



Multiple **MY**eloma: an epidemiolo**GO**logical study using SNIIRAM **D**atabase

ÉVOLUTION DES LIGNES DE TRAITEMENT DANS LE MYÉLOME MULTIPLE DEPUIS 2014 : UNE ÉTUDE RÉTROSPECTIVE À PARTIR DU SYSTÈME NATIONAL DES DONNÉES DE SANTÉ (SNDS)

Aurore Perrot ¹, Vincent Augusto ², Marie Pierres ³, Matthieu Javelot ³, Caroline Guilmet ³, Martin Prodel
⁴,
Ludovic Lamarsalle ⁴, Marie Laurent ⁴, Isabelle Borget ⁵, Cyrille Touzeau ⁶

¹ Institut Universitaire du Cancer Toulouse – Oncopole, Toulouse, France,

² Université Clermont Auvergne, École des Mines de Saint-Etienne, Saint-Etienne, France,

³ Janssen-Cilag France, Issy-les-moulineaux, France,

⁴ HEVA, Lyon, France,

⁵ Département de biostatistiques et épidémiologie, Gustave Roussy, Villejuif, France,

⁶ Centre Hospitalier Universitaire de Nantes, Nantes, France



Introduction

Introduction

Contexte et objectif



Multiple MYeloma: an epidemiological study using SNIRAM Database

**Cohorte de patients
traités pour un Myélome
Multiple (MM) entre 2014
et 2019 à partir du SNDS**

**Données épidémiologiques
actualisées sur le Myélome
Multiple et pour la première
fois par lignes de traitement**



Objectif

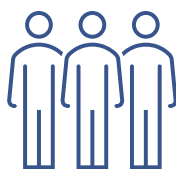
**Suivre dans le temps l'impact des
innovations thérapeutiques sur la
prise en charge des patients
atteints de MM**

2

Méthodologie

Méthodologie

Identification des lignes de traitement



Identification des lignes de traitement

Basé sur la génération de scores de similitude entre des protocoles théoriques et des protocoles réellement observés

1. M. Laurent, C. Guilmet, M. Javelot, G. Guigand, M. Piérres, V. Augusto, L. Lamarsalle, F. Raguideau, M. Prodel, ATLAS – Nouvelle méthode d’analyse des lignes de traitements à partir du système national des données de santé : exemple de l’étude MYLORD, sur les patients français atteints du myélome multiple, Revue d’Épidémiologie et de Santé Publique, Volume 68, Supplément 2, 2020, Pages S74-S75, ISSN 0398-7620, <https://doi.org/10.1016/j.respe.2020.04.025>.

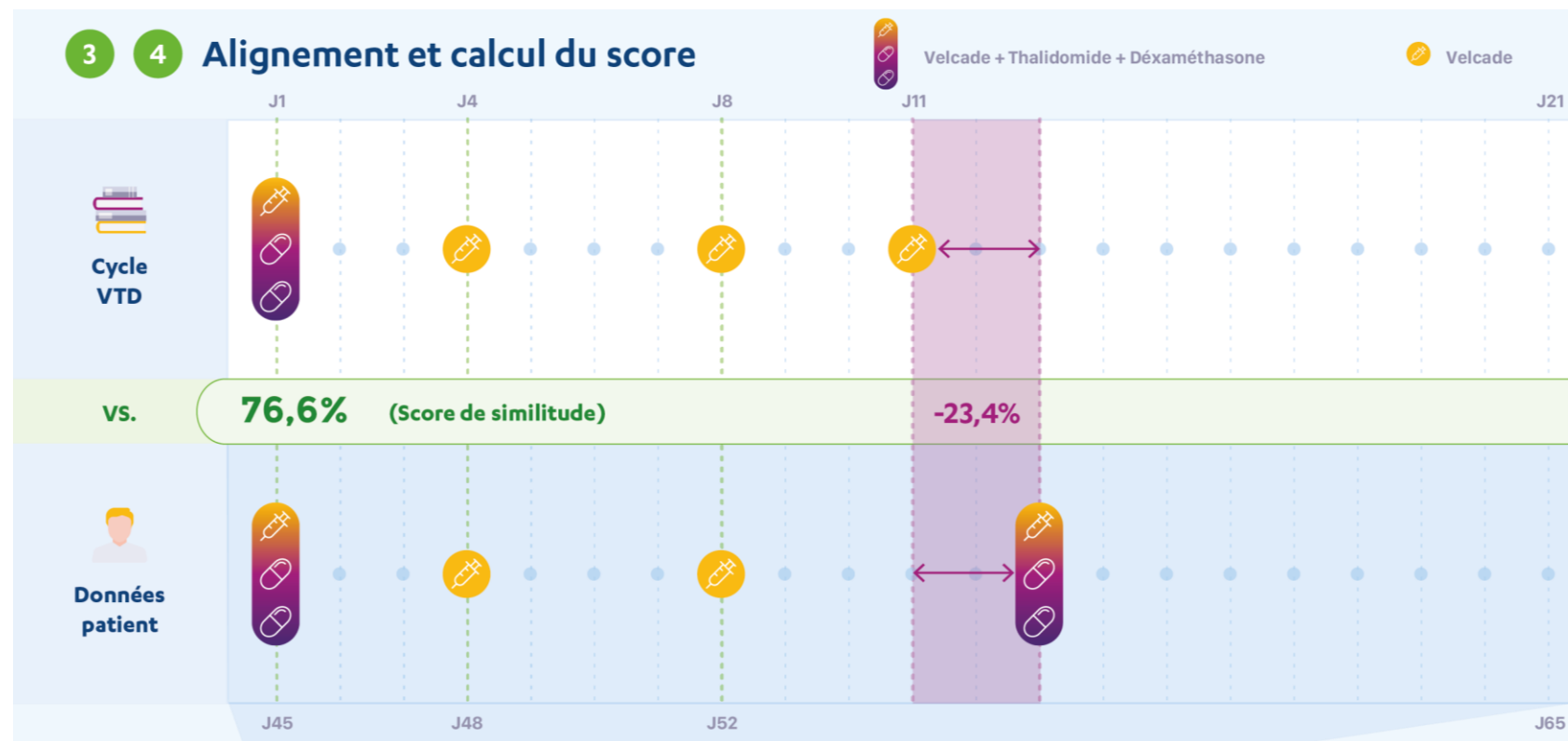
2. M. Prodel, L. Lamarsalle and V. Augusto. ATLAS: A Robust Algorithm for TemporalSequence Alignment of Treatment Lines using Claim Databases. 2019. IEEE. Conference on Computational Intelligence in Bioinformatics and Computational Biology. (CIBCB), Siena, Italy, 2019, pp. 1-8. <https://ieeexplore.ieee.org/document/8791467>

Méthodologie

Identification des lignes de traitement



- 1 Recensement des cycles théoriques avec l'aide des cliniciens
- 2 Sélection de la cohorte de patients atteints d'un MM à partir du SNDS

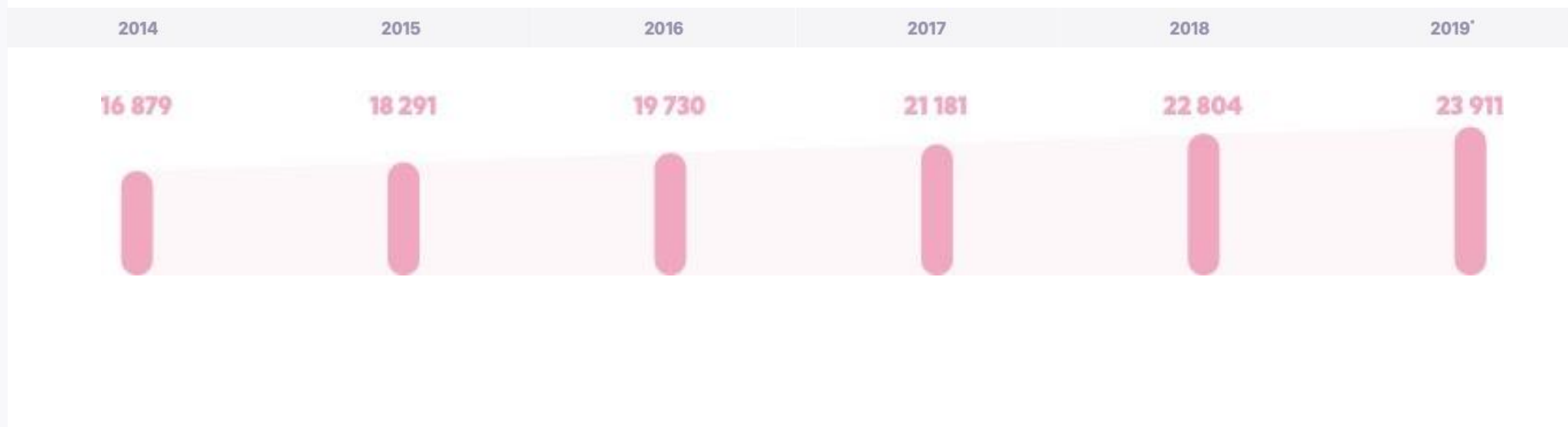
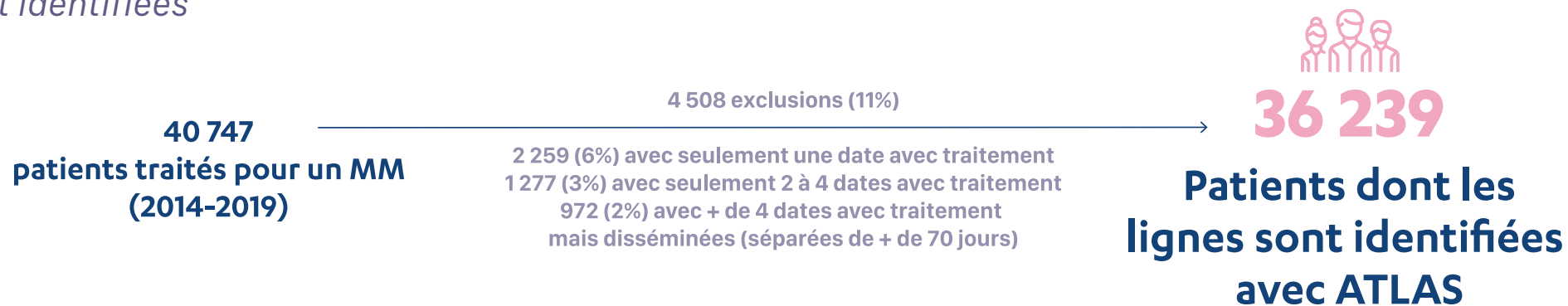


3

Résultats

Résultats

Nombre de patients pour lesquels les lignes de traitements sont identifiées



* L'année 2019 doit être interprétée avec prudence. En effet nous avons besoin des données de 2020 pour identifier correctement les patients MM de 2019.

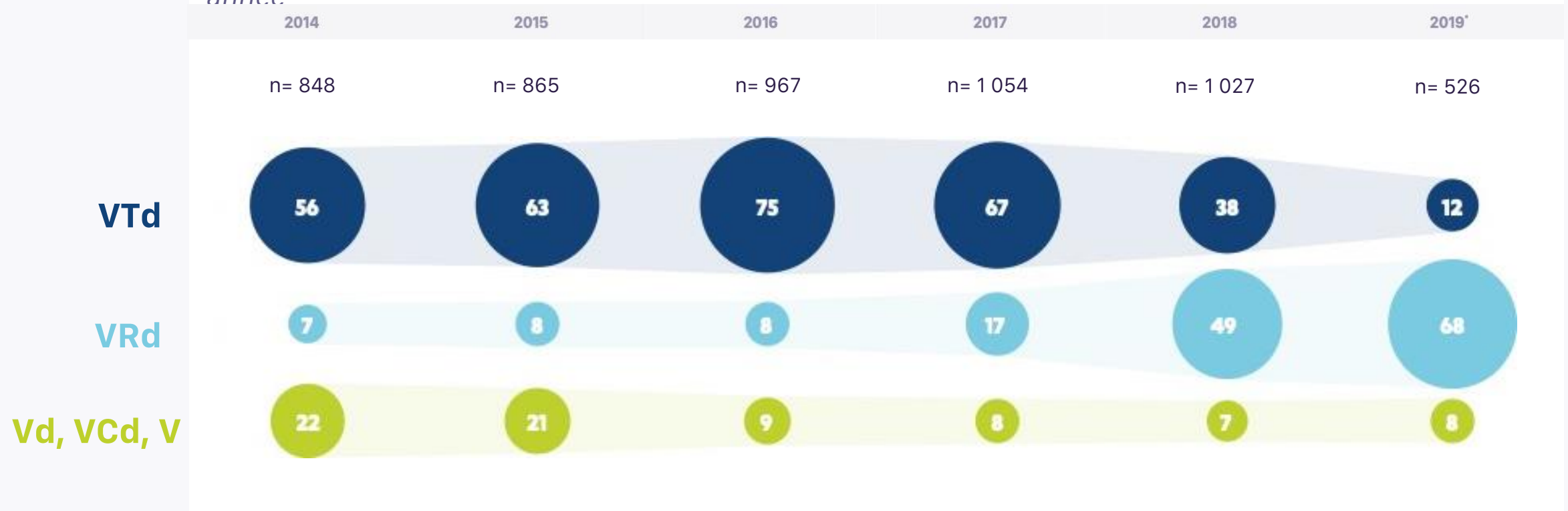
Résultats

Une évolution des protocoles qui suit les publications d'étude et recommandations IFM



Patients en ligne 1 avec autogreffe (n= 5 287)

Distribution (%) des protocoles les plus fréquemment initiés chaque année



*L'année 2019 doit être interprétée avec prudence. En effet nous avons besoin des données de 2020 pour identifier correctement les patients MM de 2019. D'autre part, 4 mois de recul sont nécessaires pour détecter qu'un patient est dans une L1 avec transplantation, ainsi un patient dont la L1 commence fin 2019 sera classé en L1 avec transplantation alors qu'il aura potentiellement une transplantation début 2020. Seuls les protocoles concernant plus de 5% des patients ont été représentés.

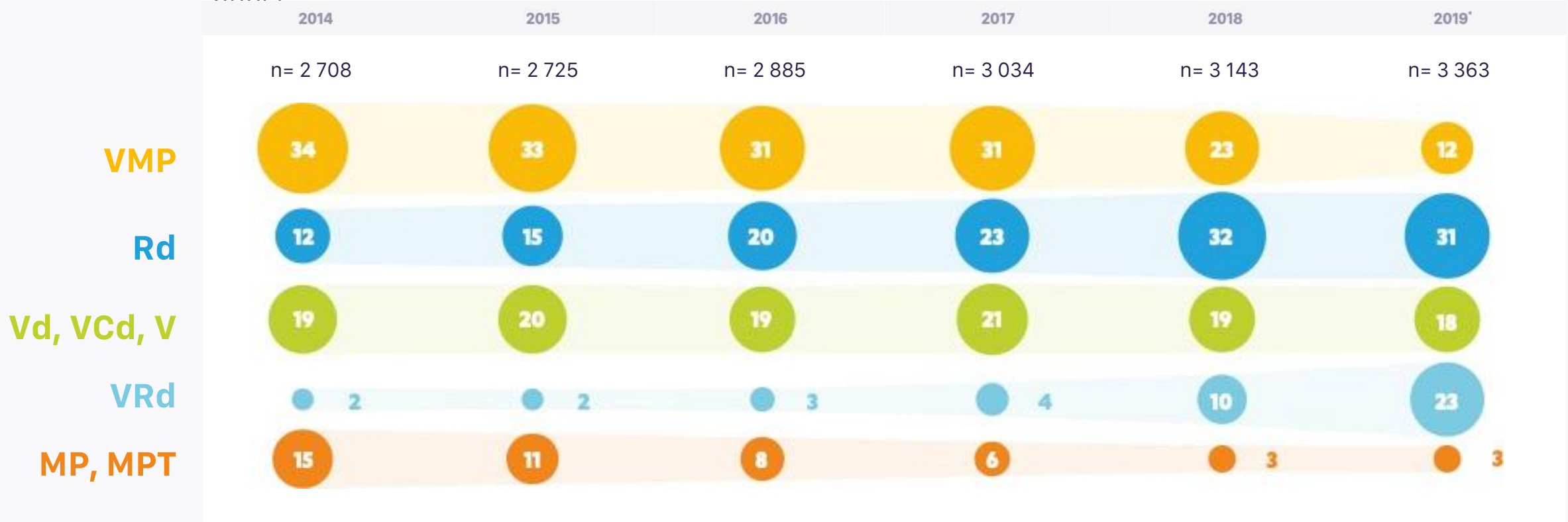
Résultats

Une augmentation des protocoles à base de légalidomide due aux AMMs successives des protocoles Rd et VRd



Patients en ligne 1 sans autogreffe (n= 17 858)

Distribution (%) des protocoles les plus fréquemment initiés chaque année

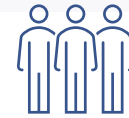


*L'année 2019 doit être interprétée avec prudence. En effet nous avons besoin des données de 2020 pour identifier correctement les patients MM de 2019.

Seuls les protocoles concernant plus de 5% des patients ont été représentés.

Résultats

Augmentation de l'utilisation des triplets en L2 grâce aux AMMs en rechute (KRd, IRd, DRd et DVd)



Patients en ligne 2 (n= 13 526)

Distribution (%) des protocoles les plus fréquemment initiés chaque année



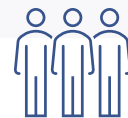
**IRd, KRd,
DRd, DVd, PVD,
DPd, VRd

*L'année 2019 doit être interprétée avec prudence. En effet nous avons besoin des données de 2020 pour identifier correctement les patients MM de 2019.

Seuls les protocoles concernant plus de 5% des patients ont été représentés.

Résultats

Utilisation croissante des triplets aussi en L3



Patients en ligne 3 (n= 7 885)

Distribution (%) des protocoles les plus fréquemment initiés chaque année

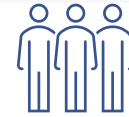


*L'année 2019 doit être interprétée avec prudence. En effet nous avons besoin des données de 2020 pour identifier correctement les patients MM de 2019.

Seuls les protocoles concernant plus de 5% des patients ont été représentés.

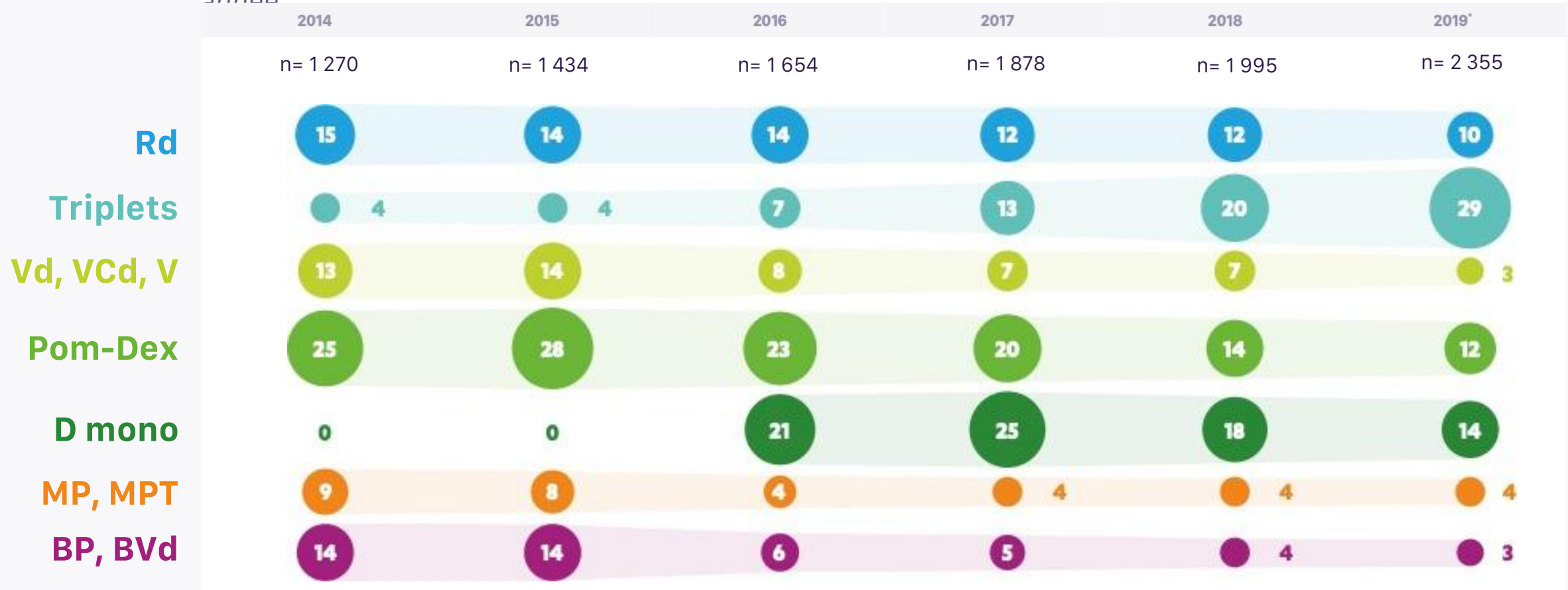
Résultats

Apparition du protocole daratumumab en monothérapie en 2016 avec l'ATU de cohorte puis l'AMM



Patients en ligne 4 et plus (n= 5 446)

Distribution (%) des protocoles les plus fréquemment initiés chaque année



*L'année 2019 doit être interprétée avec prudence. En effet nous avons besoin des données de 2020 pour identifier correctement les patients MM de 2019.

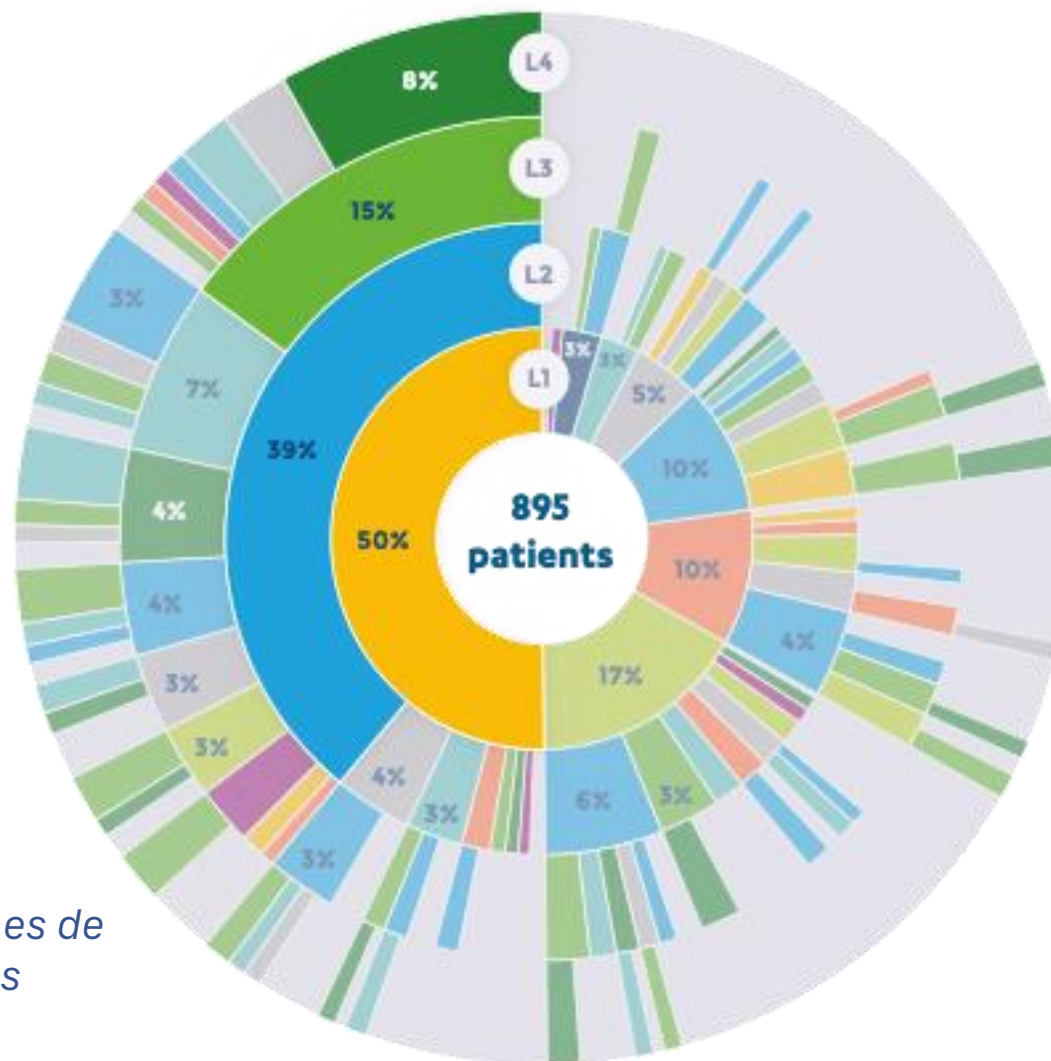
Seuls les protocoles concernant plus de 5% des patients ont été représentés.

Séquences de traitement chez les patients initiant une L1 sans greffe entre 2014 et 2019

Résultats

Séquence de traitement principale

- L1 : VMP (50%),
- L2 : Rd (39%),
- L3 : Pom-Dex (15%),
- L4 : Dara mono (8%)



- Rd
- Triplets
IRd / KRd / DRd / DVd /
PVd / DPd / VRd
- VTd
- VRd
- Vd, VCd, V
- Pom Dex
- D mono
- VMP
- MPT, MP
- BP, BVd

Patients ayant reçu au moins 4 lignes de traitement, avec une 1ère ligne sans autogreffe

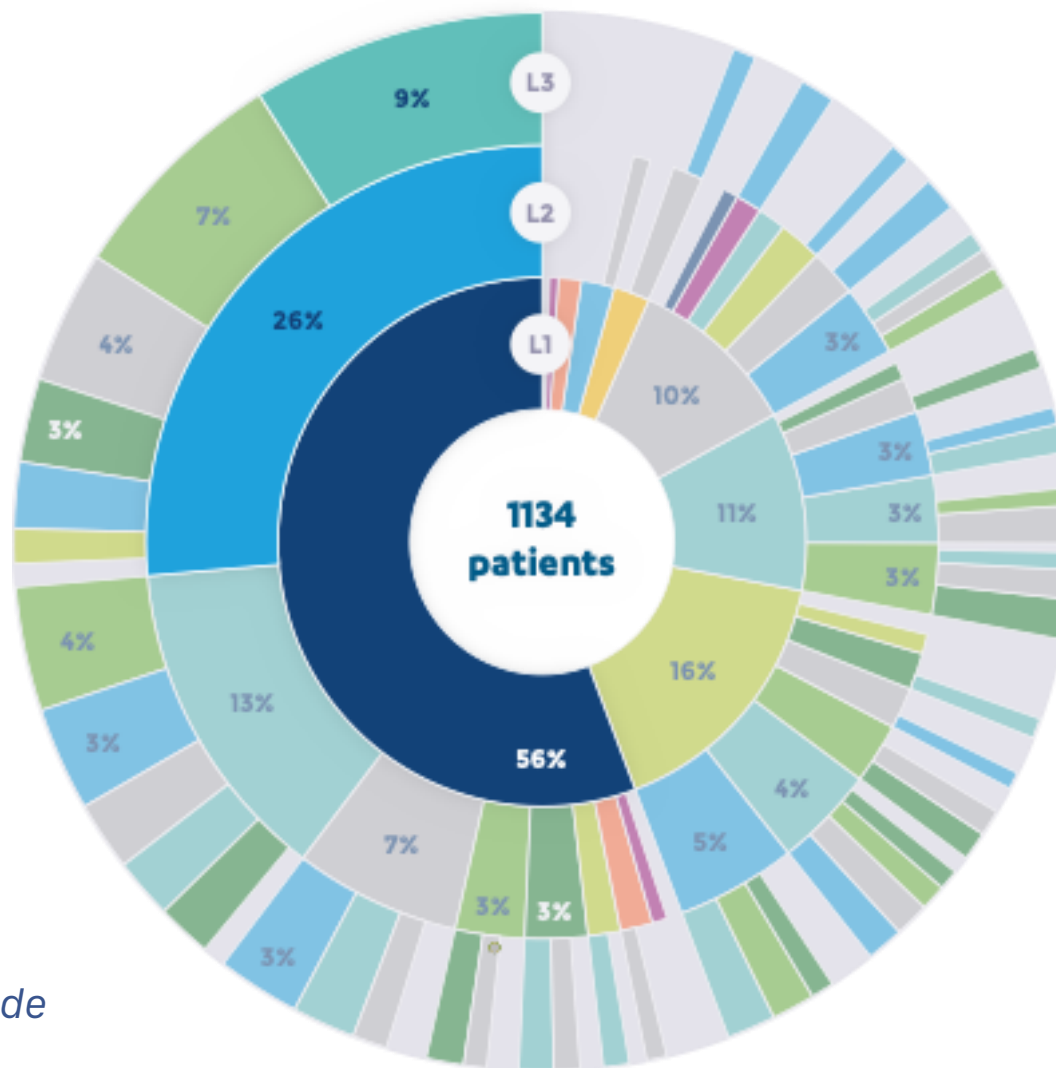
● < 0.5%

Résultats

Séquence de traitement principale

- L1: VTd (56%),
- L2: Rd (26%),
- L3: Triplets (9%)

Séquences de traitement chez les patients initiant une L1 avec greffe entre 2014 et 2019



● Rd

● Triplets

IRd / KRd / DRd / DVd / PVd / DPd / VRd

● VTd

● VRd

● Vd, VCd, V

● Pom Dex

● D mono

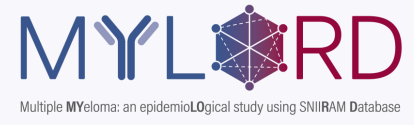
● VMP

● MPT, MP

● BP, BVd

● < 0.5%

Patients ayant reçu au moins 3 lignes de traitement, avec une 1ère ligne avec autogreffe



4

Conclusion

Conclusion

- Cette étude permet de mettre en évidence **l'évolution rapide** de la prise en charge des patients atteints de MM.
- Les données issues du SNDS sont un **outil puissant** pour étudier les lignes de traitement à l'échelle nationale
- Les algorithmes d'**intelligence artificielle** permettent d'exploiter le fort potentiel de ces données
- Ces analyses ouvrent la voie à l'étude plus précise des **séquences thérapeutiques**, et à leur **impact sur la survie** des patients.

**Merci
pour votre attention**

Références

Prodel M, Lamarsalle L, Augusto V. **ATLAS: A Robust Algorithm for Temporal Sequence Alignment of Treatment Lines using Claim Databases**. In: 2019 IEEE Conference on Computational Intelligence in Bioinformatics and Computational Biology (CIBCB). 2019. p. 1–8.

M. Laurent, C. Guilmet, M. Javelot, G. Guigand, M. Piérres, V. Augusto, L. Lamarsalle, F. Raguideau, M. Prodel, **ATLAS – Nouvelle méthode d’analyse des lignes de traitements à partir du système national des données de santé : exemple de l’étude MYLORD, sur les patients français atteints du myélome multiple**, Revue d’Épidémiologie et de Santé Publique, Volume 68, Supplement 2, 2020, Pages S74-S75, ISSN 0398-7620, <https://doi.org/10.1016/j.respe.2020.04.025>