

为癌症研究提供 更多见解

在为体细胞肿瘤学应用扩展
NGS 操作的同时，更快地
获得见解





推动精准医疗 向前发展

精简

利用自动化、强大的可视化功能和超过 45 个知识源，加快撰写研究报告的速度

集成

通过将数据分析与上游测序相关联，简化并确保全面的工作流程，从而消除不必要的手动操作和手动数据移动

为发展提供动力

在不增加人员的情况下，扩展 NGS 工作流程的分析数量和通量，以适应不断发展的科学、技术和需求

Connected Insights-Research 利用超过 45 个知识源， 为各种应用提供见解

汇聚全面知识

应用 API 集成的强大功能，连接 LIMS、存储、流程和第三方知识库；在单一视图中整合变异分类、相关药物标签和相关临床试验

基于实证的综合知识

利用全面的实体癌和血癌内容、体细胞基因变异注释以及相关内容，这些内容由杰克逊实验室临床知识库（JAX-CKB™，全球超过 10 万用户信赖的知识库）提供支持

灵活的区域性

在用户定义的工作流程中纳入相关实验室和地区的特定程序；支持根据地区分级指南定制变异解读和研究报告

定期更新

通过 Connected Insights-Research 和完整的定期、自动化内容更新（某些知识源的更新频率可高达每月一次），获取最新的相关变异注释和见解、指南等内容

在单个可定制的平台中解锁各种应用的意义



实体瘤检测（组织）

评估多种变异类型
(包括 TMB、MSI 和 GIS)
的全面基因 panel，
以评估 HRD



液体活检

利用血液中较低水平的
ctDNA 检测和分析癌症
变异，具有较高的分析
灵敏度和特异性



血癌

简化骨髓性白血病、
淋巴瘤和其他血液系统
恶性肿瘤的诊断过程



遗传病 *

通过解读与精准医疗相关性
越来越高的全基因组疾病生
物标志物特征 (STR、
旁系同源基因)，获得
与精准医疗相关的见解。

* 未来蓝图中的预期功能。

强大的功能可简化单一供应商工作流程的集成和采用

企业级的安全和隐私标准

利用行业领先的全球和本地安全标准保护基因组数据隐私

广泛的检测组合和变异类型

可靠稳定地发展，将您的分析扩展到全面的 panel、外显子组或基因组；分析一系列 DNA 和 RNA 变异和生物标志物类型，包括 TMB、MSI 和 GIS，以评估 HRD

用户自定义 SOP 和高级过滤条件

通过创建预定义的自定义过滤条件集或使用高级过滤系统，
在平台上实施 SOP

实验室特定管理

维护组织精选数据的私有知识库，包括与以往变异解读和报告相关的信息

简化工作流程和协作

促进团队合作；自动提取变异数据和自动启动 Connected Insights-Research 可节省时间并省略手动数据移动步骤

自动定制研究报告

定制、编辑和自动填充研究报告草稿，只需极少的手动交互操作

集成并简化从文库制备、测序到数据分析的工作流程

了解有关 Connected Insights-Research 的更多信息，请访问
illumina.com/connected-insights

白皮书



GenomeWeb KOL 白皮书

了解关键意见领袖对临床肿瘤学中 NGS 解读和报告的当前挑战和前景的看法

数据表



Connected Insights-Research 数据表

了解 Connected Insights-Research 如何简化、集成实验室并为其提供支持，以实现规模化和发展

安全简介



Connected Insights-Research 安全性与合规性简介

了解 Connected Insights-Research 广泛的隐私、安全和合规功能如何为敏感数据打造安全环境



illumina®

因美纳中国

上海办公室 • 电话 (021) 6032-1066 • 传真 (021) 6090-6279
北京办公室 • 电话 (010) 8441-6900 • 传真 (010) 8455-4855
技术支持热线 400-066-5835 • chinasupport@illumina.com
市场销售热线 400-066-5875 • china_info@illumina.com • www.illumina.com.cn

© 2024 Illumina, Inc. 保留所有权利。所有商标均为因美纳公司或其各自所有者的财产。
关于具体的商标信息，请访问 www.illumina.com.cn/company/legal.html。



缩略语

API	应用程序编程接口	KOL	关键意见领袖	SOP	标准操作规程
CNV	拷贝数变异	LIMS	实验室信息管理系统	SV	结构变异
ctDNA	循环肿瘤 DNA	MSI	微卫星不稳定性	TMB	肿瘤突变负荷
GIS	基因组不稳定性评分	NGS	新一代测序	WES	全外显子组测序
HRD	同源重组修复缺陷	SNV	单核苷酸位点变异	WGS	全基因组测序
Indel	插入 / 缺失				