

# 生物信息学

集成化计算机建模用于以加速药物发现

使用最合适的计算机框架分析数据，在最具临床相关性的模型中进行药理学研究，这二者同样重要。通过生物标志物的发现与验证、研究设计和分析、模型选择以及联合作用评价，增加候选药物的重要临床价值。

### 生物标志物的发现与验证

使用我们的专属框架将基因组和蛋白质组数据与效应相关联，从而识别、限定和验证治疗响应的生物标志物：

- 使用我们容易使用的自动生物标志物发现工具，简化体外药理学原始数据中的生物标志物发现
- 通过分析高通量细胞系筛选（OmniScreen™）发现潜在的预测性生物标志物
- 通过分析小鼠临床试验（MCT）数据，超越简单的疗效指标和基于终点的分析，改进患者分层
- 通过重新解释临床试验结果，补救以前未成功的药物

### 联合作用分析

对两药合用进行统计学评估，以确定协同、拮抗和累加作用：

- 易于可视化和理解您的化合物在体外或离体与CrownSyn™的联合作用

### 先进的研究设计、分析和模型选择

在简单地观察靶基因表达或t检验/ANOVA之外，改进研究设计并提高分析水平，为您的细胞系、体内或类器官研究选择最合适的肿瘤模型：

- 通过对历史数据和高级统计学数据的实证分析，更好地为药物开发提供信息
- 通过量化所有典型通路的活性，并将通路活性与靶基因和蛋白表达相关联，提高数据准确度
- 通过将靶基因表达与患者的临床信息和公共数据库相关联，提高数据可信度
- 通过我们发布的统计框架优化 MCT 研究设计

### 其他可提供的服务

- 基因组分析和 NGS 数据分析
- NGS 数据安全传输
- 软件授权

### 生物信息学能力



## 联系



销售

太仓 0512-53879999

busdevcn@crownbio.com  
www.crownbio.cn



科学

consultation@crownbio.com

