

がんにおける遺伝子変化の網羅的解析

名古屋大学医学系研究科 氏名 西村建徳

目的 新規抗がん剤治療の作用機序の解明

内容 治療群で変化するRNAの網羅的解析

結果 治療群で有意に変化する遺伝子群から治療効果の作用機序の仮説をたてた。現在、その仮説の証明を行っている。

利用した計算機	SQUID 汎用CPUノード群
	ノード時間 13.78 時間
	使用メモリ 4 GB