眼科領域疾患の遺伝子研究へのご協力のお願い

（香川大学医学部附属病院眼科）

1．この文書の対象となる方

この文書は、これまでに香川大学医学部附属病院で遺伝子研究にご協力いただいた方を対象として、ご協力をお願いする文書です。具体的には、下記の研究にご協力いただいた方を対象としております。

G705「眼科領域の多因子疾患に関する遺伝子研究」

2. ご協力をお願いする内容

技術の進歩により、みなさまから同意をいただいた時点では想定していなかった遺伝子解析技術が登場し、一般化してきました。それは、全ゲノムシークエンス、全エクソンシークエンスといった解析手法です。この文書は、みなさまからいただいた DNA を、それら最先端技術によって解析することについて、ご協力をお願いする文書です。

これに伴って、みなさまに新たに追加の負担が発生することはありません。

3. 研究の目的

全ての疾患は、遺伝子の変化と、これまでの生活習慣などさまざまな原因の蓄積によっておこると考えられています。加齢黄斑変性、緑内障、強度近視などではその病気をおこりやすくする「遺伝子の変化」が徐々に見つかってきています。このような中、こういった情報を活用して、より患者さん個人個人にあった治療を行っていこうという試み（プレシジョン・メディシン）が世界的に広がっています。そこで、私たちは、様々な眼科領域疾患それぞれにおいて、疾患をおこりやすくする「遺伝子の変化」を見つけ、病態の解明や、個人個人に最適な医療を提供するための基盤を構築するために研究を行っています。

4. 結果について

今回の遺伝子探索研究において、全遺伝子領域にわたる DNA 解析を行うため、眼科領域の疾患とは関係のない部分の変異が発見される可能性があります。

また、眼科領域の疾患に関係した変異でも、その意味づけはすぐにはわからないことが多く、正確な解釈を行うためにはより長期の研究を必要とすることが予想されます。以上の２点より、本研究結果は原則、ご本人にもお伝えいたしません。ただし、得られた結果を患者さんもしくはその家族の方に伝えることが倫理的に望ましいと考えられる場合には、倫理委員会と相談のうえ、判断いたします。

このため、参加してくださった方々に直接メリットがあるわけではありませんが、この研究によって眼科領域の疾患の原因が解明され、治療法の開発が進めば、将来の患者さんたちに役立つ可能性があります。

5. 同意いただけない場合は、いつでもやめることができます

本文書をご覧になり、いただいた DNA を最先端の解析手法での解析に用いることを希望されない場合は、いつでも拒否することができます。やめることで不利益はありませんのでご安心ください。

参加をやめる場合は、いただいた DNA を全ゲノムシークエンス・全エクソンシークエンスで解析することはありません。ただし、お申し出があった時にすでに研究結果が公表されていたときなど、データから除けない場合もあります。希望されない場合には、文書を書いていただきますので、香川大学医学部附属病院・助教・逢坂理恵までご連絡ください。

6. 参加は自由で、参加しなくても不利益はありません

研究へ参加するかどうかはよくお考えのうえ、自由に決めてください。参加しないと主治医や研究の担当医師との関係が気まずくなるかと心配されるかもしれませんが、そのようなことはありません。ご安心ください。どちらであってもそのときの最善の治療を行います。

7. その他

その他、研究の目的や詳細、問い合わせ先等につきましては、香川大学医学部附属病院ホームページの情報公開文書をご覧下さい。

http://www.med.kagawa-u.ac.jp/hosp/about/rinsyo/