

Neue molekulare Risikofaktoren

Dr. Moritz Fürstenau, Uniklinik Köln

Etablierte Risikofaktoren

Kontext Chemo(immun)therapie

Molekulare Risikofaktoren

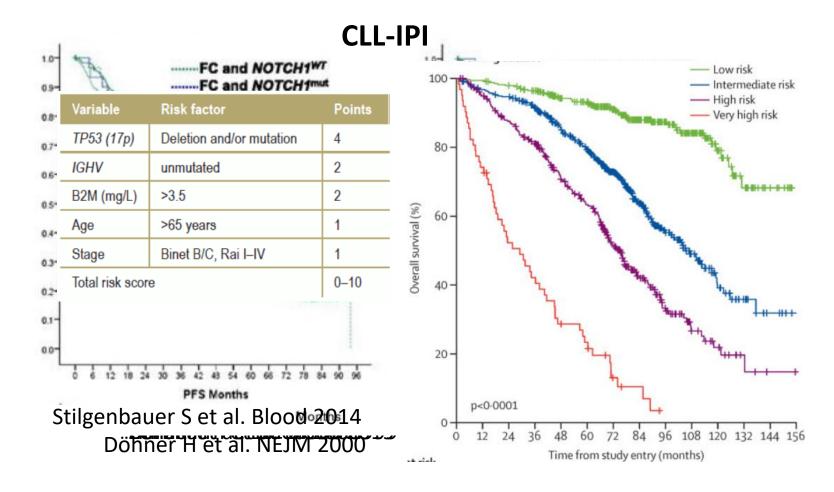
IGHV-Status

TP53-Status

Komplexer Karyotyp

Sonst. Aberrationen (del11q)

Weitere Gen-Mutationen



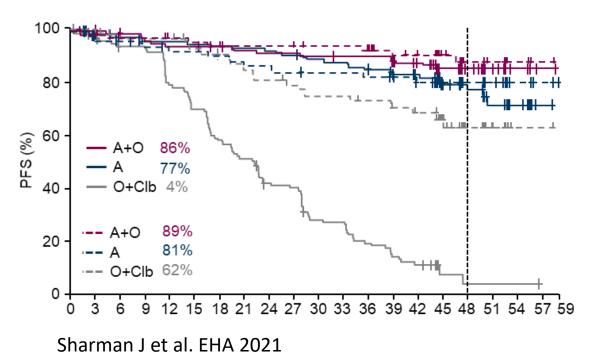
The International CLL-IPI working group, Lancet Oncol 2016

- 1. Gelten die etablierten Risikofaktoren weiterhin?
- 2. Sollte man den CLL-IPI auch aktuell noch anwenden?
- 3. Gibt es (relevante) neue molekulare Risikofaktoren?

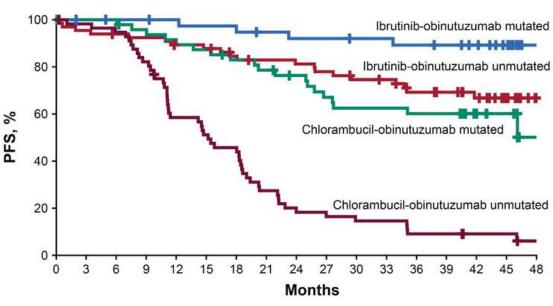
IGHV-Status

Bedeutung im Kontext von BTK-Inhibitoren





PFS nach IGHV-Status, iLLUMINATE



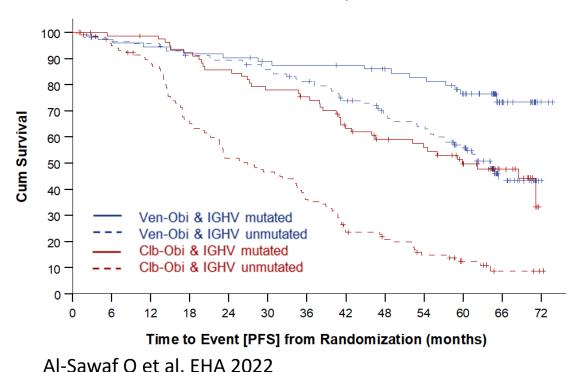
Moreno C et al. Haematologica 2022

→ Die meisten BTKi-Studien **zeigen keinen signifikanten PFS-Unterschied** zwischen Patienten mit mutiertem und unmutiertem IGHV

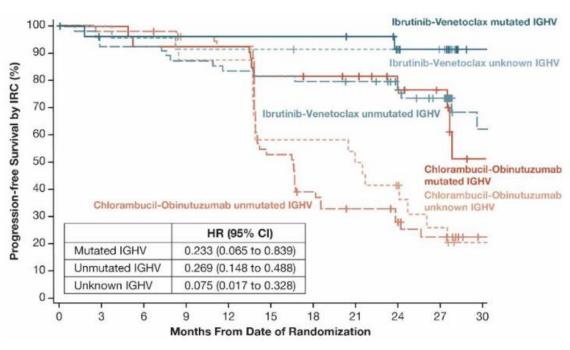
IGHV-Status

Bedeutung im Kontext von Venetoclax





PFS nach IGHV-Status, GLOW



Kater A et al. NEJM Evidence 2022

→ Im Kontext zeitlich begrenzter Venetoclax-basierter Therapien ist ein unmutierter IGHV weiterhin mit einem kürzeren PFS assoziiert

im Kontext neuer Therapien

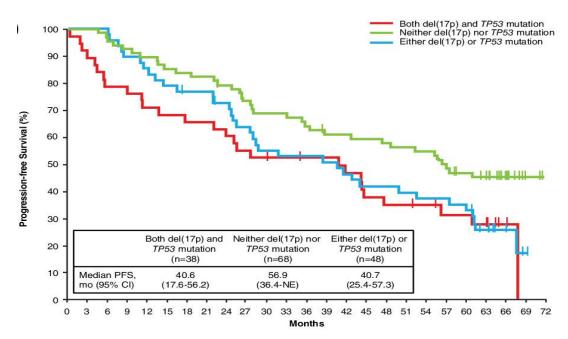
1. Gelten die etablierten Risikofaktoren weiterhin?

	BTK-Inhibitoren	Venetoclax + X
IGHV-Status	nein (allenfalls minimal)	ja

TP53-Status

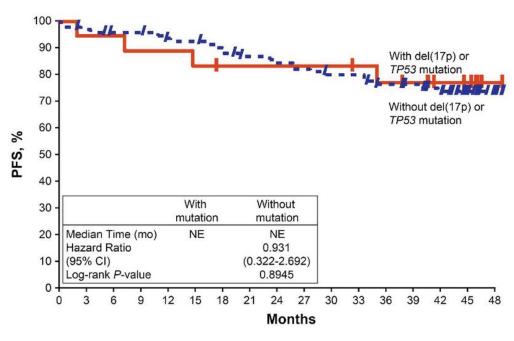
Bedeutung im Kontext von BTK-Inhibitoren

PFS nach TP53-Status, RESONATE (R/R)



Munir T et al. Am J Hematol 2019

PFS nach *TP53*-Status, iLLUMINATE (1L)



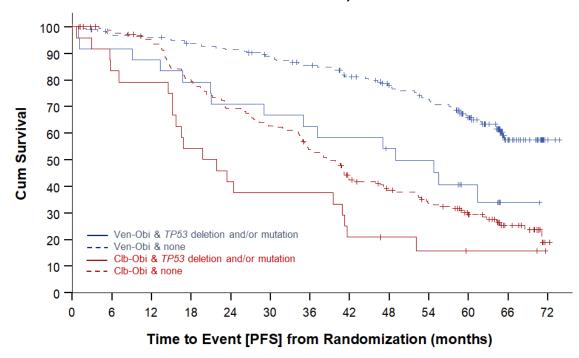
Moreno C et al. Haematologica 2022

→ Inkonklusive Daten, TP53 scheint kein/kaum Einfluss in der Erstlinienbehandlung zu haben, jedoch im Rezidiv-Setting mit signifikant kürzerem PFS assoziiert

TP53-Status

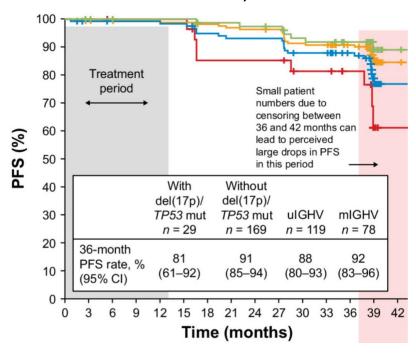
Bedeutung im Kontext von Venetoclax

PFS nach TP53-Status, CLL14-Studie



Al-Sawaf O et al. EHA 2022

PFS nach TP53-Status, CAPTIVATE



Allan J et al. Clin Cancer Res 2023

- → TP53-Mut/Del in Ven-Obi: unabhängiger prognostischer Faktor für kürzeres PFS
- → TP53-Mut/Del in I+V: noch unklar

im Kontext neuer Therapien

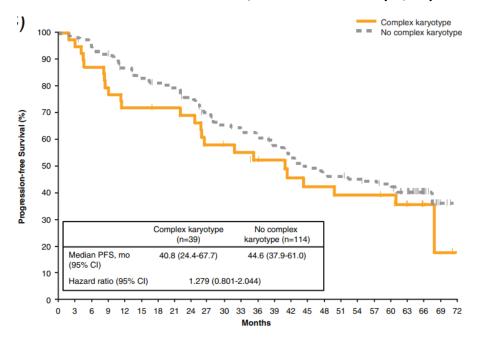
1. Gelten die etablierten Risikofaktoren weiterhin?

	BTK-Inhibitoren	Venetoclax + X
IGHV-Status	nein (allenfalls minimal)	ja
TP53-Status	eher nein (1L)/ ja (Rezidiv)	ja (Ven-Obi)/ eher ja (I+V)

Komplexe Karyotypen

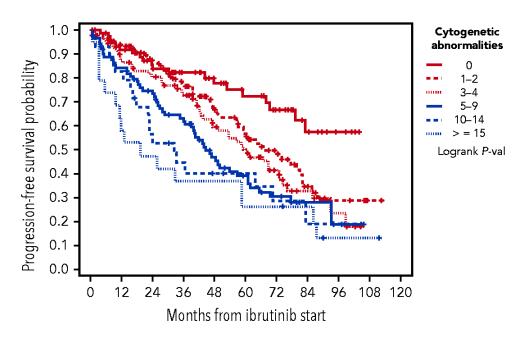
Bedeutung im Kontext von BTK-Inhibitoren

PFS nach CKT-Status, RESONATE (R/R)



Munir T et al. Am J Hematol 2019

PFS nach Anzahl an Aberrationen



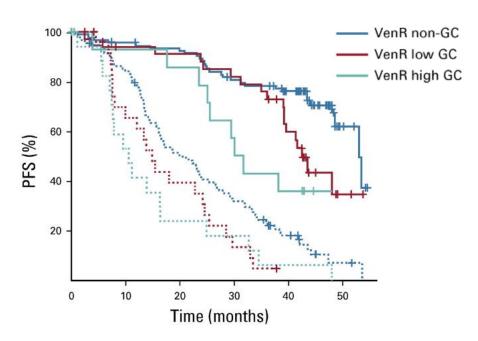
Kittai A et al. Blood 2021

→ Unterschiedliche Daten, in größeren Datensätzen zeigt sich jedoch ein Einfluss der Anzahl an zytogenetischen Aberrationen auf PFS/OS.

Komplexe Karyotypen

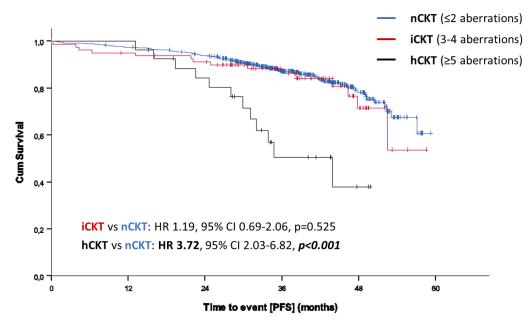
Bedeutung im Kontext von Venetoclax

PFS nach genom. Komplexität, MURANO (R/R)



Kater A et al. JCO 2020

PFS nach CKT-Status, CLL13 (gepoolte Ven-Arme)



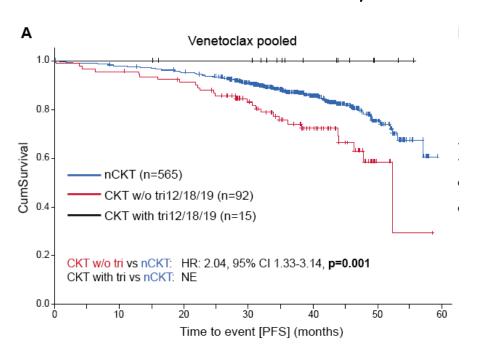
Fürstenau M et al. Blood 2023

→ Hochkomplexe Karyotypen sind im Kontext von Venetoclax-basierten Therapien mit kürzerem PFS assoziiert.

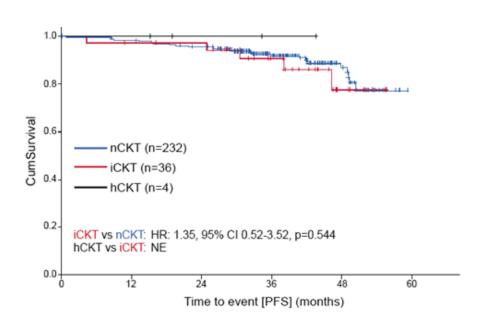
Exkurs Komplexe Karyotypen

Gibt es "gute" CKT?

Patienten mit CKT +12 und +18/+19



Patienten mit CKT und mutiertem IGHV



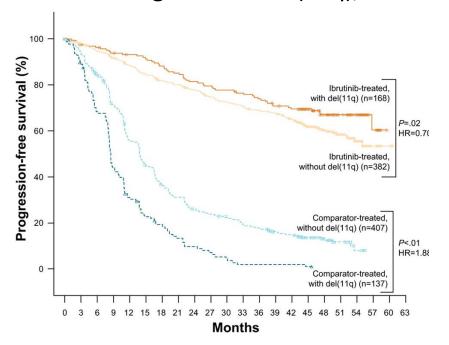
Fürstenau M et al. Blood 2023

- → Es gibt komplexe Karyotypen, die mit besonders gutem Ansprechen assoziiert sind
- → Bei Patienten mit mutiertem IGHV zeigt der CKT keinen negativen Einfluss

Deletion 11q

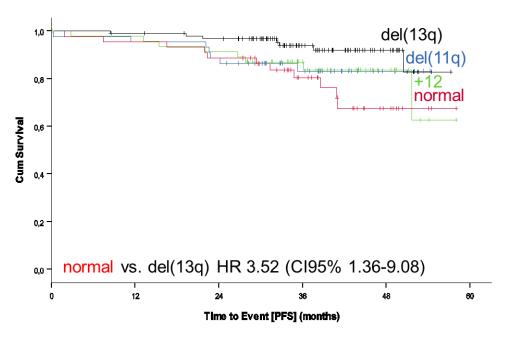
Im Kontext neuer Therapien

PFS nach Vorliegen einer Del(11q), Ibrutinib



Kipps T et al. Clin Lymphoma Myeloma Leuk 2019

PFS nach Vorliegen einer Del(11q), Ven-Obi



Tausch E et al. ASH 2022

→ Deletion 11q hat unter Ibrutinib einen eher positiven und unter Venetoclax-Kombinationen keinen Einfluss auf PFS

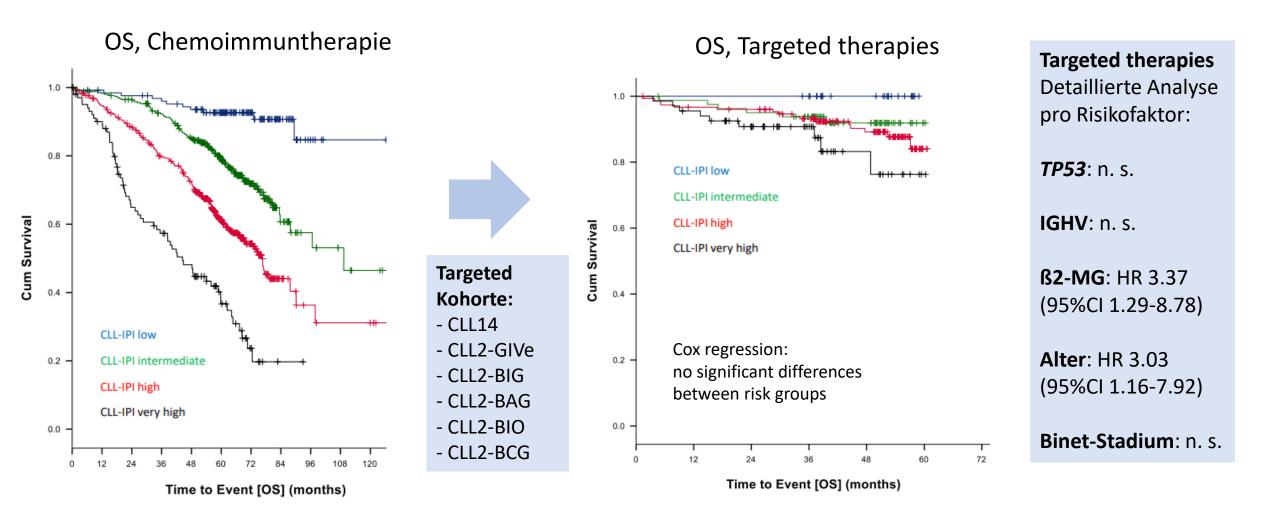
im Kontext neuer Therapien

1. Gelten die etablierten Risikofaktoren weiterhin?

	BTK-Inhibitoren	Venetoclax + X
IGHV-Status	nein (allenfalls minimal)	ja
TP53-Status	eher nein (1L)/ ja (Rezidiv)	ja (Ven-Obi)/ eher nein (I+V)
Komplexer Karyotyp	eher ja	ja , ggf. nur ≥5 Aberrationen
Deletion 11q	nein	nein

- 1. Gelten die etablierten Risikofaktoren weiterhin?
- 2. Sollte man den CLL-IPI auch aktuell noch anwenden?

CLL-IPI



- 1. Gelten die etablierten Risikofaktoren weiterhin?
- 2. Sollte man den CLL-IPI auch aktuell noch anwenden?
- 3. Gibt es (relevante) neue molekulare Risikofaktoren?

MRD

im Kontext zeitlich begrenzter Therapien

CLL13, PFS nach MO15 MRD level

Gepoolte GV/GIV-Arme

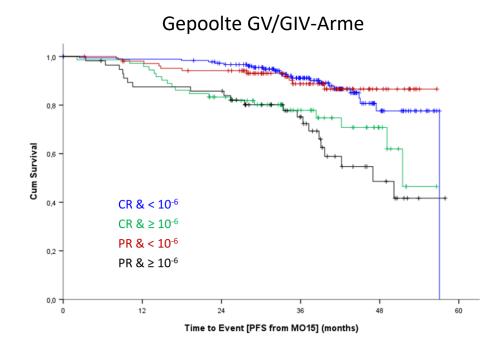
1,0

0,8

210-6 & <10-4 vs uMRD <10-6:
HR 2.18, 95% CI 1.32-3.61

≥10-4 vs ≥10-6 & <10-4:
HR 4.51, 95% CI 2.42-8.41

CLL13, PFS nach MRD und Response



Fürstenau M et al. unpublished data

Time to Event [PFS from MO15] (months)

- → MO15 MRD-Level korrelieren gut mit PFS im Kontext von fixed-duration Ven-Obi (+x)
- → In diesem Kontext scheint die klinische Response keinen großen Stellenwert zu haben

Ausblick

Neue molekulare Subgruppen

Molecular map of chronic lymphocytic leukemia and its impact on outcome

Binyamin A. Knisbacher, Ziao Lin, Cynthia K. Hahn, Ferran Nadeu, Martí Duran-Ferrer, Kristen E. Stevenson, Eugen Tausch, Julio Delgado, Alex Barbera-Mourelle, Amaro Taylor-Weiner, Pablo Bousquets-Muñoz, Ander Diaz-Navarro, Andrew Dunford, Shankara Anand, Helene Kretzmer, Jesus Gutierrez-Abril, Sara López-Tamargo, Stacey M. Fernandes, Clare Sun, Mariela Sivina, Laura Z. Rassenti, Christof Schneider, Shuqiang Li, Laxmi Parida, ... Gad Getz + Show authors

Nature Genetics 54, 1664–1674 (2022) | Cite this article

Whole-genome sequencing of chronic lymphocytic leukemia identifies subgroups with distinct biological and clinical features

Pauline Robbe, Kate E. Ridout, Dimitrios V. Vavoulis, Helene Dréau, Ben Kinnersley, Nicholas Denny, Daniel Chubb, Niamh Appleby, Anthony Cutts, Alex J. Cornish, Laura Lopez-Pascua, Ruth Clifford, Adam Burns, Basile Stamatopoulos, Maite Cabes, Reem Alsolami, Pavlos Antoniou, Melanie Oates, Doriane Cavalieri, Genomics England Research Consortium, CLL pilot consortium, Jane Gibson, Anika V. Prabhu, Ron Schwessinger, ... Anna Schuh

Nature Genetics 54, 1675–1689 (2022) Cite this article

Proteogenomics refines the molecular classification of chronic lymphocytic leukemia

Sophie A. Herbst, Mattias Vesterlund, Alexander J. Helmboldt, Rozbeh Jafari, Ioannis Siavelis, Matthias Stahl, Eva C. Schitter, Nora Liebers, Berit J. Brinkmann, Felix Czernilofsky, Tobias Roider, Peter-Martin Bruch, Murat Iskar, Adam Kittai, Ying Huang, Junyan Lu, Sarah Richter, Georgios Mermelekas, Husen Muhammad Umer, Mareike Knoll, Carolin Kolb, Angela Lenze, Xiaofang Cao, Cecilia Österholm, ... Sascha Dietrich

Nature Communications 13, Article number: 6226 (2022) Cite this article

- → Umfassende Multiomics-Analysen identifizieren neue prognostische Subgruppen
- → Klinische Relevanz/Anwendbarkeit aktuell noch unklar

Fazit

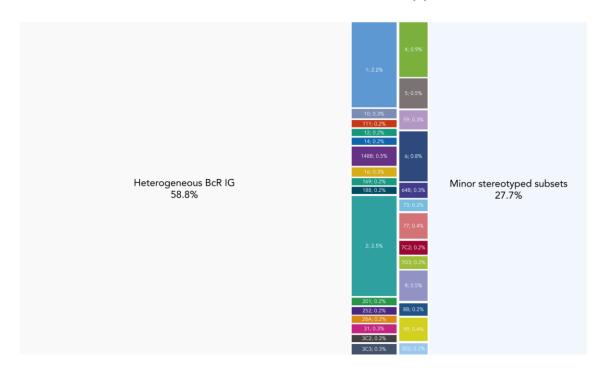
- IGHV-, TP53- und (h)CKT-Status sind auch im Kontext Venetoclaxbasierter Kombinationstherapien relevant
- Kontinuierliche BTKi-Therapien scheinen den negativen Einfluss von unmut. IGHV und mut./del. TP53 weitgehend zu egalisieren
- Neue Risiko-Scores und/oder eine Überarbeitung des CLL-IPI scheint notwendig
- Bei zeitlich begrenzten Therapien ist der MRD-Status zum Behandlungsende prognostisch für PFS

Back-up Slides

Exkurs IGHV-Status

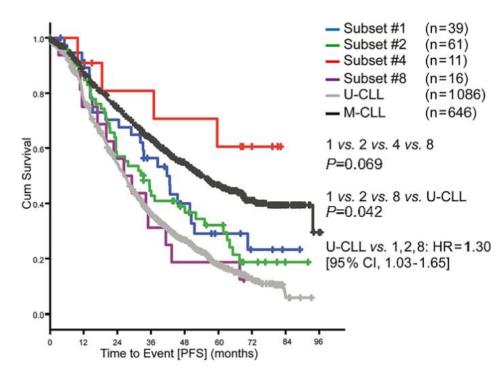
Stereotype B-Zell-Rezeptor IG Subsets

Anteil von CLL-Pat. mit stereotypen BcR IG



Agathangelidis A et al. Blood 2021

PFS Transch BBRRGG ubbset

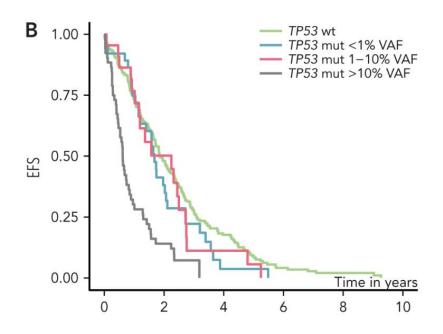


Barlaankid koPSeettaal. LaHaceen blacel orgate 12002104

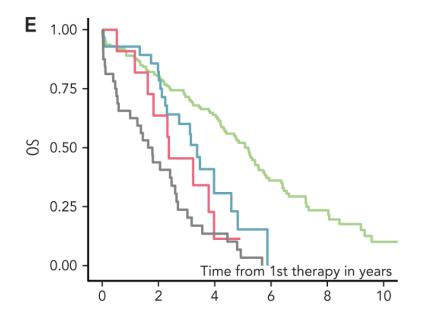
Exkurs TP53-Status

Subklonale TP53-Mutationen

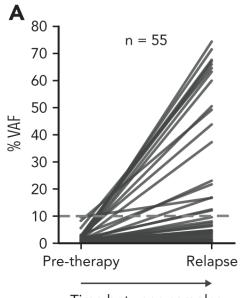
EFS nach TP53-Status & VAF



OS nach TP53-Status & VAF



Expansion der TP53-Mut



Time between samples median: 31 months (range: 6–111)

Malcikova J et al. Blood 2021

Ausblick

Neue molekulare Subgruppen

