

Visão Clínica



**'TEMPUS**

**Distribuição Exclusivo Brasil**

**TEMPUS**



# Visão Geral Clínica

---

Revolucionando a forma como os dados são usados para personalizar e otimizar as opções de tratamento.

# Índice

---

<b>SOBRE TEMPUS</b>	<b>Pág. 3</b>
<b>SEQUENCIAMENTO GENÔMICO</b>	<b>Pág. 5</b>
<b>ESTRUTURAÇÃO DE DADOS CLÍNICOS</b>	<b>Pág. 10</b>
<b>A PLATAFORMA TEMPUS</b>	<b>Pág. 12</b>

Já estava na hora.

---

**É hora de revolucionar a forma como os dados são usados para personalizar e otimizar as opções de tratamento.**

**Na Tempus, nosso foco é ajudar os médicos a analisar e avaliar possíveis opções terapêuticas ao considerar o próximo passo para seus pacientes.**

Combinamos as informações clínicas de um paciente com os dados moleculares que geramos a partir do nosso teste de sequenciamento de última geração para que tenhamos uma compreensão holística de cada paciente. Desta forma, podemos comparar resultados de pacientes semelhantes para descobrir padrões e insights, levando a opções de tratamento mais personalizadas para cada paciente.

**SEQUENCIAMENTO GENÔMICO  
ABRANGENTE**

Nossos testes analisam dados de DNA, tanto tumorais quanto normais, e de RNA para compreender o tumor de um paciente em nível molecular, para que possamos identificar opções de tratamento personalizadas para cada paciente.

**ORGANIZAÇÃO DE DADOS CLÍNICOS**

Absorvemos e organizamos notas clínicas, relatórios laboratoriais, imagens patológicas e exames radiológicos para capturar dados relevantes que forneçam contexto clínico para cada paciente. t

**INSIGHTS ACIONÁVEIS**

Nossos insights derivam de evidências do mundo real para capacitar os médicos com os dados necessários para melhorar o atendimento ao paciente.

SEQUENCIAMENTO GENÔMICO

# Diz respeito a dados moleculares.

---

O sequenciamento genômico nos permite compreender o tumor de cada paciente em nível molecular para que possamos obter insights acionáveis e otimizar opções de tratamento específicas para cada paciente.

# Recursos de Sequenciamento

## Sequenciamento de DNA com correspondência tumoral/normal

Sequenciamos o DNA tumoral e normal para distinguir entre variantes somáticas e germinativas. Ao subtrair o ruído da linha germinativa das chamadas de mutação do tumor somático, podemos relatar com mais precisão as alterações genéticas especificamente associadas ao câncer de um paciente, fornecendo, portanto, uma carga mutacional tumoral (TMB - tumor mutational burden) mais precisa e melhorando a correspondência terapêutica.

## Sequenciamento de RNA de transcriptoma completo

Realizamos sequenciamento de RNA de transcriptoma completo de alta qualidade em todas as amostras com ácido nucleico suficiente para fornecer informações moleculares que complementam o sequenciamento de DNA, incluindo detecção de fusão imparcial com validação clínica. A adição de dados de RNA pode ajudar a minimizar situações de falso-positivos, confirmando o impacto biológico descendente das alterações no DNA, inferindo a expressão proteica que não pode ser medida diretamente por imuno-histoquímica (IHQ) ou outros métodos, e ajudando a classificar tumores de origem desconhecida.

## Plataforma de Imunoterapia

Resumimos as principais descobertas genômicas clínicas para o status de instabilidade de microssatélites e carga mutacional tumoral, bem como detecção de imuno-histoquímica complementar (IHC) de proteínas de reparo de incompatibilidade de DNA e PD-L1. Os insights de pesquisa relatados incluem risco de resistência, expressão alvo de imunoterapia (por exemplo, PD-L1, CTLA-4), previsão de neoantígenos, tipagem HLA e infiltração imunológica.

### ▪ Carga Mutacional Tumoral (TMB):

Uma medição da carga mutacional relatada como o número total de mutações não sinônimas por megabase de DNA codificante. A TMB pode sugerir uma possível resposta à imunoterapia.

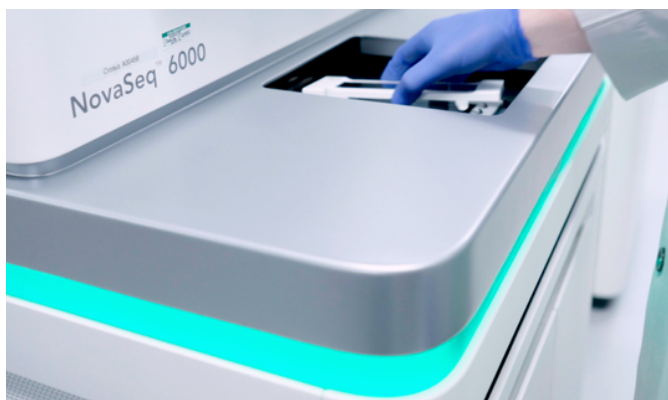
### ▪ Instabilidade de Microssatélites (MSI):

Uma forma de instabilidade genômica que resulta de defeitos no reparo de incompatibilidades de DNA. O status de MSI é um biomarcador clinicamente validado para resposta à imunoterapia.

## Apoio Contínuo à Decisão Clínica

Acreditamos que a medicina de precisão envolve a compreensão da jornada clínica e molecular dos pacientes ao longo do tempo. Quando os médicos solicitam o ensaio xT, eles podem obter um segundo resultado xT sem custo adicional dentro de 18 meses após o resultado inicial. Acreditamos que uma avaliação clínico-genômica longitudinal ajudará os médicos a elaborar uma abordagem de tratamento abrangente para o benefício do paciente em longo prazo.

## Nosso Laboratório de Sequenciamento de Última Geração



Nosso laboratório altamente robótico, credenciado pelo CAP e certificado pela CLIA, é otimizado para sequenciamento clínico de última geração de alto rendimento. O sequenciamento é concluído cerca de duas semanas após o recebimento das amostras tumorais e normais do paciente.



## Painéis de Sequenciamento Proprietários

### xT Painel Direcionado

Painel de sequenciamento de DNA direcionado a 648 genes, enriquecido para genes clinicamente relevantes e genes de importância clínica emergente. O painel xT DNA é emparelhado com o sequenciamento de RNA do transcriptoma completo.

- Cobertura de DNA tumoral: 500x
- Cobertura de DNA normal: 150x
- Leituras de RNA: 50 milhões

### xF Biópsia Líquida

Painel de sequenciamento de DNA direcionado a 105 genes projetado para detectar alvos oncológicos acionáveis no plasma.

- Cobertura de DNA: 20.000x (leituras brutas)/5.000x (leituras únicas)

### xE Exoma completo

Todos os exomas codificantes são sequenciados para fornecer a mais ampla cobertura genômica para análise.

- Cobertura de DNA tumoral: 250x clínico, 150x pesquisa
- Cobertura de DNA normal: 150x clínico, 75x pesquisa
- Leituras de RNA: 50 milhões



# XT Painel Direcionado

O painel de sequenciamento direcionado ao xT é composto por 648 genes relevantes para o diagnóstico, prognóstico e manejo terapêutico de tumores sólidos e malignidades hematológicas. Ele detecta quatro classes principais de alterações genômicas em amostras de tumores e linhas germinativas:

- Variantes ou polimorfismos de nucleotídeo único (SNVs/SNPs)
- Indels (inserções/exclusões)
- Fusões (rearranjos genéticos)
- Variações de número de cópias (CNVs)

ABCB1	BMPR1A**	CIITA	ERBB2 (HER2)	FHIT	HL A-DPA1	KDM5C	MPL	PCBP1	RAC1	SMARCA1	TNFR SF9
ABCC3	BRAF	CKS1B	ERBB3	FLCN**	HL A-DPB1	KDM5D	MRE11	PDCD1	RAD21	SMARCA4	TOP1
ABL1	BRCA1**	CREBBP	ERBB4	FLT1	HL A-DPB2	KDM6A	MS4A1	PDCD1LG2	RAD50	SMARCB1	TOP2A
ABL2	BRCA2**	CRKL	ERCC1	FLT3	HL A-DQA1	KDR	MSH2**	PDGFRA	RAD51	SMARCE1	TP 53**
ABRAXAS1	BRD4	CRLF2	ERCC2	FLT4	HL A-DQA2	KEAP1	MSH3**	PDGFRB	RAD51B	SMC1A	TP63
ACTA2	BRIP1**	CSF1R	ERCC3	FNTB	HL A-DQB1	KEL	MSH6**	PDK1	RAD51C**	SMC3	TPM1
ACVR1 (ALK2)	BTG1	CSF3R	ERCC4	FOXA1	HL A-DQB2	KIF1B	MTAP	PHF6	RAD51D**	SMO	TPMT
ACVR1B	BTK	CTC1	ERCC5	FOXL2	HL A-DRA	KIT	MTHFD2	PHGDH	RAD54L	SOC51	TRAF3
AGO1	BUB1B	CTCF	ERCC6	FOXO1	HL A-DRB1	KLF4	MTHFR	PHLPP1	RAF1	SOD2	TRAF7
AJUBA	C11orf65	CTLA4	ERG	FOXO3	HL A-DRB5	KLHL6	MTOR	PHLPP2	RANBP2	SOX10	TSC1**
AKT1	C3orf70	CTNNA1	ERRFI1	FOXP1	HL A-DRB6	KLLN	MTRR	PHOX2B	RARA	SOX2	TSC2**
AKT2	C8orf34	CTNNB1	ESR1	FOXQ1	HL A-E	KMT2A	MUT YH**	PIAS4	RASA1	SOX9	TSHR
AKT3	CALR	CTRC	ETS1	FRS2	HL A-F	KMT2B	MYB	PIK3C2B	RB1**	SPEN	TUSC3
ALK	CARD11	CUL1	ETS2	FUBP1	HL A-G	KMT2C	MYC	PIK3CA	RBM10	SPINK1	TYMS
AMER1	CARM1	CUL3	ETV1	FUS	HNF1A	KMT2D	MYCL	PIK3CB	RECQL4	SPOP	U2AF1
APC**	CASP8	C UL4A	ETV4	G6PD	HNF1B	KRAS	MYCN	PIK3CD	RET**	SPRED1	UBE2T
APLN	CASR	C UL4B	ETV5	GABRA6	HOXA11	L2HGDH	MYD88	PIK3CG	RHEB	SRC	UGT1A1
APOB	CBFB	CUX1	ETV6**	GALNT12	HOBX13	LAG3	MYH11	PIK3R1	RHOA	SRSF2	UGT1A9
AR	CBL	C XC R4	EWSR1	GATA1	HRAS	L ATS1	NBN**	PIK3R2	RICTOR	STAG2	UMP5
ARAF	CBLB	CYLD	EZH2	GATA2**	HSD11B2	LCK	NCOR1	PIM1	RINT1	STAT3	VEGFA
ARHGAP26	CBLC	C YP1B1	FAM46C	GATA3	HSD3B1	LDLR	NCOR2	PLCG1	RIT1	STAT4	VEGFB
ARHGAP35	CBR3	C YP2D6	FANCA	GATA4	HSD3B2	LEF1	NF1	PLCG2	RNF139	STAT5A	VHL**
ARID1A	CCDC6	C YP3A5	FANCB	GATA6	HSP90AA1	LMNA	NF2**	PML	RNF43	STAT5B	WNT2
ARID1B	CCND1	CYSLTR2	FANCC	GEN1	HSPH1	LMO1	NFE2L2	PMS1	ROS1	STAT6	WEE1
ARID2	CCND2	DAXX	FANCD2	GLI1	IDH1	LRP1B	NFKBIA	PMS2**	RPL5	STK11**	WNK1
ARID5B	CCND3	DDB2	FANCE	GLI2	IDH2	LYN	NHP2	POLD1**	RPS15	SUFU	WNK2
ASNS	CCNE1	DDR2	FANCF	GNA11	IDO1	LZTR1	NKX2-1	POLE**	RPS6KB1	SUZ12	WRN
ASPSR1	CD19	DDX3X	FANCG	GNA13	IFIT1	MAD2L2	NOPI1	POLH	RPTOR	SYK	WT1**
ASXL1	CD22	DICER1	FANCI	GNAQ	IFIT2	MAF	NOTCH1	POLQ	RFM1	SYNE1	XPA
ATIC	CD274 (PD-L1)	DIRC2	FANCL	GNAS	IFIT3	MAFB	NOTCH2	POT1	RSF1	TAF1	XPC
ATM**	CD40	DIS3	FANCM	GPC3	IFNAR1	MAGI2	NOTCH3	POU2F2	RUNX1 **	TANC1	XPO1
ATP7B	CD70	DJS3L2	FAS	GPS2	IFNAR2	MALT1	NOTCH4	PPARA	RUNX1T1	TAP1	XRCC1
ATR	CD79A	DKC1	FAT1	GREM1	IFNGR1	MAP2K1	NPM1	PPARD	XRRA	TAP2	XRCC2
ATRX	CD79B	DNM2	FBXO11	GRIN2A	IFNGR2	MAP2K2	NQO1	PPARG	SCG5	TARBP2	XRCC3
AURKA	CDC73	DNMT3A	FBXW7	GRM3	IFNL3	MAP2K4	NRAS	PPM1D	SDHA	TBC1D12	YEATS4
AURKB	CDH1**	DOT1L	FCGR2A	GSTP1	IKBKE	MAP3K1	NRG1	PPP1R15A	SDHAF2**	TBL1XR1	ZFHX3
AXIN1	CDK12	DPYD	FCGR3A	H19	IKZF1	MAP3K7	NSD1	PPP2R1A	SDHB **	TBX3	ZMYM3
AXIN2**	CDK4	DYNC2H1	FDPS	H3F3A	IL10RA	MAPK1	NSD2	PPP2R2A	SDHC**	TCF3	ZNF217
AXL	CDK6	EBF1	FGF1	HAS3	IL15	MAX	NT5C2	PPP6C	SDHD**	TCF7L2	ZNF471
B2M	CDK8	ECT2L	FGF10	HAVCR2	IL2RA	MC1R	NTHL1	PRCC	SEC23B	TCL1A	ZNF620
BAP1	CDKN1A	EGF	FGF14	HDAC1	IL6R	MCL1	NTRK1	PRDM1	SEMA3C	TERT*	ZNF750
BARD1	CDKN1B	EGFR**	FGF2	HDAC2	IL7R	MDM2	NTRK2	PREX2	SETBP1	TET2	ZNRF3
BCL10	CDKN1C	EGLN1	FGF23	HDAC4	ING1	MDM4	NTRK3	PRKAR1A	SETD2	TFE3	ZRSR2
BCL11B	CDKN2A **	EIF1AX	FGF3	HGF	INPP4B	MED12	NUDT15	PRKDC	SF3B1	TFEB	
BCL2	CDKN2B	ELF3	FGF4	HIF1A	IRF1	MEF2B	NUP98	PRKN	SGK1	TFEC	
BCL2L1	CDKN2C	ELOC (TCEB1)	FGF5	HIST1H1E	IRF2	MEN1**	OLIG2	PRSS1	SH2B3	TGFBR1	
BCL2L11	CEBPA**	EMSY	FGF6	HIST1H3B	IRF4	MET	P2RY8	PTCH1	SHH	TGFBR2	
BCL6	C EP 57	ENG	FGF7	HIST1H4E	IRS2	MGMT	PAK1	PTCH2	SLC26A3	TIGIT	
BCL7A	CFTR	EP300	FGF8	HL A-A	ITPKB	MIB1	PALB2**	PTEN**	SLC47A2	TMEM127	
BCL AF1	CHD2	EPCAM**	FGF9	HL A-B	JAK1	MITF	PALLD	PTPN11	SLC9A3R1	TMEM173	
BCOR	CHD4	EPHA2	FGFR1	HL A-C	JAK2	MKI67	PAX3	PTPN13	SLIT2	TMPR SS2	
BCORL1	CHD7	EPHA7	FGFR2	HL A-DMA	JAK3	MLH1**	PAX5	PTPN22	SLX4	TNF	
BCR	CHEK1	EPHB1	FGFR3	HL A-DMB	JUN	MLH3	PAX7	PTPRD	SMAD2	TNFAIP3	
BIRC3	CHEK2**	EPHB2	FGFR4	HL A-DOA	KAT6A	MLL3	PAX8	PTPRT	SMAD3	TNFRSF14	
BLM	CIC	EPOR	FH**	HL A-DOB	KDM5A	MN1	PBRM1	QKI	SMAD4**	TNFRSF17	

### Rearranjos Genéticos por Sequenciamento de DNA\*\*

ABL	BCR	EGFR**	EWSR	FGFR3	MYC	NTRK1	NTRK3	PDGFRA	RARA	ROS	TMPR SS2
1	BRAF	ETV6**	1	MYB	NRG	NTRK2	PAX8	PML	RET	1	
ALK			FGFR2		1					TFE3	

\*Inclui região promotora

\*\*Genes nos quais são relatados achados incidentais de lin ha germinativa

Além de relatar variantes somáticas, quando uma amostra normal é fornecida, a Tempus informa descobertas incidentais de linha germinativa em um conjunto limitado de variantes dentro de genes selecionados com base nas recomendações do Colégio Americano de Genética Médica (ACMG - American College of Medical Genetics) e na literatura publicada sobre síndromes de câncer hereditárias.

Os pacientes sempre têm a opção de optar por não receber essas informações.

†Apenas exons e regiões intrônicas selecionadas. Lista detalhada fornecida mediante solicitação

# **xF** Painel de Biópsia Líquida

O painel xF é um painel de sequenciamento de DNA direcionado para biópsia líquida não invasiva que detecta mutações oncogênicas e de resistência em DNA livre de células do plasma sanguíneo. O painel é composto por 105 genes projetados para fornecer apoio à decisão clínica para tumores sólidos. SNVs (variantes de nucleotídeo único) e indels são detectados em todos os 105 genes.

## Painel Genético xF

AKT1	BRAF	CDK6	FGFR1	HRAS	MAP2K1	MYCN	PDGFRA	RET	TERT
AKT2	BRCA1	CDKN2A	FGFR2	IDH1	MAP2K2	NF1	PDGFRB	RHEB	TP53
ALK	BRCA2	CTNNB1	FGFR3	IDH2	MAPK1	NF2	PIK3CA	RHOA	TSC1
APC	BTK	DDR2	FGFR4	JAK1	MET	NFE2L2	PIK3R1	RIT1	TSC2
AR	CCND1	DPYD	FLT3	JAK2	MLH1	NOTCH1	PMS2	RNF43	UGT1A1
ARAF	CCND2	EGFR	FOXL2	JAK3	MPL	NPM1	PTCH1	ROS1	VHL
ARID1A	CCND3	ERBB2 (HER2)	GATA3	KDR	MSH2	NRAS	PTEN	SDHA	
ATM	CCNE1	ERRFI1	GNA11	KEAP1	MSH3	NTRK1	PTPN11	SMAD4	
ATR	CD274(PD-L1)	ESR1	GNAQ	KIT	MSH6	PALB2	RAD51C	SMO	
B2M	CDH1	EZH2	GNAS	KMT2A	MTOR	PBRM1	RAF1	SPOP	
BAP1	CDK4	FBXW7	HNF1A	KRAS	MYC	PDCD1LG2	RB1	STK11	

## Rearranjos Genéticos

ALK	BRAF	FGFR2	FGFR3	NTRK1	RET	ROS1
-----	------	-------	-------	-------	-----	------

## Ganhos no Número de Cópias

CCNE1	CD274(PD-L1)	EGFR	ERBB2 (HER2)	MET	MYC
-------	--------------	------	--------------	-----	-----

## Ganhos/Perdas no Número de Cópias

BRCA1	BRCA2
-------	-------

\* O status de MSI será relatado quando a amostra for determinada como MSI-High

† Estabelecido usando materiais de referência

‡ Para regiões de hot spot selecionadas

## ESTRUTURA DE DADOS CLÍNICOS

# Diz respeito a dados clínicos.

---

Ao reunir e organizar informações clínicas de cada paciente, podemos ajudar a fornecer o contexto clínico para o relatório molecular de cada paciente, para que possamos começar a compreender as implicações clínicas dos dados genômicos e fornecer relatórios mais informados que levem em consideração informações clínicas importantes ao fornecer opções de tratamento.

## Organização de Dados Clínicos Não Estruturados

Nossas ferramentas e tecnologias avançadas convertem informações contidas em notas oncológicas, relatórios de patologia e relatórios de radiologia em dados organizados que podem ser usados para pesquisa, análise, relatórios de métricas de qualidade e apoio a decisões clínicas.

Nossa equipe de abstratores treinados usa ferramentas de reconhecimento óptico de caracteres (OCR), processamento de linguagem natural (PNL) e automação para estruturar, limpar e padronizar dados para todos os pacientes. Quando aplicável, a Tempus estrutura os seguintes campos de dados dos registros clínicos num formato limpo:

- **Paciente**

Dados demográficos, comorbidades, histórico oncológico pessoal /familiar

- **Diagnóstico**

Tecido de origem, histologia, radiologia, estágio, grau, tamanho do tumor, metástase

- **Testes Genéticos e Laboratórios**

Alterações genômicas e transcriptômicas, status de desempenho, laboratórios clínicos, biomarcadores

- **Tratamento**

Procedimentos cirúrgicos, quimioterapias, radioterapias, imunoterapias e outros medicamentos

- **Resultados e Respostas**

Resultados terapêuticos, eventos adversos, sobrevida global, sobrevida livre de progressão, outros desfechos clínicos

CLINICAL HISTORY	
<b>DIAGNOSIS</b>	
Diagnosed on	08/20/2009
<b>RADIATION</b>	
Radiotherapy	Began unknown - Ended unknown
<b>PROCEDURES</b>	
Segmental mastectomy Sentinel lymph node excision	09/10/2009
Total abdominal hysterectomy Bilateral salpingo-oophorectomy (BSO)	08/2014
<b>THERAPIES</b>	
Letrozole	Began unknown - Ended 2018
Palbociclib	Began 08/01/2018 - Ended unknown
Paclitaxel	Began 2018 - Ended 2018 Began unknown - Ended unknown
Carboplatin	Began 06/15/2018 - Ended 06/26/2018
Bevacizumab	Began 2018 - Ended 2018 Began unknown - Ended unknown
Anastrozole	Began 10/02/2010 - Ended 10/31/2016
Tamoxifen	Began 05/01/2010 - Ended 10/01/2011
Cyclophosphamide	Began unknown - Ended unknown
Doxorubicin	Began unknown - Ended unknown

A PLATAFORMA TEMPUS

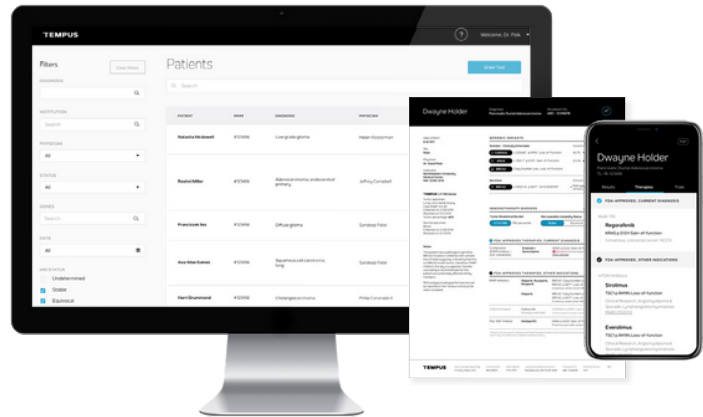
# Diz respeito a insights baseados em dados.

---

Nosso sistema operacional capacita os médicos com ferramentas clínicas e de pesquisa para tomar decisões em tempo real e tratar os pacientes de maneira mais eficaz.

## Apoio à Decisão Clínica

Os médicos terão acesso ao nosso portal clínico abrangente, que permite fácil gerenciamento de relatórios clínicos e acesso a ferramentas adicionais de análise de pesquisa para uma visão mais profunda dos relatórios clínicos.



## Relatório Clínico

Os médicos recebem um relatório abrangente para cada paciente, que destaca as principais descobertas, como variantes acionáveis, correspondências de tratamento, correspondências de ensaios clínicos, status de instabilidade de microssatélites (MSI) e carga mutacional tumoral (TMB), que podem ser imediatamente traduzidas para o atendimento ao paciente.

### 01 Relatório Clinicamente Consciente

Fornecemos a médicos, hospitais e pesquisadores insights acessíveis e práticos derivados de dados clínicos e moleculares que podem ser usados para pesquisa, análise, relatórios de métricas de qualidade e apoio a decisões clínicas.

### 02 Correspondência de Terapia com Orientação Molecular

As terapias baseadas em evidências são selecionadas e mantidas em nosso banco de dados de conhecimento. Os níveis de evidência terapêutica e prognóstica variam desde diretrizes clínicas aprovadas pela FDA ou consensuais até evidências pré-clínicas.

### 03 Correspondência Avançada de Ensaios Clínicos

Usamos o perfil molecular do paciente, as informações clínicas fornecidas pelo médico assistente e os critérios de inclusão/exclusão do ensaio para aumentar a correspondência dos ensaios clínicos e as chances de inscrição do paciente.

## Ensaio Clínicos

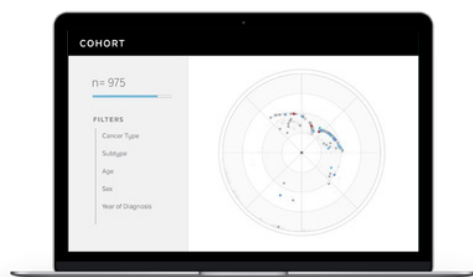
Relatamos correspondências de ensaios clínicos abertos que se enquadram nos perfis moleculares e fenotípicos de um paciente. Os ensaios correspondentes podem ser filtrados por fase e distância geográfica para encontrar a melhor opção para cada paciente. Os pacientes também podem se inscrever rapidamente em ensaios clínicos correspondentes em hospitais locais que participam do nosso programa TIME Trial.

## Plataforma de Imunoterapia

Indicamos se um paciente pode ser um bom candidato para imunoterapia usando dados genômicos, métricas de patologia ou radiologia e dados clínicos estruturados do paciente. A plataforma fornece status MSI, TMB, PD-L1 IHC e insights de pesquisa, como risco de resistência e níveis de expressão genética alvo de imunoterapia. Também oferecemos uma gama completa de métricas de perfil imunológico, incluindo análise de infiltração imunológica, tipagem HLA e previsão de neoantígenos.

## Ferramentas de Análise e Pesquisa

Nossas ferramentas analíticas permitem que médicos e pesquisadores acessem, analisem e interpretem nossa robusta biblioteca de dados clínicos e moleculares estruturados.



### Coorte de Pacientes

#### Descoberta e comparação de pacientes semelhantes

Nosso aplicativo de coorte de pacientes combina dados clínicos, moleculares, de tratamento e de resultados para obter insights para um paciente individual no contexto de outros pacientes semelhantes.



### LENS

#### Geração de hipóteses e análise de populações de pacientes

Nosso aplicativo LENS fornece acesso a dados robustos, permitindo que o usuário obtenha facilmente insights significativos sobre populações de pacientes, vias de tratamento e resultados. Com recursos de filtragem expansivos, as populações são segmentadas com base nas principais características fenotípicas, moleculares e de diagnóstico para análises mais profundas.

**Juntos, com os dados certos,**  
podemos acelerar a investigação sobre o  
câncer e trazer o poder dos dados e da  
inteligência artificial para os serviços  
médicos, com o potencial de ajudar milhões  
de pacientes a viver vidas mais longas e  
saudáveis.



**"TEMPUS**

**TEMPUS.COM | 800.739.4137**

*Clinical-Overview\_International*