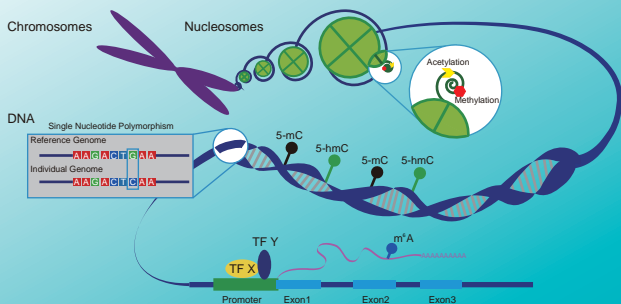




易汉博基因科技（北京）有限公司

易汉博，解读遗传信息，识别健康密码



网址：www.ehbio.com

邮箱：vip@ehbio.com

电话：010-51732515

地址：北京市西城区德胜门外大街
11号1幢220



易汉博基因科技(北京)有限公司

易汉博基因科技

公司简介

易汉博基因科技（北京）有限公司由中国科学院及武汉大学等高校的优秀博士、硕士毕业生创建，致力于利用最前沿与最精确的生物信息分析技术，帮助客户解析基础研究和临床应用相关的高通量数据的专业数据服务公司。

易汉博以深度挖掘、精准解析高通量测序数据为基础，以服务科研创新和临床诊治为使命，致力于为各领域专家、学者以及社会大众提供全球领先的科研服务和精准医学产品。

科研服务业务为全球的医院、科研院所、大学、医药企业等提供高通量数据的解析与挖掘服务。

医学健康服务通过绘制个体遗传信息图谱，推测相应的表型和病症，确定个体健康状况，为疾病的预测、预防以及精准医疗等健康事业提供高质量的服务及产品。

易汉博技术团队在生物信息领域具有很高的造诣，团队成员以科学问题为导向，依托精湛的生物信息分析技术和丰富的实验生物学设计经验，在攻读学位期间即获得了多个创新性研究成果，并发表于 *Nature*, *PNAS*, *JBC*, *NAR* 及 *Bioinformatics* 等杂志，其中 m^6A 相关研究更以封面文章的形式发表在干细胞研究领域的顶级杂志 *Cell Stem Cell* 上。团队成员曾荣获“北京市优秀毕业生”，“中国科学院大学优秀毕业生”，“中国科学院院长奖学金”，“国家奖学金”等荣誉。

易汉博根据不同客户项目的科学问题，开展个性化的生物信息分析，为您提供专业的生物信息分析服务和深入的数据解读。

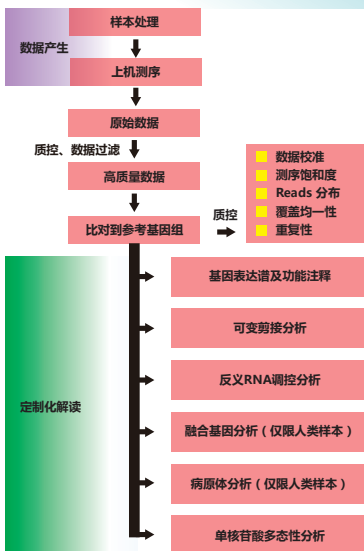


转录组测序数据分析

产品概述

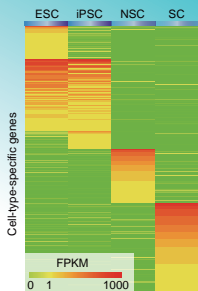
转录组测序利用高通量测序手段，全面快速地获得特定细胞类型或组织在特定状态下的几乎所有转录本信息。常用于筛选不同发育阶段的关键调控基因、不同的处理条件和特定基因的改变对样品整体转录水平以及转录本剪接形式的影响，从而鉴定关键的效应基因、性状控制基因、疾病的 marker 和相关调控通路，被广泛的应用于基础科研以及临床应用相关研究中。

分析流程

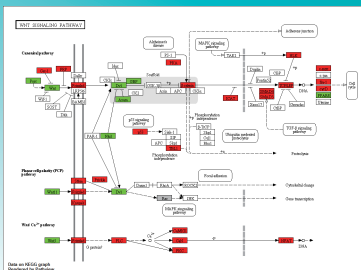


转录组测序数据分析

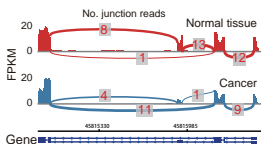
经典案例



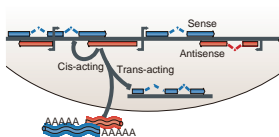
基因表达谱分析



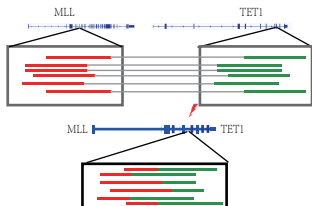
基因功能分析 (以KEGG通路为例)



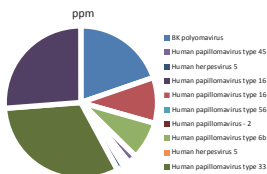
可变剪接分析



反义转录本分析



基因融合分析



病原体分析

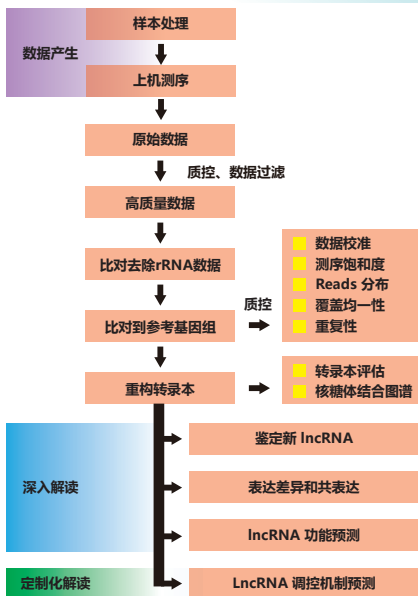


lncRNA 发现与分析

产品概述

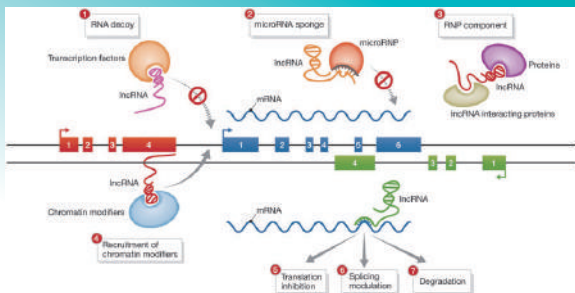
长链非编码 RNA (Long non-coding RNA, lncRNA) 一般指长度大于 200 个核苷酸的非编码 RNA。其在表观遗传调控、个体发育调控和疾病发生等众多生命活动中发挥重要作用,成为遗传学研究的新热点。对新的 lncRNA 的准确鉴定、功能分析和调控机制的预测有利于阐释基本发育过程中 lncRNA 的调控作用以及 lncRNA 在疾病发生过程中的驱动作用,有助于以 lncRNA 作为治疗靶点的疾病新疗法的提出。

分析流程

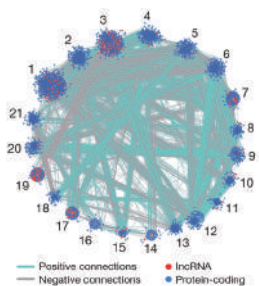


lncRNA 发现与分析

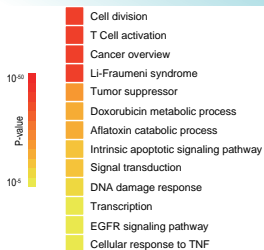
经典案例



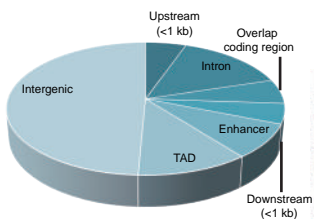
lncRNA 调控机制 Hu et al. EMBO reports (2012)



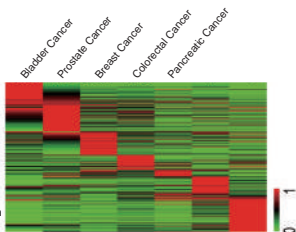
lncRNA-基因共表达分析



lncRNA 功能预测



lncRNA 来源分布



lncRNA 表达图谱

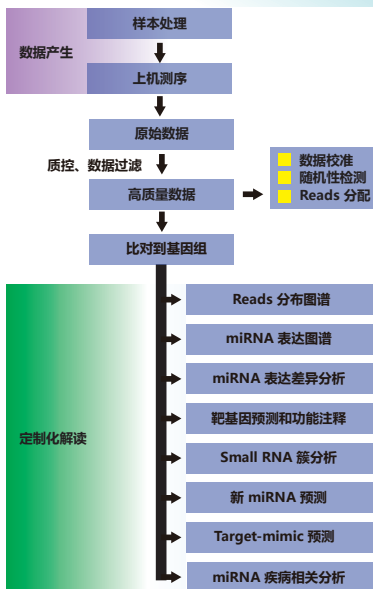


Small RNA-seq 测序数据分析

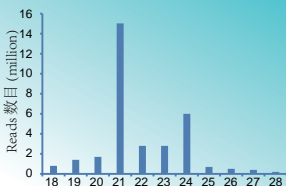
产品概述

Small RNA 测序可以获得物种全部转录的 sRNA 图谱，鉴定新 sRNA 分子和定量 sRNA 的表达。通过对不同样品 sRNA 的差异表达分析和靶基因预测实现疾病相关标记性和治疗性 sRNA 的筛选。

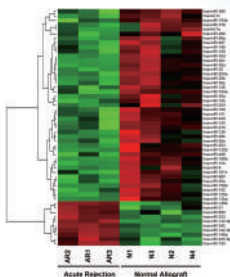
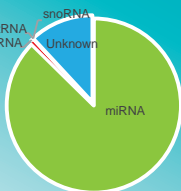
分析流程



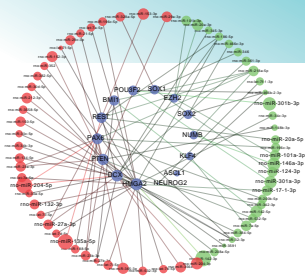
经典案例



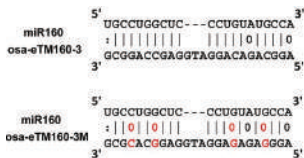
测序 reads 来源分布



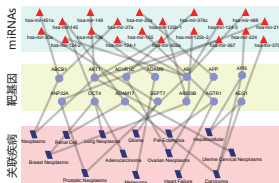
miRNA 表达谱分析



miRNA 靶基因互作网络



Target-mimic 预测



miRNA 与疾病关联分析

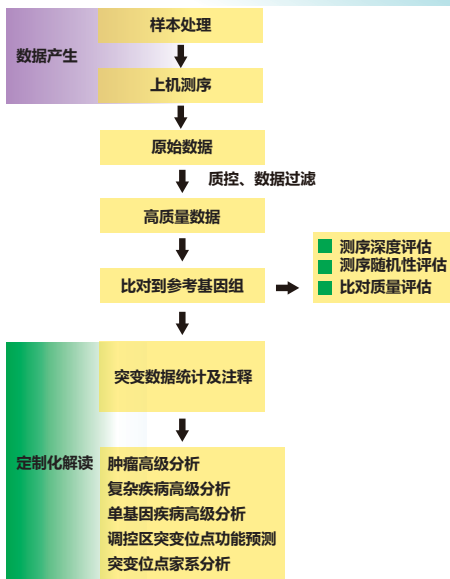


个体基因组测序数据分析

产品概述

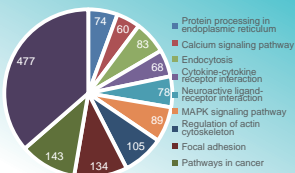
个体基因组测序包括全基因组测序和外显子组测序，常用于鉴定个体的基因型和突变类型，发现疾病发生、发展相关的基因，以实现健康体检、疾病预防、疾病诊断、病因检测和精准治疗等。

分析流程

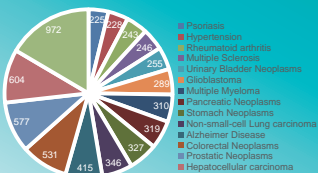


个体基因组测序数据分析

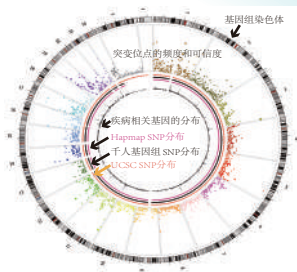
经典案例



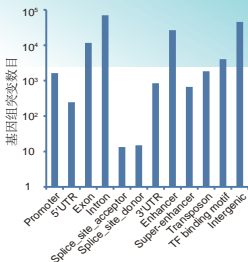
基因组突变影响的基因的功能注释



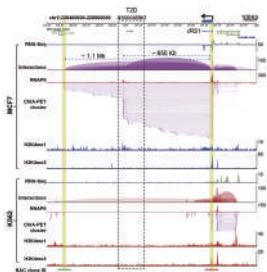
基因组突变关联的疾病分析



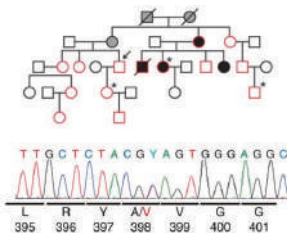
基因组突变与已知突变位点的关联分析



基因组突变在调控标记区的分布



调控区突变位点的功能预测



突变位点家系分析

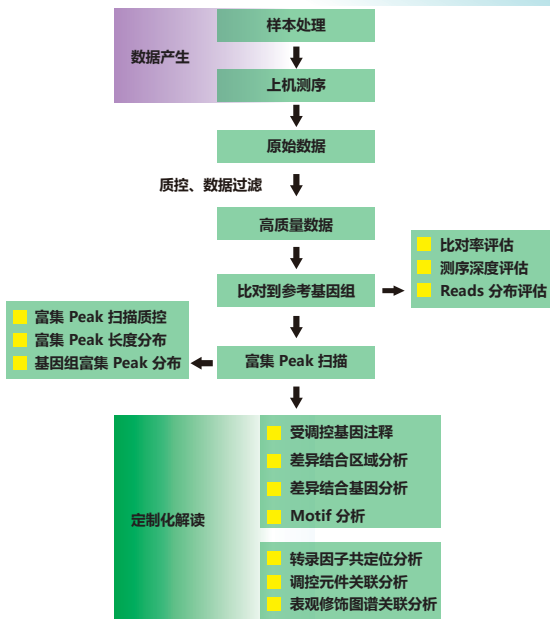


ChIP-seq 测序数据分析

产品概述

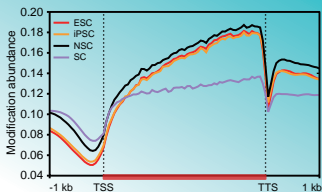
ChIP-seq 测序可以获得转录因子或表观修饰在特定状态的细胞或组织中的分布模式和调控作用。常用于研究转录因子或表观修饰在不同发育阶段的调控模式，以阐释调控机制及筛选癌症的生物标记物等。

分析流程

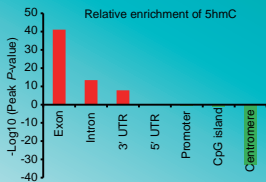


ChIP-seq 测序数据分析

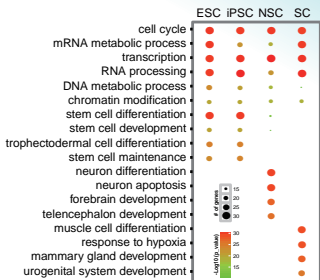
经典案例



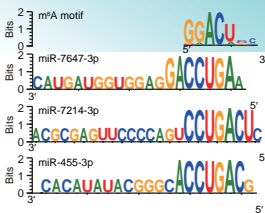
基因区修饰/结合图谱分析



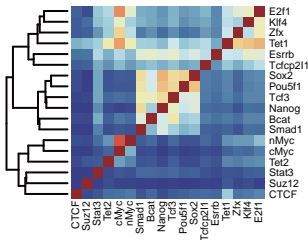
基因组范围修饰/结合区域富集分析



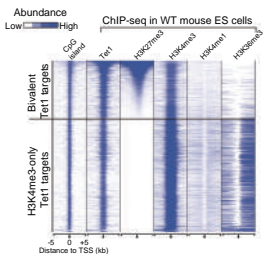
目标基因功能富集分析



Motif 预测和分析



转录因子共定位分析



表观修饰图谱关联分析
(Wu et al. Nature 2011)

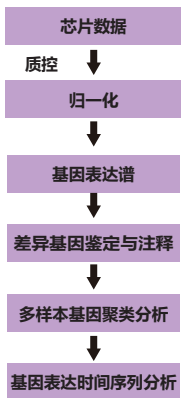


芯片数据分析

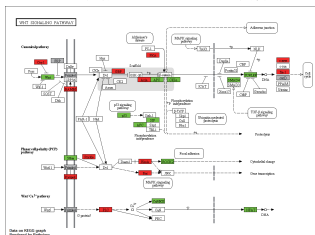
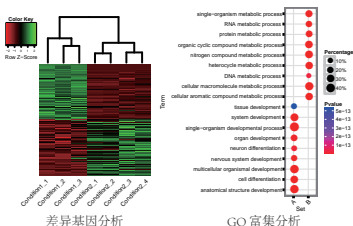
产品概述

基因表达芯片数据可以迅速获得细胞或组织在特定状态下转录本的种类和丰度。常用于筛选组织不同发育阶段的关键调控基因，研究不同的处理条件和特定基因的改变对样品整体转录水平的影响，从而鉴定关键的效应基因、性状控制基因、疾病的 marker 和相关调控通路等。

分析流程



经典案例





单基因功能注释

产品概述

生物信息学的发展为我们研究生物调控通路和特定基因的作用提供了很大的帮助。高通量测序分析可快速筛选一系列可能调控特定生物学过程或生物功能的基因。为了进一步研究这些基因的调控方式和发挥作用的机制，我们以这些基因为中心，整合现有的数据资源对其进行深入解读，方便客户有的放矢地设计实验，提高项目产出效率。

报告内容

➤ 基因基本信息：

1. 序列信息
2. 功能注释
3. 基因编码的蛋白质功能注释
4. 基因在多个组织和细胞系中表达概况

➤ 调节目标基因表达的 miRNA 预测

➤ 调节目标基因的转录因子分析

➤ 调节目标基因的表达修饰分析

➤ 调节目标基因的反义 RNA 预测

➤ 调节目标基因的生物网络分析



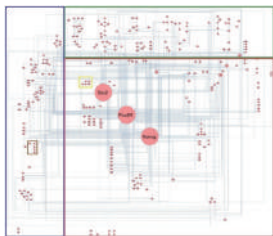
生物网络分析

产品概述

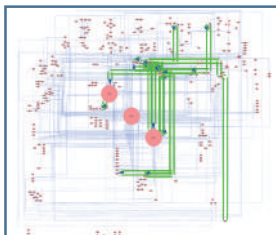
随着生物学研究的深入，人们越来越认识到生物体所表现出的性状、功能等特征是由细胞内部无数的组分之间复杂的相互作用关系决定的。目前的研究大多仅关注在特定生物学状态下序列、表观修饰或表达水平等发生变化的单个或数个基因，而忽略它们在系统水平引发的调控网络的变化。我们利用文献挖掘获取的生物网络及由高通量数据或预测算法获得的分子网络，与转录组数据相结合，分析不同生物状态之间分子调控网络的差异，为实验生物学家提供更高维度的信息和更为准确的研究方向。

经典案例

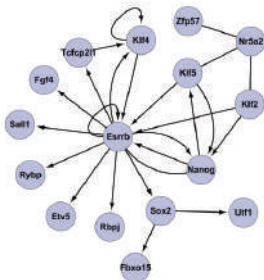
人与小鼠胚胎干细胞多能性网络差异分析



PluriNetwork



结合转录组数据分析人与小鼠之间差异调控关系

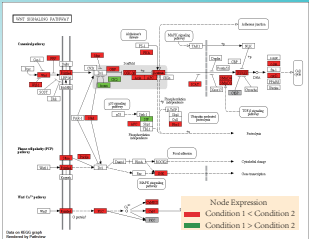


人与小鼠胚胎干细胞之间多能性调控差异子网

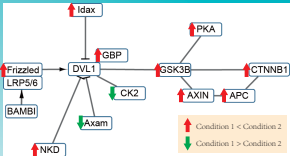


人类 Reset hESCs 成功上调了部分节点的表达

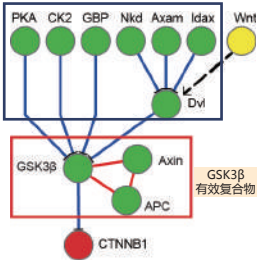
Wnt 信号通路在生物学过程中变化分析



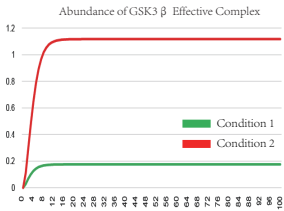
Wnt 信号通路节点表达水平变化分析



经典 Wnt 信号通路节点表达水平变化分析



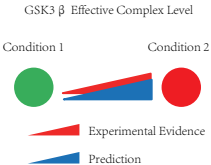
计算模型构建



GSK3 β 有效复合物丰度比较



实验手段检测 GSK3 β 有效复合体丰度水平



实验数据与预测结果相吻合