

L'UTILIZZO DEI DATABASE AMMINISTRATIVI PER L'IDENTIFICAZIONE DI PAZIENTI CON CANCRO AL POLMONE ELEGGIBILI AL TRATTAMENTO CON LE TARGETED THERAPY

Valentina Perrone¹, Margherita Andretta², Antonio Santo³, Chiara Poggiani⁴, Elisa Giacomini¹, Diego Sangiorgi¹, Luca Degli Esposti¹

¹CliCon S.r.l., Health, Economics & Outcomes Research, Ravenna; ²UOC Assistenza Farmaceutica Territoriale, Azienda ULSS 8 Berica, Vicenza; ³Lung Unit, Ospedale P. Pederzoli Presidio ospedaliero ULSS 9 Scaligera, Peschiera del Garda; ⁴HTA Unit, Azienda Zero, Padova.

The logo for sihta 2020 features a series of green dots of varying sizes arranged in a curved path above the text 'sihta 2020'. 'sihta' is in black and '2020' is in green.


SOCIETÀ ITALIANA DI HEALTH TECHNOLOGY ASSESSMENT

XIII Congresso Nazionale

26/30
OTTOBRE

HTA
è Salute

virtual congress experience

The graphic for 'HTA è Salute' features the text 'HTA' in large green letters and 'è Salute' in green letters with a red 'è'. To the right is a large green circle with a white dotted pattern around it, and a black line passing through it. Below the text are several concentric circles and scattered dots in green and red. At the bottom, there are wavy lines made of black dots.

Background

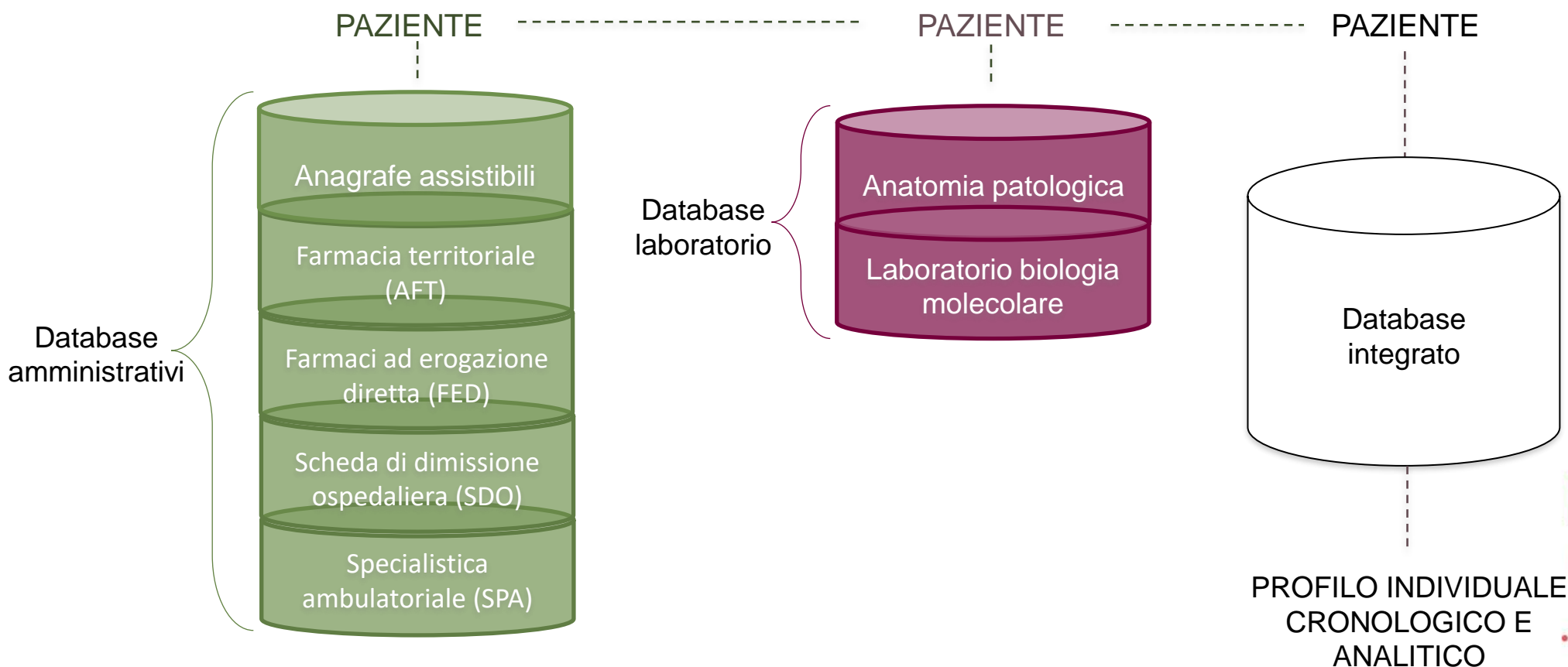
- Le opzioni terapeutiche per il cancro al polmone dipendono sia dallo stadio di avanzamento della malattia, sia in relazione alla caratterizzazione istologica. Nel caso di diagnosi in stadio avanzato, la scelta della strategia terapeutica è un processo complesso che richiede un approccio multimodale. I parametri da considerare riguardano principalmente l'istologia, le caratteristiche cliniche del paziente e la caratterizzazione molecolare del tumore.
- I progressi nello studio dei meccanismi molecolari alla base dei tumori hanno portato allo sviluppo dei farmaci a bersaglio molecolare (*targeted therapy*), i quali hanno radicalmente modificato il panorama terapeutico della patologia.
- Le *targeted therapy* sono mirate al trattamento di tumori che presentano delle specifiche mutazioni, per cui sono destinate ad una popolazione selezionata di pazienti con determinate alterazioni molecolari rilevabili mediante la caratterizzazione molecolare del tumore.

Obiettivi

- È stata valutata la possibilità di sviluppare una metodologia basata sull'integrazione dei flussi amministrativi con i dati dell'anatomia patologica per l'identificazione e la quantificazione dei pazienti con tumore al polmone che hanno effettuato una caratterizzazione molecolare al fine di individuare i pazienti potenzialmente eleggibili alle *targeted therapy*.

Metodi – Fonte dei dati

È stata eseguita un'analisi osservazionale retrospettiva utilizzando i flussi amministrativi correnti e i database dell'anatomia patologica e del laboratorio di biologia molecolare della Regione Veneto nel periodo di studio compreso tra gennaio 2014 e giugno 2018.



Metodi- Disegno dello studio

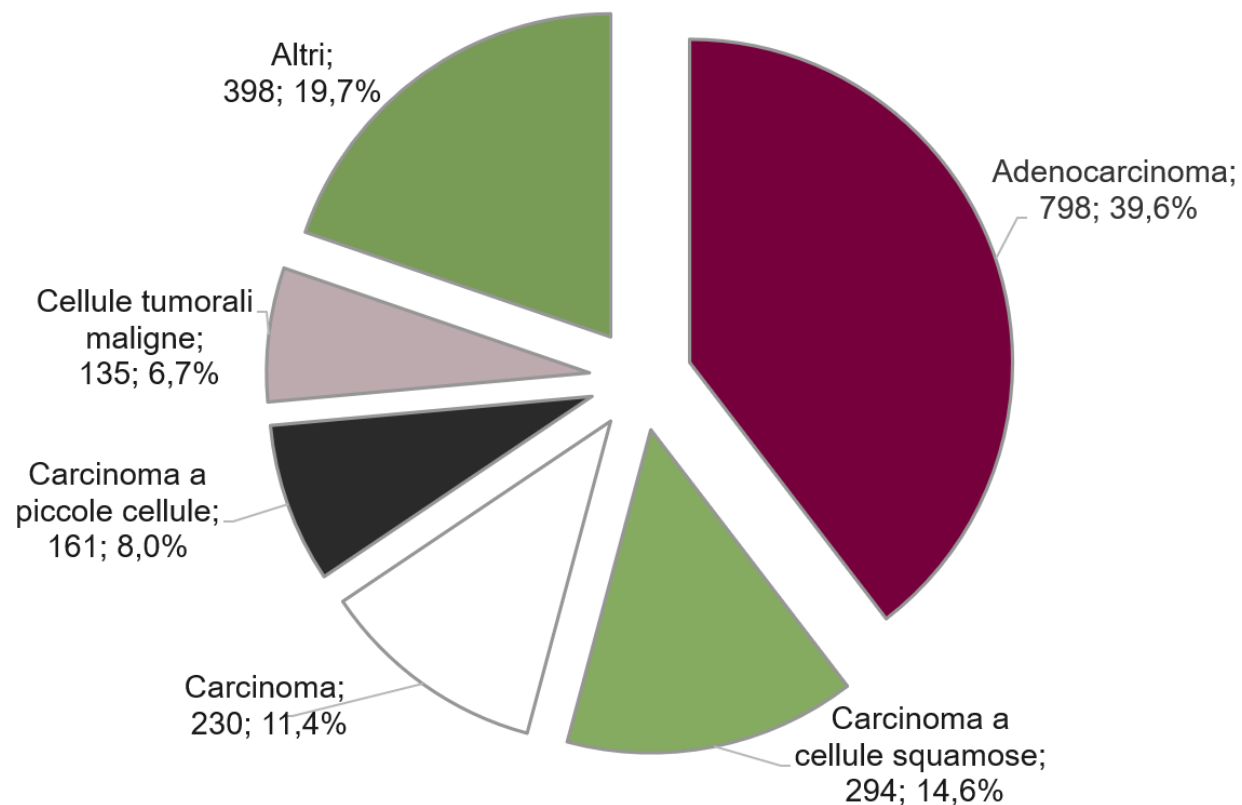
- Dai database dell'anatomia patologica e del laboratorio di biologia molecolare sono stati identificati i pazienti con una caratterizzazione istologica rispetto al tipo di morfologia o di alterazione genetica.

Codici	Morfologia
M-814	Adenocarcinoma
M-807	Carcinoma a cellule squamose
M-801	Carcinoma
M-804	Carcinoma a piccole cellule
M-800	Cellule tumorali maligne.

- I dati sono stati integrati con quelli dell'anagrafe assistibili e con il flusso delle schede di dimissione ospedaliera, all'interno del quale è stata tracciata la presenza di almeno un ricovero con diagnosi di dimissione per il cancro al polmone (codice ICD-9-CM 162).

Risultati

- Sono stati raccolti in totale 2.463 referti di anatomia patologica con topografia T-25 trachea, T-26 bronco e T-28 polmone.
- Dei referti analizzati, 2.016 presentavano una codifica relativa al tipo di morfologia:



- Riguardo al totale dei referti, nel 7,6% era riportata la richiesta per il test EGFR, nel 7,9% il test ALK, nel 4,8% il test ROS1, nel 2,7% il test PD-L1 mentre nessun test genetico BRAF è stato riscontrato.



Conclusioni

- La metodologia applicata potrebbe rappresentare uno strumento utile per poter identificare e quantificare i pazienti eleggibili alle *targeted therapy*.
- Quantificare il numero di pazienti eleggibili per tali terapie permette di effettuare una stima dell'impatto sul budget per le attività di programmazione dell'assistenza e della spesa farmaceutica.
- In prospettiva, ulteriori studi che prevedano il *linkage* con i database della farmaceutica, potrebbero consentire di verificare se i pazienti accedono alle terapie dopo aver effettuato o meno i test di caratterizzazione molecolare e dunque di valutare l'appropriatezza prescrittiva nell'ambito delle *targeted therapy*.