# DISCUSSIONE COLLEGIALE MOLECULAR TUMOR BOARD

## **ANAGRAFICA PAZIENTE**

ID Paziente:	13
Età:	-
Sesso:	-
Data di nascita:	-

## **DIAGNOSI**

Diagnosi primaria:	-
Stadio:	-
Codice ICD-O:	-
Istologia:	-

## **TEST GENOMICI ESEGUITI**

Metodologia:	sia su ctDNA sia su tessuto è stata riscontrata un'alterazione patogenetica di ATM, uno dei geni coinvolti nel pathway del DNA-damage repair e potenzialmente alla base di un fenotipo HRD (homologous recombination deficiency). In patologie a diversa primitività (ca ovarico, ca prostatico) è consolidato l'utilizzo dei PARP inibitori in neoplasie con deficit della ricombinazione omologa (HRD+); nel caso in esame, sebbene la frequenza allelica della mutazione ATM su tessuto (VAF 45%) e la presenza di multiple alterazioni geniche riscontrate in NGS supportino la possibilità che il paziente possa avere un profilo HRD+, la mancata risposta al platino (presente in 2 linee di trattamento) contrasta con tale ipotesi. Solo un test HRD potrebbe chiarire il fenotipo, ma non è rimborsato per le neoplasie polmonari.		
Panel utilizzato:	FoundationOne CDx		
Numero di geni:	346		
Biomarker analizzati:	TMB, MSI, HRD		

#### **VARIANTI GENOMICHE IDENTIFICATE**

Gene	cDNA	Proteina	VAF%	Classificazione	ESCAT	HGNC
KRAS	-	G12D	-	-	IV	HGNC:6407
АТМ	- s	u tessuto (VAF 4.	. 45.0	-	IV	HGNC:795
RET	- la	a bassa frequenz.	. 14.0	-	IV	HGNC:9967
RAD50	- r	non è stata descr		-	IV	HGNC:9823

#### **RACCOMANDAZIONI TERAPEUTICHE**

#### 1. NIRAPARIB

Target: BRCA1, BRCA2

Livello di evidenza: FDA Approved

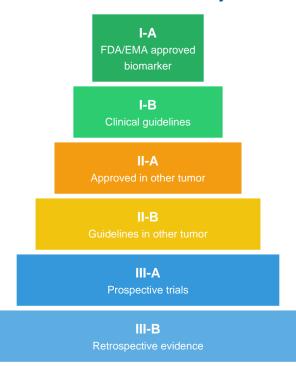
#### 2. SOTORASIB

Target: KRAS

Livello di evidenza: FDA Approved

# **LIVELLI DI EVIDENZA CLINICA (ESCAT)**

**ESCAT - Scala di Actionability Clinica** 





Tier I (verde): Massima evidenza clinica | Tier X (rosso): Resistenza o assenza evidenza

# Distribuzione varianti per livello ESCAT:

• IV: 4 variante

Report generato automaticamente da MTBParser il 23/10/2025 alle ore 14:22