

人工知能(AI)の活用・協働をめざして ～血液形態検査の自動診断研究者の視点から～

政 氏 伸 夫^{*1,2§} 山 本(三 澤) 麻 衣^{*3} 河 野 圭 吾^{*3}
藪 田 麻 結^{*3} 井 田 晴 日^{*3} 中 村 伊 織^{*3}

要 旨 ヒトの中枢神経系をシミュレートしたニューラルネットワークを用いた深層学習(DL)技術の発展により、今世紀に入り画像の自動認識・判別がまず飛躍的に進化した。さらにDLは人間には真贋の判定が困難な文書や画像・映像の作成をも可能とし、その技術の延長である生成AIは、新たな時代を形成しつつある。生検を必要とする部位を内視鏡検査中に指摘したり、胸部X線写真上の結節影、異常影等を指摘するDLシステムがすでに多くの施設で実働している。生成AIを介することにより、人とAIシステムの会話は画期的に円滑となり、今AIとの協働の時代を迎えている。本稿では、まず血液形態診断の国外・国内における自動化研究の進捗を概観する。既に広く普及しているAI機器の機能や利用の実態等との比較から、臨床検査業務支援にAIをより賢く活用し、AIと協働するための開発の方向と臨床検査技師の卒前・卒後の教育への課題を考察する。

キーワード 深層学習、畳み込みニューラルネットワーク、血液形態検査、生成AI、AIリテラシー

はじめに

人工知能(AI)による画像の認識・判別は、ヒトの神経細胞をシミュレートしたニューラルネットワーク(NN)を用いた深層学習(Deep learning: DL)の発展によって、近年飛躍的に向上した。DLは、機械が数千・数万の教師データを学習しながら内部パラメータを自動的に最適化し、初見の画像を分類・識別するNNモデルを完成させていく技術であり、そのプロセスをも指す¹⁾²⁾。医療の世界においてもDLを用いた画像認識・判別への応用が進められている³⁾。例えば、国立がん

研究センター研究所の内視鏡AIグループは、25万枚を超える大腸内視鏡画像を機械学習したモデルを作成し大腸癌と前癌状態を感度83%、特異度89%の精度で識別するシステム⁴⁾を開発した。このモデルは画像入力後0.1秒以内で98%の病変発見率と偽陽性率0.1%未満の性能を示した⁴⁾。すでに医薬品医療機器総合機構(PMDA)による製造販売承認をうけている⁵⁾が、同様にNNを用いてDLにより学習したシステムであるCAD EYE(富士フイルム)やEndoBRAIN-EYE(オリンパス)が2021年、2019年から販売されており⁵⁾、前者は2025年の段階で全国の健診施設・クリニック・

^{*1} 北翔大学教育文化学部心理カウンセリング学科 [§] nobmas@sc4.so-net.ne.jp

^{*2} 東北大学大学院医工学研究科

^{*3} 北海道大学大学院保健科学院

病院等に約 2,500 台が導入されている。

さらに、コニカミノルタや富士フイルム等が PACS (医療用画像管理システム) と連携して、クリニックの診察室でもリアルタイムで使用できる単純 X 線写真、特に胸部 X 線写真を対象とした異常所見の自動検出ソフトウェアを販売しており、2025 年の初頭の段階で後者はすでに約 2,000 の施設に実装されている⁶⁾。

また、新潟大、東北大、大阪大、筑波大の共同研究グループは皮膚病変のデジタル写真から致死率の高い重症薬疹を早期に診断する DL システムを開発した⁷⁾。このシステムの予測感度は平均 84.6% であり、皮膚科学会認定専門医、皮膚科専攻医の平均感度 31.3%、27.8% と比べ有意に高い診断性能を示した⁷⁾。この結果は DL を用いた画像解析はヒトの能力をはるかにしのぐ可能性があることを示している。本稿では、まず AI を用いた画像、特に血液細胞画像の自動解析・判別に用いる DL の基本的原理と、近年の急速な性能向上の基礎となった畳み込み技法¹⁾²⁾の解説を行いたいところであるが、原稿枚数の関係で割愛する。分かりやすい説明は、2023 年の第 24 回日本検査血液学会にて著者が行った教育講演「人工知能 (AI) による自動画像認識・判別と血液形態診断医おける活用」の内容を記載した拙稿⁸⁾を参照願いたい。さらに詳細で数学的な記載については、紹介する図書¹⁾²⁾を参照願いたい。本稿では、まず、血液形態診断自動化に関する国外・国内における研究結果を紹介した後、我が国の他の検査領域において既に普及活用されている AI 機器との比較により、臨床検査の領域における今後の AI 利用の方向と臨床検査学の卒前・卒後の教育への課題を考察する。

I. AI を用いた静止画像の認識アルゴリズム

2 つのアプローチがある。

1. 形態特徴の定量化^{9)~14)} 画像の形態特徴を数値化し、それを基に判別する手法。血液細胞画像では形態を幾何学的特徴 (例: 細胞や細胞内小器官の長さ、形、数¹⁰⁾、分布¹⁰⁾、比等)、色彩特徴 (例: RGB 色空間による表記、

L*A*B* 色空間を用いて“好酸性”、“好塩基性”の染色性を A* 軸の正方向の値、B* 軸の負方向の値で定量・数値化する方法¹¹⁾等)、テクスチャ特徴 (例: グレーレベル共起行列 (GLCM)^{12)~14)}等) の 3 種の特徴により数値化⁷⁾する。

2. 深層学習⁹⁾¹⁵⁾: 大量の正解ラベル付き画像を NN モデルに入力し、モデルを学習・最適化し、そのモデルを用いて識別する方法。教師データ画像を操作して画像増数を行う手法や、学習を繰り返す過程で教師データを生成していく半教師付き学習等の手法も使われる。

II. 深層学習と“畳み込み”技術

今日の医用画像自動認識と診断補助システムの急速な発展を担っているのは、間違いなく DL¹⁾²⁾である。それらの基礎となる、ニューロン、ユニット、NN についての理解¹⁾²⁾は、非常に重要であるが、紙面の制限から、本稿での解説は割愛する。同内容を記載した拙稿⁸⁾を参照願いたい。

III. 深層学習による機械学習過程

DL に使用される NN のアーキテクチャの構造とその上で行われる機械学習の過程についても、紙面の制限から、本稿での解説は割愛する。同内容を記載した拙稿⁸⁾を参照願いたい。

IV. “畳み込み”技法

DL を用いた画像認識技術の歴史の中で最も画期的な発明であり、臨床現場で現在使用されている画像認識・診断援助システムにも、さらには生成 AI にも組み込まれている。この“畳み込み”技法についても本稿での解説は割愛する。同内容を記載した拙稿⁸⁾を参照願いたい。

V. 血液細胞形態検査の自動化研究の歴史

血液細胞の形態観察/検査における自動化の研究は、2015 年にシカゴで行われた国際検査血液学会、International Society for Laboratory Hematology, ISLH2015 より、演題として学会に現れ始めた。その頃より、バロセロナ工科大学

の José Rodellar ら と Hospital Clínic de Barcelona の Anna Merino らのグループは、先進的な研究を次々と発表し、この分野を常にリードし続けている。彼らは末梢血中に成熟リンパ球様の形態で現れる慢性リンパ白血球 (CLL) や hairy cell leukemia (HCL) を正常成熟リンパ球とデジタル画像処理によって判別する研究を、早くも 2013 年に公表¹⁶⁾している。形状、核細胞質比、色調、テクスチャ特徴等、44 種の画像特徴を数値化したのち、多次元空間にプロットし、クラスターを形成した集団間の境界を決定する方法で 3 種の疾患の細胞画像を分類した。各グループでの感度は HCL が 98%、CLL が 71.3%、正常成熟リンパ球が 71.3% であった¹⁶⁾。上記の発表の後、彼らは機械学習、DL を用いた細胞判別の研究へと進み、その方法の優位性を実証した研究として、健康人、ウイルス感染症患者、白血病患者の末梢血球形態を DLNN モデル (ALNet) で判別した結果を 2021 年に発表¹⁷⁾した。そこでは、急性前骨髄球性白血病を含む急性骨髄性白血病の診断に関して、感度 100%、特異度 93.3% の成績が得られたと報告¹⁷⁾した。直近の ISLH2025 では、観察した血液細胞の形態について、標準化した正確な記述を生成するシステム、所謂生成 AI の構築を報告¹⁸⁾した。このシステムにより診断の効率化と一貫性の向上が達成可能であり、専門家が作成した記述に非常に近い質の高いレポートの生成が可能であったと報告¹⁸⁾している。AI 支援による分類と報告書の作成が技術者の作業時間を短縮し、正確性と感度を向上させたとの結果も示している。

VI. 国内での血液細胞形態検査の自動化研究

木村孝伸ら (シスメックス株式会社) は、田部陽子ら (順天堂大学) との共同研究において、畳み込み型 NN を用いた DL システムによる末梢血液細胞の識別に関する共同研究を進めてきた。2018 年 5 月 10 日の ISLH (国際検査血液学会) (ブリュッセル、ベルギー) では、彼らの研究「Deep Convolutional Neural Networks for Morphologic Classification of hematopoietic cells」に対して「Young Investigator Award」が授与された。左記の

研究の成果は 2019 年に Scientific Report 誌に掲載¹⁹⁾された。2024 年の日本臨床検査医学会学術集会では骨髄異形成症候群 (MDS)、再生不良性貧血 (AA)、真性多血症 (PV)、本態性血小板血症 (ET)、原発性骨髄線維症 (PMF) の患者から収集した末梢血球画像を機械学習させて、同じ疾患の別の患者から収集した末梢血球画像の識別を行い、感度 93.9% 以上、特異度 96.0% 以上で 17 種類の細胞を分類し、MDS と AA を感度 96.2%、特異度 100% で識別した。さらに、PV、ET、PMF のいずれについても感度 90% 以上での識別が可能であったと報告²⁰⁾した。

川上肇ら (シスメックス株式会社ヘマトロジー事業部) は、2019 年頃より、血液細胞の形態特徴を定量化し、その数値データを用いて血液細胞の客観的な判別を行う研究を継続している。具体的には、好中球における桿状核球と分葉核球の判別²¹⁾や、リンパ球における反応性、異型性、腫瘍性の判別²²⁾²³⁾について、日本血液学会や ISLH で精力的に発表を行ってきた。さらに、2024 年度の検査血液学会では、島根大学医学部附属病院の検査部および血液内科と共同で、慢性リンパ性白血病 (CLL) および Hairy Cell Leukemia (HCL) を対象とする研究成果を報告²⁴⁾した。この研究では、典型的腫瘍細胞の細胞径や核 / 細胞質比 (N/C 比) といった形態特徴を機械的に計測し、それらの違いを基に両疾患の腫瘍細胞の鑑別を試みている²⁴⁾。

野坂大喜、山形和史ら (弘前大学大学院保健学研究科生体検査科学領域) は、2022 年頃より DL を用いた末梢血液細胞の判別についての研究を進めており、日本医学検査学会を中心に発表を行っている。彼らは DL モデルを用いて、幼若顆粒球識別モデル²⁵⁾と正常、反応性、異常リンパ球を鑑別するモデル²⁶⁾を作成し、転移学習と fine-tuning を行い、前者では健常者で約 97%、幼若顆粒球症例で約 88% の認識精度を達成し²⁵⁾、後者では鑑別モデルの総合的な精度は 0.8645 ~ 0.8875 であった²⁶⁾と報告している。

VII. 北海道大学保健学科での我々の取り組み

1. 患者検体を含む末梢血正常白血球の CNN を用いた判別

患者 30 名と健常ボランティア 4 名の末梢血塗抹標本上のリンパ球、単球、好酸球、好塩基球と桿状核、2 分葉から 5 分葉までの好中球、計 9 種の正常末梢血白血球の DL モデルによる判別^{15) 27)}の研究を行った。

患者末梢血白血球画像は、北海道大学病院倫理審査委員会の承認を得た自主臨床研究「核分葉数

別好中球自動分画系の構築」の下で、同病院検査・輸血部の協力で収集した。

白血球 5 分画判別のための教師画像の患者由来率は 46.5% であった。試験画像は 100% 患者画像で構成した。使用したアーキテクチャは 6 層の畳み込み型 NN (CNN) を持つオリジナルの Conv6 (図 1-1) で 200 epochs の DL を 5 回行った (図 1-2)。白血球 5 分画の平均正確度は 89.7%、最大正確度は 97.2% (図 1-3) であった。好中球の核分葉数判別の平均正確度は 54.6%、最大正確度は 73% (図 1-4) となった。正常好中球の判別に

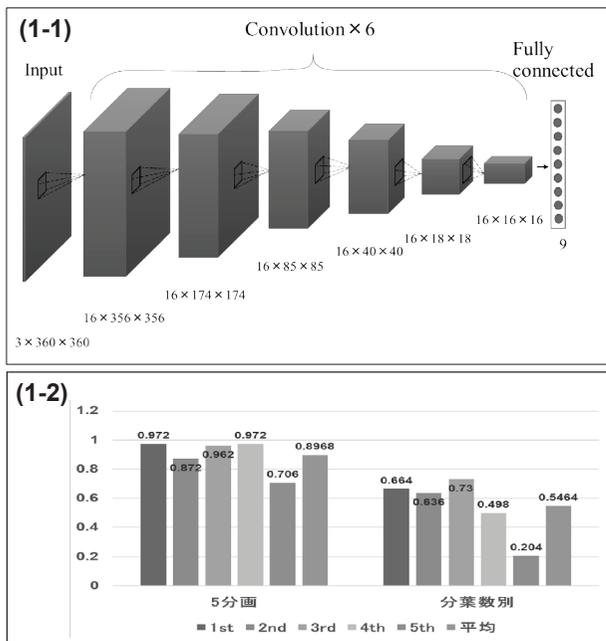


図 1 患者検体を含む末梢血正常白血球の自動 5 分画分類と分葉数別好中球分類

- (1-1) Conv6 のアーキテクチャ概念図。6 層の畳み込み層をもつオリジナルアーキテクチャ。撮影に使用した Cellavision® DM96 が 363 × 360 画素のカラー JPEG 画像を出力するため、入力層は 3 × 360 × 360 ユニットで構成。出力層は分類クラス数と同数の 9 ユニットで構成される。畳み込み層の下の数値は、特徴マップの枚数 × 特徴マップの行数 × 特徴マップの列数を表す。
- (1-2) Conv6 を用いて行った各 5 回の白血球 5 分画分類、好中球の核分葉数別分類の正確度。
- (1-3) Conv6 を用いて行った白血球 5 分画分類で最大分類正確度 0.972 を示した 4 回目学習後モデルによる試験画像の判別結果の混同行列 (Confusion Matrix)。略語: Baso: 好塩基球; Eos: 好酸球; Lym: リンパ球; Mono: 単球; Neu: 好中球。
- (1-4) Conv6 を用いて行った好中球の核分葉数別分類で最大分類正確度 0.730 を示した 3 回目学習後モデルによる試験画像の判別結果の混同行列 (Confusion Matrix)。略語: Band: 桿状核球; 2-seg: 2 分葉好中球; 3-seg: 3 分葉好中球; 4-seg: 4 分葉好中球; 5-seg: 5 分葉好中球。

文献²⁷⁾ 藪田麻結. 北海道大学大学院保健科学院修士論文, 2021; 5-24.

(1-3)

		推測結果 (4, Conv6)					正確度 0.972	
		Baso	Eos	Lym	Mono	Neu	合計	Recall
正解ラベル	Baso	94	0	0	1	5	100	0.94
	Eos	0	98	0	0	2	100	0.98
	Lym	0	0	100	0	0	100	1.00
	Mono	0	0	3	97	0	100	0.97
	Neu	1	0	1	1	97	100	0.97
合計		95	98	104	99	104		
Precision		0.99	1.00	0.96	0.98	0.93		

(1-4)

		推測結果 (3, Conv6)					正確度 0.730	
		Band	2-seg	3-seg	4-seg	5-seg	合計	Recall
正解ラベル	Band	70	29	0	0	1	100	0.70
	2-seg	3	85	12	0	0	100	0.85
	3-seg	0	10	78	8	4	100	0.78
	4-seg	0	1	15	40	44	100	0.40
	5-seg	0	0	4	4	92	100	0.92
合計		73	125	109	52	141		
Precision		0.95	0.68	0.72	0.77	0.65		

においても健常人検体と比して患者検体では判別正確度が低くなる可能性が示唆された。

2. 6分葉以上の過分葉好中球を含む末梢血好中球の核分葉数別判別

北海道大学病院との共同臨床研究で得られた6分葉以上の過分葉好中球画像を使用して、核分葉数別判別²⁸⁾を試みた。試験画像は、患者由来率が75%の試験画像①と100%の試験画像②を用意(図2-1)した。この検討では、NNとして畳み込み層の数を6から8に増やしたConv8(図2-2)を使用した。200 epochsの学習を5回行った。2

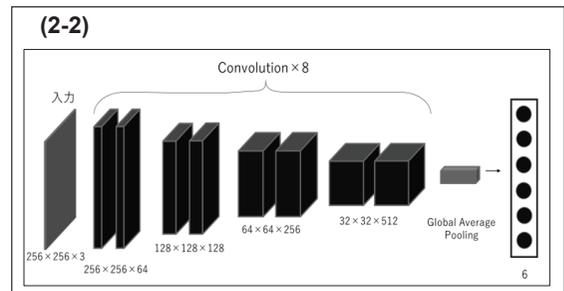
種の試験画像を用いて桿状核～6分葉以上の6階級の判別正確度を評価(図2-3)した。最大正確度、および平均正確度は試験画像①Sでは87.7%(図2-4)、83.7%。試験画像②では87.5%(図2-5)、82.0%であった。

3. CNNを用いた正常骨髓幼若血液細胞の判別

日本検査血液学会 Home Page で公開されている細胞画像アトラス²⁹⁾から(図3-1)に示す8種の細胞種を対象画像として、CNNを用いた正常骨髓幼若血液細胞の判別³⁰⁾を試みた。この検討では18層のCNNを持つオリジナルアーキテク

(2-1)

内訳：健常人/患者	桿状核	2分葉	3分葉	4分葉	5分葉	6分葉以上
教師画像	合計 800	800	800	800	800	800
	内訳 150/350	150/350	150/350	150/350	150/350	0/800
検証画像	合計 50	50	50	50	50	50
	内訳 25/25	25/25	25/25	25/25	25/25	0/50
試験画像	合計 100	100	100	100	100	100
	①内訳 25/75	25/75	25/75	25/75	25/75	0/100
	②内訳 0/100	0/100	0/100	0/100	0/100	0/100

(2-3)

Architecture Conv8	試験画像① (健常+患者)	試験画像② (患者のみ)
学習回数		
1回目	0.8	0.767
2回目	0.843	0.832
3回目	0.875	0.875
4回目	0.877	0.867
5回目	0.79	0.76
最大正確度	0.877	0.875
平均正確度	0.837	0.820
平均正確度	0.837	0.820

(2-4)

試験画像① (健常+患者)	予測結果 (4回目, Conv8)						Accuracy 0.877	
	桿	2	3	4	5	6以上	合計	Recall
桿	97	3	0	0	0	0	100	0.97
2	6	93	1	0	0	0	100	0.93
3	0	4	93	1	1	1	100	0.93
4	0	1	7	84	6	2	100	0.84
5	0	0	0	6	67	27	100	0.67
6以上	0	0	0	0	8	92	100	0.92
合計	103	101	101	91	82	122		
Precision	0.94	0.92	0.92	0.92	0.82	0.75		

(2-5)

試験画像② (患者のみ)	予測結果 (3回目, Conv8)						Accuracy 0.875	
	桿	2	3	4	5	6以上	合計	Recall
桿	91	9	0	0	0	0	100	0.91
2	10	89	1	0	0	0	100	0.89
3	1	3	95	0	0	1	100	0.95
4	1	0	7	78	12	2	100	0.78
5	0	0	0	4	77	19	100	0.77
6以上	0	0	0	0	5	95	100	0.95
合計	103	101	103	82	94	117		
Precision	0.88	0.88	0.92	0.95	0.82	0.81		

図2 過分葉好中球を含む末梢血好中球の核分葉数別判別

(2-1)教師画像・検証画像・試験画像の核分葉数別枚数と健常人/患者由来内訳。

(2-2)Conv8のアーキテクチャ概念図。8層の畳み込み層をもつオリジナルアーキテクチャ。RGBの3原色に対応して入力層は $256 \times 256 \times 3$ ユニットで構成。出力層は分類クラス数と同数の6ユニットで構成される。畳み込み層の下の数値は、特徴マップの行数×特徴マップの列数×特徴マップの枚数を表す。Global Average poolingは全体平均プーリングで、前段の特徴マップの512個の平均を出力層の6個のユニットすべてに出力する。

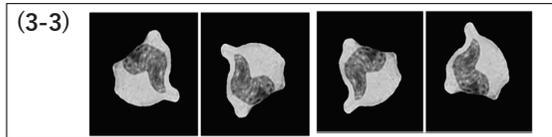
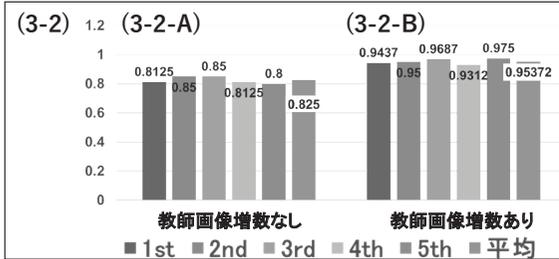
(2-3)Conv8を用いた5回的好中球の核分葉数別分類の試験画像別正確度。

(2-4)Conv8を用いて行った好中球の核分葉数別分類で最大分類正確度0.877を示した4回目学習後モデルによる試験画像①の判別結果の混同行列(Confusion Matrix)。略語：桿：桿状核球；2:2分葉好中球；3:3分葉好中球；4:4分葉好中球；5:5分葉好中球；6以上：6分葉以上の分葉を示す好中球。

(2-5)Conv8を用いて行った好中球の核分葉数別分類で最大分類正確度0.875を示した3回目学習後モデルによる試験画像②の判別結果の混同行列(Confusion Matrix)。

井田晴日, その他: 第23回日本検査血液学会学術集会, O35-5, 東京, 2022.7.31.

細胞種別	赤芽球								合計
	前赤芽球	塩基好性	多染性	骨髄芽球	前骨髄球	骨髄球	後骨髄球	環状核球	
教師画像数	33	34	127	31	55	91	83	79	533
最大増数後 教師画像数	99,000	102,000	381,000	93,000	165,000	273,000	249,000	237,000	1,599,000
試験画像数	5	5	5	5	5	5	5	5	40
試験画像数 (増数後)	20	20	20	20	20	20	20	20	160



Answer	Prediction								Recall
	PEB	BEB	PCBE	MB	PMC	MC	MMC	Band	
PEB	19	1	0	0	0	0	0	0	0.95
BEB	0	20	0	0	0	0	0	0	1.0
PCBE	0	0	20	0	0	0	0	0	1.0
MB	0	0	0	20	0	0	0	0	1.0
PMC	0	0	0	3	17	0	0	0	0.85
MC	0	0	0	0	0	20	0	0	1
MMC	0	0	0	0	0	0	20	0	1
Band	0	0	0	0	0	0	0	20	1
Precision	1	0.95	1	0.87	1	1	1	1	
F-Measures	0.97	0.98	1	0.93	0.92	1	1	1	
Accuracy									0.975

図3 畳み込みニューラルネットワークを用いた正常骨髄幼若細胞の判別

- (3-1) 教師画像・試験画像の分類細胞種別枚数。学会 Home page より切抜いた画像の総数は各細胞種の教師画像数 + 5 枚となる。教師画像の画像増数は各学習 epoch 時に Keras が自動的にランダムに方法を選択して行うので、実際の教師画像の枚数の詳細は学習毎に異なる。自動画像増数による理論的に可能な最大教師画像数を示している。
- (3-2) 増数処置なし(3-2-A)/有(3-2-B)の教師画像を用いた5回の深層学習後モデルによる試験画像の判別結果。
- (3-3) 試験画像の増数に用いた3種の回転処理(左から:元画像、180°、270°、90°回転した結果)
- (3-4) BMNet を用いて行った過分葉を含む好中球の核分葉数別分類で最大分類正確度 0.975 を示した5回目学習後モデルによる試験画像の判別結果の混同行列(Confusion Matrix)。略語: PEB: 前赤芽球、BEB: 塩基好性赤芽球、PCBE: 多染性赤芽球、MB: 骨髄芽球、PMC: 前骨髄球、MC: 骨髄球、MMC: 後骨髄球、Band: 桿状核球。

文献³⁰⁾ 中村伊織, その他: 日本検査血液学会雑誌 2021; 22: 335-45.

チャ、BMBNet を使用し、3,000 epoch の DL を 5 回(図 3-2) 行った。回転、反転、移動等の画像増数(図 3-3)を行わない時の平均判別正確度は 82.5%、最大正確度は 85%(図 3-2 A)であった。画像増数を行った時の平均正確度は 95.4%、最大正確度は 97.5%(図 3-2 B)であった。画像増数処理(図 3-3)により、平均正確度、最大正確度ともに 10% 以上の改善を示した。最大正確度を示したモデルの推測(図 3-4)では前赤芽球(PEB)と前骨髄球(PMC)以外は 100% の正確度を示した。

VIII. まとめと考察

我々の研究室での検討では、CNN を含む DL

システムを用いることにより、末梢血・骨髄血の正常血液細胞の分画や好中球の核分葉数別判別は 95% 以上の正確度で可能であることが示された。さらに内外の数々の研究グループからも、MDS/AA 間、PV/ET/PMF 間、正常/反応性/異常リンパ球間等、類似した形態特徴をもつ疾患の標本間においても、DL を用いたシステムは、概ね 85 ~ 95% 程度の感度あるいは正確度で識別を行うことが報告された。実装に至る AI システムの感度・正確度の達成目標は、当該システムの使用目的や、結果をどのようなレベルの医療で利用するのか、または誰がどこで利用するかにより異なることは、言うまでもない。国内外において製造・

販売承認後、比較的早期から現場に実装され、現在も普及が拡大している胸部 X 線写真や心電図の読影システムは、健診等、大量の読影・解釈が必要となる状況に多く利用されている。検出された異常所見に対して、後者では 24 時間記録ホルター心電図や運動負荷心電図、心臓エコー検査等、前者では胸部 CT 検査から気管支鏡検査までに至る二次精密検査へと進む選択枝がある。スクリーニングとして用いられるこれらの検査では、偽陽性の出現や特異性の低さを恐れる必要はなく、まずは感度を上げることを目指せばよいことになる。このことが、システムの製造・販売承認が得やすく、速やかな普及を来した一因とも考えられる。

末梢血液像や骨髄像の検査を行う検査技師にとって、検査標本枚数の増加や必要観察細胞数が 500 個以上となる低・中悪性度群の MDS 症例のように観察が必要な細胞数や要する時間が増大することは、観察精度の低下にも影響することは言うまでもない。この問題に対して、AI を用いた血球鏡検観察支援システムは明確な解決となることは確かである。しかし、血液悪性疾患の診断において、形態特徴による血液像・骨髄像の異常細胞・悪性細胞の指摘・計数、その他の細胞分画の構成比の確認は、分子標的治療薬の開発進行により遺伝子型や細胞表面抗原の表現型による疾患分類が必須となる WHO 分類の時代の今においても、スクリーニングレベルとは言い難い意義を有している。

すでに多数の医療現場に普及し始めた内視鏡画像診断支援システムも胸部 X 線写真診断支援システムも異常病変の部位を指し示しはするが、その病変の診断にまでは踏み込むことはない。これらのシステムは、生検が必要な病変部位や CT 等による精密検査を必要とする異常陰影を、検査実施中の医師にリアルタイムで指摘し、見落としの防止に寄与する。現場医師に支持され、採用されることは、至極、当然なことである。

骨髄像の観察・鏡検計数/記録、そして形態学的診断の業務は、著者が研修医であった平成の初期では、血液内科医を目指す医師の必須な研修科

目であり、そのことに精通していることが、上級血液腫瘍医、さらに造血細胞移植医に進む登竜門のひとつであった。令和の今、左記のような鏡検を義務として課している血液内科研修施設は稀有とも考えられるが如何だろうか。その結果、近年、骨髄像の観察・鏡検計数は、多くの施設で臨床検査技師の仕事となっている。

骨髄像の観察・鏡検/計数の主役となった検査技師にとって、観察が必要な標本数や細胞数の増加の他に、この作業に困難を感じる要素はなんだろうか。観察時間が長くなると、目のみならず思考も疲れのため曇り始める。そのため鏡検査の後半では観察開始時の判断基準から外れた識別を無意識的に行うことも起こりうる。また、観察開始時では、瞬時に識別していた細胞像に対しても、判断を迷うことも多くなり、観察時間をさらに延長させることとなる。左記の状況を支援するために検査技師にとってありがたい AI の機能として、形態観察・鏡検/計数の結果をリアルタイムで記録しログを作成しながら、標準的な分類指標や観察開始時の判別結果と乖離した判断をした時に、それを警告し、同一標本での以前の判断を画像とともに提示してくれる、あるいは教科書的な画像を添えて識別の候補を提示してくれる機能を持つことは、支持を得るのではないだろうか。MDS の骨髄標本を鏡検する時、芽球を 10 個ほど計数した後に、芽球に正常造血由来の骨髄芽球と MDS クローン由来の病的芽球の 2 種類があることに気づくことがある。その結果、また零から鏡検し直すこともまれではない。中低悪性度の MDS であれば芽球の比率は 10% 以下であり、10 個係数しえた時点では 100 個以上の有核細胞を計数している。骨髄像検査で計数する有核細胞数は、通常 300 個である。その 1/3 程度が終了した時点からのやり直しとなる。

血液塗抹標本の細胞形態の自動判別系として Cellavision は、多くの施設で採用されている。MDS の骨髄塗抹標本に限らず、細胞識別・計数の過程を AI 診断援助システムが逐次記録し、ログとして Cellavision の Software の表示系 (図 4) のように一覧表示して、以前の識別結果を振り返

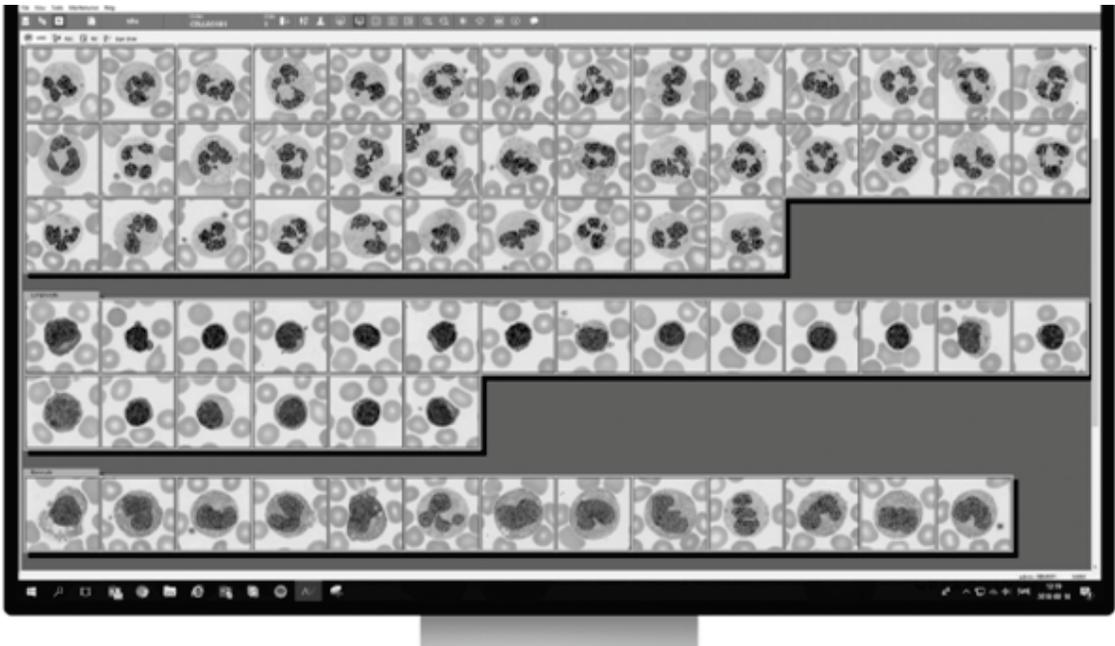


図4 Cellavision® Peripheral Blood Software による表示の一例

Cellavision® は撮影し識別した画像を細胞種別にまとめて画面に提示する。骨髓像検査においても標本毎に細胞種別に識別した細胞画像のログを細胞画像とともに、常時確認できれば、有用な検査支援システムとなる。細胞画像の切り出しは DL により学習した NN にとって実施可能な作業である。

Cellavision® Peripheral Blood Application Page の一部より切り取り：

<https://www.cellavision.com/products/software/cellavisionr-peripheral-blood-application> (2025.8.5 閲覧)

ることができれば、骨髓像の鏡検・細胞識別・計数作業を行う検査者にとって、どれだけ役立つだろうか。内視鏡や胸部 X 線の診断支援システムのように機械が病変の診断にまで踏み込むことはなくても、現場の検査者が実際に困難を感じていることを直接支援するシステムを実現できれば、大きなメリットとなる。

検査者が実際に感じる困難の解決に必要な支援を行う機能は、検査者本人にしか理解できないことである。AI には何ができるか。何が不得意なのか。現場の課題を AI が実行できる形式に再構築する必要がある。すなわち、検査技師にとって真に有用な、必要な支援が得られる AI を設計、実現するためには、AI の基本原理、仕組みを理解している臨床検査技師が設計に参画することが必要となる。平成の時代、電子計算機の利用の基礎となる情報学が必須の修得科目となったと同様

に、令和の今、臨床検査技師の卒前・卒後の教育において、生成 AI を含む NN、DL を基礎とする AI の基礎的原理³¹⁾と AI リテラシーの教育は必須と考えられる。

2025 年 1 月より、Microsoft は Microsoft 365 Personal および Family プランや教育機関用 Microsoft 365 に Chat-GPT と同様の生成 AI である Copilot を標準搭載することを発表した。Word、Excel、PowerPoint 等のアプリ上でも Copilot が利用可能になっている。普段使用している Word や Excel 上で、文章の下書き、要約、校正、トーン変更等や、データ分析、グラフ作成、数式の提案、トレンド抽出等の生成 AI のサポートをうけることが可能となる。もちろん AI なので、まったく誤りが無いという訳ではないが、教員の方々も是非とも生成 AI とのスムーズな会話のやり取りによる作業の効率化を体験されることを、お勧

めする。今後、PC と人間間を繋ぐ man-machine interface の標準仕様の好ましい例がここにある。この体験を通して、PC の利用における新たな時代の到来を実感されると思う。そして、学生や現場の臨床技師に対しても、AI に仕事を奪われることを恐れるのではなく、AI との協働により良質かつ高能率に業務を進めて行けるように、AI を活用することを訴えていくべきだと考える。AI を利用する側の視点から業務の問題を解析し、AI によって解決できる具体的方法へ落とし込む構造設計に繋がれる能力を持った検査技師が必要となる。これらを提案できる能力の基礎となる知識や利用者側としての AI リテラシーを身につけるための教育を、卒前、卒後ともに進めて戴ければと考える。

本論文内容に関連する著者の利益相反開示:無し。

文 献

- 第2章パーセプトロン～第5章誤差逆伝搬法, 第7章畳み込みニューラルネットワーク. 斎藤康毅. ゼロから作る Deep Learning - Python で学ぶディープラーニングの理論と実装. 東京: 株式会社オライリー・ジャパン 2016; P21-164, 205-38.
- 第1章ニューラルネットワークの考え方～第5章ディープラーニングと畳み込みニューラルネットワーク. 涌井良幸, 涌井貞美. ディープラーニングがわかる数学入門. 東京: 技術評論社 2017; 10-232.
- Chan HP, Samala RK, Hadjiiski LM, Zhou C. Deep Learning in Medical Image Analysis. *Adv Exp Med Biol* 2020; 1213: 3-21.
- 深層学習技術を中心とした AI による内視鏡診断支援システムの開発研究, 国立がんセンター研究所. https://www.ncc.go.jp/jp/ri/division/molecular_modification_and_cancer_biology/project/70/20210423195642.html (参照 2023-8-28).
- 機械学習を活用する医療機器の審査について, 独立行政法人医薬品医療機器総合機構. <https://www.pmda.go.jp/files/000265866.pdf> (参照 2025-8-6).
- AI 技術を活用した胸部 X 線画像病変検出ソフトウェア「CXR-AID」国内 2000 施設へ導入. 富士フィルムメディカル株式会社, 2024. <https://www.fujifilm.com/fms/ja/news/285> (参照 2025-6-28).
- 国立研究開発法人日本医療研究開発機構. AI による重症薬疹の早期画像診断—スティーブンス・ジョンソン症候群 / 中毒性表皮壊死症の新規非侵襲的画像診断法を開発, 2021. <https://www.amed.go.jp/news/seika/kenkyu/20211012-03.html> (参照 2023-8-28).
- 政氏伸夫, 山本(三澤)麻衣, 河野圭吾, 藪田麻結, 井田晴日, 中村伊織: 人工知能 (AI) による自動画像認識・判別と血液形態診断における活用. *日本検査血液学会雑誌* 2024; 25: 89-102.
- Rodellar J, Alférez S, Acevedo A, Molina A, Merino A. Image processing and machine learning in the morphological analysis of blood cells. *Int J Lab Hematol* 2018; 40 (suppl): 46-53.
- Sugano K, Hashi K, Goto M, Nishi K, Maeda R, Kono K, et al. Semi-Automatic Rating Method for Neutrophil Alkaline Phosphatase Activity. *J Clin. Lab. Anal* 2017; 31: e22022.
- 有谿俊一, 羽原利幸, 引地明子, 藤本貴美子, 金子佳恵, 山下 葵, その他. 画像編集ソフトを用いた Romanowsky 染色の評価. *日本検査血液学会雑誌* 2014; 15: 297-304.
- Yamamoto M, Kono K, Kuroki M, Murakami S, Hayata R, Nanato K, et al. Quantitative Distinction of Morphological Characteristics of White Blood Cells in Peripheral Blood Through Texture Analysis Using Gray Level Co-Occurrence Matrix. *Clin Lab.* 2017; 63: 1851-68.
- Kono K, Hayata R, Murakami S, Yamamoto M, Kuroki M, Nanato K, et al. Quantitative distinction of the morphological characteristic of erythrocyte precursor cells with texture analysis using gray level co-occurrence matrix. *J Clin Lab Anal.* 2018; 32: e22175.
- Yamamoto M, Murakami S, Nakamura I, Ida H, Masauzi H, Miwa K, et al. The usefulness of a gray-level co-occurrence matrix based on the polar coordinate system for the quantitative evaluation of neutrophil cytoplasmic granules. *Hokkaido J Med Sci.* 2023; 98: 81-104.
- Yabuta M, Nakamura I, Ida H, Masauzi H, Okada K, Kaga S, et al. Deep Learning-Based Nuclear Lobe Count Method for Differential Count of Neutrophils. *Tohoku J Exp Med* 2021; 254: 199-206.

- 16) Alférez S, Merino A, Mujica LE, Ruiz M, Bigorra L, Rodellar J. Automatic classification of atypical lymphoid B cells using digital blood image processing. *Int J Lab Hematol* 2014; 36: 472-80.
- 17) Boldú L, Merino A, Acevedo A, Molina A, Rodellar J. A deep learning model (ALNet) for the diagnosis of acute leukaemia lineage using peripheral blood cell image. *Comput Methods Programs Biomed* 2021; 202: 105999.
- 18) Laura Ruiz, Anna Merino, Kevin Barrera, José Rodellar, Santiago Alferez. Automatic Generation of Morphological Descriptions of Peripheral Blood Cells with Fine-tuned Vision-Language Models. Poster Session II, ISLH 2025 (Halifax). <https://www.islh.org/2025/program.php> (参照 2025-8-9).
- 19) Kimura K, Tabe Y, Ai T, Takehara I, Fukuda H, Takahashi H, et al. A novel automated image analysis system using deep convolutional neural networks can assist to differentiate MDS and AA. *Sci Rep* 2019; 16: 13385.
- 20) 木村考伸, 藍 智彦, 堀内裕紀, 竹原一起, 内橋欣也, 田部陽子. AI/ 深層学習を応用した末梢血液形態の自動解析と骨髓異形成症候群および骨髓増殖性疾患の診断支援の試み (会議録). *臨床病理* 2020; 68 (suppl): 139.
- 21) 川上 肇, 倉田寛一. 血球画像解析ソフトウェアの開発 - 好中球判別の検討 - (会議録). *日本検査血液学会雑誌* 2019; 20 (suppl): 146.
- 22) 川上 肇, 倉田寛一. 人工知能を用いた血球画像解析 - 異型リンパ球の判別 (会議録). *日本検査血液学会雑誌* 2020; 21 (suppl): 232.
- 23) 川上 肇, 倉田寛一. 画像解析技術を活用した反応性リンパ球判別の客観化 (会議録). *日本検査血液学会雑誌* 2023; 24 (suppl): 163.
- 24) 川上 肇, 足立絵里加, 定方智美, 藤原宇志, 兒玉るみ, その他. 画像解析から計測される細胞特徴量を活用したリンパ系腫瘍病型判別の試み - CLL, MCL の鑑別を例としてその1解析編 - (会議録). *日本検査血液学会雑誌* 2024; 25 (suppl): 166.
- 25) 野坂大喜, 櫛引美穂子, 鎌田耕輔, 山形和史. 末梢血塗抹標本スクリーニングにおける深層学習法を用いた幼若顆粒球認識の試み - 血球形態分類における畳み込みニューラルネットワークを用いた人工知能モデルの可能性 -. *医学検査* 2024; 73: 69-77.
- 26) 野坂大喜, 櫛引美穂子, 小笠原脩, 川島健太郎, 石山雅大, 上野 大, その他. リンパ球形態認識における深層学習を用いた人工知能モデルの鑑別性能 - リンパ球増多症解析における人工知能の可能性 -. *医学検査* 2025; 74: 293-303.
- 27) 藪田麻結. Deep Learning による好中球画像の分葉数別判別. 北海道大学大学院保健科学院保健科学専攻 2020 年度修士論文. 2021; 5-24.
- 28) 井田晴日. 多段 Deep learning system による過分葉好中球を含む末梢血好中球の自動分類. 北海道大学大学院保健科学院保健科学専攻 2021 年度修士論文. 2022; 5-27.
- 29) 過去の演題・一覧検索. No.7「多染性赤芽球」「好塩基性赤芽球」「前赤芽球」「桿状核球」「後骨髓球」「骨髓球». No.8「前骨髓球」「骨髓芽球». 日本検査血液学会 標準化委員会. http://jslh2.kenkyuukai.jp/subject/subject_list.asp (参照 2023-11-11).
- 30) 中村伊織, 藪田麻結, 井田晴日, 正見花琳, 坂下 司, 山田大航, その他. Deep Learning を用いた正常骨髓血液細胞の判別. *日本検査血液学会雑誌* 2021; 22: 335-45.
- 31) 中谷秀洋. 図解即戦力 ChatGPT のしくみと技術がこれ1冊でしっかりわかる教科書. 東京: 技術評論社 2024.