

分担研究報告書

クラウド上の医療 AI 利用促進のためのネットワークセキュリティ構成類型化と実証及び施策の
提言

研究分担者 松井 俊大 国立成育医療研究センター 医員

研究要旨

画像認識を中心とする人工知能 (AI) 技術は、医療の質向上、業務効率化、地域格差の解消、医療従事者の負担軽減に資する可能性を有している。一方、医療 AI を実臨床で活用するためには、AI モデルの開発だけでなく、医療機関内外から安全に利用できるクラウド上での実装を想定した実装基盤の整備が不可欠である。本分担研究では、「クラウド上の医療 AI 利用促進」のうち医療 AI 開発を担当し、感染症診療支援を目的としてグラム染色画像 AI の開発とクラウド実装を想定したサービス構成の検討を行った。

菌血症や敗血症などの重症感染症では、起因菌を迅速に推定し、適切な抗微生物薬選択や医療デバイス管理につなげることが重要である。しかし、血液培養陽性時のグラム染色鏡検では、黄色ブドウ球菌とコアグラゼ陰性ブドウ球菌のように、外観が類似していても臨床的意義が大きく異なる菌種の判別が困難な場合がある。本研究では、グラム染色顕微鏡画像から感染症起因菌を推定する医療 AI を開発した。特に、嫌気培養、好気培養などの培養条件により菌体形態に微細な差異が生じる可能性に着目し、培養条件ごとに複数の学習済みモデルを構築した。判別対象菌の培養条件に応じて対応するモデルを選択し、撮像画像を入力することで、外観が類似した菌種であっても高精度に判別することを目指した。

実施例として、コアグラゼ陰性ブドウ球菌と黄色ブドウ球菌の判別モデルを作成した。嫌気培養画像 4,965 枚、好気培養画像 3,858 枚を用いて、物体検出モデルおよび画像分類モデルを構築した。画像分類モデルの 6 分割交差検証では、培養条件を考慮しないモデルの平均認識精度が 0.80 であったのに対し、嫌気培養データから作成したモデルでは 0.87、好気培養データから作成したモデルでは 0.91 であり、培養条件別モデルの有用性が示された。

さらに、本医療 AI をクラウド上で利用可能な感染症診療支援サービスとして展開することを想定し、画像入力、AI 推論、結果表示までをウェブアプリケーションとして実装可能な構成に整理した。コンテナ化による実行環境の再現性と移植性の確保、VDI 環境を介した医療機関内端末からの安全な利用、ならびにサーバレスアーキテクチャによる運用コスト最適化について検討した。本成果は、感染症起因菌同定支援 AI の開発に加え、医療 AI をクラウド上で安全かつ効率的に提供するための実装基盤を整理した点に意義がある。今後は、対象菌種の拡大、多施設外部検証、前向き臨床評価、画像取得条件の標準化に加え、電子カルテ端末等から安全に利用するための認証、アクセス制御、通信、ログ管理、データ保護を含むクラウド実装の実証を進める必要がある。

A. 研究目的

ディープラーニングによる画像認識技術は、医療 AI 開発の中核的技術の一つであり、画像診断支援、病理画像解析、顕微鏡画像解析など多様な領域で応用が進んでいる。本研究課題「クラウド上の医療 AI 利用促進のためのネットワークセキュリティ構成類型化と実証及び施策の提言」では、医療 AI サービスをクラウド上で安全に利用できる環境の整備を目的としている。本分担研究では、そのうち医療 AI 開発を担当し、実際にクラウド利用を想定した医療 AI サービスとして、グラム染色画像から感染症起因菌の同定を支援する AI モデルの開発を行った。

感染症診療において、起因菌の迅速な推定は、早期の適切な抗微生物薬の選択による予後の改善、感染巣の推定、薬剤耐性菌対策における抗微生物薬適正使用の観点から重要である。特に、菌血症や敗血症などの重症感染症では、最適な抗菌薬治療の遅れが患者予後に影響する可能性が報告されており、その重要性は大きい。血液培養陽性時には、陽性検体のグラム染色標本を光学顕微鏡で観察し、染色性、形状、配列などからグラム染色分類を行うことで大まかな菌種の分類として5種類（連鎖状グラム陽性球菌、cluster 状グラム陽性球菌、グラム陽性桿菌、グラム陰性球菌、グラム陰性桿菌）に大別することが一般的である。しかし、実臨床では、外観が類似しているにもかかわらず、臨床的意義や治療方針が大きく異なる菌種が存在する。例えば、黄色ブドウ球菌とコアグラゼ陰性ブドウ球菌はいずれも cluster 状グラム陽性球菌であり、ブドウの房状の集塊を形成するため、グラム染色像のみでの判別は容易ではない。一方、黄色ブドウ球菌菌血症は、抗菌薬選択、感染性心内膜炎や転移性病変の検索、デバイス関連感染の評価などが重要となり、

コアグラゼ陰性ブドウ球菌とは臨床対応が異なることがある。

訓練された観察者であれば、黄色ブドウ球菌とコアグラゼ陰性ブドウ球菌を判別することは可能とされ、既報では SA の陽性的中率 95-97%と良好であるが（J Clin Pathol. 2004;57:199-201、感染症学. 2008;82:656-7）、小児感染症医・細菌検査技師を対象とした我々の研究では、SA の陽性的中率は中央値 62%と既報より認識精度が低く、ヒトの目による観察には観察者の熟練度や疲労度によって限界があることが明らかになった（第 54 回日本小児感染症学会 総会・学術集会 抄録集.2022: 181）。

そこで本研究では、グラム染色画像に対するディープラーニングを用いて、外観類似菌種を高精度に判別する医療 AI を開発することを目的とした。さらに、本研究課題の趣旨に沿って、将来的にクラウド上の医療 AI サービスとして安全に提供することを見据え、画像入力、判別、結果出力までをソフトウェアとして実装可能な構成とした。

B. 研究方法

1. 本研究での医療 AI 開発の位置づけ

本分担研究では、クラウド上で利用可能な医療 AI サービスの開発対象として、感染症起因菌同定支援 AI を開発した。開発対象は、血液培養陽性検体から作成したグラム染色標本の顕微鏡画像である。AI モデルは、顕微鏡画像中の菌体を検出する物体検出モデルと、検出された菌体画像を分類する画像分類モデルから構成した。本システムは、将来的にクラウド上のウェブサービスまたは医療 AI プラットフォーム上で利用することを想定し、ソフトウェアとして実装可能な構成とした。画像は、顕微鏡に接続されたカメラで撮像された画像、スライドスキャナで取得さ

れた画像などを想定した。

2. 菌種判別 AI の基本構成

本研究で開発した菌種判別 AI は、入力部、判別部、出力部から構成される。入力部は、判別対象菌の撮像画像を受け付ける。判別部は、培養条件に対応する複数の学習済みモデルを備え、判別対象菌の培養条件に応じて適切なモデルを選択する。出力部は、判別結果を利用者に提示する。学習済みモデルは、嫌気培養に対応するモデル、好気培養に対応するモデルなど、培養条件別に構築した。各モデルは、物体検出モデルと画像分類モデルから構成した。物体検出モデルは、画像中の菌体の位置および候補菌種を検出し、画像分類モデルは、物体検出結果に基づいて切り出された画像断片を分類する。

3. 培養条件別モデルの作成

菌体の形態は、嫌気培養、好気培養などの培養条件により微細に変化する可能性がある。そこで、本研究では、培養条件を区別せずに単一モデルを作成するのではなく、培養条件ごとに学習済みモデルを作成した。判別時には、判別対象菌の培養条件に対応するモデルを選択し、撮像画像を入力した。学習済みモデルの作成では、まず、血液培養陽性検体からグラム染色標本を作成し、光学顕微鏡で撮像した。菌種の正解ラベルは、生化学的検査、質量分析、またはその他の菌種同定結果に基づいた。顕微鏡画像上の菌体に対して、菌種の特徴を含む領域をバウンディングボックスとして手作業で指定し、菌種ラベルを付与した。アノテーションデータから、物体検出モデル用の教師データを作成した。また、バウンディングボックスの中心座標から一定サイズの画像断片をクロップとして切り出し、画像分類モデル用の教師データとした。

4. 実施例：コアグラゼ陰性ブドウ球菌と黄色ブドウ球菌の判別

実施例では、外観上の判別が困難でありながら臨床的意義が大きく異なる菌種として、コアグラゼ陰性ブドウ球菌（CNS）と黄色ブドウ球菌（SAU）を対象とした。両者はいずれもグラム陽性球菌であり、ブドウの房状に集塊を形成するが、病原性、組織侵襲性、人工物関連感染との関連、治療方針が異なるため、早期判別の臨床的意義が高い。

当センターで得られた血液培養陽性検体から、嫌気培養条件で得られた CNS 画像 2,498 枚、SAU 画像 2,046 枚、好気培養条件で得られた CNS 画像 2,467 枚、SAU 画像 1,812 枚を用いた。それぞれから無作為に 1,800 枚を抽出し、1,500 枚を訓練検証データ、300 枚をテストデータとして物体検出モデルを作成した。

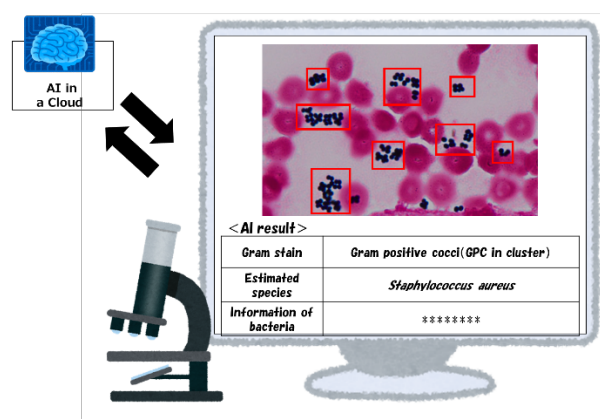
画像分類モデルでは、10 μm 四方に相当する 171 ピクセル四方の画像を細菌検査技師が手作業でアノテーションした。得られた画像クロップ数は、CNS は嫌気培養 11,480、好気培養 27,550、SAU は嫌気培養 12,473、好気培養 7,141 であった。各群から無作為に 6,000 クロップを抽出し、5,000 クロップを訓練検証データ、1,000 クロップをテストデータとして 6 分割交差検証を行った。

5. クラウド利用を想定した開発と検討

本医療 AI をクラウド上で利用可能な感染症診療支援サービスとして展開することを想定し、グラム染色画像の入力、AI 推論、結果表示までの一連の処理について、実装に必要な構成要素を整理した。医療機関側で取得した顕微鏡画像をウェブアプリケーション上で入力し、クラウド上または管理された実行環境上に配置した AI モデルにより菌体検出および菌種判別を行い、結果を利用者に返

す構成を想定した。クラウド実装にあたっては、医療データの安全な取り扱い、認証、アクセス制御、通信経路の保護、ログ管理、実行環境の分離、運用コスト管理を検討項目とした。実行環境については、ウェブアプリケーションのコンテナ化による再現性、移植性、運用管理性の向上を検討した。また、電子カルテ端末など医療機関内端末からの安全な利用を見据え、VDI 環境を介したアクセス方式を整理するとともに、利用頻度の変動に対応するため、サーバレスアーキテクチャの適用可能性についても検討した。以上により、グラム染色画像 AI をクラウド上で安全かつ効率的に提供するための基本的な実装構成を整理した。

図 1 クラウド実装を想定した医療 AI サービス構成

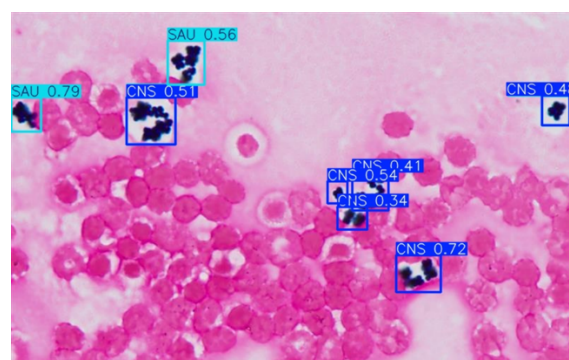


C. 研究結果

物体検出モデルについて、培養条件別モデルと、培養条件を考慮しないモデルを比較した。テストデータとして、CNS 嫌気培養、CNS 好気培養、SAU 嫌気培養、SAU 好気培養の各 300 枚、合計 1,200 枚を使用した。物体検出モデルにおける誤検出数は、CNS では嫌気培養データから作成したモデルで 27/300、好気培養データから作成したモデルで 11/300、培養条件を考慮しないモデルで 59/600 であ

った。SAU では、嫌気培養データから作成したモデルで 7/300、好気培養データから作成したモデルで 29/300、培養条件を考慮しないモデルで 47/600 であった。培養条件別にモデルを作成することで、培養条件を考慮しないモデルより誤検出が少なくなる傾向が認められた。

図 2 グラム染色画像における菌体検出例



画像分類モデルについても、嫌気培養データから作成したモデル、好気培養データから作成したモデル、培養条件を考慮しないモデルを比較した。6 分割交差検証による平均認識精度は、嫌気培養データから作成したモデルで 0.87、好気培養データから作成したモデルで 0.91、培養条件を考慮しないモデルで 0.80 であった。

本医療 AI を、将来的にクラウド上で利用可能な感染症診療支援サービスとして展開することを想定し、画像入力、AI 推論、結果表示までの一連の処理をウェブアプリケーションとして実装可能な構成に整理した。具体的には、医療機関側で取得したグラム染色顕微鏡画像を入力し、クラウド上または安全な実行環境上に配置された AI モデルにより菌体検出および菌種判別を行い、その結果を利用者に返す構成とした。本構成では、医療 AI モデルを単独の研究用プログラムとして

ではなく、クラウド上で公開可能なサービスとして運用することを見据え、実行環境の分離、再現性、移植性を確保するため、コンテナ化を前提とした実装が可能であることを確認した。また、医療データを扱うサービスであることから、電子カルテ端末など医療機関内の端末から直接インターネット上のサービスへ接続するのではなく、VDI 環境を介してクラウド側のブラウザからサービスへアクセスする構成を検討した。これにより、利用者側端末へのデータ保存を最小化し、クラウド側の管理された環境内で AI 推論を実行する運用が可能となる。

さらに、医療 AI サービスは開発段階または限定利用段階では使用頻度が一定でないため、常時稼働する仮想マシンやコンテナ基盤のみで運用すると、利用頻度に比して運用コストが高くなる可能性がある。この課題に対応するため、API Gateway、オブジェクトストレージ、関数実行基盤、Web Application Firewall、Content Delivery Network 等を組み合わせたサーバレスアーキテクチャへの展開を想定し、必要時のみ推論処理を実行する構成を検討した。

このように、本研究では、グラム染色画像を用いた菌種判別 AI について、AI モデルの開発にとどまらず、クラウド上で安全かつ効率的に提供するための実装構成を整理した。これにより、今後、医療機関内端末、クラウド実行環境、AI 推論サービス、結果表示画面を連携させた実証へ進める基盤を構築した。

D. 考察

本分担研究では、クラウド上の医療 AI 利用促進を見据えた医療 AI 開発として、グラム染色画像から感染症起因菌同定を支援する AI モデルを開発した。特に、培養条件別に学習済みモデルを構築し、判別対象菌の培

養条件に応じてモデルを選択する点が、本研究の重要な技術的特徴である。

グラム染色画像は、感染症診療において早期に得られる情報であり、安価かつ迅速である。一方で、外観が類似する菌種の判別には限界があり、熟練者でも判断が困難な場合がある。本研究では、ディープラーニングにより、ヒトの目では捉えにくい微細な画像特徴を学習させることで、CNS と SAU のような外観類似菌種の判別精度向上を目指した。6 分割交差検証において、培養条件別モデルが培養条件を考慮しないモデルより高い認識精度を示したことから、培養条件を考慮したモデル選択は有用である可能性がある。本技術は、菌血症や敗血症の初期診療において、抗微生物薬選択や追加検査、デバイス管理の判断を支援する可能性がある。特に小児専門病院では、免疫不全患者、移植後患者、集中治療を要する患者など、感染症の重症化リスクが高い患者が多く、迅速な診療支援の意義は大きい。

本研究で開発したグラム染色画像 AI は、画像を入力して推論結果を返すという処理構造を有するため、クラウド上の医療 AI サービスとして実装しやすい特徴を持つ。顕微鏡画像はデジタル画像として取得可能であり、医療機関側で撮像した画像を安全に送信し、クラウド側で AI 推論を行い、菌種判別結果を返す構成とすることで、専門家が常駐しない施設や医療資源の限られた地域でも、一定の診療支援を受けられる可能性がある。一方で、医療 AI をクラウド上で利用する場合、AI モデルの精度だけでなく、データの流れ、認証、アクセス制御、通信経路の保護、ログ管理、実行環境の分離、費用対効果を含めた運用設計が重要となる。特に、電子カルテ端末など医療機関内ネットワークに接続された端末からクラウドサービスを利用す

る場合には、従来の境界防御の考え方だけでは不十分であり、利用者、端末、サービス、データごとに権限を確認するアイデンティティベースのアクセス制御が必要となる。

本研究で検討した VDI 環境を介した利用形態は、医療機関側端末に画像データや解析結果を直接保存しない運用を可能にし、医療データを管理されたクラウド環境内で扱うための一つの現実的な方法と考えられる。また、コンテナ化は、開発環境と運用環境の差を小さくし、AI モデルやウェブアプリケーションの移植性を高める点で有用である。さらに、サーバレスアーキテクチャは、使用頻度が変動する医療 AI サービスにおいて、常時稼働リソースを減らし、利用量に応じたコスト管理を行ううえで有用である。ただし、サーバレス化や VDI 利用により直ちに十分な安全性が保証されるわけではない。実際の臨床利用では、画像データの匿名化、保存期間、監査ログ、障害時対応、推論結果の責任範囲、医療情報システムとの接続可否、院内セキュリティポリシーとの整合性を検討する必要がある。また、AI 推論結果は最終診断ではなく診療支援情報として扱い、培養同定、薬剤感受性検査、患者背景、臨床所見と統合して判断する運用が不可欠である。したがって、本分担研究における医療 AI 開発は、単に菌種判別モデルを作成するだけでなく、クラウド上で安全に利用できる医療 AI サービスへ発展させるための実装上の課題を明確にした点に意義がある。今後は、実際の医療機関端末からの利用を想定した接続実証、施設間で異なるネットワーク制約への対応、利用者認証およびログ管理の標準化、ならびに臨床現場で受け入れ可能な表示形式の検討が必要である。

E. 結論

クラウド上の医療 AI 利用促進を見据えた医療 AI 開発として、グラム染色画像を用いた感染症起因菌同定支援 AI を開発した。培養条件別に複数の学習済みモデルを構築し、判別対象菌の培養条件に応じてモデルを選択することで、CNS と SAU のような外観類似菌種の判別精度向上が示された。本技術は、菌血症・敗血症診療における早期の治療方針決定、抗微生物薬適正使用、薬剤耐性菌対策に資する可能性がある。

また、本分担研究では、グラム染色画像を用いた感染症起因菌同定支援 AI を開発するとともに、クラウド上での利用を想定した実装構成を整理した。画像入力、AI 推論、結果表示までをウェブアプリケーションとして提供可能な構成とし、コンテナ化、VDI 環境、サーバレスアーキテクチャを組み合わせることで、安全性、運用効率、コスト最適化を考慮した医療 AI サービスとして発展させ得ることを確認した。

今後は、AI モデルの外部検証と臨床評価に加えて、電子カルテ端末等から安全に利用するための認証、アクセス制御、通信、ログ管理、データ保護の実証を進める必要がある。本研究で整理した実装構成は、感染症起因菌同定支援 AI に限らず、クラウド上で医療 AI を安全に利用するための実証基盤として応用可能である。

F. 研究発表

該当なし

G. 知的財産権の出願

松井 俊大, 岡村 浩司. 菌種判別装置、菌種判別方法および菌種判別プログラム. 特願 2025-018598 (2025 年 2 月 6 日)

