

「甲状腺腫瘍発症・進展機序の解明」に参加され、2017年5月～7月の間に甲状腺腫瘍の診断によって手術を受けられた皆さま

「マイクロアレイとゲノムシーケンス解析法を用いた甲状腺腫瘍発症機序の解明」に参加された皆さま

2009年1月9日～2009年11月6日の間に隈病院で甲状腺乳頭がんの診断によって手術を受けられた皆さま

皆さまからこれまで試料（検体）・情報を頂いて甲状腺腫瘍に関する研究を行ってきましたが、それらは引き続き新たな研究計画「甲状腺腫瘍発症・進展機序の解明」で使用させていただきます。

それにつきまして、以下の事項を公開させていただきます。

#### 【研究目的】

今回の研究では、大きく二つの目的があります。

- 1) 甲状腺腫瘍で起きている遺伝子の変化を調べ、どういった腫瘍でどんな遺伝子の変化が起きているかその関連を見つけ出し、腫瘍発生や悪性化の仕組みを解明することです。（こちらは、「マイクロアレイとゲノムシーケンス解析法を用いた甲状腺腫瘍発症機序の解明」と同じ目的です。）
- 2) 人間は両親から遺伝子を受け継ぐわけですが、どういった遺伝子を持った人が甲状腺腫瘍になりやすいのかを明らかにすることです。こちらは生まれながらに持ったその人の体質を研究するものです。

#### 【研究方法】

手術時に摘出された腫瘍組織やその周りの一緒に切除された正常組織、場合によっては血液の細胞の遺伝子を解析します。通常の検査に必要な部分以外を用い、この研究のために追加して組織を採取することはありません。ただし、血液の場合は採血時に余分に10 mL以下の採取を行います。検体は採取後、主治医あるいは個人情報管理者によって番号・記号へと匿名化され、長崎大学原爆後障害医療研究所へ送られます。

遺伝子の解析は、長崎大学原爆後障害医療研究所の解析グループが行います。

マイクロアレイ法やシーケンシング法という方法を使って調べます。ある特定の領域のみに注目した解析を行うこともあれば、ほとんどすべての遺伝子領域を対象に解析を行うこともあります。どの方法を用いるかは、研究の進行状況や腫瘍の性質によっても異なります。必要がある場合にのみ、必要な方法を組み合わせて研究を行います。

#### 【研究期間】

本研究は、2025年3月まで行う予定です。ただし、研究期間の延長が必要な場合には、倫理審査委員会に継続の是非をはかり、その承認のもとに継続します。

必要な場合には、試料・情報を他の共同研究機関に送って解析することもあります。また、これらを専門の解析企業へ送付し、解析の一部を委託する可能性があります。解析企業の中には解析を海外の施設で行うところもありますが、秘密保持契約を結んで解析を委託します。解析企業では、解析後に試料・情報は廃棄されます。この際、それらは匿名化された状態で送られ、どなたのものかわからないようにして解析が行われます。試料・情報は、郵送・暗号化された電子的送信によって送られます。個人情報を含まない塩基配列データは、データベースに登録後、公開されることがあります。

利用し、または提供する試料・情報の項目：

組織、核酸、臨床データ、遺伝子変異データ

利用する可能性があるものの範囲（共同研究機関）：

長崎大学

京都大学

隈病院

福島県立医科大学

野口病院

慶応義塾大学

名古屋大学

東京大学

試料・情報の管理について責任を有する者の氏名：

長崎大学 原爆後障害医療研究所 光武 範吏