



COPIE INTERNE 21/08/2025

Dr LEFRANC FLORENCE
HOPITAL ERASME
SERVICE DE NEUROCHIRURGIE

**Centre d'Anatomie
Pathologique H.U.B.**
Rue Meylemeersch 90 - 1070 Anderlecht
Mijlemeerschstraat 90 - 1070 Anderlecht

Directrice de Service
Pr Myriam Rimmelink

Equipe Médicale
Dr Nicolas de Saint Aubain
Pr Nicky D'Haene
Dr Maria Gomez Galdon
Dr Chirine Khaled
Pr Denis Larsimont
Pr Laetitia Lebrun
Dr Calliope Maris
Pr Jean-Christophe Noël
Dr Anne-Laure Trépant
Dr Marie Van Eycken
Pr Laurine Verset

Consultant (e) s
Dr Sarah Bourri
Dr Xavier Catteau
Dr Roland de Wind
Dr Marie-Lucie Racu
Dr Valérie Segers
Dr Anne Theunis
Dr Marie-Paule Van Craynest

Secrétariat Médical
T. +32 (0)2 541 73 23
+32 (0)2 555 33 35

SecMed.AnaPath@hubruxelles.be

Secrétariat Direction
T. +32 (0)2 555 31 15
Mme Kathia El Yassini
Kathia.elyassini@hubruxelles.be

Mme Véronique Millecamps
veronique.millecamps@hubruxelles.be

PATIENT :

ID :

Réf. Externe :

EXAMEN : **25EM00410**

Prélevé le 21/06/2021 à 21/06/2021 11:17 Prescripteur : Dr LEFRANC FLORENCE
Reçu le 30/01/2025

**RECHERCHE PAR « NEXT GENERATION SEQUENCING » DE VARIANTS
DANS 39 GENES IMPLIQUES DANS LES GLIOMES ET RECHERCHE DE CO-
DELETION 1p19q
(CLINICAL GLIOMA PANEL V2)**

*HUB – Centre d'Anatomie Pathologique – est accrédité par BELAC sous le numéro
de certificat B-727 MED*

I. Renseignements anatomopathologiques

N° du prélèvement : 21H08784 2.04.

Date du prélèvement : 21/06/21

Origine du prélèvement : Erasme

Type de prélèvement : Méningiome de grade II

II. Evaluation de l'échantillon

- % de cellules tumorales : 20%

- Qualité du séquençage : Suboptimale

Les exons à considérer comme non contributifs sont détaillés dans le tableau ci-dessous
(point III).

- Commentaires : Nous attirons votre attention sur le fait que le délai de fixation est supérieur à 1h et que ceci pourrait
éventuellement avoir un impact sur les résultats.

III. Méthodologie (effectué par : MAGU, NADN, NIDH)

- Extraction ADN à partir de coupes paraffinées après macrodissection des zones tumorales ou à partir de frottis.
- Détection par « Next Generation Sequencing » (sur Ion Gene Studio S5, Ion Torrent avec Kit AmpliSeq) de variants dans 39 gènes liés aux tumeurs cérébrales :

Gène	RefSeq	Exons testés	Exons Non Contributifs (coverage <250x)*
ACVR1	NM_001105	6-11	7
ATRX	NM_00489	1-35 (whole CDS)	9, 11
BRAF	NM_004333	7, 10, 11, 12, 15	
CDK4	NM_000075	1-8 (whole CDS)	7
CDK6	NM_001259	2-8 (whole CDS)	
CDKN2A	NM_000077	1-3 (whole CDS)	1
CDKN2B	NM_004936 et NM_078487	1-2 (whole CDS)	
EGFR	NM_005228	1-28 (whole CDS)	
FGFR1	NM_23110	12, 14-16	15
FGFR2	NM_000141	5-7, 9-10, 12, 14	
FGFR3	NM_00142	7, 9, 10, 13-16	
H3F3A (=H3.3)	NM_002107	2	2
H3F3B	NM_005324	2-4 (whole CDS)	
HIST1H3B (=H3C2)	NM_003537	1	
HIST1H3C (=H3C3)	NM_003531	1	
HRAS	NM_005343	2-4 (whole CDS)	
IDH1	NM_005896	4	
IDH2	NM_002168	4	
KRAS	NM_033360	2-4 (whole CDS)	
MDM2	NM_002392	1-11 (whole CDS)	1

Gène	RefSeq	Exons testés	Exons Non Contributifs (coverage <250x)*
MDM4	NM_002393	2-11 (whole CDS)	2
MYCN	NM_1293228	2-3 (whole CDS)	2
NF1	NM_001042492	1-58 (whole CDS)	
NF2	NM_00268	1-16 (whole CDS)	2, 8, 15
NRAS	NM_002524	2-4 (whole CDS)	
PDGFRA	NM_006206	5-12, 14-15, 18, 21-23	
PIK3CA	NM_006218	1-20 (whole CDS)	
PIK3R1	NM_181523	2-16 (whole CDS)	
POLD1	NM_001256849	1-27 (whole CDS)	20, 22
POLE	NM_006231	1-49 (whole CDS)	7, 25, 48
PPM1D	NM_003620	1-6 (whole CDS)	1
PRKCA	NM_002737	1-17 (whole CDS)	
PTEN	NM_00314	1-9 (whole CDS)	
PTPN11	NM_02834	1-15 (whole CDS)	11
RB1	NM_00321	1-27 (whole CDS)	1, 15, 22
TERT	NM_001193376	Promoteur	Promoteur
TP53	NM_00546	1-11 (whole CDS)	
TSC1	NM_000368	3-23 (whole CDS)	
TSC2	NM_000548	2-42 (whole CDS)	14, 31, 32, 34

* Un coverage < 250x induit une perte de sensibilité et de spécificité de la méthode.

- Sensibilité : Seuls les variants avec une fréquence supérieure à 5% et un variant coverage >30x (sauf promoteur de TERT : variant coverage >20x) sont rapportés.
- Détection par « Next Generation Sequencing » (Ion Gene Studio S5, Ion Torrent avec Kit AmpliSeq) d'une perte d'hétérozygotie (LOH) 1p et 19q, sur base de 30 SNP sur le chromosome 1 et 25 SNP sur le chromosome 19. Sensibilité : la technique utilisée détecte la LOH 1p et 19q si l'échantillon contient > 40% de cellules tumorales.

IV. Résultats

a. Liste des variants détectés :

Variants pathogéniques ou présumés pathogéniques :

Gène	Exon	Variant	Coverage	% d'ADN muté
Variants avec impact clinique indéterminé				
NF2	7	p.Y221*	727	68%

b. Statut 1p19q :

Qualité de l'échantillon : optimale

Résultat : Pas de perte d'hétérozygotie (LOH) du chromosome 19q. Perte d'hétérozygotie du chromosome 1p.

V. Discussion

Le gène NF2 est un gène suppresseur de tumeur. Comme il s'agit d'une mutation tronquante dans un gène suppresseur de tumeur, ce variant est classé comme présumé pathogénique. Les mutations du gène NF2 sont décrites dans les méningiomes. Leur impact clinique est indéterminé.

*WHO blue book
oncokb.org*

VI. Conclusion : (NADN le 06/02/2025)

Absence de variant détecté dans le gène TERT.

Présence de la mutation Y221* du gène NF2, dont l'impact clinique est indéterminé.

Perte d'hétérozygotie du chromosome 1p.

Résultats à interpréter avec prudence en raison de la qualité suboptimale du séquençage.

Pour toute information complémentaire, veuillez nous contacter au 02/555.85.08 ou par mail : Biomol.AnaPath@erasme.ulb.ac.be

Dr N D'HAENE