開く。
  http://localhost:8501

- 同じネットワーク内の PC からは、ローカル IP アドレスを使用して以下のようにアクセスすることもできるので、PC のモニターの調子が悪かったりするときは、同じネットワークにつながった別の PC のブラウザに以下のようにアクセスする。
  例：AI の PC のローカル IP アドレスが　192.168.0.131　のとき
  http://192.168.0.131:8501

4. 終了操作

1. ウェブブラウザを閉じる

2. ターミナル上で Control + C を押してプログラムを中断

3. Docker コンテナをストップする

```
docker container stop qst_ubuntu
```

AI コマンド操作手順

DINO model

```
run_pna_dino --img_dir IMG_DIR        folder that contains input images
  --out_dir OUT_DIR        folder that contains input images
  --extension EXTENSION
                              output image format. default is jpg
  --model_weight MODEL_WEIGHT
                              trained model weight path or version ID.
  --conf_threshold CONF_THRESHOLD
```

引数:

- img_dir: インプット画像が入ったフォルダのパス。
- out_dir: 結果を出力するフォルダのパス。output がデフォルトになっている。
- extension: アウトプット画像のフォーマット。jpg がデフォルト。png などに変更可能。
- model_weight: AI モデルのウェイトの名前。
- conf_threshold: 検出した物体の確信度でのフィルタリングをする際の閾値。デフォルトは 0.5 。この値を低くすると検出する物体の検出率は高くなるが、誤検出が多くなる。

YOLOv5 model

```
run_pna_yolov5 --img_dir IMG_DIR        folder that contains input images
  --out_dir OUT_DIR        folder that contains input images
  --extension EXTENSION
                                output image format. default is jpg
  --model_weight MODEL_WEIGHT
                                trained model weight path or version ID.
  --conf_threshold CONF_THRESHOLD
```

引数:

- img_dir: インプット画像が入ったフォルダのパス。
- out_dir: 結果を出力するフォルダのパス。output がデフォルトになっている。
- extension: アウトプット画像のフォーマット。jpg がデフォルト。png などに変更可能。
- model_weight: AI モデルのウェイトの名前。

conf_threshold: 検出した物体の確信度でのフィルタリングをする際の閾値。デフォルトは 0.5 。この値を低くすると検出する物体の検出率は高くなるが、誤検出が多くなる。

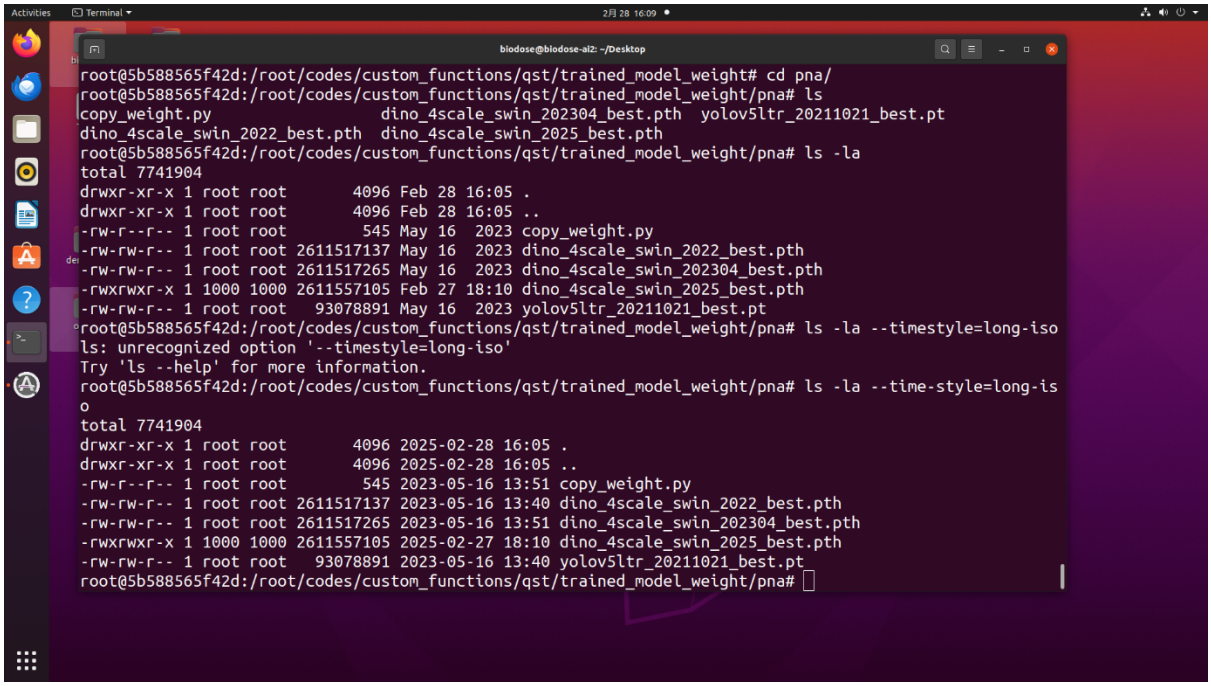


図１４．新モデル(dino_4scale_swin_2025_best.pth)

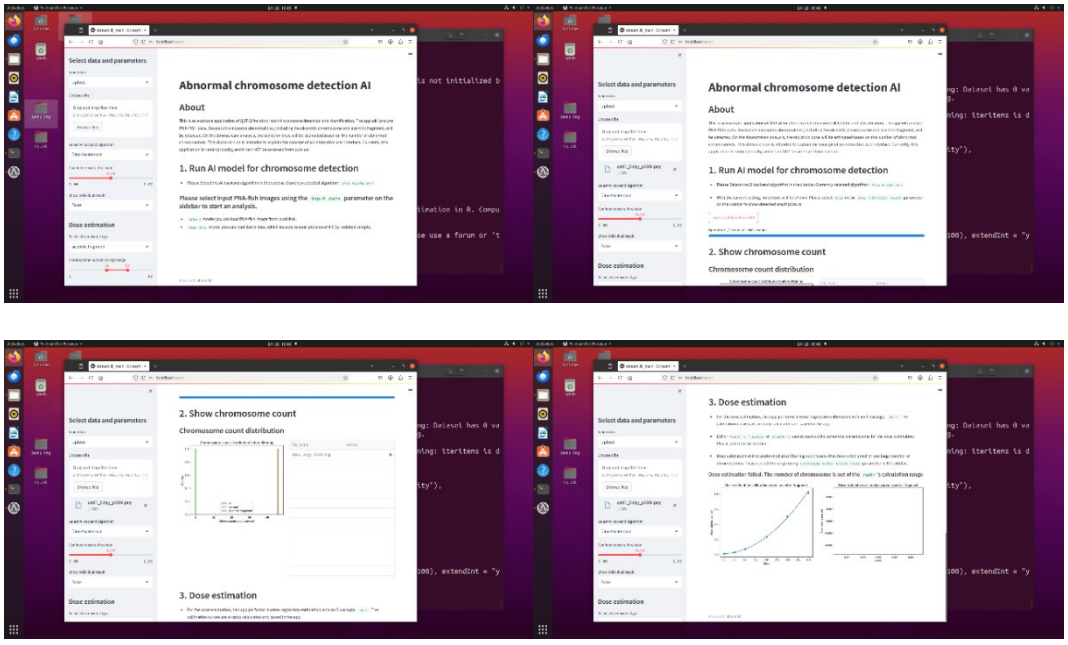


図１５．Web インターフェイスにおけるプログラムの起動時(左上)、染色体標本画像の読込時(右上)、染色体および染色体異常の検知(左下)および線量評価時(右下)