

Pathologie 2020 · 41:207–208
<https://doi.org/10.1007/s00292-020-00788-7>

© Springer Medizin Verlag GmbH, ein Teil von
 Springer Nature 2020



G. Staab¹ · K. W. Schmid²

¹ Redaktion „Der Pathologe“, Fachzeitschriften Medizin, Springer Medizin Verlag GmbH, Heidelberg, Deutschland

² Institut für Pathologie, Universitätsklinikum Essen, Universität Duisburg-Essen, Essen, Deutschland


Open Access publizieren dank DEAL-Vereinbarung

Geben Sie Ihren wissenschaftlichen Beiträgen die größtmögliche Verbreitung

Liebe Leserinnen und Leser,


ab Anfang diesen Jahres lohnt es sich noch mehr Ihre Originalarbeiten, Übersichten aber auch Kasuistiken in „Der Pathologe“ zu publizieren. Neben der großen Reichweite im Abonnementkreis der Zeitschrift, die einen Großteil der Pathologen/innen in Deutschland erreicht, haben Sie seit Jahresanfang auch die Möglichkeit, Ihre frei eingereichten Arbeiten über das Projekt DEAL *Open-Access* zu publizieren. Im Folgenden möchten wir Sie über dessen Rahmenbedingungen informieren.

Was ist das Projekt DEAL?

Das Projekt DEAL ([1];  **Abb. 1**) ist eine Vereinbarung der Deutschen Wissenschaftsorganisationen und bisher zwei Verlagen mit den Zielen, den Zugriff auf Verlagsinhalte zu erleichtern sowie Open-Access Publikationen zu fördern. Am 08.01.2020 wurde in diesem Zusammenhang eine Vereinbarung mit SpringerNature getroffen, welche fast alle Zeitschriften des Verlags umfasst und rückwirkend zum 01.01.2020 für drei Jahre greift.

In dieser Vereinbarung ist auch unsere Zeitschrift „Der Pathologe“ involviert, worüber wir uns sehr freuen.

Was bedeutet das für Sie?

Ab sofort haben korrespondierende Autoren der teilnehmenden Einrichtungen ([2];  **Abb. 2**) die Möglichkeit ohne die Problematik der Finanzierung ausgewählte wissenschaftliche Beiträge in „Der Pathologe“ Open-Access zu publizieren und so mehr Leser als jemals zuvor zu erreichen – für „Der Pathologe“ eine einmalige Option. Da Open-Access Beiträge durchschnittlich 2,5mal häufiger gelesen und rund 30% häufiger zitiert werden, sichert diese Option eine größere Sichtbarkeit Ihres Artikels, aber auch der Zeitschrift.

Beiträge von korrespondierenden Autoren, welche keiner teilnehmenden Einrichtung angehören, können selbstverständlich weiterhin auf dem üblichen Weg (Open Choice) Open-Access publiziert werden.

Welche Beiträge werden von DEAL abgedeckt?

Mit der Vereinbarung DEAL möchten die Unterzeichner die Transformation in

der Wissenschaft unterstützen und **wissenschaftliche** Arbeiten aus den Universitäten und Forschungseinrichtungen frei zugänglich machen. Gemäß des Vertrags, den Sie unter [3] vollständig einsehen können, werden in „Der Pathologe“ die Artikel abgedeckt, die frei eingereicht werden, also Originalarbeiten und Kasuistiken oder frei eingereichte (Kurz-)Übersichten.

Die Zeitschrift „Der Pathologe“ verfolgt – unter anderem mit dem regelmäßigen Leitthema, den CME-Beiträgen und den diversen Rubriken – hauptsächlich einen **edukativen** Ansatz. Diese Beiträge fallen definitionsgemäß nicht unter die DEAL-Vereinbarung, können aber natürlich weiterhin auf dem üblichen Weg (Open Choice) *Open-Access* publiziert werden.

Wir glauben, dass DEAL ein sehr guter Grund ist in „Der Pathologe“ deutschsprachig zu publizieren und laden Sie daher heute mit besonderem Nachdruck ein, Ihre entsprechenden freien Beiträge einzureichen. Bitte nutzen Sie dafür den Editorial Manager (www.editorialmanager.com/nore). Sie finden



Abb. 1 ▲ QR-Code zu Projekt DEAL. Informieren Sie sich hier



Abb. 2 ▲ Alle teilnehmenden Einrichtungen finden Sie hinter diesem QR-Code

Dies ist ein verlagsseitiges Editorial, welches in ähnlicher Form in mehreren Zeitschriften des SpringerMedizinVerlags erscheint.

alle Informationen zu den Artikeltypen und den formalen Rahmenbedingungen unter „Submissionguidelines“ auf der Zeitschriftenhomepage [4]. Nutzen Sie DEAL, um die Sichtbarkeit Ihrer Arbeit zu erhöhen.

Korrespondenzadresse

G. Staab

Redaktion „Der Pathologe“, Fachzeitschriften Medizin, Springer Medizin Verlag GmbH Tiergartenstr. 17, 69121 Heidelberg, Deutschland gabriele.staab@springer.com

Prof. Dr. med. K. W. Schmid

Institut für Pathologie, Universitätsklinikum Essen, Universität Duisburg-Essen Hufelandstr. 55, 45147 Essen, Deutschland kw.schmid@uk-essen.de

Interessenkonflikt. G. Staab und K.W. Schmid geben an, dass kein Interessenkonflikt besteht.

Literatur

1. Projekt DEAL (2020) Webpräsenz. <https://www.projekt-deal.de/aktuelles/>. Zugegriffen: 16.04.2020
2. Projekt DEAL (2020) FAQ für teilnehmende Einrichtungen. <https://www.projekt-deal.de/faq-fur-teilnehmende-einrichtungen/>. Zugegriffen: 16.04.2020
3. Projekt DEAL (2020) <https://www.projekt-deal.de/springer-nature-vertrag/>. Zugegriffen: 16.04.2020
4. <https://www.springer.com/journal/292>. Zugegriffen: 16.04.2020

Tumormutationslast als Biomarker bei Krebs: Wissenschaftler überprüfen die Leistung von sechs Gentests

Die Menge an erworbenen Veränderungen im Erbgut im Tumorgewebe, die sogenannte Mutationslast, wird von Medizinern als Biomarker genutzt, um vorhersagen zu können, welche Patienten von einer Immuntherapie profitieren könnten. Auf dem Markt gibt es inzwischen verschiedene Tests, die durch Analyse mehrerer Hundert Gene Rückschlüsse auf diese Mutationslast zulassen. Wissenschaftler haben nun sechs Gentests auf ihre Zuverlässigkeit untersucht und konnten nachweisen, dass diese Multi-Gen-Panels sich für den Einsatz in der klinischen Routinediagnostik eignen.

Um die Mutationslast im Tumorgewebe zu bestimmen, werden aktuell vor allem zwei Verfahren eingesetzt: Bei der Exom-Sequenzierung – auch Whole-Exome Sequencing (WES) genannt – werden alle circa 20.000 Gene entschlüsselt, die für die Eiweißmoleküle in einer Zelle kodieren. „Die WES-Analyse liefert aktuell sehr genaue und verlässliche Daten, deren Auswertung und Interpretation Grundlage für weitere Therapieempfehlungen sein kann. Allerdings ist das Verfahren mit einer Analysezeit von drei bis vier Wochen relativ langsam und sehr kleine Gewebeproben sind mitunter schwierig mittels WES zu analysieren“, so Stefan Fröhling, Geschäftsführender Direktor am Nationalen Centrum für Tumorerkrankungen (NCT) Heidelberg und Leiter der Abteilung für Translationale Medizinische Onkologie am Deutschen Krebsforschungszentrum (DKFZ).

Bei einer Gen-Panel-Untersuchung wird eine kleinere Anzahl von mehreren Hundert Genen in kürzerer Zeit analysiert. Die Methode lässt auf Basis der untersuchten Genabschnitte eine Schätzung der Mutationslast im Tumorgewebe zu. Auch methodisch ist das Verfahren weniger aufwändig, da im Gegensatz zur WES-Analyse kein frisches Tumormaterial benötigt wird, sondern die Untersuchung an paraffineingebetteten Gewebeschnitten erfolgen kann, wie sie üblicherweise für die Diagnose genutzt werden und in der Pathologie vorliegen. Seit Kurzem kann sogar Tumor-DNA aus dem Blut des Patienten für die Multi-Gen-Analyse verwendet werden.

Mittlerweile sind mehrere Gentests für die Bestimmung der Tumormutationslast erhältlich, die in einem Labor eingesetzt werden können. Allerdings fehlte bisher eine detaillierte Bewertung der Gesamtleistung dieser TMB(Tumor Mutational Burden)-Tests. In einer aktuellen Untersuchung haben nun

Wissenschaftler und Ärzte mehrerer Universitätspathologien in Deutschland und der Schweiz unter der Schirmherrschaft der Qualitätssicherungs-Initiative Pathologie (QuiP) die Leistung und Qualität von sechs verschiedenen Gentests an 20 Tumormustern überprüft, untereinander verglichen und der Analysegenauigkeit des WES-Verfahrens gegenübergestellt.

Die Studie hat gezeigt, dass man mit den untersuchten Gen-Panels die Tumormutationslast näherungsweise bestimmen kann und ein verlässliches Ergebnis erhält, um Patienten gezielt auswählen zu können, die von einer Immuntherapie profitieren könnten. Die Studienergebnisse sind ein wichtiger Beitrag zur Bewertung solcher Gentests in der klinischen Routinediagnostik“, so M. Schlesner, Leiter der Nachwuchsgruppe Bioinformatik und Omics Data am DKFZ. „Wir konnten aber auch Faktoren identifizieren, die die Ergebnisse der Gentests in der täglichen Praxis beeinflussen. Hierzu gehören beispielsweise die Anzahl der Tumorzellen im Gewebeschnitt oder auch die Qualität der enthaltenen DNA. Weitere Untersuchungen werden sich daher auch damit beschäftigen, diese Störfaktoren zu reduzieren und einheitliche bioinformatische Analyseverfahren zu entwickeln“, ergänzt Stenzinger.

Literatur: Stenzinger A, Endris V et al (2020) Harmonization and Standardization of Panel-Based Tumor Mutational Burden (TMB) Measurement: Real-World Results and Recommendations of the QuiP Study. *Journal of Thoracic Oncology (JTO)*. [https://www.jto.org/article/S1556-0864\(20\)30135-0/pdf](https://www.jto.org/article/S1556-0864(20)30135-0/pdf)

Quelle: PM NCT Heidelberg, 03.03.2020