



Newsletter from Korean Association of External Quality Assessment Service

- 혈액암 진단에서의
머신 러닝의 역할 01
- 반복서열확장질환 검사의
정도관리 02
- 검사실에서 생긴 일 05
- 비타민 D 검사 결과가
갑자기 낮아졌을 때 07
- Cherry Blossom Symposium 2026
해외학술대회 참관기 08

대한진단검사정도관리협회

05854 서울시 송파구 법원로 128
문정역SKV1 A동 1505호
TEL 02)744-6841

혈액암 진단에서의 머신 러닝의 역할

한림의대
이누리
(간행위원)

혈액암 진단에서의 인공지능(Artificial intelligence, AI)/머신러닝(Machine learning, ML)의 역사는 불과 십여년 사이에 혁신적 전환을 거쳤다. 초기에는 규칙 기반 시스템(rule-based system)과 SVM(Support Vector Machine), 랜덤 포레스트(Random Forest) 등의 고전 머신러닝 분류기가 주류였으나, 2020년을 지나며 딥러닝이 도약하였고, ResNet, U-Net 등의 깊은 합성곱 신경망(CNN)이 도입되면서 골수 및 말초혈액 이미지의 세포 형태 분류에서 전문가 수준의 성능이 구현되었다. 이 시기부터 형태 분류의 자동화가 단순한 연구를 넘어 임상 현장 적용으로도 조금씩 이행하기 시작했다.

혈액암 진단에 인공지능을 활용하는 가장 성숙한 영역은 현재 디지털 세포 형태 분석으로, 이미 상업용 플랫폼이 검사실에서 도입되고 있다. 미국 FDA는 현재까지 약 17개의 AI-ML 기반 혈액학 디지털 형태 분석 기기를 허가했으며, 주요 FDA 허가 플랫폼은 CellaVision DM1200, Sysmex DI-60, Scopio Labs X100/X100HT, Scopio Labs FF-BMA 등이 있다. 특히, Scopio Labs FF-BMA는 FDA 허가를 최초로 획득한 디지털 골수 흡인 분석 AI 애플리케이션으로 의미가 있다. 다만 골수 검체의 경우 도말 준비의 표준화 부재, 외부 QC 물질 제작의 어려움 등 아직까지 제한점이 존재하므로 현장 도입 시에는 이 점을 고려하여 신중히 도입할 필요가 있다.

이러한 디지털 세포 형태 분석뿐만 아니라, 예후 예측 및 모니터링에 있어서도 머신 러닝은 상용화와 임상 적용은 한걸음 더 가까워지고 있다. 예후 예측 분야의 대표 사례는 MD Anderson Cancer Center가 개발한 LEAP(LEUKemia Artificial Intelligence Program)이다. CML-CP(만성기 만성골수성백혈병) 환자에게 최적의 1차 TKI(타이로신 인산화효소 억제제)를 추천하는 AI 의사결정 지원 알고리즘으로, 나이·성별·CBC 21개 항목·골수 검사 12개 항목·CML 위험도 점수(Sokal, Hasford, EUTOS, ELTS)·세포유전자·동반 질환 등 총 101개 변수를 XGBoost로 학습했다. 후향적 분석에서 LEAP 추천군은 5년 FFS 63% 대 28%($p < 0.001$), 5년 OS 98% 대 77%($p < 0.001$)로 LEAP이 TKI 내성과 독성을 장기적으로 회피하는 방향으로 치료를 최적화했음을 보여주었다. 이러한 알고리즘은 앞으로 각 질환군별, 병원별, 검사실별 모델을 지속적으로 개발하고, 최적화하고 재검증하는 체계를 갖추는 것의 필요와 중요성을 보여준다.

2023년 이후, 임상 데이터, 유전체, 조직병리, 영상 정보를 통합하는 멀티모달 접근법이 확산되고 있다. 형광 염색 없이 세포 정보를 추출하는 label-free 기술(Ghost cytometry)이 등장했고, 진단-예후-모니터링을 연속적으로 처리하는 AI 에이전트(Agent AI) 개념으로 발전이 이어지고 있다. AI는 이제 단일 작업 자동화를 넘어 임상 의사결정 전 과정을 지원하는 시스템으로 진화 중이다. AI 모델의 개발 못지않게, 또는 그 이상으로 중요한 것이 배포 이후의 지속적 유지관리(maintenance)다. ML 모델은 학습 당시의 데이터로만 작동하도록 설계되어 있어, 시간이 지남에 따라 환자 구성 변화, 장비·시약 교체, 진료 지침 개정 등으로 성능이 저하되는 모델 드리

프트(data drift)가 불가피하게 발생한다. 이를 체계적으로 대응하는 프레임워크가 MLDevOps(ML + Development & Operations), 의료에서는 MedMLOps이다. MedMLOps는 또한 규제 요건과도 직결된다. FDA의 AI·ML 기반 의료기기에 대한 Predetermined Change Control Plan(PCCP) 지침(2024)은 모델 업데이트 계획을 사전에 규제 기관에 제출하도록 요구하며, MedMLOps 프레임워크는 이러한 지속적 검증 및 투명한 문서화 요건을 충족하는 데 핵심적인 역할을 한다. 혈액암 진단과 모니터링에서도 AI의 개발은 모델을 한 번 만드는 것이 아니라 지속적인 시스템으로 유지·관리한다는 관점의 전환이 필요한 시점이다.

현재 AI 혈액암 진단은 연구 및 임상 진입 단계에 있다. CellaVision·Scopio와 같은 디지털 형태 분석 플랫폼은 이미 검사실로 편입되고 있지만, 유세포분야의 진단이나 그 외 예후·모니터링·분야 알고리즘 대부분은 아직 검증 초기 단계다. 향후 수년 내에 규제 승인이 확대되면서 특정 혈액 질환의 진단 보조가 점진적으로 루틴화될 것으로 전망된다. 하지만 이를 위해서는 표준화와 다기관 검증 등의 필수 요건을 극복해야 하며, 검사실 또한 ML 모델을 소비하는 수동적 사용자가 아니라, MLDevOps 체계 안에서 지속적으로 데이터를 공급하고 ML 모델 성능을 재검증하는 능동적인 역할을 해나가야 할 것이다.

참고 문헌

1. Asadov C, et al. Digital Medicine and Artificial Intelligence in Chronic Myeloid Leukemia: Current Applications, Challenges, and Future Directions. *Cureus*. 2026;18:e103951.
2. Tsekhovska, et al. Artificial Intelligence and Digital Pathology: Toward Next - Generation Diagnostic Hematology. *International Journal of Clinical Practice*. 2026, 3282116.
3. Kim H, et al. Real-world application of digital morphology analyzers: practical issues and challenges in clinical laboratories. *Diagnostics*. 2025;15:677.
4. Sakaki K, et al. The LEukemia Artificial Intelligence Program (LEAP) in chronic myeloid leukemia in chronic phase: A model to improve patient outcomes. *Am J Hematol*. 2021;96:241-250.
5. Ota S, et al. Ghost cytometry. *Science*. 2018;360:1246-1251.
6. Kreuzberger D, et al. Machine Learning Operations (MLOps): Overview, Definition, and Architecture. *IEEE Access*. 2023;11:31866-31879.

반복서열 확장질환 검사의 정도관리

반복서열확장질환은 특정 반복서열의 비정상적 확장으로 발생하는 유전질환이다. 대표적으로 헌팅턴병, 취약X중후군, 근긴장성이영양증, 척수소뇌실조증 등이 있다. 반복서열확장질환은 세대를 거치며 반복 수가 증가하는 동적 돌연변이(dynamic mutation)의 대표적인 형태로, 반복 수 증가는 질환의 중증도 및 조기 발현과 관련된다. 대규모 확장, 모자이시즘, 메틸화 상태 등 다양한 변수가 결과 해석에 영향을 주기에 일반 PCR 기반 검사보다 높은 수준의 정도관리가 요구된다.

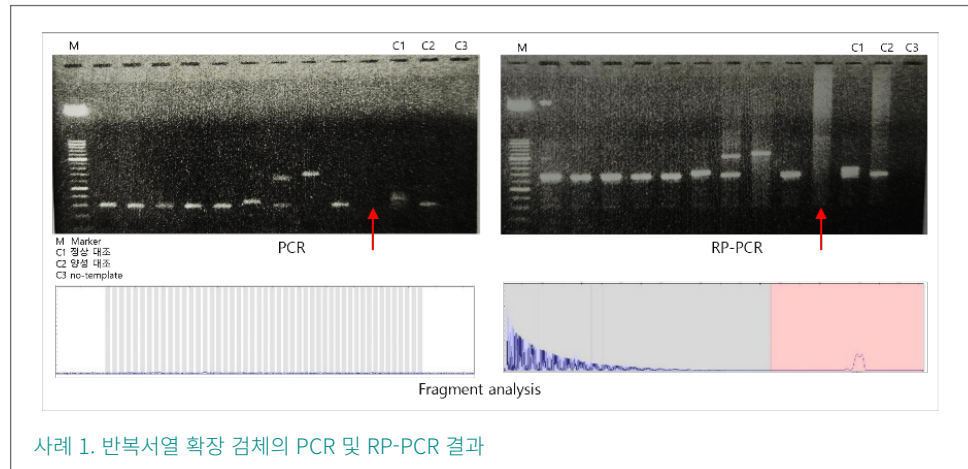
검사 전 단계에서는 검체 DNA의 양, 순도 및 분해(degradation) 여부 평가가 중요하다. 검사 수행 단계에서는 표준절차(SOP) 기반의 검사 수행과 장비-시약 관리가 필요하며, PCR, RP-PCR, fragment 분석, Southern blot 등 각 기법별 핵심 관리 요소를 확인해야 한다. 분석 단계에서는 해석 기준의 일관성과 임상 정보와의 연관성을 고려해야 하며, 반드시 질환별 기준에 따라 반복 수와 변이 형태를 구분해야 한다. 결과 보고서에는 유전자명, 반복서열 위치, 검사 방법, 측정된 반복 수, 해석 기준, 검사법 한계, 대규모 확장 검출 가능 여부, 모자이시즘, 가족검사 및 유전상담 권고 문구 등을 포함하는 것이 권장된다.

검사기법의 특성에 따라 다양한 정도관리 이슈가 발생할 수 있다.

서울대학교병원
이정애
(간행위원)

PCR에서는 대조물질과 no-template control(NTC)을 이용해 증폭 및 오염 여부를 평가해야 한다. 반복 서열의 GC-rich 특성으로 인해 PCR bias와 allele dropout이 발생할 수 있으며, 특히 large-size allele은 선택적으로 낮게 증폭될 수 있다. 특이적 DNA 중합효소와 PCR 보조물질 사용, 최적화된 반응 조건 설정 등을 통해 문제를 최소화해야 한다. RP-PCR에서는 확장 반복서열이 saw-tooth/ladder peak 형태로 관찰되지만, 정확한 반복 수 측정에는 제한이 있다. 대규모 확장, 모자이시즘 및 메틸화 상태 평가는 Southern blot으로 보완할 수 있으나, 고품질의 DNA와 복잡한 검사 과정이 요구된다.

실제 검사에서 관찰될 수 있는 대표적인 사례를 살펴보면 다음과 같다.



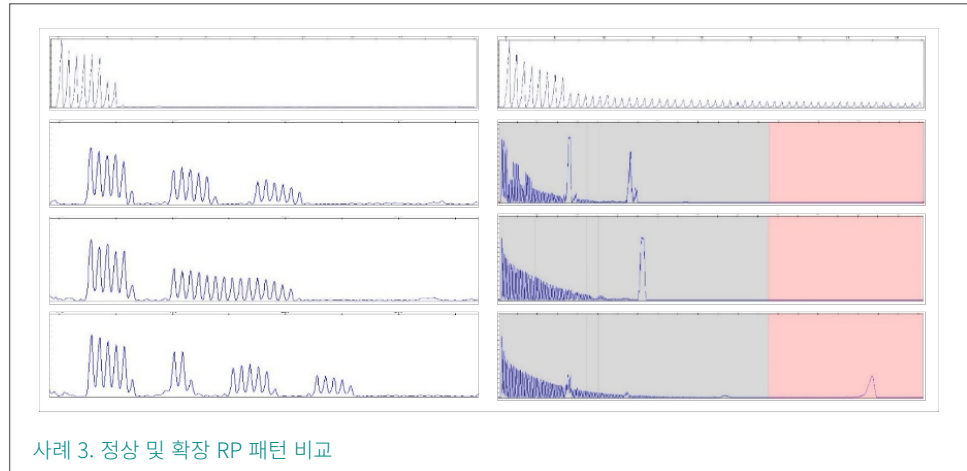
사례 1. 반복서열 확장 검체의 PCR 및 RP-PCR 결과

PCR에서는 증폭이 관찰되지 않지만, RP-PCR에서 관찰되는 꼬림 양상(tailing pattern)을 통해 반복서열 확장을 추정할 수 있다. 꼬림 양상은 소규모 확장에서 약하게 관찰될 수 있으며, 비특이적 PCR artifact와의 감별도 필요하다. 이 사례의 경우 완전변이 범위의 대규모 확장이 확인되었다.



사례 2. Allele dropout 분석 사례

fragment 분석에서 1개의 allele만 확인되는 경우에는 동일 크기의 homozygous allele 및 large-size allele의 allele dropout 가능성도 함께 고려해야 한다. Allele size 차이가 큰 경우 large-size allele이 낮은 peak로 검출되는 경우가 많으며, 분석 범위 설정 및 peak 해석에 주의가 필요하다.



정상 RP 패턴은 제한된 범위의 discrete peak와 빠른 signal 감소 양상을 보이며, interruption sequence가 존재할 경우 다양한 peak 간격 패턴이 관찰될 수 있다. 확장 RP 패턴은 일정 간격으로 반복되며, 뒤로 갈수록 peak 높이가 감소하는 saw-tooth/ladder tail 형태를 보인다. 대규모 확장에서는 약한 saw-tooth/ladder peak가 관찰될 수 있으며, 모자이크시퀀스나 비특이적 PCR artifact의 가능성도 함께 고려해야 한다.

이러한 사례들은 반복서열확장질환 검사에서 기술적 변수와 결과 해석의 중요성을 보여준다. 반복서열 확장질환 검사는 기술적 난이도가 높고 결과 해석이 복잡하므로, 두 가지 이상의 검사법을 상호보완적으로 적용하는 것이 권장된다. 또한 검사법별 정확도, 정밀도, 재현성, 반복 수 측정 범위 및 해석 기준 등에 대한 검증을 수행하고, 내부 및 외부 정돈관리 프로그램 참여를 통해 검사 결과의 정확성과 신뢰성을 확보하는 것이 중요하다.

참고 문헌

1. Clinical and Laboratory Standards Institute. Molecular Diagnostic Methods for Genetic Diseases; Approved Guideline. 4th ed. CLSI guideline MM01. Wayne, PA: CLSI; 2023.
2. Clinical and Laboratory Standards Institute. Collection, Transport, Preparation, and Storage of Specimens for Molecular Methods. 2nd ed. CLSI guideline MM13. Wayne, PA: CLSI; 2020.
3. Clinical and Laboratory Standards Institute. Quality Assurance for Molecular Diagnostic Testing. 1st ed. CLSI guideline MM20. Wayne, PA: CLSI; 2012.
4. CAP. Molecular Pathology Checklist. Northfield (IL): College of American Pathologists
5. Spector E, et al. Laboratory testing for fragile X, 2021 revision: a technical standard of the American College of Medical Genetics and Genomics (ACMG). Genet Med. 2021;23:799-812.
6. Paulson H. Repeat expansion diseases. Handb Clin Neurol. 2018;147:105-123.
7. La Spada AR, Taylor JP. Repeat expansion disease: progress and puzzles in disease pathogenesis. Nat Rev Genet. 2010;11:247-258.
8. Warner JP, et al. A general method for the detection of large CAG repeat expansions by fluorescent PCR. J Med Genet. 1996.33:1022-1026.

검사실에서 생긴 일

삼성서울병원
김의곤
(간행위원)

ABO 유전자형 검사의 Allele Dropout(ADO) 오류와 복수 프라이머를 이용한 해결

ABO 유전자형 검사는 약한 아형(weak subgroup)이나 혈구형과 혈청형이 불일치하는 상황에서 환자의 정확한 혈액형을 확인하고, 그에 따른 적합한 수혈을 시행하기 위해 널리 활용되고 있다.

그러나 PCR 기반의 유전자 검사 특성상, 특정 대립유전자(allele)가 선택적으로 증폭되지 않는 Allele Dropout(ADO) 현상이 발생할 수 있으며, 이로 인해 실제와 다른 유전자형 결과가 보고될 위험이 있다.

검사실 환경에서 ADO 발생 확률은 매우 드문 편이지만, ABO 유전자형 해석 오류를 유발할 수 있어 주의가 필요하다. 이러한 오류의 발생 확률을 낮추기 위한 방법으로는 반복 실험, 통계적 소프트웨어 분석, 복수 프라이머 사용 등이 있으며, 이 중 복수 프라이머를 사용하여 해결한 사례를 공유하고자 한다.

○ ABO 혈청학적 검사 결과

검사방법	Anti-A	Anti-B	Anti-A1	Anti-AB	Anti-H	A cell	B cell
Plate	mf	+	NT	NT	NT	NT	NT
Automated	2+	4+	NT	NT	NT	-	-
Manual(tube)	1+	4+	-	4+	+/-	-	-
Manual(tube) (15 min at RT)	2+	4+	NT	NT	NT	1+	-

Abbreviations: mf, mixed field; RT, room temperature; NT, not tested

환자의 ABO 혈액형은 Ortho VISION(Ortho Clinical Diagnostics, USA) 자동화 장비와 시험관법(ortho 社), plate법(Bioscott 社)으로 검사. Anti-A1에서 음성, 함께 시행한 anti-AB의 응집강도는 4+ 반응을 보이는 혈청학적 소견으로 Cis-AB 또는 A형 유전자 이상인 AweakB 의심되어 정확한 혈액형 확인을 위해 ABO 유전자 검사를 시행.

○ ABO 유전자 검사 결과

정상적인 PCR 증폭이 이루어진 경우, C allele과 T allele이 모두 정상적으로 증폭되어 C/T genotype 으로 분석됨.

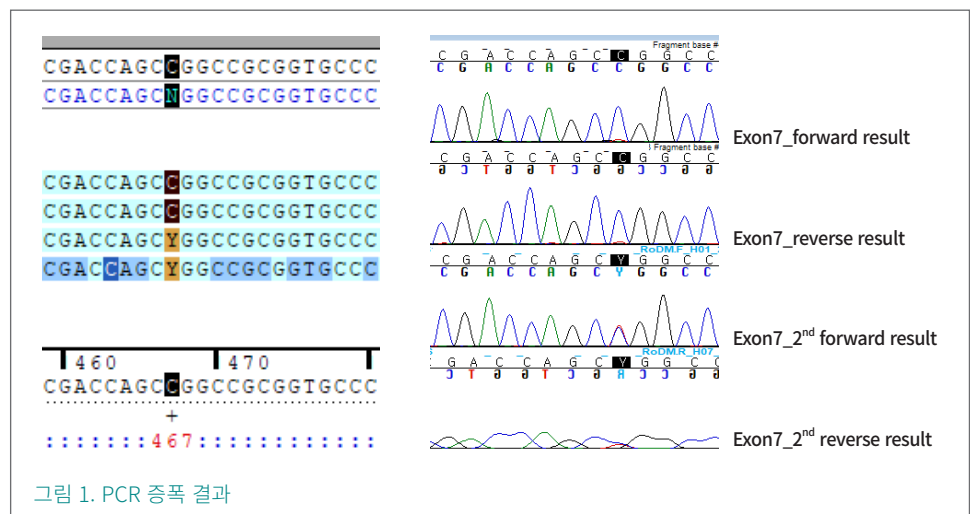


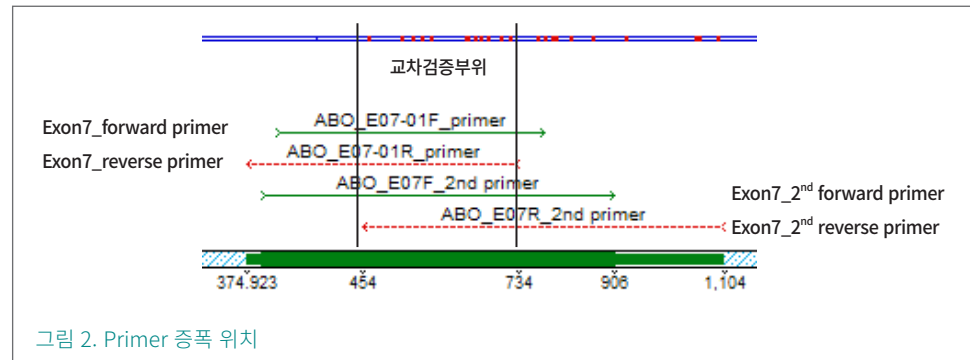
그림 1. PCR 증폭 결과

기존 primer 분석 결과(Exon7_Forward/Reverse result)

c.467 부위에서 T 대립유전자가 증폭되지 않는 ADO(Alele Dropout) 현상이 발생하였다. 이로 인해 실제로는 변이가 있음에도 불구하고, 서열상으로는 정상 Homozygous으로 분석

컨펌 프라이머 분석 결과(Exon7_2nd Forward/Reverse result)

기존 프라이머 대신 새로운 2nd 프라이머 세트를 제작하여 교차 검증을 시행한 결과, 누락되었던 T 대립 유전자가 정상적으로 증폭되어 변이가 확인 되었다. 이를 통해 최종적으로 c.467C>T heterozygous(이형접합)으로 분석



○ 결론

Allele Dropout(ADO)는 드물게 발생하지만, ABO genotype과 혈청학적 표현형 결과 간의 불일치를 유발할 수 있는 중요한 검사 오류로 특히 다음과 같은 문제가 발생할 수 있다.

- 변이가 없거나, 예상되지 않는 homozygous 결과 보고
- ABO subgroup 해석 오류
- 수혈 전 혈액형 해석의 혼란

따라서 혈청형과 유전자형 결과가 일치하지 않는 경우에는 ADO 가능성을 고려한 추가 검증이 필요하다. 그렇기 때문에, 검사 초기 단계부터 서로 다른 primer set을 함께 사용하는 것은 ADO 발생 가능성을 낮추고, 보다 신속하고 정확한 혈액형 해석에 도움이 될 것으로 판단된다.

참고 문헌

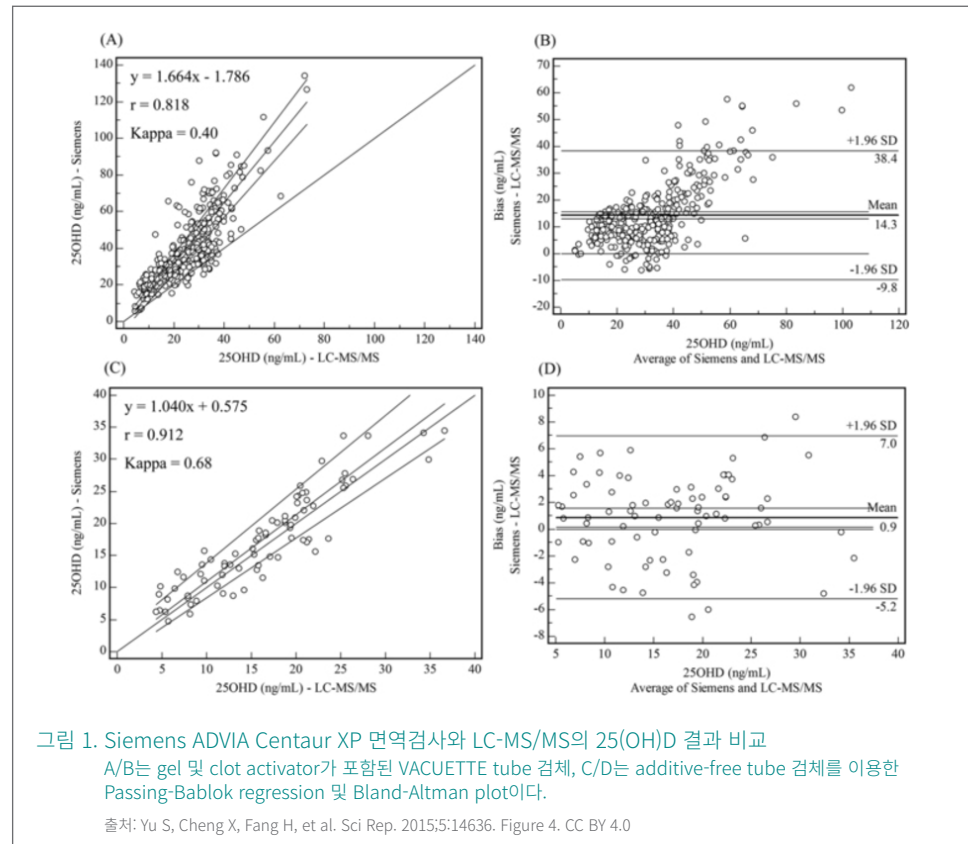
1. Lee J, et al. ABO*AW31.02-05 Identified by Genotyping in a Patient with ABO Discrepancy: First Case in Korea. Korean J Blood Transfus 2026;37:14-18
2. Song J, et al. ABO Genotyping: From PCR-Based Assays to Long-Read Sequencing Korean J Blood Transfus. 2026;37:1-13.

비타민 D 검사 결과가 갑자기 낮아졌을 때

중앙의대
장한밀
(간행위원)

LC-MS/MS 검사실의 확인 절차와 해석

LC-MS/MS는 높은 특이도와 민감도, 다중 분석이 가능하다는 장점 때문에 임상화학, 내분비, 약물 검사 분야에서 활용되고 있다. 비타민 D 검사에서의 경우, 25-hydroxyvitamin D₂ [25(OH)D₂]와 25-hydroxyvitamin D₃ [25(OH)D₃]를 각각 측정된 뒤 합산하여 총 25(OH)D로 보고할 수 있다는 장점이 있다. 보다 간편한 면역검사법의 경우, LC-MS/MS에 의한 비타민 D 농도 측정 결과와 높은 상관성을 보이지만, 검체 용기 내 첨가제에 따라 일부 편향이 발생할 수 있음이 알려져 있다(그림 1).



LC-MS/MS 정량검사 시 안정동위원소 표지 내부표준물질(stable isotope-labeled internal standard)이 핵심적인 역할을 한다. 내부표준물질은 검체 전처리 초기에 첨가되어 분석 물질과 함께 extraction, injection, ionization 과정을 거치며, 전처리 손실, 주입량 차이, 분석 중 신호 변동을 보정하는 데 도움이 된다. 하지만 ion suppression, co-eluting interference, 부적절한 peak integration, calibration 문제 등은 내부표준물질만으로 완전히 보정되거나 발견되지 않을 수 있으며, matrix effect 및 carryover에 의한 오류의 가능성을 완전히 배제할 수 없다.

따라서 비타민 D LC-MS/MS 결과가 이전보다 갑자기 낮아졌을 때는 검체 식별, 채혈일, 검체 상태, 전처리 이력, QC 결과, calibration 상태를 먼저 확인해야 한다. 분석 결과 검토 시에는 25(OH)D₂와 25(OH)D₃의 peak shape, retention time, ion ratio, internal standard area, calibration curve, carryover 가능성, 같은 batch 내 다른 검체의 결과 분포를 함께 살펴보는 것이 좋다. 내부표준물질 area가 평소보다 현저히 낮거나 높다면 “보정되었으므로 안전하다”는 의미가 아니라, 해당 검체 또는 batch의 matrix 이상을 의심해야 한다는 신호일 수 있다.

본 검사실에서는 LC-MS/MS를 이용하여 25(OH)D₂와 25(OH)D₃를 각각 측정된 뒤 합산하여 총 25(OH)D

로 보고하고 있다. 이전 결과와 비교하여 예상보다 큰 감소가 관찰되는 경우에는 검체 상태, 내부표준물질 신호, retention time, ion ratio, calibration 및 QC 결과를 우선 검토하고, 필요 시 면역검사법으로도 재검하여 두 검사법 간의 편차를 확인하고 있다. 이러한 절차는 면역검사를 기준법으로 간주하기 위한 것이 아니라, 검사법 간 차이와 분석적 이상 가능성을 함께 검토하기 위한 검사실 내부 확인 과정이다.

면역검사와 LC-MS/MS 결과가 모두 낮게 확인된다면 실제 농도 감소 가능성이 높아지지만, 두 방법 간 차이가 큰 경우에는 검사법 차이, 검체 간섭 또는 전처리 과정의 영향을 고려해야 한다. 환자가 비타민 D₂ 제제를 복용하는 경우에는 검사법에 따른 25(OH)D₂ 반응성 차이도 결과 해석에 영향을 줄 수 있다. 장기 추적 관찰에서는 가능한 한 동일 검사법으로 결과를 비교하는 것이 바람직하며, 임상적으로 결과가 맞지 않는 경우에는 새 검체 재채혈 후 재검을 권장할 수 있다.

LC-MS/MS의 강점은 장비 자체가 아니라 검사법을 이해하고 관리하는 검사실의 역량에서 나온다. 비타민 D 결과가 갑자기 낮아졌을 때 검사실은 단순 재검에 그치지 않고, 검체와 분석 과정, 검사법 간 차이, 임상적 맥락을 함께 검토해야 한다. 이러한 절차는 LC-MS/MS 결과의 신뢰성을 높이고, 임상 의에게 일관된 해석을 제공하는 데 도움이 된다.

참고 문헌

1. Clinical and Laboratory Standards Institute. Liquid Chromatography–Mass Spectrometry Methods. 2nd ed. CLSI guideline C62. Wayne, PA: CLSI; 2022.
2. Yu S, Cheng X, Fang H, et al. 25OHD analogues and vacuum blood collection tubes dramatically affect the accuracy of automated immunoassays. Scientific Reports. 2015;5:14636.

Cherry Blossom Symposium 2026

해외학술대회 참관기

연세의대
임정훈

2026년 4월 9일부터 11일까지 일본 가고시마(Kagoshima)에서 개최된 Cherry Blossom Symposium 2026(CBS 2026)에 참석하였다. CBS는 “The International Conference of Clinical Laboratory Automation”이라는 부제 아래 개최되는 국제 학술대회로, 임상검사실 자동화(Clinical Laboratory Automation), 인공지능(AI), 디지털 헬스케어, 검사정보 표준화 및 검사실 운영 혁신 등을 주요 주제로 다루고 있다. CBS 2026는 “Future Dreams Come True in Automation and Robotics” 주제로 진행되었다.



CBS 2026이 개최된 가고시마 시민교류센터 학회장

이번 학회에는 총 11개국에서 322명의 참가자가 등록하였으며, 일본(201명), 한국(64명)을 중심으로 방글라데시, 몽골, 대만, 싱가포르, 태국, 미국, 캐나다 등 다양한 국가의 검사실 전문가들이 참석하였다. 또한 총 122편의 발표가 진행되었는데, 18편의 invited lecture, 7개의 industry workshop, 97편의 poster presentation으로 구성되어 활발한 학술 교류가 이루어졌다. 아울러 15개 기업이 참여한 전시 및 7개 버스 운영을 통해 최신 검사실 자동화 장비와 디지털 솔루션도 함께 소개되었다.

학회 첫째 날에는 검사실 자동화와 차세대 검사기술 통합을 중심으로 한 강연들이 집중적으로 진행되었다. 오전 심포지엄에서는 “Creating Diagnostic Value through the Combination of New Testing Technologies”를 주제로 LIS(Laboratory Information System), LAS(Laboratory Automation System), 로봇 기술을 통합한 차세대 검사실 운영 전략이 소개되었다. 일본과 한국, 대만의 연자들은 자동 전처리 시스템, 스마트 헬스케어 기반 자동화 시스템, 검사실 안전성 향상 및 workflow 효율화 사례를 공유하였으며, 단순 자동화 장비 도입을 넘어 검사실 전체 프로세스를 통합적으로 연결하는 방향이 강조되었다. 이어진 Plenary Lecture에서는 재생의학(regenerative medicine)의 미래와 세포기반 치료 기술 발전 방향이 소개되었고, 오후 심포지엄에서는 임상미생물 자동화, LC-MS/MS 전처리 자동화, Ghost Cytometry 기반 형태학 분석, 유전검사 및 차세대염기서열분석(NGS)의 품질보증 체계와 각 국가의 외부정도관리(EQA) 운영 경험 등이 소개되어, 검사실 자동화와 품질관리의 국제적 발전 방향을 폭넓게 확인할 수 있었다.



Welcome reception이 진행된 시로야마 호텔에서 바라본 사쿠라지마



Welcome reception 현장

둘째 날에는 AI와 디지털 전환을 중심으로 한 프로그램들이 핵심적으로 논의되었다. 특히 “Utilization of AI in Laboratory Medicine” 세션에서는 AI 기반 혈액검사 판독, 골수도말 자동 감별계수 시스템, 생성형 AI를 포함한 다양한 AI 활용 사례들이 발표되었으며, 실제 임상검사실에서 AI가 진단지원 및 자동분석 workflow에 적용되는 흐름을 확인할 수 있었다. 이어진 Plenary Lecture에서는 Bayesian approach를 활용한 임상검사의학적 해석과 의사결정 지원 전략이 소개되었고, Industry Workshop에서는 검사실 자동화의 핵심 기반으로서 검체 이송 시스템(specimen transport system), HIS/LIS 연동 기반 multimodal laboratory reporting, DSS(Diagnostic Support System)를 활용한 검사결과 자동 해석 및 임상 커뮤니케이션 기술 등이 소개되었다.

학회 기간 중 진행된 Board Member Meeting에서는 향후 CBS의 운영 방향과 아시아 지역 검사실 자동화 협력 체계에 대한 논의도 이루어졌다. 특히 AI 기반 검사실 운영, 디지털 전환, 검사정보 연계 및 검사실 자동화 표준화와 관련하여 국가 간 협력 필요성이 강조되었으며, 향후 국제 공동연구와 교육 프로그램 확대 가능성에 대한 의견들이 공유되었다. 또한 차기 학회인 CBS 2028이 2028년 3월 16일부터 18일까지 일본 도쿄에서 개최될 예정임이 공식적으로 소개되었으며, plenary lecture, symposium, industry workshop, poster session 및 exhibition 중심의 프로그램 운영 계획도 함께 논의되었다.



CBS 2026 학회에서 한국 임상검사실 자동화 현황 발표 (분당서울대병원 이경훈 교수님)

포스터 세션에서는 총 100편 규모의 다양한 연구들이 발표되었으며, 최근 진단검사의학 분야의 핵심 흐름인 AI 기반 자동화, 디지털 전환, 분자진단, 품질관리 및 검사정보 표준화와 관련된 주제들이 폭넓게 다루어졌다. 특히 AI-assisted karyotyping, AI 기반 genomic interpretation, deep learning 기반 혈액세포 분류, urinalysis dipstick 판독 자동화 등 생성형 AI와 machine learning 기술을 실제 검사 workflow에 적용하려는 연구들이 다수 소개되었으며, 골수도말 자동 판독, flow cytometry 자동화, fully automated NGS workflow 및 LC-MS/MS 자동화 등 검사실 자동화 기술의 실제 구현 사례들도 활발히 발표되었다. 또한 환자결과 기반 실시간 내부정도관리(EWMA-based patient real-time QC), EQA 허용 범위 설정, sigma metrics 활용, critical value reporting 개선 등 검사 품질보증 및 운영 효율화와 관련된 연구들도 주목을 받았다. 이 외에도 biobanking 자동화 및 regional medical information network 기반 검사결과 표준화 등 다양한 분야의 연구가 소개되면서, 향후 진단검사의학이 단순 검사 수행을 넘어 AI-자동화-데이터 표준화 기반의 통합 디지털 플랫폼 형태로 발전하고 있음을 확인할 수 있었다.

이번 CBS 2026 참가가 최근 진단검사의학 분야가 AI, 자동화, 데이터 표준화 및 디지털 헬스케어 방향으로 빠르게 변화하고 있음을 체감할 수 있었던 의미 있는 경험이었다. 특히 검사실 자동화가 단순한 장비 연결 수준을 넘어, 데이터 구조화와 정보 활용 체계까지 포함하는 방향으로 발전하고 있다는 점이 인상적이었다. 향후에도 이러한 국제 학술 교류를 통해 국내 진단검사의학 분야의 디지털 전환과 검사정보 표준화 발전에 기여할 수 있도록 지속적인 연구와 협력이 필요할 것으로 생각된다.



CBS 2026 포스터 세션 발표



사쿠라치마 페리에 함께 탑승한 대한진단검사정보관리협회원 단체 사진

- **발행** | 사단법인 대한진단검사정보관리협회
- **발행인** | 송정환
- **편집인** | 송재우, 윤영안 T 02.744.6841 F 02.745.6653
- **간행위원** | 송재우, 김의곤, 김진석, 문수영, 박정용, 서동희, 이누리, 이정애, 이지원, 이해영, 임성은, 장한밀, 조은정, 최수인, 하지혜
- **홍보섭외위원** | 윤영안, 박형두, 이경훈, 전유라, 유신애