

BIOPSIA LIQUIDA PER LO SCREENING E IL MONITORAGGIO DI DNA TUMORALE CIRCOLANTE (MUTAZIONI HOTSPOT) IN CAMPIONI DI SANGUE PERIFERICO

Il tumore e le mutazioni somatiche.

I tumori sono patologie dovute ad alterazioni genetiche in cui la componente cellulare non risponde correttamente ai fattori che normalmente ne controllano la proliferazione. Una singola alterazione genetica non è in genere sufficiente a provocare il cancro. Infatti, i tumori sono processi multifasici: la progressione neoplastica consiste in una serie successiva di alterazioni genetiche che si accumulano.

La maggior parte dei **tumori** è correlata in letteratura alla presenza di mutazioni geniche somatiche^{1,2}. Tali **mutazioni somatiche** si sviluppano in modo spontaneo potenzialmente in qualsiasi tipo di cellula. Queste alterazioni del DNA possono derivare da errori casuali durante la replicazione, o dall'esposizione a fattori ambientali mutageni accidentali, professionali, o dipendenti dallo stile di vita. A differenza delle varianti patogenetiche ereditabili (*germline mutations*) che sono presenti nella linea germinale, le mutazioni somatiche non sono trasmissibili alla progenie.

Migliaia di mutazioni somatiche, che possono influenzare l'insorgenza di un tumore, lo sviluppo di metastasi o la risposta/resistenza a un trattamento, sono state catalogate su database internazionali. L'identificazione e la comprensione di queste alterazioni del DNA nel tumore possono essere cruciali nella diagnosi del cancro e nella pianificazione del suo trattamento, dal monitoraggio della risposta alla terapia all'identificazione precoce della ripresa. Inoltre, durante la progressione di un tumore, il tessuto continua a sviluppare ulteriori nuove mutazioni e queste ultime possono influenzare la risposta agli agenti terapeutici innescando meccanismi di resistenza.

La diagnosi del cancro, richiede una serie di analisi, tra le quali la **biopsia tissutale** costituisce il gold standard. La strategia terapeutica contro il cancro, e il controllo della risposta terapeutica, sono convenzionalmente decisi attraverso un approccio analitico che associa la diagnostica per immagini alla caratterizzazione patologica della biopsia del tessuto.

In passato la biopsia per il prelievo di un campione di tessuto, su cui eseguire lo studio delle risposte molecolari del tumore, era possibile solo mediante modalità invasive, come ad esempio l'agoaspirato o il prelievo intraoperatorio. Le procedure invasive spesso rappresentavano una fonte di comorbilità per il paziente. Il costo per eseguire biopsie sequenziali, per la valutazione dinamica della malattia residua e dei cambiamenti nella composizione genomica del tumore durante e dopo la terapia^{3,4}, era spesso proibitivo. Un limite della biopsia tissutale era inoltre rappresentato dal fatto che questa opzione poteva essere considerata solo quando erano noti i siti del tumore primario, o delle metastasi, e questi erano accessibili.

Onconext Liquid™ rappresenta un nuovo metodo di analisi delle mutazioni somatiche, conosciuto genericamente come "**biopsia liquida**", e studia il cell-free DNA (cfDNA), più specificamente il **DNA tumorale circolante (ctDNA)**, contenuto in un campione di sangue periferico. Lo studio del campione affianca, e sostituisce in fase di monitoraggio sequenziale dell'eterogeneità genomica del tumore, il tradizionale studio diretto del campione di tessuto tumorale prelevato mediante metodi invasivi, e rappresenta oggi una tecnologia ritenuta altamente sensibile e specifica nei confronti di mutazioni somatiche in vari tipi di cancro.³⁶⁻³⁹

Il ctDNA, infatti, porta in sé le caratteristiche patologiche del tumore originale come le mutazioni genetiche. Quindi, il ctDNA isolato dal plasma con tecniche non invasive potrebbe migliorare significativamente il sistema attuale della diagnosi del cancro o addirittura essere usato per identificare tumori allo stato iniziale.

Il DNA Tumorale Circolante (ctDNA).

Tutte le cellule, comprese le cellule tumorali, diffondono DNA nel sistema circolatorio³⁹. In pazienti affetti da cancro, ma anche da altre condizioni patologiche come l'insufficienza renale e l'infarto del miocardio, si rilevano spesso livelli maggiori di cfDNA rispetto a pazienti sani ³⁹. Il **ctDNA** è una frazione del cfDNA, diffusa nel sistema circolatorio in modo specifico dalle cellule tumorali⁴. I meccanismi, attraverso i quali le cellule tumorali rilasciano DNA nel sangue, non sono ancora stati completamente chiariti. Il ctDNA può entrare nel flusso sanguigno attraverso la secrezione diretta delle cellule tumorali vitali, come cfDNA, come vescicole dette esosomi, o in seguito a processi di apoptosi o necrosi delle cellule tumorali ^{39, 96-99}. Nel circolo ematico, il DNA persiste solo per un breve periodo di tempo (t1/2 di ~ 2 ore) ^{39, 100}. La maggior parte dei frammenti di cfDNA e di ctDNA hanno dimensioni comprese tra 180 e 200 paia di basi (bp) ^{39, 100-104}. Nel caso di tumori solidi il ctDNA può essere distinto dal resto del cfDNA, per la presenza di mutazioni somatiche, anche se ne rappresenta solo una piccola frazione (spesso <1%)^{100, 101, 105}. Quanto descritto non è valido in generale anche per le neoplasie ematologiche (ad esempio le leucemie), dove il sangue contiene percentuali di ctDNA molto più elevate. La frazione del ctDNA rispetto al cfDNA totale circolante aumenta proporzionalmente al progredire della malattia e il quantitativo rilevabile nei campioni può variare notevolmente tra i pazienti. ^{39, 100, 106}

La biopsia liquida.

Il termine "**biopsia liquida**" descrive una nuova metodica non invasiva, altamente sensibile ed economicamente vantaggiosa, per isolare e individuare frammenti di cfDNA circolante, tra cui **frammenti di DNA tumorale (ctDNA)**, da campioni di sangue di pazienti con cancro sospetto o diagnosticato. La biopsia liquida è utile ad ampliare la conoscenza, rispetto alle metodiche tradizionali, dell'eterogeneità genomica di un tessuto tumorale ^{5,6}. L'analisi del DNA eseguita su campione di sangue è utile per la scelta terapeutica e per il monitoring del tumore in fase di trattamento, progressione o remissione⁷⁻⁹.

La biopsia liquida offre uno strumento alternativo alla biopsia tradizionale con valutazione istologica poiché, nonostante sia ancora consigliato per la valutazione iniziale della malattia affiancare entrambe le tecniche (per il monitoraggio e i controlli dinamici dell'andamento della terapia, e della risposta del tumore) il ricorso alla biopsia liquida si conferma vantaggioso rispetto alle tecniche tradizionali (Tabella 1).

Per la definizione della terapia ottimale da adottare per il paziente, normalmente viene effettuata la caratterizzazione del profilo mutazionale del tumore primario, attraverso biopsia tradizionale, non sempre però la quantità e la qualità del materiale permette una corretta genotipizzazione, anche in considerazione della sua eterogeneità. Il ctDNA invece, rappresenta il tumore in tutta la sua eterogeneità, è facilmente ottenibile da un prelievo di sangue ed è ripetibile consentendo il monitoraggio nel tempo dello stato della malattia. Il ctDNA può anche fornire un quadro dell'evoluzione del tumore per identificare i cambiamenti genetici che possono avvenire, responsabili di ricadute, progressione e sviluppo di resistenza ai farmaci.

Inoltre, il ctDNA è in grado di offrire non solo informazioni relative al profilo genetico della lesione primaria, come avviene con la biopsia tradizionale (DNA tissutale), ma anche delle metastasi.

Alla luce di questi vantaggi, considerata la correlazione tra mutazioni nel tessuto tumorale e presenza di ctDNA, come riportato da molteplici studi, la biopsia liquida può rappresentare, in ambito clinico, un ottimo strumento di diagnosi e di prognosi per lo studio dei tumori solidi ^{39,96-99,107}. In letteratura è confermato che i tumori sono genomicamente eterogenei ¹⁰⁸⁻¹¹³ e la biopsia tradizionale del tessuto può solo fornire una "istantanea" di una porzione di tumore. Il prelievo di un campione di sangue è semplice e accessibile, e il ctDNA ivi contenuto deriva da tutti i siti tumorali fornendo il potenziale necessario per monitorare la malattia e la sua progressione in tempo reale^{39,96,97, 98, 99,110,112}. Il ctDNA è inoltre rilevabile in altri fluidi corporei come urina, liquido

cerebrospinale e saliva, e l'analisi del ctDNA potrà in futuro essere eseguita utilizzando queste fonti.¹¹⁴

Tabella 1: Vantaggi della biopsia liquida vs la biopsia tissutale

Biopsia tissutale	Biopsia liquida
<ul style="list-style-type: none"> • Invasiva e costosa 	<ul style="list-style-type: none"> • Non invasiva con buon rapporto costo/beneficio
<ul style="list-style-type: none"> • Fortemente influenzata dalla sede del tumore: specifica quando il sito del tumore è localizzato 	<ul style="list-style-type: none"> • Indipendente dalla sede del tumore
<ul style="list-style-type: none"> • Valutazione limitata dall'eterogeneità 	<ul style="list-style-type: none"> • Rileva anche l'eterogeneità
<ul style="list-style-type: none"> • Prelievo bioptico talvolta difficile 	<ul style="list-style-type: none"> • Prelievo ematico semplice e sempre accessibile
<ul style="list-style-type: none"> • Non utilizzabile se il tumore primario è stato rimosso 	<ul style="list-style-type: none"> • Accessibile in assenza di tumore primario percepibile o metastasi
<ul style="list-style-type: none"> • Non applicabile come <i>follow-up</i> dopo la chirurgia 	<ul style="list-style-type: none"> • Applicabile come <i>follow-up</i> dopo la chirurgia per monitoraggio dinamico di eventuale malattia residua
<ul style="list-style-type: none"> • La ripetizione del prelievo bioptico non è ben tollerata 	<ul style="list-style-type: none"> • La ripetizione del prelievo di sangue è tollerata
	<ul style="list-style-type: none"> • Monitoraggio dinamico della risposta alle terapie
	<ul style="list-style-type: none"> • Monitoraggio dinamico dello sviluppo di resistenza
	<ul style="list-style-type: none"> • Utile strumento per la diagnosi precoce della ripresa della malattia

Utilità clinica dell'analisi del ctDNA nel monitoraggio della malattia tumorale e nella medicina di precisione

In letteratura è dimostrato che mutazioni somatiche in un determinato gruppo di geni sono spesso alla base dello sviluppo di diversi tipi di tumore (Tabella 2)¹. Questi geni includono BRAF, la famiglia del gene RAS, EGFR, PIK3CA, FOXL2, e TP53. Mutazioni somatiche nel gene BRAF sono comunemente associate al melanoma, al linfoma non-Hodgkin, al tumore del colon-retto, al carcinoma papillare della tiroide, al carcinoma del polmone non a piccole cellule, e all'adenocarcinoma del polmone, mentre mutazioni somatiche nel gene EGFR sono stati osservate nel tumore del polmone¹¹. Mutazioni nel gene PIK3CA sono più frequenti nel tumore del seno e del colon-retto¹². Mutazioni sul gene FOXL2 sono state osservate nei tumori della granulosa, e mutazioni del gene TP53 vengono rilevate in quasi tutti i tipi di cancro⁹.

L'osservazione di mutazioni hotspot può aiutare l'oncologo a consigliare un piano di trattamento personalizzato durante il quale eseguire il monitoraggio della risposta della malattia e il potenziale sviluppo di resistenza al farmaco. Per esempio, nei pazienti affetti da melanoma metastatico, se presente una specifica mutazione somatica sul gene BRAF (V600E), è spesso indicato il trattamento con inibitori di BRAF come dabrafenib, trametinib e vemurafenib, singolarmente o in combinazione¹³. Inoltre, gli inibitori di EGFR cetuximab e panitumumab si sono rivelati più utili nei pazienti con carcinoma polmonare in cui non sono presenti mutazioni sul gene KRAS (wild type) e in cui EGFR è espresso. Diversi studi clinici di rilievo hanno dimostrato che gli inibitori della tirosin-chinasi di EGFR (TKIs), afatinib e erlotinib, sono utili solo per il trattamento di pazienti i cui tumori presentano mutazioni attivanti nel dominio tirosin-chinasi del gene EGFR¹⁴.

Recenti studi hanno dimostrato la possibilità di utilizzare la biopsia liquida per monitorare le dinamiche del tumore. Diversi progetti hanno dimostrato che i risultati relativi alle mutazioni somatiche, identificate attraverso la biopsia liquida, concordano con quelli ottenuti mediante tecniche tradizionali sui medesimi pazienti^{15,16}. I dati sul ctDNA correlati con i risultati clinici e radiologici sembrano inoltre utili a scopo predittivo per la sopravvivenza del paziente^{12,13,15-17}. E'

stato anche dimostrato che la ricomparsa, o livelli crescenti, di ctDNA possono essere osservati mesi prima della ripresa della malattia. Pertanto, la rivalutazione seriale del ctDNA si è dimostrata essere utile come monitoraggio della progressione della malattia, e la comparsa di nuove mutazioni somatiche in fase di trattamento può essere associata allo sviluppo di resistenza ai farmaci in diversi tipi di tumore¹⁸. Un recente studio condotto da Perrone et al. (2014) ha mostrato risultati promettenti per l'applicazione dell'analisi del ctDNA come strumento di screening per gli individui ad alto rischio di sviluppare il tumore del colon-retto.⁴⁰ Inoltre, la quantità e il tipo di ctDNA osservati nel campione possono essere indicativi di stadio del tumore³⁹ e quindi potenzialmente utilizzati per la stadiazione.

Table 2 – Frequenza delle mutazioni somatiche per gene e tipo di tumore

Tipo di tumore	Gene	Frequenza delle mutazioni somatiche
Polmone	BRAF	1-4%
	EGFR	1% in Non Small Cell Lung Cancer (NSCLC)
	KRAS	29%
	PIK3CA	17%
	TP53	4%

References: COSMIC database (<http://cancer.sanger.ac.uk/cosmic>) accessed 07/28/2015¹⁹⁻²⁵.

Il test OncoNext Liquid™ Monitor Lung.

OncoNext Liquid™ Monitor Lung è uno screening non invasivo finalizzato al rilevamento precoce dei tumori solidi, basato sull'analisi Next Generation Sequencing (NGS) del **DNA tumorale circolante (ctDNA)**.

Il test **OncoNext Liquid™ Monitor Lung** impiega le più recenti innovazioni tecnologiche sviluppate per la biopsia liquida. Grazie alla tecnologia di sequenziamento NGS oggi è possibile individuare in modo estremamente sensibile la presenza di mutazioni tumorali rilevabili anche da esigue quantità di ctDNA.

Il rilevamento contemporaneo di diverse mutazioni permette di comprendere al meglio il profilo genomico del tumore e adottare il trattamento più idoneo. I campioni di sangue possono essere prelevati al paziente prima, durante e / o dopo il trattamento mirato, o a intervalli regolari. La biopsia liquida permette il monitoraggio continuo e l'osservazione dinamica del comportamento della malattia.

Come viene effettuato il test OncoNext Liquid™ Monitor Lung.

Il test si esegue a partire da un **prelievo di sangue** (una provetta da **10 ml**). Il campione di sangue raccolto viene centrifugato per separare la componente plasmatica. Tramite un'analisi complessa di laboratorio, il ctDNA viene isolato ed **amplificato mediante tecnica PCR**. Successivamente, attraverso un processo tecnologico avanzato di **sequenziamento del DNA** mediante l'impiego di tecniche di **Next Generation Sequencing (NGS)**, si sequenziano ad elevata profondità di lettura le regioni geniche elencate in Tabella 3. Le sequenze geniche ottenute vengono successivamente analizzate attraverso un'**avanzata analisi bioinformatica**, per individuare eventuali mutazioni somatiche nei geni in esame. Le mutazioni vengono interrogate mediante il **database COSMIC (Catalogue Of Somatic Mutation In Cancer)** capace di associare le mutazioni patologiche utilizzando i dati presenti nelle pubblicazioni scientifiche.

Potenziali indicazioni per il test OncoNext Liquid™ Monitor Lung.

Il test **OncoNext Liquid™ Monitor Lung** è stato progettato per pazienti, ai quali è già stato diagnosticato un tumore, allo scopo di:

- Fornire un **profiling del tumore** per la corretta applicazione della medicina di precisione. Il test **OncoNext Liquid™ Monitor Lung** può fornire all'oncologo informazioni utili a improntare un piano di trattamento personalizzato;
- **Monitorare l'efficacia della terapia** consigliata attraverso il rilevamento della presenza di mutazioni prima e durante il trattamento;

- **Monitorare il residuo di malattia e/o la presenza di recidiva** in modo precoce nel paziente che presenta mutazioni note nel tumore primario, in particolar modo nei casi in cui i pazienti hanno subito una resezione del tumore e/o sono in periodo di remissione;
- Aiutare l'oncologo nella scelta di **nuove opzioni di trattamento** quando il paziente sviluppa resistenza alla terapia in corso;
- Fornire un **metodo alternativo di biopsia** quando il tessuto è difficile o impossibile da raggiungere, o quando oltre al sito primario della malattia metastatica possono essere presenti siti non noti, o quando la quantità di tessuto ottenuto mediante prelievo biptico tradizionale è insufficiente per la genotipizzazione molecolare;
- Fornire informazioni prognostiche;
- Essere di **supporto per l'inserimento di un paziente in un Clinical Trial**: si tratta di una funzione aggiuntiva del test **OncoNext Liquid™ Monitor Lung**, per profilare correttamente il paziente e la sua malattia allo scopo di individuare un eventuale studio clinico in corso per cui tale paziente rientra nei criteri di eleggibilità.

Regioni geniche investigate.

Il test **OncoNext Liquid™ Monitor Lung** è stato progettato per il rilevamento di mutazioni somatiche hotspot in **11 geni** coinvolti nel tumore al **Polmone**: **ALK, BRAF, EGFR, ERBB2, KRAS, MAP2K1, MET, NRAS, PIK3CA, ROS1, TP53**. Alcune varianti target (mutazioni hot-spot) investigate sono riportate in Tabella 4.

La selezione dei geni è stata eseguita a partire dal consenso scientifico attribuito ai geni inseriti nel pannello da organizzazioni come il National Comprehensive Cancer Network (NCCN)⁵⁹ e la Società Europea di Oncologia Medica (ESMO)⁶⁰. Il pannello comprende geni, regioni geniche incluse le varianti a singolo nucleotide (SNV), e inserzioni/delezioni (indels) che si sono dimostrate utili nello studio molecolare del tessuto tumorale.

Risultati ottenibili con il test OncoNext Liquid™ Monitor Lung.

Il test **OncoNext Liquid™ Monitor Lung** fornisce informazioni relative alla assenza o alla presenza nel campione analizzato di ciascuna delle mutazioni hotspot elencate in tabella 4.

- **Risultato “POSITIVO” – Presenza di una o più mutazioni:** indica che il test ha rilevato, nel DNA estratto dal campione ematico, una o più mutazioni somatiche a livello di uno (o più) geni. Le mutazioni riscontrabili tramite il test **OncoNext Liquid™ Monitor Lung** possono rientrare nelle seguenti categorie prognostiche:

- con significato patologico noto;
- **con significato benigno** in quanto sono riscontrabili in individui normali e sono prive di significato patologico;
- **con significato incerto** in quanto non ancora note o caratterizzate dalla comunità medico-scientifica. In questo caso possono essere necessari ulteriori indagini per chiarire il significato della variante.

L'identificazione di tale/i mutazione/i può avere diverse implicazioni, in relazione alla/e variante/i rilevata/e. Il nostro genetista, in sede di consulenza genetica, spiegherà in maniera dettagliata il significato del risultato del test, indirizzando il paziente ad una successiva consulenza con lo specialista oncologo. **OncoNext Liquid™ Monitor Lung** è un test di screening e non ha finalità diagnostiche per il tumore. In caso di test con risultato positivo, sono consigliabili, come follow-up, per il paziente specifici approfondimenti, inclusa la diagnostica per immagini (TAC, Risonanza Magnetica, etc.).

- **Risultato “NEGATIVO” - Assenza di mutazioni:** indica che il test non ha rilevato, nel DNA estratto dal campione ematico, nessuna delle mutazioni somatiche ricercate. Tale risultato non significa che non sia presente un tumore o che non vi sia il rischio, in futuro, che possa insorgere un tumore.

- Occasionalmente, il test potrebbe produrre un **risultato non ottimale o non conclusivo**, perché il campione non soddisfa i requisiti minimi di qualità necessari per poter considerare il

risultato ottenuto ottimale e, quindi, poter procedere alla relativa emissione del referto. In tal caso, verrà richiesto il prelievo di un nuovo campione ematico al fine di ripetere l'esame.

Sul referto sarà riportato il numero totale di copie mutanti di ctDNA presenti. Le quantità di cfDNA e ctDNA presenti in un campione sono variabili. Ogni variante è associata a una percentuale minima di ctDNA, rispetto al DNA totale, che ne rappresenta il **limite di rilevabilità (LOD)**. L'interpretazione del risultato viene personalizzata sulla base della storia clinica del paziente e, opzionalmente, può essere fornita un'indicazione sulla possibilità di inclusione di un paziente in un trial clinico sulla base dei risultati del test **OncoNext Liquid™ Monitor Lung**.

Utilità clinica del test OncoNext Liquid™ Monitor Lung.

In un ampio studio su diverse tipologie di tumore²⁶ è stato mostrato che una frazione di ctDNA è rilevabile in più del 75% dei pazienti con malattia metastatica (pancreas, ovaie, colon-retto, vescica, stomaco, mammella, melanoma, fegato e testa/collo) e in meno del 50% dei pazienti con malattia solo allo stadio primario (cervello, rene, prostata e tiroide). In un gruppo separato di 206 pazienti con carcinoma coloretale metastatico, gli autori hanno mostrato alta sensibilità e specificità della rilevazione ctDNA per mutazioni del gene KRAS clinicamente rilevanti (87,2% e 99,2%, rispettivamente).

Un altro studio⁸ ha rilevato mutazioni somatiche nel 68% dei pazienti, affetti da cancro del colon-retto (n = 38), sottoposti al test di biopsia liquida per un pannello di 46 mutazioni tra cui quelle relative ai geni BRAF, KRAS, EGFR e PIK3CA. In tale studio i pazienti positivi alla ricerca di mutazioni somatiche era diviso nel seguente modo: il 54% in stadio precoce (I-III) e il 93% in stadio avanzato (Stadio IV). Per quanto concerne le mutazioni e i geni coinvolti, il 50% dei pazienti ha mostrato mutazioni su KRAS, il 16% su PIK3CA e l'8% su BRAF. Nessuna mutazione su EGFR è stata rilevata nei pazienti appartenenti allo studio. I dati ottenuti hanno confermato la correlazione tra i tumori e le relative mutazioni associate in letteratura. Nei pazienti sottoposti a chirurgia per metastasi al fegato i livelli di ctDNA si sono dimostrati maggiormente utili a scopo predittivo precoce di recidiva rispetto alle tecniche di imaging o alla ricerca dell'antigene carcinoembrionario (CEA). Quattro dei soggetti sani (n = 47), inoltre, hanno presentato valori al limite della rilevabilità di ctDNA.

In uno dei più grandi trial clinici multicentrici (CORRECT)¹⁸, l'effetto di un inibitore delle chinasi (regorafenib) è stato valutato sui livelli ctDNA in pazienti con cancro coloretale metastatico. L'analisi delle mutazioni è stata condotta su un totale di 760 pazienti, che ne comprendeva 505 trattati con il principio attivo e 255 trattati con placebo. Il confronto tra campioni solidi tumorali archiviati e campioni di plasma fresco ha mostrato concordanza di risultati dal 76% - 97% per i tre geni analizzati. Mutazioni su KRAS sono state identificate nel 69% dei pazienti, le mutazioni su PIK3CA nell' 84% dei pazienti e mutazioni su BRAF nel 3% dei pazienti. Nel gruppo trattato con regorafenib, i pazienti con mutazioni su KRAS hanno mostrato una riduzione del periodo di *progression free survival* rispetto ai pazienti trattati con placebo. È interessante notare inoltre che nel gruppo dei pazienti trattati con placebo, i pazienti con più alta quantità di ctDNA avevano già una scarsa overall e *progression free survival*. Lo studio supporta quindi l'uso del ctDNA per stabilire i genotipi tumorali prima della scelta del trattamento.

Uno studio condotto nel 2015²⁷ sottolinea che i pazienti positivi, in stadio precoce da I a III per carcinoma mammario (n = 313), per mutazioni su PIK3CA mostrano dati di RFS (*recurrence free survival*) significativamente più bassi rispetto ai pazienti negativi per le medesime mutazioni. I pazienti con maggiori quantità di PIK3CA mutato (> 29 alleli) hanno mostrato RFS significativamente più bassa. Beaver et al (2014)²⁸ ha rilevato mutazioni su PIK3CA in 12 di 29 pazienti affetti da cancro al seno (pazienti di stadio I-III). Pazienti con ctDNA persistente anche dopo il trattamento si sono dimostrati più soggetti allo sviluppo di metastasi clinicamente evidenti dopo 23 mesi.

Dawson e collaboratori (2013)²⁹ hanno rilevato la presenza di ctDNA in quasi il 97% dei pazienti con carcinoma metastatico della mammella, e hanno mostrato una maggiore sensibilità e specificità del ctDNA, rispetto ai livelli di CTC e CA 15-3, nella rilevazione del tumore.

Janku e collaboratori (2015)¹⁷ hanno testato 21 mutazioni sui geni BRAF, EGFR, KRAS e PIK3CA in 157 pazienti con tumori avanzati (tra cui colon-retto, melanoma, NSCLC, cancro appendicolare, ovario e utero) in grado di migliorare il trattamento sistemico. Gli autori hanno dimostrato la concordanza tra le mutazioni nei campioni di tessuto in archivio e quelle rilevate nel ctDNA da campioni ematici. Lo stesso studio mostra che la sopravvivenza media di 41 pazienti con più dell'1% di KRAS mutato è stata in media più breve rispetto a quella di 20 pazienti con \leq 1% di KRAS mutato (4,8 vs. 7,3 mesi, $p = 0,008$). Allo stesso modo, 67 pazienti con $>1\%$ di ctDNA mutato (BRAF, EGFR, KRAS, o PIK3CA) hanno avuto una sopravvivenza media più breve rispetto ai 33 pazienti con \leq 1% di ctDNA mutato (5,5 vs 9,8 mesi, $p = 0,001$).

Zill et al.¹⁶, in uno studio del 2015, hanno ricercato mutazioni in un set di 54 geni, trovando KRAS e TP53 come i geni più comunemente mutati, seguiti da APC, SMAD4, GNAS, FBXW7, e BRAF anche essi ricorrentemente mutati. Durante lo studio di questi cinque geni (KRAS, TP53, APC, FBXW7, e SMAD4) la sensibilità media è stata 92,3%, la specificità 100%, e l'accuratezza diagnostica media 97,7%. Gli autori hanno anche identificato mutazioni rilevabili durante il follow-up dei pazienti, altrimenti non osservabili per le limitazioni intrinseche della metodica della biopsia del tessuto del tumore primario.

Le crescenti evidenze nel campo della biopsia liquida suggeriscono che questo tipo di analisi può essere applicato a pazienti con i più diversi tipi di cancro^{8, 9, 16, 17, 26, 27, 29-35}. Molti degli studi clinici al momento utilizzano la biopsia liquida come strumento di valutazione diagnostica, predittiva, prognostica, e di risposta del tumore al trattamento (www.clinicaltrials.gov).

Accuratezza del test.

Le tecniche attuali di sequenziamento del DNA producono risultati con un'accuratezza superiore al 99%. Benché questo test sia molto accurato bisogna sempre considerare i limiti dell'esame, di seguito descritti.

Limiti del test OncoNext Liquid™ Monitor Lung

- Il test **OncoNext Liquid™ Monitor Lung** è un test che effettua uno screening e non una diagnosi di cancro.
- Il test **OncoNext Liquid™ Monitor Lung** non rileva tutti i tumori e non può essere sostitutivo dei test che attualmente sono il gold standard per la diagnosi di cancro.
- Il test **OncoNext Liquid™ Monitor Lung** analizza solo le mutazioni più frequenti dei geni investigati. In caso di tumori che, al momento del test, non abbiano sviluppato le mutazioni specifiche ricercate, queste ultime non saranno rilevate. E' quindi possibile che mutazioni in geni non testati da **OncoNext Liquid™ Monitor Lung** possano essere causa di malattia del paziente.
- L'esame non è in grado di evidenziare:
 - mutazioni localizzate nelle regioni geniche non specificamente investigate;
 - delezioni, inversioni o duplicazioni maggiori di 25 bp.
- Un risultato **"NEGATIVO" - Assenza di mutazioni** per i geni investigati non esclude la possibilità che siano presenti mutazioni localizzate in regione del genoma non investigate dall'esame.
- Un risultato positivo deve essere interpretato nel contesto della storia clinica del paziente e correlato allo stadio della malattia, ai risultati di *imaging*, ai dettagli terapeutici, e ad altri dati di laboratorio.
- In alcuni casi, il risultato di un'analisi genomica può rivelare una variante o mutazione del DNA con un significato clinico non certo o determinabile in base alle attuali conoscenze medico-scientifiche.
- L'interpretazione delle varianti genetiche si basa sulle più recenti conoscenze disponibili al momento dell'analisi. Tale interpretazione potrebbe cambiare in futuro con l'acquisizione di nuove

informazioni scientifiche e mediche sulla struttura del genoma ed influire sulla valutazione stessa delle varianti.

- Alcune di queste varianti potrebbero non essere ancora state identificate o validate dalla comunità scientifica e quindi non essere riportate come patogenetiche al momento dell'analisi.
- Limite intrinseco della metodologia NGS utilizzata è la mancanza di uniformità di coverage per ciascuna regione genica analizzata. Tale limite si traduce nella possibilità, insita nelle metodiche NGS, che specifiche mutazioni dei geni selezionati potrebbero non essere state rilevate dal test.
- In caso di tumori che non abbiano ancora rilasciato DNA tumorale nel flusso sanguigno al momento del test, le mutazioni ricercate non saranno rilevate.
- Mutazioni somatiche non incluse nell'esame non saranno rilevate.
- Il test **OncoNext Liquid™ Monitor Lung** non è finalizzato all'individuazione della predisposizione ereditaria allo sviluppo dei tumori, ma rileva solo le mutazioni somatiche nel ctDNA
- Il test **OncoNext Liquid™ Monitor Lung** non è stato progettato come strumento diagnostico per il cancro, ma il suo utilizzo deve essere sempre affiancato da un'attenta valutazione del paziente anche attraverso metodiche tradizionali quali ad esempio biopsia tissutale e tecniche di imaging
- Il test **OncoNext Liquid™ Monitor Lung** non può sostituire la valutazione clinica di un medico, gli studi di imaging, o la biopsia tradizionale dei tessuti considerata ancora il gold standard per la diagnosi del cancro.

Target coverage.

Si intende per **Target Coverage**, il numero medio di letture (reads) ottenute dal sequenziamento per ciascuna base nucleotidica costituente il gene. In generale, più è profonda la copertura di una regione più sensibile e affidabile è l'analisi. Per le varianti analizzate è necessaria una copertura di **25.000x** per il rilevamento di mutazioni di frequenza fino a **0,1%**. I requisiti interni di controllo di qualità (QC) per il test **OncoNext Liquid™ Monitor Lung** impongono una **copertura maggiore di 25.000x** su più del 99% delle basi target previste per l'analisi.

Frequenza dell'allele mutato (MAF).

La frequenza dell'allele mutato è la frequenza identificata nel campione riportata per le diverse mutazioni (sostituzioni, inserzioni e delezioni).

Specifiche di performance del test

Mutant Allele Frequency (MAF) / Tumor Fraction	Sensibilità	Valore predittivo positivo (PPV)
≥0.1%	99% (97.2%-100%)*	99.9% (99.4%-100%)*

*95% Intervallo di confidenza

Disclaimer.

I dati presentati nella relazione tecnica e nei referti sono destinati all'uso esclusivo di personale sanitario qualificato. Ogni diagnosi, consulenza, o prescrizione di trattamento in relazione ai dati contenuti nella presente relazione tecnica, o nei referti, deve essere eseguita da un operatore sanitario qualificato che tenga conto della storia clinica del singolo paziente, compresi gli esiti dei altri metodi d'analisi tradizionali (es. biopsia tumorale dei tessuti e tecniche di imaging). Le informazioni contenute nei referti e nella presente relazione tecnica sono riferibili alla data in cui gli stessi sono stati emessi; si consiglia all'operatore sanitario che prende in carico il paziente di rivalutare in un eventuale futuro la situazione emersa secondo la più recente letteratura disponibile.

Tabella 4: Mutazioni hotspot ricercate nel test OncoNext Liquid™ Monitor Lung

GENE	MUTATION	COSMIC ID	Chromosome	HG19_coordinates (start-end)
------	----------	-----------	------------	------------------------------

ALK	p.R1275L	COSM28060	chr2	29432663	29432664
ALK	p.R1275Q	COSM28056	chr2	29432663	29432664
ALK	p.F1245L	COSM28062	chr2	29436857	29436858
ALK	p.F1245L	COSM28493	chr2	29436857	29436858
ALK	p.F1245C	COSM28500	chr2	29436858	29436859
ALK	p.F1245I	COSM28492	chr2	29436859	29436860
ALK	p.F1245V	COSM28499	chr2	29436859	29436860
ALK	p.L1196Q	COSM1169447	chr2	29443629	29443630
ALK	p.L1196M	COSM99137	chr2	29443630	29443631
ALK	p.V1180L	COSM4381101	chr2	29443678	29443679
ALK	p.F1174L	COSM28055	chr2	29443694	29443695
ALK	p.F1174L	COSM28061	chr2	29443694	29443695
ALK	p.F1174C	COSM28059	chr2	29443695	29443696
ALK	p.F1174S	COSM53063	chr2	29443695	29443696
ALK	p.F1174I	COSM28491	chr2	29443696	29443697
ALK	p.F1174V	COSM28054	chr2	29443696	29443697
ALK	p.F1174L	COSM28057	chr2	29443696	29443697
ALK	p.I1171N	COSM1169448	chr2	29445211	29445213
ALK	p.I1171N	COSM28498	chr2	29445212	29445213
ALK	p.I1171T	COSM4381100	chr2	29445212	29445213
ALK	p.C1156Y	COSM99136	chr2	29445257	29445258
ALK	p.L1152P	COSM1407659	chr2	29445269	29445270
ALK	p.L1152R	COSM97185	chr2	29445269	29445270
ALK	p.T1151_L1152insT	COSM144252	chr2	29445271	29445271
ALK	p.G1128A	COSM98475	chr2	29445449	29445450
BRAF	p.V600E	COSM476	chr7	140453135	140453136
BRAF	p.G469V	COSM459	chr7	140481401	140481402
BRAF	p.G466V	COSM451	chr7	140481410	140481411
BRAF	p.Y472C	COSM1133046	chr7	140481392	140481393
BRAF	p.L597V	COSM470	chr7	140453145	140453146
BRAF	p.G469A	COSM460	chr7	140481401	140481402
BRAF	p.Gly469Leu	COSM1548505	chr7	140481401	140481403
EGFR	p.E709K	COSM12988	chr7	55241676	55241677
EGFR	p.E709A	COSM13427	chr7	55241677	55241678
EGFR	p.G719C	COSM6253	chr7	55241706	55241707
EGFR	p.G719S	COSM6252	chr7	55241706	55241707
EGFR	p.G719A	COSM6239	chr7	55241707	55241708
EGFR	p.K745_E746insIPVAIK	COSM51504	chr7	55242464	55242464
EGFR	p.E746_A750delELREA	COSM6223	chr7	55242464	55242479
EGFR	p.E746_A750delELREA	COSM6225	chr7	55242465	55242480
EGFR	p.E746_T751A	COSM12678	chr7	55242466	55242481
EGFR	p.E746_S752V	COSM12384	chr7	55242466	55242485
EGFR	p.L747_E749delLRE	COSM6218	chr7	55242468	55242477
EGFR	p.L747_A750P	COSM12382	chr7	55242468	55242478
EGFR	p.L747_T751P	COSM12383	chr7	55242468	55242481
EGFR	p.L747_S752delLREATS	COSM6255	chr7	55242468	55242486
EGFR	p.L747_T751delLREAT	COSM12369	chr7	55242469	55242484
EGFR	p.L747_P753S	COSM12370	chr7	55242469	55242487
EGFR	p.S768I	COSM6241	chr7	55249004	55249005
EGFR	SYS_ERR	SYS_ERR	chr7	55249005	55249005
EGFR	p.V769_D770insASV	COSM12376	chr7	55249009	55249009
EGFR	p.D770_N771insSVD	COSM13428	chr7	55249013	55249013
EGFR	p.H773_V774insH	COSM12377	chr7	55249021	55249021
EGFR	p.H773_V774insNPH	COSM12381	chr7	55249021	55249021
EGFR	p.T790M	COSM6240	chr7	55249070	55249071
EGFR	p.C797S	COSM2741500	chr7	55249091	55249092

EGFR	p.E709_T710>D	COSM51525	chr7	55241678	55241681
EGFR	p.E709_T710>A	COSM85796	chr7	55241677	55241680
EGFR	p.E709_T710>G	COSM48981	chr7	55241677	55241681
EGFR	p.E709H	COSM12428	chr7	55241676	55241679
EGFR	p.E709G	COSM13009	chr7	55241677	55241678
EGFR	p.E709V	COSM12371	chr7	55241677	55241678
EGFR	p.G719D	COSM18425	chr7	55241707	55241708
EGFR	p.H835L	COSM6227	chr7	55259445	55259446
EGFR	SYS_ERR	SYS_ERR	chr7	55259445	55259447
EGFR	p.P848L	COSM22943	chr7	55259484	55259485
EGFR	SYS_ERR	SYS_ERR	chr7	55259484	55259485
EGFR	SYS_ERR	SYS_ERR	chr7	55259484	55259485
EGFR	SYS_ERR	SYS_ERR	chr7	55259484	55259485
EGFR	p.L858R	COSM6224	chr7	55259514	55259515
EGFR	p.L861Q	COSM6213	chr7	55259523	55259524
ERBB2	p.A775_G776insYVMA	COSM20959	chr17	37880995	37880995
KRAS	p.Q61H	COSM554	chr12	25380274	25380275
KRAS	p.Q61R	COSM552	chr12	25380275	25380276
KRAS	p.Q61L	COSM553	chr12	25380275	25380276
KRAS	p.G13D	COSM532	chr12	25398280	25398281
KRAS	p.G13C	COSM527	chr12	25398281	25398282
KRAS	p.G12V	COSM520	chr12	25398283	25398284
KRAS	p.G12D	COSM521	chr12	25398283	25398284
KRAS	p.G12A	COSM522	chr12	25398283	25398284
KRAS	p.G12F	COSM512	chr12	25398283	25398285
KRAS	p.G12C	COSM516	chr12	25398284	25398285
KRAS	p.G12S	COSM517	chr12	25398284	25398285
KRAS	p.G12R	COSM518	chr12	25398284	25398285
MAP2K1	p.F53I	COSM3503329	chr15	66727440	66727441
MAP2K1	p.F53L	COSM555604	chr15	66727440	66727441
MAP2K1	p.F53L	COSM1562837	chr15	66727441	66727442
MAP2K1	p.F53L	COSM1725008	chr15	66727442	66727443
MAP2K1	p.K57Q	OM3155	chr15	66727452	66727453
MAP2K1	p.Q56P	COSM1235481	chr15	66727450	66727451
MAP2K1	p.K57T	COSM4756761	chr15	66727453	66727454
MAP2K1	p.Lys57Asn	COSM1235478	chr15	66727454	66727455
MAP2K1	p.P124S	COSM235614	chr15	66729161	66729162
MAP2K1	p.P124Q	COSM1167912	chr15	66729162	66729163
MAP2K1	p.P124L	COSM1315861	chr15	66729162	66729163
MAP2K1	p.E203K	COSM232755	chr15	66774130	66774131
MAP2K1	p.E203V	COSM3386991	chr15	66774131	66774132
MET	p.T1010I	COSM707	chr7	116411989	116411990
MET	p.Y1021N	COSM48564	chr7	116412021	116412022
MET	p.Y1021F	COSM339515	chr7	116412022	116412023
MET	SYS_ERR	SYS_ERR	chr7	116412043	116412045
MET	NA	COSM24687	chr7	116412043	116412044
MET	NA	COSM29633	chr7	116412043	116412044
MET	NA	COSM35468	chr7	116412044	116412045
MET	p.H1112Y	COSM696	chr7	116417462	116417463
MET	p.H1112L	COSM698	chr7	116417463	116417464
MET	p.H1112R	COSM703	chr7	116417463	116417464
MET	p.Y1248H	COSM690	chr7	116423412	116423413
MET	p.Y1248C	COSM699	chr7	116423413	116423414
MET	p.Y1253N	COSM1447477	chr7	116423427	116423428
MET	p.Y1253H	COSM598581	chr7	116423427	116423428
MET	p.Y1253D	COSM700	chr7	116423427	116423428

MET	p.M1268V	COSM1568673	chr7	116423472	116423473
MET	p.M1268T	COSM691	chr7	116423473	116423474
MET	p.M1268I	COSM694	chr7	116423474	116423475
NRAS	p.Q61L	COSM583	chr1	115256528	115256529
NRAS	p.Q61K	NA	chr1	115256529	115256530
NRAS	p.A59T	NA	chr1	115256535	115256536
NRAS	p.G13V	COSM572	chr1	115258742	115258744
NRAS	p.G13D	COSM573	chr1	115258743	115258744
NRAS	SYS_ERR	SYS_ERR	chr1	115258746	115258747
NRAS	p.G13Y	COSM568	chr1	115258743	115258745
NRAS	p.G13V	COSM574	chr1	115258743	115258744
NRAS	p.G13A	COSM575	chr1	115258743	115258744
NRAS	p.G13N	COSM24668	chr1	115258743	115258745
NRAS	p.G13R	COSM569	chr1	115258744	115258745
NRAS	p.G13C	COSM570	chr1	115258744	115258745
NRAS	p.G13S	COSM571	chr1	115258744	115258745
NRAS	p.G12E	COSM144577	chr1	115258745	115258747
NRAS	p.G12D	COSM564	chr1	115258746	115258747
NRAS	p.G12P	COSM559	chr1	115258746	115258748
NRAS	p.G12Y	COSM560	chr1	115258746	115258748
NRAS	p.G12A	COSM565	chr1	115258746	115258747
NRAS	p.G12V	COSM566	chr1	115258746	115258747
NRAS	p.G12N	COSM12723	chr1	115258746	115258748
NRAS	p.G12R	COSM561	chr1	115258747	115258748
NRAS	p.G12C	COSM562	chr1	115258747	115258748
NRAS	p.G12S	COSM563	chr1	115258747	115258748
PIK3CA	p.E542K	COSM760	chr3	178936081	178936082
PIK3CA	p.E545K	COSM763	chr3	178936090	178936091
PIK3CA	p.H1047R	COSM775	chr3	178952084	178952085
ROS1	p.L1951M	COSM1072521	chr6	117641119	117641120
TP53	p.R337L	COSM11411	chr17	7574016	7574017
TP53	p.R283P	COSM10743	chr17	7577089	7577090
TP53	p.R282W	COSM10704	chr17	7577093	7577094
TP53	p.R280I	COSM11287	chr17	7577098	7577099
TP53	p.C277F	COSM10749	chr17	7577107	7577108
TP53	p.R273H	COSM10660	chr17	7577119	7577120
TP53	p.R273L	COSM10779	chr17	7577119	7577120
TP53	p.R273P	COSM43896	chr17	7577119	7577120
TP53	p.R273C	COSM10659	chr17	7577120	7577121
TP53	p.R249S	COSM10785	chr17	7577533	7577534
TP53	p.R249S	COSM10817	chr17	7577533	7577534
TP53	p.R249M	COSM43871	chr17	7577534	7577535
TP53	p.R248Q	COSM10662	chr17	7577537	7577538
TP53	p.R248L	COSM6549	chr17	7577537	7577538
TP53	p.R248W	COSM10656	chr17	7577538	7577539
TP53	p.G245V	COSM11196	chr17	7577546	7577547
TP53	p.G245C	COSM11081	chr17	7577547	7577548
TP53	p.C242F	COSM10810	chr17	7577555	7577556
TP53	p.M237I	COSM10834	chr17	7577569	7577570
TP53	p.Y234C	COSM10725	chr17	7577579	7577580
TP53	p.Y220C	COSM10758	chr17	7578189	7578190
TP53	p.H214R	COSM43687	chr17	7578207	7578208
TP53	p.Y205C	COSM43947	chr17	7578234	7578235
TP53	p.H179R	COSM10889	chr17	7578393	7578394
TP53	p.C176F	COSM10645	chr17	7578402	7578403
TP53	p.C176Y	COSM10687	chr17	7578402	7578403

TP53	p.R175H	COSM10648	chr17	7578405	7578406
TP53	p.V173L	COSM43559	chr17	7578412	7578413
TP53	p.Y163C	COSM10808	chr17	7578441	7578442
TP53	p.A159V	COSM11148	chr17	7578453	7578454
TP53	p.R158L	COSM10714	chr17	7578456	7578457
TP53	p.V157F	COSM10670	chr17	7578460	7578461
TP53	p.G154V	COSM6815	chr17	7578468	7578469
TP53	p.T125T	COSM45940	chr17	7579311	7579312

Bibliografia.

- Greenman, C., et al., Patterns of somatic mutation in human cancer genomes. *Nature*, 2007. 446(7132): p.153-8.
- Stephens, P.J., et al., The landscape of cancer genes and mutational processes in breast cancer. *Nature*, 2012. 486(7403): p. 400-4.
- Diaz, L.A., Jr. and A. Bardelli, Liquid biopsies: genotyping circulating tumor DNA. *J Clin Oncol*, 2014. 32(6): p. 579-86.
- Heitzer, E., P. Ulz, and J.B. Geigl, Circulating tumor DNA as a liquid biopsy for cancer. *Clin Chem*, 2015. 61(1): p. 112-23.
- Lebofsky, R., et al., Circulating tumor DNA as a non-invasive substitute to metastasis biopsy for tumor genotyping and personalized medicine in a prospective trial across all tumor types. *Mol Oncol*, 2015. 9(4): p. 783-90.
- Esposito, A., et al., Monitoring tumor-derived cell-free DNA in patients with solid tumors: clinical perspectives and research opportunities. *Cancer Treat Rev*, 2014. 40(5): p. 648-55.
- Newman, A.M., et al., An ultrasensitive method for quantitating circulating tumor DNA with broad patient coverage. *Nat Med*, 2014. 20(5): p. 548-54.
- Kidess, E., et al., Mutation profiling of tumor DNA from plasma and tumor tissue of colorectal cancer patients with a novel, high-sensitivity multiplexed mutation detection platform. *Oncotarget*, 2015. 6(4): p. 2549-61.
- Forshew, T., et al., Noninvasive identification and monitoring of cancer mutations by targeted deep sequencing of plasma DNA. *Sci Transl Med*, 2012. 4(136): p. 136ra68.
- Siegel, R.L., K.D. Miller, and A. Jemal, Cancer statistics, 2015. *CA Cancer J Clin*, 2015. 65(1): p. 5-29.
- Davies, H., et al., Mutation of the BRAF gene in human cancer. *Nature*, 2002. 417(6892): p. 949-54.
- Romero, A., et al., Identification of E545k mutation in plasma from a PIK3CA wild-type metastatic breast cancer patient by array-based digital polymerase chain reaction: Circulating-free DNA a powerful tool for biomarker testing in advance disease. *Transl Res*, 2015.
- Ascierto, P.A., et al., Phase II trial (BREAK-2) of the BRAF inhibitor dabrafenib (GSK2118436) in patients with metastatic melanoma. *J Clin Oncol*, 2013. 31(26): p. 3205-11.
- Rothschild, S.I., Targeted Therapies in Non-Small Cell Lung Cancer-Beyond EGFR and ALK. *Cancers (Basel)*, 2015. 7(2): p. 930-49.
- Heidary, M., et al., The dynamic range of circulating tumor DNA in metastatic breast cancer. *Breast Cancer Res*, 2014. 16(4): p. 421.
- Zill, O.A., et al., Cell-Free DNA Next-Generation Sequencing in Pancreatobiliary Carcinomas. *Cancer Discov*, 2015.
- Janku, F., et al., Actionable mutations in plasma cell-free DNA in patients with advanced cancers referred for experimental targeted therapies. *Oncotarget*, 2015. 6(14): p. 12809-21.
- Tabernero, J., et al., Analysis of circulating DNA and protein biomarkers to predict the clinical activity of regorafenib and assess prognosis in patients with metastatic colorectal cancer: a retrospective, exploratory analysis of the CORRECT trial. *Lancet Oncol*, 2015.
- Forbes, S.A., et al., COSMIC: exploring the world's knowledge of somatic mutations in human cancer. *Nucleic Acids Res*, 2015. 43(Database issue): p. D805-11.
- Shah, S.P., et al., Mutation of FOXL2 in granulosa-cell tumors of the ovary. *N Engl J Med*, 2009. 360(26): p.2719-29.
- Schirripa, M., et al., Role of NRAS mutations as prognostic and predictive markers in metastatic colorectal cancer. *Int J Cancer*, 2015. 136(1): p. 83-90.
- Janku, F., et al., PIK3CA mutations frequently coexist with RAS and BRAF mutations in patients with advanced cancers. *PLoS One*, 2011. 6(7): p. e22769.
- Kalfa, N., et al., Activating mutations of Gsalpha in kidney cancer. *J Urol*, 2006. 176(3): p. 891-5.
- Fecteau, R.E., et al., GNAS mutations identify a set of right-sided, RAS mutant, villous colon cancers. *PLoS One*, 2014. 9(1): p. e87966.
- Sparks, A.B., et al., Mutational analysis of the APC/beta-catenin/Tcf pathway in colorectal cancer. *Cancer Res*, 1998. 58(6): p. 1130-4.
- Bettegowda, C., et al., Detection of circulating tumor DNA in early- and late-stage human malignancies. *Sci Transl Med*, 2014. 6(224): p. 224ra24.
- Oshiro, C., et al., PIK3CA mutations in serum DNA are predictive of recurrence in primary breast cancer patients. *Breast Cancer Res Treat*, 2015. 150(2): p. 299-307.
- Beaver, J.A., et al., Detection of cancer DNA in plasma of patients with early-stage breast cancer. *Clin Cancer Res*, 2014. 20(10): p. 2643-50.
- Dawson, S.J., et al., Analysis of circulating tumor DNA to monitor metastatic breast cancer. *N Engl J Med*, 2013. 368(13): p. 1199-209.
- Ignatiadis, M. and S.J. Dawson, Circulating tumor cells and circulating tumor DNA for precision medicine: dream or reality? *Ann Oncol*, 2014. 25(12): p. 2304-13.
- Murtaza, M., et al., Non-invasive analysis of acquired resistance to cancer therapy by sequencing of plasma DNA. *Nature*, 2013. 497(7447): p. 108-12.
- Mohamed Suhaimi, N.A., et al., Non-invasive sensitive detection of KRAS and BRAF mutation in circulating tumor cells of colorectal cancer patients. *Mol Oncol*, 2015.

33. Sanmamed, M.F., et al., Quantitative cell-free circulating BRAFV600E mutation analysis by use of droplet digital PCR in the follow-up of patients with melanoma being treated with BRAF inhibitors. *Clin Chem*, 2015;61(1):p.297-304.
34. Siravegna, G., et al., Clonal evolution and resistance to EGFR blockade in the blood of colorectal cancer patients. *Nat Med*, 2015.
35. Roschewski, M., et al., Circulating tumour DNA and CT monitoring in patients with untreated diffuse large B-cell lymphoma: a correlative biomarker study. *Lancet Oncol*, 2015.
36. Heitzer E, Ulz P, Geigl JB. Circulating tumor DNA as a liquid biopsy for cancer. *Clinical chemistry*. 2015;61:112-23.
37. Lebofsky R, Decraene C, Bernard V, et al. Circulating tumor DNA as a non-invasive substitute to metastasis biopsy for tumor genotyping and personalized medicine in a prospective trial across all tumor types. *Molecular oncology*. 2015;9:783-90.
38. Esposito A, Bardelli A, Criscitiello C, et al. Monitoring tumor-derived cell-free DNA in patients with solid tumors: clinical perspectives and research opportunities. *Cancer treatment reviews*. 2014;40:648-55.
39. Diaz LA Jr, Bardelli A. Liquid biopsies: genotyping circulating tumor DNA. *Journal of clinical oncology : official journal of the American Society of Clinical Oncology*. 2014;32:579-86.
40. Perrone F, Lampis A, Bertan C, et al. Circulating free DNA in a screening program for early colorectal cancer detection. *Tumori*. 2014;100:115-21.
41. Amberger JS, Bocchini CA, Schiettecatte F, Scott AF, Hamosh A. OMIM.org: Online Mendelian Inheritance in Man (OMIM®), an online catalog of human genes and genetic disorders. *Nucleic acids research*. 2015;43:D789-98.
42. Forbes SA, Beare D, Gunasekaran P, et al. COSMIC: exploring the world's knowledge of somatic mutations in human cancer. *Nucleic acids research*. 2015;43:D805-11.
43. Ascierto PA, Minor D, Ribas A, et al. Phase II trial (BREAK-2) of the BRAF inhibitor dabrafenib (GSK2118436) in patients with metastatic melanoma. *Journal of clinical oncology : official journal of the American Society of Clinical Oncology*. 2013;31:3205-11.
44. Smalley KS, Xiao M, Villanueva J, et al. CRAF inhibition induces apoptosis in melanoma cells with non-V600E BRAF mutations. *Oncogene*. 2009;28:85-94.
45. Homet Moreno B, Ribas A. Anti-programmed cell death protein-1/ligand-1 therapy in different cancers. *British journal of cancer*. 2015;112:1421-7.
46. Morelli MP, Overman MJ, Dasari A, et al. Characterizing the patterns of clonal selection in circulating tumor DNA from patients with colorectal cancer refractory to anti-EGFR treatment. *Annals of oncology : official journal of the European Society for Medical Oncology/ESMO*. 2015;26:731-6.
47. Zill OA, Greene C, Sebisanoovic D, et al. Cell-Free DNA Next-Generation Sequencing in Pancreatobiliary Carcinomas. *Cancer discovery*. 2015;
48. Thress KS, Pawelczak CP, Felip E, et al. Acquired EGFR C797S mutation mediates resistance to AZD9291 in non-small cell lung cancer harboring EGFR T790M. *Nature medicine*. 2015;21:560-2.
49. Karachaliou N, Mayo-de Las Casas C, Queralt C, et al. Association of EGFR L858R Mutation in Circulating Free DNA With Survival in the EURTAC Trial. *JAMA oncology*. 2015;1:149-57.
50. Shah SP, Köbel M, Senz J, et al. Mutation of FOXL2 in granulosa-cell tumors of the ovary. *The New England journal of medicine*. 2009;360:2719-29.
51. De Stefano A, Carlomagno C. Beyond KRAS: Predictive factors of the efficacy of anti-EGFR monoclonal antibodies in the treatment of metastatic colorectal cancer. *World journal of gastroenterology : WJG*. 2014;20:9732-43.
52. Siravegna G, Mussolin B, Buscarino M, et al. Clonal evolution and resistance to EGFR blockade in the blood of colorectal cancer patients. *Nature medicine*. 2015;21:795-801.
53. Schirripa M, Cremolini C, Loupakis F, et al. Role of NRAS mutations as prognostic and predictive markers in metastatic colorectal cancer. *International journal of cancer. Journal international du cancer*. 2015;136:83-90.
54. Wong AL, Lim JS, Sinha A, et al. Tumour pharmacodynamics and circulating cell free DNA in patients with refractory colorectal carcinoma treated with regorafenib. *Journal of translational medicine*. 2015;13:57.
55. Rodon J, Braña I, Siu LL, et al. Phase I dose-escalation and -expansion study of buparlisib (BKM120), an oral pan-Class I PI3K inhibitor, in patients with advanced solid tumors. *Investigational new drugs*. 2014;32:670-81.
56. Forshew T, Murfaza M, Parkinson C, et al. Noninvasive identification and monitoring of cancer mutations by targeted deep sequencing of plasma DNA. *Science translational medicine*. 2012;4:136ra68.
57. Madic J, Kiialainen A, Bidard FC, et al. Circulating tumor DNA and circulating tumor cells in metastatic triple negative breast cancer patients. *International journal of cancer. Journal international du cancer*. 2015;136:2158-65.
58. Bettgowda C, Sausen M, Leary RJ, et al. Detection of circulating tumor DNA in early- and late-stage human malignancies. *Science translational medicine*. 2014;6:224ra24.
59. NCCN Clinical Practice Guidelines in Oncology (www.nccn.org/professionals/physician_gls/f_guidelines.asp#site) Accessed 15 June 2015.
60. Van Cutsem E, Cervantes A, Nordlinger B, Arnold D; ESMO Guidelines Working Group. Metastatic colorectal cancer: ESMO Clinical Practice Guidelines for diagnosis, treatment and follow-up. *Ann Oncol*. 2014;25 Suppl 3:iii1-9.
61. Higgins MJ, Baselga J (2011) Targeted therapies for breast cancer. *J Clin Invest* 121(10):3797-803.
62. Cancer Genome Atlas Research Network (2014) Comprehensive molecular profiling of lung adenocarcinoma. *Nature* 511(7511):543-50.
63. Swanton C, Futreal A, Eisen T (2006) Her2-targeted therapies in non-small cell lung cancer. *Clin Cancer Res* 12(14 Pt 2):4377s- 4383s.
64. Nakamura H, Kawasaki N, Taguchi M, et al. (2005) Association of HER-2 overexpression with prognosis in nonsmall cell lung carcinoma: a metaanalysis. *Cancer* 103(9):1865-73.
65. Tan D, Deeb G, Wang J, et al. (2003) HER-2/neu protein expression and gene alteration in stage I-IIIa non-small-cell lung cancer: a study of 140 cases using a combination of high throughput tissue microarray, immunohistochemistry, and fluorescent in situ hybridization. *Diagn Mol Pathol* 12(4):201-11.
66. Slamon DJ, Leyland-Jones B, Shak S, et al. (2001) Use of chemotherapy plus a monoclonal antibody against HER2 for metastatic breast cancer that overexpresses HER2. *N Engl J Med* 344(11):783-92.

67. Bang YJ, Van Cutsem E, Feyereislova A, et al. (2010) Trastuzumab in combination with chemotherapy versus chemotherapy alone for treatment of HER2-positive advanced gastric or gastro-oesophageal junction cancer (ToGA): a phase 3, open-label, randomised controlled trial. *Lancet* 376(9742):687-97.
68. Chumsri S, Weidler J, Ali S, et al. (2015) Prolonged Response to Trastuzumab in a Patient With HER2-Nonamplified Breast Cancer With Elevated HER2 Dimerization Harboring an ERBB2 S310F Mutation. *J Natl Compr Canc Netw* 13(9):1066-70.
69. Cappuzzo F, Bemis L, Varella-Garcia M (2006) HER2 mutation and response to trastuzumab therapy in non-small-cell lung cancer. *N Engl J Med* 354(24):2619-21.
70. Falchook GS, Janku F, Tsao AS, et al. (2013) Non-small-cell lung cancer with HER2 exon 20 mutation: regression with dual HER2 inhibition and anti-VEGF combination treatment. *J Thorac Oncol* 8(2):e19-20.
71. Mazières J, Peters S, Lepage B, et al. (2013) Lung cancer that harbors an HER2 mutation: epidemiologic characteristics and therapeutic perspectives. *J Clin Oncol* 31(16):1997-2003.
72. Baselga J, Cortés J, Kim SB, et al. (2012) Pertuzumab plus trastuzumab plus docetaxel for metastatic breast cancer. *N Engl J Med* 366(2):109-19.
73. Swain SM, Baselga J, Kim SB, et al. (2015) Pertuzumab, trastuzumab, and docetaxel in HER2-positive metastatic breast cancer. *N Engl J Med* 372(8):724-34.
74. Verma S, Miles D, Gianni L, et al. (2012) Trastuzumab emtansine for HER2-positive advanced breast cancer. *N Engl J Med* 367(19):1783-91.
75. Cameron D, Casey M, Oliva C, et al. (2010) Lapatinib plus capecitabine in women with HER-2-positive advanced breast cancer: final survival analysis of a phase III randomized trial. *Oncologist* 15(9):924-34.
76. Geyer CE, Forster J, Lindquist D, et al. (2006) Lapatinib plus capecitabine for HER2-positive advanced breast cancer. *N Engl J Med* 355(26):2733-43.
77. Serra V, Vivancos A, Puente XS, et al. (2013) Clinical response to a lapatinib-based therapy for a Li-Fraumeni syndrome patient with a novel HER2V659E mutation. *Cancer Discov* 3(11):1238-44.
78. Ali SM, Alpaugh RK, Downing SR, et al. (2014) Response of an ERBB2-Mutated Inflammatory Breast Carcinoma to Human Epidermal Growth Factor Receptor 2-Targeted Therapy. *J Clin Oncol ePub Feb 2014*.
79. Lin NU, Winer EP, Wheatley D, et al. (2012) A phase II study of afatinib (BIBW 2992), an irreversible ErbB family blocker, in patients with HER2-positive metastatic breast cancer progressing after trastuzumab. *Breast Cancer Res Treat* 133(3):1057-65.
80. Schwab CL, Bellone S, English DP, et al. (2014) Afatinib demonstrates remarkable activity against HER2-amplified uterine serous endometrial cancer in vitro and in vivo. *Br J Cancer* 111(9):1750-6.
81. De Grève J, Teugels E, Geers C, et al. (2012) Clinical activity of afatinib (BIBW 2992) in patients with lung adenocarcinoma with mutations in the kinase domain of HER2/neu. *Lung Cancer* 76(1):123-7.
82. De Grève J, Moran T, Graas MP, et al. (2015) Phase II study of afatinib, an irreversible ErbB family blocker, in demographically and genotypically defined lung adenocarcinoma. *Lung Cancer* 88(1):63-9.
83. Gandhi L, Bahleda R, Tolaney SM, et al. (2014) Phase I study of neratinib in combination with temsirolimus in patients with human epidermal growth factor receptor 2-dependent and other solid tumors. *J Clin Oncol* 32(2):68-75.
84. Ben-Baruch NE, Bose R, Kavuri SM, et al. (2015) HER2-Mutated Breast Cancer Responds to Treatment With Single-Agent Neratinib, a Second-Generation HER2/EGFR Tyrosine Kinase Inhibitor. *J Natl Compr Canc Netw* 13(9):1061-4.
85. Kris MG, Camidge DR, Giaccone G, et al. (2015) Targeting HER2 aberrations as actionable drivers in lung cancers: phase II trial of the pan-HER tyrosine kinase inhibitor dacomitinib in patients with HER2-mutant or amplified tumors. *Ann Oncol ePub Apr 2015*.
86. Takada M, Higuchi T, Tozuka K, et al. (2013) Alterations of the genes involved in the PI3K and estrogen-receptor pathways influence outcome in human epidermal growth factor receptor 2-positive and hormone receptor-positive breast cancer patients treated with trastuzumab-containing neoadjuvant chemotherapy. *BMC Cancer* 13:241.
87. Jensen JD, Knoop A, Laenkholm AV, et al. (2012) PIK3CA mutations, PTEN, and pHER2 expression and impact on outcome in HER2-positive early-stage breast cancer patients treated with adjuvant chemotherapy and trastuzumab. *Ann Oncol* 23(8):2034-42.
88. Berns K, Horlings HM, Hennessy BT, et al. (2007) A functional genetic approach identifies the PI3K pathway as a major determinant of trastuzumab resistance in breast cancer. *Cancer Cell* 12(4):395-402.
89. Dave B, Migliaccio I, Gutierrez MC, et al. (2011) Loss of phosphatase and tensin homolog or phosphoinositol-3 kinase activation and response to trastuzumab or lapatinib in human epidermal growth factor receptor 2-overexpressing locally advanced breast cancers. *J Clin Oncol* 29(2):166-73.
90. Loibl S, von Minckwitz G, Schneeweiss A, et al. (2014) PIK3CA Mutations Are Associated With Lower Rates of Pathologic Complete Response to Anti-Human Epidermal Growth Factor Receptor 2 (HER2) Therapy in Primary HER2-Overexpressing Breast Cancer. *J Clin Oncol ePub Sep 2014*.
91. Barbareschi M, Cuorvo LV, Girlando S, et al. (2012) PIK3CA mutations and/or PTEN loss in Her2-positive breast carcinomas treated with trastuzumab are not related to resistance to anti-Her2 therapy. *Virchows Arch* 461(2):129-39.
92. Guarnieri V, Generali DG, Frassoldati A, et al. (2014) Double-blind, placebo-controlled, multicenter, randomized, phase IIb neoadjuvant study of letrozole-lapatinib in postmenopausal hormone receptor-positive, human epidermal growth factor receptor 2-negative, operable breast cancer. *J Clin Oncol* 32(10):1050-7.
93. Jones KL, Buzdar AU (2009) Evolving novel anti-HER2 strategies. *Lancet Oncol* 10(12):1179-87.
94. Zagouri F, Sergentanis TN, Chrysikos D, et al. (2013) Hsp90 inhibitors in breast cancer: a systematic review. *Breast* 22(5):569-78.
95. Aarthy, R., Mani, S., Velusami, S. et al. *Mol Diagn Ther* (2015) 19: 339. doi:10.1007/s40291-015-0167-y

97. Chaudhuri AA, Binkley MS, Osmundson EC, Alizadeh AA, Diehn M. Predicting radiotherapy responses and treatment outcomes through analysis of circulating tumor DNA. *Seminars in radiation oncology*. 2015;25(4):305-312. doi:10.1016/j.semradonc.2015.05.001.
98. Michail Ignatiadis, Mark Lee and Stefanie S. Jeffrey, *Clin Cancer Res* November 1 2015 (21) (21) 4786-4800; DOI: 10.1158/1078-0432.CCR-14-1190
99. Jiri Polivka Jr, Martin Pesta, and Filip Janku, *Expert Review Of Molecular Diagnostics* Vol. 15 , Iss. 12,2015
100. Diehl F, Schmidt K, Choti MA, et al. Circulating mutant DNA to assess tumor dynamics. *Nature medicine*. 2008;14(9):985-990. doi:10.1038/nm.1789.
101. Diehl F, Li M, Dressman D, et al. Detection and quantification of mutations in the plasma of patients with colorectal tumors. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America*. 2005;102(45):16368-16373. doi:10.1073/pnas.0507904102.
102. Fan HC, Blumenfeld YJ, Chitkara U, Hudgins L, Quake SR. Noninvasive diagnosis of fetal aneuploidy by shotgun sequencing DNA from maternal blood. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America*. 2008;105(42):16266-16271. doi:10.1073/pnas.0808319105.
103. Sabine Jahr, Hannes Hentze, Sabine Englisch, Dieter Hardt, Frank O. Fackelmayer, Rolf-Dieter Heschand Rolf Knippers, *Cancer Res* February 2 2001 (61) (4) 1659-1665
104. Mouliere F, Robert B, Arnau Peyrotte E, et al. High Fragmentation Characterizes Tumour-Derived Circulating DNA. Lee T, ed. *PLoS ONE*. 2011;6(9):e23418. doi:10.1371/journal.pone.0023418.
105. Holdhoff et al., *JNCI J Natl Cancer Inst* (2009) 101(18): 1284-1285. doi: 10.1093/jnci/djp240
106. Newman AM, Bratman SV, To J, et al. An ultrasensitive method for quantitating circulating tumor DNA with broad patient coverage. *Nature medicine*. 2014;20(5):548-554. doi:10.1038/nm.3519.
107. Cécile Jovelet et al., *Clin Cancer Res* June 15 2016 (22) (12) 2960-2968
108. Gerlinger M, Rowan AJ, Horswell S, et al. Intratumor Heterogeneity and Branched Evolution Revealed by Multiregion Sequencing. *The New England journal of medicine*. 2012;366(10):883-892. doi:10.1056/NEJMoa1113205.
109. Hiley C, de Bruin EC, McGranahan N, Swanton C. Deciphering intratumor heterogeneity and temporal acquisition of driver events to refine precision medicine. *Genome Biology*. 2014;15(8):453. doi:10.1186/s13059-014-0453-8.
110. Ichihara E, Lovly CM. Shades of T790M – intratumor heterogeneity in EGFR mutant lung cancer. *Cancer discovery*. 2015;5(7):694-696. doi:10.1158/2159-8290.CD-15-0616.
111. Nik-Zainal S, Van Loo P, Wedge DC, et al. The Life History of 21 Breast Cancers. *Cell*. 2012;149(5):994-1007. doi:10.1016/j.cell.2012.04.023.
112. Piotrowska Z, Niederst MJ, Karlovich CA, et al. Heterogeneity Underlies the Emergence of EGFR T790 Wild-Type Clones Following Treatment of T790M-Positive Cancers with a Third Generation EGFR Inhibitor. *Cancer discovery*. 2015;5(7):713-722. doi:10.1158/2159-8290.CD-15-0399.
113. Wang Y, Waters J, Leung ML, et al. Clonal Evolution in Breast Cancer Revealed by Single Nucleus Genome Sequencing. *Nature*. 2014;512(7513):155-160. doi:10.1038/nature13600.
114. Patel eTsui, 2015, *Clinical Biochemistry*, Volume 48, Issue 15, October 2015, Pages 957–961