

ONCOLOGIA



**"TEMPUS**

**Distribuição Exclusivo Brasil**

## Um parceiro. Insights Inteligentes.

Oferecemos um portfólio abrangente de testes somáticos e de linha germinativa e soluções com base em dados para ajudar a informar o atendimento ao paciente e avançar nas decisões oncológicas de precisão.

### SEQUENCIAMENTO DE DNA + SEQUENCIAMENTO DE TRANSCRIPTOMA COMPLETO DE RNA

29%

mais pacientes foram identificados com uma fusão única clinicamente acionável combinada com uma terapia direcionada, apenas em comparação com o sequenciamento de DNA.<sup>1</sup>

### SEQUENCIAMENTO DE DNA COM CORRESPONDÊNCIA NORMAL/TUMORAL SÓLIDA

28%

de redução nas chamadas somáticas falso-positivas, melhorando a precisão em comparação com a análise apenas do tumor.<sup>2</sup>

### DESCOBERTAS INCIDENTAIS DE LINHA GERMINATIVA

7%

dos pacientes foram diagnosticados como abrigando variantes da linha germinativa patogênicas ou provavelmente patogênicas em vários tipos de câncer e são indicados para testes confirmatórios da linha germinativa, de acordo com as diretrizes de avaliação de alto risco.<sup>3,4</sup>

### TESTE DE BIÓPSIA DE TUMOR SÓLIDO E LÍQUIDO

Em uma análise pan-câncer

9%

dos pacientes com resultados acionáveis tiveram variantes acionáveis únicas encontradas na biópsia líquida que não foram detectadas apenas no tumor sólido.<sup>5</sup>

### INTEGRAÇÃO DE DADOS CLÍNICOS

96%

dos pacientes correspondentes a um ensaio clínico quando os dados clínicos foram combinados com Tempus NGS.<sup>2</sup>

### OPÇÃO DE CONVERSÃO AUTOMÁTICA

No caso de tecido tumoral insuficiente, converta para testes de biópsia líquida para obter resultados genômicos rápidos.

### TESTES ALGORÍTMICOS

Fornecemos informações avançadas sobre o paciente sem a necessidade de tecido adicional.

**A Tempus é líder do setor no apoio a sistemas de saúde com a integração de resultados estruturados de variantes somáticas em seu EMR - e foi a primeira a fornecer esse recurso no Módulo Genômico da Epic.**

<sup>1</sup> Com base num estudo retrospectivo envolvendo uma coorte de pacientes selecionados aleatoriamente com tipos de tumores, incluindo glioma de baixo grau, sarcoma, glioblastoma, câncer da bexiga, CPNPC e do trato biliar. Michuda J, Park BH, Cummings AL, et al. Use of clinical RNA-sequencing in the detection of actionable fusions compared to DNA-sequencing alone. JCO. 2022;40(16\_suppl):3077.

<sup>2</sup> Com base num estudo retrospectivo envolvendo uma coorte de pacientes selecionados aleatoriamente com tipos de tumores, incluindo câncer cerebral, de mama, colorretal, do pulmão, dos ovários, do endométrio, do pâncreas e da próstata. Beaubier N, Bontrager M, Huether R, et al. Integrated genomic profiling expands clinical options for patients with cancer. Nat Biotechnol. 2019;37(11):1351-1360.

<sup>3</sup> Com base num estudo retrospectivo envolvendo uma coorte de pacientes selecionados aleatoriamente tratados em práticas oncológicas geograficamente diversas nos EUA com tipos de tumores incluindo bexiga, cérebro, pulmão, colangiocarcinoma, cabeça e pescoço, mama, ovário, pâncreas, próstata, endométrio e colorretal. Yap TA, Ashok A, Stoll J, et al. Prevalence of germline findings among tumors from cancer types lacking hereditary testing guidelines. JAMA Network Open. 2022;5(5).

<sup>4</sup> NCCN Clinical Practice Guidelines in Oncology (NCCN Guidelines®) for Genetic / Familial High- Risk Assessment: Breast, Ovarian, and Pancreatic V.2.2022 © National Comprehensive Cancer Network, Inc. 2022. Baseado em um estudo retrospectivo envolvendo uma coorte de pacientes selecionados aleatoriamente com câncer de mama, CCR, CPNPC e câncer de próstata. Mackay M, Mitsiades N, Chae YK, et al.

<sup>5</sup> Dual tissue and plasma testing to improve detection of actionable variants in patients with solid cancers. JCO. 2022;40(16\_suppl):3017. Todas as análises foram limitadas a variantes que atendiam aos critérios de limite de detecção para xT e xF (104 genes). A capacidade de ação foi definida como variantes correspondentes à indicação com evidência OncoKB Nível 1, 2 ou R1.

## Portfólio de testes oferecido em uma plataforma fácil de usar.

<b>xT</b>	<b>Correspondência Tumor Painel de 648 genes por sequenciamento de DNA</b>	Sólido + Normal6 ou Descobertas incidentais da linha germinativa (com correspondência tumoral/normal) Malignidades hematológicas Só pode ser pedido em combinação com seq. xR RNA	Métricas de imunoterapia: Status de instabilidade de microssatélites (MSI); Carga Mutacional Tumoral (TMB)
<b>xR</b>	<b>RNA</b>	Tumor Sólido ou Malignidades Hematológicas	Seq. de RNA do transcriptoma completo com detecção de fusão validada Splicing alterado para MET Exon 14 e EGFRvIII Pode ser pedido de forma independente ou em combinação com seq. xT DNA
<b>xF</b>	<b>Biópsia Líquida</b>	Sangue (cfDNA)	Painel de 105 genes por sequenciamento de DNA Métricas de imunoterapia: Status MSI-High
<b>xF</b>	<b>Biópsia Líquida</b>	Sangue (cfDNA)	Painel de 523 genes por sequenciamento de DNA Métricas de imunoterapia: Status MSI-High, bTMB
<b>xE</b>	<b>Exoma completo</b>	Correspondência Tumor Sólido + Normal6	Painel completo de exoma 19.000+ genes por sequenciamento de DNA Descobertas incidentais da linha germinativa (com correspondência tumoral/normal) Pode ser pedido de forma independente ou em combinação com sequenciamento xR RNA Métricas de imunoterapia: Carga Mutacional Tumoral (TMB)

## Testes Algorítmicos Disponível como testes complementares para **Correspondência xT Tumor Sólido/Normal de seq. DNA e seq. xR**, sem a necessidade de tecido adicional

<b>HRD</b>	<b>Teste de HRD (deficiência de recombinação homóloga) orientado por IA</b>	Sequenciamento de DNA: Perda do limiar de heterozigosidade em todo o genoma7: Ovário > 17%; Mama > 21% OU Evidência de perda bialélica de BRCA1 ou BRCA27 Sequenciamento de RNA: Pontuação HRD > 50 (todos os outros tipos de câncer)1
<b>TO</b>	<b>Teste TO (Origem do Tumor) orientado por IA1</b>	Dados de Expressão de RNA: Previsão de probabilidade do(s) tipo(s) de câncer mais provável(s) do paciente a partir de 68 diagnósticos possíveis
<b>DPYD</b>	<b>Teste DPYD7</b>	Identifica pacientes com risco elevado de toxicidade ao 5-FU e/ou capecitabina Detecta alterações em 5 loci principais no gene DPYD.
<b>UGT1A1</b>	<b>Teste UGT1A17</b>	Identifica pacientes com risco elevado de toxicidade ao irinotecano, sacituzumabe govitecana e/ou belinostatate Detecta 5 variantes de 3 locais no gene UGT1A1.

## Opções de imuno-histoquímica (IHC)—disponível com qualquer teste xT ou xR .

**Clones PD-L1** 22C3, SP142, 28-8, SP263

MLH1, MSH2, MSH6, PMS2

**MMR**  
Sangue (saliva opcional) <sup>7</sup> Correspondência de tumor sólido xT + normal de sequenciamento de DNA necessária <sup>8</sup> Sequenciamento de xR RNA necessário

6

Se você tiver alguma dúvida sobre nosso portfólio abrangente, entre em contato com seu representante Tempus ou envie um e-mail para [support@tem.pus.com](mailto:support@tem.pus.com)