

OncoNext™ RISK - Melanoma

Cos'è il tumore?

Il **tumore**, oggi, può essere considerato una patologia a componente genetica caratterizzata da una crescita cellulare incontrollata. Le cellule del nostro corpo ricevono dei segnali che indicano loro quando crescere e moltiplicarsi e quando tale crescita deve arrestarsi. Nel tumore tali cellule, a causa di alterazioni del proprio patrimonio genetico, non rispondono ai segnali di controllo e crescono e si moltiplicano irregolarmente diffondendosi in diverse parti del corpo.

L'evento che determina l'alterazione della funzione dei geni viene definito "**mutazione**". Quando un gene subisce una mutazione per varie cause (biologiche, chimiche, fisiche), le informazioni che arriveranno alla cellula saranno improprie per le funzioni a cui è deputata.

I tumori sono ereditari?

Le neoplasie sono per lo più patologie multifattoriali alla cui insorgenza partecipano fattori di rischio di tipo costituzionale e ambientale. La maggior parte dei tumori sono cosiddetti "**sporadici**", cioè si manifestano nella popolazione generale senza che ci siano elementi che facciano sospettare la presenza di un chiaro fattore predisponente su base genetica. In questo genere di tumori, le **alterazioni del DNA (mutazioni)** si sviluppano casualmente a livello delle cellule somatiche, cioè quelle cellule che costituiscono ogni organo ed apparato del nostro organismo. Queste mutazioni si originano nel DNA di un ristretto gruppo di cellule e determineranno l'errore genetico che si perpetuerà nelle discendenti di quelle cellule, le quali accumulandosi in un determinato organo si sostituiranno inizialmente al tessuto sano per poi diffondersi in altri organi vicini o a distanza (metastasi).

Esistono però delle forme di tumore che possono essere definite "**familiari**", in quanto le persone affette della famiglia presentano fra di loro uno stretto legame di parentela. La familiarità costituisce, senz'altro, un importante fattore di rischio, per lo più dovuto alla condivisione di fattori di rischio ambientali comuni (abitudini di vita, dieta, inquinanti, etc.), senza che vi sia una specifica alterazione genetica predisponente alla malattia.

Solo una piccola, anche se significativa, percentuale dei tumori sono cosiddetti "**ereditari**". In questi tumori le mutazioni del DNA insorgono a livello delle cellule germinali o riproduttive e quindi potranno essere trasmesse alla progenie. L'individuo avrà alla nascita quel difetto genetico su uno o più geni in tutte le cellule dell'organismo, e sarà quindi predisposto a sviluppare una neoplasia quando, nel corso della vita, altre mutazioni si sommeranno a quella predisponente.

Ogni persona all'atto del suo concepimento, acquisisce due copie di ciascun gene, una copia viene trasmessa dal padre ed una dalla madre: eventuali alterazioni geniche presenti nel patrimonio genetico dei genitori verranno pertanto trasmesse ai figli. Se uno dei genitori presenta una mutazione a livello di uno dei geni coinvolti nell'insorgenza di un determinato tumore (ereditario), **i figli possiedono il 50% di probabilità di ereditare quella mutazione**. Le persone che ereditano una mutazione germinale in questi geni nascono con una copia del gene mutata. Queste persone **non ereditano il tumore, ma solamente la predisposizione a sviluppare più facilmente quel tumore** rispetto alla popolazione generale.

Il test OncoNext™ Risk Melanoma

OncoNext™ Risk Melanoma è un test diagnostico, sviluppato da GENOMA Group, che permette di eseguire un'analisi genetica multipla **per valutare la predisposizione allo sviluppo di Melanoma**. Il test, quindi, permette di identificare i pazienti a rischio di insorgenza della suddetta neoplasia attraverso l'analisi del loro DNA.

Per chi è indicato il test OncoNext™ Risk Melanoma?

Il test di predisposizione genetica è indirizzato a quelle persone che ad una approfondita anamnesi familiare risultano con elevata e specifica incidenza di malattie neoplastiche nelle generazioni precedenti, e pertanto ad elevato rischio di essere portatori di mutazione germinale.

Si può sospettare una forma ereditaria di neoplasia quando in una famiglia vi sono:

- diversi soggetti affetti dallo stesso tipo di tumore o tumori correlati,
- soggetti affetti da tumori multipli,
- tumori insorti in età giovanile.

Il genetista, con il consenso informato della persona, deciderà se è indicato procedere con il test diagnostico di mutazione del DNA.

Quali sono i benefici del test OncoNext™ Risk Melanoma?

La possibilità di individuare i soggetti a rischio di sviluppare una neoplasia rappresenta oggi il miglior metodo per giungere ad una diagnosi precoce del tumore e quindi per ridurre la mortalità in tale patologia.

I membri di famiglie ad alto rischio ereditario, ed in particolare chi è stato interessato direttamente da una neoplasia, può richiedere una consulenza genetica e discutere con il genetista circa la propria situazione clinico-genetica. Tale valutazione potrà promuovere il test genetico per accertare se il paziente è portatore di una mutazione che predispone allo sviluppo di un tumore specifico.

In caso di positività del test l'accertamento potrà essere esteso ai familiari del paziente, al fine di individuare i soggetti a rischio.

L'informazione ottenuta dal test genetico può apportare notevoli **benefici**, quali:

- L'identificazione dei membri di una famiglia che sono ad **alto rischio di sviluppare il tumore**;
- L'organizzazione di un adeguato **programma di controllo medico** riservato ai soggetti ad alto rischio, in maniera tale da facilitare la diagnosi precoce all'insorgenza del tumore;
- La conoscenza della possibilità di **trasmissione delle mutazioni geniche** alla progenie e l'individuazione dei soggetti figli, con mutazioni geniche germinali, ad alto rischio;
- La valutazione di eventuali indicazioni a terapie di **profilassi preventiva**.

Come viene effettuato il test OncoNext™ Risk Melanoma?

Il test viene eseguito mediante il prelievo di un campione ematico. Tramite un'analisi complessa di laboratorio, il DNA viene isolato dalle cellule nucleate ed **amplificato mediante tecnica PCR**. Successivamente, attraverso un processo tecnologico avanzato di **sequenziamento massivo parallelo (MPS)**, che impiega tecniche di **Next Generation Sequencing (NGS)** utilizzando sequenziatori **ILLUMINA**, si sequenziano completamente, ad elevata profondità di lettura, **8 geni** (esoni e regioni introniche adiacenti, ± 5 nucleotidi) (Tabella 1) coinvolti nella maggior parte dei casi di predisposizione ereditaria allo sviluppo del melanoma:

BAP1, BRCA2, CDK4, CDKN2A, MITF, PTEN, RB1, TP53.

Le sequenze geniche ottenute vengono analizzate attraverso un'**avanzata analisi bioinformatica**, per determinare la presenza di eventuali mutazioni nei geni in esame.

Risultati ottenibili con il test OncoNext™ Risk Melanoma

"POSITIVO" – Presenza di una o più mutazioni: indica che il test ha rilevato una o più mutazioni a livello di uno (o più) geni responsabili della predisposizione ereditaria allo sviluppo di Melanoma, cioè presentano una copia del gene mutata. Il nostro genetista, in sede di consulenza genetica, spiegherà in maniera dettagliata il significato del risultato del test, fornendo una stima in termini probabilistici riguardo il rischio di sviluppare il tumore specifico, associato a quel tipo di mutazione riscontrata in un particolare gene.

Un risultato positivo non significa che il paziente ai cui è stata riscontrata una mutazione svilupperanno necessariamente il tumore, ma solamente che quel paziente ha una **predisposizione a sviluppare il tumore**, cioè possiede un **rischio maggiore** rispetto ad una persona che non presenta la specifica mutazione. Infatti, non tutte le persone che sono portatrici di mutazione sviluppano la

patologia neoplastica; sebbene queste mutazioni aumentano notevolmente il rischio di insorgenza del tumore, questo non si sviluppa finché la copia normale del gene corrispondente non viene soggetta a mutazione nel corso della vita.

Poiché ciascuna persona eredita due copie dello stesso gene, deve incorrere un evento mutazionale in ciascuna copia per sopprimere la funzione di quel gene; l'acquisizione di una nuova mutazione può quindi provocare direttamente l'insorgenza del tumore. L'identificazione di una mutazione predisponente permette di stabilire un protocollo di controlli clinici ravvicinati e di valutare l'opportunità di interventi preventivi. Permette inoltre di estendere l'esame ad altri familiari a rischio che desiderino eseguirlo. In questi ultimi l'analisi ha valore di test predittivo, perché consente di distinguere, all'interno di queste famiglie, i soggetti portatori della mutazione dai non portatori, identificando con precisione gli individui che presentano un elevato rischio di tumore e coloro il cui rischio è paragonabile a quello della popolazione generale. In questo modo, i primi potranno essere avviati in maniera mirata a specifici programmi di sorveglianza, al fine di una diagnosi precoce, o di profilassi, mentre i secondi potranno essere indirizzati ai controlli previsti per la popolazione generale.

Le mutazioni riscontrabili tramite il test **OncoNext™ Risk Melanoma** possono rientrare nelle seguenti categorie prognostiche:

- o **con significato patologico noto**;
- o **con significato benigno** in quanto sono riscontrabili in individui normali e sono prive di significato patologico;
- o **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.

“NEGATIVO” - Assenza di mutazioni: indica che il test non ha rilevato la presenza di mutazioni nei geni esaminati. Tuttavia è importante sottolineare che un risultato negativo non significa che il paziente ha rischio zero di sviluppare un tumore; queste persone possiedono lo stesso rischio di tumore riportato per la popolazione generale, ciò perché la maggior parte di questo genere di tumori si estrinseca in forma sporadica.

Parametri utilizzati per la refertazione delle varianti genetiche

L'analisi è mirata esclusivamente ai geni elencati in Tabella 1. Verranno refertate solo le mutazioni classificate come a significato patogenetiche noto o con significato incerto, sulla base dei dati della letteratura scientifica e la classificazione presente nel database di riferimento Human Gene Mutation Database (HGMD), aggiornato alla data del prelievo. Inoltre, seguendo le indicazioni dell'American College of Medical Genetics (ACMG), sono state considerate come patogenetiche o presunte patogenetiche solo le mutazioni

con un valore di Minor Allele Frequency (MAF) <5% (1000 Genomes Project), riferibile come la frequenza di ricorrenza dell'allele meno comune all'interno della popolazione.

Target Coverage

Si intende per *Target Coverage*, il numero medio di letture (*reads*) ottenute dal sequenziamento per ciascuna base nucleotidica costituente il gene. Le varianti con una profondità di lettura (numero di *reads*) inferiore a 30X non vengono evidenziate dall'algoritmo di analisi bioinformatica.

Accuratezza del test OncoNext™ Risk Melanoma

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™ Risk Melanoma

Questo esame valuta solo i geni elencati in Tabella 1, e non è in grado di evidenziare:

- mutazioni localizzate nelle regioni introniche oltre ± 5 nucleotidi dai breakpoints;
- delezioni, inversioni o duplicazioni maggiori di 20 bp;
- mosaicismi della linea germinale (cioè mutazioni presenti solo nei gameti).

Un risultato "**NEGATIVO**" - **Assenza di mutazioni** per i geni investigati non esclude la possibilità di essere portatori di una mutazione localizzata in una regione del genoma non investigata dall'esame.

E' possibile che alcune zone del proprio DNA non possano essere sequenziate o che abbiano una copertura inferiore ai limiti fissati dagli esperti di GENOMA Group per garantire un'analisi accurata delle varianti. Queste regioni non saranno quindi comprese nell'analisi qualora non superino gli standard qualitativi richiesti.

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 patologie possono essere causate o regolate da più di una variante nel suo DNA in uno o più geni. Alcune di queste varianti possono 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.

Riferimenti Bibliografici

1. National Cancer Institute. Surveillance, Epidemiology, and End Results Program. SEER Stat Fact Sheets: Melanoma of the Skin. [Internet]. Available from: <http://seer.cancer.gov/statfacts/html/melan.html>.
2. Gabree M, et al. Clinical applications of melanoma genetics. *Curr Treat Options Oncol*. 2014 Jun. 15(2):336-50.
3. American Cancer Society. Melanoma Skin Cancer. [Internet]. Available from: <http://www.cancer.org/cancer/skincancer-melanoma/>.
4. Bishop DT, et al. Geographical variation in the penetrance of *CDKN2A* mutations for melanoma. *J Natl Cancer Inst*. 2002 Jun 19;94(12):894-903.
5. Goldstein AM, et al. Features associated with germline *CDKN2A* mutations: a GenoMEL study of melanoma-prone families from three continents. *J Med Genet*. 2007 Feb;44(2):99-106.
6. Begg CB, et al. Lifetime risk of melanoma in *CDKN2A* mutation carriers in a population-based sample. *J Natl Cancer Inst*. 2005 Oct 19;97(20):1507-15.
7. Cust AE, et al. Melanoma risk for *CDKN2A* mutation carriers who are relatives of population-based case carriers in Australia and the UK. *J Med Genet*. 2011 Apr;48(4):266-72.
8. Goldstein AM, et al. High-risk melanoma susceptibility genes and pancreatic cancer, neural system tumors, and uveal melanoma across GenoMEL. *Cancer Res*. 2006 Oct 15;66(20):9818-28.
9. Pilarski R, et al. Expanding the clinical phenotype of hereditary *BAP1* cancer predisposition syndrome, reporting three new cases. *Genes Chromosomes Cancer*. 2014;53:177-82.
10. Popova T, et al. Germline *BAP1* mutations predispose to renal cell carcinomas. *Am J Hum Genet*. 2013;92:974-80.
11. Testa JR, et al. Germline *BAP1* mutations predispose to malignant mesothelioma. *Nat Genet*. 2011;43(10):1022-5.
12. Wiesner T, et al. Germline mutations in *BAP1* predispose to melanocytic tumors. *Nat Genet*. 2011;43(10):1018-21.
13. Antoniou A, et al. Average risks of breast and ovarian cancer associated with *BRCA1* or *BRCA2* mutations detected in case series unselected for family history: a combined analysis of 22 studies. *Am J Hum Genet*. 2003;72(5):1117-30.
14. Chen S, Parmigiani G. Meta-analysis of *BRCA1* and *BRCA2* penetrance. *J Clin Oncol*. 2007;25(11):1329-33.
15. Ford D, et al. Genetic heterogeneity and penetrance analysis of the *BRCA1* and *BRCA2* genes in breast cancer families. The Breast Cancer Linkage Consortium. *Am J Hum Genet*. 1998;62(3):676-89.
16. Folkins AK, Longacre TA. Hereditary gynaecological malignancies: advances in screening and treatment. *Histopathology*. 2013;62(1):2-30.
17. Shannon KM, Chittenden A. Genetic testing by cancer site: breast. *Cancer Journal*. 2012;18(4):310-9.
18. Tai YC, et al. Breast cancer risk among male *BRCA1* and *BRCA2* mutation carriers. *J Nat Cancer Inst*. 2007;99(23):1811-4.
19. Thompson D, Easton DF, Breast Cancer Linkage Consortium. Cancer Incidence in *BRCA1* mutation carriers. *J Natl Cancer Inst*. 2002;94(18):1358-65.
20. Kote-Jarai Z, et al. *BRCA2* is a moderate penetrance gene contributing to young-onset prostate cancer: implications for genetic testing in prostate cancer patients. *Br J Cancer*. 2011;105(8):1230-4.
21. van Asperen CJ, et al. Cancer risks in *BRCA2* families: estimates for sites other than breast and ovary. *J Med Genet*. 2005;42(9):711-9.
22. Puntervoll HE, et al. Melanoma prone families with *CDK4* germline mutation: phenotypic profile and associations with *MC1R* variants. *J Med Genet*. 2013;50(4):264-70.
23. Vasen HF, et al. Risk of developing pancreatic cancer in families with familial atypical multiple mole melanoma associated with a specific 19 deletion of p16 (p16-Leiden). *Int J Cancer*. 2000;87(6):809-11.
24. McWilliams RR, et al. Prevalence of *CDKN2A* mutations in pancreatic cancer patients: implications for genetic counseling. *Eur J Hum Genet*. 2011;19(4):472-8.
25. de Snoo FA, et al. Increased risk of cancer other than melanoma in *CDKN2A* founder mutation (p16-Leiden)-positive melanoma families. *Clin Cancer Res*. 2008;14(21):7151-7.
26. Laud K, et al. Comprehensive analysis of *CDKN2A* (p16INK4A/p14ARF) and *CDKN2B* genes in 53 melanoma index cases considered to be at heightened risk of melanoma. *J Med Genet*. 2006;43(1):39-47.
27. Binni F, et al. Novel and recurrent p14 mutations in Italian familial melanoma. *Clin Genet*. 2010;77(6):581-6.
28. Bertolotto C, et al. A SUMOylation-defective *MITF* germline mutation predisposes to melanoma and renal carcinoma. *Nature*. 2011;480(7375):94-8.
29. Yokoyama S, et al. A novel recurrent mutation in *MITF* predisposes to familial and sporadic melanoma. *Nature*. 2011; 480(7375):99-103.
30. Hobert JA and End C. *PTEN* hamartoma tumor syndrome: an overview. *Genet Med*. 2009;11(10):687-94.
31. Tan MH, et al. Lifetime cancer risks in individuals with germline *PTEN* mutations. *Clin Cancer Res*. 2012;18(2):400-7.
32. Lohmann DR, et al. The spectrum of *RB1* germline mutations in hereditary retinoblastoma. *Am J Hum Genet*. 1996;58(5):940-9.
33. Harbour JW. Molecular basis of low-penetrance retinoblastoma. *Arch Ophthalmol*. 2001;119(11):1699-704.
34. Kleinerman RA, et al. Variation of second cancer risk by family history of retinoblastoma among long-term survivors. *J Clin Oncol*. 2012;30(9):950-7.
35. Wong JR, et al. Risk of subsequent malignant neoplasms in long-term hereditary retinoblastoma survivors after chemotherapy and radiotherapy. *J Clin Oncol*. 2014;32(29):3284-90.

36. Hwang SJ, *et al.* Germline p53 mutations in a cohort with childhood sarcoma: sex differences in cancer risk. Am J Hum Genet. 2003. 72(4):975-83.
37. Olivier M, *et al.* Li-Fraumeni and related syndromes: correlation between tumor type, family structure, and TP53 genotype. Cancer Res. 2003. 63(20):6643-50.
38. Birch JM, *et al.* Prevalence and diversity of constitutional mutations in the p53 gene among 21 Li-Fraumeni families. Cancer Res. 1994. 54(5):1298-304.
39. American Congress of Obstetricians and Gynecologists Committee on Genetics. Committee Opinion No. 634: Hereditary cancer syndromes and risk assessment. Obstet Gynecol. June 2015. 125(6):1538-1543.
40. Potrony M, *et al.* Prevalence of MITF p.E318K in patients with melanoma independent of the presence of CDKN2A causative mutations. JAMA Dermatol. 2016. 152(4):405-12.
41. Mu W, *et al.* Sanger confirmation is required to achieve optimal sensitivity and specificity in next-generation sequencing panel testing. J Mol Diagn. 2016. 18(6):923-932.

Tabella 1:

OncoNext™ RISK

Melanoma - Elenco dei geni analizzati e delle patologie neoplastiche correlate

	DISEASE NAME	PhenoMIM	GENE
1	Tumor predisposition syndrome Melanoma	614327	BAP1
2	Breast-ovarian cancer, familial, 2 Pancreatic cancer Prostate cancer (Breast, ovarian, male breast, prostate, pancreatic)	612555 613347 176807	BRCA2
3	Melanoma, cutaneous malignant, 3 Melanoma	609048	CDK4
4	Melanoma and neural system tumor syndrome Pancreatic cancer/melanoma syndrome Melanoma, cutaneous malignant, 2 Melanoma, pancreatic	155755 606719 155601	CDKN2A
5	Melanoma, cutaneous malignant, susceptibility to, 8 Melanoma	614456	MITF
6	Endometrial carcinoma, somatic Malignant melanoma, somatic Squamous cell carcinoma, head and neck, somatic Thyroid carcinoma, follicular, somatic Glioma susceptibility 2 Meningioma Prostate cancer, somatic Breast, uterine, kidney, thyroid, colorectal	608089 155600 275355 188470 613028 607174 176807	PTEN
7	Retinoblastoma Bladder cancer, somatic Osteosarcoma, somatic Small cell cancer of the lung, somatic	180200 109800 259500 182280	RB1
8	Adrenal cortical carcinoma Breast cancer Colorectal cancer Hepatocellular carcinoma Li-Fraumeni syndrome Nasopharyngeal carcinoma Osteosarcoma Pancreatic cancer Basal cell carcinoma 7 Glioma susceptibility 1 Breast, sarcoma, brain, adrenocortical, leukemia, gastrointestinal, genitourinary	202300 114480 114500 114550 151623 607107 259500 260350 614740 137800	TP53

