

BESTIMMUNG DES *MET*-EXON 14 („SKIPPING“) MUTATIONSSTATUS

WISSENSCHAFTLICHER HINTERGRUND

Das *MET*-Gen (Abk. für „*MET* Proto-Oncogene Receptor Tyrosine Kinase“) liegt auf Chromosom 7 und kodiert für eine Rezeptortyrosinkinase. Bindung des Liganden HGF (Abk. für „Hepatocyte Growth Factor“) induziert die Dimerisierung und Aktivierung des Rezeptors. Dieser spielt eine Rolle in Zellüberleben, Embryogenese und zelluläre Migration und Invasion.

INDIKATION

Die Bestimmung des *MET*-Mutationsstatus (hier: Exon 14 „Skipping“) ist wichtig bei der Behandlung von Patienten mit Lungenkarzinom. Hierbei wird untersucht, ob es im *MET*-Gen im Laufe der Entstehung des Tumors zu onkogenen Mutationen gekommen ist oder nicht. Die Mutationsfrequenz von *MET* beträgt beim NSCLC <1 Prozent.

UNTERSUCHUNGSMATERIAL

Die *MET*-Mutationsanalyse kann an Tumormaterial durchgeführt werden, das im Rahmen der pathologischen Diagnostik sowieso entstanden und verfügbar ist, sogenanntes Paraffinmaterial.

NACHWEISMETHODE

Ausgehend von Schnittpräparaten dieses Materials auf Glasobjektträgern kann der Pathologe Bereiche mit einem hohen Anteil an Tumorzellen anzeichnen, die für die Isolation der DNA in ein Gefäß überführt werden. Mit Hilfe der sogenannten PCR-Technik läßt sich dann aus der genomischen DNA der relevante Bereich des *MET*-Gens vermehren und durch die DNA-Sequenzierung analysieren. Das Analyseergebnis liegt üblicherweise wenige Tage nach Probeneingang vor und wird dem behandelnden Arzt übermittelt.

LITERATUR

Paik et al. (2020): NEJM 383:931-943. Tepotinib in Non-Small-Cell Lung Cancer with *MET* Exon 14 Skipping Mutations.

Heist et al. (2016): The Oncologist 21:481-486. *MET* Exon 14 Skipping in Non-Small Cell Lung Cancer.