

**Introduzione.** L'incidenza delle mutazioni nei geni RAS/RAF/PI3KA e TP53 sono ben stabilite nel carcinoma del colon-retto (CRC). Invece, relativamente alle altre componenti del panorama genomico del CRC, che potrebbero essere potenziali marcatori prognostici/predittivi, sono disponibili minori informazioni. **Metodi.** In seguito ad uno studio precedente di validazione, la piattaforma *Personal Genome Machine* (PGM) di sequenziamento di nuova generazione (NGS) è stata poi impiegata per processare 653 campioni di routine del CRC impiegando un pannello di 22 geni significativi per CRC. **Risultati.** Sono state rilevate 796 mutazioni somatiche in 499 (76.4%) tumori. Insieme a RAS/RAF/PI3KA e TP53, altri 12 geni hanno mostrato almeno una mutazione, tra questi FBXW7 (6%), PTEN (2.8%), SMAD4 (2.1%), EGFR (1.2%), CTNNB1 (1.1%), AKT1 (0.9%), STK11 (0.8%), ERBB2 (0.6%), ERBB4 (0.6%), ALK (0.2%), MAP2K1 (0.2%) e NOTCH1 (0.2%). **Conclusioni.** Nella pratica diagnostica routinaria, il sequenziamento genico di nuova generazione ha il potenziale di generare molte informazioni e robuste anche riguardo mutazioni geniche meno frequenti ma potenzialmente rilevanti come marcatori prognostici e predittivi di risposta al trattamento.