

泌尿器科を受診している患者さんへ

当院では、下記の研究を実施しています。この研究は、愛知医科大学医学部倫理委員会で倫理的観点及び科学的観点から中立的かつ公正に審査され、研究機関の長に認められた研究です。

今回の研究は、対象となる患者さん一人ずつから直接同意を得て行う研究ではなく、研究内容の情報を公開し、研究対象者となることを拒否できる機会を与えることが求められているものです。この研究へのご質問や研究に係る相談だけでなく、個人情報の開示を希望される場合、研究計画書及び研究の方法に関する資料の入手又は閲覧を希望される場合は、以下の「問い合わせ先」までご連絡ください。研究計画書等は、他の研究対象者等の個人情報及び知的財産の保護等に支障がない範囲内で閲覧が可能です。

記

研究課題名	人工知能を用いた腎がんの多様性と腫瘍微小環境を腫瘍生検と CT から予測する研究
研究機関の長(試料・情報の管理責任者)	愛知医科大学病院 病院長 道勇学
研究責任者	(所属) 泌尿器科学講座 (職名) 教授 (氏名) 佐々直人
研究の対象となる方	研究実施承認日から 2026 年 3 月までに腎臓癌と診断された患者さん
研究期間	研究実施承認日 ~ 2028 年 3 月 31 日
研究目的及び利用方法	<p>〔研究目的〕</p> <p>腎臓癌での診断の方法は、手術による摘出臓器の病理診断もしくは腎腫瘍針生検です。進行性腎癌薬物治療において、まず腎腫瘍生検を行い、組織診断を確定後、薬物治療を先行する機会が増加しています。がんゲノム診療時代になった現在でも、腎癌においては治療効果を予測できる因子(バイオマーカーといえます)はなく、薬物治療の効果を事前に予測することはできません。針生検による診断は、癌組織の一部の採取のみで、多様性を持つ腎細胞癌では、腫瘍微小環境を含めた正確ながん全体の情報を知れないことが問題です。造影 CT 画像は、腫瘍内血流分布の差、質的情報、多様性を類推できる可能性をもちます。針生検から得られる病理学的情報と、CT 画像所見、バイオバンク(組織を冷凍凍結し補完することを指します)を利用した腫瘍微小環境の解析の結果から、腎臓癌をより適切に知ることができ、適切な治療の選択が可能になると考えました。私たちは、人工知能を用いた画像処理技術の開発に名城大学工学部と共に取り組んできました。この技術の応用、工学研究者との共同研究ができる体制から腎腫瘍針生検と CT 画像を基に多様性、腫瘍微小環境簡便に予測し、可視化、言語化できる技術の確立を目指します。</p> <p>〔利用方法〕</p> <p>腎臓摘出後に腎腫瘍針生検を行い、得られた病理結果と術前の造影 CT 画像から、摘出後の病理学的組織結果、腎腫瘍部位に基づいたがんゲノム、エピジェネティクス情報を利用し、腎癌の多様性、腫瘍微小環境を明らかにする研究です。人工知能 AI を活用することで、4 つの情報(上記 -) + 臨床的データ、腎癌細胞の多様性、腫瘍微小環境を腎腫瘍生検、術前 CT 画像より類推し、可視化します。</p>

	<p>CT画像、病理、臨床資料を、愛知医科大学でバイオバンクに保管される腎癌患者50名+今後の腎摘除術の50例（腎腫瘍生検を行う）の合計100例を解析対象とします。</p> <p>AIを用いたCT画像情報の腫瘍内分布解析を名城大学理工学部亀谷(研究分担者)により行います。CT画像の部位別に、濃淡および形状をAIによる画像認識および深層学習による訓練を行い、病理プレパラートの照合を行います。</p> <p>摘出標本のマッピングと画像解析技術の融合;(愛知医科大学)病理標本とバイオバンクに保存した腫瘍部位(1症例当たり最低5か所)とを照合します。腎細胞癌に発現しているVEGF-A, VEGFR-1,2,3, FGFR, PDGFR, PD-L1などの免疫染色を行います。</p> <p>がんゲノム情報の解析(愛知医科大学)</p> <p>マッピングした腫瘍部位のがんゲノム情報の次世代シーケンサーを用いて解析を行います。すでに淡明型腎細胞患者における同定された遺伝子(VHL, TCEB1, PBRM1, BAP1, SETD, METなど)を標的とし発現量をヒートマップにて可視化、定量化します。</p> <p>がんゲノム情報、病理、画像的特徴の解析を深層学習したAIにて情報統合し、腎腫瘍生検より得られる結果を追加し、腎腫瘍生検および術前CT画像より癌細胞の多様性、腫瘍微小環境を可視化できる技術を獲得します。</p> <p>主要評価項目</p> <p>人工知能による照合後における、摘出腎癌の病理結果とバイオマーカー発現率、とCT画像の一致率(感度、特異度、陽性的中度、陰性的中度)</p> <p>副次的評価項目</p> <p>VEGF-A, VEGFR-1,2,3, FGFR, PDGFR, PD-L1の発現率</p> <p>同定された遺伝子(VHL, TCEB1, PBRM1, BAP1, SETD, METなど)を標的とし発現量</p> <p>腫瘍微小環境における免疫細胞の割合</p> <p>探索的評価項目</p> <p>追加で遺伝子発現の検索をする場合があります。検査を行う場合は改めて倫理審査会の承認を得ます。</p> <p>〔外部への試料・情報の提供〕</p> <p>CT画像は個人が特定できないようにし、記録媒体により名城大学 情報工学部 情報工学科へ提供します。</p> <p>〔外部への提供開始日〕</p> <p>研究実施承認後</p>
<p>研究に用いる試料・情報の取得方法及び項目</p>	<p>試料：手術で摘出した組織</p> <p>情報：診療録(カルテ)から、年齢、性別、既往歴、血液検査結果、手術所見等を収集し、診断に用いたCT画像等</p>
<p>提供する試料・情報を用いる学外の研究責任者</p>	<p>名城大学 情報工学部 情報工学科 准教授・亀谷由隆</p> <p>〒468-8502 名古屋市天白区塩釜口 1-501</p>

試料・情報を利用する学外の者	名城大学 情報工学部 情報工学科 准教授・亀谷由隆 〒468-8502 名古屋市天白区塩釜口 1-501
試料・情報の利用又は提供を希望しない場合	本研究への試料・情報の利用又は提供を希望しない方は、2026年6月30日までに郵送、電話等により下記問い合わせ先まで申し出てください。
外国への試料・情報の提供	「非該当」
問い合わせ先	愛知医科大学医学部 泌尿器科学講座 担当者:(職名)教授 (氏名)佐々 直人 〒480-1195 愛知県長久手市岩作雁又1番地1 電話 0561-62-3311 (内線 22145)