

BESTIMMUNG DES *MET*-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 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 lassen sich dann aus der genomischen DNA die relevanten Bereiche des *MET*-Gens vermehren und durch die DNA-Sequenzierung analysieren. In unserem Institut werden die Exone 16, 17, 18 und 19 des *MET*-Gens untersucht. Das Analyseergebnis liegt üblicherweise wenige Tage nach Probeneingang vor und wird dem behandelnden Arzt übermittelt.

LITERATUR

Kong-Beltran M et al. (2006): Cancer Res. 66:283-9. Somatic mutations lead to an oncogenic deletion of met in lung cancer.

Ma PC et al. (2005): Cancer Res. 65:1479-88. Functional expression and mutations of c-Met and its therapeutic inhibition with SU11274 and small interfering RNA in non-small cell lung cancer.