



PSDTA Melanoma Cutaneo

## Allegato 5 : Caratterizzazione molecolare

Anno di pubblicazione 2023

## CARATTERIZZAZIONE MOLECOLARE

Sottotipo	Geni più frequentemente mutati (≥10% dei casi)	Geni meno frequentemente mutati (<10% dei casi)	Geni con riarrangiamenti genomici
<i>BRAF mutato</i>	TP53 CDKN2A PTEN ARID2	PPP6C, NF1, MAP2K1, RAC1, IDH1, DDX3X, SNX31, TACC1, CTNNB1, PREX2, PIK3CA, STK19, EZH2, FBXW7, RB1, WT1	CDKN2A <del>del</del> CCND1 <del>ampl</del> PTEN <del>del</del> MITF <del>ampl</del> TERT <del>ampl</del>
<i>RAS mutato</i>	CDKN2A TP53 ARID2 NF1 PPP6C	DDX3X, RAC1, IDH1, PTEN, MAP2K1, RB1, TACC1, PREX2, CTNNB1, FBXW7, PIK3CA, STK19, WT1	CDKN2A <del>del</del> PTEN <del>del</del> CCND1 <del>ampl</del> TERT <del>ampl</del> MITF <del>ampl</del> KIT <del>ampl</del> CDK4 <del>ampl</del>
<i>Non BRAF mutato Non RAS mutato</i>	NF1 TP53 ARID2 RAC1	KIT, CDKN2A, PTEN, IDH1, MAP2K1, RB1, SNX31, PPP6C, PIK3CA, STK19, EZH2, WT1, PREX2	CDKN2A <del>del</del> CCND1 <del>ampl</del> PTEN <del>del</del> TERT <del>ampl</del> CDK4 <del>ampl</del> KIT <del>ampl</del> MITF <del>ampl</del>

### BRAF

Nel melanoma, il gene BRAF è mutato nel 45-50% dei casi; la mutazione più diffusa (85-90% dei casi) è rappresentata dalla sostituzione di una valina con acido glutammico al codone 600 (V600E). Le rimanenti mutazioni BRAF si verificano spesso allo stesso codone: V600K (la più frequente; <10% dei casi), V600D e V600R; le mutazioni in codoni diversi da V600 non sono comuni (tra questi, K601 è quella più prevalente).

L'attivazione oncogenica costitutiva di BRAF promuove la stimolazione continua e incontrollata della proliferazione cellulare. Esiste una relazione inversa tra la prevalenza della mutazione BRAF e l'età di insorgenza del melanoma: >50% dei pazienti <30 anni e solo il 25% ≥ 70 anni presenta un melanoma con BRAF mutato. Inversamente, mutazioni non-V600E (incluse quelle V600K) sono state trovate in <20% dei pazienti <50 anni e >40% in quelli ≥70 anni. La dimostrazione che il BRAF è mutato nella maggioranza (>50%) dei nevi comuni suggerisce che la sua attivazione oncogenica è una condizione necessaria ma non sufficiente per lo sviluppo del melanoma (che è infatti considerata evento di iniziazione nella trasformazione in senso neoplastico dei melanociti).

La mutazione BRAF-V600 ha oggi un significato prevalentemente predittivo nella gestione del paziente con melanoma, in quanto identifica una potenziale sensibilità al trattamento con la combinazione di BRAF e MEK inibitori (target therapy). Infatti, i pazienti con melanoma avanzato (stadio IV o III inoperabile) con mutazione BRAFV600 possono trarre beneficio dal trattamento con BRAF e MEK inibitori; la presenza di mutazione non sembra influenzare la probabilità di risposta all'immunoterapia, pertanto in questi pazienti può essere presa in considerazione sia la terapia con BRAF e MEK inibitori che l'immunoterapia con checkpoint inhibitors. In assenza di mutazione BRAF-V600 è indicato solo il trattamento immunoterapico.

Per la valutazione dello stato mutazionale nei melanomi si suggerisce di selezionare in prima istanza i tessuti di melanoma metastatico, in quanto essi possono sia rappresentare le lesioni tumorali di più recente sviluppo, sia essere costituiti da una preponderante popolazione cellulare neoplastica. Laddove questo non fosse possibile, è indicato eseguire l'indagine mutazionale sul campione tessutale del melanoma primitivo. Nello stadio III la determinazione può essere eseguita sul primitivo o sulla metastasi linfonodale. In tal senso, è stata dimostrata una

buona concordanza nel pattern mutazionale dei geni BRAF tra lesioni metastatiche e tumore primitivo nei pazienti con melanoma in stadio avanzato. In considerazione dell'eterogeneità intertumorale, qualora l'analisi molecolare fosse stata effettuata sul tessuto primitivo con risultato wild-type, va considerata l'opportunità di ripetere l'analisi mutazionale di BRAF sulle metastasi accessibili.

Generalmente, sono sottoposti ad analisi mutazionale campioni di archivio di tessuti fissati in formalina e inclusi in paraffina, previa sparaffinatura e purificazione del DNA genomico mediante protocolli standard. Fondamentale è l'arricchimento del campione tissutale e la percentuale di cellule neoplastiche presenti nel tessuto da inviare ad analisi molecolare non dovrebbe mai essere inferiore al 50%. In caso di melanoma associato a nevo è cruciale che nella fase di arricchimento del campione sia posta attenzione nell'isolare una popolazione pura di cellule di melanoma, in quanto i nevi melanocitici possono essere portatori di mutazioni nel gene BRAF (alla stessa frequenza riscontrata nei melanomi; vedi sopra).

Lo stato mutazionale di BRAF può essere valutato mediante metodiche con diverso grado di sensibilità e specificità. L'analisi mutazionale si può basare su metodiche di screening a livello proteico (test immunocistochemico) e metodiche di tipo molecolare su DNA genomico quali: il sequenziamento nucleotidico mediante approccio convenzionale basato su metodo Sanger e mediante approccio di next-generation sequencing (NGS; pannelli multigenici che consentono il rilevamento simultaneo di migliaia di varianti nei principali geni candidati), il pirosequenziamento, la Real-Time PCR e la spettrometria di massa (Sequenom).

Raccomandazioni pratiche:

Nei pazienti con melanomi in stadio III o in stadio IV è indicata la determinazione dello stato mutazionale di BRAF ai fini di una corretta pianificazione terapeutica. Si raccomanda l'esecuzione del test per la ricerca delle mutazioni di BRAF sull'ultima sede metastatica (se disponibile) altrimenti può essere eseguito anche su lesione primitiva (in particolare questo vale per il melanoma in stadio III).

## NRAS

La valutazione dello stato mutazionale del gene NRAS è indicata dopo la verifica dell'assenza di mutazioni a carico del gene BRAF in pazienti con melanoma avanzato (stadio III inoperabile o stadio IV). Le mutazioni del gene NRAS più frequentemente riportate nel melanoma sono quelle a carico del codone 61 (Q61K/L/R/H) e, a minor prevalenza, quelle nel codone 12 (G12C/R/S/A/D/V) e 13 (G13D). Spesso, le mutazioni di NRAS si associano a quelle in altri geni coinvolti nella patogenesi del melanoma (es. CDKN2A, ABCB5, NF1).

Ad oggi, il rilievo della mutazione di NRAS, può essere utile per l'inserimento di pazienti in studi clinici. Nei pazienti con melanoma NRAS mutato è indicato il trattamento con immunoterapia. Non esistono attualmente farmaci a target molecolare approvati per il melanoma con mutazione di NRAS. Recenti studi clinici hanno dimostrato una minima attività terapeutica del MEK inibitore binimetinib nei pazienti con melanoma avanzato e mutazione NRAS.

Raccomandazioni pratiche:

Nei pazienti con melanoma in stadio IV o III non operabile e assenza di mutazioni BRAF può essere indicata la determinazione dello stato mutazionale di NRAS.

## c-KIT

La valutazione dello stato mutazionale di c-KIT è indicata dopo la valutazione dello stato mutazionale di BRAF e solo in assenza di mutazione di BRAF.

Mutazioni di c-KIT più frequentemente associate a melanoma:

- L576P nell'esone 11
- K642E nell'esone 13
- V599A nell'esone 12
- D816H nell'esone 17

- D820Y nell'esone 17

Frequenza della mutazione di c-KIT (1-3% dei melanomi totali) nei sottotipi di melanomi:

- 20% melanomi mucosali
- 15% melanomi acrali
- 3% melanomi su cute cronicamente fotoesposta
- quasi totale assenza nei melanomi in aree cutanee non esposte cronicamente

Nei melanomi avanzati con mutazione di c-KIT è indicato il trattamento con immunoterapia. In Italia, imatinib è stato approvato in legge 648 (Determina Aifa del 5 luglio 2017) per i melanomi metastatici inoperabili con c-KIT mutato (esone 11 e 13), non trattabili o in progressione dopo immunoterapia.

La valutazione dello stato mutazionale di c-KIT è indicata nei melanomi acrali e mucosali.

Nel melanoma delle mucose vi è una bassa frequenza di mutazione del gene BRAF o NRAS, mentre può essere più frequente la mutazione del gene c-KIT. Nel caso dei melanomi mucosali si suggerisce tuttavia di procedere dapprima con la determinazione della mutazione BRAF e successivamente, in caso di negatività, con la ricerca della mutazione di c-KIT.

Raccomandazioni pratiche:

Nei pazienti con melanoma acrale o mucosale in stadio IV o III non operabile, e in assenza di mutazioni BRAF, è indicata la determinazione dello stato mutazionale di c-KIT

### Melanoma uveale

Dal punto di vista molecolare, il melanoma dell'uvea è distinto da quello cutaneo per la pressoché generale assenza di mutazioni nei geni BRAF, NRAS, c-KIT, e NF1; la determinazione dello stato mutazionale di BRAF va comunque eseguita.

Il melanoma uveale è caratterizzato dalla presenza di mutazioni nei geni GNAQ (frequenza del 28-50%) e GNA11 (frequenza del 32-50%), che codificano due subunità di proteine G (G/q alpha subunits), capaci di attivare il MAPK pathway e sono mutualmente esclusive. Le mutazioni di GNAQ e GNA11 sono considerate eventi precoci nello sviluppo della malattia.

Altri eventi mutazionali sono rappresentati da monosomie del cromosoma 3, amplificazione del cromosoma 8q e, soprattutto, inattivazione del gene BAP1 (frequenza del 18-45%). Le mutazioni somatiche di BAP1 sembrano caratterizzare la fase di progressione di malattia, essendo più frequentemente associate alla formazione di metastasi. Tuttavia, le mutazioni di BAP1 possono essere presenti anche a livello germinale, conferendo una predisposizione a particolari sindromi neoplastiche (aumentato rischio di tumori diversi, incluso il melanoma dell'uvea e di altre sedi). Non sono disponibili farmaci a target molecolare per le mutazioni più frequenti nel melanoma uveale; da segnalare comunque che alcuni studi hanno valutato la potenziale attività di un trattamento con inibitori multichinasici (sunitinib) o MEK inibitori (selumetinib) in questa malattia. Il trattamento medico disponibile per la malattia avanzata è l'immunoterapia; la terapia con Tebentafusp può essere presa in considerazione per i pazienti con HLA-A\*02:01.

Raccomandazioni pratiche:

Nei melanomi mucosali e uveali può essere indicato l'esecuzione del test per la ricerca delle mutazioni di BRAF (seppure la frequenza di queste mutazioni sia molto bassa)

Le linee guida SIAPEC-IAP 2022 suggeriscono inoltre di non utilizzare il test 31-GEP (Genetic Expression Profiling; pannello di espressione di 28 geni targets) su tessuto del tumore primitivo a fini prognostici in pazienti con melanoma cutaneo in stadio I-III