



Universitätsklinikum Hamburg-Eppendorf  
Zentrum für Diagnostik  
Institut für Neuropathologie

H A M B U R G

**Dr. med. Matthias Dottermusch**  
Oberarzt  
Institut für Neuropathologie  
Martinistraße 52  
20246 Hamburg  
m.dottermusch@uke.de

Universitätsklinikum Hamburg-Eppendorf | Martinistraße 52 | 20246 Hamburg

Hamburger Krebsgesellschaft e.V.  
Butenfeld 18  
20251 Hamburg

Hamburg, den 16.02.2026

**Abschlussbericht zum Projekt:  
„Epigenomik in PIT1-positiven unreifen neuroendokrinen Tumoren der Hypophyse“**

Sehr geehrte Damen und Herren,

für die finanzielle Unterstützung des Projektes „Epigenomik in PIT1-positiven unreifen neuroendokrinen Tumoren der Hypophyse“ bedanken wir uns herzlich und freuen uns mit Abschluss der Förderperiode über die erzielten Ergebnisse zu berichten.

Ziel des Projektes war die Charakterisierung epigenomischer Signaturen von PIT1-positiven unreifen neuroendokrinen Tumoren der Hypophyse, um bestehende diagnostische und prognostische Klassifikationskriterien in diesen Tumoren molekular präzisieren zu können. Aus dem Archiv des Instituts für Neuropathologie konnten wir geeignetes Tumorgewebe von 33 Fällen identifizieren und aufarbeiten, darunter 16 azidophile Stammzelltumore (ASCT) und 17 unreife hypophysäre neuroendokrine Tumore (PitNET)/Adenome der PIT1-Linie (IPLP). Die globalen DNA-Methylierungsprofile dieser Tumore wurden in unserem Labor generiert und anschließend in einen großen epigenomischen Datensatz bereits publizierter PitNETs der PIT1-Linie integriert (PMID: 31883967; PMID: 29539639; PMID: 38228887; PMID: 40295206). Umfassende bioinformatische Analysen zeigten, dass diese Tumore keine klar separierbaren Methylierungsgruppen bildeten, sondern sich vielmehr überwiegend etablierten Referenzklassen zuordnen ließen. So gruppierten sich teilweise unreife PitNETs auch zu reif geltenden PitNETs wie zB zu den dicht granulierten somatotrophen PitNETs. Darüber hinaus zeigte sich, dass auch weitere histopathologisch definierte und etablierte Subtypen innerhalb des integrierten Referenzdatensatzes teilweise keine vollständig und klar abgrenzbaren Methylierungsgruppen bildeten. Diese Ergebnisse unterstreichen die Notwendigkeit größerer, klinisch und molekular umfassend charakterisierter Kohorten, um den Zusammenhang zwischen Epigenomik und morphologischer Klassifikation in PitNETs der PIT1-Linie umfassend präziser zu definieren. Die bereits gewonnenen Daten bilden die Grundlage für eine Erweiterung des Projektes mit vergrößertem Fallkollektiv, derzeit noch unpublizierten Ergebnisse befinden sich in Manuskriptvorbereitung. Darüber hinaus konnten im Rahmen der Förderperiode weitere projektbezogene Arbeiten zur Charakterisierung seltener synchroner PitNETs sowie zur Klärung nomenklatorischer Fragestellungen bereits abgeschlossen werden (PMID: 41060331, PMID: 40377798).

Mit besten Grüßen und vielem Dank  
Dr. med. Matthias Dottermusch