

Tumore der Hirnanhangsdrüse gehören zu den häufigsten Neubildungen innerhalb der Schädelhöhle. Die Symptome, die sie verursachen, sind äußerst vielfältig und hängen hauptsächlich von der Hormonaktivität und dem Wachstumsverhalten des Tumors ab. Diese Faktoren sind wiederum eng mit der Ursprungszelle des Tumors verbunden.

Nach heutigen diagnostischen Standards wird das Tumorgewebe der Hirnanhangsdrüse mit Hinblick auf ihren zellulären Ursprung klassifiziert. Diese Einteilung hilft, Vorhersagen über den weiteren Verlauf der Erkrankung und die allgemeine Prognose zu machen. In diesem Projekt haben wir ungewöhnliche Tumore untersucht, welche nach heutigem Verständnis zwei unterschiedlichen Zelllinien (der PIT1- und der SF1-Linie) angehörig scheinen. Das bedeutet, dass sie eine scheinbar duale Linienidentität aufweisen und somit das bestehende Klassifizierungskonzept herausfordern.

In enger Kooperation zwischen der Neuropathologie und der Neurochirurgie wurden diese Tumoren detailliert untersucht und charakterisiert. Hierfür wurden aufwendige bioinformatische Analysen durchgeführt, um Daten aus verschiedenen Studien zusammenzuführen. Wir konnten zeigen, dass derartige Tumore zum einen deutlich häufiger vorkommen als ursprünglich angenommen wurde und zum anderen, dass sie einen eigenständigen Tumorsubtyp mit distinkten klinischen und biologischen Eigenschaften darstellen. Diese Erkenntnisse verbessern die aktuellen Konzepte der Tumorklassifizierung. Ein vertieftes Verständnis über die Biologie dieser Tumore bildet zudem eine wichtige Grundlage für zukünftige therapeutische Ansätze.