

# illumina Connected Insights

Possibilitando a interpretação de dados NGS por meio da geração de relatórios para aplicações oncológicas e outras

- Otimizado para economizar tempo e aumentar a confiança consolidando fontes de conhecimento e automatizando fluxos de trabalho de análise terciária de rotina.
- Integrado para menos pontos de contato da amostra para relatório com fluxo automático de informações, independentemente do ensaio ou instrumento.
- Preparado para crescimento, permitindo que laboratórios de testes clínicos acompanhem a expansão de menus de testes e volumes dinâmicos de casos.

## Introdução

Inovações na tecnologia de sequenciamento de última geração (NGS) permitiram sequenciamento mais profundo, maior produtividade e avaliação mais abrangente de classes de variantes e tipos de biomarcadores. Os insights baseados em genômica estão ajudando a identificar as causas subjacentes da doença, otimizar os tratamentos e criar melhores resultados para os pacientes.

Embora as inovações em bioinformática acessíveis para análise secundária tenham mantido o ritmo com as enormes quantidades de dados gerados pelos métodos de NGS, muitos laboratórios ainda lutam com a análise terciária em escala, incluindo a interpretação de variantes genéticas para extrair significados biologicamente relevantes. Isso aumenta ainda mais a carga sobre a equipe do laboratório e torna a interpretação de variantes um processo demorado, potencialmente manual, que requer várias etapas repetitivas e leva até sete horas por genoma ou para outros tipos de ensaio abrangentes.<sup>1</sup>

O Illumina Connected Insights ajuda os laboratórios a lidar com esse gargalo de interpretação de dados ao levar os ensaios NGS para o local ou dimensionar fluxos de trabalho existentes. Essa plataforma personalizável permite a análise terciária, desde o upload de dados até a geração de relatórios, e simplifica a experiência do usuário oferecendo a eles a opção de seleções automatizadas. Usando a identificação de bases na interface de programação de aplicações (API), o Connected Insights permite que os usuários acessem informações de variantes de mais de 55 fontes para filtragem e geração de relatórios. O Connected Insights apresenta uma funcionalidade projetada para diminuir o tempo e o esforço necessários durante

a extração de insights biológicos de dados genômicos, maximizando a eficiência operacional para interpretação de rotina definida pelo usuário (tabela 1).

O Connected Insights foi projetado para atender a várias aplicações e áreas de interesse. Na oncologia somática, o Connected Insights pode ser configurado para aceitar dados de entrada de uma ampla variedade de ensaios oncológicos, incluindo perfil genômico abrangente (CGP), biópsias de tecido ou líquidas e testes de malignidade hematológica. O software é compatível com tipos de variantes frequentemente identificadas em amostras de tumor de DNA e RNA, como variantes de nucleotídeo único (SNVs), inserções/deleções (indels), fusões, variantes estruturais (SVs), perda de heterozigosidade (LOH) e outros, e aceita e permite a interpretação do usuário para biomarcadores em todo o genoma, como carga mutacional do tumor (TMB), instabilidade de microssatélites (MSI) e pontuação de instabilidade genômica (GIS) para avaliar a deficiência de recombinação homóloga (HRD). O Connected Insights é construído em uma estrutura preparada para o futuro que se expandirá para aplicações adicionais na oncologia, entre outras.

O Connected Insights se integra e estende os fluxos de trabalho de NGS existentes (figura 1), permitindo que os laboratórios implementem fluxos de trabalho padronizados e definidos pelo usuário para interpretar variantes relevantes para a doença rapidamente e gerar relatórios resumindo as descobertas do usuário em um formato estruturado. O Connected Insights representa a peça final no fluxo de trabalho de NGS, permitindo que os laboratórios simplifiquem sua análise terciária hoje e dimensionem as operações para o futuro.

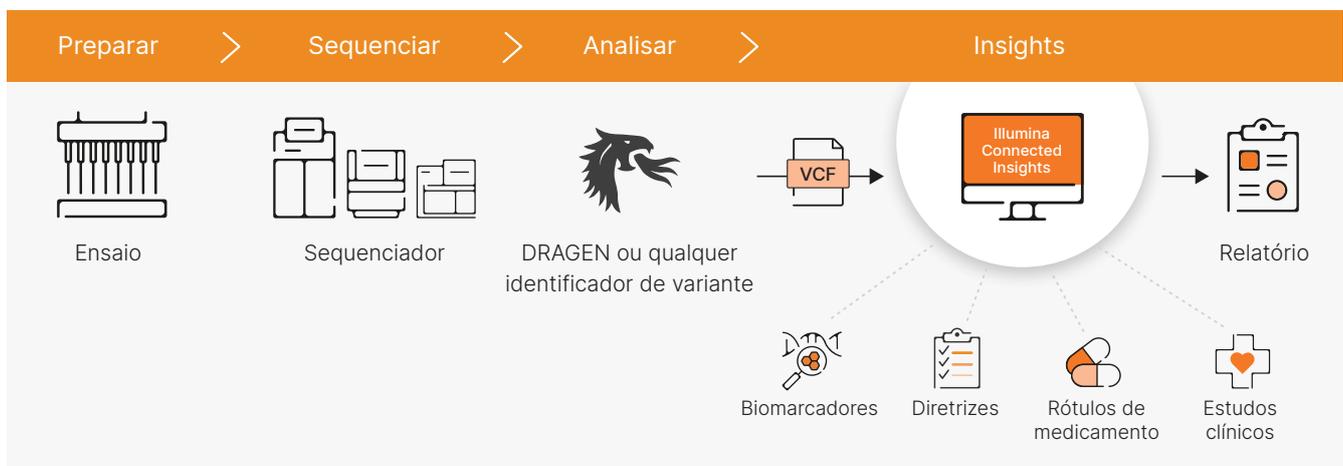


Figura 1: O Connected Insights estende o fluxo de trabalho de NGS: habilite a interpretação e a geração de relatórios de variantes em aplicações e áreas de interesse.

Tabela 1: Recursos do Illumina Connected Insights

Recurso	Especificação
Compatibilidade da plataforma	Amplo espectro de instrumentos de NGS e APIs robustas para implementação em ecossistemas digitais, incluindo EHR/EMR.
Compatibilidade de entrada de dados	VCF do software DRAGEN ou qualquer outra solução de análise secundária com fluxo de dados contínuo.
Compatibilidade do ensaio	Ampla gama de ensaios de DNA ou RNA com saída de VCF; compatível com testes de tumores sólidos, testes de biópsia líquida, testes de malignidade hematológica, painéis, WES, WGS e sequenciamento de transcriptoma completo.
Classe de variantes	Pequenas variantes (SNVs, indels), CNVs, SVs, fusões, LOH e variantes do local de emenda.
Assinaturas genômicas	TMB, MSI, HRD (GIS) e ploidia tumoral.
Risco hereditário	Capacidade de relatar o risco hereditário no contexto do tumor.
Qualidade da amostra	Métricas de CQ, pureza do tumor e gráfico VAF.
Base de conhecimento interna	Curadoria de variantes de laboratório, capacidade de carregar dados organizados existentes ou adquiridos em lote.
Fontes de conhecimento externas	Mais de 55 fontes, incluindo JAX-CKB, OncoKB, COSMIC, CIViC, ClinVar, LitVar, e Mastermind.
Filtragem abrangente	Inclui frequência de variante, pontuações de qualidade, profundidade de leitura, tipo de variante, impacto funcional, informações clínicas e outros.
Automação e classificação	Compatível com predefinições de filtro de variantes para parâmetros de teste principais, previsão de oncogenicidade baseada em diretrizes da VICC e geração de relatório preliminar.
Curadoria e armazenamento de variantes	Armazena automaticamente interpretações de variantes para facilitar o uso futuro.
Relatórios fáceis de usar	Permite a geração de relatórios personalizados que podem ser otimizados com base no foco da pesquisa da doença.
Vários idiomas	Compatível com vários idiomas para interface do usuário e geração de relatórios.
Visualizações	IGV, gráficos de genoma para SVs, CNVs, cobertura e razão de alelos B, distribuição de VAF, gráficos de fusão e outros.
Acessibilidade multiplataforma	Implantação disponível na nuvem ou no local por meio de um servidor DRAGEN.

CNV, variante do número de cópias; EHR, registro eletrônico de saúde; EMR, registro eletrônico médico; GIS, pontuação de instabilidade genômica; HRD, deficiência de recombinação homóloga; IGV, visualizador de genômica integrativa; LOH, perda de heterozigotidade; MSI, instabilidade de microssatélites; CQ, controle de qualidade; SNV, variante de nucleotídeo único; SV, variante estrutural; TMB, carga mutacional tumoral; VAF, frequência de alelos variantes; VCF, formato de identificação de variantes; VICC, Variant Interpretation for Cancer Consortium; WES, sequenciamento completo do exoma; WGS, sequenciamento do genoma completo.

## Operações simplificadas

O Connected Insights otimiza e automatiza a interpretação de variantes para reduzir o tempo de geração de relatórios. Desde permitir a automação de predefinições estabelecidas pelo usuário até visualizar conteúdo de várias fontes em uma interface, o Connected Insights oferece ferramentas poderosas para acelerar as operações diárias do laboratório. A curadoria de variantes específicas do laboratório permite que os laboratórios personalizem os processos facilmente. O conteúdo regional gera uma camada adicional de funcionalidade e relevância, ajudando os laboratórios a produzirem resultados abrangentes e significativos.

### Automação para eficiência do laboratório

Com a interface de usuário do Connected Insights, os laboratórios podem configurar e automatizar facilmente fluxos de trabalho de interpretação para maior eficiência:

- Os filtros de variantes flexíveis ([figura 2](#)) permitem o desenvolvimento de estratégias abrangentes de filtragem; os filtros podem ser salvos, bloqueados e compartilhados, servindo para simplificar análises futuras.
- O recurso de automação de relatórios gera previamente o conteúdo do relatório preliminar com base nas seleções do usuário, como um nível de evidência de variante e presença em relatórios anteriores.
- O recurso de definição de teste armazena os principais parâmetros (p. ex., filtros de variantes, modelo de relatório) para cada teste realizado no laboratório; a capacidade de controlar quem pode editar as predefinições permite consistência e eficiência dos processos do laboratório.
- Os recursos baseados em equipe, incluindo tags, permissões baseadas em função, registros e grupos de trabalho, facilitam a coordenação e a colaboração da equipe.

Todo o fluxo de trabalho por meio da geração de relatórios personalizados pode ser configurado uma única vez e automatizado para aumentar a velocidade, amplitude e confiança da análise terciária da sua equipe.

### Opções abrangentes de base de conhecimento em um só lugar

Com conexões de API estabelecidas pelo Connected Insights, os laboratórios têm acesso direto a uma rede de mais de 55 fontes de conhecimento externas com informações biológica e clinicamente relevantes para ajudar a avaliar uma alteração genômica.

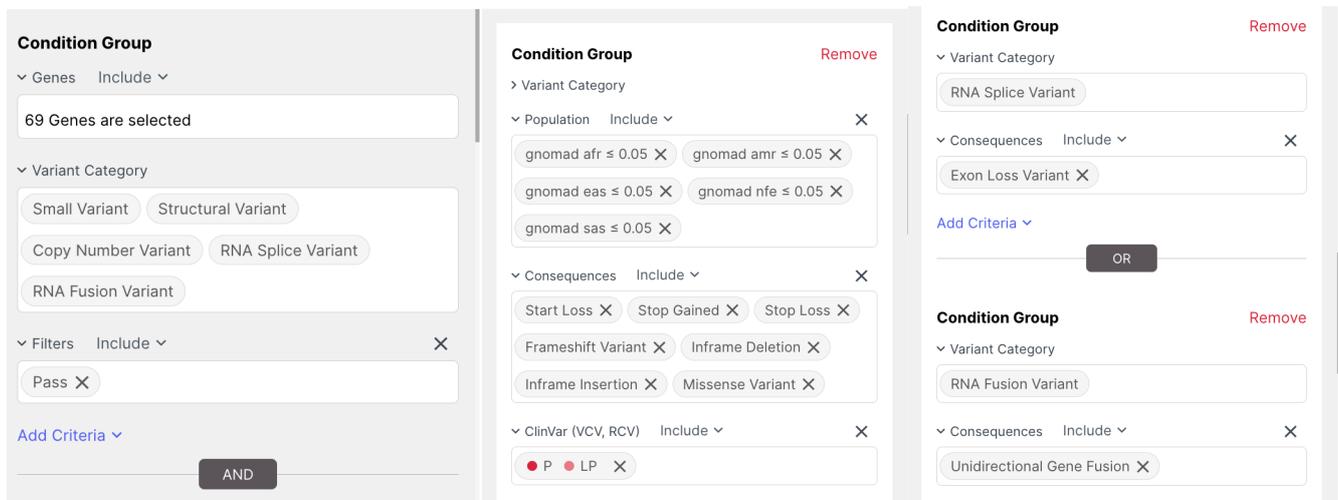


Figura 2: Filtros no Connected Insights: conjuntos de filtros abrangentes permitem o isolamento rápido das principais variantes que são relevantes para o caso atual.

Essas fontes incluem a [The Jackson Laboratory Clinical Knowledgebase \(JAX-CKB\)](#), uma base de conhecimento fidedigna com mais de 100.000 usuários em todo o mundo, que fornece conteúdo abrangente sobre câncer sólido e hematológico, anotações de variantes de genes somáticos e outras informações relacionadas. Também integrado ao Connected Insights, o [OncoKB](#)™ é uma base de conhecimento oncológica de precisão do Memorial Sloan Kettering que inclui conteúdo reconhecido pela FDA. Outras fontes integradas incluem o [Catalog of Somatic Mutations in Cancer \(COSMIC\)](#), [Clinical Interpretation of Variants in Cancer \(CIViC\)](#), [ClinVar](#), o catálogo [Online Mendelian Inheritance in Man \(OMIM\)](#), fontes de frequência de variantes, recursos de impacto funcional e outros bancos de dados atualizados regularmente. Diversas ferramentas de pesquisa de artigos, incluindo LitVar 2.0,<sup>2</sup> Mastermind Genomic Intelligence Platform da Genomenon, Google Scholar e outras, são integradas para permitir a recuperação de informações que ainda não estão em uma base de conhecimento organizada.

Ao agregar informações de várias fontes em um único hub, o Connected Insights elimina a necessidade de pesquisas manuais de informações de variantes em recursos online diferentes, simplificando o processo de interpretação, economizando tempo valioso e reduzindo taxas de acesso a várias fontes de conhecimento. Os usuários podem escolher suas fontes de conhecimento, visualizar conteúdo agregado para uma determinada variante e examinar informações detalhadas sobre as associações de variantes, incluindo IDs de publicação, diretrizes e outras formas de evidência. O software pode preencher um modelo de relatório padronizado e sucinto com informações preliminares relevantes com alta eficiência.

## Conteúdo regional

Ao acessar o JAX-CKB, o Connected Insights fornece acesso a conteúdo regional abrangente, permitindo que os laboratórios atendam às necessidades locais. Essas fontes incluem:

- Rótulos de medicamentos regionais especificados pela US Food and Drug Administration (US FDA), pela European Medicines Agency (EMA) e pela Therapeutic Goods Administration (TGA).
- Estudos clínicos locais fornecidos pela [clinicaltrials.gov](#).
- Recomendações das diretrizes de prática regional fornecidas pela National Comprehensive Cancer Network (NCCN), pela American Society of Clinical Oncology (ASCO) e pela European Society for Medical Oncology (EMSO, incluindo diretrizes pan-asiáticas).

Além do conteúdo regional, os usuários do Connected Insights podem personalizar a interpretação e os relatórios de variantes para seguir qualquer diretriz de nivelamento regional como, por exemplo, a estrutura desenvolvida pela ASCO/Association for Molecular Pathology (AMP),<sup>3</sup> a Escala ESMO para a capacidade de ação clínica de alvos moleculares (ESCAT),<sup>4</sup> ou a [abordagem da FDA](#). A classificação biológica usada em algumas regiões<sup>5,6</sup> pode ser usada com os sistemas de nivelamento.

### Classificação de oncogenicidade automatizada

Os padrões de classificação da oncogenicidade de variantes somáticas foram definidos a partir de um conjunto de diretrizes do Clinical Genome Resource (ClinGen), do Cancer Genomics Consortium (CGC) e da Variant Interpretation for Cancer Consortium (VICC)<sup>7</sup> para harmonizar a classificação de variantes entre instituições. O Connected Insights automatiza a classificação de oncogenicidade baseada em diretrizes, que é alimentada por algoritmos de IA como o SpliceAI e o PrimateAI. A lógica e a evidência por trás da classificação preliminar são totalmente transparentes e interativas, apresentadas em um mapa de evidências (figura 3). Os usuários podem substituir e editar classificações.

### Curadoria específica do laboratório

O Connected Insights oferece o My Knowledge Base (MyKB), um repositório personalizado e privado para dados selecionados em laboratório, incluindo informações sobre variantes já interpretadas no laboratório e detalhes de sua inclusão em relatórios anteriores.

O My Knowledge Base é usado em todo o Connected Insights para fornecer informações com base em decisões passadas e preencher automaticamente o relatório preliminar, integrando efetivamente os dados organizados e cumulativos. A expansão do conhecimento do laboratório pode reduzir o ônus da interpretação e da curadoria para obter ganhos adicionais de eficiência (figura 4).

O My Knowledge Base permite aos usuários:

- Carregar interpretações de variantes anteriores do laboratório ao adotar o Connected Insights.
- Clonar e editar registros de variantes criados no laboratório ou por fontes externas.
- Usar qualquer estrutura de nivelamento de oncologia, incluindo uma totalmente personalizada.
- Usar classificação biológica para interpretação oncogênica.
- Interpretar biomarcadores de todo o genoma, como TMB, MSI e HRD (GIS).
- Visualizar um resumo das variantes anteriores usadas, incluindo relatórios.

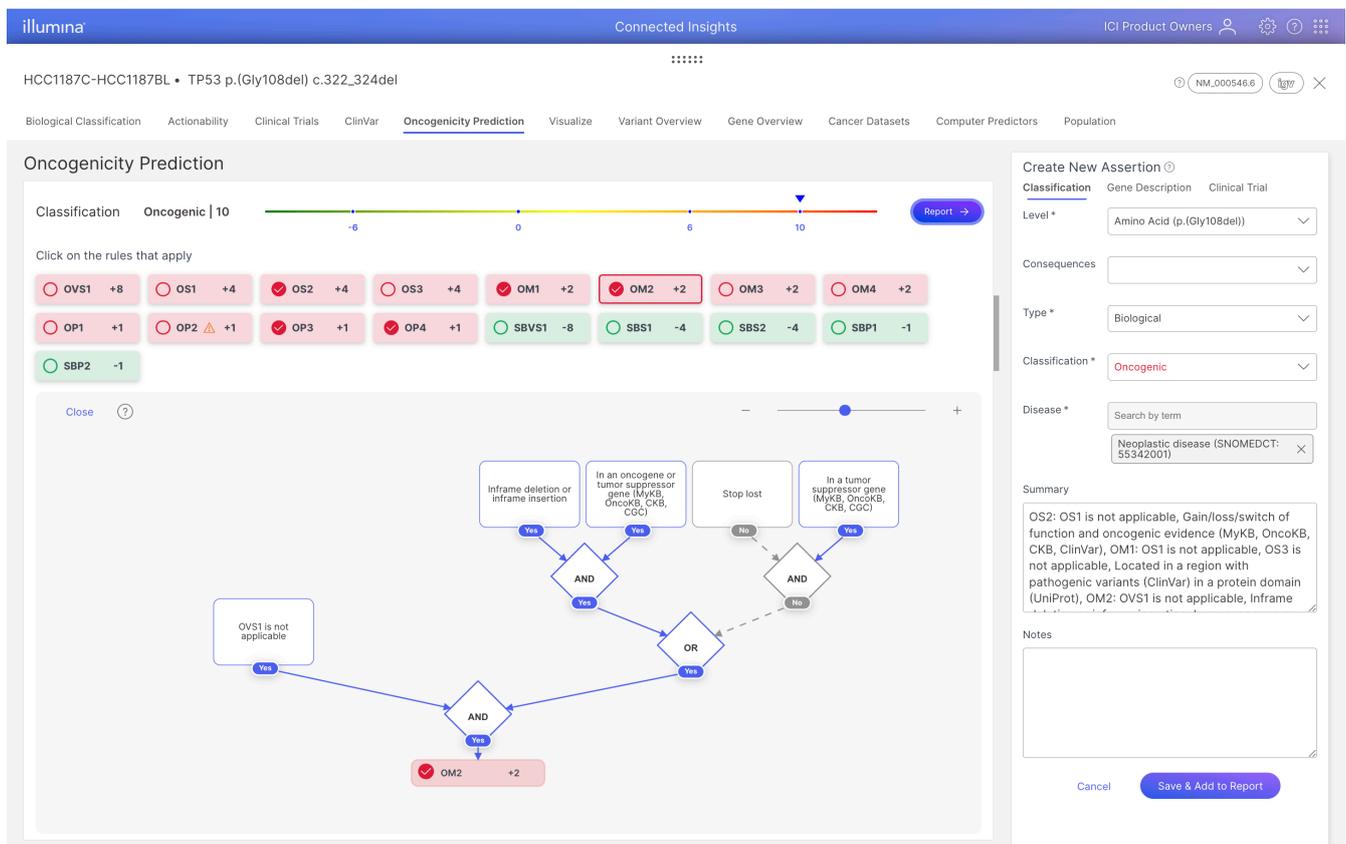


Figura 3: Classificação preliminar de oncogenicidade e mapa de evidências: a pontuação de oncogenicidade estimada com base em diretrizes é automatizada; exibição transparente de lógica e evidência.

Figura 4: Curadoria específica de laboratório no Connected Insights: o repositório de dados selecionados de um laboratório pode servir como fonte de conhecimento para pesquisa retrospectiva de descoberta e ganhos de eficiência para estudos de caso futuros.

## Relatórios concisos e personalizáveis

O Connected Insights fornece recursos poderosos e flexíveis para geração de relatórios de variantes claros e concisos. Os usuários podem optar por usar um modelo de relatório padrão ou criar e armazenar vários modelos personalizados usando um recurso simples de edição semelhante ao processador de texto. Além das alterações de nome e logotipo do relatório, as personalizações comuns incluem a exibição das informações da amostra e do participante, atualizações das seções do relatório e muito mais. Os relatórios podem ser exportados em formato PDF ou JSON (figura 5).

## Visualizações para obtenção de insights mais profundos

O Connected Insights inclui vários recursos de visualização (figura 6) para facilitar:

- O CQ da variante (p. ex., IGV, gráficos de cobertura, gráfico VAF).
- A compreensão das variantes identificadas (gráficos de genoma para SVs, CNVs, cobertura, razão de alelos B e gráficos de fusão).
- Interpretação de variantes (gráficos de distribuição de variantes entre tecidos e frequência de histologias tumorais de variantes dentro de uma coorte de casos anteriores).

## Solução integrada

O Connected Insights se integra aos fluxos de trabalho de NGS existentes para otimizar a análise terciária e permitir a interpretação de variantes. O software é compatível com a saída VCF de praticamente qualquer identificador de variante para máxima flexibilidade, permitindo que os laboratórios aproveitem uma solução de fornecedor único para o fluxo de trabalho de NGS. O Connected Insights é compatível com qualquer sistema de sequenciamento da Illumina, conectando-se diretamente ao ecossistema do Illumina Connected Software, e é projetado para ser um conjunto simplificado e holístico de soluções de análise e gerenciamento de dados que podem ser implantadas prontas para uso ou personalizadas para atender a necessidades específicas.

## Análise secundária do DRAGEN™

Os usuários têm a opção de conectar pipelines de análise secundária do DRAGEN ao Connected Insights diretamente na nuvem ou por meio de um servidor local do DRAGEN. Com integração perfeita, laboratórios de qualquer tamanho podem emparelhar o Connected Insights com o desempenho e a precisão comprovados da identificação de variantes do DRAGEN em vários tipos de variantes.

Figura 5: Os recursos flexíveis de geração de relatórios permitem a geração de relatórios claros e concisos de interpretação de variantes com modelos pré-configurados: os modelos são personalizados pelo laboratório em um modelo semelhante ao processamento de texto para facilitar. Os modelos refletem o que o laboratório está fazendo e os relatórios preliminares são editáveis e suscetíveis de qualquer forma para controle total pelo laboratório.

## Illumina Connected Analytics

O Connected Insights pode se integrar diretamente ao Illumina Connected Analytics para importação automatizada de dados e armazenamento de dados consolidado. O Connected Analytics é uma plataforma abrangente de bioinformática baseada na nuvem que capacita os pesquisadores a gerenciar e processar grandes volumes de dados genômicos em um ambiente seguro, escalável e flexível. O software capacita laboratórios que realizam ciência de dados profunda em coortes populacionais e oferece suporte ao compartilhamento de dados com colaboradores em uma plataforma segura, em conformidade com os regulamentos internacionais de privacidade de dados.

## Preparado para o crescimento

O Connected Insights permite que os laboratórios acompanhem a evolução da ciência e da tecnologia, e dimensionem as operações para atender à demanda.

## Parceiro confiável de suporte e serviço

A Illumina tem o compromisso de garantir que a comunidade de usuários esteja capacitada para atender à sua missão e definição de crescimento. A Illumina fornece uma equipe de suporte de qualidade internacional composta por cientistas experientes especializados em preparação de bibliotecas, sequenciamento e análise. O suporte técnico está disponível por telefone e e-mail, 24 horas por dia, 5 dias por semana, em todo o mundo; o suporte usa um modelo de acompanhamento baseado no horário comercial local, de segunda a sexta-feira.



Figura 6: Ferramentas de visualização avançadas e claras do Connected Insights: os usuários podem ver complexidades, realizar CQ de variante e interpretar dados em uma única visualização. (A) cobertura de gene e éxon para DNA e RNA. (B) visualização do genoma abrangendo SVs, CNVs, cobertura e razão de alelos B, (C) gráfico de fusão.

Dedicada ao seu sucesso, a Illumina também disponibiliza aos clientes uma equipe de serviços de informática que reúne profissionais de bioinformática, cientistas de dados e designers, para ajudar na personalização e na otimização do seu fluxo de trabalho de análise, minimizando a carga de implementação.

Além disso, a Illumina oferece uma opção completa de serviços profissionais para dar suporte a necessidades de implementação personalizadas, upstream e downstream do Connected Insights.

Os projetos de serviço típicos abrangem a implementação de software de acordo com os procedimentos operacionais padrão (POPs) do laboratório, agregação e upload de dados de variantes anteriores, configuração de fluxo de dados, incluindo conectividade do sistema de gerenciamento de informações laboratoriais (LIMS), integração eletrônica de registros médicos/saúde (EHR/EMR), conexão de colaboradores com permissões baseadas em funções e muito mais. Esse serviço garante que seus recursos permaneçam focados no trabalho de missão crítica enquanto aplicam a experiência da Illumina e de integradores de sistemas parceiros para conectar e testar seu fluxo de dados otimizado.

### Acessibilidade multiplataforma

O Connected Insights atende aos usuários onde seus dados estão, oferecendo várias opções de implantação. A plataforma está disponível na nuvem ou no local por meio de um servidor DRAGEN para atender às diversas necessidades regulatórias e de conformidade de diferentes laboratórios.

### Segurança e conformidade como elementos essenciais

A segurança é de suma importância na operação com dados genômicos para pesquisa, terapêutica clínica e diagnóstico em material humano. O Connected Insights emprega diversas ações digitais e administrativas para atender às mais rigorosas exigências de segurança de dados:

-  O Connected Insights é uma plataforma global que adere aos requisitos locais de residência de dados. Para saber mais, leia o [resumo sobre segurança, privacidade e conformidade do Illumina Connected Insights](#).

## Resumo

O Connected Insights possibilita fluxos de trabalho de análise terciária e interpretação de variantes conectando fontes de conhecimento externas por meio de identificadores de API e permitindo a automação altamente ajustável do fluxo de trabalho definido pelo usuário. O Connected Insights foi projetado para atender a várias aplicações e áreas de interesse. Embora o software seja compatível com a saída de qualquer identificador de variante de análise secundária, quando integrado ao fluxo de trabalho de NGS da Illumina, os usuários podem aproveitar a tecnologia comprovada de sequenciamento da Illumina e a precisão da análise secundária do DRAGEN. O Connected Insights permite que os laboratórios simplifiquem a análise terciária hoje e dimensionem as operações para o futuro.

## Saiba mais

[Illumina Connected Insights](#)

## Informações para pedidos

Para consultas qualificadas, a Illumina oferece uma experiência de avaliação compatível, permitindo que os clientes trabalhem com casos de exemplo disponíveis no Connected Insights ou carreguem e avaliem seus próprios casos no software. Entre em contato com um representante de vendas da Illumina para obter mais informações.

Produto	N.º do catálogo
Illumina Connected Insights—Oncology Genome Equivalent Sample—VCF	20090138
Illumina Connected Insights Starter Implementation Package	20071787
Illumina Connected Insights Expanded Implementation Package	20071787 (conforme escopo)
On-premises Illumina Connected Insights Local—Oncology Genome Equivalent Sample—VCF	20112915

Os itens adicionais necessários para o laboratório serão incluídos na cotação preparada.

## Referências

- Austin-Tse CA, Jobanputra V, Perry DL, et al. [Best practices for the interpretation and reporting of clinical whole genome sequencing](#). *NPJ Genom Med*. 2022;7:27. doi.org/10.1038/s41525-022-00295-z.
- Allot A, Wei CH, Phan L, et al. [Tracking genetic variants in the biomedical literature using LitVar 2.0](#). *Nat Genet*. 2023;55(6):901-903. doi:10.1038/s41588-023-01414-x.
- Li MM, Datto M, Duncavage EJ, et al. [Standards and Guidelines for the Interpretation and Reporting of Sequence Variants in Cancer: A Joint Consensus Recommendation of the Association for Molecular Pathology, American Society of Clinical Oncology, and College of American Pathologists](#). *J Mol Diagn*. 2017;19(1):4-23. doi:10.1016/j.jmoldx.2016.10.002.
- Mateo J, Chakravarty D, Dienstmann R, et al. [A framework to rank genomic alterations as targets for cancer precision medicine: the ESMO Scale for Clinical Actionability of molecular Targets \(ESCAT\)](#). *Ann Oncol*. 2018;29(9):1895-1902. doi:10.1093/annonc/mdy263.
- Horak P, Griffith M, Danos AM, et al. [Standards for the classification of pathogenicity of somatic variants in cancer \(oncogenicity\): Joint recommendations of Clinical Genome Resource \(ClinGen\), Cancer Genomics Consortium \(CGC\), and Variant Interpretation for Cancer Consortium \(VICC\)](#) [published correction appears in *Genet Med*. Setembro de 2022; 24(9):1991]. *Genet Med*. 2022;24(5):986-998. doi:10.1016/j.gim.2022.01.001.
- Froyen G, Le Mercier M, Lierman E, et al. [Standardization of Somatic Variant Classifications in Solid and Haematological Tumours by a Two-Level Approach of Biological and Clinical Classes: An Initiative of the Belgian ComPerMed Expert Panel](#). *Cancers (Basel)*. 2019;11(12):2030. Publicado em 16 de dezembro de 2019. doi:10.3390/cancers11122030.
- Horak P, Griffith M, Danos AM, et al. [Standards for the classification of pathogenicity of somatic variants in cancer \(oncogenicity\): Joint recommendations of Clinical Genome Resource \(ClinGen\), Cancer Genomics Consortium \(CGC\), and Variant Interpretation for Cancer Consortium \(VICC\)](#). *Genet Med*. 2022;24(5):986-998. doi:10.1016/j.gim.2022.01.001.
- Cloud Security—Amazon Web Services (AWS). Site da Amazon. [aws.amazon.com/security](https://aws.amazon.com/security). Acessado em 16 de fevereiro de 2023.

9. General Data Protection Regulation (GDPR) Compliance Guidelines. Site do GDPR. [commission.europa.eu/law/law-topic/data-protection/data-protection-eu\\_en](https://commission.europa.eu/law/law-topic/data-protection/data-protection-eu_en). Acessado em 11 de janeiro de 2021.
10. US Department of Health & Human Services. Health Information Privacy. Site do HHS. [hhs.gov/hipaa/index.html](https://hhs.gov/hipaa/index.html). Acessado em 16 de fevereiro de 2023.
11. International Organization for Standardization. ISO-ISO/IEC 27001 — Information security management. Site da ISO. [iso.org/isoiec-27001-information-security.html](https://iso.org/isoiec-27001-information-security.html). Acessado em 16 de fevereiro de 2023.



+1 (800) 809-4566, ligação gratuita (EUA) | tel. +1 (858) 202-4566  
techsupport@illumina.com | www.illumina.com

© 2024 Illumina, Inc. Todos os direitos reservados. Todas as marcas comerciais pertencem à Illumina, Inc. ou aos respectivos proprietários. Para obter informações específicas sobre marcas comerciais, consulte [www.illumina.com/company/legal.html](https://www.illumina.com/company/legal.html).

M-GL-01399 PTB v5.0