

19



OFICINA ESPAÑOLA DE
PATENTES Y MARCAS

ESPAÑA



11 Número de publicación: **2 913 468**

51 Int. Cl.:

C12Q 1/6886 (2008.01)

C12Q 1/6858 (2008.01)

12

TRADUCCIÓN DE PATENTE EUROPEA

T3

86 Fecha de presentación y número de la solicitud internacional: **17.04.2017 PCT/US2017/028013**

87 Fecha y número de publicación internacional: **19.10.2017 WO17181202**

96 Fecha de presentación y número de la solicitud europea: **17.04.2017 E 17733137 (8)**

97 Fecha y número de publicación de la concesión europea: **23.02.2022 EP 3443119**

54 Título: **Métodos para la detección del cáncer de pulmón**

30 Prioridad:

15.04.2016 US 201662323589 P

45 Fecha de publicación y mención en BOPI de la traducción de la patente:

02.06.2022

73 Titular/es:

**NATERA, INC. (50.0%)
201 Industrial Road Suite 410
San Carlos, CA 94070, US y
UCL BUSINESS LTD (50.0%)**

72 Inventor/es:

**ZIMMERMANN, BERNHARD;
CONSTANTIN, TUDOR POMPIIU;
SALARI, RAHELEH;
KIRKIZLAR, HUSEYIN ESER;
SWANTON, ROBERT CHARLES;
JAMAL-HANJANI, MARIAM;
ABBOSH, CHRISTOPHER y
WILSON, GARETH**

74 Agente/Representante:

DÍAZ DE BUSTAMANTE TERMINEL, Isidro

ES 2 913 468 T3

Aviso: En el plazo de nueve meses a contar desde la fecha de publicación en el Boletín Europeo de Patentes, de la mención de concesión de la patente europea, cualquier persona podrá oponerse ante la Oficina Europea de Patentes a la patente concedida. La oposición deberá formularse por escrito y estar motivada; sólo se considerará como formulada una vez que se haya realizado el pago de la tasa de oposición (art. 99.1 del Convenio sobre Concesión de Patentes Europeas).

DESCRIPCIÓN

Métodos para la detección del cáncer de pulmón

5 Campo de la invención

Las invenciones divulgadas se relacionan generalmente con métodos para detectar mutaciones y fusiones de ácidos nucleicos mediante el uso de métodos de amplificación tales como la reacción en cadena de la polimerasa (PCR).

10 Antecedentes de la invención

La detección de mutaciones asociadas con cánceres, ya sea antes del diagnóstico, al hacer un diagnóstico, para la estadificación de la enfermedad o para monitorear la eficacia del tratamiento, se ha basado tradicionalmente en muestras de biopsia de tumores sólidos. El muestreo es altamente invasivo y no está exento de riesgo de contribuir potencialmente a metástasis o complicaciones quirúrgicas. Se necesitan métodos mejores y menos invasivos para detectar mutaciones asociadas con el cáncer. Narayan y otros (2012: Cancer Research: p3492-3498) describe la medición de mutaciones en puntos críticos del ADN tumoral en sangre mediante el uso de secuenciación profunda multiplexada con supresión de errores. Couraard y otros (2014: Biology of Human Tumours: p4613-4624) describe el diagnóstico no invasivo de la mutación tratable mediante la secuenciación profunda de ADN libre circulante en cáncer de pulmón de pacientes no fumadoras.

Resumen de la invención

La presente invención se define por el método de la reivindicación 1-12. Se proporciona un método para determinar las variantes de un solo nucleótido presentes en un carcinoma de células escamosas de pulmón. El método incluye generar un conjunto de amplicones al realizar una reacción de amplificación múltiple en ácidos nucleicos aislados de una muestra de plasma de un individuo sospechoso de tener un carcinoma de células escamosas de pulmón, en donde cada amplicón del conjunto de amplicones abarca al menos una variante de un solo nucleótido de un loci de un conjunto de 25-1000 variantes de un solo nucleótido de un loci que se sabe que están asociados con el cáncer de pulmón; y determinar la secuencia de al menos un segmento de cada amplicón del conjunto de amplicones, en donde el segmento comprende un loci variante de un solo nucleótido, para determinar de esta manera las variantes de un solo nucleótido presentes en el carcinoma de células escamosas.

Un método para respaldar un diagnóstico de cáncer de pulmón para un individuo del que se sospecha que tiene carcinoma de células escamosas de pulmón a partir de una muestra de sangre o una fracción de la misma del individuo, puede comprender generar un conjunto de amplicones al realizar una reacción de amplificación múltiple en ácidos nucleicos aislados de la muestra, en donde cada amplicón del conjunto de amplicones abarca al menos un locus variante de un solo nucleótido de un conjunto de locus variantes de un solo nucleótido que se sabe que están asociados con el cáncer de pulmón; y

determinar la secuencia de al menos un segmento de cada amplicón del conjunto de amplicones, en donde el segmento comprende un loci variante de un solo nucleótido, para determinar de esta manera si una o más variantes de un solo nucleótido están presentes en la pluralidad de loci variantes de un solo nucleótido. De acuerdo con las modalidades ilustrativas, la ausencia de una sola variante de nucleótido apoya un diagnóstico de adenocarcinoma en etapa 1a, 2a o 2b, la presencia de una variante de un solo nucleótido respalda un diagnóstico de carcinoma de células escamosas o un adenocarcinoma en etapa 2b o 3a, y/o la presencia de 5, 10, 15 o más variantes de un solo nucleótido respalda un diagnóstico de carcinoma de células escamosas o un adenocarcinoma en etapa 2b o 3.

En ciertas modalidades, la presencia de 5, 10 o 15 o más variantes de un solo nucleótido respalda un diagnóstico de carcinoma de células escamosas o un adenocarcinoma en etapa 3.

El método incluye una etapa de amplificación, la reacción de amplificación es una reacción de PCR múltiple, la temperatura de hibridación es entre 1 y 15 °C mayor que la temperatura de fusión de al menos 50, 60, 70, 85, 80, 90, 95 o 100 % de los cebadores del conjunto de cebadores, la duración de la etapa de hibridación en la reacción de PCR es de 15 minutos, la concentración de cebador en la reacción de amplificación es de 10 nM y los cebadores en el conjunto de cebadores están diseñados para minimizar el dímero de cebador formación.

En cualquiera de las modalidades del método de la invención, que incluyen determinar o detectar la presencia de un SNV mediante el uso de un método de amplificación, se puede determinar una eficiencia y una tasa de error por ciclo para cada reacción de amplificación de la reacción de amplificación múltiple del conjunto de una sola variante de nucleótidos del loci, y la eficiencia y la tasa de error pueden usarse para determinar si una única variante de nucleótido en el conjunto de loci de variantes únicas está presente en la muestra. En algunas de estas modalidades ilustrativas,

se determina una confianza y se realiza una llamada de SNV si se excede un valor de confianza de corte, tal como una confianza del 90 %, 95 % o 98 %.

Otras modalidades y características y ventajas de las invenciones descritas serán evidentes a partir de la siguiente descripción detallada y de las reivindicaciones.

Breve descripción de las figuras

El archivo de la patente o de la solicitud contiene al menos un dibujo hecho a color. Las copias de esta publicación de patente o de la solicitud de patente con la (las) figura(s) a color se proporcionarán por la Oficina bajo petición y pago de la tarifa necesaria.

Las modalidades descritas actualmente se explicarán con más detalle con referencia a los dibujos adjuntos, en donde las estructuras similares se denominan con números similares en las diversas vistas. Los dibujos que se muestran no están necesariamente a escala, en su lugar generalmente con énfasis de situar en la ilustración los principios de las modalidades actualmente descritas.

La Figura 1 es un diagrama de flujo de trabajo.

La Figura 2 Panel superior: el número de SNV por muestra; panel de parte inferior: los ensayos de trabajo, ordenados por categoría de controlador.

Figura 3. Concentración de cfDNA medida. Cada punto de datos se refiere a una muestra de plasma.

Figura 4. Muestras que muestran una buena correlación entre las mediciones de VAF tisular determinadas previamente (eje x) y aquí mediante el uso de mPCR-NGS (eje y). Cada muestra se muestra en un cuadro separado y los puntos de datos VAF están coloreados por subsección de tejido.

Figura 5. Muestras que muestran una correlación deficiente entre las mediciones de VAF tisular determinadas previamente (eje x) y aquí mediante el uso de mPCR-NGS (eje y). Cada muestra se muestra en un cuadro separado y los puntos de datos VAF están coloreados por subsección de tejido.

Figura 6A. Profundidad del histograma de lectura en función de la llamada resultante. Arriba: el ensayo no detectó el SNV de plasma esperado. Parte inferior: el ensayo detectó el SNV de plasma esperado.

Figura 7. Número de SNV detectados en plasma por tipo histológico.

Figura 8. Detección de SNV (izquierda) y detección de muestras (derecha) en plasma por etapa tumoral.

Figura 9. VAF plasmático en función del etapa tumoral y la clonalidad del SNV.

Figura 10. Número de SNV detectados en plasma de cada muestra en función de la cantidad de entrada de cfDNA.

Figura 11. VAF plasmático en función del VAF tumoral promedio. Se calculó la VAF tumoral promedio en todas las subsecciones de tumor analizadas de cada tumor.

La Figura 12 muestra las proporciones clonales (rojo a azul) y la frecuencia de la variante del alelo mutante (MutVAF) de cada SNV detectado. Los SNV totales detectados de cada muestra se colocan en una sola columna y las muestras se clasifican por etapa tumoral (pTNMstage). Se incluyen muestras sin SNV detectados. La relación clonal se define como la relación entre el número de subsecciones tumorales en las que se observó SNV y el número total de subsecciones analizadas de ese tumor.

La Figura 13 muestra el estado clonal (azul para clonal y rojo para subclonal) y la frecuencia del alelo de la variante mutante (MutVAF) de cada SNV detectado. Los SNV totales detectados de cada muestra se colocan en una sola columna y las muestras se clasifican por etapa tumoral (pTNMstage). Se incluyen muestras sin SNV detectados. PyCloneCluster determinó el estado clonal mediante el uso de datos de secuenciación del exoma completo del tejido tumoral.

La Figura 14 muestra el estado clonal (azul para clonal y rojo para subclonal) y la frecuencia de la variante del alelo mutante (MutVAF) de cada SNV detectado, en donde el panel superior muestra solo los SNV clonales y el panel de la parte inferior muestra solo los SNV subclonales. Los SNV totales detectados de cada muestra se colocan en una sola columna y las muestras se clasifican por etapa tumoral (pTNMstage). Se incluyen muestras sin SNV detectados. PyCloneCluster determinó el estado clonal mediante el uso de datos de secuenciación del exoma completo del tejido tumoral.

La Figura 15 muestra el número de SNV detectados en plasma en función del tipo histológico y el tamaño del tumor. El tipo histológico y el etapa tumoral fueron determinados por el informe anatomopatológico. Cada punto de datos está coloreado por tamaño, donde el rojo indica el tamaño del tumor más grande y el azul indica el tamaño del tumor más pequeño.

La Figura 16 es una tabla de análisis de cfDNA que muestra la concentración de ADN, los equivalentes de copia del genoma en la preparación de la biblioteca, el grado de hemólisis del plasma y el perfil de cDNA en todas las muestras.

La Figura 17 es una tabla de SNV detectados en el plasma para cada muestra.

La Figura 18 es una tabla de SNV adicionales detectados en plasma.

La Figura 19 es una tabla de recuento de ensayos basada en genes para los experimentos del Ejemplo 1.

La Figura 20 es una tabla de información sobre las muestras analizadas en el estudio del Ejemplo 1, así como también los datos generados a partir del experimento proporcionado en el Ejemplo 1.

La Figura 21 es un ejemplo de ensayos detectados y sus fracciones alélicas de fondo para una muestra de plasma en el momento de la recaída (LTX103).

Las figuras identificadas anteriormente se proporcionan a modo de representación y no de limitación.

Descripción detallada de la invención

- 5 Los métodos proporcionados en la presente descripción mejoran la detección, el diagnóstico, la estadificación, la detección, el tratamiento y la gestión del cáncer de pulmón. Los métodos proporcionados en la presente descripción analizan las variantes de mutaciones de un solo nucleótido (SNV) en los fluidos circulantes, especialmente el ADN tumoral circulante. Los métodos proporcionan la ventaja de identificar más mutaciones que se encuentran en un tumor y mutaciones clonales así como también subclonales, en una sola prueba, en lugar de múltiples pruebas que serían
- 10 necesarias, si fueran efectivas, que usan muestras tumorales. Los métodos y composiciones pueden ser útiles por sí solos, o pueden ser útiles cuando se usan junto con otros métodos para la detección, el diagnóstico, la estadificación, la detección, el tratamiento y el manejo del cáncer de pulmón, por ejemplo, para ayudar a soportar los resultados de estos otros métodos para proporcionar más confianza y/o un resultado definitivo.
- 15 En consecuencia, se proporciona en la presente descripción en una modalidad, un método para determinar las variantes de un solo nucleótido presentes en un carcinoma de células escamosas de pulmón mediante la determinación de las variantes de un solo nucleótido presentes en una muestra de plasma de ctDNA de un individuo, tal como un individuo que tiene o se sospecha que tiene, carcinoma de células escamosas, mediante el uso de un flujo de trabajo de amplificación/secuenciación de SNV de ctDNA proporcionado en la presente descripción.
- 20 En la presente descripción se proporciona un método para detectar carcinoma de células escamosas de pulmón en una muestra de plasma de un individuo, tal como un individuo sospechoso de tener un carcinoma de células escamosas, que incluye determinar las variantes de un solo nucleótido presentes en la muestra mediante el uso de un flujo de trabajo de amplificación/secuenciación de SNV de ctDNA proporcionado en la presente descripción. La
- 25 presencia de 1, 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9, 10, 11, 12, 13, 14 o 15 SNV en el extremo inferior del intervalo, y 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9, 10, 11, 12, 13, 14, 15, 16, 17, 18, 19, 20, 21, 22, 23, 24, 25, 30, 40 o 50 SNV en el extremo superior del intervalo, en la muestra en la pluralidad de loci de un solo nucleótido es indicativo de la presencia de carcinoma de células escamosas.
- 30 Un método para detectar una variante clonal de un solo nucleótido en un tumor de pulmón de un individuo puede incluir realizar un flujo de trabajo de amplificación/secuenciación de SNV de ctDNA como se proporciona en la presente descripción, y determinar la frecuencia de alelo variante para cada uno de los loci de SNV en función de la secuencia de la pluralidad de copias de la serie de amplicones. Una frecuencia de alelos relativa más alta en comparación con las otras variantes de un solo nucleótido de la pluralidad de loci de variantes de un solo nucleótido es indicativa de una variante clonal de un solo nucleótido en el tumor. Las frecuencias alélicas variantes se conocen bien en la técnica de la secuenciación. Se proporciona soporte para esta modalidad, por ejemplo, en las Figuras. 12-14.
- 35 En ciertas modalidades, el método incluye además determinar un plan de tratamiento, terapia y/o administrar un compuesto al individuo que se dirige a una o más variantes clonales de un solo nucleótido. En ciertos ejemplos, los SNV subclonales y/u otros clonales no son el objetivo de la terapia. Las terapias específicas y las mutaciones asociadas se proporcionan en otras secciones de esta especificación y son conocidas en la técnica. En consecuencia, en determinados ejemplos, el método incluye además la administración de un compuesto al individuo, cuando se sabe que el compuesto es específicamente efectivo en el tratamiento del carcinoma de células escamosas de pulmón que tiene una o más de las variantes de un solo nucleótido determinadas.
- 40 En ciertos aspectos de esta modalidad, una frecuencia de alelo variante superior al 0,25 %, 0,5 %, 0,75 %, 1,0 %, 5 % o 10 % es indicativa de una variante clonal de un solo nucleótido. Estos cortes están soportados por los datos en forma tabular de la Figura. 20.
- 45 En determinados ejemplos de esta modalidad, el carcinoma de células escamosas es un carcinoma de células escamosas en etapa 1a, 1b o 2a. En determinados ejemplos de esta modalidad, el carcinoma de células escamosas es un carcinoma de células escamosas en etapa 1a o 1b. En ciertos ejemplos de la modalidad, el individuo no se somete a cirugía. En ciertos ejemplos de la modalidad, el individuo no se somete a una biopsia.
- 50 En algunos ejemplos de esta modalidad, un SNV clonal se identifica o se identifica aún más si otras pruebas, tal como las pruebas directas de tumores, sugieren que un SNV en la prueba es un SNV clonal, para cualquier SNV en la prueba que tenga una frecuencia de alelos variable mayor que al menos un cuarto, un tercio, la mitad o tres cuartos de las otras variantes de un solo nucleótido que se determinaron.
- 55 En algunas modalidades, los métodos en la presente descripción para detectar SNV en ctDNA pueden usarse en lugar del análisis directo de ADN de un tumor. Los resultados proporcionados en la presente descripción demuestran que las SNV que tienen muchas más probabilidades de ser SNV clonales tienen VAF más altas (véanse, por ejemplo, las figuras 12-14).
- 60 En ciertos ejemplos de cualquiera de las modalidades del método proporcionadas en la presente descripción, antes de realizar una amplificación dirigida en ctDNA de un individuo, se proporcionan datos sobre los SNV que se
- 65

encuentran en un tumor del individuo. En consecuencia, en estas modalidades, se realiza una reacción de amplificación/secuenciación de SNV en una o más muestras de tumor del individuo. En estos métodos, la reacción de amplificación/secuenciación de ctDNA SNV proporcionada en la presente descripción sigue siendo ventajosa porque proporciona una biopsia líquida de mutaciones clonales y subclonales. Además, como se establece en la presente descripción, las mutaciones clonales se pueden identificar de manera más inequívoca en un individuo que tiene cáncer de pulmón, si se determina un alto porcentaje de VAF, por ejemplo, más de 1, 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9, 10 % de VAF en una muestra de ctDNA del individuo para un SNV.

Para determinar si aislar y analizar ctDNA de ácidos nucleicos libres circulantes de un individuo con cáncer de pulmón, primero se determina si el cáncer de pulmón es un adenocarcinoma o un carcinoma de células escamosas. Si el cáncer de pulmón es un carcinoma de células escamosas, los ácidos nucleicos libres circulantes se aíslan del individuo. El método puede incluir la determinación de la etapa del cáncer de pulmón, en donde si el cáncer de pulmón es un carcinoma de células escamosas o un adenocarcinoma en etapa 3a, los ácidos nucleicos libres circulantes se aíslan del individuo. Los resultados proporcionados en la Figura 15 y en forma tabular en la Figura 20 demuestran que las SNV son frecuentes en el carcinoma de células escamosas o el adenocarcinoma en etapa 3a. Sin embargo, las SNV son mucho menos frecuentes en los ADC en etapas más tempranas. En consecuencia, se pueden lograr importantes ahorros en el cuidado de la salud ahorrando en las pruebas de SNV en pacientes con ADC en etapa 1a, 1b y/o 2a.

En ejemplos, si el cáncer de pulmón es un carcinoma de células escamosas o un adenocarcinoma en etapa 3a, los ácidos nucleicos libres circulantes se aíslan del individuo. Además, en algunos ejemplos, si el cáncer de pulmón es carcinoma de células escamosas en etapa o adenocarcinoma en etapa 3a los ácidos nucleicos de no se aíslan del tumor de pulmón del individuo.

Una composición puede incluir fragmentos de ácidos nucleicos tumorales circulantes que comprenden un adaptador universal, en donde los ácidos nucleicos tumorales circulantes se originaron a partir de una muestra de sangre o una fracción de la misma, de un individuo con carcinoma de células escamosas de pulmón. Los resultados presentados en el Ejemplo 1 demuestran la sorprendente ventaja de los métodos de prueba de amplificación/secuenciación de ctDNA SNV. Estos métodos suelen incluir típicamente la formación de fragmentos de ctDNA que incluyen un adaptador universal. Además, dichos métodos típicamente incluyen la formación de un soporte sólido, especialmente un soporte sólido para la secuenciación de alto rendimiento, que incluye una pluralidad de poblaciones clonales de ácidos nucleicos, en donde las poblaciones clonales comprenden amplicones generados a partir de una muestra de ácidos nucleicos libres circulantes, en donde el ctDNA. En modalidades ilustrativas basadas en los sorprendentes resultados proporcionados en la presente descripción, el ctDNA se originó a partir de un tumor de carcinoma de células escamosas de pulmón.

En ciertas modalidades, los fragmentos de ácido nucleico en diferentes poblaciones clonales comprenden el mismo adaptador universal. Dicha composición normalmente se forma típicamente durante una reacción de secuenciación de alto rendimiento en los métodos de la presente invención, como se realiza en el Ejemplo 1.

Las poblaciones clonales de ácidos nucleicos se pueden derivar de fragmentos de ácidos nucleicos de un conjunto de muestras de dos o más individuos. En estas modalidades, los fragmentos de ácido nucleico comprenden uno de una serie de códigos de barras moleculares correspondientes a una muestra en el conjunto de muestras.

Los métodos analíticos detallados se proporcionan en la presente descripción como Métodos SNV 1 y Método SNV 2 en la sección analítica en la presente descripción. Cualquiera de los métodos proporcionados en este documento puede incluir además las etapas analíticas proporcionados en la presente descripción. En consecuencia, en ciertos ejemplos, los métodos para determinar si una variante de un solo nucleótido está presente en la muestra incluyen la identificación de un valor de confianza para cada determinación de alelo en cada uno del conjunto de loci de variantes de un solo nucleótido, que puede basarse, al menos en parte, en una profundidad de lectura para los loci. El límite de confianza se puede establecer al menos en 75 %, 80 %, 85 %, 90 %, 95 %, 96 %, 96 %, 98 % o 99 %. El límite de confianza se puede establecer en diferentes niveles para diferentes tipos de mutaciones.

El método se puede realizar con una profundidad de lectura para el conjunto de loci de variantes de un solo nucleótido de al menos 5, 10, 15, 20, 25, 50, 100, 150, 200, 250, 500, 1000, 10 000, 25 000, 50 000, 100 000, 250 000, 500 000 o 1 millón. La Figura 20 proporciona datos de profundidad de lectura para loci SNV analizados con éxito en el Ejemplo 1.

En ciertas modalidades, un método de cualquiera de las modalidades en la presente descripción incluye determinar una eficiencia y/o una tasa de error por ciclo para cada reacción de amplificación de la reacción de amplificación múltiple de los loci de variantes de un solo nucleótido. La eficiencia y la tasa de error se pueden usar luego para determinar si una sola variante de nucleótido en el conjunto de loci de variantes únicas está presente en la muestra. También se pueden incluir etapas analíticas más detalladas proporcionados en el Método 2 de SNV proporcionados en el método analítico, en ciertas modalidades.

En modalidades ilustrativas, de cualquiera de los métodos en la presente descripción, el conjunto de loci de variantes de un solo nucleótido incluye todos los loci de variantes de un solo nucleótido identificados en los conjuntos de datos TCGA y COSMIC para cáncer de pulmón, o para adenocarcinoma de pulmón y/o especialmente carcinoma de células escamosas de pulmón.

En los métodos en la presente descripción, el conjunto de loci de variantes de un solo nucleótido incluye 25 loci de variantes de un solo nucleótido que se sabe que están asociados con SCC de pulmón en el extremo inferior del intervalo, y 1000 en el extremo superior del intervalo.

En cualquiera de los métodos para detectar SNV en la presente descripción incluidos que incluyen un flujo de trabajo de amplificación/secuenciación de SNV de ctDNA, se pueden emplear parámetros de amplificación mejorados para PCR múltiple. Por ejemplo, en donde la reacción de amplificación es una reacción de PCR y la temperatura de hibridación es entre 1, 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9 o 10 °C mayor que la temperatura de fusión en el extremo inferior del intervalo, y 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9, 10, 11, 12, 13, 14 o 15 ° en el extremo superior del intervalo para al menos 10, 20, 25, 30, 40, 50, 60, 70, 75, 80, 90, 95 o 100 % de cebadores del juego de cebadores.

La reacción de amplificación es una reacción de PCR y la duración de la etapa de hibridación en la reacción de PCR es de 15 minutos. La concentración de cebador en la reacción de PCR es de 10 nM. Además, en modalidades ilustrativas, los cebadores en el conjunto de cebadores están diseñados para minimizar la formación de dímeros de cebadores.

En consecuencia, en un ejemplo de cualquiera de los métodos en la presente descripción que incluyen una etapa de amplificación, la reacción de amplificación es una reacción de PCR, la temperatura de hibridación es entre 1 y 10 °C mayor que la temperatura de fusión de al menos el 90 % de los cebadores de la conjunto de cebadores, la duración de la etapa de hibridación es de 15 minutos, la concentración de cebador en la reacción de amplificación es de 10 nM y los cebadores del conjunto de cebadores están diseñados para minimizar la formación de dímeros de cebadores. La reacción de amplificación múltiple se realiza en condiciones de cebador limitante.

Un método para respaldar un diagnóstico de cáncer de pulmón para una persona, tal como una persona sospechosa de tener cáncer de pulmón, a partir de una muestra de sangre o una fracción de la misma de la persona, puede incluir la modalidad de un flujo de trabajo de secuenciación/amplificación de SNV de ctDNA como se proporciona en la presente descripción, para determinar si una o más variantes de un solo nucleótido están presentes en la pluralidad de loci de variantes de un solo nucleótido. En esta modalidad, se aplican los siguientes elementos, declaraciones, directrices o reglas:

la ausencia de una sola variante de nucleótido respalda un diagnóstico de adenocarcinoma en etapa 1a, 1b o 2a, la presencia de una variante de un solo nucleótido respalda un diagnóstico de carcinoma de células escamosas o un adenocarcinoma en etapa 2b o 3a, y/o la presencia de diez o más variantes de un solo nucleótido respalda un diagnóstico de carcinoma de células escamosas o un adenocarcinoma en etapa 2b o 3.

Los elementos, declaraciones, pautas o reglas anteriores están soportados por los resultados del Ejemplo 1 (ver, por ejemplo, los datos tabulares en la Figura 20). Estos resultados identifican el análisis mediante el uso de un flujo de trabajo de amplificación/secuenciación de SNV de ctDNA de muestras de ADC y SCC de pulmón de un individuo como un método valioso para identificar los SNV que se encuentran en un tumor ADC, especialmente para los tumores ADC en etapa 2b y 3a, y especialmente un tumor SCC en cualquier etapa (Véase, por ejemplo, la Figura 15 y la Figura 20).

En determinados ejemplos, esta modalidad incluye además determinar la etapa de una lesión de cáncer de pulmón mediante un método no invasivo. Por ejemplo, el tamaño de un tumor puede determinarse mediante métodos no invasivos.

Los métodos para detectar SNV pueden usarse para dirigir un régimen terapéutico. Hay terapias disponibles y en desarrollo que se dirigen a mutaciones específicas asociadas con ADC y SCC (Nature Review Cancer. 14:535-551 (2014)). Por ejemplo, la detección de una mutación de EGFR en L858R o T790M puede ser informativa para seleccionar una terapia. Erlotinib, gefitinib, afatinib, AZK9291, CO-1686 y HM61713 son terapias actuales aprobadas en los Estados Unidos o en ensayos clínicos, que se dirigen a mutaciones específicas de EGFR. En otro ejemplo, puede usarse una mutación G12D, G12C o G12V en KRAS para dirigir a un individuo a una terapia de una combinación de selumetinib más docetaxel. Como otro ejemplo, puede usarse una mutación de V600E en BRAF para dirigir a un sujeto a un tratamiento de vemurafenib, dabrafenib y trametinib.

Una muestra analizada en los métodos de la presente invención, en ciertas modalidades ilustrativas, es un plasma. Los métodos proporcionados en la presente descripción, en ciertas modalidades, están especialmente adaptados para amplificar fragmentos de ADN, especialmente fragmentos de ADN tumoral que se encuentran en el ADN tumoral circulante (ctDNA). Los fragmentos suelen tener típicamente una longitud de aproximadamente 160 nucleótidos.

Se sabe en la técnica que el ácido nucleico libre de células (cfNA), por ejemplo, cfDNA, puede liberarse en la circulación a través de diversas formas de muerte celular tales como apoptosis, necrosis, autofagia y necroptosis. El cfDNA está fragmentado y la distribución del tamaño de los fragmentos varía de 150-350 pb a > 10 000 pb. (ver Kalnina y otros World J Gastroenterol. 2015 Nov 7; 21(41): 11636-11653). Por ejemplo, las distribuciones de tamaño de los fragmentos de ADN plasmático en pacientes con carcinoma hepatocelular (HCC) abarcaron un intervalo de 100-220 pb de longitud con un pico en la frecuencia de recuento de aproximadamente 166 pb y la concentración de ADN tumoral más alta en fragmentos de 150-180 pb de longitud. (ver: Jiang y otros, Proc Natl Acad Sci USA 112:E1317-E1325).

En una modalidad ilustrativa, el ADN tumoral circulante (ctDNA) se aísla de la sangre mediante el uso de un tubo EDTA-2Na después de eliminar los restos celulares y las plaquetas por centrifugación. Las muestras de plasma se pueden almacenar a -80 °C hasta que se extraiga el ADN mediante el uso de, por ejemplo, el kit QIAamp DNA Mini (Qiagen, Hilden, Alemania), (por ejemplo, Hamakawa y otros, Br J Cancer. 2015; 112:352-356). Hamakawa y otros informaron una concentración media de ADN libre de células extraído de todas las muestras de 43,1 ng por mL de plasma (intervalo 9,5-1338 ng/mL) y un intervalo de fracción mutante de 0,001-77,8 %, con una mediana de 0,90 %.

Se conocen métodos en la técnica para aislar ácidos nucleicos de un tumor y para crear una biblioteca de ácidos nucleicos a partir de dicha muestra de ADN dadas las enseñanzas de aquí. Además, dadas las enseñanzas en la presente descripción, un experto en la materia reconocerá cómo crear una biblioteca de ácidos nucleicos a partir de otras muestras tales como otras muestras líquidas en las que el ADN flota libremente además de las muestras de ctDNA.

Los métodos de la presente invención en ciertas modalidades, típicamente incluyen la etapa de generar y amplificar una biblioteca de ácidos nucleicos a partir de la muestra (es decir, preparación de la biblioteca). Los ácidos nucleicos de la muestra durante la etapa de preparación de la biblioteca pueden tener adaptadores de ligadura, a menudo denominados etiquetas de biblioteca o etiquetas de adaptador de ligadura (LT), adjuntos, donde los adaptadores de ligadura contienen una secuencia de cebado universal, seguida de una amplificación universal. En una modalidad, esto se puede hacer mediante el uso de un protocolo estándar diseñado para crear bibliotecas de secuenciación después de la fragmentación. En una modalidad, la muestra de ADN puede tener extremos romos y luego puede agregarse una A en el extremo 3'. Se puede agregar y ligar un adaptador en Y con un voladizo en T. En algunas modalidades, pueden usarse otros extremos adhesivos distintos de un voladizo en A o T. En algunas modalidades, se pueden agregar otros adaptadores, por ejemplo, adaptadores de ligadura en bucle. En algunas modalidades, los adaptadores pueden tener una etiqueta diseñada para la amplificación por PCR.

Varias de las modalidades proporcionadas en la presente descripción incluyen la detección de los SNV en una muestra de ctDNA. Dichos métodos en modalidades ilustrativas incluyen una etapa de amplificación y una etapa de secuenciación (algunas veces denominado en la presente descripción "flujo de trabajo de amplificación/secuenciación de ctDNA SNV"). En un ejemplo ilustrativo, un flujo de trabajo de amplificación/secuenciación de ctDNA puede incluir la generación de un conjunto de amplicones mediante la ejecución de una reacción de amplificación múltiple en ácidos nucleicos aislados de una muestra de sangre o una fracción de la misma de un individuo, tal como un individuo del que se sospecha que tiene un carcinoma de células escamosas, en donde cada amplicón del conjunto de amplicones abarca al menos un loci de variante de un solo nucleótido de un conjunto de loci variantes de un solo nucleótido, tal como un loci SNV que se sabe que está asociado con el cáncer de pulmón; y determinar la secuencia de al menos un segmento de cada amplicón del conjunto de amplicones, en donde el segmento comprende un único loci variante de nucleótido. De esta forma, este método ilustrativo determina las variantes de un solo nucleótido presentes en la muestra.

Los flujos de trabajo ilustrativos de amplificación/secuenciación de SNV de ctDNA en más detalle pueden incluir la formación de una mezcla de reacción de amplificación mediante la combinación de una polimerasa, trifosfatos de nucleótidos, fragmentos de ácido nucleico de una biblioteca de ácido nucleico generada a partir de la muestra y un conjunto de cebadores que se unen a una distancia efectiva de un loci de variante de un solo nucleótido, o un conjunto de pares de cebadores que abarcan cada uno una región efectiva que incluye un loci de variante de un solo nucleótido. El loci de variante de un solo nucleótido, en modalidades ilustrativas, es conocido por estar asociado con cáncer de pulmón, por ejemplo, adenocarcinoma de pulmón y/o en modalidades especialmente ilustrativas, carcinoma de células escamosas. Luego, someter la mezcla de reacción de amplificación a condiciones de amplificación para generar un conjunto de amplicones que comprenden al menos un loci de variante de un solo nucleótido de un conjunto de loci de variantes de un solo nucleótido, preferentemente asociado con cáncer de pulmón; y determinar la secuencia de al menos un segmento de cada amplicón del conjunto de amplicones, en donde el segmento comprende un único loci variante de nucleótido.

La distancia efectiva de unión de los cebadores está dentro de los 150 pares de bases de un loci SNV. El intervalo efectivo que abarca un par de cebadores típicamente incluye un SNV y normalmente es de 160 pares de bases o menos.

En otras secciones de esta especificación se proporcionan más detalles sobre los métodos de amplificación que pueden usarse en un flujo de trabajo de amplificación/secuenciación de SNV de ctDNA para detectar SNV para usar en métodos de la invención.

5 Análisis de llamadas de SNV

10 Durante la modalidad de los métodos proporcionados en la presente descripción, se generan datos de secuenciación de ácidos nucleicos para los amplicones creados por la PCR múltiple en mosaico. Hay disponibles herramientas de diseño de algoritmos que pueden usarse y/o adaptar para analizar estos datos para determinar, dentro de ciertos límites de confianza, si una mutación, tal como un SNV, está presente en un gen objetivo, como se ilustra en el Ejemplo 1 en la presente descripción.

15 Las lecturas de secuenciación pueden desmultiplexarse con una herramienta interna y mapearse con el software de alineación Burrows-Wheeler, la función Bwa mem (BWA, software de alineación Burrows-Wheeler (ver Li H. y Durbin R. (2010)) alineación con Burrows-Wheeler Transform. Bioinformatics, Epub. [PMID: 20080505]) en modo de extremo único mediante el uso de lecturas combinadas de pera en el genoma hg19. El control de calidad de las estadísticas de amplificación se puede realizar mediante el análisis del total de lecturas, el número de lecturas asignadas, el número de lecturas asignadas en el objetivo y el número de lecturas contadas.

20 En ciertas modalidades, cualquier método analítico para detectar un SNV a partir de la detección de datos de secuenciación de ácidos nucleicos puede usarse con los métodos de la invención que incluyen una etapa para detectar un SNV o determinar si un SNV está presente. En ciertas modalidades ilustrativas, se usan métodos de la invención que usan el Método SNV 1 más abajo. En otras modalidades, aún más ilustrativas, los métodos de la invención que incluyen una etapa para detectar un SNV o determinar si un SNV está presente en un loci de SNV, utilizan el Método SNV 2 más abajo.

30 Método SNV 1: Para esta modalidad, un modelo de error de fondo se construye mediante el uso de muestras de plasma normales, que se secuenciaron en el mismo ciclo de secuenciación para tener en cuenta los artefactos específicos del ciclo. En ciertas modalidades, se analizan 5, 10, 15, 20, 25, 30, 40, 50, 100, 150, 200, 250 o más de 250 muestras de plasma normal en el mismo proceso de secuenciación. En ciertas modalidades ilustrativas, se analizan 20, 25, 40 o 50 muestras de plasma normal en el mismo proceso de secuenciación. Se eliminan las posiciones ruidosas con una frecuencia de alelo variante con mediana normal mayor que un límite. Por ejemplo, este límite en ciertas modalidades es $> 0,1\%$, $0,2\%$, $0,25\%$, $0,5\%$, 1% , 2% , 5% o 10% . En determinadas modalidades ilustrativas, se eliminan las posiciones ruidosas con una frecuencia de alelo variante con mediana normal superior al $0,5\%$. Las muestras atípicas se eliminaron iterativamente del modelo para tener en cuenta el ruido y la contaminación. En ciertas modalidades, las muestras con una puntuación Z superior a 5, 6, 7, 8, 9 o 10 se eliminan del análisis de datos. Para cada sustitución de base de cada loci genómico, se calcula la profundidad de la media ponderada de lectura y la desviación estándar del error. Las posiciones de las muestras de plasma sin células o tumorales con al menos 5 lecturas variantes y una puntuación Z de 10 frente al modelo de error de fondo, por ejemplo, pueden denominarse mutación candidata.

45 Método SNV 2: Para esta modalidad, las variantes de un solo nucleótido (SNV) se determinan mediante el uso de datos de ctDNA de plasma. El proceso de PCR se modela como un proceso estocástico, estimando los parámetros mediante el uso de un conjunto de entrenamiento y haciendo las llamadas finales de SNV para un conjunto de prueba separado. Se determina la propagación del error a través de múltiples ciclos de PCR y se calculan la media y la varianza del error de fondo y, en modalidades ilustrativas, el error de fondo se diferencia de las mutaciones reales.

Para cada base se estiman los siguientes parámetros:

50 p = eficiencia (probabilidad de que cada lectura se replique en cada ciclo)
 p_e = tasa de error por ciclo para el tipo de mutación e (probabilidad de que ocurra un error de tipo e)
 X_0 = número inicial de moléculas

55 A medida que se replica una lectura en el transcurso del proceso de PCR, se producen más errores. Por lo tanto, el perfil de error de las lecturas está determinado por los grados de separación de la lectura original. Nos referimos a una lectura como k^{ma} generación si ha pasado por k repeticiones hasta que se ha generado.

Definamos las siguientes variables para cada base:

60 X_{ij} = número de lecturas de generación i generadas en el ciclo de PCR j
 Y_{ij} = número total de lecturas de generación i al final del ciclo j
 X_{ij}^e = número de lecturas de generación de i con mutación e generadas en el ciclo de PCR j

65 Además, además de las moléculas normales X_0 , si hay moléculas adicionales $f_e X_0$ con la mutación e al comienzo del proceso de PCR (por lo tanto $f_e/(1+f_e)$ será la fracción de moléculas mutadas en la mezcla inicial).

Dado el número total de lecturas de la generación $i-1$ en el ciclo $j-1$, el número de lecturas de la generación i generadas en el ciclo j tiene una distribución binomial con un tamaño de muestra de $Y_{i-1,j-1}$ y parámetro de probabilidad de p . Por lo tanto, $E(X_{ij}, | Y_{i-1,j-1}, p) = p Y_{i-1,j-1}$ y $\text{Var}(X_{ij}, | Y_{i-1,j-1}, p) = p(1-p) Y_{i-1,j-1}$.

5 También tenemos $Y_{ij} = \sum_{k=i}^j X_{ik}$. Por lo tanto, por recursión, simulación o métodos similares, podemos determinar $E(X_{ij})$. De manera similar, podemos determinar $\text{Var}(X_{ij}) = E(\text{Var}(X_{ij}, | p)) + \text{Var}(E(X_{ij}, | p))$ mediante el uso de la distribución de p . por último, $E(X_{ij}^e | Y_{i-1,j-1}, p_e) = p_e Y_{i-1,j-1}$ y $\text{Var}(X_{ij}^e | Y_{i-1,j-1}, p_e) = p_e (1-p_e) Y_{i-1,j-1}$, y podemos usar estos para calcular $E(X_{ij}^e)$ y $\text{Var}(X_{ij}^e)$.

10 En ciertas modalidades, el método SNV 2 se realiza de la siguiente manera:

- a) Estimar una eficiencia de PCR y una tasa de error por ciclo mediante el uso de un conjunto de datos de entrenamiento;
- 15 b) Estimar un número de moléculas iniciales para el conjunto de datos de prueba en cada base mediante el uso de la distribución de la eficiencia estimada en la etapa (a);
- c) Si es necesario, actualice la estimación de la eficiencia para el conjunto de datos de prueba mediante el uso del número inicial de moléculas estimado en la etapa (b);
- 20 d) Estimar la media y la varianza para el número total de moléculas, moléculas de error de fondo y moléculas de mutación real (para un espacio de búsqueda que consiste de un porcentaje inicial de moléculas de mutación real) mediante el uso de datos del conjunto de prueba y parámetros estimados en las etapas (a), (b) y (c);
- e) Ajustar una distribución al número de moléculas de error total (error de fondo y mutación real) en las moléculas totales, y calcular la posibilidad de cada porcentaje de mutación real en el espacio de búsqueda; y
- 25 f) Determinar el porcentaje de mutación real más probable y calcular la confianza mediante el uso de los datos de la etapa (e).

Puede usarse un límite de confianza para identificar un SNV en un loci de SNV. Por ejemplo, puede usarse un límite de confianza del 90 %, 95 %, 96 %, 97 %, 98 % o 99 % para llamar a un SNV.

Algoritmo ilustrativo del Método SNV 2

30 El algoritmo comienza estimando la eficiencia y la tasa de error por ciclo mediante el uso del conjunto de entrenamiento. Dejar n indique el número total de ciclos de PCR.

35 El número de lecturas R_b en cada base b se puede aproximar por $(1+p_b)^n X_0$, donde p_b es la eficiencia en la base b . Entonces $(R_b/X_0)^{1/n}$ puede usarse para aproximar $1+p_b$. Entonces, podemos determinar la media y la variación estándar de p_b en todas las muestras de entrenamiento, para estimar los parámetros de la distribución de probabilidad (tales como distribuciones normales, beta o similares) para cada base.

40 De manera similar, el número de error e de lecturas R_b^e en cada base b puede usarse para estimar p_e . Después de determinar la media y la desviación estándar de la tasa de error en todas las muestras de entrenamiento, aproximamos su distribución de probabilidad (tales como distribuciones normales, beta o similares) cuyos parámetros se estiman mediante el uso de estos valores de media y desviación estándar.

45 Luego, para los datos de prueba, estimamos la copia inicial en cada base como $\int_0^1 \frac{R_b}{(1+p_b)^n} f(p_b) dp_b$ donde $f(\cdot)$ es una distribución estimada del conjunto de entrenamiento. $\int_0^1 \frac{R_b}{(1+p_b)^n} f(p_b) dp_b$ donde $f(\cdot)$ es una distribución estimada del conjunto de entrenamiento.

50 Por lo tanto, hemos estimado los parámetros que se usarán en el proceso estocástico. Luego, mediante el uso de estas estimaciones, podemos estimar la media y la varianza de las moléculas creadas en cada ciclo (tenga en cuenta que hacemos esto por separado para las moléculas normales, las moléculas de error y las moléculas de mutación).

55 Finalmente, mediante el uso de un método probabilístico (tal como la máxima posibilidad o métodos similares), podemos determinar el mejor valor de f_e que se ajusta mejor a la distribución del error, la mutación y las moléculas normales. Más específicamente, estimamos la relación esperada de las moléculas de error a las moléculas totales para varios valores de f_e en las lecturas finales, y determine la posibilidad de nuestros datos para cada uno de estos valores, y luego seleccione el valor con la posibilidad más alta.

60 Las colas de cebadores pueden mejorar la detección de ADN fragmentado de bibliotecas etiquetadas universalmente. Si la etiqueta de la biblioteca y las colas del cebador contienen una secuencia homóloga, la hibridación se puede mejorar (por ejemplo, la temperatura de fusión (T_m) se reduce) y los cebadores se pueden extender si solo una porción de la secuencia objetivo del cebador está en el fragmento de ADN de la muestra. En algunas modalidades, pueden usarse 13 o más pares de bases específicas de la diana. En algunas modalidades, pueden usarse de 10 a 12 pares

de bases específicas de la diana. En algunas modalidades, pueden usarse de 8 a 9 pares de bases específicas de la diana. En algunas modalidades, pueden usarse de 6 a 7 pares de bases específicas de la diana.

En una modalidad, las bibliotecas se generan a partir de las muestras anteriores ligando adaptadores a los extremos de los fragmentos de ADN de las muestras, o a los extremos de los fragmentos de ADN generados a partir del ADN aislado de las muestras. A continuación, los fragmentos se pueden amplificar mediante el uso de PCR, por ejemplo, de acuerdo con el siguiente protocolo ilustrativo:

95 °C, 2 minutos; 15 x [95 °C, 20 s, 55 °C, 20 s, 68 °C, 20 s], 68 °C 2 min, 4 °C en espera.

En la técnica se conocen muchos kits y métodos para la generación de bibliotecas de ácidos nucleicos que incluyen sitios de unión de cebadores universales para la amplificación posterior, por ejemplo, la amplificación clonal, y para la secuenciación de subsecuencias. Para ayudar a facilitar la ligadura de la biblioteca de adaptadores, la preparación y la amplificación pueden incluir la reparación y adenilación de los extremos (es decir, cola A). Los kits especialmente adaptados para preparar bibliotecas a partir de pequeños fragmentos de ácido nucleico, especialmente ADN libre circulante, pueden ser útiles para practicar los métodos proporcionados en la presente descripción. Por ejemplo, los kits NEXTflex Cell Free comercializado por Bioo Scientific () o el Natera Library Prep Kit (comercializado por Natera, Inc. San Carlos, CA). Sin embargo, dichos kits típicamente se modificarían para incluir adaptadores personalizados para las etapas de amplificación y secuenciación de los métodos proporcionados en la presente descripción. La ligadura del adaptador se puede realizar mediante el uso de kits disponibles comercialmente, tal como el kit de ligadura que se encuentra en el kit AGILENT SURESELECT (Agilent, CA).

A continuación, se amplifican las regiones diana de la biblioteca de ácidos nucleicos generada a partir del ADN aislado de la muestra, especialmente una muestra de ADN libre circulante para los métodos de la presente invención. Para esta amplificación se usa una serie de cebadores o pares de cebadores, que pueden ser entre 5, 10, 15, 20, 25, 50, 100, 125, 150, 250, 500, 1000, 2500, 5000, 10 000, 20 000, 25 000, o 50 000 en el extremo inferior del intervalo y 15, 20, 25, 50, 100, 125, 150, 250, 500, 1000, 2500, 5000, 10 000, 20 000, 25 000, 50 000, 60 000, 75 000, o 100 000 cebadores en el extremo superior del intervalo, cada uno de los cuales se une a uno de una serie de sitios de unión de cebadores.

Los diseños de cebadores se pueden generar con Primer3 (Untergrasser A, Cutcutache I, Koressaar T, Ye J, Faircloth BC, Remm M, Rozen SG (2012) "Primer3 - new capabilities and interfaces." Nucleic Acids Research 40(15):e115 y Koressaar T, Remm M (2007) "Enhancements and modifications of primer design program Primer3." Bioinformatics 23(10):1289-91) código fuente disponible en primer3.sourceforge.net). La especificidad del cebador puede evaluarse mediante BLAST y agregarse a los criterios de canalización de diseño de cebadores existentes:

Las especificidades de los cebadores se pueden determinar mediante el uso del programa BLASTn del paquete ncbi-blast-2.2.29+. La opción de tarea "blastn-short" puede usarse para mapear los cebadores contra el genoma humano hg19. Los diseños de cebadores se pueden determinar como "específicos" si el cebador tiene menos de 100 aciertos en el genoma y el acierto superior es la región de unión del cebador complementario objetivo del genoma y tiene al menos dos puntuaciones más que otros aciertos (la puntuación se define mediante BLASTn programa). Esto se puede hacer para tener un único acierto en el genoma y no tener muchos otros aciertos en todo el genoma.

Los cebadores seleccionados finales se pueden visualizar en IGV (James T. Robinson, Helga Thorvaldsdóttir, Wendy Winckler, Mitchell Guttman, Eric S. Lander, Gad Getz, Jill P. Mesirov. Integrative Genomics Viewer. Nature Biotechnology 29, 24-26 (2011)) y UCSC browser (Kent WJ, Sugnet CW, Furey TS, Roskin KM, Pringle TH, Zahler AM, Haussler D. El navegador del genoma humano en UCSC. Genome Res. 2002 Jun;12(6):996-1006) mediante el uso de archivos de cama y mapas de cobertura para la validación.

Los métodos de la presente invención, en ciertas modalidades, incluyen formar una mezcla de reacción de amplificación. La mezcla de reacción típicamente se forma combinando una polimerasa, nucleótidos trifosfatos, fragmentos de ácidos nucleicos de una biblioteca de ácidos nucleicos generada a partir de la muestra, un conjunto de cebadores directos e inversos específicos para las regiones objetivo que contienen SNV. Las mezclas de reacción proporcionadas en la presente descripción, formando ellas mismas en modalidades ilustrativas, un aspecto separado de la invención.

Una mezcla de reacción de amplificación útil para la presente invención incluye componentes conocidos en la técnica para la amplificación de ácidos nucleicos, especialmente para la amplificación por PCR. Por ejemplo, la mezcla de reacción típicamente incluye trifosfatos de nucleótidos, una polimerasa y magnesio. Las polimerasas que son útiles para la presente invención pueden incluir cualquier polimerasa que pueda usarse en una reacción de amplificación, especialmente aquellas que son útiles en las reacciones de PCR. En ciertas modalidades, las polimerasas Taq de arranque en caliente son especialmente útiles. Las mezclas de reacción de amplificación útiles para practicar los métodos proporcionados en la presente descripción, tal como la mezcla maestra AmpliTaq Gold (Life Technologies, Carlsbad, CA), están disponibles comercialmente.

Las condiciones de amplificación (por ejemplo, ciclos de temperatura) para PCR se conocen bien en la técnica. Los métodos proporcionados en la presente descripción pueden incluir cualquier condición de ciclo de PCR que resulte en

la amplificación de ácidos nucleicos diana tales como ácidos nucleicos diana de una biblioteca. En la sección de Ejemplos en la presente descripción se proporcionan condiciones de ciclado ilustrativas no limitantes.

Hay muchos flujos de trabajo que son posibles al realizar PCR; algunos flujos de trabajo típicos de los métodos descritos en la presente descripción se proporcionan en la presente descripción. Las etapas descritas en la presente descripción no pretenden excluir otras etapas posibles ni implican que ninguna de las etapas descritas en la presente descripción sea necesario para que el método funcione correctamente. En la bibliografía se conocen un gran número de variaciones de parámetros u otras modificaciones, y se pueden realizar sin afectar a la esencia de la invención.

En ciertas modalidades del método proporcionado en la presente descripción, se determina al menos una porción y, en ejemplos ilustrativos, la secuencia completa de un amplicón, tal como un amplicón diana del cebador externo. Los métodos para determinar la secuencia de un amplicón son conocidos en la técnica. Cualquiera de los métodos de secuenciación conocidos en la técnica, por ejemplo, la secuenciación de Sanger, puede usarse para dicha determinación de secuencias. En modalidades ilustrativas, técnicas de secuenciación de próxima generación de alto rendimiento (también denominadas en la presente descripción técnicas de secuenciación masiva en paralelo) tales como, entre otras, las empleadas en MYSEQ (ILLUMINA), HISEQ (ILLUMINA), ION TORRENT (LIFE TECHNOLOGIES), GENOME ANALYZER ILX (ILLUMINA), GS FLEX+ (ROCHE 454), pueden usarse para secuenciar los amplicones producidos por los métodos proporcionados en la presente descripción.

Los secuenciadores genéticos de alto rendimiento son aptos para el uso de códigos de barras (es decir, etiquetado de muestras con secuencias distintivas de ácidos nucleicos) para identificar muestras específicas de individuos, de esta manera permite el análisis simultáneo de múltiples muestras en una sola ejecución del secuenciador de ADN. El número de veces que se secuencian una región dada del genoma en una preparación de biblioteca (u otra preparación nucleica de interés) (número de lecturas) será proporcional al número de copias de esa secuencia en el genoma de interés (o nivel de expresión en el caso de las preparaciones que contienen ADNc). Los sesgos en la eficiencia de la amplificación pueden tenerse en cuenta en dicha determinación cuantitativa.

Genes diana

Los genes diana de la presente invención en modalidades ejemplares son genes relacionados con el cáncer y, en muchas modalidades ilustrativas, genes relacionados con el cáncer de pulmón. Un gen relacionado con el cáncer (por ejemplo, un gen relacionado con el cáncer de pulmón o un gen relacionado con el SCC de pulmón o un gen relacionado con el ADC de pulmón) se refiere a un gen asociado con un riesgo alterado de cáncer (por ejemplo, cáncer de pulmón o SCC de pulmón o pulmón ADC, respectivamente) o un pronóstico alterado para un cáncer. Genes ilustrativos relacionados con el cáncer que promueven el cáncer incluyen oncogenes; genes que potencian la proliferación, invasión o metástasis celular; genes que inhiben la apoptosis; y genes pro-angiogénesis. Los genes relacionados con el cáncer que inhiben el cáncer incluyen, entre otros, genes supresores de tumores; genes que inhiben la proliferación, invasión o metástasis celular; genes que promueven la apoptosis; y genes anti-angiogénesis.

Una modalidad del método de detección de mutaciones comienza con la selección de la región del gen que se convierte en el objetivo. La región con mutaciones conocidas se usa para desarrollar cebadores para mPCR-NGS para amplificar y detectar la mutación.

Los métodos proporcionados en la presente descripción pueden usarse para detectar prácticamente cualquier tipo de mutación, especialmente mutaciones que se sabe que están asociadas con cáncer y, más particularmente, los métodos proporcionados en la presente descripción están dirigidos a mutaciones, especialmente SNV, asociadas con cáncer de pulmón, específicamente adenocarcinoma y carcinoma de células escamosas. Los SNV ilustrativos pueden estar en uno o más de los siguientes genes: EGFR, FGFR1, FGFR2, ALK, MET, ROS1, NTRK1, RET, HER2, DDR2, PDGFRA, KRAS, NF1, BRAF, PIK3CA, MEK1, NOTCH1, MLL2, EZH2, TET2, DNMT3A, SOX2, MYC, KEAP1, CDKN2A, NRG1, TP53, LKB1 y PTEN, que se han identificado en varias muestras de cáncer de pulmón como mutados, con un mayor número de copias o fusionados con otros genes y sus combinaciones (Non-small-cell lung cancers: a heterogeneous set of diseases. Chen y otros, Nat. Rev. Cancer. 2014 Ago 14(8):535-551). En otro ejemplo, la lista de genes son los enumerados anteriormente, donde se han informado SNV, tal como en el citado en la referencia Chen y otros. En otra modalidad, los SNV pueden incluir SNV que se encuentran en uno de los genes que se encuentran en la Tabla 19 en la presente descripción. Los SNV en los genes enumerados en la Tabla 19 se analizaron en el experimento del Ejemplo 1. Los SNV en estos genes se detectaron en muestras de tumores que coincidían con las muestras de ctDNA del Ejemplo 1. En algunas modalidades, los SNV que se analizan en los métodos proporcionados en la presente descripción pueden incluir cualquiera de los genes enumerados en este párrafo anterior o cualquiera de los genes en la Tabla 19 que no se enumeran anteriormente. En la presente descripción se proporcionan métodos que usan la determinación específica de un SNV particular en un gen particular para dirigir una terapia farmacológica dirigida.

Mezclas de reacción de amplificación (por ejemplo PCR):

Los métodos de la presente invención incluyen la formación de una mezcla de reacción de amplificación. La mezcla de reacción típicamente se forma mediante la combinación de una polimerasa, nucleótidos trifosfatos, fragmentos de ácido nucleico de una biblioteca de ácidos nucleicos generada a partir de la muestra, una serie de cebadores externos

directos específicos de la diana y un cebador universal externo inverso de primera cadena. Otra modalidad ilustrativa es una mezcla de reacción que incluye cebadores internos específicos de la diana directa en lugar de los cebadores externos específicos de la diana directa y amplicones de una primera reacción de PCR mediante el uso de los cebadores externos, en lugar de fragmentos de ácido nucleico de la biblioteca de ácidos nucleicos. Las mezclas de reacción proporcionadas en la presente descripción, formando ellas mismas en modalidades ilustrativas, un aspecto separado de la invención. En modalidades ilustrativas, las mezclas de reacción son mezclas de reacción de PCR. Las mezclas de reacción de PCR típicamente incluyen magnesio.

En algunas modalidades, la mezcla de reacción incluye ácido etilendiaminotetraacético (EDTA), magnesio, cloruro de tetrametil amonio (TMAC) o cualquiera de sus combinaciones. En algunas modalidades, la concentración de TMAC está entre 20 y 70 mM, inclusive. Si bien no pretende vincularse a ninguna teoría en particular, se cree que TMAC se une al ADN, estabiliza los dúplex, aumenta la especificidad de los cebadores y/o iguala las temperaturas de fusión de diferentes cebadores. En algunas modalidades, TMAC aumenta la uniformidad en la cantidad de productos amplificados para los diferentes objetivos. En algunas modalidades, la concentración de magnesio (tal como el magnesio procedente del cloruro de magnesio) está entre 1 y 8 mM.

La gran cantidad de cebadores usados para el PCR múltiple de una gran cantidad de blancos puede quelar una gran cantidad de magnesio (2 fosfatos en los cebadores quelan 1 magnesio). Por ejemplo, si se usan suficientes cebadores de manera que la concentración de fosfato de los cebadores sea ~9 mM, entonces los cebadores pueden reducir la concentración efectiva de magnesio en ~4,5 mM. En algunas modalidades, se usa EDTA para disminuir la cantidad de magnesio disponible como cofactor para la polimerasa, ya que las altas concentraciones de magnesio pueden dar como resultado errores de PCR, tal como la amplificación de loci no objetivo. En algunas modalidades, la concentración de EDTA reduce la cantidad de magnesio disponible entre 1 y 5 mM (tal como entre 3 y 5 mM).

En algunas modalidades, el pH está entre 7,5 y 8,5, tal como entre 7,5 y 8, 8 y 8,3 u 8,3 y 8,5, inclusive. En algunas modalidades, Tris se usa, por ejemplo, en una concentración de entre 10 y 100 mM, tal como entre 10 y 25 mM, 25 y 50 mM, 50 y 75 mM o 25 y 75 mM, inclusive. En algunas modalidades, cualquiera de estas concentraciones de Tris se usó a un pH entre 7,5 y 8,5. En algunas modalidades, una combinación de KCl y $(\text{NH}_4)_2\text{SO}_4$ se usa, tal como entre 50 y 150 mM KCl y entre 10 y 90 mM de $(\text{NH}_4)_2\text{SO}_4$, inclusive. En algunas modalidades, la concentración de KCl está entre 0 y 30 mM, entre 50 y 100 mM o entre 100 y 150 mM, inclusive. En algunas modalidades, la concentración de $(\text{NH}_4)_2\text{SO}_4$ está entre 10 y 50 mM, 50 y 90 mM, 10 y 20 mM, 20 y 40 mM, 40 y 60 mM o 60 y 80 mM de $(\text{NH}_4)_2\text{SO}_4$, inclusive. En algunas modalidades, el amonio $[\text{NH}_4^+]$ la concentración está entre 0 y 160 mM, tal como entre 0 y 50, 50 a 100 o 100 a 160 mM, inclusive. En algunas modalidades, la suma de las concentraciones de potasio y amonio $([\text{K}^+] + [\text{NH}_4^+])$ está entre 0 y 160 mM, tal como entre 0 y 25, 25 a 50, 50 a 150, 50 a 75, 75 a 100, 100 a 125 o 125 a 160 mM, inclusive. Un tampón ilustrativo con $[\text{K}^+] + [\text{NH}_4^+] = 120 \text{ mM}$ es 20 mM KCl y 50 mM de $(\text{NH}_4)_2\text{SO}_4$. En algunas modalidades, el tampón incluye Tris de 25 a 75 mM, pH de 7,2 a 8, KCl de 0 a 50 mM, sulfato de amonio de 10 a 80 mM y magnesio de 3 a 6 mM, inclusive. En algunas modalidades, el tampón incluye Tris de 25 a 75 mM, pH de 7 a 8,5, MgCl de 3 a 6 mM, KCl de 10 a 50 mM y de 20 a 80 mM de $(\text{NH}_4)_2\text{SO}_4$, inclusive. En algunas modalidades, se usan de 100 a 200 unidades/mL de polimerasa. En algunas modalidades, se usan 100 mM KCl, 50 mM $(\text{NH}_4)_2\text{SO}_4$, MgCl_2 3 mM, 7,5 mM de cada cebador de la biblioteca, TMAC 50 mM y 7 uL de plantilla de ADN en un volumen final de 20 uL a pH 8,1.

En algunas modalidades, se usa un agente de aglutinación, tal como polietilenglicol (PEG, tal como PEG 8000) o glicerol. En algunas modalidades, la cantidad de PEG (tal como PEG 8,000) está entre el 0,1 y el 20 %, como entre el 0,5 y el 15 %, entre el 1 y el 10 %, entre el 2 y el 8 % o entre el 4 y el 8 %, inclusive. En algunas modalidades, la cantidad de glicerol está entre el 0,1 y el 20 %, tal como entre el 0,5 y el 15 %, entre el 1 y el 10 %, entre el 2 y el 8 % o entre el 4 y el 8 %, inclusive. En algunas modalidades, un agente de aglutinación permite usar una baja concentración de polimerasa y/o un tiempo de hibridación más corto. En algunas modalidades, un agente de aglutinación mejora la uniformidad del DOR y/o reduce los abandonos (alelos no detectados). **Polimerasas** En algunas modalidades, se usan una polimerasa con actividad de corrección de pruebas, una polimerasa sin (o con actividad de corrección de pruebas insignificante), o una mezcla de una polimerasa con actividad de corrección de pruebas y una polimerasa sin (o con actividad de corrección de pruebas insignificante). En algunas modalidades, se usa una polimerasa de inicio en caliente, una polimerasa de inicio no en caliente o una mezcla de una polimerasa de inicio en caliente y una polimerasa de inicio no en caliente. En algunas modalidades, se usa una polimerasa de ADN HotStarTaq (véase, por ejemplo, el catálogo de QIAGEN Núm. 203203). En algunas modalidades, se usa la ADN polimerasa AmpliTaq Gold®. En algunas modalidades, se usa una ADN polimerasa PrimeSTAR GXL, una polimerasa de alta fidelidad que proporciona una amplificación por PCR eficiente cuando hay un exceso de molde en la mezcla de reacción y cuando se amplifican productos largos (Takara Clontech, Mountain View, CA). En algunas modalidades, se usa la ADN polimerasa KAPA Taq o la ADN polimerasa KAPA Taq HotStart; se basan en la subunidad única, ADN polimerasa *Taq* de tipo salvaje de la bacteria termófila *Thermus aquaticus*. Las ADN polimerasas KAPA Taq y KAPA de arranque en caliente tienen actividades de polimerasa 5'-3' y exonucleasa 5'-3', pero no tienen actividad de exonucleasa (corrección) de 3' a 5' (ver, por ejemplo, el catálogo KAPA BIOSYSTEMS Núm. BK1000). En algunas modalidades, se usa la ADN polimerasa *Pfu*; es una polimerasa de ADN altamente termoestable del archaeum hipertermofílico *Pyrococcus furiosus*. La enzima cataliza la polimerización dependiente de la plantilla de nucleótidos en ADN dúplex en la dirección 5'→3'. La ADN polimerasa *Pfu* también exhibe actividad de exonucleasa 3'→5' (corrección de pruebas) que permite que la polimerasa corrija errores de incorporación de nucleótidos. No tiene actividad de exonucleasa 5'→3' (véase, por

ejemplo, el catálogo de Thermo Scientific Núm. EP0501). En algunas modalidades se usa Klenotaq1; es un análogo del fragmento Klenow de la ADN polimerasa Taq, no tiene actividad exonucleasa o endonucleasa (véase, por ejemplo, DNA POLYMERASE TECHNOLOGY, Inc, St. Louis, Missouri, catálogo Núm. 100). En algunas modalidades, la polimerasa es una ADN polimerasa PHUSION, tal como la ADN polimerasa de alta fidelidad PHUSION (M0530S, New England BioLabs, Inc.) o la ADN polimerasa PHUSION arranque en caliente Flex (M0535S, New England BioLabs, Inc.). En algunas modalidades, la polimerasa es una ADN polimerasa Q5®, tal como la ADN polimerasa Q5® de alta fidelidad (M0491S, New England BioLabs, Inc.) o la ADN polimerasa Q5® de alta fidelidad arranque en caliente (M0493S, New England BioLabs, Inc.). En algunas modalidades, la polimerasa es una ADN polimerasa T4 (M0203S, New England BioLabs, Inc.).

En alguna modalidad, se usan entre 5 y 600 Unidades/mL (Unidades por 1 mL de volumen de reacción) de polimerasa, tal como entre 5 a 100, 100 a 200, 200 a 300, 300 a 400, 400 a 500 o 500 a 600 unidades/mL, inclusive.

Métodos de PCR

En algunas modalidades, la PCR de inicio en caliente se usa para reducir o prevenir la polimerización antes del termociclado de la PCR. Los métodos ilustrativos de PCR de inicio en caliente incluyen la inhibición inicial de la ADN polimerasa o la separación física de la reacción de los componentes de la reacción hasta que la mezcla de reacción alcanza temperaturas más altas. En algunas modalidades, se usa la liberación lenta de magnesio. La ADN polimerasa requiere iones de magnesio para su actividad, por lo que el magnesio se separa químicamente de la reacción al unirse a un compuesto químico y se libera en la solución solo a alta temperatura. En algunas modalidades, se usa la unión no covalente de un inhibidor. En este método, un péptido, anticuerpo o aptámero se unen de forma no covalente a la enzima a baja temperatura e inhiben su actividad. Después de la incubación a temperatura elevada, se libera el inhibidor y comienza la reacción. En algunas modalidades, se usa una Taq polimerasa sensible al frío, tal como una ADN polimerasa modificada que casi no tiene actividad a baja temperatura. En algunas modalidades, se usa modificación química. En este método, una molécula se une covalentemente a la cadena lateral de un aminoácido en el sitio activo de la ADN polimerasa. La molécula se libera de la enzima mediante la incubación de la mezcla de reacción a temperatura elevada. Una vez que se libera la molécula, la enzima se activa.

En algunas modalidades, la cantidad de ácidos nucleicos molde (tal como una muestra de ARN o ADN) está entre 20 y 5000 ng, tal como entre 20 y 200, 200 a 400, 400 a 600, 600 a 1000; 1000 a 1500; o 2000 a 3000 ng, inclusive.

En algunas modalidades se usa un kit de PCR QIAGEN Multiplex (Núm. de catálogo de QIAGEN 206143). Para 100 x 50 µL de reacciones de PCR múltiple, el kit incluye 2x mezcla maestra de PCR múltiple de QIAGEN (que proporciona una concentración final de 3 mM MgCl₂, 3 x 0,85 mL), solución Q 5x (1 x 2,0 mL) y agua sin ARNasa (2 x 1,7 mL). mezcla maestra de PCR múltiple de QIAGEN (MM) contiene una combinación de KCl y (NH₄)₂SO₄ así como también el aditivo de PCR, Factor MP, que aumenta la concentración local de cebadores en la plantilla. El factor MP estabiliza los cebadores unidos específicamente, lo que permite una extensión eficaz de los cebadores mediante la ADN polimerasa HotStarTaq. La ADN polimerasa HotStarTaq es una forma modificada de la ADN polimerasa Taq y no tiene actividad polimerasa a temperatura ambiente. En algunas modalidades, la ADN polimerasa HotStarTaq se activa mediante una incubación de 15 minutos a 95 °C que se puede incorporar a cualquier programa de termociclador existente.

Puede usarse una concentración final de QIAGEN MM 1x (la concentración recomendada), 7,5 nM de cada cebador de la biblioteca, TMAC 50 mM y 7 µl de plantilla de ADN en un volumen final de 20 µl. Las condiciones de termociclado de la PCR pueden incluir 95 °C durante 10 minutos (inicio en caliente); 20 ciclos de 96 °C por 30 segundos; 65 °C durante 15 minutos; y 72 °C durante 30 segundos; seguido de 72 °C durante 2 minutos (extensión final); y luego en espera a 4 °C.

Puede usarse una concentración final de QIAGEN MM 2x (el doble de la concentración recomendada), 2 nM de cada cebador de la biblioteca, TMAC 70 mM y 7 µl de plantilla de ADN en un volumen total de 20 µl. En algunas modalidades, también se incluye EDTA hasta 4 mM. Las condiciones de termociclado de la PCR incluyen 95 °C durante 10 minutos (arranque en caliente); 25 ciclos de 96 °C por 30 segundos; 65 °C durante 20, 25, 30, 45, 60, 120 o 180 minutos; y opcionalmente 72 °C durante 30 segundos; seguido de 72 °C durante 2 minutos (extensión final); y luego en espera a 4 °C.

Un enfoque de PCR semianidado puede incluir una primera reacción de PCR que usa 20 µl de un volumen de reacción con una concentración final de QIAGEN MM de 2x, 1,875 nM de cada cebador en la biblioteca (cebadores directos e inversos externos) y una plantilla de ADN. Los parámetros de termociclado incluyen 95 °C durante 10 minutos; 25 ciclos de 96 °C por 30 segundos, 65 °C por 1 minuto, 58 °C por 6 minutos, 60 °C por 8 minutos, 65 °C por 4 minutos y 72 °C por 30 segundos; y luego 72 °C durante 2 minutos, y luego en espera a 4 °C. A continuación, 2 µl del producto resultante, diluido 1:200, se usan como entrada en una segunda reacción de PCR. Esta reacción usa un volumen de reacción de 10 µl con una concentración final de QIAGEN MM 1x, 20 nM de cada cebador directo interno y 1 µM de etiqueta de cebador inverso. Los parámetros de termociclado incluyen 95 °C durante 10 minutos; 15 ciclos de 95 °C por 30 segundos, 65 °C por 1 minuto, 60 °C por 5 minutos, 65 °C por 5 minutos y 72 °C por 30 segundos; y luego 72 °C durante 2 minutos, y luego en espera a 4 °C. La temperatura de hibridación puede ser opcionalmente más alta que

las temperaturas de fusión de algunos o todos los cebadores, como se analiza en la presente descripción (ver solicitud de patente de Estados Unidos núm 14/918,544, presentada el 20 de octubre de 2015).

La temperatura de fusión (T_m) es la temperatura a la que la mitad (50 %) de un dúplex de ADN de un oligonucleótido (tal como un cebador) y su complemento perfecto se disocia y se convierte en ADN de una sola cadena. La temperatura de hibridación (T_A) es la temperatura a la que se ejecuta el protocolo PCR. Para los métodos anteriores, por lo general es 5 °C más abajo de la T_m más baja de los cebadores usados, por lo que se forman casi todos los dúplex posibles (de manera que esencialmente todas las moléculas de cebador se unen al ácido nucleico molde). Si bien esto es altamente eficiente, a temperaturas más bajas es probable que ocurran más reacciones inespecíficas. Una consecuencia de tener una T_A demasiado baja es que los cebadores pueden hibridarse con secuencias distintas a la verdadera diana, ya que pueden tolerarse los desajustes internos de una sola base o la hibridación parcial. En algunas modalidades de la presente invención, la T_A es mayor que T_m , donde en un momento dado solo una pequeña fracción de los objetivos tiene un cebador hibridado (tal como solo ~ 1-5 %). Si estos se extienden, se eliminan del equilibrio de hibridación y disociación de los cebadores y el objetivo (a medida que la extensión aumenta T_m rápidamente a más de 70 °C), y un nuevo ~1-5 % de los objetivos tiene cebadores. Por lo tanto, al darle a la reacción un tiempo prolongado para el hibridación, se puede obtener ~100 % de los objetivos copiados por ciclo.

En varias modalidades, la temperatura de hibridación está entre 1, 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9, 10, 11, 12, 13 °C y 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9, 10, 11, 12, 13 o 15 °C en el extremo superior del intervalo, mayor que la temperatura de fusión (tal como la T_m) medida empíricamente o calculada de al menos 25, 50, 60, 70, 75, 80, 90, 95 o 100 % de los cebadores no idénticos. En varias modalidades, la temperatura de hibridación está entre 1 y 15 °C (tal como entre 1 y 10, 1 a 5, 1 a 3, 3 a 5, 5 a 10, 5 a 8, 8 a 10, 10 a 12, o de 12 a 15 °C, inclusive) superior a la temperatura de fusión (tal como la T_m medida empíricamente o calculada) de al menos 25; 50; 75; 100; 300; 500; 750; 1000; 2000; 5000; 7500; 10 000; 15 000; 19 000; 20 000; 25 000; 27 000; 28 000; 30 000; 40 000; 50 000; 75 000; 100 000; o todos los cebadores no idénticos. En varias modalidades, la temperatura de hibridación está entre 1 y 15 °C (tales como, entre 1 y 10, 1 y 5, 1 y 3, 3 y 5, 3 y 8, 5 y 10, 5 y 8, 8 y 10, 10 a 12, o 12 a 15 °C, inclusive) mayor que la temperatura de fusión (como la T_m medida empíricamente o calculada) de al menos 25 %, 50 %, 60 %, 70 %, 75 %, 80 %, 90 %, 95 % o todos los cebadores no idénticos, y la duración de la etapa de hibridación (por ciclo de PCR) es entre 5 y 180 minutos, tal como 15 y 120 minutos, 15 y 60 minutos, 15 y 45 minutos, o 20 y 60 minutos, ambos inclusive.

Métodos ilustrativos de PCR múltiple

Se usan largos tiempos de hibridación (como se discute en la presente descripción y se ejemplifica en el Ejemplo 12) y bajas concentraciones de cebador. De hecho, en ciertas modalidades, se usan concentraciones y/o condiciones de cebador limitantes. La duración de la etapa de hibridación es de 15 minutos. La concentración de cebador es de 10 nM.

A un alto nivel de multiplexación, la solución puede volverse viscosa debido a la gran cantidad de cebadores en la solución. Si la solución es demasiado viscosa, se puede reducir la concentración de cebadores a una cantidad que aún sea suficiente para que los cebadores se unan al ADN molde. En varias modalidades, se usan entre 1000 y 100 000 cebadores diferentes y la concentración de cada cebador es de 10 nM.

Ejemplos

Ejemplo 1. Análisis de variantes de un solo nucleótido (SNV) en el ADN tumoral circulante (ctDNA) de pacientes con cáncer de pulmón

Un estudio piloto anterior demostró la detección exitosa de mutaciones puntuales relevantes para el cáncer en el plasma de pacientes con cáncer. En ese estudio, el perfil de mutación de 4 tumores de cáncer de pulmón se determinó mediante secuenciación del exoma completo (WES) o Ampliseq (Life Technologies, Carlsbad, CA), y un subconjunto de esas mutaciones se detectó con éxito en las muestras de plasma correspondientes mediante el uso de un método de PCR múltiple-secuenciación de próxima generación (mPCR-NGS). En este experimento, llamado TRACERx, se usó el método mPCR-NGS para detectar y rastrear a lo largo del tiempo mutaciones específicas del cáncer en el plasma de pacientes con cáncer, y para evaluar la utilidad del método para monitorear la progresión de la enfermedad durante el tratamiento. El diseño general del proyecto se muestra en la Figura 1. La primera fase del proyecto fue la determinación del perfil de mutaciones de referencia en el plasma de 50 pacientes con cáncer de pulmón sin tratamiento previo. Se obtuvieron muestras de ADN genómico purificado de varias regiones tumorales (2-7 regiones por tumor), muestras de ADN de línea germinal purificado y muestras de plasma intacto de 50 pacientes. WES y AmpliSeq determinaron previamente el perfil de mutaciones de todas las regiones tumorales, y mPCR-NGS analizó un subconjunto de mutaciones por paciente. Esas mutaciones incluían mutaciones tanto conductoras como pasajeras y mutaciones clonales y subclonales. Con base en estos datos, diseñamos ensayos de PCR múltiple, preparamos grupos de cebadores (los cebadores se obtuvieron de IDT, Coralville, Iowa), controlamos los grupos de cebadores y optimizamos el protocolo de mPCR para cada grupo. El cfDNA de plasma se purificó, cuantificó y convirtió en bibliotecas. Luego, las bibliotecas se usaron como entrada en mPCR, y los productos se secuenciaron y analizaron. Se aplicó un protocolo similar al ADN genómico del tumor y muestras normales emparejadas.

Descripción de las muestras

Muestras. Para cada uno de los primeros 50 pacientes con TRACERx, se aislaron 4-5 mL de plasma obtenido antes de la resección del tumor y antes de cualquier terapia. Las muestras de plasma se dividieron en alícuotas en tubos de 2 mL y se enviaron congeladas en hielo seco. El ADN genómico purificado de hasta 7 subsecciones tumorales, de los ganglios linfáticos afectados (donde esté disponible) y de la fracción de glóbulos blancos (denominada normal compatible) se purificaron y 500 ng de ADN purificado de cada muestra, se normalizó a 10 ng/ μ L, y se analizó. Las muestras de ADN purificado se congelaron y enviaron en hielo seco.

Información del SNV. El perfil de mutaciones, incluidas las variantes de un solo nucleótido (SNV) y las variantes del número de copias (CNV), de cada subsección tumoral se determinó mediante TRACERx mediante el uso de WES. Se usó el perfil de mutaciones completo de cada tumor para detectar la estructura clonal y reconstruir el árbol filogenético de cada tumor. PyClone (PyClone: statistical inference of clonal population structure in cancer. Roth y otros, Nature Methods 11, 396-398 (2014)) se usó para detectar la estructura clonal. PyClone identifica una lista de subclones de SNV y calcula su fracción de células cancerosas. También clasifica los SNV como clonales o subclonales. La categoría de conductora de cada SNV se determinó y proporcionó como la categoría de conductora (1-4, donde 1 es más probable que sea una mutación conductora y 4 es la menos probable). Para cada paciente, se analizaron hasta 108 SNV, que abarcan todas las categorías de conductoras e incluyen mutaciones clonales y subclonales. Se compararon las fracciones alélicas detectadas de cada SNV en cada subsección tumoral, ganglio linfático y muestra de ADN normal coincidente junto con la información del grupo clonal/subclonal de PyClone.

Información adicional. Para cada paciente, se disponía de la siguiente información: tamaño del tumor (mm), localización del tumor (lóbulo pulmonar), etapa del tumor, tipo patológico del tumor, número de ganglios linfáticos afectados, estado de invasión vascular, así como también información anonimizada sobre la recolección. hospital.

Diseño de ensayos y optimización de protocolos.

Diseño de ensayo. Se usó la tubería de diseño de ensayo estándar de Natera para diseñar los cebadores de PCR derecho e izquierdo para todos los SNV dados. Un par de cebadores de PCR derecho e izquierdo dirigidos a un SNV se define como un ensayo para ese SNV en particular. Tenga en cuenta que es posible que un ensayo cubra más de 1 SNV objetivo si están muy cerca. Para cada par de ensayos, se calculó la probabilidad de formar un dímero de cebador. Los datos de la fracción de alelos de SNV en cada tumor se usaron para reconstruir árboles filogenéticos mediante el uso de Lichee (Fast and scalable inference of multi-sample cancer lineages. Popic y otros, Genome Biol. 2015 Mayo 6;16:91). La lista de ensayos para cada muestra se filtró para eliminar los cebadores que se prevé que formen dímeros de cebadores, al mismo tiempo que se da gran prioridad a los ensayos que cubren los SNV de los controladores 1 y 2. Los ensayos restantes se usaron para construir 5 grupos equilibrados. Todos los ensayos combinados fueron compatibles, lo que significa que no se predijo que los cebadores formaran dímeros de cebadores en un grupo. En cada etapa, los ensayos se eligieron de manera que los ensayos que cubren los SNV de las conductoras 1 y 2 tienen la prioridad más alta y para cada paciente, la cantidad de SNV seleccionadas por rama fue proporcional a la cantidad total de SNV de esa rama del árbol filogenético reconstruido. Más específicamente, tratamos de tener una muestra uniforme de SNV de las ramificaciones del árbol filogenético reconstruido, asegurándonos de que los ensayos seleccionados proporcionaran una buena cobertura del árbol reconstruido. El diseño final constaba de 972 ensayos, distribuidos equitativamente entre 5 grupos, y que contienen de 15-20 ensayos para cada muestra. El número de SNV y el número de ensayos por muestra por categoría de conductoras se muestran en la Figura 2. Los genes en los que se encuentran los SNV y el número de SNV que se analizaron por gen se encuentran en la Figura 19.

Mezcla QC y optimización. Los 972 pares de cebadores se obtuvieron (IDT, Coralville, Iowa) en pocillos individuales, se desalinizaron y normalizaron a 100 μ M. Los ensayos se agruparon de acuerdo con el esquema de agrupación, y cada grupo se usó en un experimento combinado de QC/optimización. Para el experimento de optimización, se variaron varios parámetros de PCR y se evaluaron los efectos sobre el rendimiento de secuenciación, así como también el número de ensayos de abandono, a partir de los datos de secuencia. Se determinaron las condiciones de PCR que produjeron el mejor porcentaje de lecturas en el objetivo, profundidad de uniformidad de lectura y tasa de error. Los cebadores que eran responsables de la mayoría de los dímeros de cebadores se identificaron y eliminaron de cada grupo (por cada cebador eliminado, también se eliminó su pareja correspondiente). Después de esta etapa, quedaron 908 ensayos en total, distribuidos equitativamente entre los 5 grupos.

Preparación de las muestras

Extracción de ADN y control de calidad. Todas las alícuotas de plasma de cada paciente se agruparon antes de la extracción de cfDNA, y el grado de hemólisis de cada muestra de plasma agrupada se evaluó visualmente (sin hemólisis, hemólisis leve o hemólisis grave). El cfDNA se extrajo mediante el uso del kit Qiagen NA (Valencia, CA) siguiendo un protocolo optimizado para 5 mL de plasma. Todas las muestras de cfDNA se sometieron a control de calidad en chips Bioanalyzer High Sensitivity (Agilent, Santa Clara, CA). Las mismas ejecuciones de Bioanalyzer High Sensitivity también se usaron para cuantificar las muestras de cfDNA mediante la interpolación de la altura del pico mononucleosomal en una curva de calibración preparada a partir de una muestra pura de cfDNA que se cuantificó

previamente. Esto fue necesario porque el cfDNA a veces contiene una fracción de ADN intacta que se superpone con el marcador de gran tamaño en el chip, lo que hace que la cuantificación del pico mononucleosomal no sea confiable. Se cuantificó un subconjunto representativo de las muestras de ADN genómico purificado (de subsecciones de tumores, ganglios linfáticos y glóbulos blancos) mediante el uso Nanodrops (Wilmington, DE). Todas las muestras

Preparación de la biblioteca de cfDNA. La cantidad total de cfDNA de cada muestra de plasma se usó como entrada en Library Prep mediante el uso del kit de preparación de bibliotecas de Natera y siguiendo las instrucciones del kit. Para dos muestras con cantidades extremadamente altas de cfDNA, la cantidad de entrada en Library Prep se restringió a ~50 000 equivalentes de genoma (165 ng). Las bibliotecas se amplificaron hasta la meseta y luego se purificaron mediante el uso perlas Ampure (Beckman Coulter, Brea, CA) siguiendo el protocolo del fabricante. Las bibliotecas purificadas se sometieron a control de calidad en el LabChip.

Secuenciación y PCR múltiple de cfDNA. El material de la biblioteca de cada muestra de plasma se usó como entrada en la PCR múltiple (mPCR) mediante el uso del conjunto de ensayos relevante y un protocolo de mPCR de plasma optimizado. El protocolo utilizó un tiempo de hibridación de 15 minutos a una temperatura de 60 °C o 62,5 °C, que estaba por encima de la T_m de los cebadores. Las T_m de los cebadores mediante el uso de cálculos teóricos fue de 53 a 59 °C. Se usó una concentración de cebador de 10 nM. Los productos de mPCR se codificaron con barras en una etapa de PCR separado, y los productos de PCR con códigos de barras se agruparon de acuerdo con la información de agrupación del ensayo (consulte la sección anterior) en 5 agrupaciones. Los conjuntos se purificaron mediante el uso de perlas Ampure siguiendo el protocolo del fabricante, se sometieron a control de calidad en un chip Bioanalyzer DNA1000 (Agilent, Santa Clara, CA) y se cuantificaron con el kit Qubit dsDNA Broad Range (Thermo Fisher Scientific, Waltham, MA). Cada grupo contenía bibliotecas preparadas como se ha descrito anteriormente, a partir de 10 muestras de plasma de pacientes con cáncer y 20 controles negativos (preparados a partir de cfDNA extraído de presuntos voluntarios sanos). Las muestras de control negativo se obtuvieron siguiendo los procedimientos reglamentarios necesarios. Cada grupo se secuenció en un ciclo HiSeq 2500 Rapid separado (Illumina, San Diego, CA) con lecturas de índice único de extremo emparejado de 50 ciclos.

Secuenciación y PCR múltiple de ADNg. Las muestras de ADN genómico se usaron como entrada en una mPCR similar mediante el uso de los conjuntos de ensayos relevantes y un protocolo de mPCR genómico optimizado. Los productos de mPCR se codificaron con barras en una etapa de PCR separado y todos los productos con códigos de barras se combinaron en un grupo. El conjunto se purificó mediante el uso de perlas Ampure siguiendo el protocolo del fabricante, se sometió a control de calidad en un chip Bioanalyzer DNA1000 y se cuantificó con el kit Qubit dsDNA Broad Range. El conjunto se secuenció en un único experimento HiSeq2500 Rapid con lecturas de índice único de extremo único de 50 ciclos.

Resultados

La Figura 20 es una tabla que muestra los resultados detallados del análisis e información detallada sobre las muestras que se analizaron en este estudio.

Extracción y análisis de cfDNA. La distribución de las concentraciones de cfDNA para las 50 muestras de plasma (**figura 3**) siguió la distribución esperada basada en 5 mL de plasma (mediana de 2200 equivalentes de copia del genoma por mL de plasma). Las concentraciones de cfDNA, el grado de hemólisis (estimado visualmente) y la evaluación cualitativa del perfil de tamaño de cfDNA (estimado visualmente a partir de las trazas del Bioanalyzer) se muestran en forma de tabla en la **Figura. 16**

Análisis de ADNc. La concentración de cfDNA purificado, el grado de hemólisis plasmática y el perfil de cfDNA se muestran en la Figura 16. **Concentración de cfDNA** se refiere únicamente al pico mononucleosómico y se determinó a partir de la altura del pico mononucleosómico mediante el uso de una curva de calibración. Los equivalentes de copia del genoma se calcularon mediante el uso de un factor de conversión de 3,3 pg/genoma; se usan 40 µl de cfDNA purificado como entrada en Library Prep; puntos destacados en verde: para esas muestras, la entrada en la preparación de la biblioteca se restringió a 50 000 equivalentes de genoma. **Perfil de tamaño de cfDNA:** 1: la mayor parte del cfDNA está en el pico mononucleosómico; 2: la mayor parte del cfDNA está en el pico mononucleosómico, pero se observan otros tamaños; 3: se observa un gran pico de ADN intacto (>1000 pb) junto con el pico mononucleosómico y algunos picos de mayor peso molecular. La hemólisis se estimó visualmente en base al color del plasma. 0: sin hemólisis (plasma amarillo); 1: hemólisis leve (plasma rosa pálido); 2: hemólisis grave (plasma rosa o rojo brillante).

Análisis VAF en subsecciones tumorales. Los datos de secuencia de cada una de las subsecciones tumorales se analizaron para determinar la frecuencia de alelos variante (VAF) de cada SNV en cada subsección tumoral, ganglio linfático y muestra normal coincidente. Estos datos se compararon con los datos combinados proporcionados por separado de un sitio de prueba diferente mediante el uso de diferentes métodos de prueba, tal como la secuenciación del genoma completo y la secuenciación del exoma. Para la mayoría de las muestras, los valores de VAF de tejido previamente determinados de cada subsección del tumor coincidieron estrechamente con los valores de VAF de tejido recién derivados (**Figura 4**). Sin embargo, hubo un gran número de muestras en las que se observaron discrepancias

significativas (**Figura 5**). Se observaron tres tipos de discrepancias: (i) para una o dos subsecciones, todos los VAF son 0 o cercanos a 0 en el análisis anterior, pero no son cero (y abarcan el intervalo de VAF visto en otras subsecciones de la misma muestra) en el análisis mPCR-NGS (por ejemplo: LTX041, LTX111); (ii) para varios ensayos, los VAF son 0 en el análisis mPCR-NGS, pero no son cero (y abarcan el intervalo de VAF visto en otras subsecciones de la misma muestra) en el análisis anterior, y no se agruparon por subsección visto con este modo de discrepancia (por ejemplo: LTX093, LTX074); (iii) para varios ensayos o regiones, ninguno de los ensayos falló, pero la concordancia entre los VAF obtenidos en los dos análisis fue generalmente deficiente (por ejemplo, LTX063, LTX059).

También identificamos 16 SNV somáticas de muestras de tejido que no se informaron en las llamadas de TRACERx SNV. Entre estos nuevos SNV somáticos, 7 también se denominaron cfDNA en su plasma correspondiente. Consulte la lista en la Figura. 18.

Una muestra (U_LTX206, con 19 ensayos) falló en la secuenciación y se eliminó del análisis. Se analizaron 889 ensayos que cubren 911 SNV. Los ensayos con una profundidad de lectura de menos de 1000 se consideraron fallidos y sus SNV correspondientes se marcaron como "sin asignar". En total, se eliminaron del análisis 21 SNV "sin asignar"; Se analizaron 890 SNV totales.

Cada ejecución pertenecía a un conjunto de ensayos y contenía 10 muestras de cáncer, así como también 20 muestras de control. El conjunto de SNV cubiertos por los ensayos en un conjunto se consideran SNV objetivo para la ejecución asociada. Para fabricar una llamada SNV en una posición específica de una muestra de cáncer, primero se construyó un modelo de error de fondo para esa posición. El modelo de error se construyó en base a las 20 muestras negativas y las muestras de cáncer restantes (8 o 9) que no se esperaba que contuvieran un SNV en esa posición, según la información proporcionada. Las posiciones con VAF > 20 % fueron excluidas del modelo de error de fondo. Se realizó una llamada de SNV de plasma positiva si la confianza para esa mutación en la muestra de plasma correspondiente superó nuestro umbral de confianza de 95 a 98 %.

La tasa general de detección de SNV en plasma es del 35,5 % (310 de 890), similar a un estudio piloto anterior. Si bien el algoritmo hizo las llamadas positivas verdaderas más confiables, la cantidad de llamadas positivas falsas se encuentra en un número aceptable (<0,25 %). La frecuencia promedio de alelos mutantes para los SNV detectados con alta confianza es 0,875 %, con un intervalo de 0,011 % a 13,93 %. Una muestra se consideró "detectada en plasma" si al menos un SNV que se esperaba que estuviera presente en esa muestra se detectó con seguridad en el plasma. Mediante el uso de esta definición, la tasa general de detección de muestras en plasma fue del 69 % (34 de 49 muestras), y para ellas, la cantidad promedio de SNV detectadas en plasma fue de 9,1 (intervalo de 1 a 19). La cantidad de SNV detectadas en plasma para cada muestra se muestra en forma tabular en la Figura. 17.

Análisis de SNV que no fueron detectados en plasma. Varias líneas de evidencia soportan la conclusión de que la falla en la detección de >60 % (580 de 911) de los SNV esperados en el plasma se debe al hecho de que no hay suficiente evidencia de la presencia de esas mutaciones en la muestra de cfDNA, como opuesto a alguna falla del método mPCR-NGS: La distribución de la profundidad de lectura (DOR) es similar para los ensayos que detectaron el SNV de plasma esperado y los que no detectaron el SNV esperado (Figura 6a) (DOR promedio de 45 551 para los ensayos que detectaron el SNV esperado frente a 45 133 para los que no lo hizo). Esto sugiere que los ensayos correspondientes a las llamadas SNV negativas falsas son tan eficientes como los de las llamadas positivas verdaderas. Además, a pesar de la alta DOR en la posición SNV de destino, el número de lecturas mutantes es casi insignificante. De hecho, el 36 % de ellos tiene 0 lecturas mutantes, el 75 % tiene más de 5 lecturas mutantes y el 25 % restante de llamadas falsas negativas tiene VAF < 1 %.

Factores que influyen en la detección de SNV en plasma.

Se han evaluado varios factores que influyen en la detectabilidad del SNV en plasma. La cantidad de cfDNA y la información de estadificación del tumor, el tamaño del tumor y las frecuencias de SNV en las subsecciones del tumor se determinaron en ubicaciones separadas.

Tipo histológico. El predictor más importante de la detección de un tumor en particular en el plasma parece ser el tipo histológico: El 100 % de los tumores de carcinoma de células escamosas (SQCC) se detectaron en plasma, mientras que solo el 50 % (15/29) de los tumores de adenocarcinoma (ADC) se detectaron en plasma en este estudio (Figura 7). Además, el número promedio de SNV detectados por muestra fue de 12,7 (mediana = 13) para SQCC y de 2,6 (mediana = 1) para ADC. Solo había un tumor de carcinosarcoma y un tumor adenoescamoso en esta cohorte, por lo que no se pudieron derivar conclusiones sobre su detectabilidad general en plasma sobre esos tipos de tumores en este momento.

Etapas y tamaño del tumor. La etapa y el tamaño del tumor fueron algunos de los factores más importantes identificados que influyen en el número de SNV detectados en la muestra de plasma correspondiente (**Figura 8**). Los tumores en etapa 1a tenían la probabilidad más baja de que se detectara al menos una SNV, así como también la tasa de éxito más baja en la detección de SNV en el plasma. La distribución de VAF para los SNV que se detectaron a partir de tumores en etapa 1a también fue menor que para el resto de los tumores (**Figura 9**). Como el tamaño del tumor y la etapa están correlacionados, se observó una tendencia similar con el tamaño del tumor. Como esto no se debió a la

falla del ensayo o a los límites de sensibilidad (ver más abajo), la explicación más probable es que dichos tumores tienden a no tener cfDNA presente en el plasma en cantidades detectables en los volúmenes de plasma usados en este estudio. El efecto de la etapa y el tamaño del tumor en el número de SNV detectados en ctDNA varió entre las muestras de ADC y SQCC. Las muestras de ADC eran más dependientes de estos factores con una tendencia general de muchos menos SNV detectados en ctDNA que los detectados en ctDNA de las muestras de SCC. De hecho, se detectaron SNV en el ctDNA de todas las muestras de SQCC independientemente de la etapa: Se detectaron tres SNV en el ctDNA de una de las muestras de SCC y al menos 5 SNV detectados en el ctDNA del resto de las muestras de SCC (Figura 15). De hecho, se detectaron entre 3 y 19 SNV en el ctDNA de las muestras de SCC. En 6 muestras de ADC que estaban en la etapa 1a, solo se detectó un SNV en una de las muestras de ctDNA, y en esa muestra solo se detectó un único SNV. En ninguna de las muestras de ADC de la etapa 1a se detectó más de 1 SNV en el ctDNA. En las muestras de ADC de etapa 1b, se identificaron menos de 5 SNV en todas las muestras excepto en dos, con 7 SNV identificadas en una de las muestras de ADC de etapa 1b y 18 SNV identificadas en una de las muestras de etapa 1b.

VAF tumoral y clonalidad. La relación de clonalidad se calculó para cada mutación como (número de subsecciones de un tumor donde se detecta la mutación)/(número total de subsecciones de ese tumor analizado). Las mutaciones que se observaron en todas las secciones tumorales analizadas se consideran "clonales", todas las demás se consideran "subclonales". El VAF de los SNV detectados en plasma se correlaciona con la "clonalidad" de las mutaciones, siendo más mutaciones clonales las responsables de los valores más altos de VAF en plasma (**Figuras 9 y 12**); De manera similar, los SNV presentes en múltiples subsecciones de tumores tienden a ser responsables de VAF plasmáticos más altos en las muestras de plasma correspondientes. Además de la relación de clonalidad, PyCloneCluster clasificó el estado clonal de cada SNV en función de los datos WES del tejido tumoral. Los SNV clonales tendían a tener VAF más altos (Figuras 13 y 14).

Entrada de cfDNA y VAF tumoral. No hubo correlación entre la cantidad de cfDNA y el número y la proporción de SNV detectados en las muestras de plasma. La cantidad de entrada de cfDNA no predice el número de SNV detectados en el plasma; sin embargo, todas las muestras con entrada alta (>25 000 copias) tenían al menos un SNV detectado en plasma (**Figura 10**). El plasma SNV VAF también se correlaciona con el tumor SNV VAF (**Figura 11**).

Análisis multivariable. Se realizó un análisis de regresión para determinar las variables que pueden usarse para predecir nuestra detección de mutaciones. Más específicamente, se usó una variable de respuesta 0/1 para anotar las mutaciones que llamamos presentes o no. Las siguientes variables independientes fueron incluidas en nuestro modelo:

1. VAF tumoral
2. PyCloneCluster (variable categórica)
3. Etapa del cáncer (variable categórica)
4. Tamaño del tumor
5. Cantidad de ADN de entrada
6. Tipo patológico (variable categórica)
7. Número de ganglios linfáticos afectados
8. Invasión vascular (variable categórica)
9. Lóbulo afectado

Una regresión logística mostró que las siguientes variables tenían una asociación estadísticamente significativa con la detección de una mutación (con valores de $p < 5\%$):

1. VAF tumoral ($p = 4,3e-6$)
2. PyCloneCluster ($p = 1,6e-4$)
3. Tamaño del tumor ($p = 3,5e-4$)
4. Tipo patológico ($p = 8,3e-30$)

Conclusiones. Demostramos en este ejemplo la detección exitosa de SNV relacionados con el cáncer de pulmón en muestras de plasma de pacientes con cáncer de pulmón. Mediante el uso de un panel de PCR múltiple personalizado adaptado para esta cohorte de muestra, se detectaron SNV con una fracción de alelo variante tan baja como 0,01 %. De los SNV analizados, el 35 % se detectaron en las muestras de plasma y el 67 % de las muestras analizadas tenían al menos un SNV de plasma detectado. También identificamos algunos de los factores que contribuyen a la detección exitosa de SNV en plasma. Estos incluyen el tipo de tumor, la etapa del tumor, el tamaño del tumor, la frecuencia del alelo SNV en el tumor y, en menor medida, la cantidad de cfDNA analizado. El hallazgo de que no todos los SNV se detectaron en el plasma, y que no todas las muestras tienen SNV detectables en el plasma, no parece deberse a las limitaciones del ensayo o del protocolo, ya que esos ensayos fueron funcionales (como lo demuestra la profundidad de lectura de la secuenciación) y su límite de detección fue suficiente para detectar cualquier SNV, en caso de que estuviera presente en la muestra de cfDNA. Más bien, la falla en detectar esos SNV probablemente se debió al hecho de que no están presentes en la muestra. Las muestras de tumores de bajo grado y tumores pequeños tenían más probabilidades de tener cantidades limitadas de ADN tumoral circulante. De manera similar, los SNV que estaban presentes con una frecuencia de alelos baja en el tumor tenían menos probabilidades de estar presentes en el plasma. Sin embargo, incluso los tumores de alto grado y tamaño relativamente grande pueden no tener SNV detectados en

el plasma. Es posible que otras razones biológicas sean responsables de esto (tal como la cantidad de ctDNA que se desprende del tumor) y que analizar más SNV por muestra aumente la posibilidad de detectar algunos. dNTP 0,4 mM (véase la figura 12-3C).

Los expertos en la técnica pueden idear muchas modificaciones y otras modalidades dentro del alcance y el espíritu de las invenciones actualmente descritas. De hecho, los artesanos expertos pueden realizar variaciones en los materiales, métodos, dibujos, ejemplos de experimentos y modalidades descritas sin cambiar los aspectos fundamentales de las invenciones descritas. Cualquiera de las modalidades descritas pueden usarse en combinación con cualquier otra modalidad descrita.

Las modalidades, los ejemplos y los experimentos divulgados no pretenden limitar el alcance de la descripción ni representar que los experimentos más abajo son todos o los únicos experimentos realizados. Se han realizado esfuerzos para garantizar la precisión con respecto a los números usados (*por ejemplo*, cantidades, temperatura, etc), pero se deben tener en cuenta algunos errores y desviaciones experimentales. Debe entenderse que se pueden realizar variaciones en los métodos como se describió sin cambiar los aspectos fundamentales que los experimentos pretenden ilustrar.

Ejemplo 2. Un protocolo de PCR múltiple personalizado para rastrear mutaciones tumorales en plasma

El protocolo de PCR múltiple (mPCR) a medida de Natera está diseñado para estimar el nivel de ctDNA en plasma mediante el seguimiento de un conjunto de mutaciones específicas del paciente identificadas a partir de muestras de tejido tumoral. Dado un perfil de mutación específico del paciente, diseñamos paneles de mPCR personalizados que se pueden aplicar a muestras de plasma de series temporales del paciente correspondiente.

Objetivos SNV. El perfil de mutaciones, que incluía variantes de un solo nucleótido (SNV) para cada subsección tumoral, se determinó en base a análisis de secuenciación tumoral. Se usó el perfil de mutaciones completo de cada tumor para reconstruir el árbol filogenético de cada tumor. PyClone (Roth, y otros, (2014). PyClone: Statistical inference of clonal population structure in cancer. Nature Methods 11: 396-398) se usó para identificar grupos de SNV y calcular su fracción de células cancerosas. Esto se usó para categorizar los SNV como clonales o subclonales. Se determinó la categoría de conductora de cada SNV (1-4, donde 1 era más probable que fuera una mutación conductora y 4 era la menos probable).

Diseño de ensayo. Se usó la tubería de diseño de ensayo estándar de Natera para diseñar cebadores de PCR para todos los SNV dados con los siguientes parámetros:

- Temperatura de fusión óptima [T_m] 56 °C, intervalo permitido, 53 °C-59 °C
- Longitud del amplicón, 50-70 pb
- Contenido de GC, 30-70 %

Nos referimos a un par de cebadores de PCR derecho e izquierdo dirigidos a un SNV como un ensayo para ese SNV en particular. Es posible que un ensayo cubra más de 1 SNV objetivo, si estuvieran muy cerca. Para cada par de ensayos, la probabilidad de formar un dímero de cebador se calculó mediante el uso de un enfoque termodinámico (SantaLucia JR (1998) "A unified view of polymer, dumbbell and oligonucleotide DNA nearest-neighbor thermodynamics", Proc Natl Acad Sci 95:1460-65) para estimar la estabilidad de la estructura de hibridación conjunta del primer par. Los ensayos se agruparon para minimizar el número de cebadores con una alta probabilidad de formar dímeros de cebadores en el mismo grupo. Para cada paciente, los ensayos se priorizaron de manera que, 1) los ensayos que cubrían los SNV conductoras tenían la máxima prioridad, y 2) había un muestreo uniforme del árbol filogenético.

Mezcla QC y optimización. Los cebadores se ordenaron a IDT en pocillos individuales, se desalinizaron y se normalizaron a 100 uM. Los ensayos se agruparon en Natera de acuerdo con el esquema de agrupación, para crear conjuntos de ensayos en los que cada cebador estaba a 250 nM en agua. Cada grupo se usó en un experimento combinado de QC/optimización. Para el experimento de optimización, se variaron los parámetros de PCR (concentración de cebador y temperatura de hibridación) y los efectos sobre el porcentaje de lecturas en el objetivo, la uniformidad de la profundidad de lectura (medida como la relación del percentil 80/percentil 20) y se evaluó el número de ensayos de abandono (definidos como ensayos con <1000 lecturas) a partir de los datos de secuenciación. Se determinaron las condiciones de PCR que producen el mejor porcentaje de lecturas en el objetivo, la uniformidad de la profundidad de lectura y el menor número de abandonos. Para todos los grupos, las condiciones óptimas fueron cebadores 10 nM y una temperatura de hibridación de 60 °C o 62,5 °C.

Los cebadores que eran responsables de la mayoría de los dímeros de cebadores se identificaron y eliminaron de cada grupo (por cada cebador eliminado, también se eliminó su pareja correspondiente).

Extracción de ADN y control de calidad. Se agruparon alícuotas de plasma de cada paciente antes de la extracción de cfDNA, y se evaluó visualmente el grado de hemólisis de cada muestra de plasma agrupada y se anotó (sin hemólisis,

hemólisis leve o hemólisis grave). El cfDNA se extrajo en Natera mediante el uso del kit Qiagen NA siguiendo un protocolo optimizado para 5 mL de plasma. Todas las muestras de cfDNA se sometieron a control de calidad en chips Bioanalyzer High Sensitivity. Las mismas ejecuciones de Bioanalyzer High Sensitivity también se usaron para cuantificar las muestras de cfDNA mediante la interpolación de la altura del pico mononucleosómico en una curva de calibración preparada a partir de una muestra pura de cfDNA que se cuantificó previamente. Esto es necesario porque el cfDNA a veces contiene una fracción de ADN intacta que se superpone con el marcador de gran tamaño en el chip, lo que hace que la cuantificación del pico mononucleosómico no sea confiable.

Las muestras de ADN genómico (de subsecciones de tumores, ganglios linfáticos y glóbulos blancos) se cuantificaron en Nanodrop.

Preparación de la biblioteca de cfDNA. La cantidad total de cfDNA de cada muestra de plasma se usó como entrada en Library Prep mediante el uso del kit de preparación de bibliotecas de Natera y siguiendo las instrucciones del kit. Para dos muestras con cantidades extremadamente altas de cfDNA, la cantidad de entrada en Library Prep se restringió a ~50 000 equivalentes de genoma (165 ng). En resumen, 40 µL de ADN extraído del plasma, que está presente en fragmentos de longitud mononucleosómica y polinucleosómica, se repararon en los extremos y se les dio una cola en A, y se ligaron los adaptadores personalizados de Natera. Las bibliotecas se amplificaron durante 15 ciclos hasta la meseta y luego se purificaron mediante el uso de perlas Ampure siguiendo el protocolo del fabricante. Las bibliotecas purificadas se sometieron a control de calidad en el LabChip.

Secuenciación y PCR múltiple de cfDNA. El material de la biblioteca de cada muestra de plasma se usó como entrada en la PCR múltiple mediante el uso del conjunto de ensayos relevante y un protocolo de mPCR de plasma optimizado. La composición de PCR fue: Mezcla maestra de PCR interna 1x, cebadores 10 nM, biblioteca de cfDNA de 3 µL (correspondiente a ~600 ng de ADN), en un volumen de reacción total de 10 µL. Las condiciones de termociclado fueron: 95 °C, 10 minutos; 10 ciclos de (95 °C, 30 segundos; 60 °C o 62,5 °C, 15 minutos; 72 °C, 30 segundos); 72 °C, 2 minutos, en espera a 4 °C.

Los productos de mPCR se codificaron en un etapa de PCR separado y los productos de PCR con código de barras se agruparon de acuerdo con la información de agrupación del ensayo.

Los conjuntos se purificaron mediante el uso de perlas Ampure siguiendo el protocolo del fabricante, se sometieron a control de calidad en un chip Bioanalyzer DNA1000 y se cuantificaron con el kit Qubit dsDNA Broad Range. Cada grupo contenía productos de mPCR con código de barras de 10 bibliotecas de plasma de cáncer y 20 controles negativos (preparados a partir de cfDNA extraído de voluntarios sanos). Las muestras de control negativo se obtuvieron siguiendo los procedimientos reglamentarios necesarios. Cada conjunto se secuenció en experimentos separados de HiSeq2500 Rapid con lecturas de índice único de extremo emparejado de 50 ciclos.

Secuenciación y PCR múltiple de ADN genómico. Las muestras de ADN genómico (ADNg) se usaron como entrada en una mPCR similar mediante el uso de los conjuntos de ensayos relevantes y un protocolo de mPCR genómico optimizado; Se usaron 50 ng de ADNg como entrada. Los productos de mPCR se codificaron con barras en una etapa de PCR separado y todos los productos con códigos de barras se combinaron en un grupo. El conjunto se purificó mediante el uso de perlas Ampure siguiendo el protocolo del fabricante, se sometió a control de calidad en un chip Bioanalyzer DNA1000 y se cuantificó con el kit Qubit dsDNA Broad Range. El conjunto se secuenció en un único experimento HiSeq2500 Rapid con lecturas de índice único de extremo único de 50 ciclos.

Canalización bioinformática. Las lecturas de extremos emparejados se asignaron al genoma de referencia hg19 con Novoalign v2.08.02 y se clasificaron e indexaron mediante el uso de SAMtools (Li H., Handsaker B., Wysoker A., Fennell T., Ruan J., Homer N., Marth G., Abecasis G., Durbin R. y 1000 Genome Project Data Processing Subgroup (2009) El formato de mapa/alineación de secuencias (SAM) y SAMtools. Bioinformática, 25, 2078-9). Todas las lecturas de extremos emparejados se fusionaron mediante el uso de Pear (J. Zhang, K. Kobert, T. Flouri, A. Stamatakis. PEAR: A fast and accurate Illumina Paired-End reAd mergeR. Bioinformatics 30(5): 614-620, 2014) (mediante el uso de parámetros predeterminados). Dado que todos los amplicones tienen menos de 70 bases de longitud, con lecturas emparejadas de 50 pb generadas por Illumina HiSeq 2500, todas las lecturas en el objetivo se fusionaron con una superposición mínima de 30 pb. Las lecturas no ensambladas están fuera del objetivo y se filtraron en esta etapa. Los amplicones se diseñaron de manera que las posiciones de SNV de destino estuvieran ubicadas en la región solapada. Las bases que no coincidían en las lecturas directa e inversa o que tenían un puntaje de calidad de Phred inferior a 20 se filtraron para minimizar los errores de secuenciación en las etapas posteriores. Las lecturas combinadas con una calidad de mapeo superior a 30 y a lo máximo un desajuste en la secuencia de cebadores se marcaron como objetivo. Los objetivos con menos de 1000 lecturas se consideraron fallidos y se filtraron de análisis posteriores. El control de calidad (QC) se realizó mediante el uso de un programa interno de Java que buscaba una amplia lista de estadísticas por muestra que incluía números totales de lecturas, lecturas asignadas, lecturas en el objetivo, número de objetivos fallidos y tasa de error promedio. Una muestra con menos del 90 % de lecturas asignadas y más de 3 objetivos fallidos no se aprobó y fue necesario volver a secuenciarla.

Modelo estadístico. El proceso de PCR se modeló como un proceso estocástico, estimando los parámetros de error mediante el uso de un conjunto de 29 muestras de plasma de control y al realizar las llamadas finales de SNV en las

muestras de cáncer objetivo. Para cada SNV objetivo, construimos un modelo de error de fondo específico del objetivo al estimar los siguientes parámetros de las muestras de control.

- Eficiencia PCR (p): Probabilidad de que cada molécula se replique en un ciclo de PCR.
- 5 • Tasa de error (p_e): Tasa de error por ciclo para el tipo de mutación e (por ejemplo, alelo A de tipo salvaje a alelo G mutante).
- Número inicial de moléculas (X_0)

10 Se usó el modelo de propagación de error específico del objetivo para caracterizar la distribución de moléculas de error. A medida que se replica una molécula en el transcurso del proceso de PCR, se producen más errores. Si ocurre un error en el ciclo i y hay X_i moléculas de tipo salvaje en el sistema, esa molécula de error se duplica en el siguiente ciclo con probabilidad p y se producen nuevas moléculas de error a partir de moléculas de fondo de tipo salvaje de acuerdo con un proceso binomial $B(X_i, p_e)$. Mediante el uso de una relación recursiva, calculamos la media y la

15 varianza del número de moléculas totales X_n y número de moléculas de error E_n después de n ciclos de PCR como se muestra en la Figura. 21.

Etapas del algoritmo:

- 20 a. Estimación de la eficiencia de la PCR y la tasa de error por ciclo mediante el uso de las muestras de control normales.
- b. Mediante el uso de la estimación de eficiencia, calcule el número inicial de moléculas en el conjunto de prueba.
- c. Use este número de copia inicial y la distribución de eficiencia anterior del conjunto de entrenamiento para estimar la eficiencia de la PCR en la muestra de prueba.
- 25 d. Para un intervalo de posibles valores reales de fracción mutante θ entre 0 y 1 (usamos 0,15 como límite superior), estimamos la media y la varianza para el número total de moléculas, moléculas de error de fondo y moléculas de mutación real mediante el uso del modelo de propagación de error descrito en último párrafo y parámetros estimados en etapas a-c.
- e. Use la media y la varianza estimadas en la etapa d para calcular la posibilidad $L(\theta)$ de cada fracción mutante real potencial. Seleccione el valor de θ que maximiza esta posibilidad (indicado por $\hat{\theta}_{MLE}$) y calcule la puntuación
- 30 de confianza $\left(\text{como } \frac{L(\hat{\theta}_{MLE})}{L(0) + L(\hat{\theta}_{MLE})} \right)$.
- f. Llame a una mutación si la puntuación de confianza es $\geq 95\%$ para las transiciones y $\geq 98\%$ para las transversiones.

REIVINDICACIONES

1. Un método para determinar las variantes de un solo nucleótido presentes en un carcinoma de células escamosas de pulmón, que comprende generar un conjunto de amplicones al realizar una reacción de amplificación por PCR múltiple en ácidos nucleicos aislados de una muestra de plasma de sangre de un individuo sospechoso de tener un carcinoma de células escamosas de pulmón en donde la reacción de amplificación por PCR múltiple comprende combinar una polimerasa, trifosfatos de nucleótidos, fragmentos de ácidos nucleicos de una biblioteca de ácidos nucleicos generada a partir de la muestra de plasma y un conjunto de cebadores que se unen cada uno dentro de 150 pares de bases de los loci variantes de un solo nucleótido, o un conjunto de pares de cebadores que abarcan cada uno una región de 160 pares de bases o menos que comprenden los loci variantes de un solo nucleótido, un tiempo de hibridación de 15 minutos y una concentración de cebador de 10 nM, en donde se sabe que los loci variantes de un solo nucleótido están asociados con carcinoma de células escamosas de pulmón y cada amplicón del conjunto de amplicones abarca al menos un locus variante de un solo nucleótido de un conjunto de 25 a 1000 loci variantes de un solo nucleótido que se sabe que están asociados con el cáncer de pulmón; y determinar la secuencia de al menos un segmento de cada amplicón del conjunto de amplicones, en donde el segmento comprende un loci variante de un solo nucleótido, para determinar de esta manera las variantes de un solo nucleótido presentes en el carcinoma de células escamosas.
2. Un método de acuerdo con la reivindicación 1, en donde el carcinoma de células escamosas es un carcinoma de células escamosas en etapa Ia, Ib o 2a.
3. Un método de acuerdo con la reivindicación 1, en donde el método comprende además determinar la frecuencia del alelo variante para cada una de las variantes de un solo nucleótido a partir de la determinación de la secuencia.
4. Un método de acuerdo con la reivindicación 3, que comprende además desarrollar un plan de tratamiento contra el cáncer de pulmón basado en las determinaciones de frecuencia de alelos variantes.
5. Un método de acuerdo con la reivindicación 3, en donde se pretende administrar al individuo un compuesto que se sabe que es específicamente efectivo en el tratamiento del carcinoma de células escamosas de pulmón que tiene una o más de las variantes de un solo nucleótido determinadas o una de las variantes de un solo nucleótido determinadas con una frecuencia de alelos variable mayor que al menos la mitad de las otras variantes de un solo nucleótido.
6. Un método de acuerdo con la reivindicación 1, en donde los ácidos nucleicos se aíslan de un tumor del individuo y las variantes de un solo nucleótido se identifican en el tumor para el conjunto de loci de variantes de un solo nucleótido antes de determinar la secuencia de al menos un segmento de cada amplicón del conjunto de amplicones para la muestra de plasma.
7. Un método de acuerdo con una cualquiera de las reivindicaciones 1-6, en donde determinar si una variante de un solo nucleótido está presente en la muestra de plasma comprende identificar un valor de confianza para cada determinación de alelo en cada uno del conjunto de loci de variantes de un solo nucleótido basado al menos en parte en una profundidad de lectura para los loci.
8. Un método de acuerdo con una cualquiera de las reivindicaciones 1-6, en donde se realiza una designación de variante de un solo nucleótido si el valor de confianza para la presencia de una variante de un solo nucleótido es superior al 90 % o al 95 %.
9. Un método de acuerdo con una cualquiera de las reivindicaciones 1-6, en donde el conjunto de loci de variantes de un solo nucleótido comprende todos los loci de variantes de un solo nucleótido identificados en los conjuntos de datos TCGA y COSMIC para el cáncer de pulmón.
10. Un método de acuerdo con una cualquiera de las reivindicaciones 1-6, en donde el método se realiza con una profundidad de lectura para el conjunto de loci de variantes de un solo nucleótido de al menos 1000.
11. Un método de acuerdo con una cualquiera de las reivindicaciones 1-6, en donde se determina una eficiencia y una tasa de error por ciclo para cada reacción de amplificación de la reacción de amplificación múltiple de los loci de variantes de un solo nucleótido, y la eficiencia y la tasa de error se usan para determinar si una variante de un solo nucleótido en el conjunto de loci de variantes únicas está presente en la muestra de plasma.
12. Un método de acuerdo con una cualquiera de las reivindicaciones 1-6, en donde los cebadores del conjunto de cebadores están diseñados para minimizar la formación de dímeros de cebadores.

Figura 1

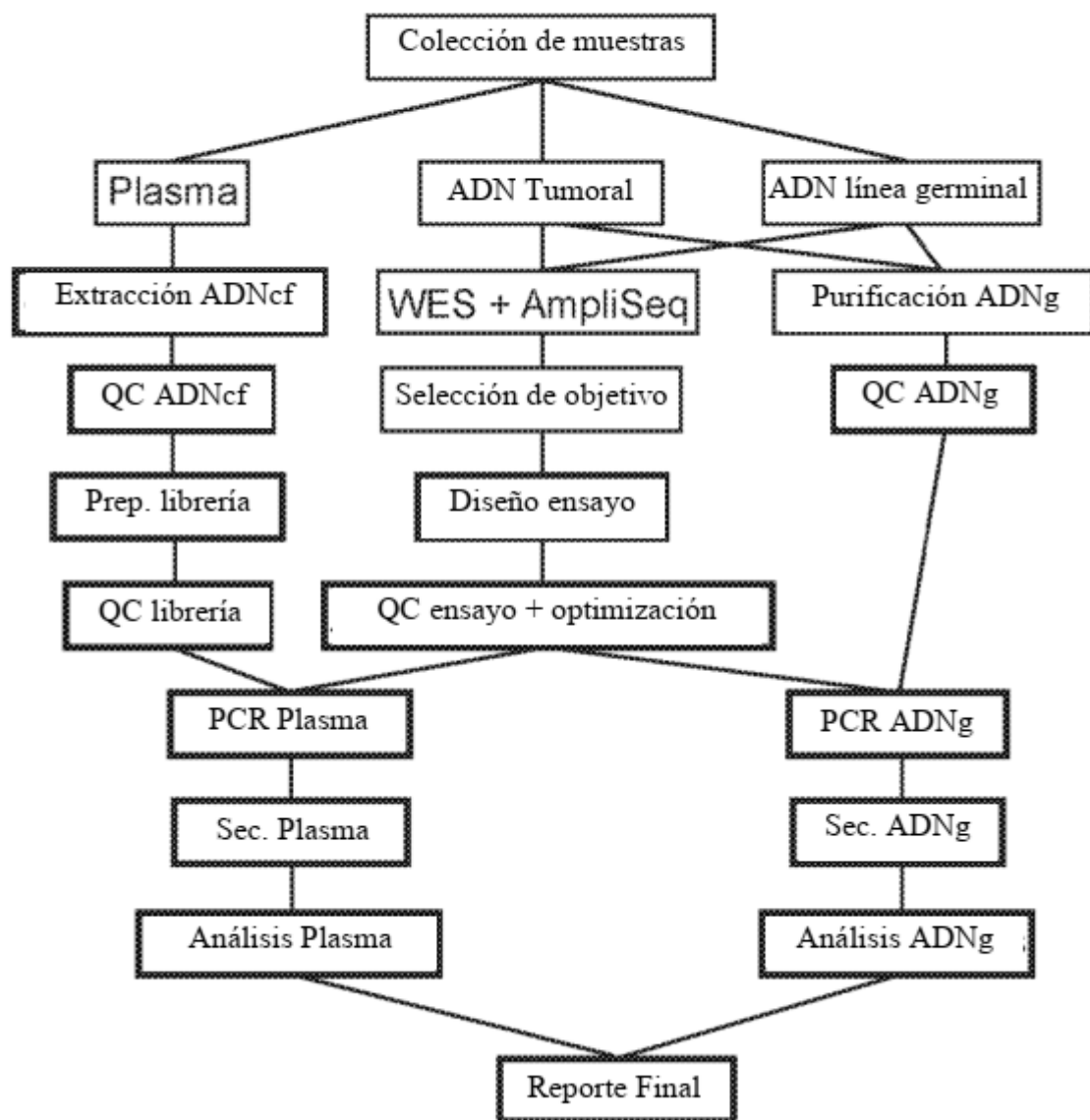


Figura 2

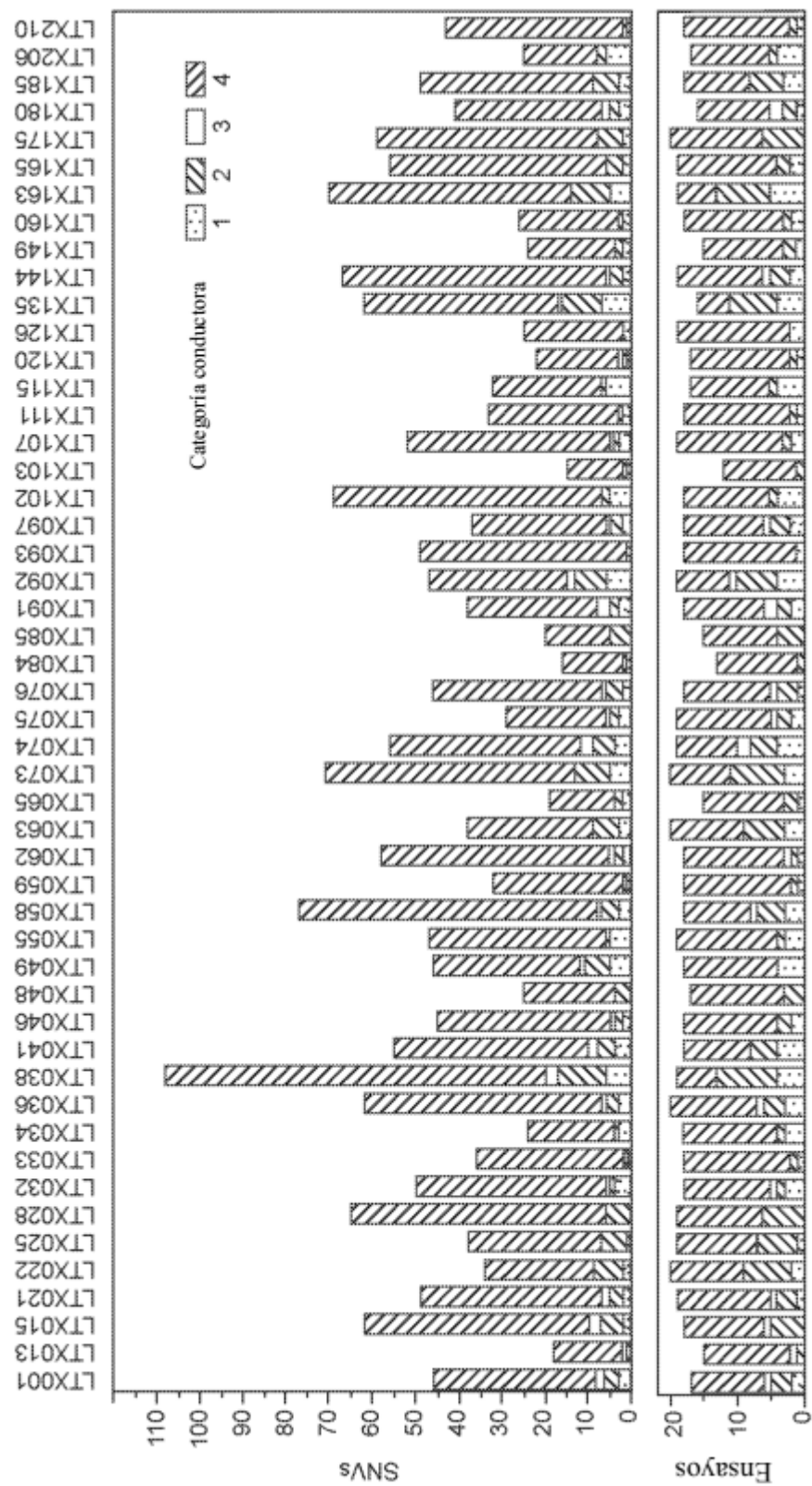


Figura 3

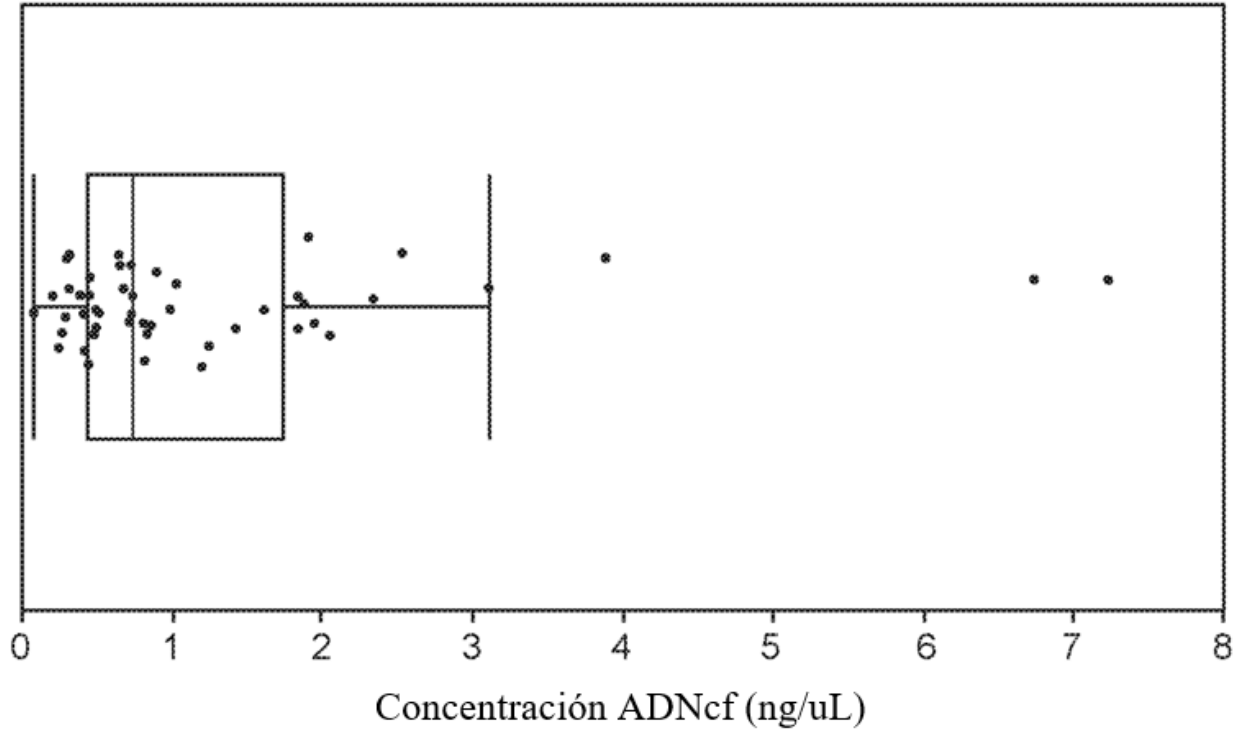


Figura 4

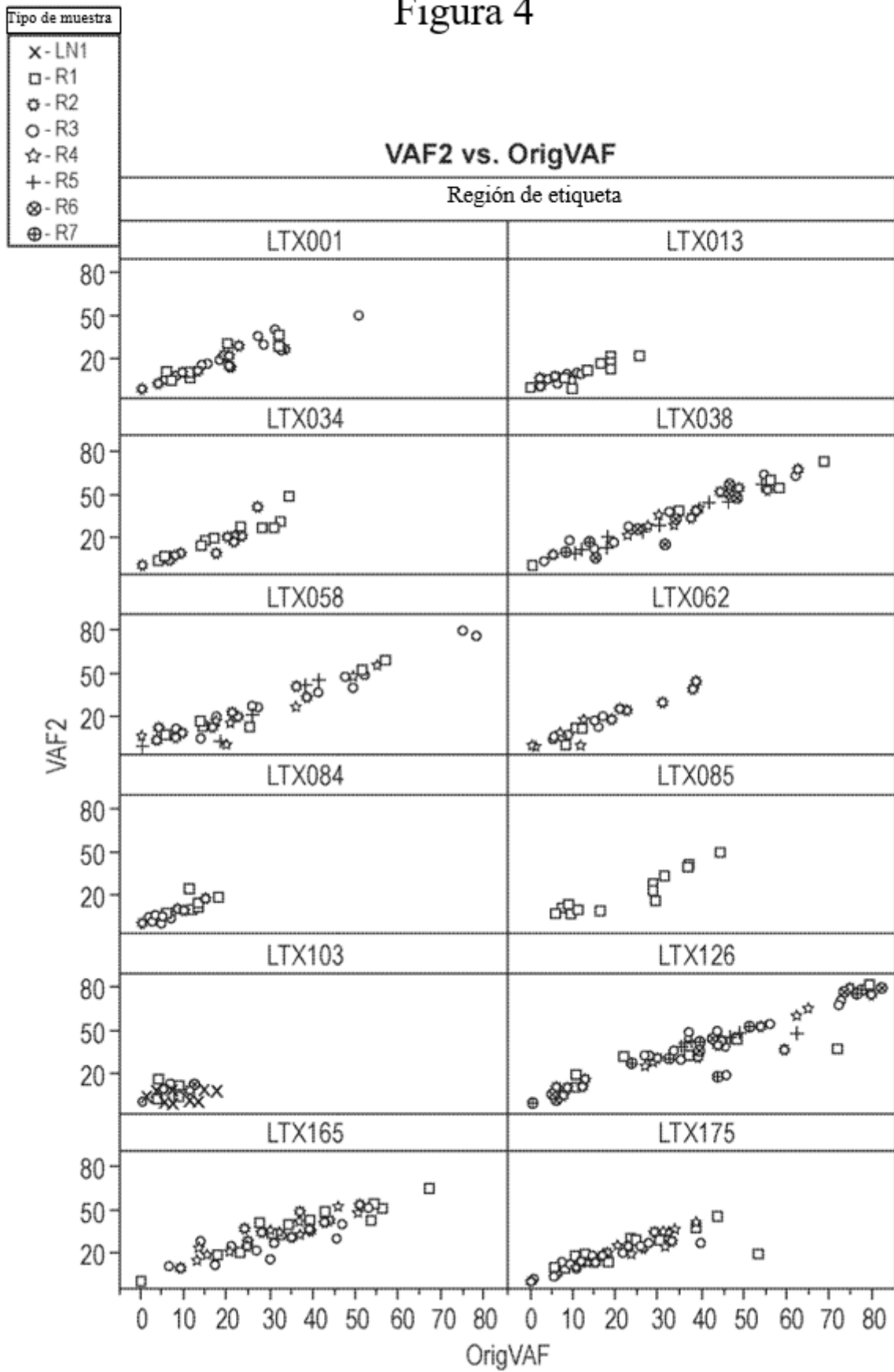


Figura 4 (cont.)

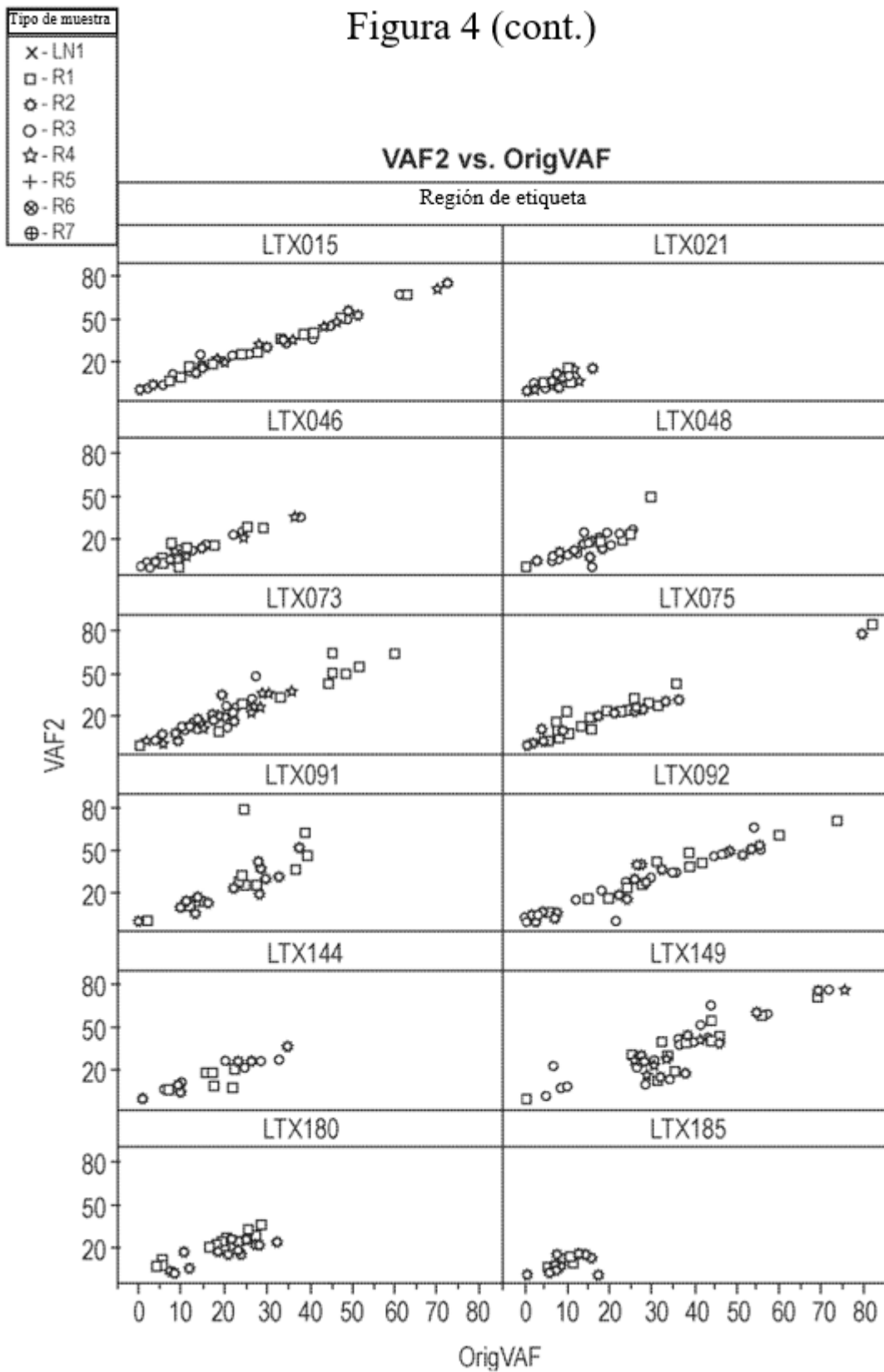


Figura 4 (cont.)

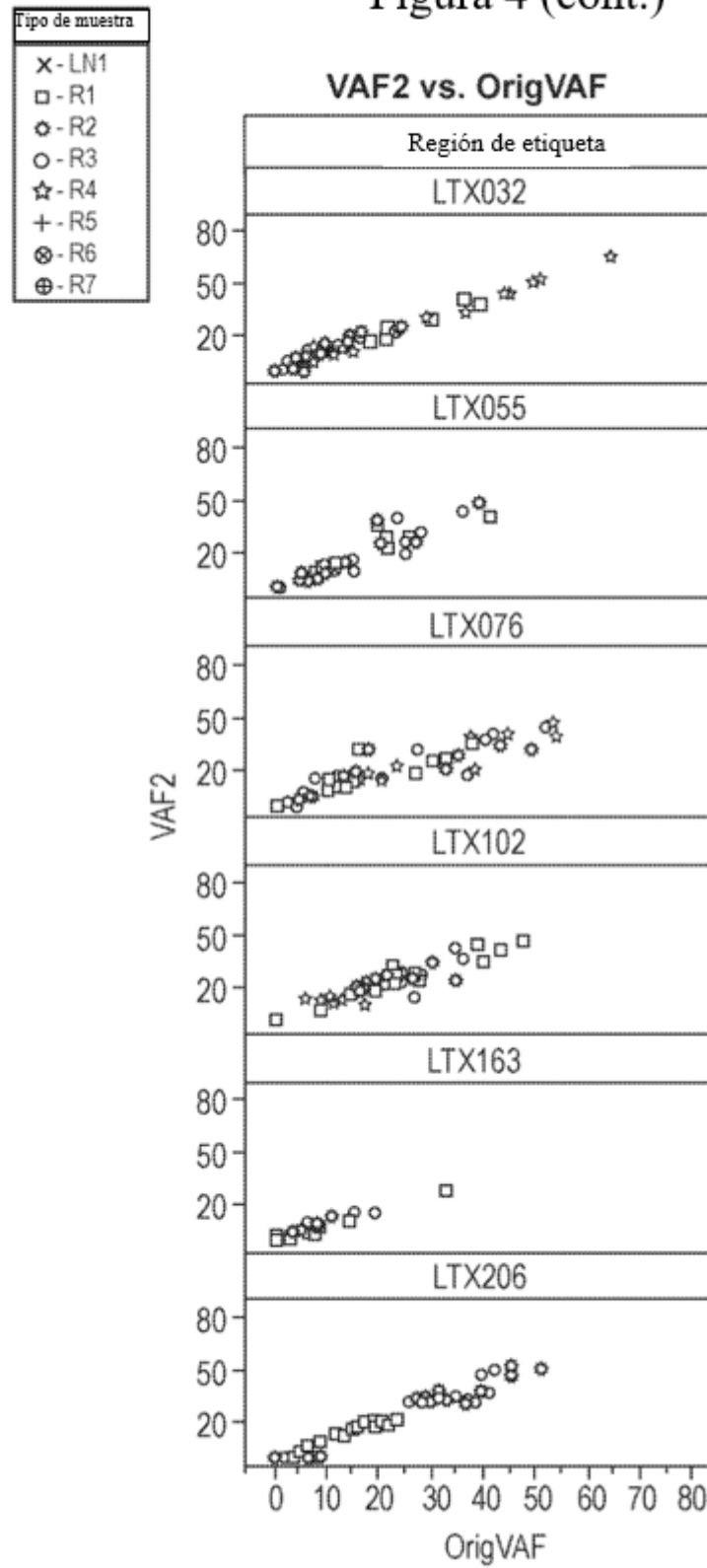


Figura 5

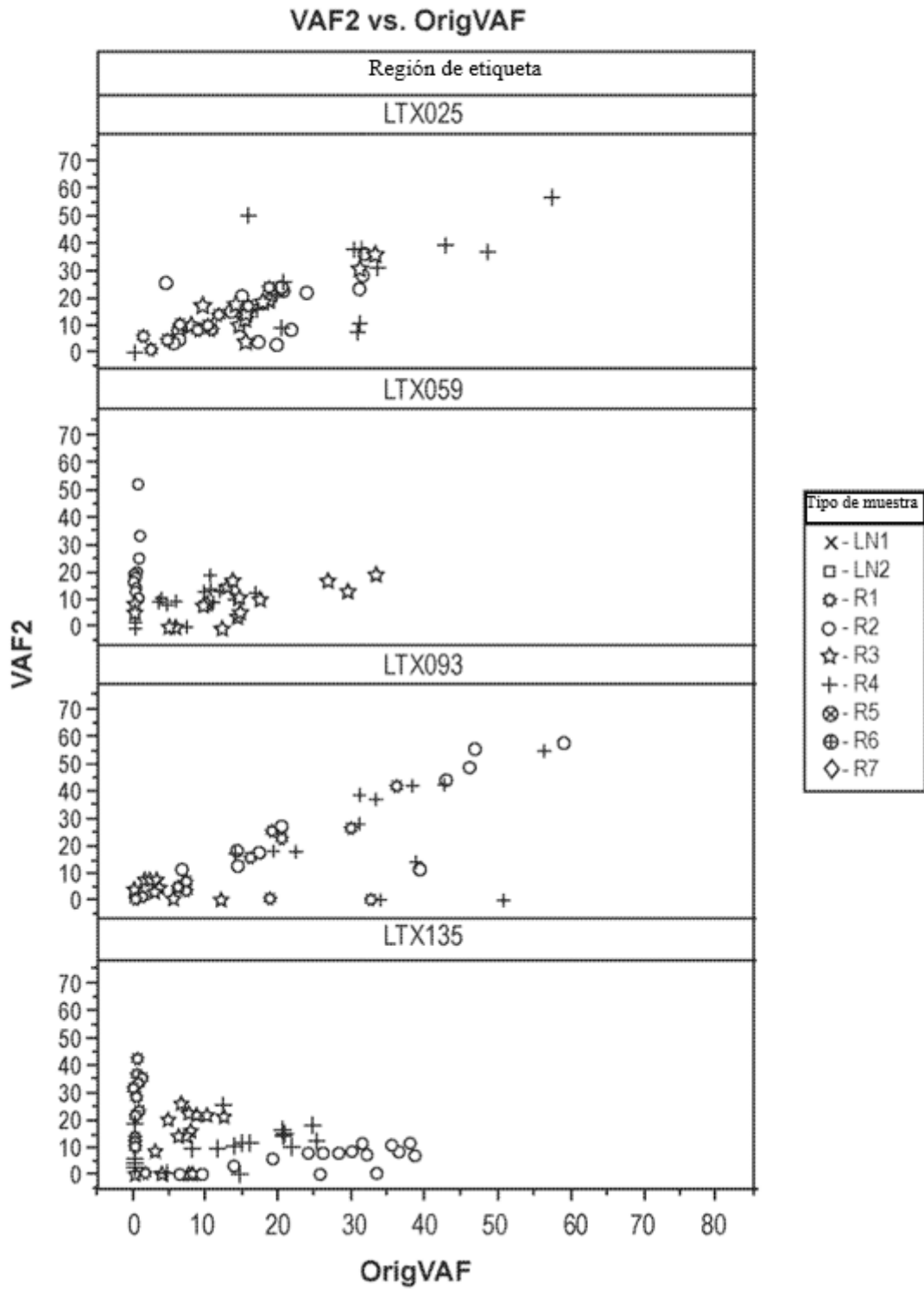


Figura 5 (cont.)

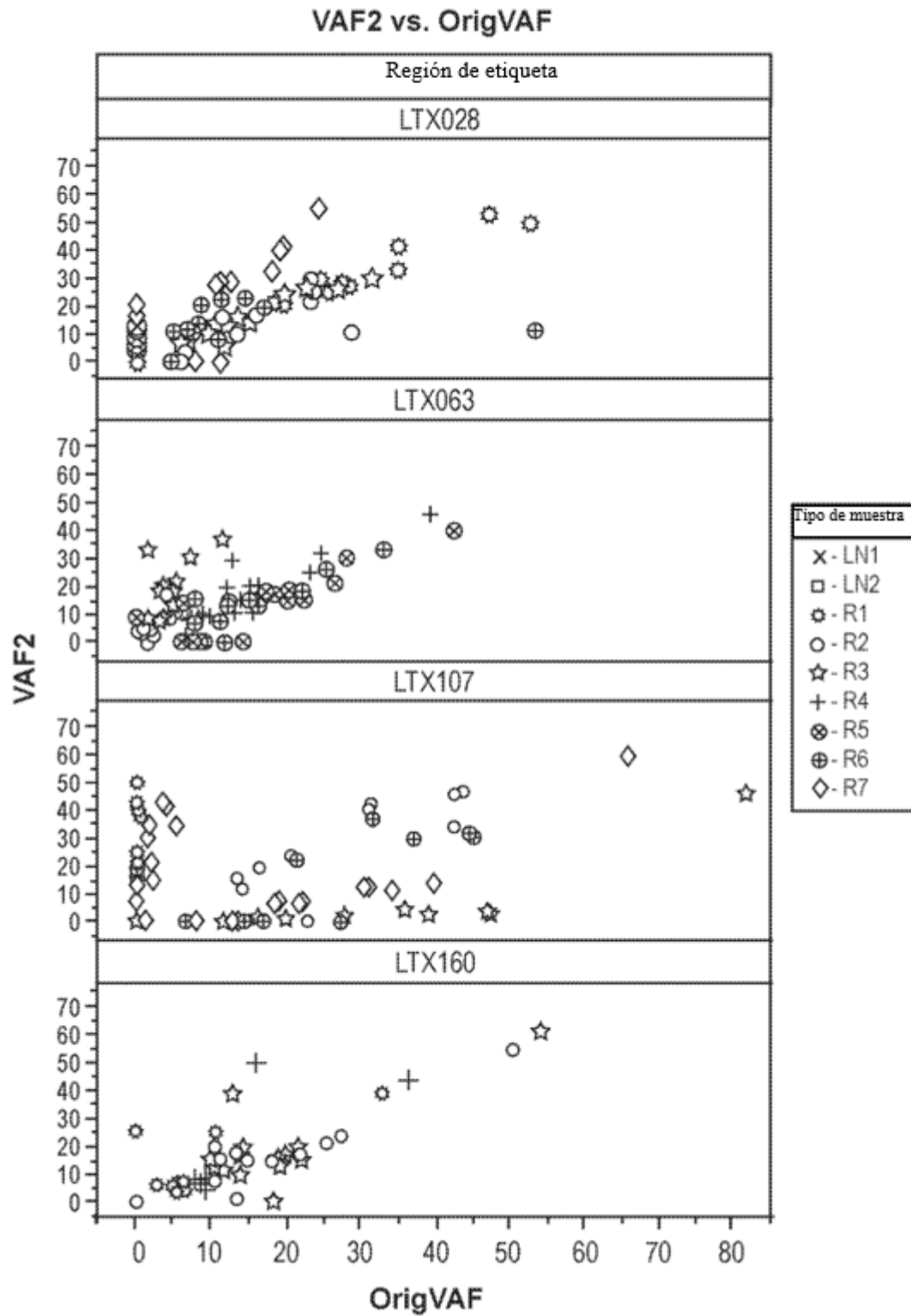


Figura 5 (cont.)

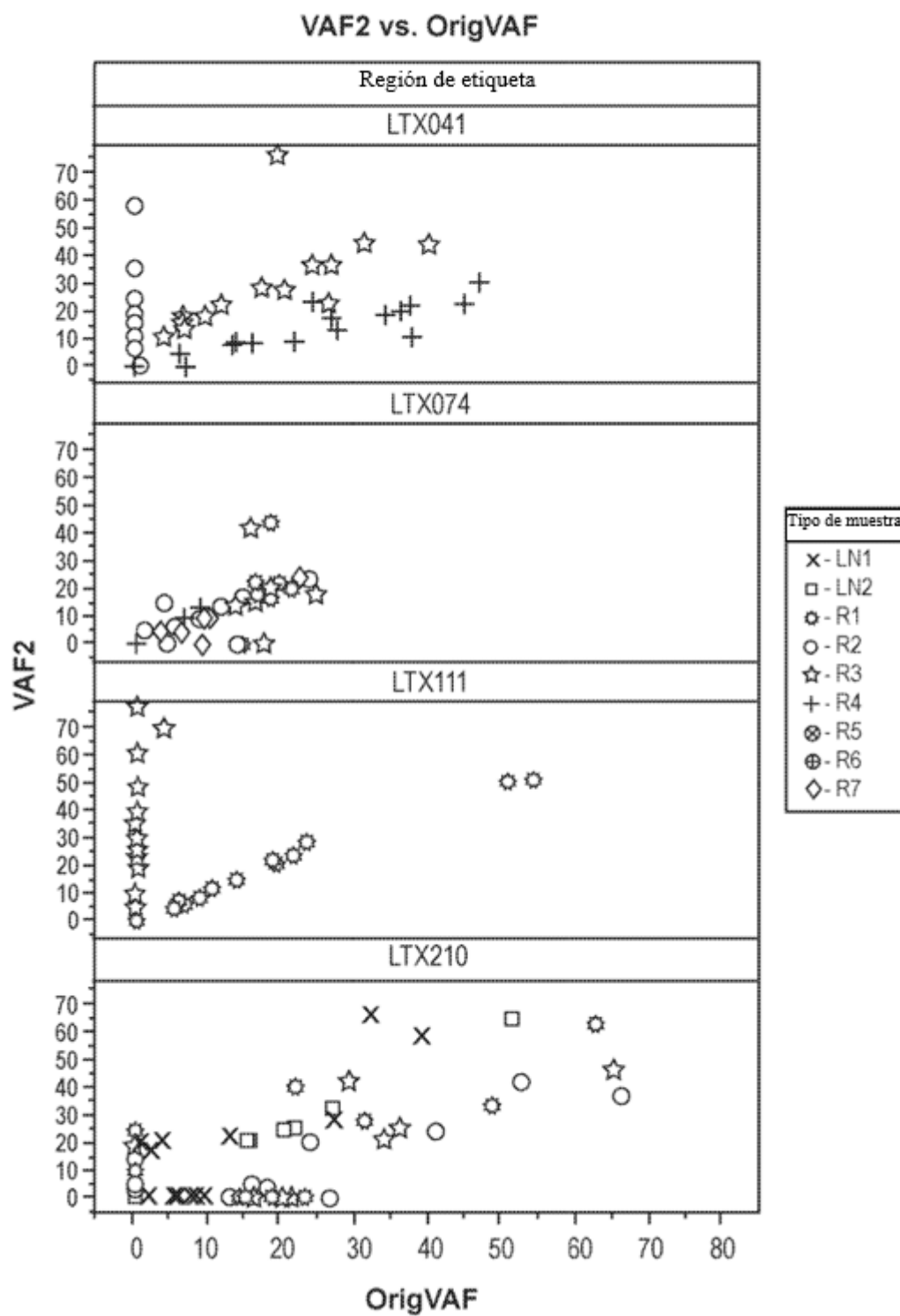


Figura 6A

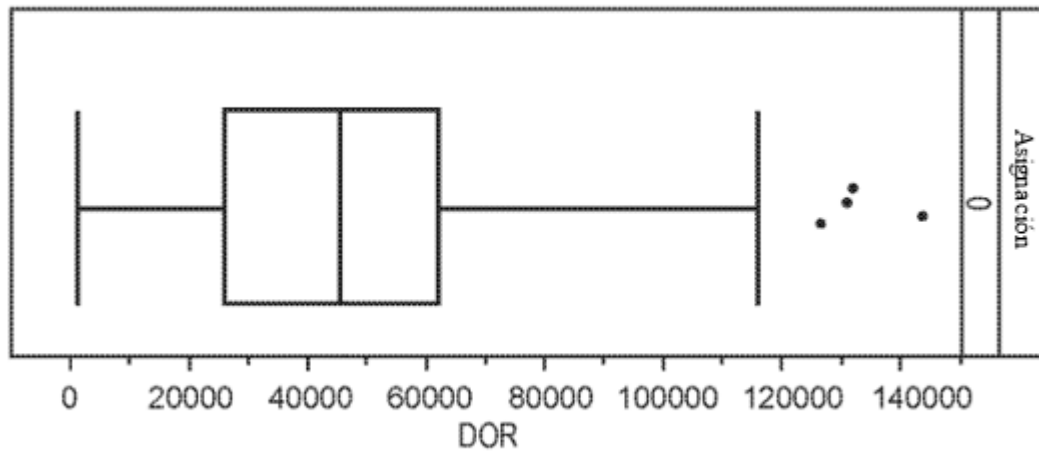
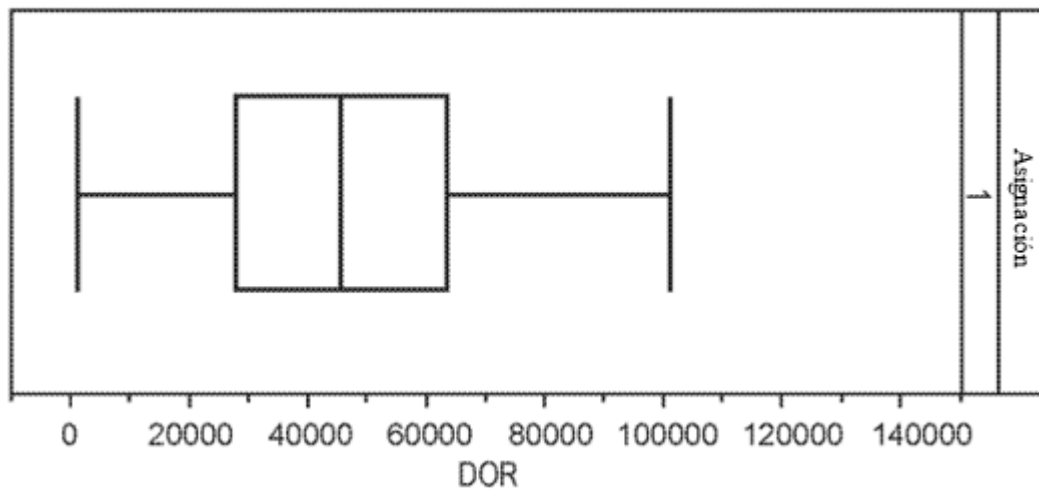


Figura 6B



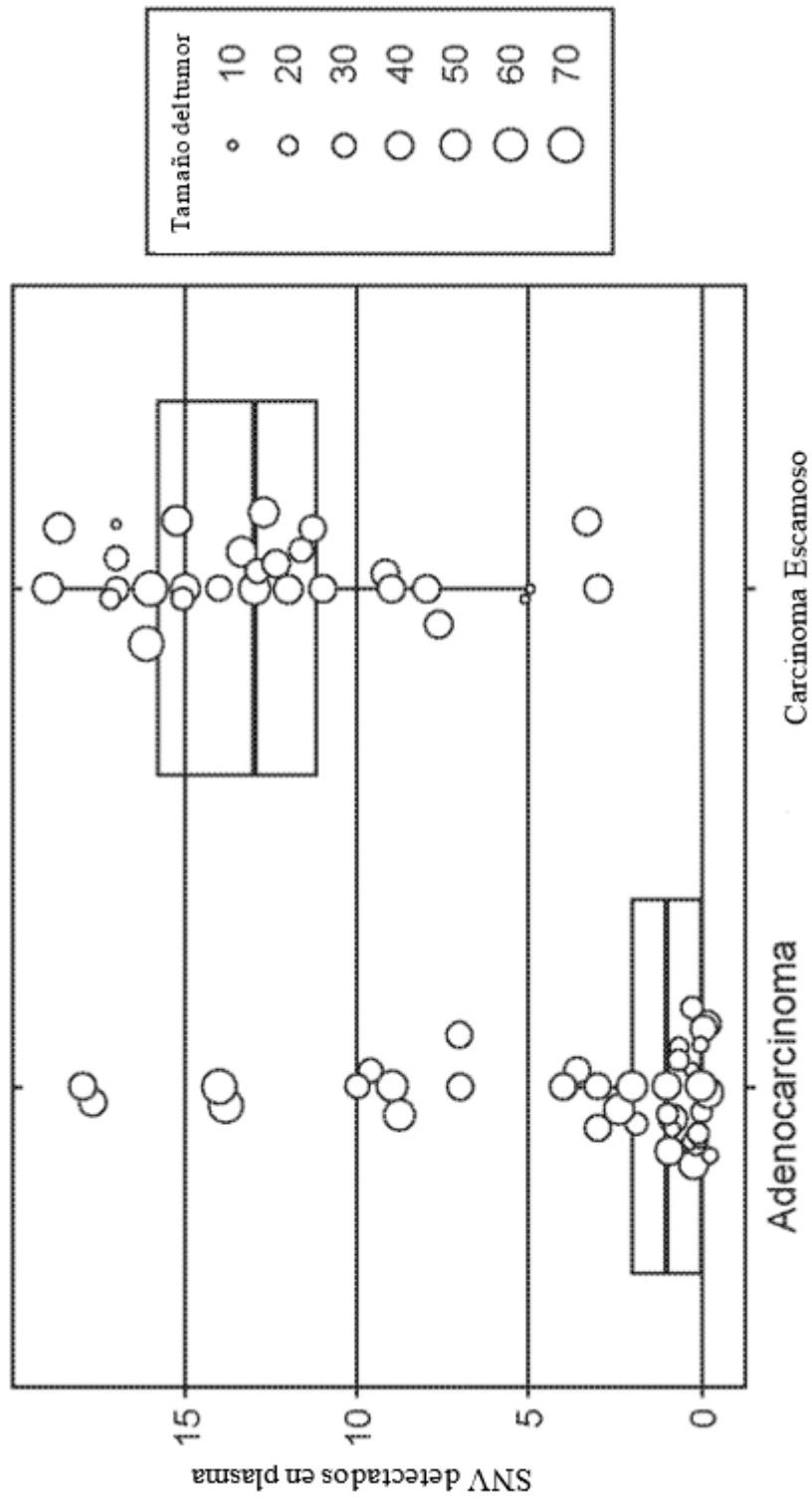


Figura 7

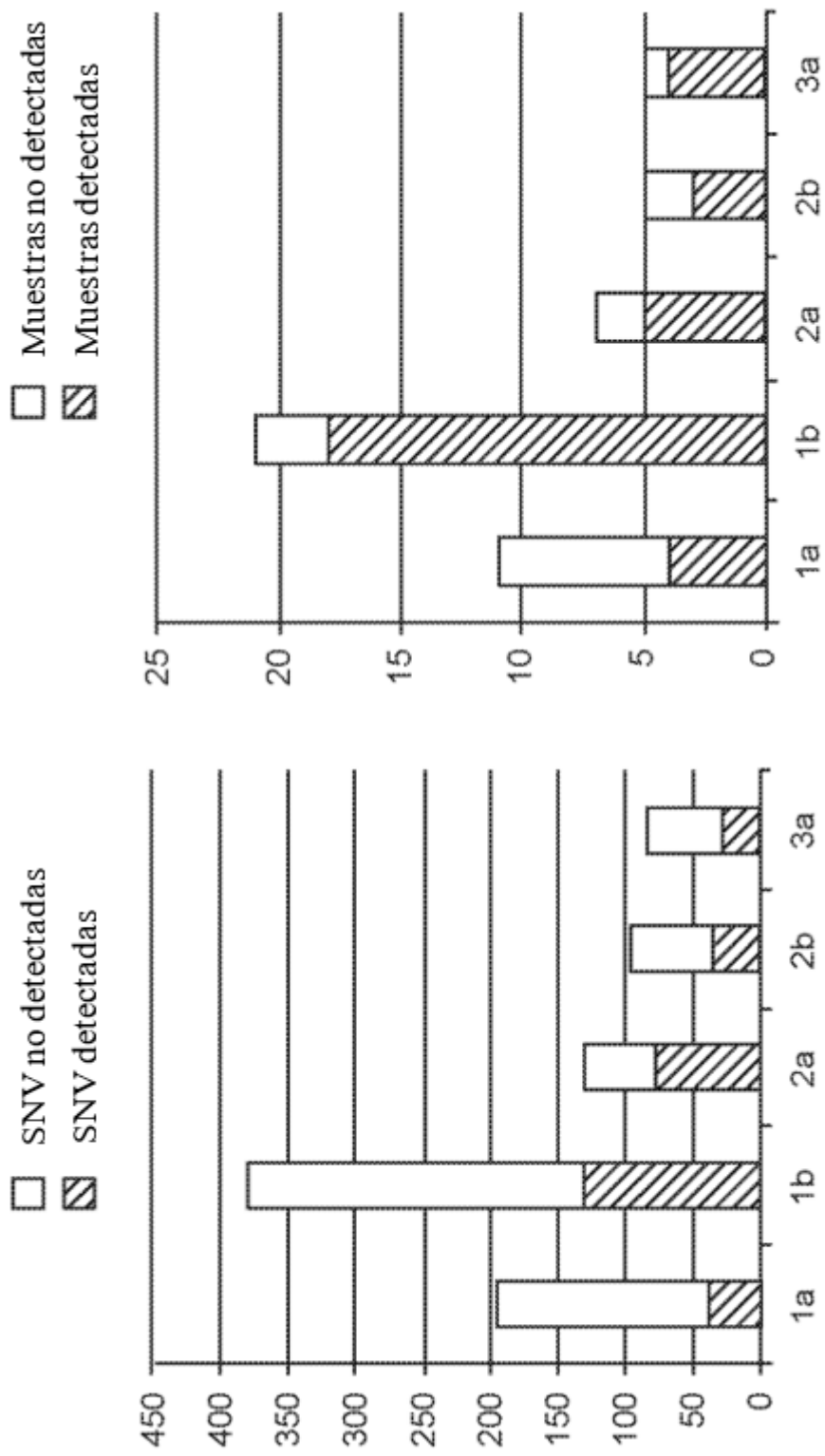


Figura 8

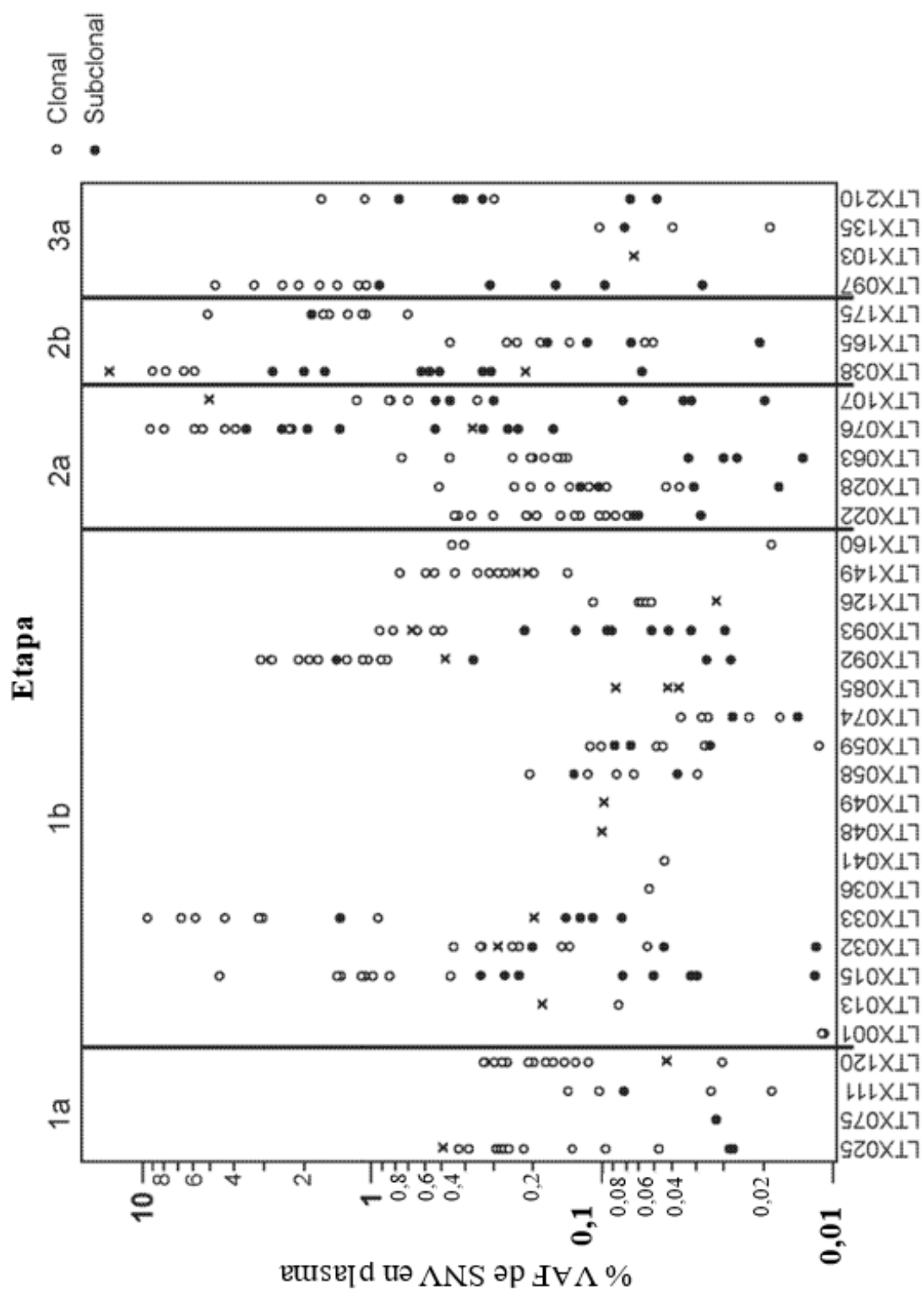


Figura 9

Figura 10

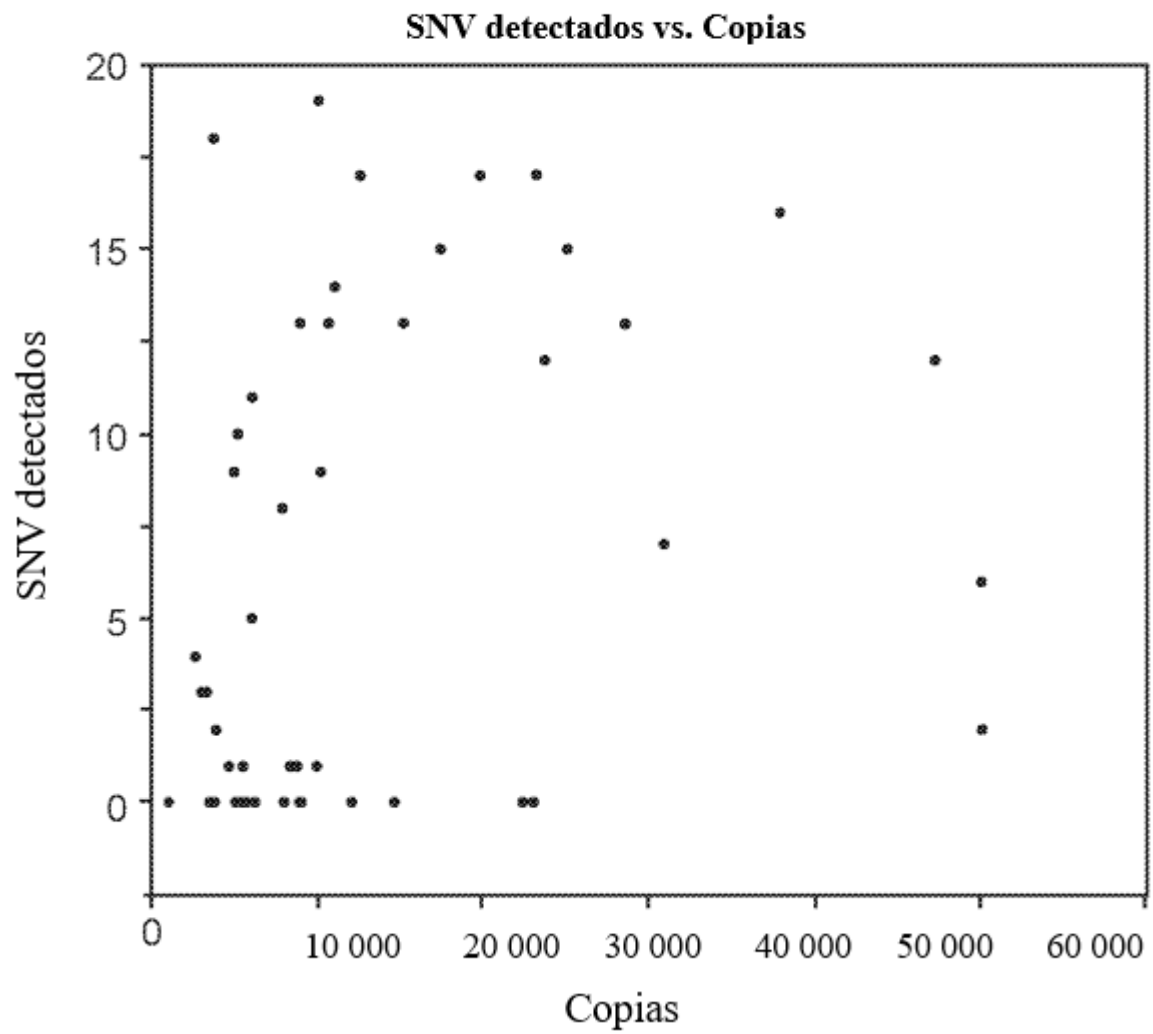


Figura 11

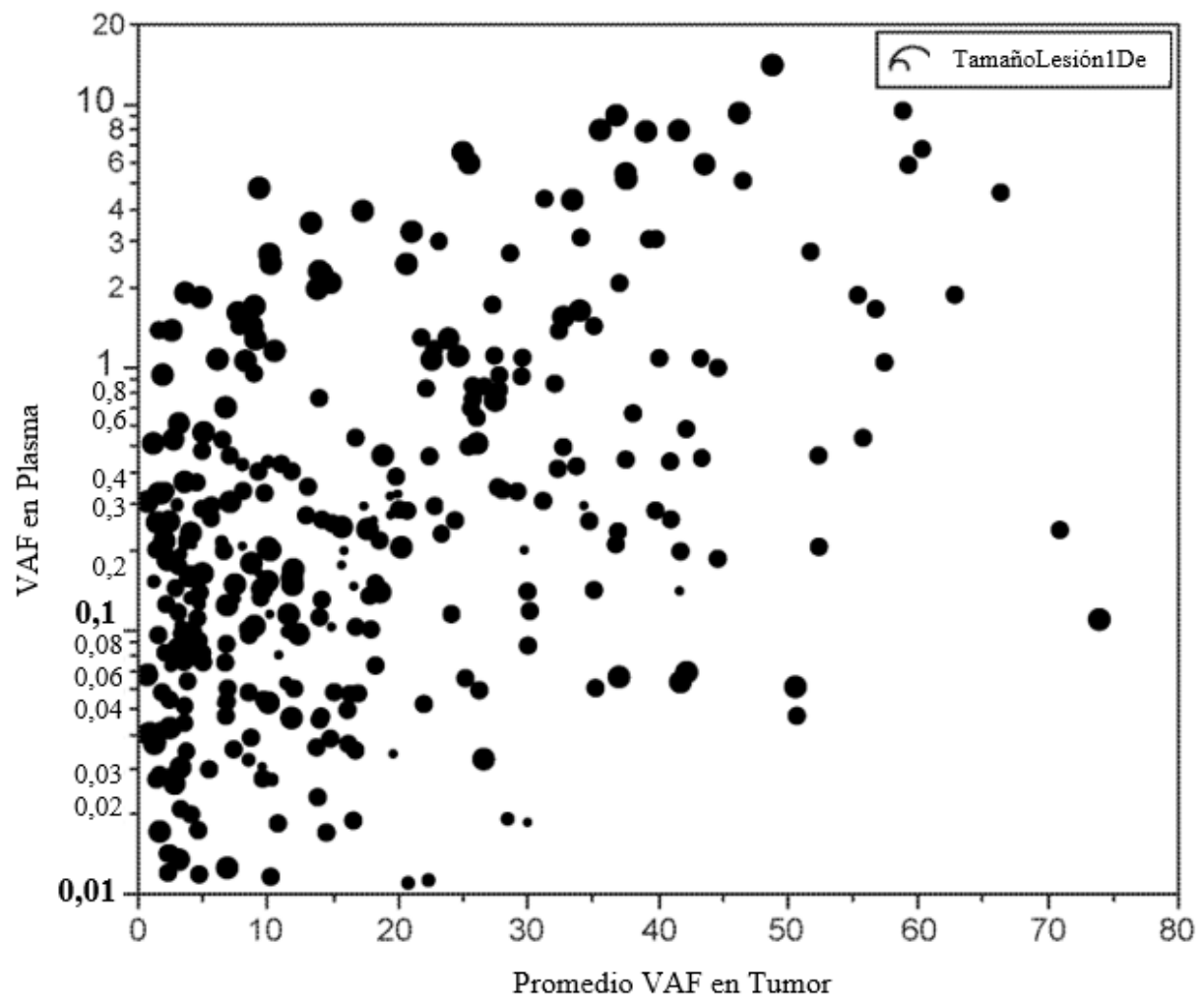


Figura 12

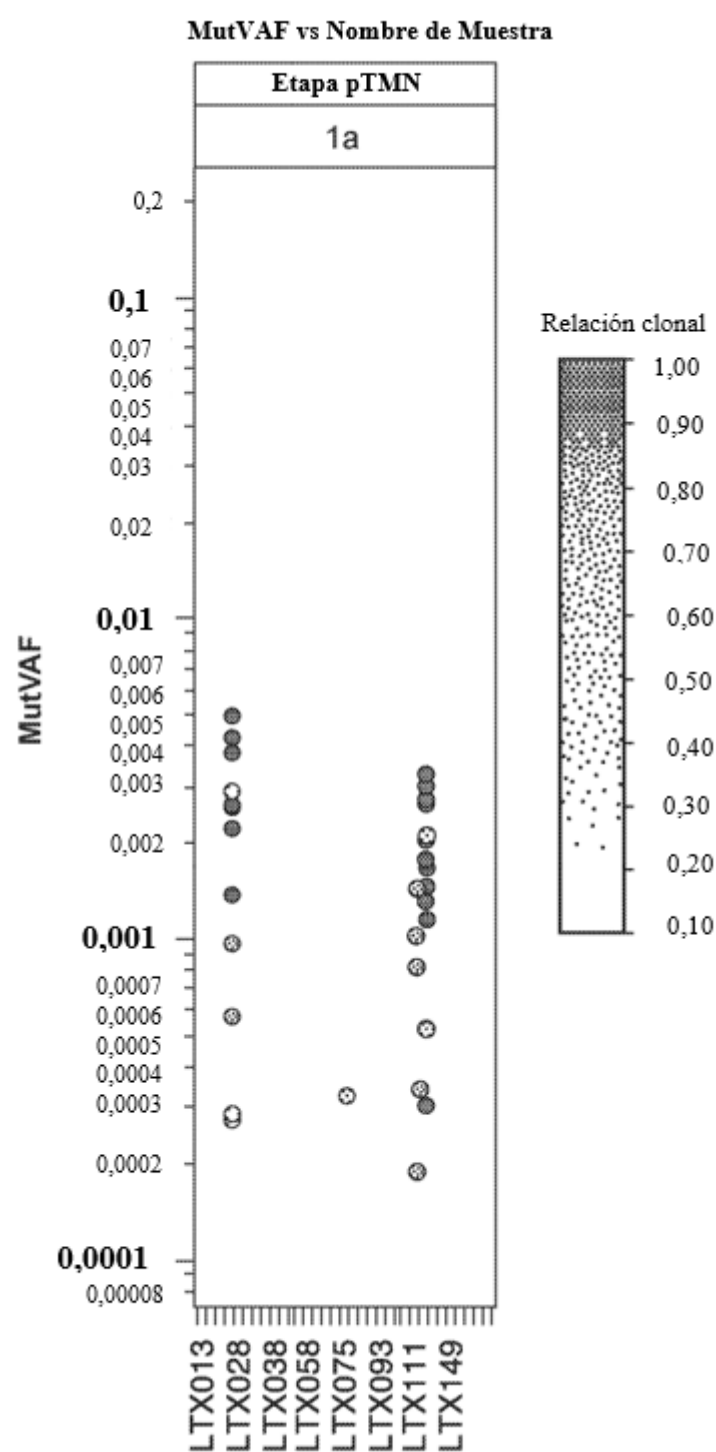


Figura 12 (cont.)

MutVAF vs Nombre de Muestra

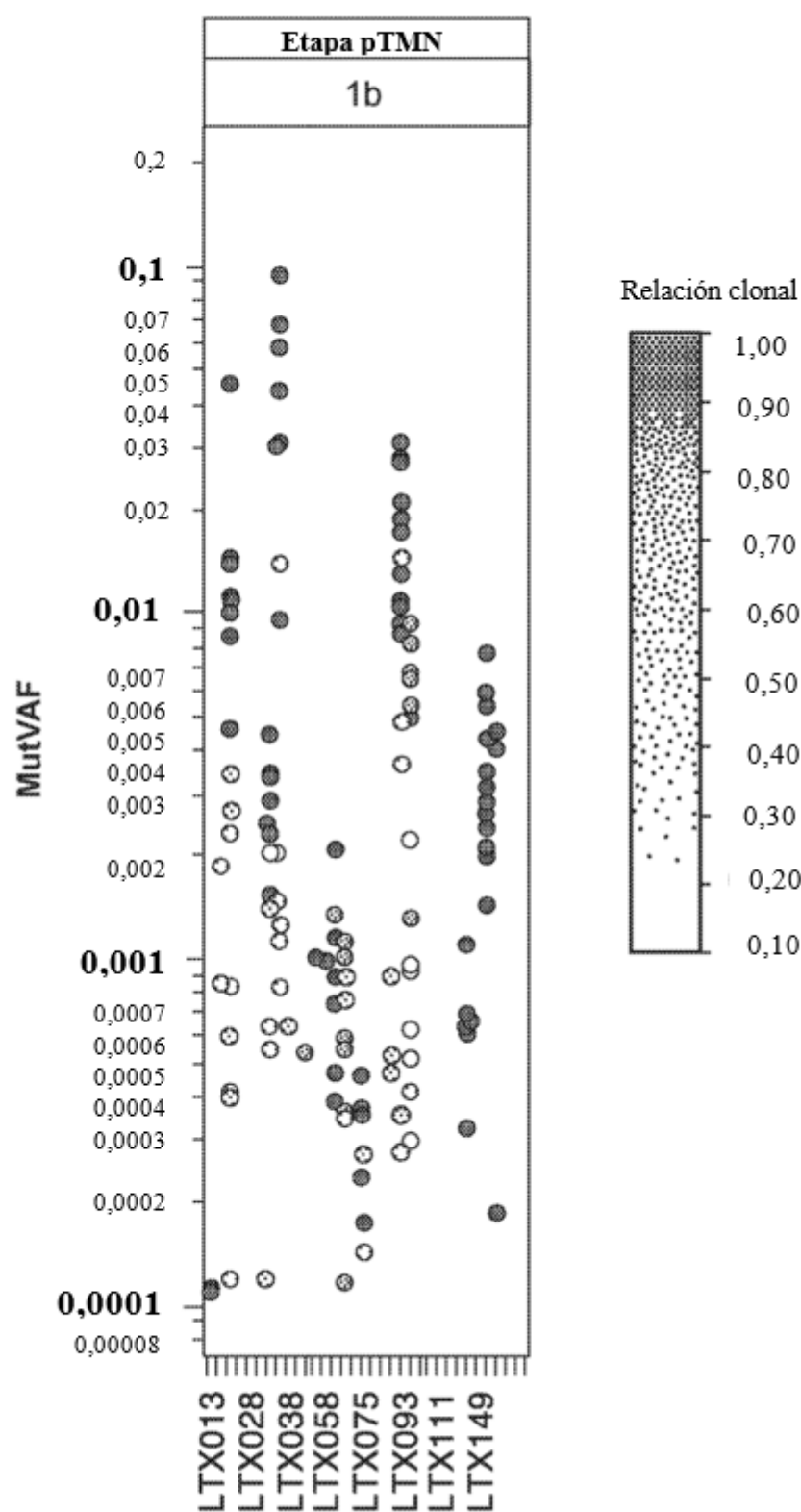


Figura 12 (cont.)

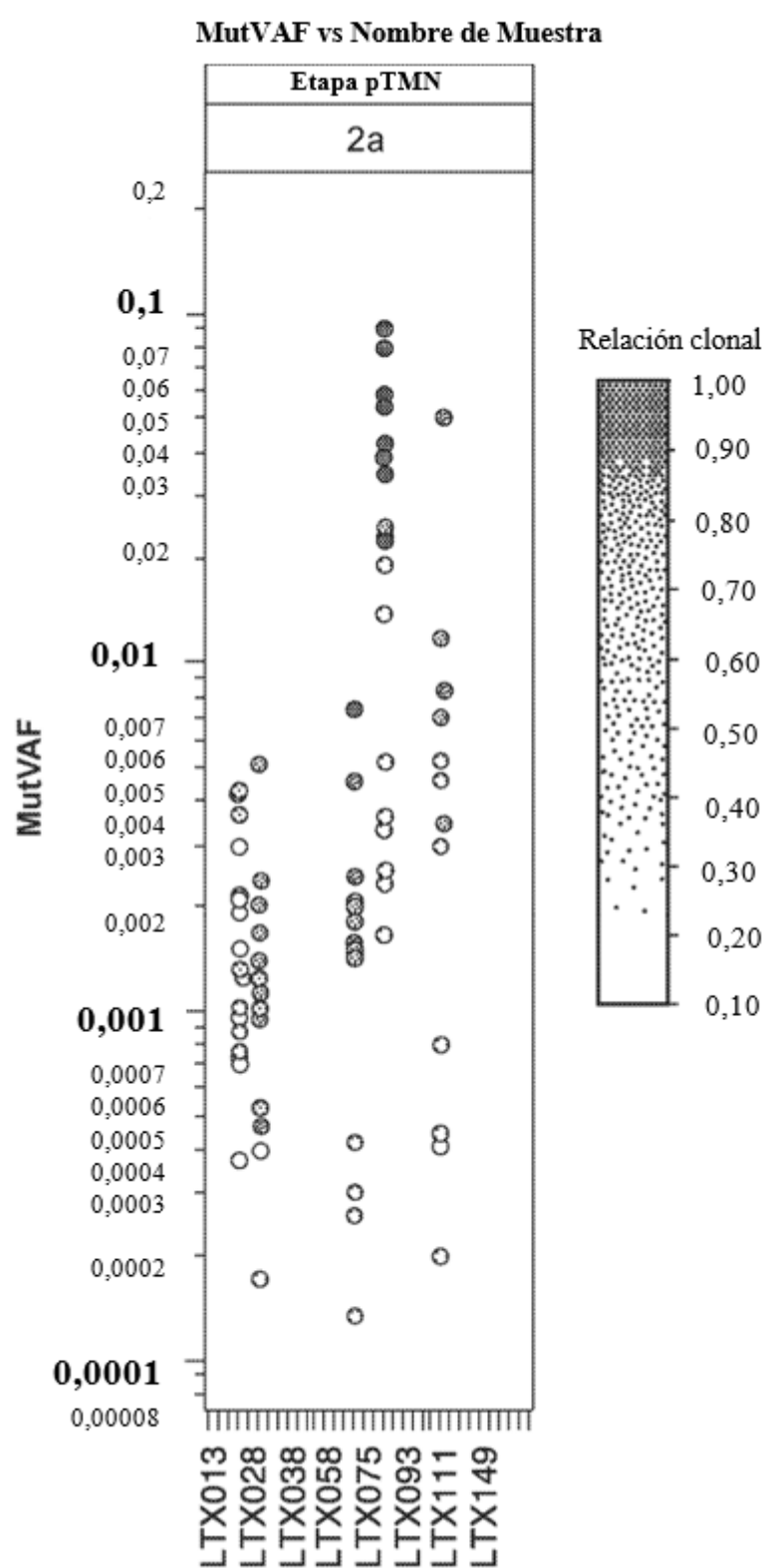


Figura 12 (cont.)

MutVAF vs Nombre de Muestra

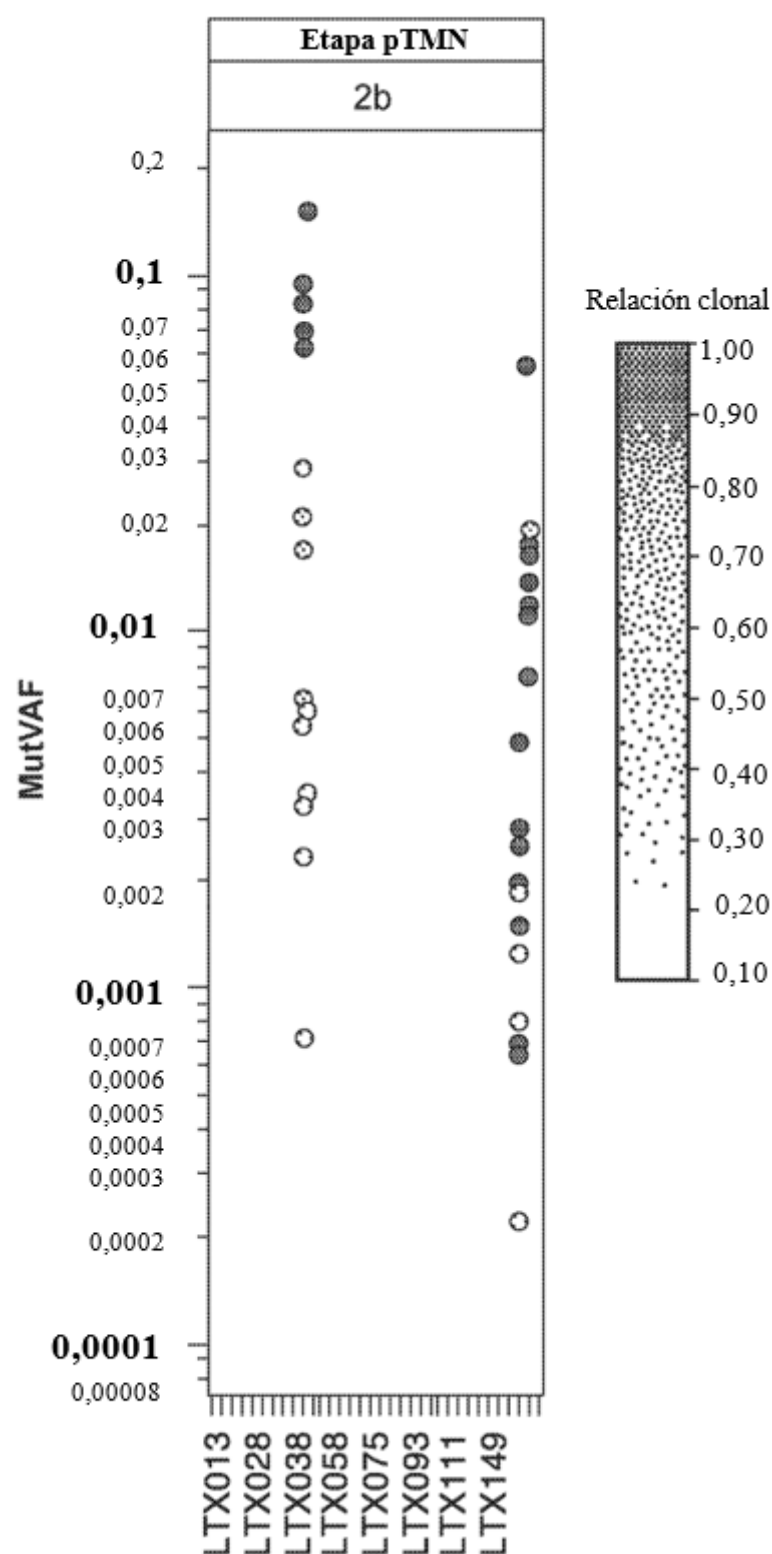


Figura 12 (cont.)

MutVAF vs Nombre de Muestra

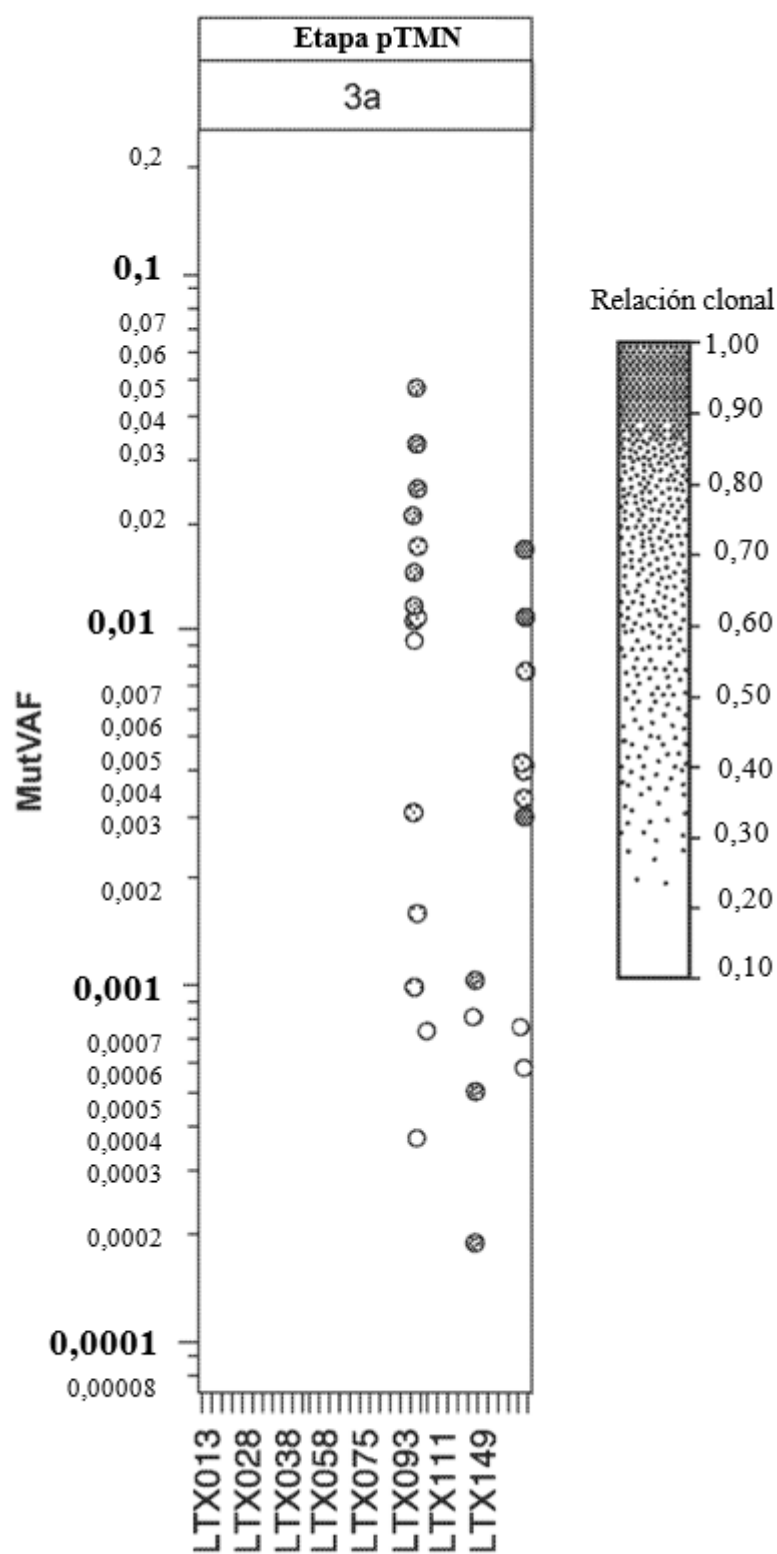


Figura 13

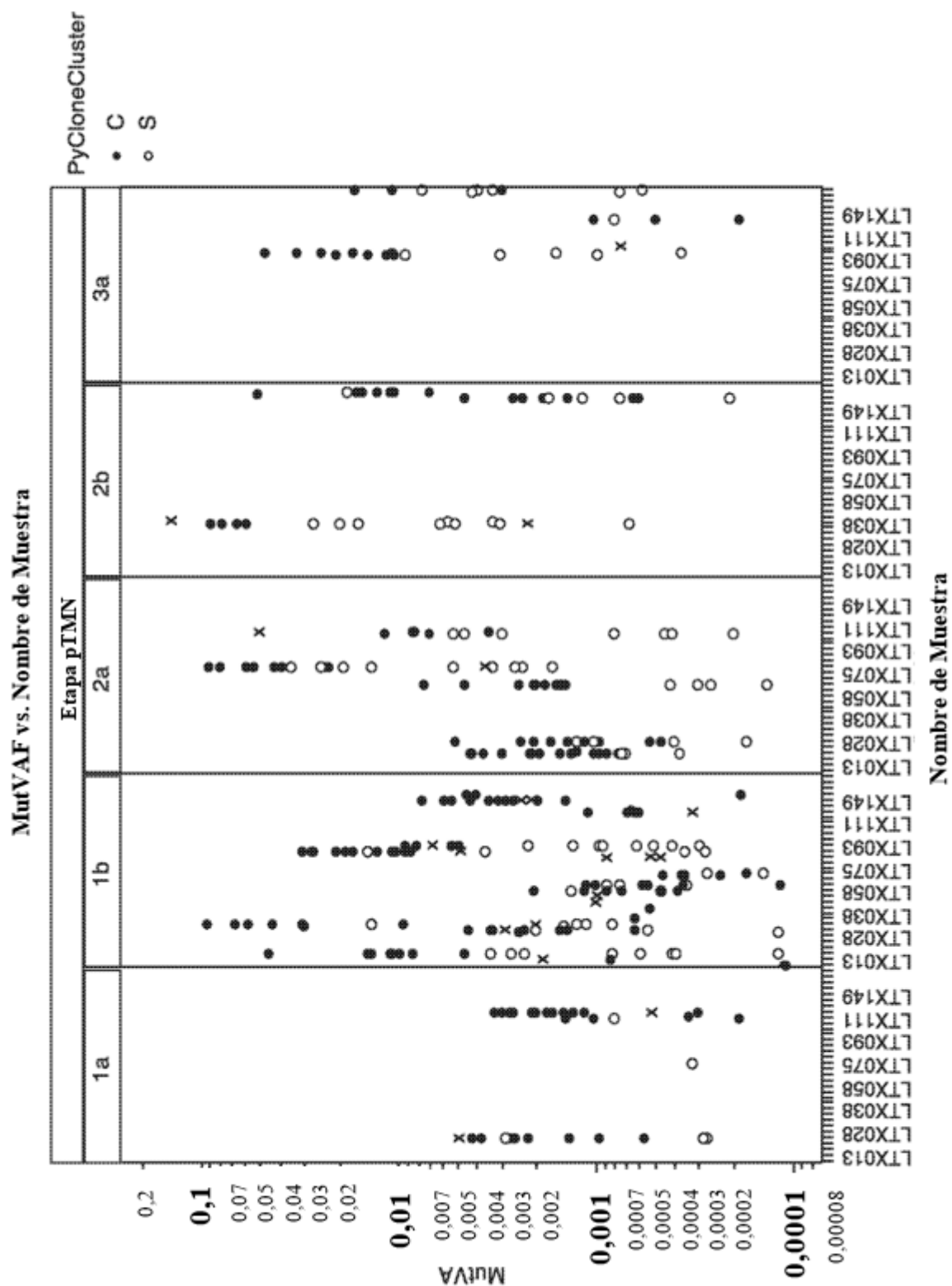
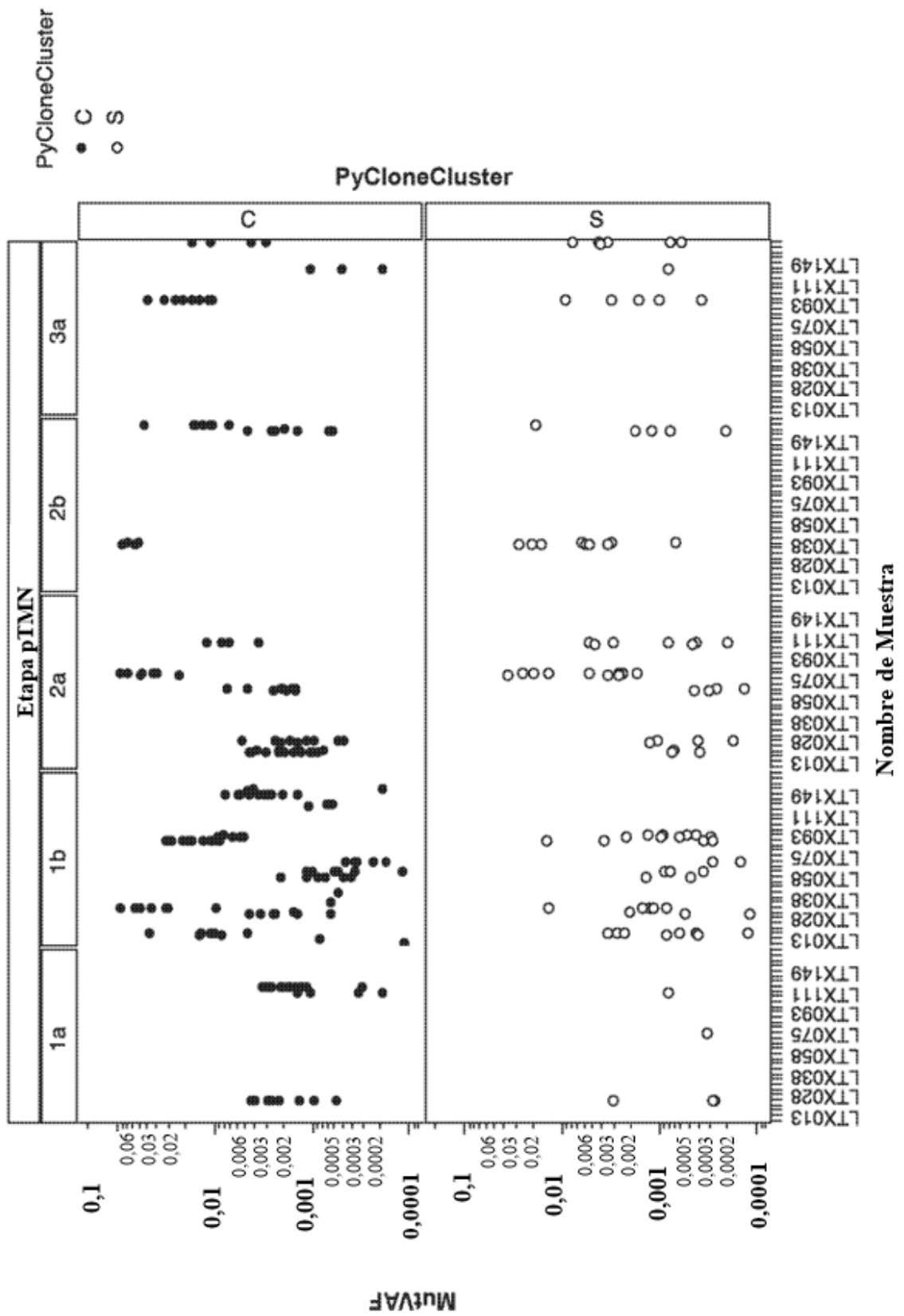


Figura 14

MutVAF vs. Nombre de Muestra



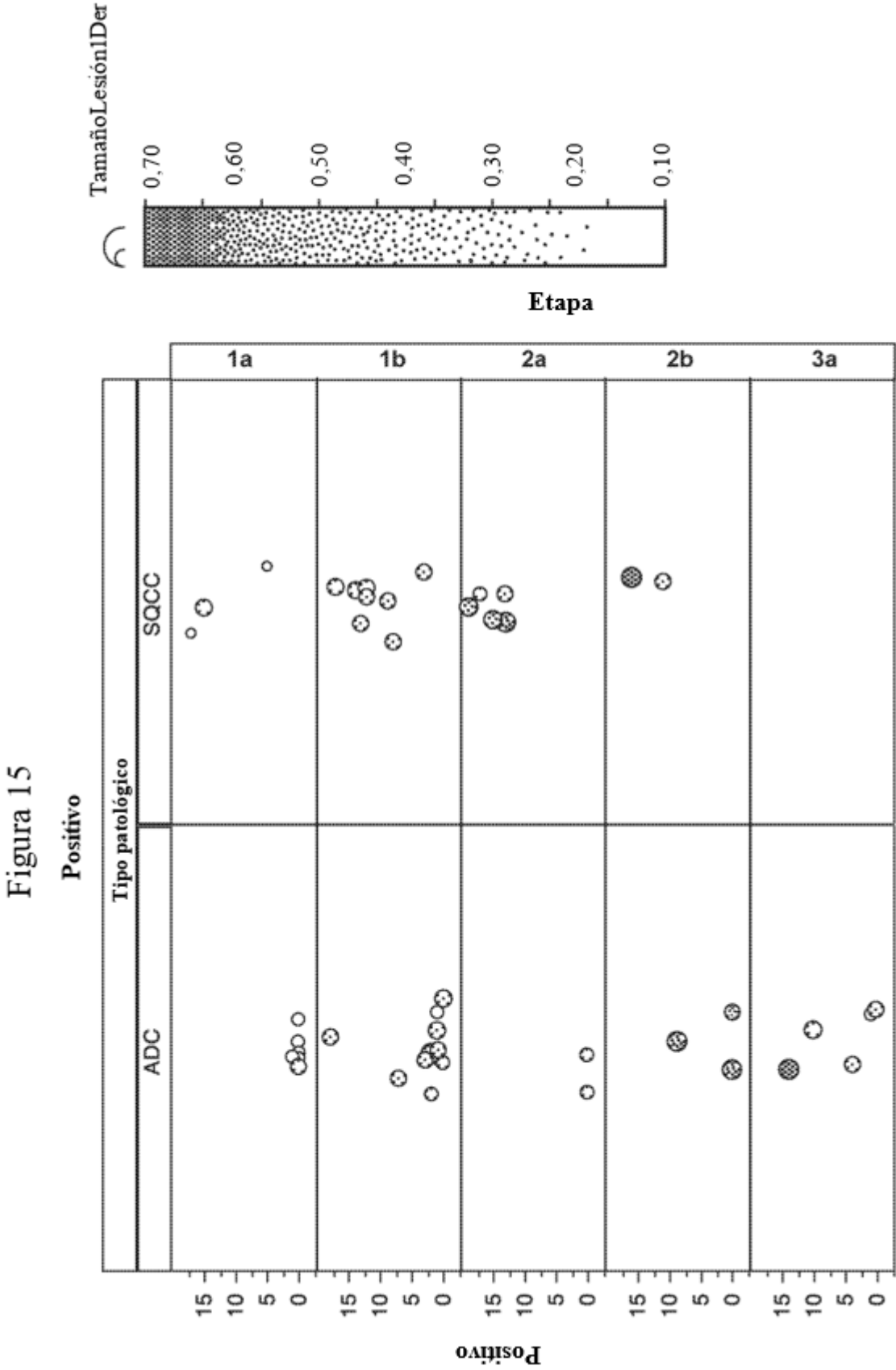


Figura 16

ID Muestra	Concentración ADNcf (ng/uL)	Copias equivalentes de genoma en librería Prep	Perfil Tamaño ADNcf	Hemólisis
U_LTX144	0,09	1,017	3	2
B_LTX135	0,21	2,578	2	0
B_LTX160	0,25	3,021	2	1
M_LTX085	0,27	3,3	2	0
B_LTX065	0,3	3,564	2	0
U_LTX092	0,31	3,689	3	2
M_LTX013	0,32	3,853	2	0
B_LTX163	0,32	3,919	1	0
B_LTX075	0,39	4,733	1	0
M_LTX175	0,41	4,929	1	0
A_LTX055	0,42	5,042	2	0
A_LTX210	0,43	5,167	2	0
A_LTX049	0,45	5,465	2	0
M_LTX073	0,45	5,48	1	0
U_LTX103	0,46	5,611	2	0
A_LTX102	0,48	5,817	1	0
B_LTX165	0,5	6,049	2	0
U_LTX111	0,5	6,068	2	0
U_LTX180	0,52	6,245	2	0
U_LTX058	0,65	7,898	2	1
U_LTX091	0,66	8,03	2	0
U_LTX206	0,68	8,271	2	1
U_LTX036	0,69	8,293	1	0
B_LTX048	0,73	8,8	2	0
U_LTX107	0,73	8,878	2	0

Figura 16 (cont.)

L_LTX062	0,74	8,934	2	0
B_LTX046	0,74	9,015	2	0
L_LTX041	0,82	9,940	1	0
U_LTX076	0,83	10,009	2	0
B_LTX059	0,84	10,201	2	0
M_LTX093	0,87	10,556	2	0
U_LTX097	0,91	10,995	2	0
U_LTX185	1	12,055	2	0
U_LTX022	1,04	12,536	3	1
L_LTX115	1,21	14,602	2	0
B_LTX033	1,25	15,187	1	0
M_LTX025	1,43	17,334	3	1
R_LTX120	1,63	19,693	1	0
B_LTX034	1,85	22,361	2	1
A_LTX021	1,85	22,400	1	0
B_LTX084	1,89	22,889	1	0
M_LTX015	1,91	23,193	1	0
M_LTX032	1,95	23,937	1	2
M_LTX063	2,06	25,007	1	0
M_LTX028	2,35	28,476	1	0
M_LTX074	2,54	30,752	1	0
B_LTX038	3,12	37,767	1	0
M_LTX149	3,89	47,165	2	1
U_LTX126	6,75	50,000	2	1
U_LTX001	7,24	50,000	1	0

Figura 17

Muestra	Total ensayos	Detectado en plasma	Negativo
LTX001	17	2	15
LTX013	15	2	13
LTX015	19	17	2
LTX021	19	0	19
LTX022	20	17	3
LTX025	19	15	4
LTX028	19	13	6
LTX032	17	12	5
LTX033	18	13	5
LTX034	18	0	18
LTX036	19	1	18
LTX038	19	16	3
LTX041	19	1	18
LTX046	18	0	18
LTX048	17	1	16
LTX049	18	1	17
LTX055	21	0	21
LTX058	18	8	10
LTX059	18	9	9
LTX062	18	0	18
LTX063	20	15	5
LTX065	15	0	15
LTX073	22	0	22
LTX074	19	7	12
LTX075	19	1	18
LTX076	20	19	1
LTX084	14	0	14

Figura 17 (cont.)

LTX085	15	3	12
LTX091	18	0	18
LTX092	21	18	3
LTX093	16	14	2
LTX097	18	14	4
LTX102	20	0	20
LTX103	13	1	12
LTX107	19	13	6
LTX111	17	5	12
LTX115	19	0	19
LTX120	18	17	1
LTX126	19	6	13
LTX135	17	4	13
LTX144	19	0	19
LTX149	17	12	5
LTX160	17	3	14
LTX163	19	0	19
LTX165	19	11	8
LTX175	21	9	12
LTX180	17	0	17
LTX185	18	0	18
LTX210	18	10	8

Figura 18

Muestra	Cro.	Posición		Ref	Mut	Ref VAF Plasma	Mut VAF Plasma	Total DOR	Mut DOR
LTX032	6	161530837		T	G	99,691%	0,286%	63656	182
LTX063	1	27102067		T	G	99,802%	0,156%	52495	82
LTX063	10	108378017		T	A	99,839%	0,143%	56002	80
LTX092	2	216252943		G	T	99,484%	0,478%	42289	202
LTX107	3	156272874		A	G	94,884%	5,116%	3968	203
LTX149	14	70633967		G	T	99,754%	0,211%	50808	107
LTX149	1	160136470		T	G	99,418%	0,538%	31966	172

Figura 19

Conteo de ensayo basado en genes

28	TP53	2	PIK3CA	1	ZSCAN4
14	KRAS	2	PIEZO2	1	ZSCAN23
7	NF1	2	ODAM	1	ZP4
6	KEAP1	2	NTRK1	1	ZNF841
5	ARHGAP35	2	NPAP1	1	ZNF831
4	ZNF521	2	NOTCH1	1	ZNF804B
4	TRRAP	2	NIN	1	ZNF582
4	NTRK3	2	MLLT10	1	ZNF552
4	MYH9	2	MED13L	1	ZNF536
4	MYH11	2	LAMB4	1	ZNF513
4	MGA	2	KIAA1549	1	ZNF469
3	WRN	2	KDM5C	1	ZNF318
3	STK11	2	JAK2	1	ZIM2
3	NFE2L2	2	IL21R	1	ZIC4
3	MBD1	2	IKZF1	1	ZG16
3	KMT2D	2	GRM8	1	ZFYVE28
3	FBXW7	2	FBXL7	1	ZFH4
3	FAT1	2	FANCC	1	ZCCHC5
3	DNAH12	2	EZH2	1	YARS
3	DMD	2	ERCC4	1	XRN1
3	COL4A1	2	EGFR	1	XPC
3	CHD8	2	DOCK2	1	XDH
3	ATRX	2	DNM2	1	WT1
3	ATP2B3	2	DMXL1	1	WNT10B
2	ZNF423	2	DLL1	1	WHSC1L1
2	VWC2	2	CTSF	1	WDFY4
2	TPR	2	CREBBP	1	WBP1
2	TENM2	2	COL6A6	1	WAS
2	SPHKAP	2	CNTLN	1	VWA5B2
2	SMARCA4	2	CIART	1	VPS16
2	SEPT12	2	CDKN2C	1	VEPH1
2	RYR3	2	CDH7	1	VCP
2	RYR2	2	CCND1	1	VAT1L
2	ROS1	2	CCDC168	1	UTP20
2	RBM10	2	BIVM-ERCC5	1	USP43
2	RB1	2	ATP13A4	1	USP12
2	RALGDS	2	ATM	1	UGGT2
2	PXDNL	2	ARID2	1	UBR4
2	PTPRZ1	2	ARID1A	1	UBQLN3
2	PROX1	2	ANKLE2	1	U2SURP
2	POLE	2	AFF2	1	U2AF1
2	PML	2	ADD2	1	TXNRD2

Figura 19 (cont.)

Conteo de ensayo basado en genes

1	TUFT1	1	SYK	1	SIDT1
1	TUBGCP6	1	SUSD3	1	SH3TC1
1	TUBGCP4	1	SULT1C3	1	SH3RF1
1	TUBG1	1	STXBP5	1	SH3GL1
1	TTN	1	STOX1	1	SFMBT2
1	TTF2	1	STARD9	1	SETDB1
1	TSHZ2	1	SSR3	1	SETD2
1	TSHR	1	SRSF2	1	SETD1B
1	TSC2	1	SRBD1	1	SETBP1
1	TP63	1	SPTA1	1	SERPINB9
1	TOMM70A	1	SPNS2	1	SERPINB13
1	TOMM7	1	SPIDR	1	SERPINB10
1	TNKS	1	SPDL1	1	SERPINA3
1	TNFRSF14	1	SORT1	1	SEPT9
1	TNFAIP3	1	SORCS1	1	SEMA5A
1	TMEM5	1	SNTG2	1	SEMA3D
1	TMEM132D	1	SNF8	1	SELP
1	TMCC1	1	SMCR8	1	SDK2
1	TMC8	1	SMAD4	1	SCN10A
1	TLN1	1	SLX4	1	SCARF1
1	TIMELESS	1	SLITRK6	1	SCARB1
1	TIAM1	1	SLITRK2	1	SCAF8
1	THSD4	1	SLIT1	1	SATL1
1	TGM6	1	SLCO5A1	1	SARS
1	TG	1	SLCO4C1	1	SAP130
1	TFAP2B	1	SLC8A3	1	RYR1
1	TEX11	1	SLC7A1	1	RTL1
1	TET2	1	SLC6A2	1	RTEL1
1	TET1	1	SLC4A10	1	RPS2
1	TES	1	SLC38A7	1	RPN2
1	TENM4	1	SLC35A2	1	RPE65
1	TCTEX1D1	1	SLC27A4	1	ROBO3
1	TCF3	1	SLC26A8	1	RNFT2
1	TBC1D7	1	SLC23A2	1	RNF185
1	TAOK3	1	SLC22A12	1	RNASET2
1	TAF5	1	SLC10A1	1	RIT1
1	TAF3	1	SLAMF1	1	RHO
1	TAC1	1	SKIDA1	1	RGL1
1	SZT2	1	SIX5	1	RFT1
1	SYTL5	1	SIRT4	1	REST
1	SYTL2	1	SIN3A	1	REG1B
1	SYNE1	1	SIL1	1	REG1A

Figura 19 (cont.)
Conteo de ensayo basado en genes

1	RBM19	1	PNPLA3	1	OR56A3
1	RBM15	1	PMFBP1	1	OR51F2
1	RASA3	1	PLXNA4	1	OR4K1
1	RASA1	1	PLOD1	1	OR2W5
1	RAI1	1	PLG	1	OR2G2
1	RAD9B	1	PLEKHG4B	1	OR2B2
1	RAB11FIP5	1	PLCG2	1	OR2AT4
1	QPRT	1	PLCE1	1	OR2AG2
1	PVRL2	1	PKHD1	1	OR13G1
1	PTPRM	1	PIK3AP1	1	OR11H6
1	PTPRD	1	PICALM	1	OR10Z1
1	PTPRC	1	PI4KA	1	OR10J1
1	PTPN1	1	PHOX2B	1	OMD
1	PTK6	1	PHLDB2	1	OC90
1	PTGFRN	1	PGLYRP2	1	NXPE3
1	PTEN	1	PFKFB3	1	NUP214
1	PSME4	1	PEG3	1	NUP210L
1	PRUNE2	1	PEAR1	1	NT5C2
1	PRRG1	1	PEAK1	1	NSD1
1	PRKCB	1	PDZD3	1	NRXN1
1	PRICKLE3	1	PDP1	1	NRAS
1	PRICKLE2	1	PDGFRB	1	NR2C2
1	PRG4	1	PDGFD	1	NPY5R
1	PRF1	1	PDE4DIP	1	NPRL2
1	PREPL	1	PCLO	1	NPR1
1	PRDM5	1	PCDHGA5	1	NPNT
1	PRDM16	1	PCDHB14	1	NPAS4
1	PRDM1	1	PCDHA4	1	NOTCH3
1	PQBP1	1	PAX7	1	NOL4
1	PPP1R3A	1	PAX5	1	NOA1
1	PPM1B	1	PACSIN3	1	NLRP7
1	PPL	1	PABPC5	1	NLRP5
1	PPAN	1	P2RY13	1	NLN
1	POU2AF1	1	OTOG	1	NKTR
1	POSTN	1	OTOF	1	NINL
1	POPDC3	1	OSBPL1A	1	NFKB2
1	PON1	1	OSBPL10	1	NELFA
1	POMT2	1	OR8K3	1	NEB
1	POLR2B	1	OR8A1	1	NDUFV3
1	POLR2A	1	OR6V1	1	NDUFS1
1	POLQ	1	OR5W2	1	NDUFB1
1	PNPT1	1	OR5A51	1	NCS1

Figura 19 (cont.)
Conteo de ensayo basado en genes

1	NAP1L3	1	MAP3K1	1	KDR
1	NACAD	1	MAGI2	1	KDM5A
1	NACA	1	MAGEC1	1	KCNMB2
1	NAA25	1	MAGEB5	1	KCNH3
1	N4BP2L2	1	MAD1L1	1	JAM3
1	Mar-01	1	LTBP2	1	JAM2
1	MYT1	1	LSMEM2	1	JAK1
1	MYO1H	1	LRTM2	1	ITPR1
1	MYO1E	1	LRRTM3	1	ITGA2
1	MYH4	1	LRRIQ1	1	IRS1
1	MYH1	1	LRRC49	1	IRF3
1	MYCN	1	LRRC27	1	IL4R
1	MUC16	1	LRP2	1	IL2RB
1	MTUS2	1	LRP1B	1	IL17A
1	MTNR1B	1	LRIT3	1	IFNG
1	MTHFD1	1	LPAR4	1	HTT
1	MTA1	1	LPAR3	1	HTR5A
1	MSL2	1	LIMCH1	1	HTR2C
1	MRPL37	1	LGR5	1	HSF5
1	MPPED2	1	LFNG	1	HSD3B7
1	MOGAT3	1	LDLR	1	HOXB5
1	MN1	1	LDHC	1	HMHA1
1	MMD2	1	LAMC1	1	HLC5
1	MLLT6	1	KSR2	1	HIST1H4H
1	MLLT4	1	KRTAP27-1	1	HIST1H3J
1	MLIP	1	KRT78	1	HIST1H3E
1	MLH1	1	KRT1	1	HIBADH
1	MITF	1	KPRP	1	HERPUD1
1	METTL13	1	KMT2A	1	HERC2
1	MET	1	KLK2	1	HECTD4
1	MED1	1	KLHL13	1	HECTD1
1	MDN1	1	KIT	1	HDGFRP2
1	MCM6	1	KIF26B	1	HDAC10
1	MCAT	1	KIF26A	1	HACE1
1	MBNL2	1	KIF13A	1	GTF3C1
1	MBD2	1	KIAA1598	1	GRWD1
1	MATK	1	KIAA1551	1	GRM3
1	MAST4	1	KIAA1109	1	GRIN3A
1	MAPK8IP3	1	KIAA1009	1	GRIA2
1	MAP4K3	1	KIAA0408	1	GREB1
1	MAP4K1	1	KHDRBS2	1	GPRC5C
1	MAP3K4	1	KERA	1	GPRASP1

Figura 19 (cont.)

Conteo de ensayo basado en genes

1	GPR50	1	FAM92B	1	DISC1
1	GPR132	1	FAM83H	1	DIP2A
1	GPR125	1	FAM198A	1	DICER1
1	GPR108	1	F2RL1	1	DIAPH3
1	GPI	1	EYA1	1	DIAPH2
1	GORAB	1	EXT2	1	DHTKD1
1	GNPTAB	1	EXT1	1	DES
1	GNB1	1	ETV6	1	DCTN4
1	GNAS	1	ETV1	1	DCAF12L2
1	GNA14	1	ETNPPL	1	DAGLA
1	GNA11	1	ERMP1	1	CYP2C8
1	GLYR1	1	ERG	1	CXorf56
1	GC	1	ERCC6	1	CTTNBP2
1	GBP5	1	EPHA5	1	CTNND2
1	GBF1	1	EP300	1	CTHRC1
1	GATA2	1	ENOX1	1	CSMD3
1	GAS7	1	EMILIN1	1	CREB3L2
1	GAP43	1	EIF4A2	1	CPXCR1
1	GABRR2	1	EIF3E	1	CPS1
1	GAB4	1	EIF2A	1	CP
1	G2E3	1	EHD1	1	COQ5
1	FUBP1	1	EGFLAM	1	COLEC12
1	FTSJ1	1	EFHC2	1	COL4A6
1	FSIP2	1	EEF2	1	COL1A1
1	FSHR	1	ECE2	1	CNTNAP4
1	FOXS1	1	EBF1	1	CNTN5
1	FOXN2	1	DUSP7	1	CNR1
1	FNDC3B	1	DUSP22	1	CNBD1
1	FN1	1	DSG1	1	CLYBL
1	FMO3	1	DSCAML1	1	CLPB
1	FMN2	1	DPP10	1	CLEC10A
1	FLT3	1	DPEP2	1	CIITA
1	FLII	1	DOPEY1	1	CIAO1
1	FLI1	1	DOK2	1	CHST14
1	FHAD1	1	DOCK4	1	CHRNA1
1	FGFR3	1	DNMT3A	1	CHRD1
1	FGFR1	1	DNAH6	1	CHEK2
1	FGF18	1	DNAH5	1	CHD7
1	FDXR	1	DNAH2	1	CHD5
1	FBXO7	1	DNAH17	1	CEACAM3
1	FBP2	1	DNAH14	1	CEACAM16
1	FAR2	1	DLG5	1	CDYL2

Figura 19 (cont.)

Conteo de ensayo basado en genes

1	CDX2	1	BMS1	1	ADAD1
1	CDS1	1	BHMT2	1	ACTRT2
1	CDK5RAP2	1	BCOR	1	ACTN2
1	CDK2	1	BCL3	1	ACTA2
1	CDK14	1	BCL11B	1	ACSL3
1	CDH24	1	BAP1	1	ACSBG1
1	CDH18	1	B9D1	1	ACBD7
1	CDH11	1	B3GALT2	1	ABL2
1	CDH1	1	B2M	1	ABL1
1	CD4	1	AWAT2	1	ABHD12
1	CD300LB	1	ATXN2	1	ABCC12
1	CD300E	1	ATXN1	1	ABCC11
1	CD163	1	ATP6V1C2	1	ABCB5
1	CCSER1	1	ATP1A4	1	ABCA9
1	CCNB1IP1	1	ATG4A	1	ABCA6
1	CCL7	1	ATG2B	1	AARD
1	CCDC67	1	ATF7IP	1	AADACL4
1	CCDC36	1	ASXL3		
1	CCDC150	1	ASXL1		
1	CCDC116	1	ASB2		
1	CBLB	1	ASAP3		
1	CASS4	1	ARNT		
1	CASP8	1	ARMCX4		
1	CASP2	1	ARL14		
1	CARD10	1	ARHGAP36		
1	CALD1	1	AQP8		
1	CADPS2	1	AQP1		
1	CACTIN	1	AOX1		
1	CACNA1B	1	AMER1		
1	C8B	1	ALMS1		
1	C6orf106	1	AKAP9		
1	C4orf51	1	AKAP8L		
1	C2orf48	1	AFF3		
1	C20orf26	1	ADH4		
1	C1orf64	1	ADCYAP1R1		
1	C1orf116	1	ADCY9		
1	C1QTNF7	1	ADCY2		
1	C17orf85	1	ADAMTS8		
1	BTN1A1	1	ADAMTS18		
1	BRIP1	1	ADAMTS16		
1	BRCA2	1	ADAM8		
1	BPIFB4	1	ADAM12		

Número de fila	ID de muestra	Nombre de muestra	Tipo muestra	Mezcla	Código Barras	SeqId	Proyecto	Numero de muestra	Cro.	Pos	Número de fila	MutConf	Ref	Mut
1	SQ1326_Sample010	LTX180	Cáncer	1	683	2279107	TraceIX	10	17	7578457	1	0,491	C	A
2	SQ1326_Sample010	LTX180	Cáncer	1	683	2279107	TraceIX	10	18	42530965	2	0,416	C	A
3	SQ1326_Sample010	LTX180	Cáncer	1	683	2279107	TraceIX	10	9	5055705	3	0,853	G	T
4	SQ1326_Sample010	LTX180	Cáncer	1	683	2279107	TraceIX	10	23	39923016	4	0,355	C	T
5	SQ1326_Sample010	LTX180	Cáncer	1	683	2279107	TraceIX	10	2	21303728	5	0,465	C	G
6	SQ1326_Sample010	LTX180	Cáncer	1	683	2279107	TraceIX	10	11	117307924	6	0,484	G	C
7	SQ1326_Sample010	LTX180	Cáncer	1	683	2279107	TraceIX	10	10	26934317	7	0,906	A	C
8	SQ1326_Sample010	LTX180	Cáncer	1	683	2279107	TraceIX	10	6	83847081	8	0,755	A	T
9	SQ1326_Sample010	LTX180	Cáncer	1	683	2279107	TraceIX	10	3	14199848	9	0,307	T	C
10	SQ1326_Sample010	LTX180	Cáncer	1	683	2279107	TraceIX	10	11	4843295	10	0,397	G	T
11	SQ1326_Sample010	LTX180	Cáncer	1	683	2279107	TraceIX	10	23	107423820	11	0,816	G	T
12	SQ1326_Sample010	LTX180	Cáncer	1	683	2279107	TraceIX	10	3	31725537	12	0,419	G	C
13	SQ1326_Sample010	LTX180	Cáncer	1	683	2279107	TraceIX	10	12	14570167	13	0,407	G	T
14	SQ1326_Sample010	LTX180	Cáncer	1	683	2279107	TraceIX	10	4	170077668	14	0,393	T	A
15	SQ1326_Sample010	LTX180	Cáncer	1	683	2279107	TraceIX	10	21	39753593	15	0,283	G	T
16	SQ1326_Sample010	LTX180	Cáncer	1	683	2279107	TraceIX	10	1	1737935	16	0,319	C	A
17	SQ1326_Sample010	LTX180	Cáncer	1	683	2279107	TraceIX	10	21	38302632	17	0,933	C	A
18	SQ1326_Sample003	LTX073	Cáncer	1	675	2279100	TraceIX	3	17	7578450	18	0,468	C	A
19	SQ1326_Sample003	LTX073	Cáncer	1	675	2279100	TraceIX	3	17	7578449	19	0,483	C	A
20	SQ1326_Sample003	LTX073	Cáncer	1	675	2279100	TraceIX	3	12	46244139	20	0,059	C	T
21	SQ1326_Sample003	LTX073	Cáncer	1	675	2279100	TraceIX	3	15	74327689	21	0,484	G	T
22	SQ1326_Sample003	LTX073	Cáncer	1	675	2279100	TraceIX	3	19	10597402	22	0,776	G	A
23	SQ1326_Sample003	LTX073	Cáncer	1	675	2279100	TraceIX	3	5	78378719	23	0,435	C	A
24	SQ1326_Sample003	LTX073	Cáncer	1	675	2279100	TraceIX	3	19	1623974	24	0,489	C	G
25	SQ1326_Sample003	LTX073	Cáncer	1	675	2279100	TraceIX	3	11	44228441	25	0,689	C	A
26	SQ1326_Sample003	LTX073	Cáncer	1	675	2279100	TraceIX	3	4	105157924	26	0,300	C	T
27	SQ1326_Sample003	LTX073	Cáncer	1	675	2279100	TraceIX	3	4	71052448	27	0,399	G	T

Figura 20

Número de fila	ID de muestra	Nombre de muestra	Tipo muestra	Mezcla	Código Barras	SeqId	Proyecto	Número de muestra	Cro.	Pus	Número de fila	MuConf	Ref	Mut
28	SQ1326_Sample003	LTX073	Cáncer	1	675	2279100	TraceX	3	12	25398281	28	0,855	C	A
29	SQ1326_Sample003	LTX073	Cáncer	1	675	2279100	TraceX	3	7	138554488	29	0,376	T	C
30	SQ1326_Sample003	LTX073	Cáncer	1	675	2279100	TraceX	3	16	27460080	30	0,478	G	I
31	SQ1326_Sample003	LTX073	Cáncer	1	675	2279100	TraceX	3	11	100061866	31	0,453	C	G
32	SQ1326_Sample003	LTX073	Cáncer	1	675	2279100	TraceX	3	1	214171377	32	0,921	C	A
33	SQ1326_Sample003	LTX073	Cáncer	1	675	2279100	TraceX	3	1	186269250	33	0,395	G	T
34	SQ1326_Sample003	LTX073	Cáncer	1	675	2279100	TraceX	3	7	100839588	34	0,947	A	C
35	SQ1326_Sample003	LTX073	Cáncer	1	675	2279100	TraceX	3	12	120954411	35	0,406	T	G
36	SQ1326_Sample003	LTX073	Cáncer	1	675	2279100	TraceX	3	23	148037179	36	0,471	A	C
37	SQ1326_Sample003	LTX073	Cáncer	1	675	2279100	TraceX	3	12	116452963	37	0,616	T	A
38	SQ1326_Sample003	LTX073	Cáncer	1	675	2279100	TraceX	3	5	65103502	38	0,461	G	C
39	SQ1326_Sample003	LTX073	Cáncer	1	675	2279100	TraceX	3	2	170044574	39	0,912	G	T
40	SQ1326_Sample002	LTX058	Cáncer	1	674	2279099	TraceX	2	16	15932098	40	0,998	C	A
41	SQ1326_Sample002	LTX058	Cáncer	1	674	2279099	TraceX	2	17	7577574	41	1,000	T	G
42	SQ1326_Sample002	LTX058	Cáncer	1	674	2279099	TraceX	2	4	187549863	42	0,794	T	A
43	SQ1326_Sample002	LTX058	Cáncer	1	674	2279099	TraceX	2	9	37002702	43	0,973	C	A
44	SQ1326_Sample002	LTX058	Cáncer	1	674	2279099	TraceX	2	15	88420326	44	1,000	C	A
45	SQ1326_Sample002	LTX058	Cáncer	1	674	2279099	TraceX	2	12	25398285	45	1,000	C	T
46	SQ1326_Sample002	LTX058	Cáncer	1	674	2279099	TraceX	2	23	63410352	46	0,091	C	T
47	SQ1326_Sample002	LTX058	Cáncer	1	674	2279099	TraceX	2	1	160607244	47	1,000	C	A
48	SQ1326_Sample002	LTX058	Cáncer	1	674	2279099	TraceX	2	6	34614534	48	1,000	C	A
49	SQ1326_Sample002	LTX058	Cáncer	1	674	2279099	TraceX	2	5	118456714	49	1,000	G	T
50	SQ1326_Sample002	LTX058	Cáncer	1	674	2279099	TraceX	2	22	50670733	50	0,901	C	A
51	SQ1326_Sample002	LTX058	Cáncer	1	674	2279099	TraceX	2	2	227660463	51	0,777	G	T
52	SQ1326_Sample002	LTX058	Cáncer	1	674	2279099	TraceX	2	10	104156229	52	0,999	G	C
53	SQ1326_Sample002	LTX058	Cáncer	1	674	2279099	TraceX	2	17	6980252	53	0,892	G	C
54	SQ1326_Sample002	LTX058	Cáncer	1	674	2279099	TraceX	2	3	189604317	54	0,303	T	A

Figura 20 (cont.)

Número de fila	ID de muestra	Nombre de muestra	Tipo muestra	Mezcla	Código barras	SeqId	Proyecto	Número de muestra	Cro.	Pos	Número de fila	MutConf	Ref	Mut
55	SQ1326_Sample002	LTX058	Cáncer	1	674	2279099	TracerX	2	7	2564347	55	0,482	G	T
56	SQ1326_Sample002	LTX058	Cáncer	1	674	2279099	TracerX	2	20	25434139	56	0,445	C	A
57	SQ1326_Sample002	LTX058	Cáncer	1	674	2279099	TracerX	2	17	46659614	57	0,486	T	G
58	SQ1326_Sample009	LTX175	Cáncer	1	682	2279106	TracerX	9	17	7577570	58	1,000	C	T
59	SQ1326_Sample003	LTX175	Cáncer	1	682	2279106	TracerX	9	13	28598650	59	1,000	C	A
60	SQ1326_Sample003	LTX175	Cáncer	1	682	2279106	TracerX	9	19	47424497	60	1,000	C	G
61	SQ1326_Sample003	LTX175	Cáncer	1	682	2279106	TracerX	9	19	47424731	61	1,000	C	G
62	SQ1326_Sample003	LTX175	Cáncer	1	602	2279106	TracerX	9	14	20775049	62	0,074	C	T
63	SQ1326_Sample003	LTX175	Cáncer	1	682	2279106	TracerX	9	15	88727481	63	0,331	C	T
64	SQ1326_Sample003	LTX175	Cáncer	1	682	2279106	TracerX	9	9	93636537	64	0,361	T	C
65	SQ1326_Sample003	LTX175	Cáncer	1	602	2279106	TracerX	9	7	154062600	65	1,000	C	G
66	SQ1326_Sample003	LTX175	Cáncer	1	682	2279106	TracerX	9	2	108881772	66	1,000	G	T
67	SQ1326_Sample003	LTX175	Cáncer	1	682	2279106	TracerX	9	7	121652018	67	1,000	A	C
68	SQ1326_Sample003	LTX175	Cáncer	1	682	2279106	TracerX	9	16	77918598	68	1,000	G	T
69	SQ1326_Sample003	LTX175	Cáncer	1	682	2279106	TracerX	9	17	32597315	69	0,458	A	C
70	SQ1326_Sample003	LTX175	Cáncer	1	682	2279106	TracerX	9	4	92520188	70	0,974	C	A
71	SQ1326_Sample003	LTX175	Cáncer	1	682	2279106	TracerX	9	17	67029876	71	1,000	T	G
72	SQ1326_Sample003	LTX175	Cáncer	1	682	2279106	TracerX	9	8	77776619	72	1,000	A	C
73	SQ1326_Sample003	LTX175	Cáncer	1	682	2279106	TracerX	9	2	54147457	73	0,870	G	T
74	SQ1326_Sample003	LTX175	Cáncer	1	682	2279106	TracerX	9	12	53070879	74	0,475	C	G
75	SQ1326_Sample003	LTX175	Cáncer	1	682	2279106	TracerX	9	12	109865278	75	0,498	A	C
76	SQ1326_Sample003	LTX175	Cáncer	1	682	2279106	TracerX	9	17	72610163	76	1,000	G	T
77	SQ1326_Sample003	LTX175	Cáncer	1	682	2279106	TracerX	9	5	9190458	77	0,491	G	T
78	SQ1326_Sample003	LTX175	Cáncer	1	682	2279106	TracerX	9	2	44556189	78	0,390	T	G
79	SQ1326_Sample011	LTX185	Cáncer	1	684	2279108	TracerX	11	21	36259261	79	NaN	C	G
80	SQ1326_Sample011	LTX185	Cáncer	1	684	2279108	TracerX	11	17	7519317	80	0,211	G	A
81	SQ1326_Sample011	LTX185	Cáncer	1	684	2279108	TracerX	11	19	10610481	81	0,488	A	C

Figura 2U (cont.)

Número de fila	ID de muestra	Nombre de muestra	Tipo muestra	Mezcla	Código Barras	SeqId	Proyecto	Número de muestra	Cro.	Pos	Número de fila	MutConf	Ref	Mut
82	SQ1326_Sample011	LTX185	Cáncer	1	684	2279108	TracerX	11	1	110882959	82	0,442	C	T
83	SQ1326_Sample011	LTX185	Cáncer	1	684	2279108	TracerX	11	1	2494684	83	0,776	C	T
84	SQ1326_Sample011	LTX185	Cáncer	1	684	2279108	TracerX	11	5	56178457	84	0,071	G	A
85	SQ1326_Sample011	LTX185	Cáncer	1	684	2279108	TracerX	11	23	53239695	85	0,340	C	T
86	SQ1326_Sample011	LTX185	Cáncer	1	684	2279108	TracerX	11	16	01968086	86	0,738	C	T
87	SQ1326_Sample011	LTX185	Cáncer	1	684	2279108	TracerX	11	9	97873900	87	0,873	C	G
88	SQ1326_Sample011	LTX185	Cáncer	1	684	2279108	TracerX	11	16	27556751	88	0,431	C	A
89	SQ1326_Sample011	LTX185	Cáncer	1	684	2279108	TracerX	11	6	00053702	89	0,975	C	A
90	SQ1326_Sample011	LTX185	Cáncer	1	684	2279108	TracerX	11	17	67082851	90	0,314	A	T
91	SQ1326_Sample011	LTX185	Cáncer	1	684	2279108	TracerX	11	11	11905739	91	0,430	G	C
92	SQ1326_Sample011	LTX185	Cáncer	1	684	2279108	TracerX	11	11	118343868	92	0,969	C	G
93	SQ1326_Sample011	LTX185	Cáncer	1	684	2279108	TracerX	11	2	48602421	93	0,434	G	C
94	SQ1326_Sample011	LTX185	Cáncer	1	684	2279108	TracerX	11	16	85141463	94	0,773	G	T
95	SQ1326_Sample011	LTX185	Cáncer	1	684	2279108	TracerX	11	1	245849542	95	0,423	C	A
96	SQ1326_Sample011	LTX185	Cáncer	1	684	2279108	TracerX	11	4	2339145	96	0,457	C	G
97	SQ1326_Sample011	LTX185	Cáncer	1	684	2279108	TracerX	11	23	118678418	97	0,757	C	G
98	SQ1326_Sample008	LTX163	Cáncer	1	681	2279105	TracerX	8	17	7577099	98	0,224	C	T
99	SQ1326_Sample008	LTX163	Cáncer	1	681	2279105	TracerX	8	15	42019435	99	0,612	T	C
100	SQ1326_Sample008	LTX163	Cáncer	1	681	7779105	TracerX	8	8	31014903	100	0,465	G	A
101	SQ1326_Sample008	LTX163	Cáncer	1	681	2279105	TracerX	8	16	4829736	101	0,444	C	G
102	SQ1326_Sample008	LTX163	Cáncer	1	681	2279105	TracerX	8	22	28196336	102	0,493	C	A
103	SQ1326_Sample008	LTX163	Cáncer	1	681	2279105	TracerX	8	15	41961225	103	0,374	C	T
104	SQ1326_Sample008	LTX163	Cáncer	1	681	2279105	TracerX	8	16	68772312	104	NaN	G	C
105	SQ1326_Sample008	LTX163	Cáncer	1	681	2279105	TracerX	8	1	150802432	105	0,255	G	A
106	SQ1326_Sample008	LTX163	Cáncer	1	681	7279105	TracerX	8	1	51439886	106	0,749	G	A
107	SQ1326_Sample008	LTX163	Cáncer	1	681	2279105	TracerX	8	17	9850237	107	0,338	C	T
108	SQ1326_Sample008	LTX163	Cáncer	1	681	2279105	TracerX	8	19	47410656	108	0,577	G	T

Figura 20 (cont.)

Número de fila	ID de muestra	Nombre de muestra	Tipo muestra	Mezcla	Código Barras	SeqId	Proyecto	Número de muestra	Cro.	Pos	Número de fila	MutConfi	Ref	Mut
109	SQ1326_Sample008	LTX163	Cáncer	1	681	2279105	TracerX	8	17	74732533	109	NaN	G	A
110	SQ1326_Sample008	LTX163	Cáncer	1	681	2279105	TracerX	8	17	29483077	110	0,924	C	C
111	SQ1326_Sample008	LTX163	Cáncer	1	681	2279105	TracerX	8	3	15084467	111	0,418	G	T
112	SQ1326_Sample008	LTX163	Cáncer	1	681	2279105	TracerX	8	19	50162959	112	0,486	G	C
113	SQ1326_Sample008	LTX163	Cáncer	1	681	2279105	TracerX	8	7	22862311	113	0,473	G	C
114	SQ1326_Sample008	LTX163	Cáncer	1	681	2279105	TracerX	8	6	53989658	114	0,871	G	C
115	SQ1326_Sample008	LTX163	Cáncer	1	681	2279105	TracerX	8	9	97325660	115	0,461	G	C
116	SQ1326_Sample008	LTX163	Cáncer	1	681	2279105	TracerX	8	5	169144389	116	0,881	T	G
117	SQ1326_Sample004	LTX111	Cáncer	1	676	2279101	TracerX	4	12	25380254	117	0,416	C	G
118	SQ1326_Sample004	LTX111	Cáncer	1	676	2279101	TracerX	4	17	7577100	118	0,976	T	C
119	SQ1326_Sample004	LTX111	Cáncer	1	676	2279101	TracerX	4	2	178098810	119	1,000	C	G
120	SQ1326_Sample004	LTX111	Cáncer	1	676	2279101	TracerX	4	11	5529966	120	0,94	C	A
121	SQ1326_Sample004	LTX111	Cáncer	1	676	2279101	TracerX	4	1	169566365	121	1,000	A	C
122	SQ1326_Sample004	LTX111	Cáncer	1	676	2279101	TracerX	4	11	130289177	122	0,995	A	C
123	SQ1326_Sample004	LTX111	Cáncer	1	676	2279101	TracerX	4	2	179650690	123	1,000	C	A
124	SQ1326_Sample004	LTX111	Cáncer	1	676	2279101	TracerX	4	23	107393302	124	0,499	G	T
125	SQ1326_Sample004	LTX111	Cáncer	1	676	2279101	TracerX	4	17	53241845	125	0,466	G	C
126	SQ1326_Sample004	LTX111	Cáncer	1	676	2279101	TracerX	4	9	130550571	126	NaN	G	C
127	SQ1326_Sample004	LTX111	Cáncer	1	676	2279101	TracerX	4	6	52052591	127	0,299	C	A
128	SQ1326_Sample004	LTX111	Cáncer	1	676	2279101	TracerX	4	19	9088996	128	0,439	G	C
129	SQ1326_Sample004	LTX111	Cáncer	1	676	2279101	TracerX	4	5	150029516	129	NaN	C	G
130	SQ1326_Sample004	LTX111	Cáncer	1	676	2279101	TracerX	4	6	105233172	130	0,603	G	A
131	SQ1326_Sample004	LTX111	Cáncer	1	676	2279101	TracerX	4	14	20404706	131	0,409	T	A
132	SQ1326_Sample004	LTX111	Cáncer	1	676	2279101	TracerX	4	3	150281319	132	0,856	G	C
133	SQ1326_Sample004	LTX111	Cáncer	1	676	2279101	TracerX	4	19	48949644	133	0,390	G	A
134	SQ1326_Sample004	LTX111	Cáncer	1	676	2279101	TracerX	4	11	55681303	134	0,483	C	A
135	SQ1326_Sample004	LTX111	Cáncer	1	676	2279101	TracerX	4	8	21766938	135	0,480	C	G

Figura 20 (cont)

Número de fila	ID de muestra	Nombre de muestra	Tipo muestra	Mezcla	Código Barras	Seqid	Proyecto	Número de muestra	Cro.	Pos	Número de fila	MutConf	Ref	Mut
136	SQ1326_Sample001	LTX032	Cáncer	1	673	2279098	TraceIX	1	17	59875567	136	1,000	C	A
137	SQ1326_Sample001	LTX032	Cáncer	1	673	2279098	TraceIX	1	17	7578528	137	1,000	A	C
138	SQ1326_Sample001	LTX032	Cáncer	1	673	2279098	TraceIX	1	8	30989960	138	1,000	G	C
139	SQ1326_Sample001	LTX032	Cáncer	1	673	2279098	TraceIX	1	1	51439769	139	0,944	A	G
140	SQ1326_Sample001	LTX032	Cáncer	1	673	2279098	TraceIX	1	6	161530838	140	1,000	G	I
141	SQ1326_Sample001	LTX032	Cáncer	1	673	2279098	TraceIX	1	9	140865874	141	1,000	C	G
142	SQ1326_Sample001	LTX032	Cáncer	1	673	2279098	TraceIX	1	20	20269532	142	1,000	G	T
143	SQ1326_Sample001	LTX032	Cáncer	1	673	2279098	TraceIX	1	11	61490377	143	1,000	G	T
144	SQ1326_Sample001	LTX032	Cáncer	1	673	2279098	TraceIX	1	3	50387387	144	0,969	C	A
145	SQ1326_Sample001	LTX032	Cáncer	1	673	2279098	TraceIX	1	1	170513981	145	0,903	C	G
146	SQ1326_Sample001	LTX032	Cáncer	1	673	2279098	TraceIX	1	9	8331595	146	1,000	A	T
147	SQ1326_Sample001	LTX032	Cáncer	1	673	2279098	TraceIX	1	5	5303830	147	0,992	G	I
148	SQ1326_Sample001	LTX032	Cáncer	1	673	2279098	TraceIX	1	7	155530332	148	NaN	G	I
149	SQ1326_Sample001	LTX032	Cáncer	1	673	2279098	TraceIX	1	7	86415632	149	0,989	G	C
150	SQ1326_Sample001	LTX032	Cáncer	1	673	2279098	TraceIX	1	12	117100100	150	0,060	C	A
151	SQ1326_Sample001	LTX032	Cáncer	1	673	2279098	TraceIX	1	20	57423470	151	0,988	C	T
152	SQ1326_Sample001	LTX032	Cáncer	1	673	2279098	TraceIX	1	4	57865825	152	1,000	C	G
153	SQ1326_Sample001	LTX032	Cáncer	1	673	2279098	TraceIX	1	6	26285720	153	0,964	C	G
154	SQ1326_Sample005	LTX126	Cáncer	1	677	2279102	TraceIX	5	3	178952085	154	1,000	A	G
155	SQ1326_Sample005	LTX126	Cáncer	1	677	2279102	TraceIX	5	8	38274849	155	0,833	G	I
156	SQ1326_Sample005	LTX126	Cáncer	1	677	2279102	TraceIX	5	12	68549195	156	0,972	C	T
157	SQ1326_Sample005	LTX126	Cáncer	1	677	2279102	TraceIX	5	15	59528785	157	1,000	T	A
158	SQ1326_Sample005	LTX126	Cáncer	1	677	2279102	TraceIX	5	22	17400051	158	0,995	C	A
159	SQ1326_Sample005	LTX126	Cáncer	1	677	2279102	TraceIX	5	23	69898677	159	0,997	T	A
160	SQ1326_Sample005	LTX126	Cáncer	1	677	2279102	TraceIX	5	12	133030956	160	0,999	G	T
161	SQ1326_Sample005	LTX126	Cáncer	1	677	2279102	TraceIX	5	22	37531447	161	0,903	G	A
162	SQ1326_Sample005	LTX126	Cáncer	1	677	2279102	TraceIX	5	23	31222095	162	0,882	G	A

Figura 20 (cont.)

Número de fila	ID de muestra	Nombre de muestra	Tipo muestra	Mezcla	Código Barras	SeqId	Proyecto	Número de muestra	Cro.	Pos	Número de fila	MutConf	Ref	Mut
163	SQ1326_Sample005	LTX126	Carcar	1	677	2279102	TracerX	5	23	101910673	163	0,724	C	I
164	SQ1326_Sample005	LTX126	Carcar	1	677	2279102	TracerX	5	16	49671888	164	0,721	C	T
165	SQ1326_Sample005	LTX126	Carcar	1	677	2279102	TracerX	5	12	85450615	165	0,36	G	A
166	SQ1326_Sample005	LTX126	Carcar	1	677	2279102	TracerX	5	10	21804258	166	0,683	C	T
167	SQ1326_Sample005	LTX126	Carcar	1	677	2279102	TracerX	5	1	15332578	167	0,708	G	A
168	SQ1326_Sample005	LTX126	Carcar	1	677	2279102	TracerX	5	10	98764454	168	0,300	A	G
169	SQ1326_Sample005	LTX126	Carcar	1	677	2279102	TracerX	5	21	44324122	169	NaN	C	C
170	SQ1326_Sample005	LTX126	Carcar	1	677	2279102	TracerX	5	5	169138975	170	0,464	C	G
171	SQ1326_Sample005	LTX126	Carcar	1	677	2279102	TracerX	5	16	24135236	171	0,340	C	A
172	SQ1326_Sample005	LTX126	Carcar	1	677	2279102	TracerX	5	7	121955604	172	0,885	C	T
173	SQ1326_Sample012	LTX210	Carcar	1	685	2279109	TracerX	12	19	1207033	173	1,000	A	T
174	SQ1326_Sample012	LTX210	Carcar	1	685	2279109	TracerX	12	9	139409757	174	0,396	C	T
175	SQ1326_Sample012	LTX210	Carcar	1	685	2279109	TracerX	12	13	98043699	175	1,000	G	I
176	SQ1326_Sample012	LTX210	Carcar	1	685	2279109	TracerX	1	4	164449973	176	1,000	G	I
177	SQ1326_Sample012	LTX210	Carcar	1	685	2279109	TracerX	12	10	135084385	177	1,000	C	A
178	SQ1326_Sample012	LTX210	Carcar	1	685	2279109	TracerX	12	23	92927241	178	0,491	T	G
179	SQ1326_Sample012	LTX210	Carcar	1	685	2279109	TracerX	12	13	85369947	179	1,000	A	T
180	SQ1326_Sample012	LTX210	Carcar	1	685	2279109	TracerX	12	7	45124878	180	0,999	C	G
181	SQ1326_Sample012	LTX210	Carcar	1	685	2279109	TracerX	12	23	147733580	181	0,476	A	C
182	SQ1326_Sample012	LTX210	Carcar	1	685	2279109	TracerX	12	19	57325219	182	0,275	T	A
183	SQ1326_Sample012	LTX210	Carcar	1	685	2279109	TracerX	12	1	158617494	183	0,481	T	G
184	SQ1326_Sample012	LTX210	Carcar	1	685	2279109	TracerX	12	1	89732158	184	0,834	G	T
185	SQ1326_Sample012	LTX210	Carcar	1	685	2279109	TracerX	12	23	26236064	185	0,318	A	T
186	SQ1326_Sample012	LTX210	Carcar	1	685	2279109	TracerX	12	4	15444043	186	0,940	C	A
187	SQ1326_Sample012	LTX210	Carcar	1	685	2279109	TracerX	12	14	64924932	187	1,000	A	T
188	SQ1326_Sample012	LTX210	Carcar	1	685	2279109	TracerX	12	2	186556711	188	1,000	A	I
189	SQ1326_Sample012	LTX210	Carcar	1	685	2279109	TracerX	12	6	28403341	189	1,000	T	G

Figura 20 (cont.)

Número de fila	ID de muestra	Nombre de muestra	Tipo muestra	Mozcla	Código Barras	Seqc	Proyecto	Número de muestra	Cro.	Pos	Número de fila	MutConf	Rcf	Mut
190	SQ1310_Sample012	LTX210	Cáncer	1	685	2279109	TracerIX	12	7	84694809	190	1,000	G	C
191	SQ1310_Sample012	LTX210	Cáncer	1	685	2279109	TracerIX	12	6	10796281	191	NaN	C	G
192	SQ1310_Sample007	LTX093	Cáncer	2	394	2321999	TracerIX	7	17	7578419	192	NaN	C	A
193	SQ1310_Sample007	LTX093	Cáncer	2	394	2321999	TracerIX	7	19	30936574	193	1,000	C	C
194	SQ1310_Sample007	LTX093	Cáncer	2	394	2321999	TracerIX	7	1	240256602	194	1,000	C	G
195	SQ1310_Sample007	LTX093	Cáncer	2	394	2321999	TracerIX	7	19	42301524	195	1,000	C	A
196	SQ1310_Sample007	LTX093	Cáncer	2	394	2321999	TracerIX	7	9	80144088	196	1,000	T	G
197	SQ1310_Sample007	LTX093	Cáncer	2	394	2321999	TracerIX	7	23	77913358	197	1,000	G	T
198	SQ1310_Sample007	LTX093	Cáncer	2	394	2321999	TracerIX	7	2	207003321	198	1,000	A	C
199	SQ1310_Sample007	LTX093	Cáncer	2	394	2321999	TracerIX	7	11	64111487	199	NaN	C	A
200	SQ1310_Sample007	LTX093	Cáncer	2	394	2321999	TracerIX	7	1	117527379	200	0,991	C	A
201	SQ1310_Sample007	LTX093	Cáncer	2	394	2321999	TracerIX	7	7	142150239	201	0,995	G	A
202	SQ1310_Sample007	LTX093	Cáncer	2	394	2321999	TracerIX	7	19	15281250	202	0,869	C	A
203	SQ1310_Sample007	LTX093	Cáncer	2	394	2321999	TracerIX	7	11	124748000	203	0,995	C	A
204	SQ1310_Sample007	LTX093	Cáncer	2	394	2321999	TracerIX	7	17	40765025	204	1,000	T	A
205	SQ1310_Sample007	LTX093	Cáncer	2	394	2321999	TracerIX	7	4	100057700	205	0,410	C	G
206	SQ1310_Sample007	LTX093	Cáncer	2	394	2321999	TracerIX	7	3	113321899	206	1,000	G	T
207	SQ1310_Sample007	LTX093	Cáncer	2	394	2321999	TracerIX	7	16	77387648	207	1,000	G	C
208	SQ1310_Sample007	LTX093	Cáncer	2	394	2321999	TracerIX	7	6	35911801	208	1,000	G	C
209	SQ1310_Sample007	LTX093	Cáncer	2	394	2321999	TracerIX	7	5	13701004	209	1,000	T	G
210	SQ1310_Sample001	LTX001	Cáncer	2	385	2321991	TracerIX	1	11	108122671	210	0,921	T	C
211	SQ1310_Sample001	LTX001	Cáncer	2	385	2321991	TracerIX	1	18	47806296	211	0,467	T	A
212	SQ1310_Sample001	LTX001	Cáncer	7	385	2371991	TracerIX	1	17	75398784	212	0,975	C	A
213	SQ1310_Sample001	LTX001	Cáncer	2	385	2321991	TracerIX	1	16	56976054	213	0,737	G	T
214	SQ1310_Sample001	LTX001	Cáncer	2	385	2321991	TracerIX	1	15	42052629	214	0,387	C	T
215	SQ1310_Sample001	LTX001	Cáncer	2	385	2321991	TracerIX	1	3	43095052	215	0,983	C	C
216	SQ1310_Sample001	LTX001	Cáncer	2	385	2321991	TracerIX	1	6	43322883	216	0,988	C	G

Figura 210 (cont.)

Número de fila	ID de muestra	Nombre de muestra	Tipo muestra	Mezcla	Código Barras	SeqId	Proyecto	Número de muestra	Cro	Pos	Número de fila	MutConf	Ref	Mut
217	SQ1310_Sample001	LTX001	Cáncer	2	385	2321991	TracerX	1	17	72436822	217	0,943	G	T
218	SQ1310_Sample001	LTX001	Cáncer	2	385	2321991	TracerX	1	12	118293344	218	0,428	C	A
219	SQ1310_Sample001	LTX001	Cáncer	2	385	2321991	TracerX	1	3	42672772	219	0,410	G	C
220	SQ1310_Sample001	LTX001	Cáncer	2	385	2321991	TracerX	1	19	46269066	220	NaN	G	C
221	SQ1310_Sample001	LTX001	Cáncer	2	385	2321991	TracerX	1	1	141922008	221	0,387	G	C
222	SQ1310_Sample001	LTX001	Cáncer	2	385	2321991	TracerX	1	3	151046539	222	0,916	G	C
223	SQ1310_Sample001	LTX001	Cáncer	2	385	2321991	TracerX	1	2	96933576	223	0,460	G	C
224	SQ1310_Sample001	LTX001	Cáncer	2	385	2321991	TracerX	1	2	55920855	224	0,373	A	T
225	SQ1310_Sample001	LTX001	Cáncer	2	385	2321991	TracerX	1	12	133306622	225	0,497	C	C
226	SQ1310_Sample001	LTX001	Cáncer	2	385	2321991	TracerX	1	1	23763111	226	0,475	C	A
227	SQ1310_Sample009	LTX115	Cáncer	2	396	2322001	TracerX	9	12	25398784	227	0,479	C	G
228	SQ1310_Sample009	LTX115	Cáncer	2	396	2322001	TracerX	9	16	2131629	228	0,290	C	A
229	SQ1310_Sample009	LTX115	Cáncer	2	396	2322001	TracerX	9	21	44524456	229	0,682	G	A
230	SQ1310_Sample009	LTX115	Cáncer	2	396	2322001	TracerX	9	7	98553923	230	0,783	A	T
231	SQ1310_Sample009	LTX115	Cáncer	2	396	2322001	TracerX	9	4	153245506	231	0,798	G	C
232	SQ1310_Sample009	LTX115	Cáncer	2	396	2322001	TracerX	9	17	29654855	232	0,316	A	T
233	SQ1310_Sample009	LTX115	Cáncer	2	396	2322001	TracerX	9	3	130300717	233	0,361	C	A
234	SQ1310_Sample009	LTX115	Cáncer	2	396	2322001	TracerX	9	12	64178784	234	0,743	A	T
235	SQ1310_Sample009	LTX115	Cáncer	2	396	2322001	TracerX	9	19	50326109	235	0,497	C	A
236	SQ1310_Sample009	LTX115	Cáncer	2	396	2322001	TracerX	9	1	12726481	236	0,315	A	T
237	SQ1310_Sample009	LTX115	Cáncer	2	396	2322001	TracerX	9	23	48337045	237	0,459	G	T
238	SQ1310_Sample009	LTX115	Cáncer	2	396	2322001	TracerX	9	2	74687176	238	0,473	C	A
239	SQ1310_Sample009	LTX115	Cáncer	2	396	2322001	TracerX	9	11	66333530	239	0,683	C	T
240	SQ1310_Sample009	LTX115	Cáncer	2	396	2322001	TracerX	9	11	66333529	240	0,360	C	T
241	SQ1310_Sample009	LTX115	Cáncer	2	396	2322001	TracerX	9	4	158262528	241	0,681	C	T
242	SQ1310_Sample009	LTX115	Cáncer	2	396	2322001	TracerX	9	10	90703560	242	0,786	C	A
243	SQ1310_Sample009	LTX115	Cáncer	2	396	2322001	TracerX	9	10	98408473	243	0,492	G	I

Figura 20 (cont.)

Número de fila	ID de muestra	Nombre de muestra	Tipo muestra	Mezcla	Código Barras	Soql	Proyecto	Número de muestra	Cro.	Pos	Número de fila	MutConf	Rcf	Mut
244	SQ1310_Sample009	LTX115	Cáncer	2	396	2322001	TraceX	9	16	76389396	244	0,363	G	T
245	SQ1310_Sample009	LTX115	Cáncer	2	396	2322001	TraceX	9	1	57415347	245	0,827	C	G
246	SQ1310_Sample004	LTX062	Cáncer	2	388	2321994	TraceX	4	12	25398285	246	0,291	C	A
247	SQ1310_Sample004	LTX062	Cáncer	2	388	2321994	TraceX	4	2	25467082	247	0,426	C	T
248	SQ1310_Sample004	LTX062	Cáncer	2	388	2321994	TraceX	4	4	41748254	248	NaN	G	A
249	SQ1310_Sample004	LTX062	Cáncer	2	388	2321994	TraceX	4	14	93264047	249	NaN	C	T
250	SQ1310_Sample004	LTX062	Cáncer	2	388	2321994	TraceX	4	1	151534599	250	0,342	G	I
251	SQ1310_Sample004	LTX062	Cáncer	2	388	2321994	TraceX	4	13	27649347	251	0,762	C	G
252	SQ1310_Sample004	LTX062	Cáncer	2	388	2321994	TraceX	4	7	30962189	252	NaN	C	G
253	SQ1310_Sample004	LTX062	Cáncer	2	388	2321994	TraceX	4	12	57114850	253	0,879	G	C
254	SQ1310_Sample004	LTX062	Cáncer	2	388	2321994	TraceX	4	3	157081234	254	0,486	T	A
255	SQ1310_Sample004	LTX062	Cáncer	2	388	2321994	TraceX	4	15	33872331	255	0,446	C	G
256	SQ1310_Sample004	LTX062	Cáncer	2	388	2321994	TraceX	4	14	95080872	256	0,412	G	T
257	SQ1310_Sample004	LTX062	Cáncer	2	388	2321994	TraceX	4	4	123336585	257	0,399	G	T
258	SQ1310_Sample004	LTX062	Cáncer	2	300	2321994	TraceX	4	2	100623339	258	0,430	C	G
259	SQ1310_Sample004	LTX062	Cáncer	2	388	2321994	TraceX	4	7	90613523	259	0,380	A	T
260	SQ1310_Sample004	LTX062	Cáncer	2	300	2321994	TraceX	4	5	15937153	260	0,465	G	T
261	SQ1310_Sample004	LTX062	Cáncer	2	388	2321994	TraceX	4	5	11082937	261	0,358	C	A
262	SQ1310_Sample004	LTX062	Cáncer	2	388	2321994	TraceX	4	5	167645554	262	0,358	C	A
263	SQ1310_Sample004	LTX062	Cáncer	2	388	2321994	TraceX	4	5	118469290	263	0,725	G	T
264	SQ1310_Sample004	LTX062	Cáncer	2	388	2321994	TraceX	4	22	44322935	264	0,383	C	A
265	SQ1310_Sample004	LTX062	Cáncer	2	388	2321994	TraceX	4	21	32638512	265	0,499	A	C
266	SQ1310_Sample006	LTX092	Cáncer	2	393	2321998	TraceX	6	19	10597426	266	1,000	C	A
267	SQ1310_Sample006	LTX092	Cáncer	2	393	2321998	TraceX	6	17	7577547	267	1,000	C	A
268	SQ1310_Sample006	LTX092	Cáncer	2	393	2321998	TraceX	6	1	156838370	268	1,000	G	T
269	SQ1310_Sample006	LTX092	Cáncer	2	393	2321998	TraceX	6	1	156838371	269	1,000	G	T
270	SQ1310_Sample006	LTX092	Cáncer	2	393	2321998	TraceX	6	7	116397109	270	1,000	T	A

Figura 20 (cont.)

Número de fila	ID de muestra	Nombre de muestra	Tipo muestra	Mezcla	Código Barras	SeqId	Proyecto	Número de muestra	Cro.	Pos	Número de fila	MutConf	Ref	Mut
271	SQ1310_Sample006	LTX092	Cáncer	2	393	2321990	TracerX	6	16	15841950	271	1,000	G	A
272	SQ1310_Sample006	LTX092	Cáncer	2	393	2321998	TracerX	6	10	72358092	272	1,000	G	T
273	SQ1310_Sample006	LTX092	Cáncer	2	393	2321998	TracerX	6	17	29701147	273	0,926	C	T
274	SQ1310_Sample006	LTX092	Cáncer	2	393	2321998	TracerX	6	2	202151263	274	0,328	G	T
275	SQ1310_Sample006	LTX092	Cáncer	2	393	2321998	TracerX	6	17	48266784	275	0,993	G	C
276	SQ1310_Sample006	LTX092	Cáncer	2	393	2321998	TracerX	6	18	22806392	276	0,960	C	A
277	SQ1310_Sample006	LTX092	Cáncer	2	393	2321998	TracerX	6	17	36873205	277	1,000	T	G
278	SQ1310_Sample006	LTX092	Cáncer	2	393	2321998	TracerX	6	19	58190005	278	1,000	C	T
279	SQ1310_Sample006	LTX092	Cáncer	2	393	2321998	TracerX	6	14	11145131	279	1,000	C	A
280	SQ1310_Sample006	LTX092	Cáncer	2	393	2321998	TracerX	6	1	247752158	280	1,000	C	A
281	SQ1310_Sample006	LTX092	Cáncer	2	393	2321998	TracerX	6	8	114186036	281	1,000	G	T
282	SQ1310_Sample006	LTX092	Cáncer	2	393	2321998	TracerX	6	1	85279719	282	1,000	A	T
283	SQ1310_Sample006	LTX092	Cáncer	2	393	2321990	TracerX	6	2	216252944	283	1,000	G	T
284	SQ1310_Sample006	LTX092	Cáncer	2	393	2321998	TracerX	6	3	111632181	284	0,991	G	T
285	SQ1310_Sample006	LTX092	Cáncer	2	393	2321998	TracerX	6	14	99641378	285	1,000	T	A
286	SQ1310_Sample006	LTX092	Cáncer	2	393	2321998	TracerX	6	2	191583282	286	1,000	G	C
287	SQ1310_Sample008	LTX107	Cáncer	2	395	2322000	TracerX	8	6	158363207	287	0,949	G	A
288	SQ1310_Sample008	LTX107	Cáncer	2	395	2322000	TracerX	8	19	10906762	288	1,000	G	A
289	SQ1310_Sample008	LTX107	Cáncer	2	395	2322000	TracerX	8	3	105389088	289	0,993	G	A
290	SQ1310_Sample008	LTX107	Cáncer	2	395	2322000	TracerX	8	7	88965145	290	1,000	C	C
291	SQ1310_Sample008	LTX107	Cáncer	2	395	2322000	TracerX	8	18	31324126	291	1,000	C	A
292	SQ1310_Sample008	LTX107	Cáncer	2	395	2322000	TracerX	8	19	55441944	292	1,000	A	T
293	SQ1310_Sample008	LTX107	Cáncer	2	395	2322000	TracerX	8	3	156272875	293	1,000	C	A
294	SQ1310_Sample008	LTX107	Cáncer	2	395	2322000	TracerX	8	7	82595317	294	1,000	C	A
295	SQ1310_Sample008	LTX107	Cáncer	2	395	2322000	TracerX	8	5	76128834	295	1,000	T	G
296	SQ1310_Sample008	LTX107	Cáncer	2	395	2322000	TracerX	8	7	111422930	296	1,000	A	C
297	SQ1310_Sample008	LTX107	Cáncer	2	395	2322000	TracerX	8	2	49210252	297	1,000	G	T

Figura 20 (cont.)

Número de fila	ID de muestra	Nombre de muestra	Tipo muestra	Mezcla	Código Barras	SeqId	Proyecto	Número de muestra	Cro.	Pos	Número de fila	MutConf	Ref	Mut
298	SQ1310_Sample008	LTX107	Cáncer	2	395	2322000	TracerX	8	15	78463865	298	1,000	G	C
299	SQ1310_Sample008	LTX107	Cáncer	2	395	2322000	TracerX	8	8	133045358	299	0,999	G	T
300	SQ1310_Sample008	LTX107	Cáncer	2	395	2322000	TracerX	8	11	124440051	300	0,999	C	A
301	SQ1310_Sample008	LTX107	Cáncer	2	395	2322000	TracerX	8	8	61750713	301	0,223	G	T
302	SQ1310_Sample008	LTX107	Cáncer	2	395	2322000	TracerX	8	23	140996113	302	0,459	G	T
303	SQ1310_Sample008	LTX107	Cáncer	2	395	2322000	TracerX	8	19	15585421	303	0,428	G	T
304	SQ1310_Sample008	LTX107	Cáncer	2	395	2322000	TracerX	8	7	20689746	304	0,817	G	C
305	SQ1310_Sample008	LTX107	Cáncer	2	395	2322000	TracerX	8	23	32381072	305	0,946	A	C
306	SQ1310_Sample005	LTX085	Cáncer	2	389	2321995	TracerX	5	4	55561909	306	0,999	A	G
307	SQ1310_Sample005	LTX085	Cáncer	2	389	2321995	TracerX	5	12	102155369	307	0,430	C	G
308	SQ1310_Sample005	LTX085	Cáncer	2	389	2321995	TracerX	5	1	186294922	308	0,854	T	C
309	SQ1310_Sample005	LTX085	Cáncer	2	389	2321995	TracerX	5	7	148544318	309	0,761	G	A
310	SQ1310_Sample005	LTX085	Cáncer	2	389	2321995	TracerX	5	2	70919577	310	0,477	G	C
311	SQ1310_Sample005	LTX085	Cáncer	2	389	2321995	TracerX	5	12	6923449	311	0,806	A	G
312	SQ1310_Sample005	LTX085	Cáncer	2	389	2321995	TracerX	5	7	107704397	312	0,756	T	C
313	SQ1310_Sample005	LTX085	Cáncer	2	389	2321995	TracerX	5	2	31598323	313	0,720	A	G
314	SQ1310_Sample005	LTX085	Cáncer	2	389	2321995	TracerX	5	3	193132437	314	0,401	C	A
315	SQ1310_Sample005	LTX085	Cáncer	2	389	2321995	TracerX	5	23	48762531	315	0,404	A	G
316	SQ1310_Sample005	LTX085	Cáncer	2	389	2321995	TracerX	5	1	159409031	316	1,000	A	C
317	SQ1310_Sample005	LTX085	Cáncer	2	389	2321995	TracerX	5	16	25232800	317	0,392	G	A
318	SQ1310_Sample005	LTX085	Cáncer	2	389	2321995	TracerX	5	18	63526274	318	0,991	C	T
319	SQ1310_Sample005	LTX085	Cáncer	2	389	2321995	TracerX	5	1	67243012	319	0,730	A	G
320	SQ1310_Sample005	LTX085	Cáncer	2	389	2321995	TracerX	5	20	49195748	320	0,835	T	C
321	SQ1310_Sample003	LTX028	Cáncer	2	387	2321993	TracerX	3	15	11000781	321	1,000	C	A
322	SQ1310_Sample003	LTX028	Cáncer	2	387	2321993	TracerX	3	18	22804610	322	1,000	C	G
323	SQ1310_Sample003	LTX028	Cáncer	2	387	2321993	TracerX	3	16	27454789	323	1,000	C	A
324	SQ1310_Sample003	LTX028	Cáncer	2	387	2321993	TracerX	3	6	117638319	324	1,000	G	A

Figura 20 (cont.)

Número de fila	ID de muestra	Nombre de muestra	Tipo muestra	Mezcla	Código Barras	SeqId	Proyecto	Número de muestra	Cro.	Pos	Número de fila	MutConf	Ref	Mut
325	SQ1310_Sample003	LTX028	Cáncer	2	387	2321993	TracerX	3	10	22016857	325	0,999	G	T
326	SQ1310_Sample003	LTX028	Cáncer	2	387	2321993	TracerX	3	10	21823709	326	0,983	G	T
327	SQ1310_Sample003	LTX028	Cáncer	2	387	2321993	TracerX	3	19	39942485	327	1,000	A	C
328	SQ1310_Sample003	LTX028	Cáncer	2	387	2321993	TracerX	3	16	55705930	328	0,999	C	G
329	SQ1310_Sample003	LTX028	Cáncer	2	387	2321993	TracerX	3	19	55896362	329	1,000	T	A
330	SQ1310_Sample003	LTX028	Cáncer	2	387	2321993	TracerX	3	1	238053905	330	1,000	C	G
331	SQ1310_Sample003	LTX028	Cáncer	2	387	2321993	TracerX	3	18	21957404	331	0,392	C	A
332	SQ1310_Sample003	LTX028	Cáncer	2	387	2321993	TracerX	3	1	153658292	332	0,798	A	T
333	SQ1310_Sample003	LTX028	Cáncer	2	387	2321993	TracerX	3	10	12139797	333	0,430	C	G
334	SQ1310_Sample003	LTX028	Cáncer	2	387	2321993	TracerX	3	11	5969433	334	1,000	T	G
335	SQ1310_Sample003	LTX028	Cáncer	2	387	2321993	TracerX	3	18	10696430	335	1,000	A	T
336	SQ1310_Sample003	LTX028	Cáncer	2	387	2321993	TracerX	3	6	170592441	336	0,997	G	T
337	SQ1310_Sample003	LTX028	Cáncer	2	387	2321993	TracerX	3	1	237817673	337	0,805	A	T
338	SQ1310_Sample003	LTX028	Cáncer	2	387	2321993	TracerX	3	1	43904447	338	NaN	A	C
339	SQ1310_Sample003	LTX028	Cáncer	2	387	2321993	TracerX	3	6	27879586	339	0,860	C	C
340	SQ1310_Sample002	LTX025	Cáncer	2	386	2321992	TracerX	2	22	23095912	340	1,000	C	A
341	SQ1310_Sample002	LTX025	Cáncer	2	386	2321992	TracerX	2	23	152807895	341	1,000	T	A
342	SQ1310_Sample002	LTX025	Cáncer	2	386	2321992	TracerX	2	19	3113467	342	1,000	C	G
343	SQ1310_Sample002	LTX025	Cáncer	2	386	2321992	TracerX	2	16	3786795	343	1,000	C	A
344	SQ1310_Sample002	LTX025	Cáncer	2	386	2321992	TracerX	2	3	57448502	344	1,000	G	C
345	SQ1310_Sample002	LTX025	Cáncer	2	386	2321992	TracerX	2	7	91691562	345	1,000	C	I
346	SQ1310_Sample002	LTX025	Cáncer	2	386	2321992	TracerX	2	19	4362364	346	0,972	G	A
347	SQ1310_Sample002	LTX025	Cáncer	2	386	2321992	TracerX	2	13	29600029	347	1,000	G	C
348	SQ1310_Sample002	LTX025	Cáncer	2	386	2321992	TracerX	2	12	122261145	348	1,000	G	T
349	SQ1310_Sample002	LTX025	Cáncer	2	386	2321992	TracerX	2	15	24922479	349	0,995	G	A
350	SQ1310_Sample002	LTX025	Cáncer	2	386	2321992	TracerX	2	9	79322437	350	1,000	C	A
351	SQ1310_Sample002	LTX025	Cáncer	2	386	2321992	TracerX	2	2	10894174	351	1,000	C	A

Figura 20 (cont.)

Número de fila	ID de muestra	Nombre de muestra	Tipo muestra	Mezcla	Código Barras	SeqId	Proyecto	Número de muestra	Cro.	Pos	Número de fila	MutCorf	Ref	Mut
352	SQ1310_Sample002	LTX025	Cáncer	2	386	2321992	TracerX	2	11	56085828	352	1,000	G	T
353	SQ1310_Sample002	LTX025	Cáncer	2	386	2321992	TracerX	2	12	19405886	353	0,465	G	C
354	SQ1310_Sample002	LTX025	Cáncer	2	386	2321992	TracerX	2	6	170552096	354	0,841	C	G
355	SQ1310_Sample002	LTX025	Cáncer	2	386	2321992	TracerX	2	5	140603250	355	0,475	A	C
356	SQ1310_Sample002	LTX025	Cáncer	2	386	2321992	TracerX	2	4	1991518	356	0,996	C	A
357	SQ1310_Sample002	LTX025	Cáncer	2	306	2321992	TracerX	2	2	70905902	357	0,990	C	G
358	SQ1310_Sample002	LTX025	Cáncer	2	386	2321992	TracerX	2	11	93088652	358	0,887	C	T
359	SQ1310_Sample010	LTX120	Cáncer	2	397	2322002	TracerX	10	17	7578527	359	1,000	A	G
360	SQ1310_Sample010	LTX120	Cáncer	2	397	2322002	TracerX	10	7	137557807	360	1,000	C	G
361	SQ1310_Sample010	LTX120	Cáncer	2	397	2322002	TracerX	10	10	8006756	361	0,999	G	T
362	SQ1310_Sample010	LTX120	Cáncer	2	397	2322002	TracerX	10	7	27582682	362	1,000	C	A
363	SQ1310_Sample010	LTX120	Cáncer	2	397	2322002	TracerX	10	10	96798759	363	1,000	G	I
364	SQ1310_Sample010	LTX120	Cáncer	2	397	2322002	TracerX	10	13	43986184	364	0,998	C	T
365	SQ1310_Sample010	LTX120	Cáncer	2	397	2322002	TracerX	10	18	346453	365	1,000	G	T
366	SQ1310_Sample010	LTX120	Cáncer	2	397	2322002	TracerX	10	20	30432471	366	0,999	G	T
367	SQ1310_Sample010	LTX120	Cáncer	2	397	2322002	TracerX	10	1	182953071	367	0,977	G	A
368	SQ1310_Sample010	LTX120	Cáncer	2	397	2322002	TracerX	10	3	49294386	368	1,000	C	G
369	SQ1310_Sample010	LTX120	Cáncer	2	397	2322002	TracerX	10	3	50324123	369	1,000	A	T
370	SQ1310_Sample010	LTX120	Cáncer	2	397	2322002	TracerX	10	1	6206306	370	1,000	C	G
371	SQ1310_Sample010	LTX120	Cáncer	2	397	2322002	TracerX	10	9	5798962	371	1,000	C	T
372	SQ1310_Sample010	LTX120	Cáncer	2	397	2322002	TracerX	10	20	62323174	372	0,965	G	A
373	SQ1310_Sample010	LTX120	Cáncer	2	397	2322002	TracerX	10	3	38768524	373	0,984	G	I
374	SQ1310_Sample010	LTX120	Cáncer	2	397	2322002	TracerX	10	2	141359067	374	0,921	A	G
375	SQ1310_Sample010	LTX120	Cáncer	2	397	2322002	TracerX	10	2	211521351	375	1,000	G	T
376	SQ1310_Sample010	LTX120	Cáncer	2	397	2322002	TracerX	10	9	131107700	376	1,000	G	A
377	SQ1328_Sample002	LTX041	Cáncer	3	706	2279159	TracerX	2	23	152830557	377	0,490	C	G
378	SQ1328_Sample002	LTX041	Cáncer	3	706	2279159	TracerX	2	12	25398285	378	0,337	C	A

Figura 20 (cont)

Número de fila	ID de muestra	Nombre de muestra	Tipo muestra	Mezcla	Código Barras	Seqc	Proyecto	Número de muestra	Cro	Pos	Númerc de fila	MutConf	Ref	Mut
379	SQ1328_Sample002	LTX041	Cáncer	3	706	2279159	TracerX	2	4	153245455	379	0,382	C	A
380	SQ1328_Sample002	LTX041	Cáncer	3	706	2279159	TracerX	2	17	7579378	380	0,888	G	T
381	SQ1328_Sample002	LTX041	Cáncer	3	706	2279159	TracerX	2	13	103520588	381	0,775	G	T
382	SQ1328_Sample002	LTX041	Cáncer	3	706	2279159	TracerX	2	16	15844020	382	0,720	C	T
383	SQ1328_Sample002	LTX041	Cáncer	3	706	2279159	TracerX	2	10	104857113	383	0,926	G	C
384	SQ1328_Sample002	LTX041	Cáncer	3	706	2279159	TracerX	2	11	85733463	384	0,450	C	G
385	SQ1328_Sample002	LTX041	Cáncer	3	706	2279159	TracerX	2	23	90691588	385	0,789	G	T
386	SQ1328_Sample002	LTX041	Cáncer	3	706	2279159	TracerX	2	12	7636270	386	0,426	G	T
387	SQ1328_Sample002	LTX041	Cáncer	3	706	2279159	TracerX	2	2	79348040	387	0,416	C	A
388	SQ1328_Sample002	LTX041	Cáncer	3	706	2279159	TracerX	2	16	63023965	388	1,000	C	A
389	SQ1328_Sample002	LTX041	Cáncer	3	706	2279159	TracerX	2	13	110804825	389	0,416	C	A
390	SQ1328_Sample002	LTX041	Cáncer	3	706	2279159	TracerX	2	14	105920600	390	0,025	G	T
391	SQ1328_Sample002	LTX041	Cáncer	3	706	2279159	TracerX	2	1	174761246	391	0,909	G	T
392	SQ1328_Sample002	LTX041	Cáncer	3	706	2279159	TracerX	2	1	150259318	392	0,458	G	C
393	SQ1328_Sample002	LTX041	Cáncer	3	706	2279159	TracerX	2	6	62390879	393	0,290	C	A
394	SQ1328_Sample002	LTX041	Cáncer	3	706	2279159	TracerX	2	16	4896197	394	0,852	C	A
395	SQ1328_Sample002	LTX041	Cáncer	3	706	2279159	TracerX	2	13	110804826	395	0,421	C	A
396	SQ1328_Sample008	LTX097	Cáncer	3	715	2279165	TracerX	8	17	7577580	396	1,000	T	C
397	SQ1328_Sample008	LTX097	Cáncer	3	715	2279165	TracerX	8	1	115256529	397	1,000	I	C
398	SQ1328_Sample008	LTX097	Cáncer	3	715	2279165	TracerX	8	2	178098966	398	1,000	C	T
399	SQ1328_Sample008	LTX097	Cáncer	3	715	2279165	TracerX	8	7	98609727	399	1,000	G	A
400	SQ1328_Sample008	LTX097	Cáncer	3	715	2279165	TracerX	8	15	42059002	400	1,000	G	C
401	SQ1328_Sample008	LTX097	Cáncer	3	715	2279165	TracerX	8	5	65460021	401	1,000	G	A
402	SQ1328_Sample008	LTX097	Cáncer	3	715	2279165	TracerX	8	1	2939112	402	1,000	G	C
403	SQ1328_Sample008	LTX097	Cáncer	3	715	2279165	TracerX	8	2	136815556	403	1,000	C	T
404	SQ1328_Sample038	LTX097	Cáncer	3	715	2279165	TracerX	8	19	1083272	404	1,000	C	T
405	SQ1328_Sample008	LTX097	Cáncer	3	715	2279165	TracerX	8	7	75932205	405	NaN	C	A

Figura 20 (cont.)

Número de fila	ID de muestra	Nombre de muestra	Tipo muestra	Mezcla	Código Barras	SeqId	Proyecto	Número de muestra	Cro.	Pos	Número de fila	MutConf	Ref	Mut
406	SQ1328_Sample008	LTX097	Cáncer	3	715	2279165	TracerX	8	19	3978139	406	0,375	G	A
407	SQ1328_Sample008	LTX097	Cáncer	3	715	2279165	TracerX	8	19	39087699	407	0,751	G	A
408	SQ1328_Sample008	LTX097	Cáncer	3	715	2279165	TracerX	8	16	72184618	408	NaN	C	G
409	SQ1328_Sample008	LTX097	Cáncer	3	715	2279165	TracerX	8	22	37903864	409	1,000	A	C
410	SQ1328_Sample008	LTX097	Cáncer	3	715	2279165	TracerX	8	7	121612669	410	1,000	A	C
411	SQ1328_Sample008	LTX097	Cáncer	3	715	2279165	TracerX	8	22	36722683	411	0,982	G	A
412	SQ1328_Sample008	LTX097	Cáncer	3	715	2279165	TracerX	8	17	10398519	412	1,000	G	A
413	SQ1328_Sample008	LTX097	Cáncer	3	715	2279165	TracerX	8	11	134018480	413	1,000	G	A
414	SQ1328_Sample008	LTX097	Cáncer	3	715	2279165	TracerX	8	5	52386370	414	0,749	T	C
415	SQ1328_Sample005	LTX055	Cáncer	3	709	2279162	TracerX	5	12	25390205	415	0,393	C	A
416	SQ1328_Sample005	LTX055	Cáncer	3	709	2279162	TracerX	5	17	29483017	416	0,484	G	T
417	SQ1328_Sample005	LTX055	Cáncer	3	709	2279162	TracerX	5	4	41749461	417	0,490	C	G
418	SQ1328_Sample005	LTX055	Cáncer	3	709	2279162	TracerX	5	19	51360137	418	0,300	C	A
419	SQ1328_Sample005	LTX055	Cáncer	3	709	2279162	TracerX	5	1	79430779	419	0,407	C	A
420	SQ1328_Sample005	LTX055	Cáncer	3	709	2279162	TracerX	5	12	25398284	420	0,483	C	A
421	SQ1328_Sample005	LTX055	Cáncer	3	709	2279162	TracerX	5	1	236802203	421	0,310	T	A
422	SQ1328_Sample005	LTX055	Cáncer	3	709	2279162	TracerX	5	15	28513699	422	0,407	C	A
423	SQ1328_Sample005	LTX055	Cáncer	3	709	2279162	TracerX	5	1	183775513	423	0,863	C	C
424	SQ1328_Sample005	LTX055	Cáncer	3	709	2279162	TracerX	5	12	101739472	424	0,754	C	T
425	SQ1328_Sample005	LTX055	Cáncer	3	709	2279162	TracerX	5	18	31523112	425	0,421	C	A
426	SQ1328_Sample005	LTX055	Cáncer	3	709	2279162	TracerX	5	23	100745059	426	0,495	A	C
427	SQ1328_Sample005	LTX055	Cáncer	3	709	2279162	TracerX	5	5	38425079	427	0,374	C	C
428	SQ1328_Sample005	LTX055	Cáncer	3	709	2279162	TracerX	5	3	178543485	428	0,862	C	C
429	SQ1328_Sample005	LTX055	Cáncer	3	709	2279162	TracerX	5	4	57796165	429	0,793	G	C
430	SQ1328_Sample005	LTX055	Cáncer	3	709	2279162	TracerX	5	4	123184698	430	0,411	G	T
431	SQ1328_Sample005	LTX055	Cáncer	3	709	2279162	TracerX	5	4	85530655	431	0,837	G	T
432	SQ1328_Sample005	LTX055	Cáncer	3	709	2279162	TracerX	5	5	174099	432	0,789	A	T

Figura 20 (cont.)

Número de fila	ID de muestra	Nombre de muestra	Tipo muestra	Mezcla	Código Barras	SeqId	Proyecto	Número de muestra	Cro.	Pos	Número de fila	MutConf	Ref	Mut
433	SQ1328_Sample005	LTX055	Cáncer	3	709	2279162	TracerX	5	16	80718770	433	0,387	G	C
434	SQ1328_Sample005	LTX055	Cáncer	3	709	2279162	TracerX	5	12	32145128	434	0,898	G	C
435	SQ1328_Sample005	LTX055	Cáncer	3	709	2279162	TracerX	5	23	37985925	435	0,389	G	T
436	SQ1328_Sample010	LTX165	Cáncer	3	717	2279167	TracerX	10	17	7573451	436	1,000	C	A
437	SQ1328_Sample010	LTX165	Cáncer	3	717	2279167	TracerX	10	4	153245381	437	1,000	T	C
438	SQ1328_Sample010	LTX165	Cáncer	3	717	2279167	TracerX	10	13	28542956	438	NaN	G	T
439	SQ1328_Sample010	LTX165	Cáncer	3	717	2279167	TracerX	10	13	32929041	439	1,000	G	T
440	SQ1328_Sample010	LTX165	Cáncer	3	717	2279167	TracerX	10	11	111228171	440	0,996	G	A
441	SQ1328_Sample010	LTX165	Cáncer	3	717	2279167	TracerX	10	17	71361424	441	1,000	C	A
442	SQ1328_Sample010	LTX165	Cáncer	3	717	2279167	TracerX	10	14	31061546	442	1,000	G	C
443	SQ1328_Sample010	LTX165	Cáncer	3	717	2279167	TracerX	10	16	4814630	443	1,000	A	I
444	SQ1328_Sample010	LTX165	Cáncer	3	717	2279167	TracerX	10	10	28224075	444	NaN	G	C
445	SQ1328_Sample010	LTX165	Cáncer	3	717	2279167	TracerX	10	4	22394224	445	1,000	T	A
446	SQ1328_Sample010	LTX165	Cáncer	3	717	2279167	TracerX	10	6	27858176	446	0,996	C	G
447	SQ1328_Sample010	LTX165	Cáncer	3	717	2279167	TracerX	10	19	11226802	447	0,857	C	T
448	SQ1328_Sample010	LTX165	Cáncer	3	717	2279167	TracerX	10	4	10600244	448	1,000	G	A
449	SQ1328_Sample010	LTX165	Cáncer	3	717	2279167	TracerX	10	1	117644093	449	0,978	G	A
450	SQ1328_Sample010	LTX165	Cáncer	3	717	2279167	TracerX	10	18	10784905	450	0,300	C	T
451	SQ1328_Sample010	LTX165	Cáncer	3	717	2279167	TracerX	10	10	6264869	451	0,398	C	T
452	SQ1328_Sample010	LTX165	Cáncer	3	717	2279167	TracerX	10	11	72141386	452	0,351	C	A
453	SQ1328_Sample010	LTX165	Cáncer	3	717	2279167	TracerX	10	14	105518356	453	0,875	C	T
454	SQ1328_Sample010	LTX165	Cáncer	3	717	2279167	TracerX	10	3	121228960	454	0,370	C	A
455	SQ1328_Sample010	LTX165	Cáncer	3	717	2279167	TracerX	10	11	30433103	455	0,443	G	T
456	SQ1328_Sample001	LTX021	Cáncer	3	705	2279158	TracerX	1	9	95179143	456	0,704	G	A
457	SQ1328_Sample001	LTX021	Cáncer	3	705	2279158	TracerX	1	5	149514547	457	0,271	C	A
458	SQ1328_Sample001	LTX021	Cáncer	3	705	2279158	TracerX	1	5	158140143	458	0,458	T	G
459	SQ1328_Sample001	LTX021	Cáncer	3	705	2279158	TracerX	1	23	76938197	459	0,453	C	A

Figura 20 (cont.)

Número de fila	ID de muestra	Nombre de muestra	Tipo muestra	Mezcla	Código Harinas	SeqId	Proyecto	Número de muestra	Cro.	Pos	Número de fila	MutConf	Ref	Mut
450	SQ1328_Sample001	LTX021	Cáncer	3	705	2279158	TracerX	1	1	232172402	460	0,439	G	T
451	SQ1328_Sample001	LTX021	Cáncer	3	705	2279158	TracerX	1	6	161143509	461	0,379	C	A
452	SQ1328_Sample001	LTX021	Cáncer	3	705	2279158	TracerX	1	8	486767013	462	0,392	G	I
453	SQ1328_Sample001	LTX021	Cáncer	3	705	2279158	TracerX	1	1	150256855	463	0,405	G	C
454	SQ1328_Sample001	LTX021	Cáncer	3	705	2279158	TracerX	1	23	144906375	464	0,849	T	A
455	SQ1328_Sample001	LTX021	Cáncer	3	705	2279158	TracerX	1	7	126173825	465	0,913	C	C
456	SQ1328_Sample001	LTX021	Cáncer	3	705	2279158	TracerX	1	17	17700179	466	0,490	C	G
457	SQ1328_Sample001	LTX021	Cáncer	3	705	2279158	TracerX	1	13	114748827	467	0,870	G	T
458	SQ1328_Sample001	LTX021	Cáncer	3	705	2279158	TracerX	1	23	37312417	468	0,399	C	A
459	SQ1328_Sample001	LTX021	Cáncer	3	705	2279158	TracerX	1	17	117578577	469	0,397	C	G
470	SQ1328_Sample001	LTX021	Cáncer	3	705	2279158	TracerX	1	3	148924116	470	0,421	T	G
471	SQ1328_Sample001	LTX021	Cáncer	3	705	2279158	TracerX	1	17	77859374	471	0,310	T	A
472	SQ1328_Sample001	LTX021	Cáncer	3	705	2279158	TracerX	1	2	45826689	472	0,481	T	C
473	SQ1328_Sample001	LTX021	Cáncer	3	705	2279158	TracerX	1	12	12036363	473	0,803	G	C
474	SQ1328_Sample001	LTX021	Cáncer	3	705	2279158	TracerX	1	14	94420800	474	0,345	T	A
475	SQ1328_Sample006	LTX059	Cáncer	3	713	2279163	TracerX	6	22	36715609	475	0,996	G	C
476	SQ1328_Sample006	LTX059	Cáncer	3	713	2279163	TracerX	6	13	103519140	476	0,335	T	A
477	SQ1328_Sample006	LTX059	Cáncer	3	713	2279163	TracerX	6	15	77039278	477	0,997	C	A
478	SQ1328_Sample006	LTX059	Cáncer	3	713	2279163	TracerX	6	4	72618298	478	0,987	C	G
479	SQ1328_Sample006	LTX059	Cáncer	3	713	2279163	TracerX	6	7	113550795	479	1,000	G	T
480	SQ1328_Sample006	LTX059	Cáncer	3	713	2279163	TracerX	6	6	167369586	480	0,972	G	C
481	SQ1328_Sample006	LTX059	Cáncer	3	713	2279163	TracerX	6	7	126173256	481	0,813	T	C
482	SQ1328_Sample006	LTX059	Cáncer	3	713	2279163	TracerX	6	9	104499652	482	0,998	C	A
483	SQ1328_Sample006	LTX059	Cáncer	3	713	2279163	TracerX	6	1	15636717	483	0,999	G	A
484	SQ1328_Sample006	LTX059	Cáncer	3	713	2279163	TracerX	6	6	152599226	484	0,409	G	T
485	SQ1328_Sample006	LTX059	Cáncer	3	713	2279163	TracerX	6	4	121737614	485	1,000	G	T
486	SQ1328_Sample006	LTX059	Cáncer	3	713	2279163	TracerX	6	6	89931387	486	0,934	G	A

Figura 20 (cont.)

Número de fila	ID de muestra	Nombre de muestra	Tipo muestra	Mezcla	Código Barras	SeqId	Proyecto	Número de muestra	Cro.	Pos	Número de fila	MutConf	Ref	Mut
487	SQ1328_Sample006	LTX059	Cáncer	3	713	2279163	TracerX	6	1	109778027	487	0.996	A	G
488	SQ1328_Sample006	LTX059	Cáncer	3	713	2279163	TracerX	6	11	74424521	488	0.294	C	T
489	SQ1328_Sample006	LTX059	Cáncer	3	713	2279163	TracerX	6	23	48759725	489	0.231	C	T
490	SQ1328_Sample006	LTX059	Cáncer	3	713	2279163	TracerX	6	20	55030411	490	0.997	A	T
491	SQ1328_Sample006	LTX059	Cáncer	3	713	2279163	TracerX	6	3	142089350	491	0.295	C	T
492	SQ1328_Sample006	LTX059	Cáncer	3	713	2279163	TracerX	6	17	1538596	492	0.493	G	T
493	SQ1328_Sample007	LTX084	Cáncer	3	714	2279164	TracerX	7	12	25398284	493	0.856	C	G
494	SQ1328_Sample007	LTX084	Cáncer	3	714	2279164	TracerX	7	16	14029154	494	0.840	G	T
495	SQ1328_Sample007	LTX084	Cáncer	3	714	2279164	TracerX	7	7	51255338	495	0.918	G	T
496	SQ1328_Sample007	LTX084	Cáncer	3	714	2279164	TracerX	7	1	12024323	496	0.476	G	T
497	SQ1328_Sample007	LTX084	Cáncer	3	714	2279164	TracerX	7	17	56540520	497	0.353	C	A
498	SQ1328_Sample007	LTX084	Cáncer	3	714	2279164	TracerX	7	5	101595952	498	0.426	C	T
499	SQ1328_Sample007	LTX084	Cáncer	3	714	2279164	TracerX	7	13	60413543	499	0.311	C	A
500	SQ1328_Sample007	LTX084	Cáncer	3	714	2279164	TracerX	7	1	207196454	500	0.346	C	T
501	SQ1328_Sample007	LTX084	Cáncer	3	714	2279164	TracerX	7	7	78256448	501	0.276	C	T
502	SQ1328_Sample007	LTX084	Cáncer	3	714	2279164	TracerX	7	4	41663444	502	0.463	C	A
503	SQ1328_Sample007	LTX084	Cáncer	3	714	2279164	TracerX	7	1	60510321	503	0.372	C	A
504	SQ1328_Sample007	LTX084	Cáncer	3	714	2279164	TracerX	7	1	19419434	504	0.921	C	A
505	SQ1328_Sample007	LTX084	Cáncer	3	714	2279164	TracerX	7	10	68687168	505	0.888	G	T
506	SQ1328_Sample007	LTX084	Cáncer	3	714	2279164	TracerX	7	18	63477161	506	0.774	G	T
507	SQ1328_Sample009	LTX135	Cáncer	3	716	2279166	TracerX	9	12	49434516	507	0.977	C	A
508	SQ1328_Sample009	LTX135	Cáncer	3	716	2279166	TracerX	9	14	21869106	508	0.860	C	T
509	SQ1328_Sample009	LTX135	Cáncer	3	716	2279166	TracerX	9	12	25398284	509	1.000	C	A
510	SQ1328_Sample009	LTX135	Cáncer	3	716	2279166	TracerX	9	15	45007672	510	0.990	C	G
511	SQ1328_Sample009	LTX135	Cáncer	3	716	2279166	TracerX	9	1	27023307	511	NaN	C	G
512	SQ1328_Sample009	LTX135	Cáncer	3	716	2279166	TracerX	9	19	10600420	512	0.970	C	G
513	SQ1328_Sample009	LTX135	Cáncer	3	716	2279166	TracerX	9	14	81610301	513	0.986	C	A

Figura 20 (cont.)

Número de fila	ID de muestra	Nombre de muestra	lipo muestra	Mezcla	Código Barras	SeqId	Proyecto	Número de muestra	Cro.	Pos	Número de fila	MutConti	Ref	Mut
514	SQ1328_Sample009	LTX135	Cáncer	3	715	2279166	TracerX	9	15	88727459	514	0,451	T	A
515	SQ1328_Sample009	LTX135	Cáncer	3	715	2279166	TracerX	9	17	7578190	515	0,231	T	C
516	SQ1328_Sample009	LTX135	Cáncer	3	715	2279166	TracerX	9	17	29653397	516	0,933	G	T
517	SQ1328_Sample009	LTX135	Cáncer	3	715	2279166	TracerX	9	1	3329196	517	NaN	G	A
518	SQ1328_Sample009	LTX135	Cáncer	3	715	2279166	TracerX	9	19	45252781	518	0,881	C	T
519	SQ1328_Sample009	LTX135	Cáncer	3	715	2279166	TracerX	9	11	128680482	519	0,202	C	T
520	SQ1328_Sample009	LTX135	Cáncer	3	715	2279166	TracerX	9	3	69928297	520	1,000	G	T
521	SQ1328_Sample009	LTX135	Cáncer	3	715	2279166	TracerX	9	21	31709951	521	0,857	G	C
522	SQ1328_Sample009	LTX135	Cáncer	3	715	2279166	TracerX	9	8	109260902	522	0,475	G	C
523	SQ1328_Sample009	LTX135	Cáncer	3	715	2279166	TracerX	9	23	69252973	523	0,474	G	C
524	SQ1328_Sample009	LTX135	Cáncer	3	715	2279166	TracerX	9	17	7674212	524	0,781	C	C
525	SQ1328_Sample009	LTX135	Cáncer	3	715	2279166	TracerX	9	7	1976519	525	0,877	C	G
526	SQ1328_Sample004	LTX048	Cáncer	3	703	2279161	TracerX	4	1	179087864	526	0,781	T	A
527	SQ1328_Sample004	LTX048	Cáncer	3	703	2279161	TracerX	4	7	13975490	527	0,905	T	A
528	SQ1328_Sample004	LTX048	Cáncer	3	703	2279161	TracerX	4	22	36688117	528	0,489	T	C
529	SQ1328_Sample004	LTX048	Cáncer	3	703	2279161	TracerX	4	19	1009549	529	NaN	C	A
530	SQ1328_Sample004	LTX040	Cáncer	3	703	2279161	TracerX	4	5	170803636	530	0,813	G	T
531	SQ1328_Sample004	LTX040	Cáncer	3	703	2279161	TracerX	4	2	79312626	531	0,340	G	T
532	SQ1328_Sample004	LTX040	Cáncer	3	703	2279161	TracerX	4	6	147527134	532	0,314	C	T
533	SQ1328_Sample004	LTX040	Cáncer	3	703	2279161	TracerX	4	6	26225746	533	0,439	C	A
534	SQ1328_Sample004	LTX040	Cáncer	3	703	2279161	TracerX	4	23	44108149	534	1,000	C	A
535	SQ1328_Sample004	LTX040	Cáncer	3	703	2279161	TracerX	4	14	23523992	535	0,440	C	G
536	SQ1328_Sample004	LTX048	Cáncer	3	703	2279161	TracerX	4	23	49040341	536	0,583	C	T
537	SQ1328_Sample004	LTX048	Cáncer	3	703	2279161	TracerX	4	6	16326778	537	0,824	C	A
538	SQ1328_Sample004	LTX048	Cáncer	3	703	2279161	TracerX	4	1	225565074	538	0,039	G	A
539	SQ1328_Sample004	LTX048	Cáncer	3	703	2279161	TracerX	4	14	20692485	539	0,601	C	T
540	SQ1328_Sample004	LTX048	Cáncer	3	703	2279161	TracerX	4	7	115890528	540	0,264	C	T

Figura 20 (cont.)

Número de fila	ID de muestra	Nombre de muestra	tipo muestra	Mezcla	Código Barras	Seqd	Proyecto	Número de muestra	Cro	Pos	Número de fila	MultCont	Ref	Mut
541	SQ1328_Sample004	LTX048	Cáncer	3	708	2279161	TracerX	4	13	100425110	541	0,481	T	G
542	SQ1328_Sample004	LTX048	Cáncer	3	708	2279161	TracerX	4	22	19003040	542	0,263	G	A
543	SQ1328_Sample004	LTX048	Cáncer	3	708	2279161	TracerX	4	17	18219954	543	0,706	C	T
544	SQ1328_Sample003	LTX046	Cáncer	3	707	2279160	TracerX	3	17	7579485	544	0,459	C	A
545	SQ1328_Sample003	LTX046	Cáncer	3	707	2279160	TracerX	3	1	55241708	545	0,445	G	C
546	SQ1328_Sample003	LTX046	Cáncer	3	707	2279160	TracerX	3	18	48604740	546	0,362	G	A
547	SQ1328_Sample003	LTX046	Cáncer	3	707	2279160	TracerX	3	23	152830448	547	0,432	G	A
548	SQ1328_Sample003	LTX046	Cáncer	3	707	2279160	TracerX	3	19	45375306	548	0,449	G	C
549	SQ1328_Sample003	LTX046	Cáncer	3	707	2279160	TracerX	3	2	228882599	549	0,679	C	T
550	SQ1328_Sample003	LTX046	Cáncer	3	707	2279160	TracerX	3	10	118689468	550	0,801	C	C
551	SQ1328_Sample003	LTX046	Cáncer	3	707	2279160	TracerX	3	3	4047939	551	0,410	C	G
552	SQ1328_Sample003	LTX046	Cáncer	3	707	2279160	TracerX	3	15	58713976	552	0,461	C	A
553	SQ1328_Sample003	LTX046	Cáncer	3	707	2279160	TracerX	3	4	57839436	553	0,406	C	G
554	SQ1328_Sample003	LTX046	Cáncer	3	707	2279160	TracerX	3	22	43539119	554	0,500	C	A
555	SQ1328_Sample003	LTX046	Cáncer	3	707	2279160	TracerX	3	4	154272721	555	0,413	G	C
556	SQ1328_Sample003	LTX046	Cáncer	3	707	2279160	TracerX	3	13	30107108	556	0,942	C	A
557	SQ1328_Sample003	LTX046	Cáncer	3	707	2279160	TracerX	3	21	27071135	557	0,431	C	A
558	SQ1328_Sample003	LTX046	Cáncer	3	707	2279160	TracerX	3	1	237751064	558	0,360	C	T
559	SQ1328_Sample003	LTX046	Cáncer	3	707	2279160	TracerX	3	17	19261251	559	0,876	C	T
560	SQ1328_Sample003	LTX046	Cáncer	3	707	2279160	TracerX	3	10	15121020	560	0,296	G	T
561	SQ1328_Sample003	LTX046	Cáncer	3	707	2279160	TracerX	3	11	70574162	561	0,346	C	A
562	SQ1329_Sample004	LTX036	Cáncer	4	724	2279191	TracerX	4	17	7579398	562	0,889	C	A
563	SQ1329_Sample004	LTX036	Cáncer	4	724	2279191	TracerX	4	19	1220502	563	NaN	G	I
564	SQ1329_Sample004	LTX036	Cáncer	4	724	2279191	TracerX	4	12	133246551	564	0,380	C	A
565	SQ1329_Sample004	LTX036	Cáncer	4	724	2279191	TracerX	4	18	22805714	565	0,583	C	T
566	SQ1329_Sample004	LTX036	Cáncer	4	724	2279191	TracerX	4	1	19018437	566	0,827	C	A
567	SQ1329_Sample004	LTX036	Cáncer	4	724	2279191	TracerX	4	11	108186565	567	0,319	A	T

Figura 20 (cont.)

Número de fila	ID de muestra	Nombre de muestra	Tipo muestra	Mezcla	Código Barras	SeqId	Proyecto	Número de muestra	Cro.	Pos	Número de fila	MutConf	Ref	Mut
568	SQ1329_Sample004	LTX036	Cáncer	4	724	2279191	TracerX	4	11	55798386	568	0,774	C	A
569	SQ1329_Sample004	LTX036	Cáncer	4	724	2279191	TracerX	4	16	4933402	569	1,000	C	A
570	SQ1329_Sample004	LTX036	Cáncer	4	724	2279191	TracerX	4	19	56539619	570	0,829	C	G
571	SQ1329_Sample004	LTX036	Cáncer	4	724	2279191	TracerX	4	2	39559089	571	0,388	T	G
572	SQ1329_Sample004	LTX036	Cáncer	4	724	2279191	TracerX	4	17	48252792	572	NaN	G	T
573	SQ1329_Sample004	LTX036	Cáncer	4	724	2279191	TracerX	4	10	7262401	573	0,384	C	A
574	SQ1329_Sample004	LTX036	Cáncer	4	724	2279191	TracerX	4	2	128774019	574	0,888	C	A
575	SQ1329_Sample004	LTX036	Cáncer	4	724	2279191	TracerX	4	7	49815508	575	0,489	C	A
576	SQ1329_Sample004	LTX036	Cáncer	4	724	2279191	TracerX	4	9	135983408	576	0,498	A	C
577	SQ1329_Sample004	LTX036	Cáncer	4	724	2279191	TracerX	4	6	2895637	577	0,456	T	A
578	SQ1329_Sample004	LTX036	Cáncer	4	724	2279191	TracerX	1	1	193150241	578	0,823	G	T
579	SQ1329_Sample004	LTX036	Cáncer	4	724	2279191	TracerX	4	5	140187899	579	0,396	A	T
580	SQ1329_Sample004	LTX036	Cáncer	4	724	2279191	TracerX	4	15	43694034	580	0,496	A	C
581	SQ1329_Sample004	LTX036	Cáncer	4	724	2279191	TracerX	4	3	115439665	581	0,417	A	C
582	SQ1329_Sample002	LTX022	Cáncer	4	722	2279189	TracerX	2	17	7578190	582	1,000	T	C
583	SQ1329_Sample002	LTX022	Cáncer	4	722	2279189	TracerX	2	18	22807056	583	1,000	C	A
584	SQ1329_Sample002	LTX022	Cáncer	4	722	2279189	TracerX	2	4	187532858	584	0,999	C	A
585	SQ1329_Sample002	LTX022	Cáncer	4	722	2279189	TracerX	2	5	176710869	585	1,000	A	T
586	SQ1329_Sample002	LTX022	Cáncer	4	722	2279189	TracerX	2	8	88365909	586	1,000	G	T
587	SQ1329_Sample002	LTX022	Cáncer	4	722	2279189	TracerX	2	9	97887448	587	1,000	C	A
588	SQ1329_Sample002	LTX022	Cáncer	4	722	2279189	TracerX	2	18	47802230	588	1,000	C	A
589	SQ1329_Sample002	LTX022	Cáncer	4	722	2279189	TracerX	2	18	47800615	589	1,000	C	A
590	SQ1329_Sample002	LTX022	Cáncer	4	722	2279189	TracerX	2	16	14024630	590	1,000	C	A
591	SQ1329_Sample002	LTX022	Cáncer	4	722	2279189	TracerX	2	12	129559276	591	1,000	C	T
592	SQ1329_Sample002	LTX022	Cáncer	4	722	2279189	TracerX	2	1	247836132	592	1,000	G	T
593	SQ1329_Sample002	LTX022	Cáncer	4	722	2279189	TracerX	2	7	117432761	593	1,000	C	A
594	SQ1329_Sample002	LTX022	Cáncer	4	722	2279189	TracerX	2	6	155153840	594	1,000	A	G

Figura 20 (cont.)

Número de fila	ID de muestra	Nombre de muestra	Tipo muestra	Mezcla	Código Barras	SeqId	Proyecto	Número de muestra	Gro.	Pos	Número de fila	MutConf	Ref	Mut
595	SQ1329_Sample002	LTX022	Cáncer	4	722	2279189	TracerX	2	5	167645370	595	1,000	T	G
596	SQ1329_Sample002	LTX022	Cáncer	4	722	2279189	TracerX	2	9	35714237	596	1,000	T	C
597	SQ1329_Sample002	LTX022	Cáncer	4	722	2279189	TracerX	2	9	123220803	597	0,322	C	G
598	SQ1329_Sample002	LTX022	Cáncer	4	722	2279189	TracerX	2	19	6732134	598	0,499	C	C
599	SQ1329_Sample002	LTX022	Cáncer	4	722	2279189	TracerX	2	8	70674006	599	0,999	G	T
600	SQ1329_Sample002	LTX022	Cáncer	4	722	2279189	TracerX	2	2	1168816	600	0,902	T	C
601	SQ1329_Sample002	LTX022	Cáncer	4	722	2279189	TracerX	2	9	95841793	601	1,000	G	C
602	SQ1329_Sample006	LTX049	Cáncer	4	729	2279193	TracerX	6	12	25398284	602	0,782	C	A
603	SQ1329_Sample006	LTX049	Cáncer	4	729	2279193	TracerX	6	1	3313149	603	0,909	C	T
604	SQ1329_Sample006	LTX049	Cáncer	4	729	2279193	TracerX	6	19	11152100	604	0,491	A	T
605	SQ1329_Sample006	LTX049	Cáncer	4	729	2279193	TracerX	6	15	88680726	605	0,412	C	A
606	SQ1329_Sample006	LTX049	Cáncer	4	729	2279193	TracerX	6	12	46244010	606	0,416	G	C
607	SQ1329_Sample006	LTX049	Cáncer	4	729	2279193	TracerX	6	23	76939413	607	0,405	T	A
608	SQ1329_Sample006	LTX049	Cáncer	4	729	2279193	TracerX	6	16	2121841	608	NaN	G	T
609	SQ1329_Sample006	LTX049	Cáncer	4	729	2279193	TracerX	6	23	48547447	609	1,000	C	A
610	SQ1329_Sample006	LTX049	Cáncer	4	729	2279193	TracerX	6	3	57457248	610	0,885	C	A
611	SQ1329_Sample006	LTX049	Cáncer	4	729	2279193	TracerX	6	19	10897345	611	0,471	C	A
612	SQ1329_Sample006	LTX049	Cáncer	4	729	2279193	TracerX	6	3	128200113	612	0,780	G	A
613	SQ1329_Sample006	LTX049	Cáncer	4	729	2279193	TracerX	6	20	51070588	613	0,467	G	T
614	SQ1329_Sample006	LTX049	Cáncer	4	729	2279193	TracerX	6	2	116520170	614	0,434	C	G
615	SQ1329_Sample006	LTX049	Cáncer	4	729	2279193	TracerX	6	21	47987434	615	0,835	G	T
616	SQ1329_Sample006	LTX049	Cáncer	4	729	2279193	TracerX	6	17	72519788	616	0,375	C	A
617	SQ1329_Sample006	LTX049	Cáncer	4	729	2279193	TracerX	6	8	9437749	617	0,422	C	G
618	SQ1329_Sample006	LTX049	Cáncer	4	729	2279193	TracerX	6	12	111953997	618	0,478	C	A
619	SQ1329_Sample006	LTX049	Cáncer	4	729	2279193	TracerX	6	8	52323848	619	0,780	C	A
620	SQ1329_Sample006	LTX049	Cáncer	4	729	2279193	TracerX	6	3	129370350	620	0,336	C	G
621	SQ1329_Sample007	LTX063	Cáncer	4	730	2279194	TracerX	7	9	135982591	621	1,000	C	A

Figura 20 (cont.)

Número de fila	ID de muestra	Nombre de muestra	Tipo muestra	Mezcla	Código Barras	ScqId	Proyecto	Número de muestra	Cro.	Pos	Número de fila	MutConf	Rcf	Mut
622	SQ1329_Sample007	LTX063	Cáncer	4	730	2279194	TracerX	7	17	7578263	622	1,000	G	A
623	SQ1329_Sample007	LTX063	Cáncer	4	730	2279194	TracerX	7	3	57430962	623	1,000	G	A
624	SQ1329_Sample007	LTX063	Cáncer	4	730	2279194	TracerX	7	1	27102068	624	1,000	G	T
625	SQ1329_Sample007	LTX063	Cáncer	4	730	2279194	TracerX	7	16	65016009	625	1,000	C	G
626	SQ1329_Sample007	LTX063	Cáncer	4	730	2279194	TracerX	7	11	32449506	626	0,997	T	A
627	SQ1329_Sample007	LTX063	Cáncer	4	730	2279194	TracerX	7	15	74326870	627	0,911	C	T
628	SQ1329_Sample007	LTX063	Cáncer	4	730	2279194	TracerX	7	7	50450378	628	0,958	C	G
629	SQ1329_Sample007	LTX063	Cáncer	4	730	2279194	TracerX	7	16	15811171	629	0,715	C	T
630	SQ1329_Sample007	LTX063	Cáncer	4	730	2279194	TracerX	7	10	50732500	630	1,000	C	A
631	SQ1329_Sample007	LTX063	Cáncer	4	730	2279194	TracerX	7	7	31144522	631	1,000	A	C
632	SQ1329_Sample007	LTX063	Cáncer	4	730	2279194	TracerX	7	10	10837R016	632	1,000	C	A
633	SQ1329_Sample007	LTX063	Cáncer	4	730	2279194	TracerX	7	2	73302776	633	1,000	C	A
634	SQ1329_Sample007	LTX063	Cáncer	4	730	2279194	TracerX	7	12	125298072	634	1,000	C	A
635	SQ1329_Sample007	LTX063	Cáncer	4	730	2279194	TracerX	7	10	70332109	635	0,757	C	A
636	SQ1329_Sample007	LTX063	Cáncer	4	730	2279194	TracerX	7	8	142812392	636	0,434	C	T
637	SQ1329_Sample007	LTX063	Cáncer	4	730	2279194	TracerX	7	6	26508774	637	0,992	T	A
638	SQ1329_Sample007	LTX063	Cáncer	4	730	2279194	TracerX	7	2	11770074	638	0,994	C	A
639	SQ1329_Sample007	LTX063	Cáncer	4	730	2279194	TracerX	7	19	15511627	639	0,992	G	T
640	SQ1329_Sample007	LTX063	Cáncer	4	730	2279194	TracerX	7	7	49815709	640	1,000	G	C
641	SQ1329_Sample009	LTX144	Cáncer	4	732	2279196	TracerX	9	22	41566508	641	0,757	G	A
642	SQ1329_Sample009	LTX144	Cáncer	4	732	2279196	TracerX	9	11	69465952	642	0,360	C	T
643	SQ1329_Sample009	LTX144	Cáncer	4	732	2279196	TracerX	9	7	50459535	643	0,835	A	T
644	SQ1329_Sample009	LTX144	Cáncer	4	732	2279196	TracerX	9	7	98588208	644	0,218	C	T
645	SQ1329_Sample009	LTX144	Cáncer	4	732	2279196	TracerX	9	17	29564428	645	0,430	C	G
646	SQ1329_Sample009	LTX144	Cáncer	4	732	2279196	TracerX	9	4	3201640	646	0,878	C	T
647	SQ1329_Sample009	LTX144	Cáncer	4	732	2279196	TracerX	9	1	186303604	647	0,887	T	A
648	SQ1329_Sample009	LTX144	Cáncer	4	732	2279196	TracerX	9	13	110844627	648	0,291	G	I

Figura 20 (cont.)

Número de fila	ID de muestra	Nombre de muestra	Tipo muestra	Mezcla	Código Barras	SeqId	Proyecto	Número de muestra	Cro	Pcs	Número de fila	MutConf	Ref	Mut
649	SQ1329_Sample009	LTX144	Cáncer	4	732	2279196	TracerX	9	3	183957527	649	0.437	C	A
650	SQ1329_Sample009	LTX144	Cáncer	4	732	2279196	TracerX	9	10	49944072	650	0.375	C	G
651	SQ1329_Sample009	LTX144	Cáncer	4	732	2279196	TracerX	9	23	130220369	651	0.811	T	A
652	SQ1329_Sample009	LTX144	Cáncer	4	732	2279196	TracerX	9	2	81861406	652	0.391	C	A
653	SQ1329_Sample009	LTX144	Cáncer	4	732	2279196	TracerX	9	7	131864446	653	0.872	C	A
654	SQ1329_Sample009	LTX144	Cáncer	4	732	2279196	TracerX	9	16	1812912	654	NaN	C	G
655	SQ1329_Sample009	LTX144	Cáncer	4	732	2279196	TracerX	9	6	345914	655	0.863	C	A
656	SQ1329_Sample009	LTX144	Cáncer	4	732	2279196	TracerX	9	22	50688115	656	0.478	C	G
657	SQ1329_Sample009	LTX144	Cáncer	4	732	2279196	TracerX	9	7	134618237	657	0.407	A	C
658	SQ1329_Sample009	LTX144	Cáncer	4	732	2279196	TracerX	9	2	44459475	658	0.393	C	A
659	SQ1329_Sample009	LTX144	Cáncer	4	732	2279196	TracerX	9	2	162762359	659	0.429	C	G
660	SQ1329_Sample005	LTX038	Cáncer	4	725	2279192	TracerX	5	14	51196324	660	1.000	G	A
661	SQ1329_Sample005	LTX038	Cáncer	4	725	2279192	TracerX	5	1	65332716	661	1.000	C	A
662	SQ1329_Sample005	LTX038	Cáncer	4	725	2279192	TracerX	5	16	4836063	662	1.000	G	C
663	SQ1329_Sample005	LTX038	Cáncer	4	725	2279192	TracerX	5	2	178098810	663	1.000	C	G
664	SQ1329_Sample005	LTX038	Cáncer	4	725	2279192	TracerX	5	9	134010388	664	1.000	A	T
665	SQ1329_Sample005	LTX038	Cáncer	4	725	2279192	TracerX	5	11	69456203	665	1.000	C	G
666	SQ1329_Sample005	LTX038	Cáncer	4	725	2279192	TracerX	5	1	27106535	666	1.000	G	A
667	SQ1329_Sample005	LTX038	Cáncer	4	725	2279192	TracerX	5	12	131276458	667	NaN	C	T
668	SQ1329_Sample005	LTX038	Cáncer	4	725	2279192	TracerX	5	9	139413915	668	0.670	C	T
669	SQ1329_Sample005	LTX038	Cáncer	4	725	2279192	TracerX	5	23	76939312	669	0.999	G	A
670	SQ1329_Sample005	LTX038	Cáncer	4	725	2279192	TracerX	5	3	37061826	670	1.000	C	A
671	SQ1329_Sample005	LTX038	Cáncer	4	725	2279192	TracerX	5	4	55980381	671	1.000	G	A
672	SQ1329_Sample005	LTX038	Cáncer	4	725	2279192	TracerX	5	1	198700816	672	1.000	G	C
673	SQ1329_Sample005	LTX038	Cáncer	4	725	2279192	TracerX	5	12	464400	673	1.000	C	T
674	SQ1329_Sample005	LTX038	Cáncer	4	725	2279192	TracerX	5	1	158576657	674	1.000	G	T
675	SQ1329_Sample005	LTX038	Cáncer	4	725	2279192	TracerX	5	23	88008704	675	1.000	C	A

Figura 20 (cont.)

Número de fila	ID de muestra	Nombre de muestra	Tipo muestra	Mezcla	Código Barras	SeqId	Proyecto	Número de muestra	Cro.	Pos	Número de fila	MutConf	Ref	Mut
676	SC1329_Sample005	LTX038	Cáncer	4	725	2279192	TracerX	5	3	64132613	576	1,000	C	A
677	SC1329_Sample005	LTX038	Cáncer	4	725	2279192	TracerX	5	6	17772153	577	0,416	G	C
678	SC1329_Sample005	LTX038	Cáncer	4	725	2279192	TracerX	5	5	169020496	578	0,444	A	C
679	SC1329_Sample005	LTX038	Cáncer	4	725	2279192	TracerX	5	15	71276480	579	1,000	G	T
680	SC1329_Sample003	LTX034	Cáncer	4	723	2279190	TracerX	3	3	52436393	580	0,758	G	A
681	SC1329_Sample003	LTX034	Cáncer	4	723	2279190	TracerX	3	7	140500719	581	0,672	C	T
682	SC1329_Sample003	LTX034	Cáncer	4	723	2279190	TracerX	3	17	7578535	582	0,260	T	C
683	SC1329_Sample003	LTX034	Cáncer	4	723	2279190	TracerX	3	13	48955550	583	0,411	C	T
684	SC1329_Sample003	LTX034	Cáncer	4	723	2279190	TracerX	3	6	84895087	584	0,391	G	A
685	SC1329_Sample003	LTX034	Cáncer	4	723	2279190	TracerX	3	23	125298988	585	0,449	C	G
686	SC1329_Sample003	LTX034	Cáncer	4	723	2279190	TracerX	3	14	104639409	586	0,396	C	I
687	SC1329_Sample003	LTX034	Cáncer	4	723	2279190	TracerX	3	23	78010800	587	0,407	G	A
688	SC1329_Sample003	LTX034	Cáncer	4	723	2279190	TracerX	3	3	142735152	588	0,488	A	C
689	SC1329_Sample003	LTX034	Cáncer	4	723	2279190	TracerX	3	16	88501136	589	0,271	T	C
690	SC1329_Sample003	LTX034	Cáncer	4	723	2279190	TracerX	3	15	75692456	590	0,394	C	A
691	SC1329_Sample003	LTX034	Cáncer	4	723	2279190	TracerX	3	12	56827393	591	0,410	T	A
692	SC1329_Sample003	LTX034	Cáncer	4	723	2279190	TracerX	3	10	70646154	592	0,388	G	A
693	SC1329_Sample003	LTX034	Cáncer	4	723	2279190	TracerX	3	5	138456816	593	0,749	G	A
694	SC1329_Sample003	LTX034	Cáncer	4	723	2279190	TracerX	3	17	75471896	594	0,435	G	A
695	SC1329_Sample003	LTX034	Cáncer	4	723	2279190	TracerX	3	12	118610456	595	0,765	C	A
696	SC1329_Sample003	LTX034	Cáncer	4	723	2279190	TracerX	3	3	135870296	596	0,313	C	T
697	SC1329_Sample003	LTX034	Cáncer	4	723	2279190	TracerX	3	3	160395441	597	0,870	C	A
698	SC1329_Sample001	LTX013	Cáncer	4	721	2279198	TracerX	1	9	133730371	598	0,840	A	G
699	SC1329_Sample001	LTX013	Cáncer	4	721	2279198	TracerX	1	5	15937258	599	0,684	C	A
700	SC1329_Sample001	LTX013	Cáncer	4	721	2279198	TracerX	1	2	152403968	700	0,774	C	T
701	SC1329_Sample001	LTX013	Cáncer	4	121	229185	TracerX	1	23	114141/51	701	0,348	C	T
702	SC1329_Sample001	LTX013	Cáncer	4	721	2279198	TracerX	1	6	13316860	702	1,000	G	C

Figura 20 (cont.)

Número de fila	ID de muestra	Nombre de muestra	Tipo muestra	Mezcla	Código Barras	SeqId	Proyecto	Número de muestra	Cro.	Pos	Número de fila	MutConf	Ref	Mut
703	SQ1329_Sample001	LTX013	Cáncer	4	721	2279188	TracerX	1	3	103594479	703	0,691	T	C
704	SQ1329_Sample001	LTX013	Cáncer	4	721	2279188	TracerX	1	10	105147056	704	0,688	C	T
705	SQ1329_Sample001	LTX013	Cáncer	4	721	2279188	TracerX	1	17	18154751	705	0,538	C	T
706	SQ1329_Sample001	LTX013	Cáncer	4	721	2279188	TracerX	1	8	38205421	706	0,729	T	A
707	SQ1329_Sample001	LTX013	Cáncer	4	721	2279188	TracerX	1	G	127768763	707	0,815	T	A
708	SQ1329_Sample001	LTX013	Cáncer	4	721	2279188	TracerX	1	16	29706404	708	0,455	C	T
709	SQ1329_Sample001	LTX013	Cáncer	4	721	2279188	TracerX	1	14	31592236	709	0,206	G	A
710	SQ1329_Sample001	LTX013	Cáncer	4	721	2279188	TracerX	1	23	150348926	710	0,995	G	A
711	SQ1329_Sample001	LTX013	Cáncer	4	721	2279188	TracerX	1	23	117044028	711	0,274	C	T
712	SQ1329_Sample001	LTX013	Cáncer	4	721	2279188	TracerX	1	14	74988688	712	0,241	C	Y
713	SQ1329_Sample008	LTX065	Cáncer	4	731	7779195	TracerX	8	22	36702581	713	0,451	C	T
714	SQ1329_Sample008	LTX065	Cáncer	4	731	2279195	TracerX	8	17	7577127	714	0,807	C	A
715	SQ1329_Sample008	LTX065	Cáncer	4	731	2279195	TracerX	8	5	86629154	715	0,383	G	T
716	SQ1329_Sample008	LTX065	Cáncer	4	731	2279195	TracerX	8	13	103385643	716	0,976	A	C
717	SQ1329_Sample008	LTX065	Cáncer	4	731	2279195	TracerX	8	2	73679889	717	0,414	G	I
718	SQ1329_Sample008	LTX065	Cáncer	4	731	2279195	TracerX	8	11	64360338	718	0,487	G	T
719	SQ1329_Sample008	LTX065	Cáncer	4	731	2279195	TracerX	8	5	150133163	719	0,338	G	T
720	SQ1329_Sample008	LTX065	Cáncer	4	731	2279195	TracerX	0	13	103390407	720	0,791	G	T
721	SQ1329_Sample008	LTX065	Cáncer	4	731	2279195	TracerX	8	16	48209286	721	0,483	G	T
722	SQ1329_Sample008	LTX065	Cáncer	4	731	2279195	TracerX	8	14	101347192	722	0,793	C	T
723	SQ1329_Sample008	LTX065	Cáncer	4	731	2279195	TracerX	8	4	109674077	723	0,405	C	A
724	SQ1329_Sample008	LTX065	Cáncer	4	731	2279195	TracerX	8	20	4837562	724	0,561	C	T
725	SQ1329_Sample008	LTX065	Cáncer	4	731	2279195	TracerX	8	6	51523873	725	0,297	T	A
726	SQ1329_Sample008	LTX065	Cáncer	4	731	2279195	TracerX	8	13	96530052	726	0,850	C	A
727	SQ1329_Sample008	LTX065	Cáncer	4	731	2279195	TracerX	8	2	220283462	727	0,417	T	A
728	SQ1329_Sample010	LTX149	Cáncer	4	733	2279197	TracerX	10	23	53239876	728	1,000	G	A
729	SQ1329_Sample010	LTX149	Cáncer	4	733	2279197	TracerX	10	16	3786719	729	1,000	C	A

Figura 20 (cont.)

Número de fila	ID de muestra	Nombre de muestra	Tipo muestra	Mezcla	Código Barras	SeqId	Proyecto	Número de muestra	Cro.	Pos	Número de fila	MutConf	Ref	Mut
730	SQ1329_Sample010	LTX149	Cáncer	4	733	2279197	TracerX	10	6	117647416	730	1,000	C	T
731	SQ1329_Sample010	LTX149	Cáncer	4	733	2279197	TracerX	10	1	160136469	731	1,000	G	T
732	SQ1329_Sample010	LTX149	Cáncer	4	733	2279197	TracerX	10	11	17629929	732	1,000	C	T
733	SQ1329_Sample010	LTX149	Cáncer	4	733	2279197	TracerX	10	2	201462193	733	1,000	A	C
734	SQ1329_Sample010	LTX149	Cáncer	4	733	2279197	TracerX	10	8	117950562	734	0,964	G	T
735	SQ1329_Sample010	LTX149	Cáncer	4	733	2279197	TracerX	10	16	49669770	735	0,991	C	I
736	SQ1329_Sample010	LTX149	Cáncer	4	733	2279197	TracerX	10	19	3783189	736	1,000	C	T
737	SQ1329_Sample010	LTX149	Cáncer	4	733	2279197	TracerX	10	14	70633968	737	1,000	G	T
738	SQ1329_Sample010	LTX149	Cáncer	4	733	2279197	TracerX	10	6	50791187	738	0,994	C	A
739	SQ1329_Sample010	LTX149	Cáncer	4	733	2279197	TracerX	10	20	62837060	739	1,000	G	A
740	SQ1329_Sample010	LTX149	Cáncer	4	733	2279197	TracerX	10	11	47200023	740	1,000	C	C
741	SQ1329_Sample010	LTX149	Cáncer	4	733	2279197	TracerX	10	3	52087959	741	0,496	T	G
742	SQ1329_Sample010	LTX149	Cáncer	4	733	2279197	TracerX	10	3	101520185	742	0,581	A	G
743	SQ1329_Sample010	LTX149	Cáncer	4	733	2279197	TracerX	10	15	40763898	743	0,484	G	T
744	SQ1329_Sample010	LTX149	Cáncer	4	733	2279197	TracerX	10	10	134161560	744	0,400	C	T
745	SQ1311_Sample007	LTX102	Cáncer	5	778	2322029	TracerX	7	8	30948434	745	0,763	T	A
746	SQ1311_Sample007	LTX102	Cáncer	5	778	2322029	TracerX	7	8	118847703	746	0,866	C	G
747	SQ1311_Sample007	LTX102	Cáncer	5	778	2322029	TracerX	7	12	25390284	747	NaN	C	A
748	SQ1311_Sample007	LTX102	Cáncer	5	778	2322029	TracerX	7	7	138603666	748	0,359	A	G
749	SQ1311_Sample007	LTX102	Cáncer	5	778	2322029	TracerX	7	17	7577538	749	0,649	C	T
750	SQ1311_Sample007	LTX102	Cáncer	5	778	2322029	TracerX	7	12	49416133	750	0,735	G	A
751	SQ1311_Sample007	LTX102	Cáncer	5	778	2322029	TracerX	7	9	132963250	751	0,864	G	T
752	SQ1311_Sample007	LTX102	Cáncer	5	778	2322029	TracerX	7	1	156883232	752	0,474	G	T
753	SQ1311_Sample007	LTX102	Cáncer	5	778	2322029	TracerX	7	8	52721778	753	0,789	C	A
754	SQ1311_Sample007	LTX102	Cáncer	5	778	2322029	TracerX	7	13	33109925	754	0,356	C	A
755	SQ1311_Sample007	LTX102	Cáncer	5	778	2322029	TracerX	7	11	92714903	755	0,465	T	A
756	SQ1311_Sample007	LTX102	Cáncer	5	778	2322029	TracerX	7	12	49361733	756	0,350	C	G

Figura 20 (cont.)

Número de fila	ID de muestra	Nombre de muestra	Tipo muestra	Mezcla	Código Barras	Scqid	Proyecto	Número de muestra	Cro.	Pos	Número de fila	MutConf	Rcf	Mut
757	SQ1311_Sample007	LTX102	Cáncer	5	778	2322029	TracerX	7	15	77425561	757	0,400	C	A
758	SQ1311_Sample007	LTX102	Cáncer	5	770	2322029	TracerX	7	15	33955180	758	0,026	A	C
759	SQ1311_Sample007	LTX102	Cáncer	5	778	2322029	TracerX	7	18	51731418	759	0,185	A	C
760	SQ1311_Sample007	LTX102	Cáncer	5	778	2322029	TracerX	7	6	90398306	760	0,389	G	C
761	SQ1311_Sample007	LTX102	Cáncer	5	778	2322029	TracerX	7	19	4488790	761	0,467	G	C
762	SQ1311_Sample007	LTX102	Cáncer	5	778	2322029	TracerX	7	9	17135350	762	0,444	A	T
763	SQ1311_Sample007	LTX102	Cáncer	5	778	2322029	TracerX	7	9	17135349	763	0,468	G	T
764	SQ1311_Sample007	LTX102	Cáncer	5	778	2322029	TracerX	7	11	85459443	764	0,384	T	A
765	SQ1311_Sample001	LTX015	Cáncer	5	769	2322021	TracerX	1	3	186501407	765	1,000	G	T
766	SQ1311_Sample001	LTX015	Cáncer	5	769	2322021	TracerX	1	18	61262379	766	1,000	G	T
767	SQ1311_Sample001	LTX015	Cáncer	5	769	2322021	TracerX	1	17	7578394	767	1,000	T	C
768	SQ1311_Sample001	LTX015	Cáncer	5	769	2322021	TracerX	1	16	2014284	768	1,000	G	A
769	SQ1311_Sample001	LTX015	Cáncer	5	769	2322021	TracerX	1	3	170917564	769	1,000	T	C
770	SQ1311_Sample001	LTX015	Cáncer	5	769	2322021	TracerX	1	13	49027177	770	0,977	C	T
771	SQ1311_Sample001	LTX015	Cáncer	5	769	2322021	TracerX	1	2	10350675	771	1,000	G	T
772	SQ1311_Sample001	LTX015	Cáncer	5	769	2322021	TracerX	1	3	130285569	772	1,000	G	T
773	SQ1311_Sample001	LTX015	Cáncer	5	769	2322021	TracerX	1	8	104388139	773	1,000	G	T
774	SQ1311_Sample001	LTX015	Cáncer	5	769	2322021	TracerX	1	19	52568419	774	0,929	G	T
775	SQ1311_Sample001	LTX015	Cáncer	5	769	2322021	TracerX	1	22	32894496	775	0,999	T	A
776	SQ1311_Sample001	LTX015	Cáncer	5	769	2322021	TracerX	1	12	71898461	776	0,999	G	T
777	SQ1311_Sample001	LTX015	Cáncer	5	769	2322021	TracerX	1	8	94935116	777	1,000	C	C
778	SQ1311_Sample001	LTX015	Cáncer	5	769	2322021	TracerX	1	3	193120500	778	1,000	A	C
779	SQ1311_Sample001	LTX015	Cáncer	5	769	2322021	TracerX	1	14	70246051	779	1,000	G	T
780	SQ1311_Sample001	LTX015	Cáncer	5	769	2322021	TracerX	1	11	6790165	780	1,000	C	A
781	SQ1311_Sample001	LTX015	Cáncer	5	769	2322021	TracerX	1	4	71066286	781	0,989	C	C
782	SQ1311_Sample001	LTX015	Cáncer	5	769	2322021	TracerX	1	5	7626280	782	1,000	A	T
783	SQ1311_Sample001	LTX015	Cáncer	5	769	2322021	TracerX	1	17	10354115	783	0,745	C	G

Figura 20 (cont.)

Número de fila	ID de muestra	Nombre de muestra	Tipo muestra	Mezcla	Código Barras	SeqId	Proyecto	Número de muestra	Cro.	Pos	Número de fila	MutConf	Ref	Mut
784	SQ1311_Sample003	LTX074	Cáncer	5	771	2322023	TracerX	3	17	7578206	784	0,959	T	C
785	SQ1311_Sample003	LTX074	Cáncer	5	771	2322023	TracerX	3	10	89717615	785	0,864	C	T
786	SQ1311_Sample003	LTX074	Cáncer	5	771	2322023	TracerX	3	9	5069164	786	0,984	A	G
787	SQ1311_Sample003	LTX074	Cáncer	5	771	2322023	TracerX	3	3	47139542	787	0,693	G	A
788	SQ1311_Sample003	LTX074	Cáncer	5	771	2322023	TracerX	3	20	31023115	788	0,982	G	T
789	SQ1311_Sample003	LTX074	Cáncer	5	771	2322023	TracerX	3	12	49420108	789	0,948	C	G
790	SQ1311_Sample003	LTX074	Cáncer	5	771	2322023	TracerX	3	1	150935141	790	0,940	G	C
791	SQ1311_Sample003	LTX074	Cáncer	5	771	2322023	TracerX	3	19	47424096	791	0,365	C	G
792	SQ1311_Sample003	LTX074	Cáncer	5	771	2322023	TracerX	3	20	57829494	792	1,000	C	G
793	SQ1311_Sample003	LTX074	Cáncer	5	771	2322023	TracerX	3	17	76490183	793	0,982	C	G
794	SQ1311_Sample003	LTX074	Cáncer	5	771	2322023	TracerX	3	1	33272142	794	0,133	C	G
795	SQ1311_Sample003	LTX074	Cáncer	5	771	2322023	TracerX	3	16	27374243	795	0,345	G	T
796	SQ1311_Sample003	LTX074	Cáncer	5	771	2322023	TracerX	3	4	1006572	796	NaN	T	G
797	SQ1311_Sample003	LTX074	Cáncer	5	771	2322023	TracerX	3	8	134145841	797	0,987	G	C
798	SQ1311_Sample003	LTX074	Cáncer	5	771	2322023	TracerX	3	12	110956536	798	0,440	C	G
799	SQ1311_Sample003	LTX074	Cáncer	5	771	2322023	TracerX	3	12	120741431	799	0,780	C	A
800	SQ1311_Sample003	LTX074	Cáncer	5	771	2322023	TracerX	3	7	107706249	800	0,930	A	T
801	SQ1311_Sample003	LTX074	Cáncer	5	771	2322023	TracerX	3	19	3611966	801	0,989	G	C
802	SQ1311_Sample003	LTX074	Cáncer	5	771	2322023	TracerX	3	17	29653132	802	0,413	C	G
803	SQ1311_Sample004	LTX075	Cáncer	5	772	2322024	TracerX	4	7	55259515	803	0,158	T	G
804	SQ1311_Sample004	LTX075	Cáncer	5	772	2322024	TracerX	4	11	1578403	804	0,425	C	A
805	SQ1311_Sample004	LTX075	Cáncer	5	772	2322024	TracerX	4	23	47040716	805	0,920	G	T
806	SQ1311_Sample004	LTX075	Cáncer	5	772	2322024	TracerX	4	23	47039288	806	NaN	T	G
807	SQ1311_Sample004	LTX075	Cáncer	5	772	2322024	TracerX	4	18	8376593	807	0,752	G	A
808	SQ1311_Sample004	LTX075	Cáncer	5	772	2322024	TracerX	4	12	49949724	808	0,481	C	G
809	SQ1311_Sample004	LTX075	Cáncer	5	772	2322024	TracerX	4	20	2840714	809	0,820	C	T
810	SQ1311_Sample004	LTX075	Cáncer	5	772	2322024	TracerX	4	2	223787502	810	0,281	C	A

Figura 20 (cont.)

Número de fila	ID de muestra	Nombre de muestra	Tipo muestra	Mezcla	Código Barras	SeqId	Proyecto	Número de muestra	Cro	Pos	Número de fila	MutConf	Ref	Mut
811	SQ1311_Sample004	LTX075	Cáncer	5	772	2322024	TracerX	4	20	31676821	811	0,299	G	A
812	SQ1311_Sample004	LTX075	Cáncer	5	772	2322024	TracerX	4	17	47010696	812	0,428	G	C
813	SQ1311_Sample004	LTX075	Cáncer	5	772	2322024	TracerX	4	17	37571363	813	0,437	C	C
814	SQ1311_Sample004	LTX075	Cáncer	5	772	2322024	TracerX	4	12	116457705	814	0,335	C	T
815	SQ1311_Sample004	LTX075	Cáncer	5	772	2322024	TracerX	4	17	3717712	815	0,402	C	T
816	SQ1311_Sample004	LTX075	Cáncer	5	772	2322024	TracerX	4	4	146653666	816	0,408	G	C
817	SQ1311_Sample004	LTX075	Cáncer	5	772	2322024	TracerX	4	3	172065111	817	0,387	G	C
818	SQ1311_Sample004	LTX075	Cáncer	5	772	2322024	TracerX	4	10	127843807	818	0,627	C	A
819	SQ1311_Sample004	LTX075	Cáncer	5	772	2322024	TracerX	4	6	105609358	819	0,982	A	G
820	SQ1311_Sample004	LTX075	Cáncer	5	772	2322024	TracerX	4	1	247654898	820	0,849	T	C
821	SQ1311_Sample004	LTX075	Cáncer	5	772	2322024	TracerX	4	14	92588089	821	0,496	G	T
822	SQ1311_Sample002	LTX033	Cáncer	5	770	2322022	TracerX	2	17	7577082	822	1,000	C	T
823	SQ1311_Sample002	LTX033	Cáncer	5	770	2322022	TracerX	2	19	10600447	823	1,000	G	A
824	SQ1311_Sample002	LTX033	Cáncer	5	770	2322022	TracerX	2	17	4439438	824	1,000	G	A
825	SQ1311_Sample002	LTX033	Cáncer	5	770	2322022	TracerX	2	70	62165606	825	1,000	G	T
826	SQ1311_Sample002	LTX033	Cáncer	5	770	2322022	TracerX	2	1	152732873	826	1,000	C	A
827	SQ1311_Sample002	LTX033	Cáncer	5	770	2322022	TracerX	2	7	4947050	827	1,000	G	I
828	SQ1311_Sample002	LTX033	Cáncer	5	770	2322022	TracerX	2	17	7350222	828	1,000	C	A
829	SQ1311_Sample002	LTX033	Cáncer	5	770	2322022	TracerX	2	22	21167719	829	1,000	G	A
830	SQ1311_Sample002	LTX033	Cáncer	5	770	2322022	TracerX	2	3	100093927	830	1,000	G	T
831	SQ1311_Sample002	LTX033	Cáncer	5	770	2322022	TracerX	2	20	35862487	831	0,997	T	C
832	SQ1311_Sample002	LTX033	Cáncer	5	770	2322022	TracerX	2	2	26700580	832	0,904	G	A
833	SQ1311_Sample002	LTX033	Cáncer	5	770	2322022	TracerX	2	23	96604657	833	1,000	G	T
834	SQ1311_Sample002	LTX033	Cáncer	5	770	2322022	TracerX	2	13	38177799	834	0,874	T	C
835	SQ1311_Sample002	LTX033	Cáncer	5	770	2322022	TracerX	2	3	147121807	835	1,000	C	A
836	SQ1311_Sample002	LTX033	Cáncer	5	770	2322022	TracerX	2	9	35057178	836	0,836	C	T
837	SQ1311_Sample002	LTX033	Cáncer	5	770	2322022	TracerX	2	16	29791531	837	1,000	G	I

Figura 20 (cont.)

Número de fila	ID de muestra	Nombre de muestra	Tipo muestra	Mezcla	Código Barras	SeqId	Proyecto	Número de muestra	Cro.	Pos	Número de fila	MutConf	Ref	Mut
838	SQ1311_Sample002	LTX033	Cáncer	5	770	2322022	TracerX	2	19	57285130	838	0,677	C	T
839	SQ1311_Sample002	LTX033	Cáncer	5	770	2322022	TracerX	2	17	75134464	839	0,416	G	A
840	SQ1311_Sample005	LTX091	Cáncer	5	777	2322028	TracerX	6	19	10602907	840	0,338	G	A
841	SQ1311_Sample005	LTX091	Cáncer	5	777	2322028	TracerX	6	19	1220487	841	0,358	G	A
842	SQ1311_Sample005	LTX091	Cáncer	5	777	2322028	TracerX	6	6	106555068	842	0,889	G	A
843	SQ1311_Sample005	LTX091	Cáncer	5	777	2322028	TracerX	6	1	155874286	843	0,499	A	C
844	SQ1311_Sample005	LTX091	Cáncer	5	777	2322028	TracerX	6	12	91449475	844	0,467	A	C
845	SQ1311_Sample005	LTX091	Cáncer	5	777	2322028	TracerX	6	11	74800778	845	0,438	G	I
846	SQ1311_Sample005	LTX091	Cáncer	5	777	2322020	TracerX	6	1	54675768	846	0,336	C	A
847	SQ1311_Sample005	LTX091	Cáncer	5	777	2322028	TracerX	6	17	8045743	847	NaN	A	C
848	SQ1311_Sample005	LTX091	Cáncer	5	777	2322028	TracerX	6	1	214170777	848	0,334	G	T
849	SQ1311_Sample005	LTX091	Cáncer	5	777	2322028	TracerX	6	1	109859508	849	0,886	C	G
850	SQ1311_Sample005	LTX091	Cáncer	5	777	2322028	TracerX	6	7	142988670	850	0,388	G	T
851	SQ1311_Sample005	LTX091	Cáncer	5	777	2322028	TracerX	6	17	9559744	851	0,738	C	T
852	SQ1311_Sample005	LTX091	Cáncer	5	777	2322028	TracerX	6	12	114380190	852	0,778	A	G
853	SQ1311_Sample005	LTX091	Cáncer	5	777	2322028	TracerX	6	14	95562863	853	0,704	T	C
854	SQ1311_Sample005	LTX091	Cáncer	5	777	2322028	TracerX	6	12	112568613	854	0,375	G	A
855	SQ1311_Sample005	LTX091	Cáncer	5	777	2322028	TracerX	6	4	110791343	855	0,553	C	T
856	SQ1311_Sample005	LTX091	Cáncer	5	777	2322028	TracerX	6	2	16082277	856	0,775	G	A
857	SQ1311_Sample005	LTX091	Cáncer	5	777	2322028	TracerX	6	15	42580590	857	0,91	C	G
858	SQ1311_Sample005	LTX091	Cáncer	5	777	2322028	TracerX	6	22	31592935	858	0,295	C	T
859	SQ1311_Sample005	LTX076	Cáncer	5	773	2322025	TracerX	5	4	187521078	859	1,000	C	T
860	SQ1311_Sample005	LTX076	Cáncer	5	773	2322025	TracerX	5	17	7577090	860	1,000	C	C
861	SQ1311_Sample005	LTX076	Cáncer	5	773	2322025	TracerX	5	12	133225515	861	1,000	C	A
862	SQ1311_Sample005	LTX076	Cáncer	5	773	2322025	TracerX	5	14	21868192	862	1,000	G	A
863	SQ1311_Sample005	LTX076	Cáncer	5	773	2322025	TracerX	5	14	21868191	863	1,000	T	A
864	SQ1311_Sample005	LTX076	Cáncer	5	773	2322025	TracerX	5	6	138159630	864	0,925	C	I

Figura 20 (cont.)

Número de fila	ID de muestra	Nombre de muestra	Tipo muestra	Mezcla	Código Barras	SeqId	Proyecto	Número de muestra	Cro.	Pos	Número de fila	MutConf	Ref	Mut
865	SQ1311_Sample005	LTX076	Cáncer	5	773	2322025	TracerX	5	16	4043420	865	1,000	T	A
866	SQ1311_Sample005	LTX076	Cáncer	5	773	2322025	TracerX	5	7	98574134	866	1,000	T	A
867	SQ1311_Sample005	LTX076	Cáncer	5	773	2322025	TracerX	5	11	18434326	867	1,000	G	T
868	SQ1311_Sample005	LTX076	Cáncer	5	773	2322025	TracerX	5	17	7416153	868	1,000	G	T
869	SQ1311_Sample005	LTX076	Cáncer	5	773	2322025	TracerX	5	11	119045783	869	NaN	G	A
870	SQ1311_Sample005	LTX076	Cáncer	5	773	2322025	TracerX	5	5	19838947	870	1,000	C	T
871	SQ1311_Sample005	LTX076	Cáncer	5	773	2322025	TracerX	5	19	45209082	871	1,000	C	T
872	SQ1311_Sample005	LTX076	Cáncer	5	773	2327075	TracerX	5	23	32482787	872	1,000	C	G
873	SQ1311_Sample005	LTX076	Cáncer	5	173	2322025	TracerX	5	2	220884112	873	1,000	C	A
874	SQ1311_Sample005	LTX076	Cáncer	5	773	2322025	TracerX	5	16	3656696	874	1,000	T	A
875	SQ1311_Sample005	LTX076	Cáncer	5	773	2322025	TracerX	5	10	104136546	875	1,000	G	A
876	SQ1311_Sample005	LTX076	Cáncer	5	773	2322025	TracerX	5	10	79595553	876	1,000	C	A
877	SQ1311_Sample005	LTX076	Cáncer	5	773	2322025	TracerX	5	8	72182032	877	1,000	C	G
878	SQ1311_Sample005	LTX076	Cáncer	5	773	2322025	TracerX	5	3	53125957	878	1,000	G	C
879	SQ1311_Sample005	LTX076	Cáncer	5	773	2322025	TracerX	5	3	129251434	879	1,000	C	A
880	SQ1311_Sample009	LTX160	Cáncer	5	780	2327031	TracerX	9	12	25398284	880	1,000	C	A
881	SQ1311_Sample009	LTX160	Cáncer	5	780	2322031	TracerX	9	19	47491255	881	0,753	C	T
882	SQ1311_Sample009	LTX160	Cáncer	5	780	2322031	TracerX	9	19	11138504	882	0,371	G	T
883	SQ1311_Sample009	LTX160	Cáncer	5	780	2322031	TracerX	9	7	97361937	883	0,992	G	C
884	SQ1311_Sample009	LTX160	Cáncer	5	780	2322031	TracerX	9	11	64622898	884	1,000	T	A
885	SQ1311_Sample009	LTX160	Cáncer	5	780	2322031	TracerX	9	10	43797571	885	0,390	C	A
886	SQ1311_Sample009	LTX160	Cáncer	5	780	2322031	TracerX	9	18	61602264	886	0,401	G	C
887	SQ1311_Sample009	LTX160	Cáncer	5	780	2322031	TracerX	9	7	150777840	887	NaN	C	A
888	SQ1311_Sample009	LTX160	Cáncer	5	780	2322031	TracerX	9	2	27601137	888	0,473	C	A
889	SQ1311_Sample009	LTX160	Cáncer	5	780	2322031	TracerX	9	22	21990773	889	0,374	C	T
890	SQ1311_Sample009	LTX160	Cáncer	5	780	2322031	TracerX	9	4	8229319	890	0,817	C	A
891	SQ1311_Sample009	LTX160	Cáncer	5	780	2322031	TracerX	9	5	140744399	891	0,783	C	T

Figura 20 (cont.)

[illegible]

Figura 20 (cont.)

Número Fila	ReVAI	MutVAI	DOR	MutDOR	Media Normal	DesEst Normal	Tipo de Error	MutVAI - va	Número de Fila	Asignación	Categoría Conductora	Relación cional
1	99,972%	0,000%	14477	0	0,001%	0,004%	TRANSVERSIÓN	0,0000	1	0	1	1
2	99,976%	0,000%	50554	0	0,002%	0,002%	TRANSVERSIÓN	0,0000	2	0	2	1
3	99,966%	0,003%	32344	1	0,002%	0,004%	TRANSVERSIÓN	0,0031	3	0	2	1
4	99,969%	0,028%	42542	12	0,040%	0,015%	TRANSICIÓN	0,0282	4	0	1	1
5	100,000%	0,000%	9569	0	0,004%	0,007%	TRANSVERSIÓN	0,0000	5	0	4	1
6	99,949%	0,000%	29318	0	0,001%	0,002%	TRANSVERSIÓN	0,0000	6	0	4	1
7	99,960%	0,002%	44659	1	0,001%	0,001%	TRANSVERSIÓN	0,0022	7	0	4	1
8	99,980%	0,005%	54660	3	0,004%	0,002%	TRANSVERSIÓN	0,0046	8	0	4	1
9	99,987%	0,006%	51846	4	0,011%	0,005%	TRANSICIÓN	0,0065	9	0	3	0,5
10	99,943%	0,000%	52505	0	0,003%	0,004%	TRANSVERSIÓN	0,0000	10	0	4	1
11	99,954%	0,006%	49973	3	0,003%	0,003%	TRANSVERSIÓN	0,0060	11	0	4	0,5
12	99,965%	0,000%	59116	0	0,001%	0,001%	TRANSVERSIÓN	0,0000	12	0	4	0,5
13	99,970%	0,001%	72565	1	0,003%	0,004%	TRANSVERSIÓN	0,0014	13	0	4	1
14	99,989%	0,002%	51574	1	0,003%	0,002%	TRANSVERSIÓN	0,0016	14	0	4	1
16	99,942%	0,000%	50965	0	0,003%	0,002%	TRANSVERSIÓN	0,0000	16	0	4	1
17	99,959%	0,008%	50185	5	0,002%	0,002%	TRANSVERSIÓN	0,0083	17	0	4	1
18	99,962%	0,000%	8654	0	0,004%	0,007%	TRANSVERSIÓN	0,0000	18	0	1	1
19	99,942%	0,000%	8638	0	0,002%	0,004%	TRANSVERSIÓN	0,0000	19	0	1	1
20	99,942%	0,010%	40946	4	0,032%	0,003%	TRANSICIÓN	0,0098	20	0	1	1
21	99,983%	0,000%	6673	0	0,003%	0,003%	TRANSVERSIÓN	0,0000	21	0	2	1
22	99,970%	0,057%	15688	9	0,039%	0,015%	TRANSICIÓN	0,0574	22	0	2	1
23	99,943%	0,000%	33277	0	0,002%	0,003%	TRANSVERSIÓN	0,0000	23	0	2	1
24	99,976%	0,000%	18943	0	0,001%	0,002%	TRANSVERSIÓN	0,0000	24	0	2	1
25	99,979%	0,028%	39485	11	0,027%	0,011%	TRANSICIÓN	0,0279	25	0	1	1
26	99,967%	0,017%	29005	5	0,035%	0,013%	TRANSICIÓN	0,0172	26	0	2	1
27	99,983%	0,003%	30822	1	0,004%	0,005%	TRANSVERSIÓN	0,0032	27	0	2	0,5

Figura 20 (CONT.)

Número Fila	RefVAF	MutVAF	DCR	MutDOR	Media Normal	DecvEst Normal	Tipo de Error	MutVAF va	Número de Fila	Asignación	Categoría Conductora	Relación clonal
28	99,973%	0,004%	47600	2	0,002%	0,032%	TRANSVERSIÓN	0,0042	28	0	1	0,75
29	99,974%	0,022%	23218	5	0,024%	0,039%	TRANSICIÓN	0,0215	29	0	2	0,75
30	99,968%	0,000%	12593	0	0,001%	0,033%	TRANSVERSIÓN	0,0000	30	0	2	0,5
31	99,955%	0,000%	61693	0	0,001%	0,031%	TRANSVERSIÓN	0,0000	31	0	4	0,75
32	99,939%	0,015%	19768	3	0,004%	0,034%	TRANSVERSIÓN	0,0157	32	0	4	1
33	99,949%	0,006%	47266	3	0,007%	0,034%	TRANSVERSIÓN	0,0063	33	0	4	0,5
34	99,975%	0,006%	16257	1	0,001%	0,032%	TRANSVERSIÓN	0,0062	34	0	4	0,75
35	99,984%	0,000%	55749	0	0,002%	0,032%	TRANSVERSIÓN	0,0000	35	0	4	0,5
36	99,963%	0,000%	61921	0	0,001%	0,031%	TRANSVERSIÓN	0,0000	36	0	4	0,25
37	99,964%	0,005%	61889	3	0,005%	0,032%	TRANSVERSIÓN	0,0048	37	0	4	0,25
38	99,962%	0,000%	18559	0	0,002%	0,033%	TRANSVERSIÓN	0,0000	38	0	4	0,25
39	99,960%	0,005%	37928	2	0,001%	0,032%	TRANSVERSIÓN	0,0053	39	0	4	0,25
40	99,941%	0,047%	34038	16	0,003%	0,033%	TRANSVERSIÓN	0,047	40	1	2	1
41	99,773%	0,206%	28622	59	0,001%	0,032%	TRANSVERSIÓN	0,2061	41	1	1	1
42	99,983%	0,010%	40090	4	0,007%	0,034%	TRANSVERSIÓN	0,01	42	0	2	1
43	99,894%	0,059%	8498	5	0,005%	0,010%	TRANSVERSIÓN	0,0588	43	0	2	1
44	99,825%	0,115%	53250	61	0,001%	0,031%	TRANSVERSIÓN	0,1146	44	1	2	1
45	99,866%	0,132%	49129	65	0,027%	0,037%	TRANSICIÓN	0,1323	45	1	1	0,8
46	99,991%	0,006%	34059	2	0,029%	0,039%	TRANSICIÓN	0,0059	46	0	1	0,2
47	99,862%	0,087%	27625	24	0,004%	0,033%	TRANSVERSIÓN	0,0869	47	1	4	1
48	99,869%	0,073%	39700	29	0,004%	0,033%	TRANSVERSIÓN	0,073	48	1	4	1
49	99,921%	0,039%	49306	19	0,002%	0,032%	TRANSVERSIÓN	0,0385	49	1	4	1
50	99,973%	0,003%	29698	1	0,001%	0,031%	TRANSVERSIÓN	0,0034	50	0	4	0,2
51	99,943%	0,005%	21052	1	0,004%	0,034%	TRANSVERSIÓN	0,0048	51	0	4	0,2
52	99,927%	0,047%	19164	9	0,001%	0,032%	TRANSVERSIÓN	0,047	52	1	3	0,4
53	99,981%	0,004%	47991	2	0,001%	0,031%	TRANSVERSIÓN	0,0042	53	0	4	0,4
54	99,971%	0,002%	61703	1	0,004%	0,032%	TRANSVERSIÓN	0,0016	54	0	4	0,4

Figura 20 (CONT.)

Número de Fila	RefVAF	MutVAF	DOR	MutDOR	Media Normal	DesvEst Normal	Tipo de Error	MutVAF - PCT	Número de Fila	Asignación	Categoría Conductor	Relación clonal
55	100,000%	0,000%	5863	0	0,003%	0,005%	TRANSVERSION	0,0000	56	0	4	0,2
56	99,905%	0,000%	25968	0	0,003%	0,005%	TRANSVERSION	0,0000	56	0	4	0,2
57	99,972%	0,000%	21116	0	0,001%	0,002%	TRANSVERSION	0,0000	57	0	4	0,2
58	99,373%	1,628%	32812	534	0,002%	0,012%	TRANSICIÓN	1,6275	50	1	1	1
59	99,402%	1,540%	73891	1130	0,004%	0,003%	TRANSVERSION	1,5401	59	1	2	1
60	99,077%	1,095%	60376	661	0,001%	0,001%	TRANSVERSION	1,0946	60	1	2	1
61	99,900%	1,062%	23644	251	0,001%	0,001%	TRANSVERSION	1,0616	61	1	2	1
62	99,960%	0,034%	32773	11	0,016%	0,003%	TRANSICIÓN	0,0336	62	0	2	0,25
63	99,962%	0,018%	44346	8	0,028%	0,013%	TRANSICIÓN	0,0180	63	0	2	0,5
64	99,961%	0,017%	51495	9	0,020%	0,007%	TRANSICIÓN	0,0175	64	0	2	0,25
65	94,742%	5,155%	8779	450	0,000%	0,003%	TRANSVERSION	5,1557	65	1	4	1
66	98,701%	1,267%	71290	903	0,003%	0,002%	TRANSVERSION	1,2667	66	1	4	1
67	99,269%	0,398%	69156	483	0,001%	0,001%	TRANSVERSION	0,6984	67	1	4	1
68	98,704%	1,274%	58804	749	0,002%	0,002%	TRANSVERSION	1,2737	68	1	4	1
69	99,968%	0,000%	38189	0	0,001%	0,002%	TRANSVERSION	0,0000	69	0	4	0,5
70	99,969%	0,012%	64287	8	0,003%	0,002%	TRANSVERSION	0,0124	70	0	4	0,5
71	99,991%	0,005%	42207	2	0,001%	0,001%	TRANSVERSION	0,0047	71	0	4	0,5
72	99,987%	0,002%	47087	1	0,000%	0,001%	TRANSVERSION	0,0021	72	0	4	0,25
73	99,958%	0,004%	50364	2	0,002%	0,002%	TRANSVERSION	0,0040	73	0	4	0,25
74	99,974%	0,000%	68068	0	0,000%	0,001%	TRANSVERSION	0,0000	74	0	4	0,25
75	99,989%	0,000%	36577	0	0,000%	0,001%	TRANSVERSION	0,0000	75	0	4	0,25
76	98,124%	1,829%	31925	584	0,004%	0,003%	TRANSVERSION	1,8293	76	1	4	0,5
77	99,981%	0,000%	32415	0	0,000%	0,001%	TRANSVERSION	0,0000	77	0	4	0,25
78	99,966%	0,000%	61764	0	0,002%	0,002%	TRANSVERSION	0,0000	78	0	4	0,25
79	100,000%	0,000%	71	0	0,000%	0,000%	TRANSVERSION	0,0000	79		2	0,5
80	99,988%	0,006%	16867	1	0,032%	0,018%	TRANSICIÓN	0,0059	80	0	1	1
81	99,990%	0,000%	19887	0	0,001%	0,003%	TRANSVERSION	0,0000	81	0	2	1

Figura 20 (CONT.)

Número de Fila	ReNAF	MutNAF	DOR	MutDOR	Media Normal	DesvEst Normal	Tipo de Error	MutNAF - Número de FCT	Asignación	Categoría Conductor	Relación conal
82	99,372%	0,028%	14228	4	0,030%	0,027%	TRANSICIÓN	0,0281	0	2	1
83	99,357%	0,039%	23264	9	0,027%	0,015%	TRANSICIÓN	0,0387	0	2	1
84	99,388%	0,005%	56212	3	0,024%	0,003%	TRANSICIÓN	0,0053	0	2	0,5
85	99,374%	0,026%	22944	6	0,033%	0,012%	TRANSICIÓN	0,0262	0	1	0,5
86	99,364%	0,030%	16584	14	0,025%	0,005%	TRANSICIÓN	0,0301	0	2	1
87	99,375%	0,002%	43265	1	0,001%	0,001%	TRANSICIÓN	0,0023	0	1	0,5
88	99,368%	0,002%	56062	1	0,002%	0,002%	TRANSICIÓN	0,0018	0	4	1
89	99,353%	0,027%	70734	8	0,005%	0,004%	TRANSICIÓN	0,0269	0	4	1
90	99,369%	0,002%	45430	1	0,004%	0,003%	TRANSICIÓN	0,0022	0	4	1
91	99,383%	0,000%	34744	0	0,002%	0,002%	TRANSICIÓN	0,0000	0	4	0,5
92	99,374%	0,007%	54767	4	0,001%	0,001%	TRANSICIÓN	0,0073	0	4	0,5
93	99,374%	0,000%	58575	0	0,001%	0,002%	TRANSICIÓN	0,0000	0	4	0,5
94	99,376%	0,003%	58973	2	0,003%	0,002%	TRANSICIÓN	0,0034	0	4	0,5
95	99,374%	0,000%	26862	0	0,003%	0,003%	TRANSICIÓN	0,0000	0	4	0,5
96	99,395%	0,000%	27218	0	0,002%	0,003%	TRANSICIÓN	0,0000	0	4	0,5
97	99,367%	0,003%	32926	1	0,002%	0,002%	TRANSICIÓN	0,0030	0	4	0,5
98	99,387%	0,013%	30955	4	0,030%	0,011%	TRANSICIÓN	0,0129	0	1	1
99	99,385%	0,012%	59968	7	0,011%	0,004%	TRANSICIÓN	0,0117	0	2	0,66667
100	100,000%	0,000%	2359	0	0,023%	0,035%	TRANSICIÓN	0,0000	0	1	0,66667
101	99,335%	0,000%	39856	0	0,001%	0,002%	TRANSICIÓN	0,0000	0	2	0,33333
102	99,360%	0,000%	4979	0	0,002%	0,005%	TRANSICIÓN	0,0000	0	2	0,33333
103	99,364%	0,026%	57348	16	0,029%	0,010%	TRANSICIÓN	0,0261	0	2	0,33333
104	100,000%	0,000%	4066	0	0,000%	0,003%	TRANSICIÓN	0,0000	0	1	0,33333
105	99,382%	0,016%	57873	10	0,028%	0,003%	TRANSICIÓN	0,0162	0	2	0,33333
106	99,365%	0,041%	49019	20	0,032%	0,003%	TRANSICIÓN	0,0403	0	1	0,33333
107	99,376%	0,024%	20716	5	0,038%	0,017%	TRANSICIÓN	0,0241	0	2	0,33333
108	99,362%	0,002%	55268	1	0,002%	0,002%	TRANSICIÓN	0,0018	0	2	0,33333

Figura 20 (CONT.)

Número de Hila	RefVAF	MitVAF	NOR	MitNOR	Media Normal	DesvEst Normal	Tipo de Error	MitVAF-HCI	Número de Hila	Asignación	Categoría Conductor	Relación clonal
109	99,905%	0,000%	1051	0	0,066%	0,135%	TRANSICIÓN	0,000	109	0	2	0,333333
110	99,965%	0,032%	45220	1	0,001%	0,001%	TRANSICIÓN	0,0022	110	0	1	0,333333
111	99,975%	0,021%	75824	1	0,002%	0,003%	TRANSICIÓN	0,0013	111	0	4	0,333333
112	99,065%	0,000%	20870	0	0,001%	0,002%	TRANSICIÓN	0,000	112	0	4	0,333333
113	99,971%	0,000%	31239	0	0,001%	0,002%	TRANSICIÓN	0,000	113	0	4	0,333333
114	99,955%	0,002%	54117	1	0,001%	0,002%	TRANSICIÓN	0,0016	114	0	4	0,333333
115	99,956%	0,000%	22915	0	0,002%	0,003%	TRANSICIÓN	0,000	115	0	4	0,333333
126	99,984%	0,001%	76682	1	0,000%	0,001%	TRANSICIÓN	0,0013	116	0	4	0,333333
117	99,977%	0,000%	50030	0	0,001%	0,001%	TRANSICIÓN	0,000	117	0	2	0,666667
118	99,888%	0,102%	71494	27	0,038%	0,011%	TRANSICIÓN	0,1074	118	1	1	0,666667
119	99,859%	0,090%	41218	33	0,001%	0,001%	TRANSICIÓN	0,0901	119	1	1	0,666667
120	99,952%	0,015%	25136	4	0,003%	0,004%	TRANSICIÓN	0,0159	120	0	4	0,666667
121	99,829%	0,140%	35636	50	0,001%	0,003%	TRANSICIÓN	0,1402	121	1	4	0,666667
122	99,956%	0,019%	43151	8	0,001%	0,001%	TRANSICIÓN	0,0185	122	1	4	0,666667
123	99,917%	0,034%	44430	15	0,002%	0,002%	TRANSICIÓN	0,0337	123	1	4	0,666667
124	100,000%	0,000%	1805	0	0,001%	0,001%	TRANSICIÓN	0,000	124	0	4	0,666667
125	99,962%	0,000%	22756	0	0,001%	0,002%	TRANSICIÓN	0,000	125	0	4	0,333333
126	99,864%	0,000%	859	0	0,000%	0,000%	TRANSICIÓN	0,000	126	0	4	0,333333
127	99,974%	0,000%	52614	0	0,003%	0,002%	TRANSICIÓN	0,000	127	0	4	0,333333
128	99,963%	0,000%	42874	0	0,001%	0,002%	TRANSICIÓN	0,000	128	0	4	0,333333
129	100,000%	0,000%	941	0	0,007%	0,026%	TRANSICIÓN	0,000	129	0	4	0,333333
130	99,953%	0,045%	44915	20	0,043%	0,009%	TRANSICIÓN	0,0445	130	0	4	0,333333
131	99,980%	0,000%	4893	0	0,006%	0,005%	TRANSICIÓN	0,000	131	0	4	0,333333
132	99,974%	0,002%	53432	1	0,001%	0,001%	TRANSICIÓN	0,0019	132	0	4	0,333333
133	99,959%	0,031%	9799	3	0,033%	0,015%	TRANSICIÓN	0,0306	133	0	4	0,333333
134	100,000%	0,000%	1721	0	0,002%	0,003%	TRANSICIÓN	0,000	134	0	4	0,333333
135	99,960%	0,000%	5048	0	0,004%	0,000%	TRANSICIÓN	0,000	135	0	4	0,333333

Figura 20 (CONT.)

Número de Fila	Raf/VAF	Mut/VAF	DOR	MutDOR	Meda Normal	DesvEst Normal	Tipo de Error	MutVAF - PCT	Número de Fila	Asignación	Categoría Conductura	Relación clonal
136	99,528%	0,442%	70369	311	0,002%	0,002%	TRANSVERSIÓN	0,4420	136	1	1	1
137	99,649%	0,339%	23921	81	0,001%	0,002%	TRANSVERSIÓN	0,3386	137	1	1	1
138	99,813%	0,150%	84682	127	0,002%	0,002%	TRANSVERSIÓN	0,1500	138	1	1	1
139	99,926%	0,067%	54063	36	0,025%	0,011%	TRANSICIÓN	0,0666	139	0	2	0,5
140	99,686%	0,283%	63649	180	0,002%	0,001%	TRANSVERSIÓN	0,2828	140	1	4	1
141	99,726%	0,231%	30270	70	0,001%	0,002%	TRANSVERSIÓN	0,2313	141	1	4	1
142	99,714%	0,246%	74474	183	0,002%	0,003%	TRANSVERSIÓN	0,2457	142	1	4	1
143	99,604%	0,334%	40375	135	0,005%	0,003%	TRANSVERSIÓN	0,3344	143	1	4	1
144	99,965%	0,010%	40343	4	0,001%	0,003%	TRANSVERSIÓN	0,0099	144	0	4	0,25
145	99,958%	0,005%	82361	4	0,002%	0,001%	TRANSVERSIÓN	0,0049	145	0	4	0,25
146	99,844%	0,138%	33236	46	0,003%	0,003%	TRANSVERSIÓN	0,1384	146	1	4	0,5
147	99,915%	0,064%	14139	9	0,005%	0,006%	TRANSVERSIÓN	0,0637	147	1	4	0,25
148	99,880%	0,120%	831	1	0,008%	0,030%	TRANSVERSIÓN	0,1203	148		4	0,25
149	99,965%	0,012%	51042	6	0,001%	0,001%	TRANSVERSIÓN	0,0118	149	1	4	0,5
150	99,963%	0,007%	29354	2	0,003%	0,004%	TRANSVERSIÓN	0,0068	150	0	4	0,25
151	99,774%	0,201%	3975	8	0,008%	0,022%	TRANSVERSIÓN	0,2013	151	1	3	0,25
152	99,923%	0,054%	64692	35	0,002%	0,002%	TRANSVERSIÓN	0,0541	152	1	4	0,25
153	99,948%	0,014%	49582	7	0,002%	0,002%	TRANSVERSIÓN	0,0141	153	0	4	0,25
154	99,887%	0,109%	53989	59	0,020%	0,007%	TRANSICIÓN	0,1093	154	1	1	1
155	99,960%	0,003%	32779	1	0,002%	0,003%	TRANSVERSIÓN	0,0031	155	0	1	0,142857
156	99,926%	0,069%	87068	60	0,028%	0,009%	TRANSICIÓN	0,0689	156	1	4	1
157	99,908%	0,063%	49063	31	0,006%	0,003%	TRANSVERSIÓN	0,0632	157	1	4	1
158	99,903%	0,061%	8248	5	0,001%	0,004%	TRANSVERSIÓN	0,0606	158	1	4	1
159	99,953%	0,032%	68302	22	0,005%	0,002%	TRANSVERSIÓN	0,0322	0	1	4	1
160	99,906%	0,066%	28751	19	0,003%	0,004%	TRANSVERSIÓN	0,0661	160	1	4	1
161	99,938%	0,062%	25870	16	0,027%	0,012%	TRANSICIÓN	0,0618	161	0	4	1
162	99,897%	0,097%	55471	54	0,045%	0,014%	TRANSICIÓN	0,0973	162	0	4	1

Figura 20 (CONT.)

Número de Fila	RafVAF	MutVAF	DCR	MutDOR	Media Normal	DeseEst Normal	Tipo de Error	MutVAF - PCT	Número de Fila	Asignación	Categoría Conductor	Relación clonal
163	99,958%	0,038%	47354	18	0,028%	0,011%	TRANSICIÓN	0,0380	163	0	4	1
164	99,936%	0,056%	37608	21	0,044%	0,017%	TRANSICIÓN	0,0558	164	0	4	0,14286
165	99,970%	0,029%	66173	19	0,034%	0,011%	TRANSICIÓN	0,0287	165	0	4	0,14285
166	99,958%	0,029%	78312	23	0,027%	0,008%	TRANSICIÓN	0,0294	166	0	4	0,14286
167	99,950%	0,047%	32060	15	0,036%	0,014%	TRANSICIÓN	0,0468	167	0	4	0,14286
168	99,935%	0,044%	46212	2	0,011%	0,007%	TRANSICIÓN	0,0043	168	0	4	0,14236
169	99,976%	0,000%	8252	0	0,000%	0,000%	TRANSVERSÓN	0,0000	169	0	4	0,14286
170	99,971%	0,000%	37813	0	0,001%	0,001%	TRANSVERSÓN	0,0000	170	0	4	0,14286
171	99,974%	0,003%	77091	2	0,004%	0,002%	TRANSVERSÓN	0,0026	171	0	4	0,14286
172	99,942%	0,051%	46949	24	0,028%	0,009%	TRANSICIÓN	0,0511	172	0	4	0,14286
173	98,324%	1,651%	8116	135	0,002%	0,007%	TRANSVERSÓN	1,6512	173	1	1	1
174	99,976%	0,024%	12381	3	0,028%	0,017%	TRANSICIÓN	0,0242	174	0	2	0,2
175	99,673%	0,295%	58380	172	0,003%	0,002%	TRANSVERSÓN	0,2946	175	1	4	1
176	99,545%	0,408%	48968	200	0,006%	0,003%	TRANSVERSÓN	0,4084	176	1	4	1
177	98,926%	1,074%	3073	33	0,002%	0,008%	TRANSVERSÓN	1,0739	177	1	4	1
178	99,979%	0,000%	23718	0	0,000%	0,001%	TRANSVERSÓN	0,0000	178	0	4	0,2
179	99,916%	0,075%	59037	45	0,006%	0,003%	TRANSVERSÓN	0,0752	179	1	4	0,2
180	99,907%	0,058%	22506	13	0,002%	0,003%	TRANSVERSÓN	0,0578	180	1	4	0,2
181	99,979%	0,000%	23830	0	0,001%	0,001%	TRANSVERSÓN	0,0000	181	0	4	0,2
182	99,931%	0,006%	46406	3	0,010%	0,003%	TRANSVERSÓN	0,0065	182	0	4	0,2
183	99,970%	0,000%	36822	0	0,001%	0,001%	TRANSVERSÓN	0,0000	183	0	4	0,2
184	99,959%	0,009%	58499	5	0,005%	0,003%	TRANSVERSÓN	0,0085	184	0	4	0,2
185	99,938%	0,003%	32083	1	0,006%	0,004%	TRANSVERSÓN	0,0031	185	0	4	0,2
186	99,954%	0,010%	50217	5	0,002%	0,002%	TRANSVERSÓN	0,0100	186	0	4	0,2
187	99,555%	0,426%	57577	245	0,004%	0,002%	TRANSVERSÓN	0,4255	187	1	4	0,6
188	99,657%	0,330%	62131	205	0,007%	0,002%	TRANSVERSÓN	0,3300	188	1	4	0,6
189	99,139%	0,758%	61781	468	0,001%	0,002%	TRANSVERSÓN	0,7575	189	1	4	0,6

Figura 20 (CONT.)

Número de Fila	RefVAF	MutVAF	DOR	MurDOR	Media Normal	DesvEst Normal	Tipo de Error	MutVAF - PCT	Número de Fila	Asignación	Categoría Conductora	Relación cional
190	99,548%	0,359%	55943	223	0,002%	0,001%	TRANSVERSIÓN	0,386	190	1	4	0,6
191	100,000%	0,000%	149	0	0,000%	0,000%	TRANSVERSIÓN	0,000	191		4	0,4
192	100,000%	0,000%	2	0	0,000%	0,000%	TRANSVERSIÓN	0,000	192		1	1
193	99,040%	0,924%	5627	52	0,002%	0,006%	TRANSVERSIÓN	0,924	193	1	4	0,75
194	99,473%	0,456%	3226	16	0,001%	0,005%	TRANSVERSIÓN	0,4960	194	1	4	1
195	99,339%	0,638%	59757	381	0,003%	0,002%	TRANSVERSIÓN	0,6376	195	1	4	0,75
196	99,847%	0,130%	43830	57	0,001%	0,002%	TRANSVERSIÓN	0,1299	196	1	4	0,75
197	99,311%	0,663%	30631	203	0,002%	0,002%	TRANSVERSIÓN	0,6327	197	1	4	0,75
198	99,181%	0,813%	61650	501	0,000%	0,000%	TRANSVERSIÓN	0,8125	198	1	4	0,75
199	100,000%	0,000%	550	0	0,012%	0,036%	TRANSVERSIÓN	0,000	199		4	0,25
200	99,950%	0,029%	33957	10	0,002%	0,003%	TRANSVERSIÓN	0,0291	200	1	4	0,25
201	99,909%	0,051%	56197	51	0,023%	0,009%	TRANSICIÓN	0,0908	201	1	4	0,25
202	99,959%	0,006%	17008	1	0,003%	0,005%	TRANSVERSIÓN	0,0159	202	0	4	0,25
203	99,955%	0,041%	26630	11	0,003%	0,003%	TRANSVERSIÓN	0,0412	203	1	4	0,25
204	81,308%	0,051%	53848	33	0,003%	0,007%	TRANSVERSIÓN	0,0513	204	1	4	0,25
205	99,973%	0,001%	72785	1	0,002%	0,001%	TRANSVERSIÓN	0,0014	205	0	4	0,25
206	99,437%	0,535%	39229	210	0,003%	0,002%	TRANSVERSIÓN	0,5353	206	1	4	0,75
207	99,880%	0,051%	52604	17	0,003%	0,002%	TRANSVERSIÓN	0,0513	207	1	4	0,25
208	99,873%	0,055%	57676	55	0,001%	0,001%	TRANSVERSIÓN	0,0954	208	1	4	0,25
209	99,732%	0,218%	63348	138	0,001%	0,001%	TRANSVERSIÓN	0,2178	209	1	4	25
210	99,978%	0,016%	82128	13	0,007%	0,003%	TRANSICIÓN	0,0158	210	0	1	1
211	99,991%	0,000%	23429	0	0,002%	0,004%	TRANSVERSIÓN	0,000	211	0	2	1
212	99,930%	0,019%	73340	14	0,003%	0,003%	TRANSVERSIÓN	0,0191	212	0	1	1
213	99,956%	0,005%	59232	3	0,004%	0,003%	TRANSVERSIÓN	0,0051	213	0	2	0,66667
214	99,962%	0,034%	92382	31	0,037%	0,009%	TRANSICIÓN	0,0336	214	0	2	0,33333
215	99,927%	0,011%	17095	2	0,001%	0,001%	TRANSVERSIÓN	0,0112	215	1	4	1
216	99,963%	0,011%	45876	5	0,001%	0,001%	TRANSVERSIÓN	0,0109	216	1	4	1

Figura 20 (CONT.)

Número de Fila	ReVAF	MutVAF	DOR	MutDOR	Media Normal	LesVest Normal	Tipo de Error	MutVAF - PCT	Número de Fila	Asignación	Categoría Conductora	Relación clonal
217	59,963%	0,008%	24021	2	0,001%	0,002%	TRANSVERSIÓN	0,0083	217	0	4	1
218	59,972%	0,003%	32009	1	0,004%	0,004%	TRANSVERSIÓN	0,0031	218	0	4	0,66567
219	59,961%	0,000%	59520	0	0,001%	0,001%	TRANSVERSIÓN	0,0000	219	0	4	0,33333
220	59,939%	0,000%	4882	0	0,001%	0,003%	TRANSVERSIÓN	0,0000	220	0	4	0,33333
221	59,978%	0,001%	131526	1	0,001%	0,001%	TRANSVERSIÓN	0,0008	221	0	3	0,33333
222	59,974%	0,003%	37763	1	0,001%	0,002%	TRANSVERSIÓN	0,0026	222	0	4	0,66567
223	59,953%	0,000%	33961	0	0,001%	0,001%	TRANSVERSIÓN	0,0000	223	0	4	0,66567
224	59,985%	0,000%	26187	0	0,005%	0,004%	TRANSVERSIÓN	0,0000	224	0	4	0,66567
225	59,955%	0,000%	22347	0	0,009%	0,001%	TRANSVERSIÓN	0,0000	225	0	4	0,33333
226	59,980%	0,000%	39791	0	0,001%	0,001%	TRANSVERSIÓN	0,0000	226	0	4	0,33333
227	59,969%	0,000%	55241	0	0,002%	0,005%	TRANSVERSIÓN	0,0000	227	0	1	0,5
228	59,918%	0,000%	29121	0	0,007%	0,005%	TRANSVERSIÓN	0,0000	228	0	1	0,5
229	59,966%	0,030%	50130	15	0,027%	0,009%	TRANSICIÓN	0,0299	229	0	1	0,5
230	59,974%	0,002%	42283	1	0,002%	0,001%	TRANSVERSIÓN	0,0024	230	0	2	0,5
231	59,966%	0,001%	75305	1	0,001%	0,001%	TRANSVERSIÓN	0,0013	231	0	1	0,5
232	59,993%	0,002%	45188	1	0,003%	0,004%	TRANSVERSIÓN	0,0022	232	0	1	0,5
233	59,971%	0,001%	101704	1	0,002%	0,001%	TRANSVERSIÓN	0,0010	233	0	4	0,5
234	59,989%	0,006%	79007	5	0,005%	0,002%	TRANSVERSIÓN	0,0063	234	0	4	0,5
235	59,945%	0,000%	12595	0	0,001%	0,003%	TRANSVERSIÓN	0,0000	235	0	4	0,5
236	59,979%	0,003%	87332	3	0,005%	0,002%	TRANSVERSIÓN	0,0034	236	0	4	0,5
237	59,926%	0,000%	10781	0	0,004%	0,006%	TRANSVERSIÓN	0,0000	237	0	4	0,5
238	59,954%	0,002%	48304	1	0,002%	0,005%	TRANSVERSIÓN	0,0021	238	0	4	0,2
239	59,962%	0,035%	52014	18	0,031%	0,010%	TRANSICIÓN	0,0346	239	0	4	0,2
240	59,975%	0,023%	52000	1	0,023%	0,010%	TRANSICIÓN	0,0231	240	0	4	0,2
241	59,960%	0,034%	34589	29	0,031%	0,010%	TRANSICIÓN	0,0342	241	0	4	0,2
242	59,964%	0,005%	54973	3	0,004%	0,003%	TRANSVERSIÓN	0,0055	242	0	4	0,4
243	59,963%	0,000%	13542	0	0,001%	0,003%	TRANSVERSIÓN	0,0000	243	0	4	0,4

Figura 20 (CONT.)

Número de Fila	RefVAF	MutVAF	POR	MutDOR	Media Normal	DesvEst Normal	Tipo de Error	MutVAF - PCL	Número de Fila	Asignación	Categoría Conductora	Reacción clonal
244	99,958%	0,002%	98259	2	0,003%	0,002%	TRANSVERSION	0,0320	244	0	4	0,4
245	99,966%	0,003%	93239	3	0,002%	0,001%	TRANSVERSION	0,0332	245	0	4	0,4
246	99,975%	0,000%	56951	0	0,004%	0,003%	TRANSVERSION	0,0300	246	0	1	1
247	99,950%	0,005%	28357	10	0,030%	0,016%	TRANSITION	0,0353	247	0	1	0,25
253	100,000%	0,000%	787	0	0,087%	0,160%	TRANSITION	0,0300	248		2	0,25
249	NaN	NaN	0	NaN	0,027%	0,003%	TRANSITION	#VALUE!	249		2	0,25
250	99,963%	0,004%	72134	3	0,006%	0,003%	TRANSVERSION	0,0342	250	0	4	1
251	99,967%	0,001%	71830	1	0,001%	0,001%	TRANSVERSION	0,0314	251	0	4	1
252	99,979%	0,000%	34032	0	0,000%	0,001%	TRANSVERSION	0,0300	252	0	4	1
253	99,970%	0,003%	30239	1	0,001%	0,002%	TRANSVERSION	0,0333	253	0	3	0,25
254	99,982%	0,000%	77312	0	0,001%	0,003%	TRANSVERSION	0,0300	254	0	4	0,25
255	99,986%	0,000%	62479	0	0,001%	0,001%	TRANSVERSION	0,0300	255	0	4	0,25
256	99,981%	0,002%	61251	1	0,002%	0,002%	TRANSVERSION	0,0316	256	0	4	0,25
257	99,949%	0,000%	80603	0	0,001%	0,001%	TRANSVERSION	0,0300	257	0	4	0,25
258	99,961%	0,000%	43541	0	0,007%	0,002%	TRANSVERSION	0,0300	258	0	4	0,5
259	99,914%	0,034%	76703	2	0,003%	0,002%	TRANSVERSION	0,0326	259	0	4	0,5
260	99,962%	0,000%	18443	0	0,003%	0,004%	TRANSVERSION	0,0300	260	0	4	0,25
261	99,926%	0,000%	39036	0	0,004%	0,003%	TRANSVERSION	0,0300	261	0	4	0,25
262	99,970%	0,002%	101412	2	0,003%	0,002%	TRANSVERSION	0,0320	262	0	4	0,25
263	99,970%	0,005%	60021	3	0,005%	0,003%	TRANSVERSION	0,0350	263	0	4	0,25
264	99,963%	0,003%	64825	2	0,004%	0,003%	TRANSVERSION	0,0331	264	0	4	0,25
265	99,987%	0,000%	46646	0	0,000%	0,001%	TRANSVERSION	0,0300	265	0	4	0,25
266	97,253%	2,723%	29118	793	0,003%	0,004%	TRANSVERSION	2,7234	266	1	2	1
267	98,080%	1,865%	28748	536	0,005%	0,004%	TRANSVERSION	1,8545	267	1	1	1
268	96,963%	3,037%	5564	169	0,004%	0,011%	TRANSVERSION	3,0374	268	1	2	1
269	96,885%	3,043%	5553	169	0,002%	0,008%	TRANSVERSION	3,0434	269	1	2	1
270	99,073%	0,916%	80238	735	0,006%	0,003%	TRANSVERSION	0,9160	270	1	2	1

Figura 20 (CONT.)

Número de Fila	RefVAF	MutVAF	DOR	MutDCR	Media Normal	DasEst: Normal	Tipo de Error	MutVAF - PCT	Número de Fila	Asignación	Categoría Conductora	Relación Global
271	97,311%	2,689%	25919	597	0,044%	0,018%	TRANSICIÓN	2,6891	271	1	2	1
272	96,909%	1,078%	29963	323	0,002%	0,003%	TRANSICIÓN	1,0780	272	1	1	1
273	99,937%	0,061%	61931	38	0,030%	0,009%	TRANSICIÓN	0,0614	273	0	1	0,33333
274	99,936%	0,000%	41743	0	0,004%	0,003%	TRANSICIÓN	0,0000	274	0	1	0,33333
275	99,916%	0,035%	14256	5	0,002%	0,003%	TRANSICIÓN	0,0351	275	1	2	0,66667
276	99,933%	0,017%	5733	1	0,002%	0,006%	TRANSICIÓN	0,0173	276	0	2	0,66667
277	98,700%	1,285%	19523	256	0,001%	0,002%	TRANSICIÓN	1,2849	277	1	3	1
278	98,933%	1,036%	44501	465	0,002%	0,001%	TRANSICIÓN	1,0355	278	1	4	1
279	97,891%	2,070%	27640	572	0,002%	0,002%	TRANSICIÓN	2,0695	279	1	4	1
280	98,252%	1,713%	44127	756	0,002%	0,002%	TRANSICIÓN	1,7132	280	1	4	1
281	98,037%	1,869%	66818	1249	0,003%	0,002%	TRANSICIÓN	1,8693	281	1	4	1
282	99,113%	0,860%	40483	348	0,007%	0,004%	TRANSICIÓN	0,8596	282	1	4	1
283	99,437%	0,478%	42297	202	0,004%	0,004%	TRANSICIÓN	0,4776	283	1	4	0,33333
284	99,919%	0,028%	68742	19	0,004%	0,003%	TRANSICIÓN	0,0276	284	1	4	0,33333
285	98,546%	1,423%	3153	45	0,005%	0,010%	TRANSICIÓN	1,4227	285	1	3	0,33333
286	99,595%	0,362%	91620	332	0,000%	0,001%	TRANSICIÓN	0,3624	286	1	4	0,33333
287	99,759%	0,241%	1658	4	0,040%	0,045%	TRANSICIÓN	0,2413	287	0	2	0,42857
288	99,158%	0,823%	33283	274	0,035%	0,013%	TRANSICIÓN	0,8232	288	1	1	0,85714
289	99,915%	0,081%	80383	65	0,027%	0,008%	TRANSICIÓN	0,0809	289	1	1	0,28571
290	99,234%	0,693%	60298	418	0,000%	0,000%	TRANSICIÓN	0,6932	290	1	4	0,71429
291	99,625%	0,349%	67377	235	0,003%	0,002%	TRANSICIÓN	0,3488	291	1	4	0,71429
292	98,816%	1,164%	76375	389	0,007%	0,003%	TRANSICIÓN	1,1640	292	1	4	0,71429
293	94,850%	5,064%	3959	201	0,002%	0,008%	TRANSICIÓN	5,0642	293	1	4	0,85714
294	99,130%	0,843%	71507	503	0,003%	0,002%	TRANSICIÓN	0,8433	294	1	4	0,71429
295	99,913%	0,020%	80608	16	0,001%	0,001%	TRANSICIÓN	0,0198	295	1	4	0,28571
296	99,925%	0,044%	61121	27	0,001%	0,001%	TRANSICIÓN	0,0442	296	1	4	0,28571
297	99,432%	0,526%	93367	491	0,002%	0,002%	TRANSICIÓN	0,5259	297	1	4	0,42857

Figura 20 (CONT.)

Número de Fila	Re-VAF	Mut-VAF	DOR	MutDOR	Media Normal	DesvEst Normal	Tipo de Error	Mut-VAF - PCT	Número de Fila	Asignación	Categoría Conductora	Relación clonal
298	59,513%	0,457%	83501	382	0,001%	0,001%	TRANSVERSIÓN	0,4775	298	1	4	0,42857
299	59,651%	0,296%	2025	6	0,002%	0,009%	TRANSVERSIÓN	0,2963	299	1	4	0,42857
300	59,919%	0,041%	00002	33	0,004%	0,003%	TRANSVERSIÓN	0,0412	300	1	4	0,14286
301	59,975%	0,001%	67123	1	0,006%	0,003%	TRANSVERSIÓN	0,0015	301	0	4	0,14286
302	59,984%	0,000%	30715	0	0,001%	0,001%	TRANSVERSIÓN	0,0000	302	0	4	0,14286
303	59,973%	0,000%	25843	0	0,002%	0,002%	TRANSVERSIÓN	0,0000	303	0	4	0,14286
304	59,971%	0,001%	83844	1	0,001%	0,001%	TRANSVERSIÓN	0,0012	304	0	4	0,14286
305	59,990%	0,003%	31447	1	0,000%	0,001%	TRANSVERSIÓN	0,0032	305	0	4	0,14286
306	59,947%	0,052%	88195	46	0,012%	0,004%	TRANSICIÓN	0,0522	306	1	2	0,5
307	59,965%	0,000%	48607	0	0,002%	0,002%	TRANSVERSIÓN	0,0000	307	0	2	0,5
308	59,955%	0,042%	59815	25	0,025%	0,008%	TRANSICIÓN	0,0418	308	0	2	0,5
309	59,930%	0,065%	38307	25	0,048%	0,012%	TRANSICIÓN	0,0653	309	0	2	0,5
310	59,967%	0,000%	33571	0	0,001%	0,002%	TRANSVERSIÓN	0,0000	310	0	4	0,5
311	59,966%	0,022%	46445	10	0,014%	0,006%	TRANSICIÓN	0,0715	311	0	4	5
312	59,980%	0,013%	55513	7	0,010%	0,005%	TRANSICIÓN	0,0126	312	0	4	0,5
313	59,955%	0,029%	37441	11	0,023%	0,000%	TRANSICIÓN	0,0294	313	0	4	0,5
314	59,979%	0,000%	47327	0	0,002%	0,002%	TRANSVERSIÓN	0,0000	314	0	4	0,5
315	59,986%	0,014%	6960	1	0,015%	0,011%	TRANSICIÓN	0,0144	315	0	4	0,5
316	59,977%	0,047%	77794	34	0,001%	0,001%	TRANSVERSIÓN	0,0467	316	1	4	0,5
317	59,973%	0,025%	36613	9	0,027%	0,009%	TRANSICIÓN	0,0246	317	0	4	0,5
318	59,909%	0,088%	66147	58	0,033%	0,008%	TRANSICIÓN	0,0877	318	1	4	0,5
319	59,970%	0,028%	90771	25	0,023%	0,005%	TRANSICIÓN	0,0275	319	0	4	0,5
320	59,962%	0,027%	47553	13	0,016%	0,007%	TRANSICIÓN	0,0273	320	0	4	0,5
321	59,491%	0,509%	41425	211	0,041%	0,018%	TRANSICIÓN	0,5094	321	1	2	0,75
322	59,768%	0,205%	74485	153	0,001%	0,001%	TRANSVERSIÓN	0,2054	322	1	2	0,75
323	59,833%	0,139%	56941	79	0,001%	0,002%	TRANSVERSIÓN	0,1387	323	1	2	0,75
324	59,831%	0,169%	72635	123	0,029%	0,007%	TRANSICIÓN	0,1693	324	1	2	0,75

Figura 20 (CONT.)

Número de Fila	ReVAF	MutVAF	DOR	MutDOR	Media Normal	DesvEst Normal	Tipo de Error	MutVAF - va	Número de Fila	Asignación	Categoría Conductora	Relación clonal
325	59,906%	0,053%	75803	40	0,003%	0,003%	TRANSVERSIÓN	0,0528	325	1	2	0,625
326	59,851%	0,121%	4040	5	0,007%	0,016%	TRANSVERSIÓN	0,1238	326	1	2	0,625
327	59,072%	0,114%	35095	41	0,000%	0,001%	TRANSVERSIÓN	0,1142	327	1	4	0,75
328	59,925%	0,046%	28160	13,0	0,002%	0,002%	TRANSVERSIÓN	0,0462	328	1	4	0,75
329	59,897%	0,096%	78027	15,00	0,003%	0,002%	TRANSVERSIÓN	0,0961	329	1	4	0,75
330	59,733%	0,241%	83100	200,00	0,001%	0,001%	TRANSVERSIÓN	0,2407	330	1	4	0,75
331	59,964%	0,001%	69110	1	0,004%	0,005%	TRANSVERSIÓN	0,0014	331	0	4	0,125
332	59,994%	0,002%	81559	7	0,002%	0,002%	TRANSVERSIÓN	0,0025	332,0	0	4	0,125
333	59,964%	0,000%	74652	0	0,001%	0,001%	TRANSVERSIÓN	0	333,0	0	4	0,125
334	59,940%	0,017%	93615	16	0,000%	0,001%	TRANSVERSIÓN	0,0171	334,0	1	4	0,125
335	59,835%	0,103%	45535	47	0,008%	0,004%	TRANSVERSIÓN	0,1032	335,0	1	4	0,625
336	59,925%	0,040%	34883	14	0,002%	0,003%	TRANSVERSIÓN	0,0401	336,0	1	4	0,125
337	59,967%	0,005%	82249	4	0,003%	0,002%	TRANSVERSIÓN	0,0049	337,0	0	4	0,125
338	59,980%	0,000%	64365	0	0,000%	0,000%	TRANSVERSIÓN	0	338,0	0	4	0,125
339	59,963%	0,003%	97625	3	0,001%	0,001%	TRANSVERSIÓN	0,0031	339,0	0	4	0,125
340	59,560%	0,413%	60473	206	0,003%	0,003%	TRANSVERSIÓN	0,4177	340,0	1	1	1
341	59,475%	0,494%	9522	47	0,006%	0,007%	TRANSVERSIÓN	0	341,0	1	2	1
342	59,837%	0,134%	14147	19	0,000%	0,002%	TRANSVERSIÓN	0	342,0	1	2	1
343	59,913%	0,057%	49157	28	0,004%	0,003%	TRANSVERSIÓN	0	343,0	1	2	0,75
344	59,752%	0,218%	83034	181	0,000%	0,001%	TRANSVERSIÓN	0	344,0	1	2	1
315	59,734%	0,262%	63459	166	0,029%	0,009%	TRANSICIÓN	0	345	1	2	1
346	59,713%	0,207%	7653	22	0,071%	0,039%	TRANSICIÓN	0	346	1	2	0,25
347	59,600%	0,381%	72757	277	0,002%	0,002%	TRANSVERSIÓN	0	347	1	4	1
348	59,686%	0,272%	6998	19	0,002%	0,007%	TRANSVERSIÓN	0	348	1	4	0,75
349	59,900%	0,095%	60775	58	0,078%	0,009%	TRANSICIÓN	0	349	1	4	0,75
350	59,685%	0,286%	82909	237	0,003%	0,002%	TRANSVERSIÓN	0	350	1	4	1
351	59,681%	0,260%	68893	179	0,002%	0,002%	TRANSVERSIÓN	0	351	1	4	1

Figura 20 (CONT.)

Número de Fila	ReVAF	MutVAF	DOR	MutDOR	Media Normal	DesvEst Normal	Tipo de Error	MutVAF - va	Número de Fila	Asignación	Categoría Conductor	Relación global
352	99,709%	0,253%	71513	182	0,004%	0,002%	TRANSVERSIÓN	0,2531	352	1	4	1
353	99,961%	0,000%	16490	0	0,003%	0,004%	TRANSVERSIÓN	0,0000	353	0	4	0,25
354	99,970%	0,003%	65504	2	0,002%	0,002%	TRANSVERSIÓN	0,0030	354	0	4	0,25
355	99,085%	0,000%	61843	0	0,001%	0,001%	TRANSVERSIÓN	0,0000	355	0	4	0,25
356	99,953%	0,028%	46350	13	0,002%	0,002%	TRANSVERSIÓN	0,0280	356	1	4	0,25
357	99,923%	0,027%	40789	11	0,001%	0,001%	TRANSVERSIÓN	0,0270	357	1	4	0,25
358	99,953%	0,035%	114279	45	0,023%	0,006%	TRANSICIÓN	0,0394	358	0	4	0,25
359	99,793%	0,201%	26514	54	0,015%	0,008%	TRANSICIÓN	0,2006	359,0	1	1	1
360	99,645%	0,327%	57140	187	0,001%	0,002%	TRANSVERSIÓN	0,3273	360,0	1	2	1
361	99,772%	0,700%	69657	139	0,004%	0,010%	TRANSVERSIÓN	0,1996	361,0	1	4	1
362	99,663%	0,295%	80791	238	0,003%	0,002%	TRANSVERSIÓN	0,2946	362,0	1	4	1
363	99,793%	0,176%	78486	138	0,002%	0,001%	TRANSVERSIÓN	0,1758	363,0	1	4	1
364	99,723%	0,272%	91402	249	0,045%	0,024%	TRANSICIÓN	0,2724	364,0	1	4	1
365	99,705%	0,260%	59290	154	0,004%	0,002%	TRANSVERSIÓN	0,2597	365,0	1	4	1
366	99,683%	0,296%	4050	12	0,005%	0,012%	TRANSVERSIÓN	0,2956	366,0	1	4	1
367	99,854%	0,146%	15736	23	0,034%	0,018%	TRANSICIÓN	0,1462	367,0	1	4	1
368	99,641%	0,321%	71286	229	0,001%	0,001%	TRANSVERSIÓN	0,3212	368,0	1	4	1
369	99,822%	0,164%	29256	48	0,004%	0,004%	TRANSVERSIÓN	0,1641	369,0	1	4	1
370	99,864%	0,114%	61237	70	0,001%	0,001%	TRANSVERSIÓN	0,1143	370,0	1	4	1
371	99,862%	0,131%	94027	123	0,041%	0,009%	TRANSICIÓN	0,1308	371,0	1	4	1
372	99,771%	0,207%	9157	19	0,017%	0,031%	TRANSICIÓN	0,2075	372,0	1	4	1
373	99,933%	0,030%	46460	14	0,004%	0,004%	TRANSVERSIÓN	0,0301	373	1	4	1
374	99,944%	0,050%	50145	25	0,024%	0,005%	TRANSICIÓN	0,0499	374	0	4	0,5
375	99,903%	0,052%	59049	31	0,003%	0,003%	TRANSVERSIÓN	0,0525	375	1	4	0,5
376	99,793%	0,210%	28119	59	0,027%	0,010%	TRANSICIÓN	0,2098	376	1	4	0,5
377	99,951%	0,000%	6152	0	0,001%	0,003%	TRANSVERSIÓN	0,0000	377	0	2	0,75
378	99,953%	0,000%	53167	0	0,003%	0,003%	TRANSVERSIÓN	0,0000	378	0	1	0,75

Figura 20 (CONT.)

Número de Fila	RefVAF	MutVAF	DOR	MutDOR	Media Normal	DesvEst Normal	Tipo de Error	MutVAF - Número de va	Asignación	Categoría Conductora	Relación clonal
379	99,945%	0,002%	58130	1	0,003%	0,002%	TRANSVERSIÓN	0,0017	379	0	0,75
380	99,982%	0,006%	16280	1	0,003%	0,005%	TRANSVERSIÓN	0,0051	380	0	0,75
381	99,985%	0,003%	58261	2	0,003%	0,003%	TRANSVERSIÓN	0,0034	381	0	0,75
382	99,956%	0,044%	24,68	11	0,037%	0,017%	TRANSICIÓN	0,0444	382	0	0,75
383	99,956%	0,005%	59448	3	0,001%	0,002%	TRANSVERSIÓN	0,0050	383	0	0,75
384	99,979%	0,000%	37507	0	0,001%	0,002%	TRANSVERSIÓN	0,0000	384	0	0,75
385	99,924%	0,011%	27778	3	0,007%	0,004%	TRANSVERSIÓN	0,0100	385	0	0,75
386	99,979%	0,002%	52331	1	0,002%	0,003%	TRANSVERSIÓN	0,0019	386,0	0	0,75
387	99,960%	0,000%	65149	0	0,001%	0,001%	TRANSVERSIÓN	0,0000	387,0	0	0,75
388	99,940%	0,053%	43191	23	0,003%	0,002%	TRANSVERSIÓN	0,0533	388,0	1	0,75
389	99,964%	0,000%	22501	0	0,004%	0,004%	TRANSVERSIÓN	0,0000	389,0	0	0,5
390	99,951%	0,005%	42840	2	0,003%	0,003%	TRANSVERSIÓN	0,0047	390,0	0	0,25
391	99,976%	0,007%	41272	3	0,002%	0,003%	TRANSVERSIÓN	0,0073	391,0	0	0,25
392	99,969%	0,000%	45400	0	0,001%	0,002%	TRANSVERSIÓN	0,0000	392,0	0	0,75
393	99,982%	0,000%	49402	0	0,003%	0,002%	TRANSVERSIÓN	0,0000	393,0	0	0,75
394	99,956%	0,008%	36746	3	0,006%	0,010%	TRANSVERSIÓN	0,0033	394,0	0	0,75
395	99,978%	0,000%	22500	0	0,003%	0,004%	TRANSVERSIÓN	0,0000	395,0	0	0,5
396	97,547%	2,449%	23933	586	0,030%	0,011%	TRANSICIÓN	2,4435	396,0	1	0,875
397	96,750%	3,216%	21859	807	0,018%	0,010%	TRANSICIÓN	3,2153	397,0	1	0,875
398	97,921%	2,076%	39401	818	0,024%	0,009%	TRANSICIÓN	2,0751	398,0	1	0,75
399	98,570%	1,419%	36794	622	0,040%	0,013%	TRANSICIÓN	1,4137	399,0	1	0,75
400	98,852%	1,049%	51880	544	0,002%	0,002%	TRANSVERSIÓN	1,0436	400	1	0,625
401	95,243%	4,758%	10804	514	0,062%	0,031%	TRANSICIÓN	4,7575	401	1	0,75
402	98,289%	1,694%	29400	498	0,002%	0,003%	TRANSVERSIÓN	1,6939	402	1	0,625
403	98,933%	1,064%	60623	645	0,031%	0,009%	TRANSICIÓN	1,0640	403	1	0,625
404	98,855%	1,145%	4717	54	0,041%	0,026%	TRANSICIÓN	1,1448	404	1	0,75
405	100,000%	0,000%	288	0	0,000%	0,000%	TRANSVERSIÓN	0,0000	405		0,125

Figura 20 (CONT.)

Número de Fila	RefVAF	MutVAF	DCR	MutDOH	Media Normal	DesvEst Normal	Tipo de Error	MutVAF - va	Número de Fila	Asignación	Categoría Conductora	Relación clonal
406	99,972%	0,028%	17818	5	0,034%	0,017%	TRANSICIÓN	0,0281	406	0	4	0,125
407	99,950%	0,038%	26127	1	0,029%	0,011%	TRANSICIÓN	0,0383	407	0	4	0,125
408	99,939%	0,000%	1652	0	0,000%	0,000%	TRANSVERSIÓN	0,0000	408	0	4	0,125
409	99,975%	0,306%	20615	63	0,001%	0,002%	TRANSVERSIÓN	0,3056	409	1	4	0,5
410	99,950%	0,037%	54285	20	0,001%	0,001%	TRANSVERSIÓN	0,0368	410	1	4	0,125
411	99,999%	0,097%	23005	20	0,033%	0,010%	TRANSICIÓN	0,0972	411	1	3	0,375
412	99,938%	0,159%	43904	70	0,032%	0,009%	TRANSICIÓN	0,1594	412	1	4	0,375
413	99,969%	0,929%	51583	479	0,031%	0,008%	TRANSICIÓN	0,9286	413	1	4	0,125
414	99,985%	0,011%	45487	5	0,009%	0,004%	TRANSICIÓN	0,0110	414	0	4	0,25
415	99,971%	0,002%	44550	1	0,003%	0,003%	TRANSVERSIÓN	0,0022	415	0	1	1
416	99,989%	0,000%	9510	0	0,002%	0,001%	TRANSVERSIÓN	0,0000	416	0	1	1
417	99,971%	0,000%	17025	0	0,000%	0,002%	TRANSVERSIÓN	0,0000	417	0	1	1
418	99,975%	0,001%	72154	1	0,003%	0,002%	TRANSVERSIÓN	0,0014	418	0	2	1
419	99,932%	0,003%	61366	2	0,001%	0,001%	TRANSVERSIÓN	0,0033	419	0	1	0,333333
420	99,980%	0,000%	44549	0	0,005%	0,018%	TRANSVERSIÓN	0,0000	420	0	1	0,333333
421	99,986%	0,003%	53029	2	0,006%	0,003%	TRANSVERSIÓN	0,0034	421	0	4	1
422	99,976%	0,003%	37156	1	0,001%	0,001%	TRANSVERSIÓN	0,0027	422	0	4	1
423	99,970%	0,004%	47036	2	0,002%	0,001%	TRANSVERSIÓN	0,0043	423	0	4	1
424	99,970%	0,004%	49800	2	0,003%	0,002%	TRANSVERSIÓN	0,0040	424	0	4	1
425	99,967%	0,003%	60837	2	0,003%	0,003%	TRANSVERSIÓN	0,0033	425	0	4	0,33333
426	99,975%	0,000%	20341	0	0,000%	0,002%	TRANSVERSIÓN	0,0000	426	0	4	0,333333
427	99,965%	0,002%	56447	1	0,002%	0,002%	TRANSVERSIÓN	0,0018	427	0	4	0,333333
428	99,954%	0,003%	60758	2	0,001%	0,002%	TRANSVERSIÓN	0,0033	428	0	4	0,333333
429	99,960%	0,002%	50130	1	0,002%	0,002%	TRANSVERSIÓN	0,0020	429	0	4	0,333333
430	99,968%	0,003%	34821	1	0,003%	0,003%	TRANSVERSIÓN	0,0029	430	0	4	0,666667
431	99,965%	0,008%	62649	5	0,005%	0,005%	TRANSVERSIÓN	0,0080	431	0	4	0,333333
432	99,975%	0,007%	23421	2	0,005%	0,005%	TRANSVERSIÓN	0,0070	432	0	4	0,333333

Figura 20 (CONT.)

Número de Fila	Re·VAF	MutVA ⁺	DCR	MutDOR	Media Normal	DesvEst Normal	Tipo de Error	MutVA ⁻ - va	Número de Fila	Asignación	Categoría Conductura	Relación clonal
433	99,970%	0,002%	60124	1	0,002%	0,002%	TRANSVERSION	0,0017	433	0	4	0,333333
434	99,969%	0,005%	64923	3	0,001%	0,002%	TRANSVERSION	0,0046	434	0	4	0,333333
435	99,964%	0,003%	36312	1	0,003%	0,003%	TRANSVERSION	0,0028	435	0	4	0,333333
436	99,487%	0,458%	18112	83	0,001%	0,003%	TRANSVERSION	0,4583	436	1	1	1
437	99,812%	0,186%	48994	91	0,007%	0,005%	TRANSICIÓN	0,1857	437	1	1	1
438	99,941%	0,000%	5112	0	0,000%	0,000%	TRANSVERSION	0,0000	438	0	2	1
439	99,770%	0,140%	38706	54	0,004%	0,004%	TRANSVERSION	0,1395	439	1	2	1
440	99,807%	0,174%	41373	72	0,048%	0,016%	TRANSICIÓN	0,1740	440	1	2	0,25
441	99,745%	0,236%	10600	25	0,004%	0,006%	TRANSVERSION	0,2359	441	1	4	1
442	99,716%	0,258%	54178	140	0,001%	0,001%	TRANSVERSION	0,2584	442	1	4	1
443	99,916%	0,065%	53601	35	0,005%	0,002%	TRANSVERSION	0,0653	443	1	4	1
444	NaN	NaN	0	NaN	0,001%	0,001%	TRANSVERSION	#VALUE!	444		4	1
445	99,887%	0,060%	60005	36	0,002%	0,002%	TRANSVERSION	0,0600	445	1	4	1
446	99,967%	0,021%	23994	5	0,000%	0,001%	TRANSVERSION	0,0208	446	1	4	0,25
447	99,931%	0,059%	40805	24	0,003%	0,011%	TRANSICIÓN	0,0500	447	0	4	0,25
448	99,884%	0,116%	58558	68	0,025%	0,007%	TRANSICIÓN	0,1161	448	1	4	0,25
449	99,920%	0,075%	78586	59	0,026%	0,009%	TRANSICIÓN	0,0751	449	1	4	0,75
450	99,948%	0,039%	59427	23	0,004%	0,015%	TRANSICIÓN	0,0387	450	0	4	0,25
451	99,818%	0,023%	21986	5	0,025%	0,013%	TRANSICIÓN	0,0227	451	0	4	0,5
452	99,969%	0,028%	35318	10	0,004%	0,012%	TRANSICIÓN	0,0283	452	0	4	0,5
453	99,934%	0,060%	16648	10	0,079%	0,017%	TRANSICIÓN	0,0601	453	0	4	0,75
454	99,958%	0,036%	74654	27	0,040%	0,011%	TRANSICIÓN	0,0362	454	0	4	0,25
455	99,971%	0,000%	48955	0	0,001%	0,001%	TRANSVERSION	0,0000	455	0	4	0,25
456	99,965%	0,030%	56545	17	0,026%	0,009%	TRANSICIÓN	0,0301	456	0	2	1
457	99,942%	0,003%	60010	2	0,007%	0,003%	TRANSVERSION	0,0033	457	0	2	1
458	99,971%	0,000%	51965	0	0,001%	0,001%	TRANSVERSION	0,0000	458	0	2	0,75
459	99,951%	0,000%	28542	0	0,002%	0,004%	TRANSVERSION	0,0000	459	0	1	1

Figura 20 (CONT.)

Número de Fila	ReVAF	MutVAF	DOR	MutDOR	Media Normal	DesvEst Normal	Tipo de Error	MutVAF - va	Número de Fila	Asignación	Categoría Conductora	Relación clonal
460	99,946%	0,002%	46587	1	0,002%	0,003%	TRANSVERSIÓN	0,0021	460	0	4	0,75
461	99,934%	0,000%	63619	0	0,002%	0,002%	TRANSVERSIÓN	0,0000	461	0	4	0,75
462	99,971%	0,000%	64453	0	0,002%	0,002%	TRANSVERSIÓN	0,0000	462	0	4	0,5
463	99,974%	0,000%	74213	0	0,001%	0,002%	TRANSVERSIÓN	0,0000	463	0	4	0,25
464	99,970%	0,015%	79666	12	0,008%	0,003%	TRANSVERSIÓN	0,0151	464	0	4	0,25
465	99,958%	0,003%	58832	2	0,001%	0,001%	TRANSVERSIÓN	0,0034	465	0	4	0,25
466	99,993%	0,000%	13594	0	0,000%	0,002%	TRANSVERSIÓN	0,0000	466	0	4	0,25
467	99,953%	0,010%	29658	3	0,004%	0,004%	TRANSVERSIÓN	0,0101	467	0	4	0,25
468	99,956%	0,000%	84581	0	0,003%	0,004%	TRANSVERSIÓN	0,0000	468	0	4	0,25
469	99,956%	0,000%	64535	0	0,002%	0,002%	TRANSVERSIÓN	0,0000	469	0	4	0,25
470	99,941%	0,000%	83191	0	0,001%	0,002%	TRANSVERSIÓN	0,0000	470	0	4	0,25
471	99,970%	0,000%	30288	0	0,007%	0,006%	TRANSVERSIÓN	0,0000	471	0	4	0,25
472	99,978%	0,000%	54921	0	0,000%	0,001%	TRANSVERSIÓN	0,0000	472	0	4	0,25
473	99,954%	0,001%	75082	1	0,001%	0,002%	TRANSVERSIÓN	0,0013	473	0	3	0,25
474	99,932%	0,002%	45023	1	0,004%	0,003%	TRANSVERSIÓN	0,0022	474	0	4	0,25
475	99,943%	0,036%	28012	10	0,002%	0,003%	TRANSVERSIÓN	0,0357	475	1	2	0,75
476	99,997%	0,000%	38900	0	0,004%	0,003%	TRANSVERSIÓN	0,0000	476	0	1	0,25
477	99,934%	0,058%	12121	7	0,001%	0,003%	TRANSVERSIÓN	0,0578	477	1	4	0,75
478	99,950%	0,012%	52093	6	0,001%	0,001%	TRANSVERSIÓN	0,0115	478	1	4	0,75
479	99,894%	0,054%	53542	29	0,005%	0,003%	TRANSVERSIÓN	0,0542	479	1	4	0,15
480	99,834%	0,058%	1728	1	0,003%	0,010%	TRANSVERSIÓN	0,0579	480	0	4	0,75
481	99,931%	0,063%	73577	46	0,045%	0,010%	TRANSICIÓN	0,0625	481	0	4	0,75
497	99,999%	0,111%	6291	7	0,003%	0,006%	TRANSVERSIÓN	0,1115	482	1	4	0,75
483	99,997%	0,100%	46791	47	0,077%	0,007%	TRANSICIÓN	0,1005	483	1	4	0,75
484	99,951%	0,004%	28449	1	0,005%	0,005%	TRANSVERSIÓN	0,0035	484	0	4	0,5
485	99,894%	0,075%	45356	34	0,003%	0,003%	TRANSVERSIÓN	0,0750	485	1	4	0,5
486	99,931%	0,065%	13021	9	0,025%	0,010%	TRANSICIÓN	0,0691	486	0	4	0,75

Figura 20 (CONT.)

Número de Fila	Ref/AF	MutVAF	DCR	MutDOR	Media Normal	DesvEst Normal	Tipo de Error	MutVAF va	Número de Fila	Asignación	Categoría Conductora	Relación clonal
487	99,908%	0,088%	26093	23	0,014%	0,008%	TRANSICIÓN	0,0881	487	1	4	0,5
488	99,974%	0,023%	26653	6	0,034%	0,011%	TRANSICIÓN	0,0225	488	0	4	0,25
489	100,000%	0,000%	6919	0	0,033%	0,017%	TRANSICIÓN	0,0000	489	0	4	0,25
490	99,918%	0,034%	34821	12	0,003%	0,003%	TRANSICIÓN	0,0345	490	1	4	0,25
491	99,980%	0,018%	55334	10	0,030%	0,012%	TRANSICIÓN	0,0181	491	0	4	0,25
492	99,943%	0,000%	3507	0	0,002%	0,005%	TRANSICIÓN	0,0000	492	0	4	0,25
493	99,958%	0,002%	61185	1	0,001%	0,003%	TRANSICIÓN	0,0016	493	0	1	1
494	99,968%	0,005%	44316	2	0,003%	0,003%	TRANSICIÓN	0,0045	494	0	2	1
495	99,887%	0,019%	5289	1	0,005%	0,012%	TRANSICIÓN	0,0189	495	0	4	0,66667
496	99,935%	0,000%	10730	0	0,003%	0,000%	TRANSICIÓN	0,0000	496	0	4	0,66667
497	99,970%	0,001%	87734	1	0,002%	0,001%	TRANSICIÓN	0,0011	497	0	4	1
498	99,956%	0,030%	29758	9	0,031%	0,018%	TRANSICIÓN	0,0302	498	0	4	1
499	99,974%	0,000%	60598	0	0,003%	0,002%	TRANSICIÓN	0,0000	499	0	4	1
500	99,973%	0,027%	26381	7	0,042%	0,018%	TRANSICIÓN	0,0265	500	0	4	0,333333
501	99,979%	0,020%	65957	13	0,027%	0,007%	TRANSICIÓN	0,0197	501	0	4	0,66667
502	99,976%	0,000%	46673	0	0,001%	0,002%	TRANSICIÓN	0,0000	502	0	4	0,66667
503	99,959%	0,002%	65398	1	0,003%	0,002%	TRANSICIÓN	0,0015	503	0	4	0,66667
504	99,957%	0,004%	51150	2	0,001%	0,002%	TRANSICIÓN	0,0039	504	0	4	0,66667
505	99,931%	0,007%	67139	5	0,003%	0,003%	TRANSICIÓN	0,0074	505	0	4	0,66667
506	99,971%	0,006%	64823	4	0,005%	0,003%	TRANSICIÓN	0,0062	506	0	4	0,333333
507	99,897%	0,057%	8738	5	0,005%	0,008%	TRANSICIÓN	0,0572	507	0	1	0,6
508	99,919%	0,076%	40702	31	0,047%	0,013%	TRANSICIÓN	0,0762	508	0	2	0,0
509	99,865%	0,107%	45945	47	0,002%	0,002%	TRANSICIÓN	0,1023	509	1	1	0,8
510	99,919%	0,050%	22206	11	0,003%	0,005%	TRANSICIÓN	0,0495	510	1	2	0,8
511	100,000%	0,000%	58	0	0,000%	0,000%	TRANSICIÓN	0,0000	511	0	1	0,8
512	99,918%	0,050%	31888	19	0,004%	0,008%	TRANSICIÓN	0,0596	512	0	2	0,8
513	99,962%	0,019%	42513	8	0,002%	0,002%	TRANSICIÓN	0,0188	513	1	1	0,8

Figura 20 (CONT.)

Número de Fila	RefVAF	MutVAF	DOR	MutDOR	Media Norma	DesvFst Normal	Tipo de Error	MutVAF - va	Número de Fila	Asignación	Categoría Conductura	Relación clonal
514	99,964%	0,000%	33678	0	0,001%	0,002%	TRANSVERSIÓN	0,0000	514	0	2	0,8
515	99,989%	0,004%	28487	1	12,000%	0,006%	TRANSICIÓN	0,0035	515	0	1	0,8
516	99,976%	0,005%	55316	3	0,001%	0,092%	TRANSVERSIÓN	0,0054	516	0	1	0,8
517	98,879%	1,121%	446	5	0,097%	0,200%	TRANSICIÓN	1,1211	517		2	0,8
518	99,920%	0,080%	6251	5	0,030%	0,023%	TRANSICIÓN	0,0799	518	0	2	0,8
519	99,991%	0,000%	11391	0	0,033%	0,019%	TRANSICIÓN	0,0000	519	0	2	0,6
520	99,879%	0,080%	45153	36	0,003%	0,002%	TRANSVERSIÓN	0,0797	520	1	2	0,2
521	99,947%	0,004%	53113	2	0,002%	0,002%	TRANSVERSIÓN	0,0038	521	0	4	0,2
522	99,951%	0,000%	20617	0	0,001%	0,002%	TRANSVERSIÓN	0,0000	522	0	4	0,2
523	99,959%	0,000%	7406	0	0,005%	0,011%	TRANSVERSIÓN	0,0000	523	0	4	0,2
524	99,965%	0,001%	71004	1	0,001%	0,001%	TRANSVERSIÓN	0,0014	524	0	4	0,2
525	99,979%	0,004%	28417	1	0,001%	0,002%	TRANSVERSIÓN	0,0035	525	0	4	0,2
526	99,958%	0,012%	33149	4	0,008%	0,005%	TRANSVERSIÓN	0,0121	526	0	2	0,75
527	99,961%	0,018%	28033	5	0,006%	0,004%	TRANSVERSIÓN	0,0178	527	0	2	0,75
528	99,973%	0,000%	14738	0	0,001%	0,002%	TRANSVERSIÓN	0,0000	528	0	2	0,25
529	99,788%	0,000%	342	0	0,000%	0,000%	TRANSVERSIÓN	0,0000	529		4	1
530	99,949%	0,003%	29342	1	0,002%	0,003%	TRANSVERSIÓN	0,0034	530	0	4	0,75
531	99,973%	0,003%	33182	1	0,004%	0,002%	TRANSVERSIÓN	0,0030	531	0	4	0,75
532	99,980%	0,017%	35315	6	0,024%	0,008%	TRANSICIÓN	0,0170	532	0	4	1
533	99,966%	0,000%	32791	0	0,002%	0,002%	TRANSVERSIÓN	0,0000	533	0	4	0,75
534	99,871%	0,100%	34557	35	0,003%	0,002%	TRANSVERSIÓN	0,1001	534	1	4	1
535	99,978%	0,000%	27651	0	0,002%	0,002%	TRANSVERSIÓN	0,0000	535	0	4	0,25
536	99,916%	0,063%	4776	3	0,052%	0,033%	TRANSICIÓN	0,0628	536	0	4	0,25
537	99,969%	0,003%	32668	1	0,002%	0,002%	TRANSVERSIÓN	0,0031	537	0	4	0,25
538	100,000%	0,000%	25456	0	0,029%	0,010%	TRANSICIÓN	0,0000	538	0	4	0,25
539	99,958%	0,039%	31042	12	0,038%	0,011%	TRANSICIÓN	0,0387	539	0	4	0,25
540	99,968%	0,023%	60644	16	0,033%	0,008%	TRANSICIÓN	0,0230	540	0	4	0,25

Figura 20 (CONT.)

Número de Fila	ReVAF	MutVAF	DOR	MutDOR	Media Normal	Desi. Normal	Tipo de Error	MutVAF - va	Número de Fila	Asignación	Categoría Conductora	Relación clinal
541	99,969%	0,000%	38711	0	0,001%	0,002%	TRANSVERSIÓN	0,000	541	0	4	0,25
542	99,978%	0,022%	18522	4	0,046%	0,019%	TRANSICIÓN	0,0216	542	0	4	0,25
543	99,960%	0,029%	30393	9	0,075%	0,007%	TRANSICIÓN	0,0291	543	0	4	0,75
544	99,981%	0,000%	10513	0	0,003%	0,004%	TRANSVERSIÓN	0,000	544	0	1	1
545	99,974%	0,000%	44705	0	0,002%	0,002%	TRANSVERSIÓN	0,000	545	0	1	1
546	99,965%	0,026%	57494	15	0,029%	0,008%	TRANSICIÓN	0,0261	546	0	2	0,25
547	99,953%	0,047%	8470	4	0,047%	0,032%	TRANSICIÓN	0,0472	547	0	2	0,25
548	99,957%	0,000%	21102	0	0,002%	0,003%	TRANSVERSIÓN	0,000	548	0	4	1
549	99,947%	0,053%	22644	12	0,049%	0,020%	TRANSICIÓN	0,0530	549	0	4	0,75
550	99,957%	0,001%	83931	1	0,001%	0,001%	TRANSVERSIÓN	0,0012	550	0	4	0,25
551	99,975%	0,001%	67130	1	0,002%	0,002%	TRANSVERSIÓN	0,0015	551	0	4	0,25
552	99,956%	0,000%	15372	0	0,007%	0,003%	TRANSVERSIÓN	0,000	552	0	4	0,25
553	99,973%	0,000%	56035	0	0,002%	0,002%	TRANSVERSIÓN	0,000	553	0	4	0,5
554	100,000%	0,000%	2337	0	0,000%	0,000%	TRANSVERSIÓN	0,000	554	0	4	0,5
555	99,960%	0,000%	60560	0	0,001%	0,002%	TRANSVERSIÓN	0,000	555	0	4	0,25
556	99,977%	0,006%	176513	1	0,001%	0,002%	TRANSVERSIÓN	0,0057	556	0	4	0,25
557	99,977%	0,000%	68504	0	0,001%	0,001%	TRANSVERSIÓN	0,000	557	0	4	0,25
558	99,958%	0,031%	62214	23	0,041%	0,011%	TRANSICIÓN	0,0369	558	0	4	0,25
559	99,940%	0,060%	25194	15	0,031%	0,012%	TRANSICIÓN	0,0595	559	0	4	0,25
560	99,971%	0,003%	65377	2	0,005%	0,002%	TRANSVERSIÓN	0,0030	560	0	4	0,25
561	99,972%	0,000%	38908	0	0,003%	0,003%	TRANSVERSIÓN	0,000	561	0	4	0,25
562	99,973%	0,013%	14342	2	0,004%	0,005%	TRANSVERSIÓN	0,0134	562	0	1	0,625
563	99,944%	0,000%	1797	0	0,000%	0,000%	TRANSVERSIÓN	0,000	563	0	1	0,625
564	99,973%	0,002%	60259	1	0,003%	0,002%	TRANSVERSIÓN	0,0017	564	0	2	0,625
565	99,958%	0,040%	62456	25	0,040%	0,011%	TRANSICIÓN	0,0400	565	0	2	0,625
566	99,975%	0,004%	28380	1	0,002%	0,003%	TRANSVERSIÓN	0,0035	566	0	2	0,125
567	99,991%	0,002%	66495	1	0,003%	0,002%	TRANSVERSIÓN	0,0015	567	0	1	0,375

Figura 20 (CONT.)

Número de Fila	RefVAF	MutVAF	DOR	MutDOR	Media Normal	DesvEst Normal	Tipo de Error	MutVAF - /a	Número de Fila	Asignación	Categoría Conductiva	Relación clinal
568	99,976%	0,003%	67520	2	0,003%	0,002%	TRANSVERSIÓN	0,0029	568	0	4	0,5
569	99,911%	0,063%	51092	32	0,003%	0,002%	TRANSVERSIÓN	0,0626	569	1	1	0,5
570	99,956%	0,002%	43243	1	0,002%	0,002%	TRANSVERSIÓN	0,0021	570	0	4	0,5
571	99,982%	0,003%	77368	0	0,001%	0,001%	TRANSVERSIÓN	0,0000	571	0	4	0,125
572	100,000%	0,003%	596	0	0,004%	0,018%	TRANSVERSIÓN	0,0000	572	0	4	0,125
573	99,961%	0,002%	45677	1	0,003%	0,003%	TRANSVERSIÓN	0,0021	573	0	4	0,125
574	99,967%	0,003%	42395	4	0,004%	0,003%	TRANSVERSIÓN	0,0094	574	0	4	0,125
575	100,000%	0,003%	3435	0	0,002%	0,005%	TRANSVERSIÓN	0,0000	575	0	4	0,125
576	99,905%	0,003%	52000	0	0,000%	0,001%	TRANSVERSIÓN	0,0000	576	0	3	0,375
577	99,978%	0,003%	18554	0	0,003%	0,004%	TRANSVERSIÓN	0,0000	577	0	4	0,375
578	99,978%	0,002%	80704	7	0,001%	0,001%	TRANSVERSIÓN	0,0025	578	0	4	0,125
579	99,911%	0,003%	50489	1	0,008%	0,004%	TRANSVERSIÓN	0,0079	579	0	1	0,125
580	99,982%	0,003%	62239	0	0,000%	0,001%	TRANSVERSIÓN	0,0000	580	0	4	0,125
581	99,971%	0,003%	63281	0	0,001%	0,001%	TRANSVERSIÓN	0,0000	581	0	4	0,125
582	99,973%	0,424%	29584	127	0,022%	0,005%	TRANSICIÓN	0,4236	582	1	1	0,5
583	99,644%	0,125%	39005	49	0,003%	0,003%	TRANSVERSIÓN	0,1254	583	1	2	0,333333
584	99,856%	0,077%	38854	30	0,007%	0,005%	TRANSVERSIÓN	0,0772	584	1	2	0,333333
585	99,914%	0,073%	77501	57	0,006%	0,003%	TRANSVERSIÓN	0,0732	585	1	2	0,166667
586	99,772%	0,212%	68520	116	0,003%	0,002%	TRANSVERSIÓN	0,2118	586	1	2	0,166667
587	99,871%	0,095%	87104	84	0,005%	0,004%	TRANSVERSIÓN	0,0964	587	1	1	0,166667
588	99,856%	0,132%	8353	11	0,002%	0,004%	TRANSVERSIÓN	0,1317	588	1	2	0,5
589	99,613%	0,297%	5013	15	0,007%	0,010%	TRANSVERSIÓN	0,2971	589	1	2	0,166667
590	99,854%	0,103%	39777	41	0,004%	0,002%	TRANSVERSIÓN	0,1031	590	1	2	0,333333
591	99,799%	0,194%	35229	74	0,031%	0,013%	TRANSICIÓN	0,1936	591	1	4	0,166667
592	99,611%	0,131%	61087	278	0,002%	0,004%	TRANSVERSIÓN	0,1338	592	1	1	0,5
593	99,628%	0,365%	15117	59	0,002%	0,005%	TRANSVERSIÓN	0,3661	593	1	4	0,5
594	99,905%	0,083%	70665	62	0,024%	0,004%	TRANSICIÓN	0,0877	594	1	4	0,333333

Figura 20 (CONT)

Número de Fila	RefVAF	MutVAF	DOR	MutDOR	Media Normal	DesvEst: Normal	Tipo de Error	MutVAF - va	Número de Fila	Asignación	Categoría Conductor	Relación clonal
595	99,755%	0,215%	67474	145	0,001%	0,002%	TRANSVERSIÓN	0,2149	595	1	4	0,5
596	99,848%	0,152%	34824	53	0,018%	0,010%	TRANSICIÓN	0,1522	596	1	4	0,166667
597	99,962%	0,001%	74113	1	0,003%	0,002%	TRANSVERSIÓN	0,0013	597	0	4	0,166667
598	99,962%	0,000%	5238	0	0,001%	0,002%	TRANSVERSIÓN	0,0000	598	0	4	0,166667
599	99,937%	0,037%	80096	31	0,005%	0,003%	TRANSVERSIÓN	0,0373	599	1	4	0,166667
600	99,955%	0,039%	58594	23	0,020%	0,007%	TRANSICIÓN	0,0393	600	0	4	0,166667
601	99,905%	0,070%	18621	13	0,001%	0,002%	TRANSVERSIÓN	0,0698	601	1	4	0,166667
602	99,961%	0,002%	45600	1	0,002%	0,001%	TRANSVERSIÓN	0,0022	602	0	1	1
603	99,915%	0,007%	13612	1	0,003%	0,007%	TRANSVERSIÓN	0,0073	603	0	2	1
604	99,985%	0,000%	13616	0	0,002%	0,004%	TRANSVERSIÓN	0,0000	604	0	1	1
605	99,950%	0,003%	30590	1	0,004%	0,004%	TRANSVERSIÓN	0,0030	605	0	2	1
606	99,975%	0,000%	56570	0	0,001%	0,001%	TRANSVERSIÓN	0,0000	606	0	2	1
607	99,981%	0,004%	51503	2	0,005%	0,004%	TRANSVERSIÓN	0,0039	607	0	1	1
608	100,000%	0,000%	601	0	0,000%	0,000%	TRANSVERSIÓN	0,0000	608		1	1
609	99,867%	0,098%	14246	14	0,007%	0,004%	TRANSVERSIÓN	0,0983	609	1	2	1
610	99,935%	0,004%	22910	1	0,002%	0,003%	TRANSVERSIÓN	0,0044	610	0	2	1
611	99,945%	0,000%	14614	0	0,003%	0,006%	TRANSVERSIÓN	0,0000	611	0	1	0,5
612	99,935%	0,061%	19600	12	0,041%	0,017%	TRANSICIÓN	0,0612	612	0	2	0,5
613	99,955%	0,000%	37701	0	0,001%	0,002%	TRANSVERSIÓN	0,0000	613	0	4	1
614	99,961%	0,000%	48193	0	0,001%	0,002%	TRANSVERSIÓN	0,0000	614	0	4	1
615	99,975%	0,004%	23882	1	0,002%	0,003%	TRANSVERSIÓN	0,0042	615	0	4	1
616	99,982%	0,003%	33777	1	0,004%	0,003%	TRANSVERSIÓN	0,0030	616	0	4	1
617	99,952%	0,000%	47995	0	0,002%	0,002%	TRANSVERSIÓN	0,0000	617	0	4	0,5
618	99,971%	0,000%	17113	0	0,001%	0,003%	TRANSVERSIÓN	0,0000	618	0	4	0,5
619	99,958%	0,003%	38334	1	0,002%	0,003%	TRANSVERSIÓN	0,0026	619	0	4	0,5
620	99,963%	0,002%	64054	1	0,003%	0,001%	TRANSVERSIÓN	0,0016	620	0	4	0,5
621	99,204%	0,741%	9174	68	0,003%	0,007%	TRANSVERSIÓN	0,7412	621	1	2	1

Figura 20 (CONT.)

Número de Fila	ReVAF	MutVAF	DOR	MutDOR	Med.a Normal	DesvEst Normal	Tipo de Error	MutVAF - va	Número de Fila	Asignación	Categoría Conductora	Relación clonal
622	99,535%	0,459%	41387	190	0,04896	0,015%	TRANSICIÓN	0,4591	622	1	1	0,833333
623	99,753%	0,245%	72187	177	0,030%	0,010%	TRANSICIÓN	0,2452	623	1	2	0,833333
624	99,794%	0,153%	52430	80	0,001%	0,001%	TRANSVERSION	0,1526	624	1	1	0,666667
625	99,798%	0,148%	57294	85	0,007%	0,001%	TRANSVERSION	0,14134	625	1	7	0,666667
626	99,705%	0,179%	2796	5	0,002%	0,009%	TRANSVERSION	0,1700	626	1	1	0,666667
627	99,912%	0,088%	26139	22	0,037%	0,017%	TRANSICIÓN	0,0875	627	0	2	0,333333
628	99,983%	0,006%	17917	1	0,001%	0,003%	TRANSVERSION	0,0056	628	0	2	0,333333
629	99,934%	0,066%	10618	7	0,051%	0,020%	TRANSICIÓN	0,0659	629	0	2	0,333333
630	99,809%	0,148%	64258	95	0,004%	0,003%	TRANSVERSION	0,1478	630	1	4	0,656567
631	99,813%	0,157%	57335	90	0,001%	0,002%	TRANSVERSION	0,1570	631	1	4	0,833333
632	99,837%	0,143%	55992	80	0,002%	0,002%	TRANSVERSION	0,1429	632	1	4	0,666667
633	99,769%	0,205%	11237	23	0,001%	0,003%	TRANSVERSION	0,2047	633	1	4	0,666667
634	99,752%	0,200%	33432	67	0,002%	0,002%	TRANSVERSION	0,2004	634	1	4	0,666667
635	99,944%	0,051%	62216	32	0,040%	0,008%	TRANSICIÓN	0,0514	635	0	4	0,5
636	100,000%	0,000%	5633	0	0,011%	0,011%	TRANSICIÓN	0,0000	636	0	4	0,333333
637	99,969%	0,013%	74807	10	0,001%	0,001%	TRANSVERSION	0,0134	637	1	4	0,333333
638	99,955%	0,026%	42341	11	0,004%	0,002%	TRANSVERSION	0,0260	638	1	4	0,333333
639	99,940%	0,030%	26723	8	0,002%	0,003%	TRANSVERSION	0,0299	639	1	4	0,333333
640	99,935%	0,042%	35483	15	0,001%	0,001%	TRANSVERSION	0,0423	640	1	4	0,333333
641	99,945%	0,045%	30872	14	0,034%	0,011%	TRANSICIÓN	0,0454	641	0	1	0,333333
642	99,983%	0,017%	5775	1	0,041%	0,028%	TRANSICIÓN	0,0173	642	0	2	0,333333
643	99,958%	0,009%	78893	7	0,005%	0,002%	TRANSVERSION	0,0089	643	0	2	0,333333
644	99,975%	0,023%	56918	13	0,039%	0,010%	TRANSICIÓN	0,0228	644	0	2	0,333333
645	99,965%	0,000%	57273	0	0,001%	0,001%	TRANSVERSION	0,0000	645	0	1	0,333333
646	99,911%	0,003%	32096	1	0,001%	0,002%	TRANSVERSION	0,0031	646	0	4	1
647	99,970%	0,006%	53469	3	0,002%	0,002%	TRANSVERSION	0,0056	647	0	3	0,333333
648	99,983%	0,000%	71852	0	0,003%	0,002%	TRANSVERSION	0,0000	648	0	4	0,333333

Figura 20 (CCNI.)

Número de Fila	ReFAF	MutVAF	DOR	MutDOR	Media Normal	DesvEst Normal	Tipo de Error	MutVAF - va	Número de Fila	Asignación	Categoría Conductora	Relación clonal
549	95,935%	0,000%	18216	0	0,00003	0,003%	TRANSVERSIÓN	0,0000	649	0	4	0,333333
550	95,950%	0,000%	70163	0	0,002%	0,002%	TRANSVERSIÓN	0,0000	650	0	4	0,333333
551	95,994%	0,006%	17203	1	0,003%	0,003%	TRANSVERSIÓN	0,0058	651	0	4	0,333333
552	95,970%	0,000%	53121	0	0,002%	0,002%	TRANSVERSIÓN	0,0000	652	0	4	0,666667
553	95,954%	0,007%	30464	2	0,003%	0,003%	TRANSVERSIÓN	0,0066	653	0	4	0,666667
554	100,000%	0,000%	12939	0	0,000%	0,001%	TRANSVERSIÓN	0,0000	654	0	4	0,666667
555	95,959%	0,005%	143425	7	0,003%	0,001%	TRANSVERSIÓN	0,0049	655	0	4	0,333333
556	95,934%	0,000%	12792	0	0,002%	0,003%	TRANSVERSIÓN	0,0000	656	0	4	0,333333
557	95,931%	0,003%	36474	1	0,003%	0,003%	TRANSVERSIÓN	0,0027	657	0	4	0,333333
558	95,930%	0,000%	49860	0	0,002%	0,002%	TRANSVERSIÓN	0,0000	658	0	4	0,333333
559	95,972%	0,000%	72185	0	0,001%	0,001%	TRANSVERSIÓN	0,0000	659	0	4	0,333333
560	92,133%	7,867%	40245	3166	0,034%	0,013%	TRANSICIÓN	7,8668	660	1	1	1,000000
561	97,998%	1,965%	63135	1243	0,003%	0,000%	TRANSVERSIÓN	1,9688	661	1	2	0,428571
562	97,294%	2,670%	33072	883	0,002%	0,002%	TRANSVERSIÓN	2,6699	662	1	2	0,3
563	94,053%	5,900%	64203	3788	0,001%	0,005%	TRANSVERSIÓN	5,9000	663	1	1	1,000000
564	93,438%	6,500%	80373	5224	0,006%	0,003%	TRANSVERSIÓN	6,4947	664	1	2	1,000000
565	95,372%	0,561%	18007	101	0,001%	0,002%	TRANSVERSIÓN	0,5609	665	1	2	0,142857
566	96,356%	1,602%	43191	692	0,034%	0,005%	TRANSICIÓN	1,6022	666	1	1	0,428571
567	100,000%	0,000%	166	0	0,000%	0,000%	TRANSVERSIÓN	0,0000	667		2	0,285714
568	95,938%	0,048%	21037	10	0,046%	0,024%	TRANSICIÓN	0,0475	668	0	2	0,142857
569	95,778%	0,717%	17996	39	0,035%	0,011%	TRANSICIÓN	0,2167	669	1	2	0,142857
570	95,656%	0,325%	58676	193	0,032%	0,005%	TRANSICIÓN	0,3289	670	1	1	0,142857
571	95,331%	0,607%	66212	402	0,026%	0,011%	TRANSICIÓN	0,6071	671	1	2	0,285714
572	95,459%	0,510%	54747	279	0,000%	0,001%	TRANSVERSIÓN	0,5097	672	1	2	0,142857
573	95,692%	0,306%	52596	161	0,021%	0,006%	TRANSICIÓN	0,3061	673	1	2	0
574	91,000%	8,974%	66390	5358	0,003%	0,000%	TRANSVERSIÓN	8,9742	674	1	4	1,000000
575	86,044%	13,931%	36473	5381	0,004%	0,000%	TRANSVERSIÓN	13,9310	675	1	4	1,000000

Figura 20 (CONT.)

Número de Fila	RefVAF	MutVAF	DOR	MutDOR	Media Normal	DesvEst Normal	Tipo de Error	MutVAF - Número de va	Asignación	Categoría Condición	Relación clinal
676	99,177%	7,805%	27791	2169	0,0001	0,000%	TRANSVERSIÓN	7,8017	1	4	1
677	99,565%	0,001%	31344	1	0,001%	0,001%	TRANSVERSIÓN	0,0012	0	4	0,1420G
678	99,575%	0,000%	72437	0	0,001%	0,001%	TRANSVERSIÓN	0,0000	0	4	0,14286
679	99,885%	0,067%	96579	65	0,002%	0,002%	TRANSVERSIÓN	0,06720	1	4	0,14286
680	99,541%	0,051%	25271	13	0,036%	0,014%	TRANSICIÓN	0,0514	0	1	1
681	99,574%	0,023%	53764	14	0,025%	0,008%	TRANSICIÓN	0,0250	0	2	1
682	99,594%	0,000%	31175	0	0,016%	0,013%	TRANSICIÓN	0,0000	0	1	0,5
683	99,554%	0,041%	36085	35	0,043%	0,012%	TRANSICIÓN	0,0407	0	1	0,5
684	99,559%	0,034%	70312	24	0,037%	0,009%	TRANSICIÓN	0,0341	0	4	1
685	99,573%	0,000%	33543	0	0,002%	0,003%	TRANSVERSIÓN	0,0000	0	4	1
686	99,562%	0,038%	13073	5	0,048%	0,022%	TRANSICIÓN	0,0382	0	4	1
687	99,551%	0,038%	77292	29	0,043%	0,014%	TRANSICIÓN	0,0375	0	4	1
688	99,565%	0,000%	49154	0	0,000%	0,001%	TRANSVERSIÓN	0,0000	0	4	1
689	99,583%	0,015%	40103	6	0,028%	0,010%	TRANSICIÓN	0,0150	0	4	0,5
690	99,577%	0,003%	39962	3	0,004%	0,002%	TRANSVERSIÓN	0,0033	0	4	0,5
691	99,577%	0,004%	31380	3	0,004%	0,003%	TRANSVERSIÓN	0,0037	0	4	0,5
692	99,577%	0,023%	59281	16	0,028%	0,009%	TRANSICIÓN	0,0231	0	4	0,5
693	99,561%	0,039%	46090	18	0,031%	0,007%	TRANSICIÓN	0,0391	0	4	0,5
694	99,568%	0,032%	9416	3	0,053%	0,042%	TRANSICIÓN	0,0319	0	4	0,5
695	99,565%	0,004%	29850	3	0,003%	0,002%	TRANSVERSIÓN	0,0038	0	4	0,5
696	99,575%	0,025%	50403	15	0,034%	0,009%	TRANSICIÓN	0,0248	0	4	0,5
697	99,557%	0,004%	103482	4	0,002%	0,001%	TRANSVERSIÓN	0,0039	0	4	0,5
698	99,563%	0,026%	50838	13	0,015%	0,006%	TRANSICIÓN	0,0256	0	2	0,5
699	99,552%	0,044%	49553	22	0,040%	0,019%	TRANSICIÓN	0,0443	0	4	0,5
700	99,529%	0,069%	97182	67	0,051%	0,012%	TRANSICIÓN	0,0689	0	4	0,25
701	99,563%	0,035%	37509	13	0,042%	0,010%	TRANSICIÓN	0,0347	0	4	0,25
702	99,885%	0,085%	48512	41	0,001%	0,001%	TRANSVERSIÓN	0,0845	1	4	0,25

Figura 20 (CONT.)

Número de Fila	ReVAF	MutVAF	DOR	MutDOR	Media Normal	DesvEst Normal	Tipo de Error	MutVAF - va	Número de Fila	Asignación	Categoría Conductor	Relación clonal
703	99,976%	0,020%	29477	6	0,00020	0,010%	TRANSICIÓN	0,0204	703	0	4	0,75
704	99,924%	0,067%	77837	52	0,0155%	0,010%	TRANSICIÓN	0,0658	704	0	4	0,75
705	99,950%	0,050%	12050	6	0,048%	0,026%	TRANSICIÓN	0,0496	705	0	4	0,50
706	99,976%	0,006%	84591	5	0,005%	0,002%	TRANSVERSION	0,00590	706	0	3	0,75
707	99,977%	0,012%	64964	8	0,007%	0,005%	TRANSVERSION	0,0123	707	0	4	0,75
708	99,969%	0,031%	3262	1	0,031%	0,032%	TRANSICIÓN	0,0307	708	0	4	0,25
709	99,977%	0,021%	60894	13	0,044%	0,013%	TRANSICIÓN	0,0213	709	0	4	0,25
710	99,813%	0,184%	34291	63	0,041%	0,013%	TRANSICIÓN	0,1837	710	1	4	0,25
711	99,968%	0,027%	40710	11	0,042%	0,009%	TRANSICIÓN	0,0270	711	0	4	0,25
712	99,971%	0,025%	40639	12	0,044%	0,012%	TRANSICIÓN	0,0247	712	0	4	0,25
713	99,925%	0,062%	16058	10	0,063%	0,035%	TRANSICIÓN	0,0623	713	0	2	1
714	99,981%	0,004%	25918	1	0,003%	0,004%	TRANSVERSION	0,0039	714	0	1	1
715	99,969%	0,003%	35877	1	0,003%	0,002%	TRANSVERSION	0,0028	715	0	2	1
716	99,963%	0,005%	59159	3	0,000%	0,001%	TRANSVERSION	0,0051	716	0	4	1
717	99,966%	0,002%	53621	1	0,002%	0,002%	TRANSVERSION	0,0019	717	0	4	1
718	100,000%	0,000%	6231	0	0,003%	0,006%	TRANSVERSION	0,0000	718	0	4	1
719	99,945%	0,000%	65283	0	0,002%	0,002%	TRANSVERSION	0,0000	719	0	4	1
720	99,963%	0,001%	29539	2	0,005%	0,003%	TRANSVERSION	0,0058	720	0	4	1
721	99,971%	0,000%	10349	0	0,002%	0,004%	TRANSVERSION	0,0000	721	0	4	1
722	99,901%	0,099%	5070	5	0,057%	0,039%	TRANSICIÓN	0,0986	722	0	4	1
723	99,964%	0,000%	41536	0	0,002%	0,003%	TRANSVERSION	0,0000	723	0	4	1
724	99,957%	0,041%	51540	21	0,039%	0,013%	TRANSICIÓN	0,0407	724	0	4	1
725	99,958%	0,002%	52391	1	0,005%	0,003%	TRANSVERSION	0,0019	725	0	4	0,666667
726	99,959%	0,004%	46624	2	0,002%	0,002%	TRANSVERSION	0,0013	726	0	4	0,333333
727	99,977%	0,008%	13272	1	0,008%	0,006%	TRANSVERSION	0,0075	727	0	4	0,333333
728	99,754%	0,239%	41862	100	0,026%	0,011%	TRANSICIÓN	0,2389	728	1	1	1
729	99,799%	0,198%	38840	11	0,033%	0,013%	TRANSICIÓN	0,1983	729	1	2	1

Figura 20 (CONT.)

Número de Fila	ReVAF	MutVAF	DOR	MutDOR	Media Normal	DesVest: Normal	Tipo de Error	MutVAF - ve	Número de Fila	Asignación	Categoría Conductora	Relación conal
730	99.732%	0.252%	33950	85	0.0026	0.011%	TRANSICIÓN	0.2622	730	1	2	1.00
731	99.447%	0.535%	31985	171	0.003%	0.003%	TRANSVERSIÓN	0.5346	731	1	4	1.00
732	99.592%	0.308%	9088	28	0.022%	0.015%	TRANSICIÓN	0.3081	732	1	4	1.00
733	99.710%	0.233%	55830	158	0.022%	0.007%	TRANSICIÓN	0.23300	733	1	4	1.00
734	99.882%	0.118%	1701	2	0.011%	0.023%	TRANSVERSIÓN	0.1176	734	0	4	1.00
735	99.422%	0.578%	1903	11	0.057%	0.053%	TRANSICIÓN	0.5780	735	1	4	1.00
736	99.557%	0.435%	12648	55	0.035%	0.014%	TRANSICIÓN	0.4349	736	1	4	1.00
737	99.766%	0.211%	50771	107	0.002%	0.002%	TRANSVERSIÓN	0.2108	737	1	4	1.00
738	99.359%	0.141%	1416	2	0.002%	0.010%	TRANSVERSIÓN	0.1412	738	1	4	1.00
739	99.536%	0.347%	23047	80	0.058%	0.023%	TRANSICIÓN	0.3471	739	1	4	1.00
740	99.731%	0.757%	11441	86	0.001%	0.002%	TRANSVERSIÓN	0.7517	740	1	4	1.00
741	99.955%	0.030%	17693	0	0.000%	0.001%	TRANSVERSIÓN	0.0000	741	0	4	0
742	99.961%	0.031%	45836	14	0.029%	0.012%	TRANSICIÓN	0.0305	742	0	4	0
743	99.982%	0.030%	5460	0	0.003%	0.005%	TRANSVERSIÓN	0.0000	743	0	4	0
744	99.950%	0.045%	41799	19	0.051%	0.021%	TRANSICIÓN	0.0455	744	0	4	0
745	99.955%	0.010%	73119	7	0.007%	0.003%	TRANSVERSIÓN	0.0096	745	0	1	1
746	99.961%	0.032%	62233	1	0.001%	0.001%	TRANSVERSIÓN	0.0016	746	0	1	1
747	99.965%	0.032%	56886	1	0.018%	0.083%	TRANSVERSIÓN	0.0018	747	0	1	1
748	99.990%	0.010%	85981	9	0.013%	0.005%	TRANSICIÓN	0.0105	748	0	2	0
749	99.951%	0.044%	40748	18	0.042%	0.013%	TRANSICIÓN	0.0442	749	0	1	0
750	99.953%	0.042%	64665	27	0.033%	0.012%	TRANSICIÓN	0.0419	750	0	1	0
751	99.960%	0.035%	42095	2	0.002%	0.002%	TRANSVERSIÓN	0.0048	751	0	4	1
752	99.967%	0.030%	9050	0	0.003%	0.005%	TRANSVERSIÓN	0.0000	752	0	4	1
753	99.943%	0.033%	36934	1	0.002%	0.003%	TRANSVERSIÓN	0.0027	753	0	4	1.000000
754	99.962%	0.035%	60381	3	0.006%	0.003%	TRANSVERSIÓN	0.0050	754	0	4	1.000000
755	99.982%	0.030%	27254	0	0.001%	0.002%	TRANSVERSIÓN	0.0000	755	0	4	1.000000
756	99.955%	0.032%	64942	1	0.003%	0.002%	TRANSVERSIÓN	0.0015	756	0	4	1

Figura 20 (CONT.)

Número de Fila	RefVAF	MinVAF	DOR	MurDOR	Media Normal	Desviación Normal	Tipic de Form	MutVAF - va	Número de Fila	Asignación	Categoría Conductura	Relación normal
757	59,967%	0,003%	60193	2	0,00004	0,003%	TRANSVERSIÓN	0,0033	757	0	4	0,25
758	59,987%	0,001%	130760	1	0,001%	0,001%	TRANSVERSIÓN	0,0008	758	0	4	0,25
759	59,978%	0,000%	76473	0	0,000%	0,001%	TRANSVERSIÓN	0,0000	759	0	4	0,25
760	59,955%	0,000%	50670	0	0,002%	0,001%	TRANSVERSIÓN	0,0000	760	0	4	0,25
761	59,976%	0,000%	16811	0	0,002%	0,004%	TRANSVERSIÓN	0,0000	761	0	4	0,25
762	59,960%	0,000%	12424	0	0,004%	0,005%	TRANSVERSIÓN	0,0000	762	0	4	0,25
763	59,944%	0,000%	12439	0	0,003%	0,004%	TRANSVERSIÓN	0,0000	763	0	4	0,25
764	59,979%	0,002%	61410	1	0,003%	0,002%	TRANSVERSIÓN	0,0016	764	0	4	0,5
765	59,902%	4,571%	7525	344	0,007%	0,158%	TRANSVERSIÓN	4,5714	765	1	2	1
766	59,987%	0,987%	67493	666	0,003%	0,034%	TRANSVERSIÓN	0,9867	766	1	2	1
767	59,978%	1,072%	12037	129	0,012%	0,037%	TRANSICIÓN	1,0717	767	1	1	1
768	59,542%	0,455%	35824	163	0,032%	0,018%	TRANSICIÓN	0,4550	768	1	2	1
769	59,901%	1,050%	57579	632	0,016%	0,030%	TRANSICIÓN	1,0976	769	1	2	1
770	59,912%	0,061%	60210	49	0,000%	0,010%	TRANSICIÓN	0,0014	770	1	2	0
771	59,137%	0,000%	43432	364	0,004%	0,029%	TRANSVERSIÓN	0,0001	771	1	4	1
772	59,554%	1,422%	66601	547	0,005%	0,049%	TRANSVERSIÓN	1,4219	772	1	4	1
773	59,607%	1,365%	61972	846	0,004%	0,047%	TRANSVERSIÓN	1,3651	773	1	4	1
774	59,962%	0,011%	61137	7	0,004%	0,002%	TRANSVERSIÓN	0,0115	774	0	4	1
775	59,950%	0,039%	46317	18	0,005%	0,003%	TRANSVERSIÓN	0,0380	775	1	4	1
776	59,931%	0,060%	31765	19	0,003%	0,004%	TRANSVERSIÓN	0,0508	776	1	4	1
777	59,625%	0,335%	40251	135	0,002%	0,012%	TRANSVERSIÓN	0,3354	777	1	4	0
778	59,944%	0,041%	77450	32	0,001%	0,002%	TRANSVERSIÓN	0,0413	778	1	4	0
779	59,700%	0,265%	49036	130	0,004%	0,009%	TRANSVERSIÓN	0,2651	779	1	4	1
780	59,633%	0,336%	64845	218	0,003%	0,012%	TRANSVERSIÓN	0,3362	780	1	4	0,5
781	59,966%	0,012%	58742	7	0,001%	0,001%	TRANSVERSIÓN	0,0119	781	1	3	0,25
782	59,753%	0,229%	51517	118	0,003%	0,008%	TRANSVERSIÓN	0,2291	782	1	4	0,25
783	59,982%	0,001%	72741	1	0,001%	0,001%	TRANSVERSIÓN	0,0014	783	0	4	0,25

Figura 20 (CONT.)

Número de Fila	RefVAF	MutVAF	DOR	MutDOR	Media Normal	DesvEst Normal	Tipo de Error	MutVAF - va	Número de Fila	Asignación	Categoría Conductura	Relación clonal
784	99,963%	0,037%	46235	17	0,00011	0,006%	TRANSICIÓN	0,0368	784	1	1	1
785	99,951%	0,045%	89461	40	0,028%	0,007%	TRANSICIÓN	0,0447	785	0	1	1
786	99,958%	0,035%	36328	30	0,012%	0,004%	TRANSICIÓN	0,0348	786	1	2	1
787	99,970%	0,028%	72443	20	0,024%	0,011%	TRANSICIÓN	0,0276	787	0	1	0,75
788	99,957%	0,017%	64911	11	0,002%	0,002%	TRANS/FRSIÓN	0,0169	788	1	2	1
789	99,935%	0,011%	27701	3	0,002%	0,002%	TRANSVERSIÓN	0,0108	789	0	1	1
790	99,975%	0,006%	79790	5	0,001%	0,002%	TRANSVERSIÓN	0,0063	790	0	2	0,50
791	99,970%	0,001%	76137	1	0,002%	0,002%	TRANSVERSIÓN	0,0013	791	0	2	0,3
792	99,919%	0,045%	101211	46	0,001%	0,002%	TRANSVERSIÓN	0,0455	792	1	4	1
793	99,942%	0,023%	17331	4	0,001%	0,003%	TRANSVERSIÓN	0,0231	793	1	4	1
794	99,971%	0,000%	68959	0	0,001%	0,001%	TRANSVERSIÓN	0,0000	794	0	4	0
795	99,951%	0,003%	36931	1	0,005%	0,004%	TRANSVERSIÓN	0,0027	795	0	4	0
796	99,976%	0,000%	21146	0	0,000%	0,001%	TRANSVERSIÓN	0,0000	796	0	3	0
797	99,929%	0,014%	81985	12	0,001%	0,002%	TRANSVERSIÓN	0,0141	797	1	4	0
798	99,947%	0,000%	62273	0	0,001%	0,002%	TRANSVERSIÓN	0,0000	798	0	4	0
799	99,963%	0,006%	69390	4	0,004%	0,003%	TRANSVERSIÓN	0,0050	799	0	4	0
800	99,948%	0,019%	93840	18	0,008%	0,003%	TRANSVERSIÓN	0,0192	800	0	4	1
801	99,959%	0,027%	7366	2	0,000%	0,001%	TRANSVERSIÓN	0,0272	801	1	4	1
802	99,970%	0,000%	81135	0	0,001%	0,001%	TRANSVERSIÓN	0,0000	802	0	3	0
803	99,952%	0,013%	76660	10	0,030%	0,009%	TRANSVERSIÓN	0,0130	803	0	1	1
804	99,952%	0,000%	26938	0	0,004%	0,005%	TRANS/FRSIÓN	0,0000	804	0	1	1
805	99,969%	0,012%	16036	2	0,003%	0,009%	TRANSVERSIÓN	0,0125	805	0	2	1
806	99,985%	0,000%	53610	0	0,001%	0,002%	TRANSVERSIÓN	0,0000	806	0	2	1
807	99,963%	0,032%	81735	26	0,025%	0,007%	TRANSICIÓN	0,0318	807	0	4	0,5
808	99,959%	0,000%	29424	0	0,001%	0,002%	TRANSVERSIÓN	0,0000	808	0	4	1
809	99,949%	0,048%	73108	35	0,029%	0,011%	TRANSICIÓN	0,0479	809	0	4	1
810	99,959%	0,001%	115923	1	0,002%	0,002%	TRANSVERSIÓN	0,0009	820	0	3	1

Figura 20 (CONT.)

Número de Fila	ReNAF	MutVAF	DOR	MutDOR	Media Normal	DesvEst Normal	Tipo de Error	MutVAF - va	Número de Fila	Asignación	Categoría Conductor	Relación clonal
811	95,973%	0,024%	67309	16	0,00041	0,014%	TRANSICIÓN	0,0238	811	0	4	1
812	95,958%	0,000%	71604	0	0,001%	0,002%	TRANSVERSION	0,0000	812	0	4	1
813	95,971%	0,001%	80208	1	0,001%	0,001%	TRANSVERSION	0,0012	813	0	4	0,50
814	95,964%	0,030%	126317	38	0,040%	0,011%	TRANSICIÓN	0,0301	814	0	4	0,50
815	95,967%	0,032%	98576	32	0,038%	0,013%	TRANSICIÓN	0,0325	815	0	4	0,50
816	95,970%	0,001%	79622	1	0,002%	0,002%	TRANSVERSION	0,0013	816	0	4	0,50
817	95,976%	0,001%	106264	1	0,001%	0,001%	TRANSVERSION	0,0009	817	0	4	0,50
818	95,954%	0,040%	109650	44	0,030%	0,011%	TRANSICIÓN	0,0401	818	0	4	1
819	95,964%	0,032%	99924	32	0,010%	0,004%	TRANSICIÓN	0,0320	819	1	4	0,50
820	95,951%	0,045%	44558	20	0,025%	0,011%	TRANSICIÓN	0,0449	820	0	4	1
821	95,973%	0,000%	7295	0	0,003%	0,009%	TRANSVERSION	0,0000	821	0	4	0,50
822	94,168%	5,816%	31055	1806	0,040%	0,200%	TRANSICIÓN	5,3155	822	1	1	1
823	96,913%	3,084%	31326	966	0,037%	0,106%	TRANSICIÓN	3,0837	823	1	2	1
824	90,657%	9,343%	4688	438	0,047%	0,323%	TRANSICIÓN	9,3430	824	1	4	1
825	95,645%	4,327%	3161	163	0,008%	0,149%	TRANSVERSION	4,3171	825	1	4	1
826	96,985%	2,984%	16054	479	0,007%	0,103%	TRANSVERSION	2,9837	826	1	4	1
827	95,041%	0,939%	60374	567	0,007%	0,032%	TRANSVERSION	0,9392	827	1	4	1
828	93,279%	6,680%	7261	485	0,011%	0,230%	TRANSVERSION	6,5795	828	1	4	1
829	95,852%	0,144%	82710	119	0,027%	0,008%	TRANSICIÓN	0,1439	829	1	4	0,25
830	95,854%	0,125%	57696	72	0,003%	0,005%	TRANSVERSION	0,1248	830	1	4	0,25
831	95,912%	0,082%	67315	55	0,017%	0,008%	TRANSICIÓN	0,0817	831	1	4	0,25
832	95,936%	0,064%	21844	14	0,020%	0,012%	TRANSICIÓN	0,0641	832	0	4	0,25
833	95,777%	0,199%	29650	59	0,004%	0,007%	TRANSVERSION	0,1990	833	1	4	0,25
834	95,975%	0,024%	66806	16	0,012%	0,005%	TRANSICIÓN	0,0240	834	0	4	0,25
835	98,602%	1,371%	86352	1184	0,007%	0,047%	TRANSVERSION	1,3711	835	1	4	0,25
836	95,947%	0,053%	15165	0	0,020%	0,015%	TRANSICIÓN	0,0520	836	0	4	0,25
837	95,867%	0,110%	52496	58	0,007%	0,005%	TRANSVERSION	0,1105	837	1	4	0,25

Figura 20 (CONT.)

Número do Fila	RefVAF	MutVAF	DOR	MutDOR	Med.a Normal	Desv.Est. Normal	Tipo de Error	MutVAF - va	Número de Fila	Asignación	Categoría Conductora	Relación cloncl
838	99,954%	0,044%	93572	41	0,039%	0,009%	TRANSICIÓN	0,0438	338	0	4	0,25
839	99,974%	0,026%	15226	4	0,028%	0,016%	TRANSICIÓN	0,0263	339	0	4	0,25
840	99,982%	0,014%	22020	3	0,029%	0,018%	TRANSICIÓN	0,0136	340	0	2	1
841	99,980%	0,020%	5071	1	0,042%	0,027%	TRANSICIÓN	0,0197	341	0	1	1
842	99,942%	0,052%	34529	18	0,023%	0,012%	TRANSICIÓN	0,0521	342	0	1	1
843	99,990%	0,000%	69072	0	0,000%	0,001%	TRANSVERSIÓN	0,0000	343	0	2	1
844	99,979%	0,010%	92315	0	0,000%	0,001%	TRANSVERSIÓN	0,0000	344	0	4	1
845	99,974%	0,006%	15463	1	0,007%	0,008%	TRANSVERSIÓN	0,0065	345	0	4	1
846	99,902%	0,000%	54770	0	0,003%	0,002%	TRANSVERSIÓN	0,0000	346	0	4	1
847	100,000%	0,000%	176	0	0,000%	0,000%	TRANSVERSIÓN	0,0000	347	0	3	1
848	99,972%	0,000%	53866	0	0,003%	0,002%	TRANSVERSIÓN	0,0000	348	0	1	1
849	99,973%	0,003%	63569	2	0,001%	0,001%	TRANSVERSIÓN	0,0031	349	0	4	0,5
850	99,950%	0,003%	61953	2	0,004%	0,003%	TRANSVERSIÓN	0,0032	350	0	4	0,5
851	99,961%	0,036%	94777	34	0,028%	0,010%	TRANSICIÓN	0,0359	351	0	4	0,5
852	99,985%	0,015%	20658	3	0,010%	0,006%	TRANSICIÓN	0,0145	352	0	4	0,5
853	99,964%	0,031%	61106	19	0,027%	0,010%	TRANSICIÓN	0,0311	353	0	3	0,5
854	99,936%	0,055%	27030	23	0,063%	0,013%	TRANSICIÓN	0,0547	354	0	4	0,5
855	99,960%	0,035%	96130	34	0,024%	0,011%	TRANSICIÓN	0,0354	355	0	4	0,5
856	99,957%	0,043%	18555	8	0,030%	0,013%	TRANSICIÓN	0,0431	356	0	3	0,5
857	99,976%	0,004%	71157	3	0,001%	0,001%	TRANSVERSIÓN	0,0042	357	0	4	0,5
858	99,978%	0,018%	72628	13	0,027%	0,009%	TRANSICIÓN	0,0179	358	0	4	0,5
859	94,143%	5,849%	37629	2201	0,040%	0,201%	TRANSICIÓN	5,8492	359	1	2	1
860	94,559%	5,401%	79975	1619	0,009%	0,186%	TRANSVERSIÓN	5,4012	360	1	1	1
861	96,061%	3,694%	15561	606	0,009%	0,134%	TRANSVERSIÓN	3,6944	361	1	2	1
862	97,696%	2,299%	65975	1517	0,034%	0,079%	TRANSICIÓN	2,2994	362	1	2	1
863	97,714%	2,255%	65998	1482	0,006%	0,078%	TRANSVERSIÓN	2,2516	363	1	2	1
864	99,922%	0,069%	23704	30	0,033%	0,011%	TRANSICIÓN	0,0686	364	0	1	0,25

Figura 20 (CONT.)

Número de Fila	RefVAF	MutVAF	DOR	MutDOR	Media Normal	DesuFst Normal	Tipo de Error	MutVAF - va	Número de Fila	Asignación	Categoría Conducidora	Relación clonal
865	92,074%	7,500%	52700	4170	0,0011	0,272%	TRANSVERSIÓN	7,0995	865	1	4	1
866	90,824%	9,162%	20584	1895	0,002%	0,001%	TRANSVERSIÓN	9,1617	866	1	3	1
867	95,687%	4,287%	62277	2670	0,009%	0,148%	TRANSVERSIÓN	4,2873	867	1	4	1
868	96,465%	3,506%	28098	985	0,006%	0,121%	TRANSVERSIÓN	3,5056	868	1	4	1
869	96,667%	3,333%	60	2	0,044%	0,235%	TRANSICIÓN	3,3333	869	1	4	0,75
870	97,641%	2,454%	84920	2084	0,041%	0,084%	TRANSICIÓN	2,4541	870	1	4	0,75
871	98,094%	1,503%	70516	1342	0,054%	0,065%	TRANSICIÓN	1,5031	871	1	4	0,25
872	99,675%	0,364%	55191	201	0,002%	0,013%	TRANSVERSIÓN	0,3642	872	1	4	0,25
873	99,447%	0,528%	55475	293	0,002%	0,018%	TRANSVERSIÓN	0,5282	873	1	4	0,25
874	98,613%	1,370%	64007	878	0,006%	0,047%	TRANSVERSIÓN	1,3698	874	1	4	0,25
875	99,743%	0,257%	26021	67	0,027%	0,015%	TRANSICIÓN	0,2575	875	1	4	0,25
876	99,762%	0,163%	21426	35	0,004%	0,008%	TRANSVERSIÓN	0,1634	876	1	4	0,25
877	99,694%	0,256%	75514	193	0,002%	0,009%	TRANSVERSIÓN	0,2556	877	1	4	0,25
878	99,635%	0,330%	60520	200	0,002%	0,011%	TRANSVERSIÓN	0,3295	878	1	4	0,25
879	99,762%	0,233%	41216	96	0,019%	0,016%	TRANSICIÓN	0,2329	879	1	4	0,25
880	99,531%	0,448%	56451	253	0,002%	0,015%	TRANSVERSIÓN	0,4482	880	1	1	1
881	99,534%	0,060%	51332	31	0,044%	0,018%	TRANSICIÓN	0,0604	881	0	2	0,75
882	99,575%	0,002%	49566	1	0,003%	0,002%	TRANSVERSIÓN	0,0020	882	0	1	0,25
883	99,567%	0,018%	32576	6	0,001%	0,002%	TRANSVERSIÓN	0,0181	883	1	4	1
884	99,529%	0,399%	40046	160	0,002%	0,014%	TRANSVERSIÓN	0,3990	884	1	4	1
885	99,572%	0,005%	88051	4	0,005%	0,003%	TRANSVERSIÓN	0,0045	885	0	4	0,75
886	99,555%	0,000%	47765	0	0,002%	0,002%	TRANSVERSIÓN	0,0000	886	0	4	0,75
887	99,683%	0,000%	853	0	0,018%	0,052%	TRANSVERSIÓN	0,0000	887	0	4	1
888	99,514%	0,000%	23234	0	0,001%	0,003%	TRANSVERSIÓN	0,0000	888	0	4	1
889	99,575%	0,019%	31715	6	0,036%	0,023%	TRANSICIÓN	0,0189	889	0	4	1
890	99,532%	0,060%	13229	8	0,033%	0,026%	TRANSICIÓN	0,0605	890	0	4	1
891	99,542%	0,054%	53469	29	0,038%	0,012%	TRANSICIÓN	0,0542	891	0	4	1

Figura 20 (CONT.)

Número de Fila	RefVAF	MutVAF	DJH	MutDJH	Media Normal	DesvEst Normal	tipo de Error	MutVAF - va	Número de Fila	Asignación	Categoría Conductora	Relación clonal
892	99,981%	0,014%	57417	3	0,00015	0,007%	TRANSICIÓN	0,0139	892	0	4	0,25
893	NaN	NaN	0	NaN	2,751%	5,365%	TRANSICIÓN	#VALUE!	893		4	0,25
894	99,980%	0,003%	39989	1	0,005%	0,005%	TRANSICIÓN	0,0025	894	0	4	0,25
895	99,953%	0,002%	44501	1	0,003%	0,002%	TRANSICIÓN	0,0022	895	0	4	0,25
896	99,995%	0,005%	18703	1	0,037%	0,018%	TRANSICIÓN	0,0053	896	0	4	0,25
897	99,091%	0,103%	33033	34	0,046%	0,015%	TRANSICIÓN	0,1020	897	0	4	0,75
898	99,963%	0,003%	34715	1	0,003%	0,003%	TRANSICIÓN	0,0029	898	0	4	0,75
899	99,967%	0,020%	15018	3	0,038%	0,020%	TRANSICIÓN	0,0200	899	0	1	1
900	99,933%	0,067%	22420	15	0,032%	0,011%	TRANSICIÓN	0,0669	900	0	2	0,25
901	99,952%	0,000%	8421	0	0,001%	0,004%	TRANSICIÓN	0,0000	901	0	4	0,5
902	99,900%	0,000%	20053	0	0,001%	0,002%	TRANSICIÓN	0,0000	902	0	4	0,75
903	99,974%	0,000%	81735	0	0,001%	0,001%	TRANSICIÓN	0,0000	903	0	4	0,75
904	99,974%	0,002%	58328	1	0,006%	0,003%	TRANSICIÓN	0,0017	904	0	4	0,25
905	99,983%	0,017%	12035	2	0,016%	0,014%	TRANSICIÓN	0,0165	905	0	4	1
906	99,950%	0,008%	77654	5	0,002%	0,002%	TRANSICIÓN	0,0077	906	0	4	0,5
907	99,907%	0,093%	11852	11	0,029%	0,015%	TRANSICIÓN	0,0927	907	0	4	0,25
908	99,931%	0,065%	56634	37	0,028%	0,010%	TRANSICIÓN	0,0653	908	0	4	0,5
909	99,974%	0,025%	19100	5	0,078%	0,113%	TRANSICIÓN	0,0262	909	0	4	0,25
910	99,987%	0,010%	111206	11	0,060%	0,151%	TRANSICIÓN	0,0099	910	0	4	0,25
911	99,923%	0,073%	71154	52	0,035%	0,012%	TRANSICIÓN	0,0731	911	1	4	0,25

Figura 20 (CONT.)

Número de Fila	VAF Max en Tumor	Promedio VAF en Tumor	NateraVAF Max en Tumor	NateraVAF Promedio en Tumor	Clúster PyClone	Etapas pTNM	Tamaño Lesión 1	Tamaño Lesión 1	Entrada ADN	Número Fila	Hospital
1	32,03	30,25	35,71	30,49	C	1a	20	16	20,6	1	U
2	27,86	25,605	25,22	23,9	C	1a	20	16	20,6	2	U
3	27,5	26,985	28,41	25,62	C	1a	20	16	20,50	3	U
4	22,72	21,63	25,45	22,58		1a	20	16	20,6	4	U
5	23,65	21,51	19,09	17,98	C	1a	20	16	20,6	5	U
6	24,35	21,555	25,50	25,09	C	1a	20	16	20,6	6	U
7	27,00	23,58	25,59	23,54	C	1a	20	16	20,6	7	U
8	20,65	19,39	22,18	19,48	C	1a	20	16	20,6	8	U
9	7,65	5,53	6,24	5,04	C	1a	20	16	20,6	9	U
10	7,24	6,34	8,19	6,19	S	1a	20	16	20,6	10	U
11	7,07	5,45	8,14	6,31		1a	20	16	20,6	0	U
12	8,16	6,06	6,73	4,73	S	1a	20	16	20,6	12	U
13	25,5	23,295	33,1	29,88	S	1a	20	16	20,6	13	U
14	19,79	18,93	18,93	18,72	C	1a	20	16	20,6	14	U
15	23,12	20,885	22,42	22,09	S	1a	20	16	20,6	15	U
16	16,01	13,295	20,78	19,58	S	1a	20	16	20,6	16	U
17	11,72	8,4	11,89	8,99	S	1a	20	16	20,6	17	U
18	59,9	33,9975	65,49	36,92	C	1b	NA	19	18,1	18	M
19	59,79	33,96	65,33	36,85	C	1b	NA	19	18,1	19	M
20	51,02	34,4825	54,97	38,52	C	1b	NA	19	18,1	20	M
21	45,21	30,0225	64,86	48,84	C	1b	NA	19	18,1	21	M
22	45,03	29,1375	50,29	35,39	C	1b	NA	19	18,1	22	M
23	44,40	29,23	44,56	20,09	C	1b	NA	19	10,1	23	M
24	32,81	26,05	34,25	26,48	C	1b	NA	19	18,1	24	M
25	25,16	14,3125	268,00	14,05	C	1b	NA	19	18,1	25	M
26	23,84	16,8225	30,42	19,86	C	1b	NA	19	18,1	26	M
27	20,37	7,64	13,48	5,98	S	1b	NA	19	18,1	27	M

Figura 20 (CONT.)

Número de Fila	VAF Max en Tumor	Promedio VAF en Tumor	NateraVAF Máx en Tumor	NateraVAF Promedio en Tumor	Clúster PyClone	Etapas pTNM	Tamaño Lesión 1	Tamaño Lesión 1	Entrada ADN	Número Fila	Hospital
28	20,08	9,8525	29,16	14,19	S	1b	NA	19	18,1	28	M
29	18,55	9,65	9,73	6,28	C	1b	NA	19	18,1	29	M
30	10,53	5,4225	12,28	6,28	S	1b	NA	19	18,1	30	M
31	48,48	22,335	50,39	24,37	C	1b	NA	19	18,1	31	M
32	20	14,83	19,88	15,38	C	1b	NA	19	18,1	32	M
33	7,95	4,07	7,75	4,44	S	1b	NA	19	18,1	33	M
34	9,75	5,785	12,3	6,37	S	1b	NA	19	18,1	34	M
35	9,02	4,13	8,21	4,29	S	1b	NA	19	18,1	35	M
36	6,42	1,605	7,57	1,9	S	1b	NA	19	18,1	36	M
37	5,76	1,44	7,35	1,84	S	1b	NA	19	18,1	37	M
38	11,53	2,93	13,94	3,49	S	1b	NA	19	18,1	38	M
39	5,40	1,70	6,2	2,20	S	1b	NA	19	10,1	39	M
40	77,53	50,772	77,37	51	C	1b	44	40	26,1	40	U
41	74,69	52,464	79,86	55,55	C	1b	44	40	26,1	41	U
42	51,77	25,298	49	25,81	C	1b	44	40	26,1	42	U
43	48,76	25,358	40,91	17,33	C	1b	44	40	26,1	43	U
44	47,37	24,212	47,46	22,04	C	1b	44	40	26,1	44	U
45	13,98	9,532	17,64	11,37	S	1b	44	40	26,1	45	U
46	9,69	1,938	10,64	2,14	S	1b	44	40	26,1	46	U
47	40,98	30,098	38,21	27,69	C	1b	44	40	26,1	47	U
48	26,82	13,344	27,37	17,01	C	1b	44	40	26,1	48	U
49	23,58	14,882	21,02	13,83	C	1b	44	40	26,1	49	U
50	5,14	1,028	5,77	1,16	S	1b	44	40	26,1	50	U
51	5,99	1,262	8,35	1,67	S	1b	44	40	26,1	51	U
52	25,45	5,85	27,55	7,26	S	1b	44	40	26,1	52	U
53	17,46	5,214	20,65	5,64	S	1b	44	40	26,1	53	U
54	10,00	3,466	10,10	3,14	S	1b	44	40	26,1	54	U

Figura 20 (CONT.)

Número de Fila	VAF Max en Tumor	Promedio VAF en Tumor	NateraVAF Máx en Tumor	NateraVAF Promedio en Tumor	Clúster PyClona	Etapas pTNM	Tamaño Lesión 1	Tamaño Lesión 1	Entrada ADN	Número Fila	Hospital
55	10,51	2,892	12,5	5,88	S	1b	44	40	26,1	55	U
56	10,01	2,73	11,46	3,17		1b	44	40	26,1	56	U
57	13,61	2,978	5,56	1,4	S	1b	44	40	26,1	57	U
58	43,75	34,0725	46,17	36,97	C	2b	65	54	16,3	58	M
59	38,49	32,815	37,19	32,52	C	2b	65	54	16,3	59	M
60	31,78	24,745	34,01	26,6	C	2b	65	54	16,3	60	M
61	30,34	22,6625	34,4	26,53	C	2b	65	54	16,3	61	M
62	17,54	4,5025	14,49	4,11	S	25	65	54	16,3	62	M
63	17,45	7,23	14,36	6,8	S	25	65	54	16,3	63	M
64	6,25	1,6675	7,03	1,80	S	2b	65	54	16,3	64	M
65	53,07	37,64	27,14	23,60	C	2b	65	54	16,3	65	M
66	12,22	9,1275	19,7	13,44	C	2b	65	54	16,3	66	M
67	10,69	6,8425	9,55	7	C	2b	65	54	16,3	67	M
68	25,96	23,9675	29,50	25,84	C	2b	65	54	16,3	68	M
69	20,09	9,465	74,07	11,01	S	2b	65	54	16,3	69	M
70	14,64	6,965	13,63	6,69	S	2b	65	54	16,3	70	M
71	23,38	9,9075	18,88	8,98	S	2b	65	54	16,3	71	M
72	5,33	1,3325	4,83	1,22	S	2b	65	54	16,3	72	M
73	5,53	1,3825	5,11	1,28	S	2b	65	54	16,3	73	M
74	5,18	1,295	3,93	1,00	S	2b	65	54	16,3	74	M
75	6,75	1,6875	6,35	1,59	S	2b	65	54	16,3	75	M
76	10,16	4,945	17,51	7,55	S	2b	65	54	16,3	76	M
77	6,01	1,5025	10,44	2,63	S	2b	65	54	16,3	77	M
78	7,92	2,1175	9,47	2,50	S	2b	65	54	16,3	78	M
79	17,33	8,805	0	0	S	1a	18	15	39,8	79	U
80	13,64	10,95	16,12	14,08	C	1a	18	15	39,8	80	U
81	12,57	11,485	15,49	14,15	C	1a	18	15	39,8	81	U

Figura 20 (CONT.)

Número de Fila	VAF Max en Tumor	Promedio VAF en Tumor	NateraVAF Máx en Tumor	NateraVAF Promedio en Tumor	Clúster PyClone	Etapas pTNM	Tamaño Lesión 1	Tamaño Lesión 1	Entrada ADN	Número Fila	Hospital
82	12,47	10,385	15,4	14,07	C	1a	18	15	39,8	82	U
83	11,21	9,385	14,4	12,1	C	1a	18	15	39,8	83	U
84	8,21	4,105	7,83	3,92	S	1a	18	15	39,8	84	U
85	6,83	3,44	5,87	2,96		1a	18	15	39,8	85	U
86	6,45	5,755	7,35	7,1	C	1a	18	15	39,8	86	u
87	5,76	3,12	4,82	2,53	S	1a	18	15	39,8	87	U
88	15,25	11,985	14,1	12,75	C	1a	18	15	39,8	88	U
89	12,04	10,385	16,42	15,31	C	1a	18	15	39,8	89	U
90	11,97	11,82	13,74	12,2	C	1a	18	15	39,8	90	U
91	7,89	3,945	11,54	5,88	S	1a	18	15	39,8	91	U
92	11,49	5,85	10,98	5,56	S	1a	18	15	39,8	92	U
93	9,88	5,345	8,5	4,28	S	1a	18	15	39,8	93	U
94	10,03	5,32	13,09	7	S	1a	18	15	39,8	94	U
95	5,03	2,515	6,25	3,13	S	1a	18	15	39,8	95	U
96	5,26	2,63	3,89	1,94	S	1a	18	15	39,8	96	U
97	6,76	3,38	4,35	2,17		1a	18	15	39,8	97	U
98	32,30	20,533	28,77	19,57	C	2a	26	25	12,9	98	B
99	15,27	10,887	16,44	11,13	C	2a	26	25	12,9	99	B
100	8,12	5,67	10,81	7,18	C	2a	26	25	12,9	100	B
101	7,94	2,84	6,39	2,13	S	2a	26	25	12,9	101	B
102	7,69	2,653	10	3,33	S	2a	26	25	12,9	102	B
103	7,53	2,62	5,99	2	S	2a	26	25	12,9	103	B
104	6,49	2,163	3,57	1,19	S	2a	26	25	12,9	104	B
105	6,03	2,763	9,85	3,83	S	2a	26	25	12,9	105	B
106	5,94	1,98	5	2	S	2a	26	25	12,9	106	B
107	5,45	1,817	6,98	2,33	S	2a	26	25	12,9	107	B
108	5,41	1,887	5,28	1,94	S	2a	26	25	12,9	108	B

Figura 20 (CONT.)

Número de Fila	VAF Max en Tumor	Promedio VAF en Tumor	NateraVAF Máx en Tumor	NateraVAF Promedio en Tumor	Clúster PyClone	Etapas pTNM	Tamaño Lesión 1	Tamaño Lesión 1	Entrada ADN	Número Fila	Hospital
109	5,36	1,78667	3,33	1,11	S	2a	26	25	12,9	109	B
110	5,31	1,77	5,62	1,88	S	2a	26	25	12,9	110	B
111	7,65	2,97667	7	2,71	S	2a	26	25	12,9	111	B
112	6,67	2,76	4,81	1,78	S	2a	26	25	12,9	112	B
113	7,49	3,36	8,03	3,27	S	2a	26	25	12,9	113	B
114	6,7	2,23333	4,86	1,62	S	2a	26	25	12,9	114	B
115	7,32	2,44	11,04	4,69	S	2a	26	25	12,9	115	B
116	5,03	1,73333	5,69	1,98	S	2a	26	25	12,9	116	B
117	26,50	13,49	36,23	25,5	S	1a	10	10	20	117	U
118	25,61	14,96	26,94	23,94	C	1a	10	10	20	118	U
119	22,31	10,91	20,78	16,07	C	1a	10	10	20	119	U
120	51,34	23,41670	48,22	35,2	C	1a	10	10	20	120	U
121	70,32	41,72330	70,64	61	C	1a	10	10	20	121	U
122	66,67	30,05670	61,38	45,12	C	1a	10	10	20	122	U
123	37,25	19,69330	40,12	32,03	C	1a	10	10	20	123	U
124	82,99	46,43	80,85	66,07		1a	10	10	20	124	U
125	23,46	7,82	25,04	12,52	S	1a	10	10	20	125	U
126	16,24	5,54333	79,25	39,62	S	1a	10	10	20	126	U
127	10,04	3,34667	10,17	5,08	S	1a	10	10	20	127	U
128	20,7	6,9	23,99	12,01	S	1a	10	10	20	128	U
129	35,66	11,96	0	0	S	1a	10	10	20	129	U
130	23,67	8,02333	30,53	15,26	S	1a	10	10	20	130	U
131	6,06	2,02	5,08	2,54	S	1a	10	10	20	131	U
132	8,83	2,94333	7,93	39,62	S	1a	10	10	20	132	U
133	6,56	2,18667	6	3	S	1a	10	10	20	133	U
134	6,03	2,29333	6,13	3,07	S	1a	10	10	20	134	U
135	5,24	2,23333	5,36	4,95	S	1a	10	10	20	135	U

Figura 20 (CONT.)

Número de Fila	VAF Max en Tumor	Promedio VAF en Tumor	NateraVAF Máx en Tumor	NateraVAF Promedio en Tumor	Clúster PyClone	Etapas pTNM	Tamaño Lesión 1	Tamaño Lesión 1	Entrada ADN	Número Fila	Hospital
136	64,17	37,595	65,73	38,43	C	1b	NA	44	78,0	136	M
137	50,39	28,14	52,11	31,25	C	1b	NA	44	78,0	137	M
138	36,17	18,33	33,78	20,04	C	1b	NA	44	78,0	138	M
139	12,31	7,06	12,55	7,52	C	1b	NA	44	78,0	139	M
140	44,76	20,78	45,42	24,03		1b	NA	44	78,0	140	M
141	43,96	23,4325	45,71	25,95	C	1b	NA	44	78,0	141	M
142	28,92	17,83	31,84	19,79	C	1b	NA	44	78,0	142	M
143	49,51	29,2675	51,27	31,74	C	1b	NA	44	78,0	143	M
144	14,57	3,79	11,56	3,08	S	1b	NA	44	78	144	M
145	6,16	1,66	7,42	1,94	S	1b	NA	44	78	145	M
146	7,42	4,86	14,56	9,71	C	1b	NA	44	78	146	M
147	7,16	3,8975	6,51	3,66	C	1b	NA	44	78	147	M
148	10,07	4,615	11,89	5,72	C	1b	NA	44	78	148	M
149	10,73	4,81	10,94	4,10	S	1b	NA	44	78	149	M
150	5,42	1,4725	2,27	0,75	S	1b	NA	44	78	150	M
151	5,24	1,48	1,04	0,26	S	1b	NA	44	78	151	M
152	5,58	2,49	6,54	3,09	S	1b	NA	44	78	152	M
153	5,94	2,3525	9,06	3,44	S	1b	NA	44	78	153	M
154	78,98	74,0257	81,47	75,23	C	1b	SO	50	269,9	154	U
155	11,6	2	11,93	1,71	S	1b	50	50	269,9	155	U
156	46,44	42,27	46,20	43,18	C	1b	50	50	269,9	156	U
157	47,83	41,7886	43,50	40,43	C	1b	SO	50	269,9	157	U
158	71,15	50,67	50	33,69	C	1b	SO	50	269,9	158	U
159	34,48	26,6871	38,66	32,20		1b	50	50	269,9	159	U
160	39,42	37,0743	48,42	36,16	C	1b	50	50	269,9	160	U
161	81,56	74,8286	80,98	74,95	C	1b	50	50	269,9	161	U
162	55,7	50,5129	55,72	51,58		1b	50	50	269,9	162	U

FIG. 20 (CONT.)

Número de Fila	VAF Max en Tumor	Promedio VAF en Tumor	NateraVAF Máx en Tumor	NateraVAF Promedio en Tumor	Clúster PyClone	Etapas pTNM	Tamaño Lesión 1	Tamaño Lesión 1	Entrada ADN	Número Fila	Hospital
163	36,17	31,8357	40,64	32,06		1b	SO	SO	269,9	163	U
164	10,76	1,5371	19,77	2,84	S	1b	SO	SO	269,9	164	U
165	10,58	1,5114	12,09	1,77	S	1b	SO	SO	269,9	165	U
166	12,32	1,76	16,03	2,29	S	1b	SO	SO	269,9	166	U
167	7,97	1,1386	11,06	1,6	S	1b	SO	SO	269,9	167	U
168	7,14	1,2243	4,91	0,83	S	1b	SO	SO	269,9	168	U
169	5,65	0,8757	11,87	1,71	S	1b	SO	SO	269,9	169	U
170	5,88	0,9186	3,34	0,51	S	1b	SO	SO	269,9	170	U
171	5,6	1,0243	6,08	0,98	S	1b	SO	SO	269,9	171	U
172	5,46	0,8657	6,46	0,99	S	1b	SO	SO	269,9	172	U
173	66,11	56,818	65,56	54,48	C	3a	35	32	17	173	A
174	7,55	1,51	5,88	1,18	S	3a	35	32	17	174	A
175	34,16	22,892	40,22	26,03	C	3a	35	32	17	175	A
176	40,74	32,382	32,22	27,78	C	3a	35	32	17	176	A
177	52,39	40,17	81,82	53,27	C	3a	35	32	17	177	A
178	19,77	4	19,27	3,85		3a	35	32	17	178	A
179	16,28	3,62	19,17	4,29	S	3a	35	32	17	179	A
180	9,59	1,918	10,08	2,02	S	3a	35	32	17	180	A
181	21,05	4,21	24,6	4,92		3a	35	32	17,0	181	A
182	5,7	1,178	5,12	1,03	S	3a	35	32	17,0	182	A
183	7,89	1,578	3,47	0,69	S	3a	35	32	17,0	183	A
184	5,28	1,23	6,39	1,28	S	3a	35	32	17,0	184	A
185	9,36	1,872	14,27	2,85		3a	35	32	17,0	185	A
186	5,25	1,05	5,44	1,09	S	3a	35	32	17,0	186	A
187	18,65	11,108	20,82	12,63	S	3a	35	32	17,0	187	A
188	15,84	9,828	20,87	11,99	S	3a	35	32	17,0	188	A
189	26,34	14,022	24,69	13,69	S	3a	35	32	17,0	189	A

Figura 20 (CONT.)

Número de Fila	VAF Max en Tumor	Promedio VAF en Tumor	Natera/VAF Máx en Tumor	Natera/VAF Promedio en Tumor	Clúster PyClone	Etapa pTNM	Tamaño Lesión 1	Tamaño Lesión 1	Entrada ADN	Número Fila	Hospital
190	15,62	9,344	20,77	11,80	S	3a	35	32	17	190	A
191	14,13	5,554	0	0	S	3a	35	32	17	191	A
192	53,26	37,0875	100,00	25	C	1b	NA	32	34,8	192	M
193	46,74	27,8875	55,71	37,96	C	1b	NA	32	34,8	193	M
194	39,11	25,52	13,79	6,48	C	1b	NA	32	34,8	194	M
195	42,95	26,1525	44,47	28,53	C	1b	NA	32	34,8	195	M
196	30,74	14,22	27,87	13,69	S	1b	NA	32	34,8	196	M
197	58,57	38,155	58,10	40,61		1b	NA	32	34,8	197	M
198	45,9	27,86	49,23	30,15	C	1b	NA	32	34,8	198	M
199	33,71	8,4275	0	0	S	1b	NA	32	34,8	199	M
200	22,31	5,5775	17,19	4,45	S	1b	NA	32	35	200	M
201	19,12	4,78	18,71	4,7	S	1b	NA	32	35	201	M
202	13,9	3,475	17,13	4,28	S	1b	NA	32	35	202	M
203	7,24	1,81	3,97	1,02	S	1b	NA	32	35	203	M
204	7,14	1,785	7,4	1,87	S	1b	NA	32	35	204	M
205	6,81	1,7025	5,09	1,28	S	1b	NA	32	35	205	M
206	31,03	16,81	39,24	21,5	C	1b	NA	32	35	206	M
207	14,22	3,665	18,17	4,77	S	1b	NA	32	35	207	M
208	6,51	1,6275	10,7	2,72	S	1b	NA	32	34,8	208	M
209	14,4	3,84	13,30	3,51	S	1b	NA	32	34,8	209	M
210	50,37	38,4167	50,61	38,37	C	1b	40,2	26	289,5	210	U
211	32,87	28,5667	29,99	24,54	C	1b	40,2	26	289,5	211	U
212	32,2	28,5333	40,84	33,73	C	1b	40,2	26	289,5	212	U
213	18,18	9,74333	19,61	10,77	S	1b	40,2	26	289,5	213	U
214	9,54	3,18	9,21	3,08	S	1b	40,2	26	289,5	214	U
215	27,26	22,403	36,44	30,27	C	1b	40,2	26	289,5	215	U
216	28,25	20,847	30,67	24,09	C	1b	40,2	26	289,5	216	U

Figura 20 (CONT.)

Número de Fila	VAF Max en Tumor	Promedio VAF en Tumor	NateraVA ⁺ Máx en Tumor	NateraVAF Promedio en Tumor	Clúster PyClone	Etapas pTNM	Tamaño Lesión 1	Tamaño Lesión 1	Entrada ADN	Número Fila	Hospital
217	13,79	11,68	16,07	12,95	C	1b	40,2	26	289,5	217	U
218	15,45	7,86	16,36	8,6	S	1b	40,2	26	289,5	218	U
219	11,47	3,82333	7,43	2,48	S	1b	40,2	26	289,5	219	U
220	5,98	1,99333	11,37	3,79	S	1b	40,2	26	289,5	220	U
221	5,29	3,19	5,71	3,34	S	1b	40,2	26	289,5	221	U
222	16,22	8,62333	16,6	9,01	S	1b	40,2	26	289,5	222	U
223	15,17	7,95667	17,31	9,32	S	1b	40,2	26	289,5	223	U
224	14,87	9,09333	17,92	9,75	S	1b	40,2	26	289,5	224	U
225	6,8	2,26667	6,02	2,01	S	1b	40,2	26	289,5	225	U
226	5,42	1,80667	6,69	2,23	S	1b	40,2	26	289,5	226	U
227	41,61	21,454	47,07	39,73	C	1a	14	14	48,2	227	L
228	37,56	19,078	52,38	30,4	C	1a	14	14	48,2	228	L
229	29	10,472	23,55	18,73	C	1a	14	14	48,2	229	L
230	23,6	10,528	21,53	17,22	C	1a	14	14	48,2	230	L
231	233	11,102	23,78	18,27	C	1a	14	14	48,2	231	L
232	17	8,418	15,03	12,47	C	1a	14	14	48,2	232	L
233	21,28	9,336	22,03	17,2	C	1a	14	14	48,2	233	L
234	27,02	11,704	27,39	20,58	C	1a	14	14	48,2	234	L
235	13,18	6,824	10	8,2	C	1a	14	14	48,2	235	L
236	21,5	9,542	22,29	16,94	C	1a	14	14	48,2	236	L
237	44,08	19,888	44,15	34,44		1a	14	14	48,2	237	L
238	7,42	1,53	5,71	1,9	S	1a	14	14	48,2	238	L
239	6,7	1,344	7,3	2,45	S	1a	14	14	48,2	239	L
240	6,64	1,426	7,29	2,43	S	1a	14	14	48,2	240	L
241	6,29	1,258	7,42	2,49	S	1a	14	14	48,2	241	L
242	24,6	9,3	24,21	15,33	S	1a	14	14	48,2	242	L
243	27,95	10,504	28,2	21,92	C	1a	14	14	48,2	243	L

Figura 20 (CONT.)

Número de Fila	VAF Max en Tumor	Promedio VAF en Tumor	NateraVAF Máx en Tumor	NateraVAF Promedio en Tumor	Clúster PyClone	Etapas pTNM	Tamaño Lesión 1	Tamaño Lesión 1	Entrada ADN	Número Fila	Hospital
244	19,74	8,312	20,27	15,07	C	1a	14	14	48,2	244	L
245	15,42	6,884	22,48	16,3	S	1a	14	14	48,2	245	L
246	37,97	23,075	39,92	26,51	C	1a	24	24	29,5	246	L
247	11,5	2,9625	12,35	3,24	S	1a	24	24	29,5	247	L
248	11,4	2,85	0	0	S	1a	24	24	29,5	248	L
249	839	2,275	7,7	2,06	S	1a	24	24	29,5	249	L
250	38,49	19,7475	43,59	23,67	C	1a	24	24	29,5	250	L
251	21,03	11,2725	25,26	14,33	C	1a	24	24	29,5	251	L
252	31	21,7775	29,31	22,44	C	1a	24	24	29,5	252	L
253	6,13	1,5325	7,66	1,96	S	1a	24	24	29,5	253	L
254	8,25	2,155	0	0	S	1a	24	24	29,5	254	L
255	22,44	5,8025	24,56	5,16	S	1a	24	24	29,5	255	L
256	18,44	4,6475	18,70	4,68	S	1a	24	24	29,5	256	L
257	14,8	3,8275	15,74	3,95	S	1a	24	24	29,5	257	L
258	8,63	4,2575	8,63	4,42	S	1a	24	24	29,5	258	L
259	7,79	3,3925	8,65	4,16	S	1a	24	24	29,5	259	L
260	7,81	2,165	8,62	2,32	S	1a	24	24	29,5	260	L
261	6,99	1,91	7,13	1,87	S	1a	24	24	29,5	261	L
262	6,64	1,855	6,36	1,74	S	1a	24	24	29,5	262	L
263	5,71	1,635	6,70	1,82	S	1a	24	24	29,5	263	L
264	5,65	1,4125	6,79	1,71	S	1a	24	24	29,5	264	L
265	5,60	1,4	4,84	1,22	S	1a	24	24	29,5	265	L
266	60,1	51,8233	62,43	53,82	C	1b	40	40	12,2	266	U
267	59,93	55,45	60,29	52,94		1b	40	40	12,2	267	U
268	53,71	39,3833	67,24	52,19	C	1b	40	40	12,2	268	U
269	53,66	39,91	67,24	52,21	C	1b	40	40	12,2	269	U
270	39,01	29,5967	40,21	32,73	C	1b	40	40	12,2	270	U

Figura 20 (CONT.)

Número de Fila	VAF Max en Tumor	Promedio VAF en Tumor	NateraVAF Máx en Tumor	NateraVAF Promedio en Tumor	Clúster PyClone	Etapas pTNM	Tamaño Lesión 1	Tamaño Lesión 1	Entrada ADN	Número Fila	Hospital
271	34,41	28,7267	34,60	29,26	C	1b	40	40	12,2	271	U
272	32,21	29,67	43,86	37,3	C	1b	40	40	12,2	272	U
273	19,41	5,87667	16,76	6,03	S	1b	40	40	12,2	273	U
274	14,92	6,4	16,87	7,70	S	1b	40	40	12,2	274	U
275	12,09	7,46	13,97	8,11	S	1b	40	40	12,2	275	U
276	6,71	4,74	5,9	4,69		1b	40	40	12,2	276	U
277	23,94	21,8633	23,93	20,76	C	1b	40	40	12,2	277	U
278	73,54	57,49	72,47	57,39	C	1b	40	40	12,2	278	U
279	44,65	37,11	45,53	37,13	C	1b	40	40	12,2	279	U
280	35,34	27,38	35,06	26,90	C	1b	40	40	12,2	280	U
281	73,45	52,8933	72	62	C	1b	40	40	12,2	281	U
282	41,04	32,15	41,40	32,97	C	1b	40	40	12,2	282	U
783	12,05	5,03667	14,91	6,16		1b	40	40	12,2	783	U
284	7,06	2,64333	5,90	2,20	S	1b	40	40	12,2	284	U
285	21,32	7,89	0	0	S	1b	40	40	12,2	285	U
286	11,85	4,61	14,47	6,03	S	1b	40	40	12,2	286	U
287	42,64	14,2914	50,60	19,70	S	2a	45	45	29,3	287	U
288	37,04	22,2271	42,63	27,36	C	2a	45	45	29,3	288	U
289	18,98	3,86571	0,09	4,76	S	2a	45	45	29,3	289	U
290	47,11	25,7271	45,85	29,72	C	2a	45	45	29,3	290	U
291	22,22	13,1529	23,81	16,49	C	2a	45	45	29,3	291	U
292	39,74	22,85	41,47	28,17	C	2a	45	45	29,3	292	U
293	81,63	46,6329	91,67	75,56		2a	45	45	29,3	293	U
294	46,98	25,8586	46,74	30,70	C	2a	45	45	29,3	294	U
295	21,63	4,18571	0,11	4,44	S	2a	45	45	29,3	295	U
296	18,46	3,65714	0,13	4,30	S	2a	45	45	29,3	296	U
297	16,02	5,59286	18,22	8,62	S	2a	45	45	29,3	297	U

Figura 20 (CONT.)

Número de Fila	VAF Max en Tumor	Promedio VAF en Tumor	NataraVAF Máx en Tumor	NataraVAF Promedio en Tumor	Clúster PyClone	Etapas pTNM	Tamaño Lesión 1	Tamaño Lesión 1	Entrada ADN	Número Fila	Hospital
298	16,74	7,16286	19,71	9,56	S	2a	45	45	29,3	298	U
299	14,29	5,76143	14,34	6,55	S	2a	45	45	29,3	299	U
300	6,57	0,98	7,66	1,28	S	2a	45	45	29,3	300	U
301	6,49	0,92714	6,84	1,14	S	2a	45	45	29,3	301	U
302	13,19	1,88429	0	2,69		2a	45	45	29,3	302	U
303	12,39	1,77	0	2,40	S	2a	45	45	29,3	303	U
304	8	1,24000	0	1,43	S	2a	45	45	29,3	304	U
305	22,98	3,47429	25,68	4,29		2a	45	45	29,3	305	U
306	44,11	22,055	50,35	50,35		1b	NA	NA	10,9	306	M
307	36,34	18,17	39,78	39,78		1b	NA	NA	10,9	307	M
308	28,24	14,12	21,41	21		1b	NA	NA	10,9	308	M
309	8,09	4,045	9,23	9,23		1b	NA	NA	10,9	309	M
310	16,33	8,165	9,62	9,62		1b	NA	NA	10,9	310	M
311	10,92	5,46	10,47	10,47		1b	NA	NA	10,9	311	M
312	30,66	15,33	32,79	32,79		1b	NA	NA	10,9	312	M
313	8,94	4,47	5,95	5,95		1b	NA	NA	10,9	313	M
314	37,04	18,52	41,92	41,92		1b	NA	NA	10,9	314	M
315	29,08	14,54	16,04	16,04		1b	NA	NA	10,9	315	M
316	28,34	14,17	28,03	28,03		1b	NA	NA	10,9	316	M
317	8,57	4,285	15,23	15,23		1b	NA	NA	10,9	317	M
318	7,21	3,605	12,06	12,06		1b	NA	NA	10,9	318	M
319	5,72	2,86	7,26	7,26		1b	NA	NA	10,9	319	M
320	5,56	2,78	8,77	8,27		1b	NA	NA	10,9	320	M
321	56,35	26,1875	49,79	31,11	C	2a	NA	NA	9,4	321	M
322	47,27	20,33	53,25	31,47	C	2a	NA	NA	9,4	322	M
323	35,16	18,695	33,83	25,28	C	2a	NA	NA	9,4	323	M
324	28,31	12,0325	27,24	17,86	C	2a	NA	NA	9,4	324	M

Figura 20 (CONT.)

Número de Fila	VAF Max en Tumor	Promedio VAF en Tumor	NateraVAF Máx en Tumor	NateraVAF Promedio en Tumor	Cluster PyClone	Etapas pTNM	Tamaño Lesión 1	Tamaño Lesión 1	Entrada ADN	Número Fila	Hospital
325	23,00	10,1337	20,0	15,59	C	2a	NA	55	94	325	M
326	19,46	6,95375	21,57	6,03	S	2a	NA	55	94	326	M
327	25,87	11,5725	25,22	15,06	C	2a	NA	55	94	327	M
328	25,43	11,3988	30,1	19,20	C	2a	NA	55	94	328	M
329	27,32	12,4475	27	17,27	C	2a	NA	55	94	329	M
330	35,81	17,7275	42	27,37	C	2a	NA	55	94	330	M
331	16,93	2,11625	0	2,84	S	2a	NA	55	94	331	M
332	17,2	2,15	0,02	3,62	S	2a	NA	55	94	332	M
333	12,19	2,15375	12,81	2,96	S	2a	NA	55	94	333	M
334	9,64	1,73875	10,19	2,42	S	2a	NA	55	94	334	M
335	26,83	9,05375	26,47	12,61	S	2a	NA	55	94	335	M
336	6,68	0,335	3,32	0,64	S	2a	NA	55	94	336	M
337	6,9	0,8625	7,8	1,3	S	2a	NA	55	94	337	M
338	6,19	0,77375	6,58	1,11	S	2a	NA	55	94	338	M
339	5,84	0,73	6,77	1,13	S	2a	NA	55	94	339	M
340	57,36	33,3175	56,95	35,26	C	1a	NA	29	57,2	340	M
341	48,63	32,7975	37,14	30,25	C	1a	NA	29	57,2	341	M
342	30,89	17,885	11,11	7,20	C	1a	NA	29	57,2	342	M
343	30,77	16,4025	7,51	4,16	C	1a	NA	29	57,2	343	M
344	30,22	18,5575	38,28	22,42	C	1a	NA	29	57,2	344	M
345	19,47	14,2375	21,77	14,83	C	1a	NA	29	57,2	345	M
346	15,75	5,03	50	18,97	S	1a	NA	29	57,2	346	M
347	33,52	19,915	31,13	19,76	C	1a	NA	29	57,2	347	M
348	21,31	13,0175	17,65	10,36	C	1a	NA	29	57,2	348	M
349	16,99	8,6425	16,02	9,37	C	1a	NA	29	57,2	349	M
350	31,33	20,16	38	23,21	C	1a	NA	29	57,2	350	M
351	42,94	24,495	39,92	24,22	C	1a	NA	29	57,2	351	M

Figura 20 (CONT.)

Número de Fila	VAE Max en Tumor	Promedio VAF en Tumor	NateraVAF Máx en Tumor	NateraVAF Promedio en Tumor	Clúster PyClone	Etapas pTNM	Tamaño Lesión 1	Tamaño Lesión 1	Entrada ADN	Númerc Fila	Hospital
352	20,41	15,01	25,72	18,61	C	1a	NA	29	57,2	352	M
353	7,72	1,93	10,37	2,59	S	1a	NA	29	57,2	353	M
354	6	1,5	8,38	2,09	S	1a	NA	29	57,2	354	M
355	6,49	1,6225	5,14	1,30	S	1a	NA	29	57,2	355	M
356	6,72	1,725	5,78	1,45	S	1a	NA	29	57,2	356	M
357	5,91	1,4115	5,18	1,30	S	1a	NA	29	57,2	357	M
358	5,12	1,28	4,18	1,06	S	1a	NA	29	57,2	358	M
359	36,8	29,81	53,85	38,43	C	1a	10	10	65	359	R
360	28,92	20,045	26,42	20,53	C	1a	10	10	65	360	R
361	19,9	15,925	15	14,22	C	1a	10	10	65	361	R
362	25,37	17,445	25	19,15	C	1a	10	10	65	362	R
363	20,22	15,735	17,95	16,11	C	1a	10	10	65	363	R
364	25,3	19,495	24,50	19,3	C	1a	10	10	65	364	R
365	23,51	18,18	36,36	26,05	C	1a	10	10	65	365	R
366	49,44	34,38	50	37	C	1a	10	10	65	366	R
367	19,59	16,67	27,06	13,53	C	1a	10	10	65	367	R
368	25,08	19,17	19,05	16,77	C	1a	10	10	65	368	R
369	12,77	9,4	7,57	6,01	C	1a	10	10	65	369	R
370	13,33	10,225	7,09	6,74	C	1a	10	10	65	370	R
371	9,13	7,675	18,18	12,57	C	1a	10	10	65	371	R
372	10,73	8,125	11,56	5,78	C	1a	10	10	65	372	R
373	12,92	9,64	12,73	10,12	C	1a	10	10	65	373	R
374	6,25	4,36	12,86	8,00	C	1a	10	10	65	374	R
375	8,33	5,53	15,12	10,60		1a	10	10	65	375	R
376	6,5	4,31	8,16	5,40	C	1a	10	10	65	376	R
377	46,67	23,3875	76,91	55,52		1b	45	43	32,8	377	L
378	37,39	22,1475	44,70	34,18	C	1b	45	43	32,8	378	L

Figura 20 (CONT.)

Número de Fila	VAF Max en Tumor	Promedio VAF en Tumor	NateraVAF Máx en Tumor	NateraVAF Promedio en Tumor	Clúster PyClone	Etapa pTNM	Tamaño Lesión 1	Tamaño Lesión 1	Entrada ADN	Número Fila	Hospital
379	36,39	20,2675	37,56	27,15	C	1b	45	43	32,8	379	L
380	33,98	19,36	37,13	26,71	C	1b	45	43	32,8	380	L
381	27,59	14,1	28,13	20,22	C	1b	45	43	32,8	381	L
382	24,29	13,7375	29,27	23,71	C	1b	45	43	32,8	382	L
383	21,71	10,463	22,14	15,19	C	1b	45	43	32,8	383	L
384	15,81	8,5900	18,28	12,54	C	1b	45	43	32,8	384	L
385	37,67	19,44	24,1	16,76		1b	45	43	32,8	385	L
385	44,74	27,00	44,9	34,41	C	1b	45	43	32,8	386	L
387	26,57	16,483	78,41	21,98	C	1b	45	43	32,8	387	L
388	13,77	6,920	14,00	9,93	C	1b	45	43	32,8	388	L
389	6,25	3,915	10,53	7,28	S	1b	45	43	32,8	389	L
390	6,83	1,843	10,53	3,51	S	1b	45	43	32,8	390	L
391	7,75	1,938	5,35	1,8	S	1b	45	43	32,8	391	L
392	16,23	8,35	17,75	12,29	S	1b	45	43	32,8	392	L
393	16,15	7,72	16,5	12,23	S	1b	45	43	32,8	393	I
394	13,16	7,56	13,47	8,9	C	1b	45	43	32,8	394	L
395	6,10	3,90	10,55	7,31	S	1b	45	43	32,8	395	L
396	40,44	20,7	37,89	23,03	C	3a	70	70	36,3	396	U
397	39,28	21,118	40,39	26	C	3a	70	70	36,3	397	U
398	28,67	14,893	27,00	17,83	C	3a	70	70	36,3	398	U
399	14,73	8,876	12,46	8,78	C	3a	70	70	36,3	399	U
400	13,96	8,370	16,82	10,33	C	3a	70	70	36,3	400	U
401	18,60	9,42	31,82	1,96	C	3a	70	70	36,3	401	U
402	17,26	9,05	30,65	18,9	C	3a	70	70	36,3	402	U
403	13,41	6,22	13,1	7,69	C	3a	70	70	36,3	403	U
404	22,27	10,59	15,38	9,51	C	3a	70	70	36,3	404	U
405	5,65	0,7863	15,79	2,9	S	3a	70	70	36,3	405	U

FIG. 20 (CONT.)

Número de Fila	VAF Max en Tumor	Promedio VAF en Tumor	NataraVAF Máx en Tumor	NataraVAF Promedio en Tumor	Clúster PyClone	Etapa pTNM	Tamaño Lesión 1	Tamaño Lesión 1	Entrada ADN	Número Fila	Hospital
406	10,71	1,36125	5,02	0,32	S	3a	70	70	35,3	406	U
407	7,41	0,955	8,79	1,28	S	3a	70	70	35,3	407	U
408	8,73	1,09125	14,21	2,03	S	3a	70	70	35,3	408	U
409	20,78	7,185	13,56	6,28	S	3a	70	70	35,3	409	U
410	8,56	1,32875	7,72	1,4	S	3a	70	70	35,3	410	U
411	15	4,1375	15,61	5,01	S	3a	70	70	35,3	411	U
412	11,64	4,07875	18,18	6,39	S	3a	70	70	35,3	412	U
413	9,82	1,9525	9,23	2,51	S	3a	70	70	35,3	413	U
414	11,81	2,555	10,49	2,7	S	3a	70	70	35,3	414	U
415	40,95	38,5233	48,85	44,77	C	1b	48	48	15,6	415	A
416	26,57	24,2367	28,82	28,24	C	1b	48	48	15,6	416	A
417	23,46	20,8467	41,06	38,99	C	1b	48	48	15,6	417	A
418	14,73	13,0733	15,68	15,28	C	1b	48	48	15,6	418	A
419	10,47	5,07667	11,45	6,79	S	1b	48	48	15,6	419	A
420	5,14	1,71333	5,51	1,34	S	1b	48	48	15,6	420	A
421	15,21	11,5267	10,98	10,72	C	1b	48	48	15,6	421	A
422	27,87	26,0867	32,17	31,26	C	1b	48	48	15,6	422	A
423	11,59	10,4267	13,01	11,00	C	1b	48	48	15,6	423	A
424	25,58	22,5167	25,39	24,08	C	1b	48	48	15,6	424	A
425	7,60	2,53333	4,9	1,53	S	1b	48	48	15,6	425	A
426	7,55	2,51667	6,87	2,29	S	1b	48	48	15,6	426	A
427	8,02	2,67333	7,03	2,36	S	1b	48	48	15,6	427	A
428	6,02	2,00667	4,24	1,41	S	1b	48	48	15,6	428	A
429	10,97	5,04	10	4,91	S	1b	48	48	15,6	429	A
430	9,84	5,10667	12,48	5,7	S	1b	48	48	15,6	430	A
431	9,21	4,43333	12,99	5,93	S	1b	48	48	15,6	431	A
432	7,53	2,68333	6,7	2,23	S	1b	48	48	15,6	432	A

FIG. 20 (CONT.)

Número de Fila	VAF Max en Tumor	Promedio VAF en Tumor	NateraVAF Máx en Tumor	NateraVAF Promedio en Tumor	Clúster PyClone	Capa pTNM	Tamaño Lesión 1	Tamaño Lesión 1	Entrada ADN	Número Fila	Hospital
433	8,78	2,92667	11,9	4,11	S	1b	48	40	16,6	433	A
434	7,38	2,65667	9,3	3,17	S	1b	48	40	16,6	434	A
435	24,81	8,27	19,99	6,58		1b	48	40	16,6	435	A
436	66,67	52,4325	65,59	53,3	C	2b	39	40	20	436	B
437	53,71	44,705	53,76	42,14	C	2b	39	40	20	437	R
438	42,41	36,4025	48,94	36,64	C	2b	39	40	20	438	B
439	39,77	30,0575	42,09	36,56	C	2b	39	40	20	439	B
440	12,85	3,2125	14,47	3,54	S	2b	39	40	20	440	B
441	53,07	36,995	45,05	35,08	C	2b	39	40	20	441	B
442	52,52	34,7975	51,05	34,23	C	2b	39	40	20	442	R
443	35,06	25,29	33,22	27,53	C	2b	39	40	20	443	B
444	55,54	45,1775	52,24	44,13		2b	39	40	20	444	B
445	39,93	35,28	43,88	35,12	C	2b	39	40	20	445	B
446	13,46	3,365	25,15	6,31	S	2b	39	40	70	446	B
447	13,36	3,34	15,04	3,31	S	2b	39	40	20	447	R
448	12,72	3,18	14,68	3,71	S	2b	39	40	20	448	B
449	20,42	5,105	21,59	5,47	S	2b	39	40	20	449	B
450	6,43	1,6075	11,21	2,35	S	2b	39	40	20	450	B
451	27,43	12,81	41,14	19,52	S	2b	39	40	20	451	B
452	17,46	7,655	19,41	8,79	S	2b	39	40	20	452	B
453	34,12	18,945	40,59	20,29	S	2b	39	40	20	453	B
454	8,34	2,21	9,44	2,4		2b	39	40	20	454	B
455	8,51	2,1525	9,71	2,43	S	2b	39	40	20	455	B
456	15,57	10,385	15,3	10,11	S	3a	43	40	73,9	456	A
457	10,38	8,35	11,13	7,31	C	3a	43	40	73,9	457	A
458	10,20	8,3825	10,18	8,56	C	3a	43	40	73,9	458	A
459	7,32	5,985	8,07	6,72		3a	43	40	73,9	459	A

FIG. 20 (CONT.)

Número de Fila	VAF Max en Tumor	Promedio VAF en Tumor	NateraVAF Máx en Tumor	NateraVAF Promedio en Tumor	Cúster PyCicno	Etapas pTNM	Tamaño Lesión 1	Tamaño Lesión 1	Entrada ADN	Número Fila	Hospital
460	10,24	7,105	15,6	11,32	S	3a	43	40	73,9	460	A
461	8,04	6,005	9,24	6,37	S	3a	43	40	73,9	461	A
462	12,56	6,9375	7,86	5,68	S	3a	43	40	73,9	462	A
463	5,01	1,2525	5,92	1,40	S	3a	43	40	73,9	463	A
464	8,53	2,16	6,22	1,56		3a	43	40	73,9	464	A
465	5,89	3,3475	5,15	3,04	S	3a	43	40	73,9	465	A
466	8,68	3,1375	8	2,75	S	3a	43	40	73,9	466	A
467	6,91	4,3025	11,63	5,39	S	3a	43	40	73,9	467	A
468	8,12	4,2625	9,45	5,11		33	43	40	73,9	468	A
469	5,73	1,4325	5,87	1,47	S	3a	43	40	73,9	469	A
470	5,11	1,2775	4,78	1,19	S	3a	43	40	73,9	470	A
471	7,32	1,33	3,86	0,97	S	3a	43	40	73,9	471	A
472	5,11	1,3025	4,97	1,24	S	3a	43	40	73,9	472	A
473	10,21	3,2775	10,74	3,97	S	3a	43	40	73,9	473	A
474	8,47	3,6575	10,69	4,51	S	3a	43	40	73,9	474	A
475	26,47	13,8175	25,46	18,31	C	1b	NA	41	33,7	475	B
476	12,04	3,855	13,2	5,3	S	1b	NA	41	33,7	476	B
477	13,34	8,6125	16,36	15,37	C	1b	NA	41	33,7	477	B
478	15,01	10,3	18,87	13,27	C	1b	NA	41	33,7	478	B
479	17,17	9,775	19,6	14,44	C	1b	NA	41	33,7	479	B
480	33,16	15,17	52,58	30,30	C	1b	NA	41	33,7	480	B
481	14,63	9,52	19,85	14,54	C	1b	NA	41	33,7	481	B
482	29,31	14,055	33,82	19,1	C	1b	NA	41	33,7	482	B
483	13,24	8,565	18,54	14,08	C	1b	NA	41	33,7	483	B
484	9,91	5,345	13,05	10,89	S	1b	NA	41	33,7	484	B
485	14,41	6,8075	13,76	9,61	S	1b	NA	41	33,7	485	B
486	9,53	5,9	10,39	9,13	S	1b	NA	41	33,7	486	B

FIG. 20 (CONT.)

Número de Fla	VAF Max en Tumor	Promedio VAF en Tumor	NatcrVAF Máx en Tumor	NatcrVAF Promedio en Tumor	Clúster PyClona	Etapas pTNM	Tamaño Lesión 1	Tamaño Lesión 1	Entrada ADN	Número Fla	Hospital
487	14,17	6,905	13,57	9,01	S	1b	NA	41	33,7	487	B
488	7,3	1,93	4,84	1,63	S	1b	NA	41	33,7	488	B
489	6,35	1,5875	8,73	2,95		1b	NA	41	33,7	489	R
490	12,05	3,8	11,35	4,69	S	1b	NA	41	33,7	490	B
491	5,31	1,5675	6,6	2,23	S	1b	NA	41	33,7	491	B
492	5,02	1,255	0	0	S	1b	NA	41	33,7	492	B
493	17,43	12,7767	19,69	14,02	C	2a	22	25	75,5	493	B
494	10,59	7,72667	10,06	7,44	C	2a	27	25	75,5	494	B
495	13,36	9,78667	25	12,5	C	2a	22	25	75,5	495	B
496	9,47	6,42333	9,91	6,35	C	2a	22	25	75,5	496	B
497	11,3	8,55333	11,19	8,94	C	2a	22	25	75,5	497	B
498	13,33	9,77667	11,66	8,63	C	2a	22	25	75,5	498	B
499	10,01	8,97333	12,64	9,83	C	2a	22	25	75,5	499	B
500	5,97	2,90667	5,97	2,97	C	2a	22	25	75,5	500	B
501	13,93	8,69333	16,47	10,63	C	2a	22	25	75,5	501	B
502	10,44	7,73	11,11	8,62	C	2a	22	25	75,5	502	B
503	9,51	6,04333	10,37	7,05	C	2a	22	25	75,5	503	B
504	9,46	5,79667	10,54	6,45	C	2a	22	25	75,5	504	B
505	8,48	6,35667	9,65	7,66	C	2a	22	25	75,5	505	B
506	5,01	2,72333	5,74	3,2	C	2a	22	25	75,5	506	B
507	38,46	17,004	36,07	19,41	C	3a	NA	37	8,5	507	B
508	37,76	17,76	42,59	23,43	C	3a	NA	37	8,5	508	B
509	36,2	15,832	36,64	22,64	C	3a	NA	37	8,5	509	B
510	35,36	16,19	36,9	20,58	C	3a	NA	37	8,5	510	B
511	33,18	13,816	0	0	C	3a	NA	37	8,5	511	B
512	31,91	12,108	31,16	16,11	C	3a	NA	37	8,5	512	B
513	31,34	15,644	35,37	20,94	C	3a	NA	37	8,5	513	B

FIG. 20 (CONT.)

Número de Fila	VAF Max en Tumor	Promedio VAF en Tumor	NataraVAF Máx en Tumor	NataraVAF Promedio en Tumor	Clúster PyClone	Etapa pTNM	Tamaño Lesión 1	Tamaño Lesión 1	Entrada ADN	Número Fila	Hospital
514	25,72	14,39	28,68	17,16	C	3a	NA	37	8,5	514	B
515	28,2	13,152	32,57	16,94	C	3a	NA	37	8,5	515	B
516	25,85	11,136	23,96	14,16	C	3a	NA	37	8,5	516	B
517	25,7	12,108	25	6,25	C	3a	NA	37	8,5	517	B
518	23,87	10,928	23	13,56	C	3a	NA	37	8,5	518	B
519	19,12	7,114	20,29	11,05	C	3a	NA	37	8,5	519	B
520	13,7	4,430	13,35	5,57	S	3a	NA	37	8,5	520	D
521	9,09	1,818	10,69	2,67	S	3a	NA	37	8,5	521	B
522	6,35	2,13	7,82	3,64	S	3a	NA	37	8,5	522	B
523	7,53	1,506	18,71	4,68	S	3a	NA	37	8,5	523	B
524	10,24	2,048	5,23	1,57	S	3a	NA	37	8,5	524	B
525	5,2	1,04	2,61	0,65	S	3a	NA	37	8,5	525	B
526	24,72	16,03	23,46	20,04	C	1b	NA	42	29	526	R
527	12,26	8,04	11,07	10,66	C	1b	NA	42	29	527	B
528	6,96	1,74	5,64	2,21	S	1b	NA	42	29	528	B
529	29,47	16,65	50	19,44	C	1b	NA	42	79	529	B
530	22,98	16,9325	22	18,05	C	1b	NA	42	29	530	B
531	14,89	9,145	17,61	13,65	C	1b	NA	42	29	531	B
532	19,14	13,965	25,3	20,3	C	1b	NA	42	29	532	B
533	21,76	13,5525	22,74	17,72	C	1b	NA	42	29	533	B
534	25	17,99	26,86	23,34		1b	NA	42	29	534	B
535	9,66	2,4775	9,81	3,27	S	1b	NA	42	29	535	B
536	6,57	1,75	7,91	2,64		1b	NA	42	29	536	B
537	7,68	1,92	5,79	1,93	S	1b	NA	42	29	537	B
538	11,66	7,915	11,94	4	S	1b	NA	47	79	538	B
539	14,65	3,73	17,41	5,82	S	1b	NA	42	29	539	B
540	11,9	2,975	10,96	3,66	S	1b	NA	42	29	540	B

FIG. 20 (CONT.)

Número de Fila	VAF Max en Tumor	Prmedic VAF en Tumor	NateraVAF Máx en Tumor	NateraVAF Promedio en Tumor	Clúster PyClone	Etapa pTNM	Tamaño Lesión 1	Tamaño Lesión 1	Entrada ADN	Número Fila	Hospital
541	6,45	1,5125	6,29	2,1	S	1b	NA	NA	29	541	B
542	13,7	3,5775	24,18	8,07	S	1b	NA	NA	29	542	B
543	6,81	2,3425	6,5	3,9	S	1b	NA	NA	29	543	B
544	37,0	25,055	36,87	25,75	C	7b	NA	NA	29,7	544	B
545	36,05	23,4725	36,18	25,09	C	2b	NA	NA	29,7	545	B
546	15,30	3,3825	16,16	4,17	S	2b	NA	NA	29,7	546	B
547	7,4	1,3525	17,1	4,33		2b	NA	NA	29,7	547	B
548	24,22	16,2575	26,2	15,92	C	2b	NA	NA	29,7	548	B
549	9,01	7,2025	12,43	9,53	C	2b	NA	NA	29,7	549	B
550	11,95	2,3875	11,55	2,92	S	2b	NA	NA	29,7	550	B
551	10,47	2,5175	9,57	2,44	S	2b	NA	NA	29,7	551	B
552	9,9	2,5175	10,45	2,62	S	2b	NA	NA	29,7	552	R
553	10,75	4,705	13,49	6,06	S	2b	NA	NA	29,7	553	R
554	9,69	5,2325	13,89	3,47	S	2b	NA	NA	29,7	554	R
555	8,50	3,3975	6,96	3,15	S	2b	NA	NA	29,7	555	R
556	7,67	2,4025	7,09	2,78	S	2b	NA	NA	29,7	556	R
557	6,86	2,2825	6,05	2,26	S	2b	NA	NA	29,7	557	R
558	5,48	2,26	6,3	2,33	S	2b	NA	NA	29,7	558	R
559	11,14	2,865	13,65	3,53	S	2b	NA	NA	29,7	559	B
560	6,75	1,5875	4,1	1,03	S	2b	NA	NA	29,7	560	B
561	534	1,385	3,32	0,96	S	2b	NA	NA	29,7	561	B
562	43,95	18,8725	39,88	28,49	C	1b	52	52	27,4	562	U
563	40,91	15,5613	54,55	21,91	C	1b	52	52	27,4	563	U
564	38,74	13,3413	32,69	18,90	C	1b	52	52	27,4	564	U
565	26,63	9,495	26,47	15,9	C	1b	52	52	27,4	565	U
566	15,49	2,805	13,77	4,32	S	1b	52	52	27,4	566	U
567	14,1	5,40125	15,2	8,38	S	1b	52	52	27,4	567	U

FIG. 20 (CONT.)

Número de Fila	VAF Max en Tumor	Promedio VAF en Tumor	Narera/VAF Max en Tumor	Narera/VAF Promedio en Tumor	Clúster PyClone	Etapa p ^T NM	Tamaño Lesión 1	Tamaño Lesión 1	Ertrada ADN	Número Fila	Hospital
568	11,38	4,5125	15,92	8,26	C	1b	52	52	27,40	568	U
569	33,77	11,4788	34,42	19,51	C	1b	52	52	27,40	569	U
570	19,7	6,965	22,22	14,4	C	1b	52	52	27,40	570	U
571	5,26	0,71875	6,56	1,39	S	1b	52	52	27,40	571	U
572	7,63	1,02125	9,33	2,15	S	1b	52	52	27,40	572	U
573	9,76	1,2975	0,29	1,00	S	1b	52	52	27,40	573	U
574	5,26	0,675	5,96	1,26	S	1b	52	52	27,40	574	U
575	6,48	0,9025	6,63	1,33	S	1b	52	52	27,40	575	U
576	14,13	4,50125	13,1	6,28	S	1b	52	52	27,40	576	U
577	12,09	4,4175	11,53	6,55	S	1b	52	52	27,40	577	U
578	9,99	1,30375	9,78	1,97	S	1b	52	52	27,40	578	U
579	9,49	1,21875	11,28	2,27	S	1b	57	57	27,40	579	U
580	5,6	0,7	5,52	1,14	S	1b	52	52	27,40	580	U
581	5,4	0,68875	5,41	1,1	S	1b	52	52	27,40	581	U
582	24,62	8,12167	31,41	18,32	C	2a	60	60	41,40	582	U
583	16,96	4,81833	18,95	9,95	C	2a	60	60	41,40	583	U
584	14,76	4,42	13,71	7,57	C	2a	60	60	41,40	584	U
585	13,02	2,60667	11,45	4,35	S	2a	60	60	41,40	585	U
586	12,6	3,70167	11,16	6,4	C	2a	60	60	41,40	586	U
587	10,46	3,26333	11,11	6,71	C	2a	60	60	41,40	587	U
588	10,45	4,12333	19,93	16,34	C	2a	60	60	41,40	588	U
589	9,92	3,09167	18,14	12,77	C	2a	60	60	41,40	589	U
590	9,63	3,36833	9,66	5,95	C	2a	60	60	41,40	590	U
591	10,2	3,37	10,32	6,15	C	2a	60	60	41,40	591	U
592	30,25	10,0917	28,96	18,76	C	2a	60	60	41,40	592	U
593	10,7	4,12667	16,55	11,28	C	2a	60	60	41,40	593	U
594	12,5	4,015	10,57	6,35	C	2a	60	60	41,40	594	U

FIG. 20 (CONT.)

Número de Fila	VAF Max en Tumor	Promedio VAF en Tumor	NateraVAF Max en Tumor	NateraVAF Promedio en Tumor	Clúster PyClone	Etapas pT/NM	Tamaño Lesión 1	Tamaño Lesión 1	Entrada ADN	Número Fila	Hospital
595	18,56	5,54167	22,29	13,2	C	2a	60	24	41,4	595	U
596	6,48	1,27667	6,68	2,3	C	2a	60	24	41,4	596	U
591	13,04	2,44	11,63	4,4	S	2a	60	24	41,4	591	U
598	5,29	0,88167	3,31	1,1	S	2a	60	24	41,4	598	U
599	8,33	1,70833	11,44	4,33	S	2a	60	24	41,4	599	U
600	8,28	1,715	8,41	3,31	S	2a	60	24	41,4	600	U
601	5,85	0,975	5,74	1,93	S	2a	60	24	41,4	601	U
602	36,38	30,755	41,06	35,59	C	1b	22	20	18	602	A
603	31,03	18,195	31,47	23,04	C	1b	22	20	18	603	A
604	30,3	24,57	35,66	30,9	C	1b	22	20	18	604	A
605	27,57	25,65	30,01	24,34	C	1b	22	20	18	605	A
606	25,84	22,225	24,95	21,38	C	1b	22	20	18	606	A
607	23,11	16,27	21,94	16,53	C	1b	22	20	18	607	A
608	18,25	14,68	28,57	18,83	C	1b	22	20	18	608	A
609	14,42	11,59	26,39	16,32	C	1b	22	20	18	609	A
610	13,95	13,24	18,09	15,77	C	1b	22	20	18	610	A
611	9,67	6,675	9,45	5,71	S	1b	22	20	18	611	A
612	8,97	5,85	7,41	5,43	S	1b	22	20	18	612	A
613	27,32	22,595	20,71	24,2	C	1b	22	20	10	613	A
614	23,42	18,86	24,38	20,4	C	1b	22	20	18	614	A
615	11,31	9,25	11,58	10,26	C	1b	22	20	18	615	A
616	34,77	30,005	41,5	36,29	C	1b	22	20	18	616	A
617	8,02	4,185	8,93	4,46	S	1b	22	20	18	617	A
618	10,63	5,315	10,03	5,01	S	1b	22	20	18	618	A
619	6,13	4,14	8,75	5,66	S	1b	72	70	18	619	A
620	6,51	3,255	6,48	3,24	S	1b	22	20	18	620	A
621	42,62	27,5733	46,35	33,79	C	2a	NA	49	82,5	621	M

FIG. 20 (CONT.)

Número de Fila	VAF Max en Tumor	Promedio VAF en Tumor	NateraVAF Máx en Tumor	NateraVAF Promedio en Tumor	Clúster PyClone	Etapo pTNM	Tamaño Lesión 1	Tamaño Lesión 1	Entrada ADN	Número Fila	Hospital
622	28,12	18,9017	31,73	25,7	C	2a	NA	49	82,5	622	M
623	26,5	15,755	24,93	18,28	C	2a	NA	49	82,5	623	M
624	16,97	10,07	20,84	16,05	C	2a	NA	49	82,5	624	M
625	16,04	7,55833	14,42	9,08		2a	NA	49	82,5	625	M
626	14,14	0,02667	33,33	16,20	C	2a	NA	49	82,5	626	M
627	12,98	3,545	10,84	4,74	S	2a	NA	49	82,5	627	M
628	11,19	2,80667	8,04	3,18	S	2a	NA	49	82,5	628	M
629	8,96	3,445	9,3	4,02	S	2a	NA	49	82,5	629	M
630	18,49	11,9783	20,45	15,25	C	2a	NA	49	82,5	630	M
631	20,06	11,93	20,44	15,43	C	2a	NA	49	82,5	631	M
632	16,57	9,65333	20	14,51	C	2a	NA	49	82,5	632	M
633	22,49	10,0783	15,65	10,63	C	2a	NA	49	82,5	633	M
634	20,45	10,255	19,75	14,66	C	73	NA	49	82,5	634	M
635	9,54	4,21	10,51	4,47	S	2a	NA	49	82,5	635	M
636	7,87	2,925	2,33	0,47	S	2a	NA	49	82,5	636	M
637	8,78	3,23333	10,29	4,28	S	2a	NA	49	82,5	637	M
638	7,51	2,895	9,67	4,21	S	2a	NA	49	82,5	638	M
639	9,11	3,35833	9,87	4,09	S	2a	NA	49	82,5	639	M
640	7,6	2,52833	9,2	3,41	S	2a	NA	49	82,5	640	M
641	23,39	1,99667	22,11	1,68	S	1b	35	25	3,4	641	U
642	19,83	6,72	26,67	8,89	S	1b	35	25	3,4	642	U
643	8,97	2,99	10,17	3,39	S	1b	35	25	3,4	643	U
644	1,46	2,48667	1,3	2,45	S	1b	35	25	3,4	644	U
645	6,36	2,12	5,95	2	S	1b	35	25	3,4	645	U
646	32,37	26,89	29,01	27,16	C	1b	35	25	3,4	646	U
647	7,98	2,65	10,54	3,51	S	1b	35	25	3,4	647	U
648	8,99	2,99667	6,21	2,07	S	1b	35	25	3,4	648	U

FIG. 20 (CONT.)

Número de Fila	VAF Max en Tumor	Promedio VAF en Tumor	NateraVAF Máx en Tumor	NateraVAF Promedio en Tumor	Clúster PyClone	Elapa pTNM	Tamaño Lesión 1	Tamaño Lesión 1	Entrada ADN	Número Fila	Hospital
549	5,62	1,87333	7,61	2,58	S	1b	35	25	3,4	649	U
550	26,06	8,78333	26,77	8,93	S	1b	35	25	3,4	650	U
551	34,41	11,47	37,55	12,53		1b	35	25	3,4	651	U
552	28,22	16,8467	27,12	16,23	C	1b	35	25	3,4	652	U
553	24,07	13,36	23,41	13,91	C	1b	35	25	3,4	653	U
554	23,01	13,4967	24,49	11,61	S	1b	35	25	3,4	654	U
555	9,58	3,23	11,19	3,82	S	1b	35	25	3,4	655	U
556	21,35	7,25	9,57	3,19	S	1b	35	25	3,4	656	U
557	17,25	5,75	18,93	6,31	S	1b	35	25	3,4	657	U
558	7,1	2,36667	6,26	2,09	S	1b	35	25	3,4	658	U
559	6,48	2,16	6,19	2,06	S	1b	35	25	3,4	659	U
560	61,97	41,6643	64,73	44,75	C	2b	NA	67	124,6	660	B
561	48,18	13,87	49,19	14,44	S	2b	NA	67	124,6	661	B
562	37,54	10,1971	38,31	10,33	S	2b	NA	67	124,6	662	B
563	36,67	25,5814	38,82	26,77	C	2b	NA	67	124,6	663	B
564	33,84	25,0843	33,74	26,34	C	76	NA	67	124,6	664	B
565	31,43	5,15000	16,33	2,56	S	2b	NA	67	124,6	665	B
566	25,96	7,77714	25	7,41	S	2b	NA	67	124,6	666	B
567	17,48	4,42571	18,18	5,41	S	2b	NA	67	124,6	667	B
568	15,07	2,21	5,65	0,81		2b	NA	67	124,6	668	B
569	14,62	2,08857	12,17	1,74		26	NA	67	124,6	669	B
570	11,56	1,65143	12,11	1,75	S	2b	NA	67	124,6	670	B
571	9,93	3,22857	9,2	3,08	S	2b	NA	67	124,6	671	B
572	8,62	1,23143	7,88	1,13	S	2b	NA	67	124,6	672	B
573	5,4	0,78429	5,05	0,75	S	2b	NA	67	124,6	673	B
574	57,9	36,8857	56,61	37,03	C	2b	NA	67	124,6	674	B
575	68,22	48,89	74,72	55,5		2b	NA	67	124,6	675	B

Figura 20 (CONT.)

Número de Fila	VAF Max en Tumor	Promedio VAF en Tumor	Natera/VAF Max en Tumor	Natera/VAF Promedio en Tumor	Clúster PyClone	Etapa pTNM	Tamaño Lesión 1	Tamaño Lesión 1	Entrada ADN	Número Fila	Hospital
676	55,49	39,15	61,63	43,95	C	2b	NA	NA	124,6	676	R
677	6,07	0,90143	5,85	0,84	S	2b	NA	NA	124,6	677	B
678	6,45	0,92143	8,04	1,15	S	2b	NA	NA	124,6	678	B
679	5,24	0,74857	8,52	1,22	S	2b	NA	NA	124,6	679	B
680	34,38	30,525	40,42	44,02	C	1a	NA	NA	73,8	680	D
681	30,42	25,82	27,37	24,76	C	1a	NA	NA	73,8	681	B
682	16,33	8,165	20,7	10,4	S	1a	NA	NA	73,8	682	B
683	6,17	3,085	5,27	2,78	S	1a	NA	NA	73,8	683	B
684	27,84	23,95	26,93	24,51	C	1a	NA	NA	73,8	684	B
685	31,81	26,47	32,21	25,17	C	1a	NA	NA	73,8	685	B
686	17,41	16,095	19,23	15,17	C	1a	NA	NA	73,8	686	B
687	19,97	16,96	21,22	17,8	C	1a	NA	NA	73,8	687	B
688	23,17	22,91	27,35	24,76	C	1a	NA	NA	73,8	688	B
689	21,95	10,975	22,72	11,11	S	1a	NA	NA	73,8	689	B
690	6,77	3,385	6,18	3,1	S	1a	NA	NA	73,8	690	B
691	6,64	3,32	4,98	2,51	S	1a	NA	NA	73,8	691	B
692	5,42	2,795	7,74	3,95	S	1a	NA	NA	73,8	692	B
693	8,16	4,08	6,72	3,4	S	1a	NA	NA	73,8	693	B
694	6,57	3,285	7,82	3,91	S	1a	NA	NA	73,8	694	B
695	5,71	2,855	6,66	3,33	S	1a	NA	NA	73,8	695	B
696	8,5	6,23	8,5	6,53	S	1a	NA	NA	73,8	696	B
697	6,1	5,31	7,69	5,57	S	1a	NA	NA	73,8	697	R
698	7,75	3,9925	7,9	4,85	C	1b	NA	NA	12,7	698	M
699	25,19	10,785	22,32	13,27	C	1b	NA	NA	12,7	699	M
700	6,72	3,3925	7,44	4,52	C	1b	NA	NA	12,7	700	M
701	13,18	4,27	13,32	6,33	C	1b	NA	NA	12,7	701	M
702	6,45	3,17	8,97	5,73	C	1b	NA	NA	12,7	702	M

Figura 20 (CONT.)

Numero de Fila	VAI- Max en Tumor	Promedio VAI en Tumor	NateraVAI- Max en Tumor	NateraVAI Promedio en Tumor	Cluster PyClone	Etapa pTNM	Índice Lesión 1	Índice Lesión 1	Entrada ADN	Numero Fila	Hospital
703	18,71	3,835	13,23	8,86	C	1b	NA	53	12,7	703	M
704	18,35	9,845	20,94	13,15	C	1b	NA	53	12,7	704	M
705	9,23	4,77	11,57	7,05	C	1b	NA	53	12,7	705	M
706	18,59	9,5425	17,43	11,35	C	1b	NA	53	12,7	706	M
707	16,4	7,78	17,32	10,89	C	1b	NA	53	12,7	707	M
708	9,78	2,9875	7,14	2,38	S	1b	NA	53	12,7	708	M
709	1,12	2,635	1,44	3,31	S	1b	NA	53	12,7	709	M
710	9,4	2,35	6,52	2,21		1b	NA	53	12,7	710	M
711	8,18	2,16	6,02	2,07		1b	NA	53	12,7	711	M
712	5,55	1,5725	4,46	1,5	S	1b	NA	53	12,7	712	M
713	17,38	14,0467	15,62	15,19	C	1a	NA	20	11,8	713	B
714	16,36	10,7267	15,24	11,76	C	1a	NA	20	11,8	714	B
715	10,18	9,60333	11,88	9,71	C	1a	NA	20	11,8	715	B
716	15,78	9,77333	15,91	11,39	C	1a	NA	20	11,8	716	B
717	11,29	9,80567	12,33	10,71	C	1a	NA	20	11,8	717	B
718	10,56	8,61333	13,49	10,73	C	1a	NA	20	11,8	718	B
719	11,8	9,43567	13,31	10,47	C	1a	NA	20	11,8	719	B
720	14,95	10,4167	16,04	11,45	C	1a	NA	20	11,8	720	B
721	10,59	9,23567	15,47	12,63	C	1a	NA	20	11,8	721	B
722	12,18	11,16	28,3	26,49	C	1a	NA	20	11,8	722	B
723	10	9,47	12,31	9,7	C	1a	NA	20	11,8	723	B
724	14,54	10,3733	10,61	9,33	C	1a	NA	20	11,8	724	B
725	6,4	5,48333	6,65	5,73	C	1a	NA	20	11,8	725	B
726	5,09	4,33333	5,51	4,93	S	1a	NA	20	11,8	726	B
727	5,01	3,65333	2,78	1,74	C	1a	NA	20	11,8	727	B
728	75	71	77,92	75,62		1b	NA	32	155,6	728	M
729	45,55	41,7375	52,05	46,41	C	1b	NA	32	155,6	729	M

FIG. 20 (CONT.)

Número de Fila	VAF Max en Tumor	Promedio VAF en Tumor	NateraVAF Max en Tumor	NateraVAF Promedio en Tumor	Clúster PyClone	Etapa pTNM	Tamaño Lesión 1	Tamaño Lesión 1	Entrada ADN	Número Fila	Hospital
730	43,61	41,05	44,74	43,68	C	1b	NA	32	155,6	730	M
731	57,15	55,85	61,20	60,26	C	1b	NA	32	155,6	731	M
732	33,96	31,2575	16,92	15,74	C	1b	NA	32	155,6	732	M
733	45,22	39,875	42,04	40,38	C	1b	NA	32	155,6	733	M
734	34,98	30,2325	78,36	20,89	C	1b	NA	32	155,6	734	M
735	43,45	42,235	66,67	53,74	C	1b	NA	32	155,6	735	M
736	43,12	41	42,36	41,44	C	1b	NA	32	155,6	736	M
737	39,02	37	43,81	42,76	C	1b	NA	32	155,6	737	M
738	37,55	35,16	42,86	30,49	C	1b	NA	32	155,7	738	M
739	30,47	27,7775	30,26	29,15	C	1b	NA	32	155,6	739	M
740	26,72	25,065	31,03	26,03	C	1b	NA	32	155,6	740	M
741	10,22	2,555	10,20	2,55	S	1b	NA	32	155,6	741	M
742	8,48	2,12	9,41	2,39	S	1b	NA	32	155,6	742	M
743	7	1,75	25,00	6,25	S	1b	NA	32	155,6	743	M
744	5,48	1,49	2,76	0,75	S	1b	NA	32	155,6	744	M
745	42,83	29,8	41,20	31,96	C	2b	71	66	19,2	745	A
746	26,32	18,8175	25,08	20,35	C	2b	71	66	19,2	746	A
747	22,77	19,8175	31,87	24,23	C	2b	71	66	19,2	747	A
748	22,59	5,6475	24,60	6,16	S	2b	71	66	19,2	748	A
749	18,82	4,705	19,11	4,84	S	2b	71	66	19,2	749	A
7W	18,7	4,675	24,80	6,22	S	2b	71	66	19,2	750	A
751	23,62	18,3025	29,56	24,43	C	2b	71	66	19,2	751	A
752	23,4	17,4375	27,54	21,86	C	21)	71	66	19,2	752	A
753	47,46	30,3575	47,60	34,43	C	7b	71	66	19,2	753	A
754	38,76	24,585	44,74	27,57	C	2b	71	66	19,2	754	A
755	27,2	20,6325	25,30	19,91	C	21)	71	66	19,2	755	A
756	40	28,8375	36,18	24,25	C	2b	71	66	19,2	756	A

FIG. 20 (CONT.)

Número de Fila	VAF Max en Tumor	Promedio VAF en Tumor	NateraVAF Máx en Tumor	NateraVAF Promedio en Tumor	Clúster PyCicne	Etapa pTNM	Tamaño Lesión 1	Tamaño Lesión 1	Entrada ADN	Número Fila	Hospital
757	16,12	4,03	19,12	4,78	S	2b	71	55	19,2	757	A
758	15,42	3,855	20,44	5,15	S	2b	71	55	19,2	758	A
759	8,36	2,09	7,7	1,92	S	2b	71	55	19,2	759	A
760	14,29	3,5725	16,71	4,18	S	2b	71	55	19,2	760	A
761	26,49	6,1225	28,89	7,22	S	2b	71	55	19,2	761	A
762	26,86	6,8	14,29	3,96	S	2b	71	55	19,2	762	A
763	26,19	6,5475	14,29	3,57	S	2b	71	55	19,2	763	A
764	24,15	8,4975	26,14	9,56	S	2b	71	55	19,2	764	A
765	72,52	66,455	75,22	70,72	C	1b	NA	32	76,5	765	M
766	51,19	44,72	53,6	46,33	C	1b	NA	32	76,5	766	M
767	48,91	43,36	56,13	45,14	C	1b	NA	32	76,5	767	M
768	40,70	22,4825	35,35	26,25	C	1b	NA	32	76,5	768	M
769	29,45	27,5175	29,97	27,75	C	1b	NA	32	76,5	769	M
770	15,19	5,0475	18,83	5,86	S	1b	NA	32	76,5	770	M
771	33,65	26,7175	34,97	29,85	C	1b	NA	32	76,5	771	M
772	37,83	35,1625	39,54	36,03	C	1b	NA	32	76,5	772	M
773	48,23	32,475	51,03	35,3	C	1b	NA	32	76,5	773	M
774	15,33	5,14	17,28	5,41	S	1b	NA	32	76,5	774	M
775	18,48	8,7875	19,66	9,5	S	1b	NA	32	76,5	775	M
776	14,86	6,9975	16,62	7,53	S	1b	NA	32	76,5	776	M
777	8,29	2,1775	12,04	3,35	S	1b	NA	37	76,5	777	M
778	6,51	2,065	7,59	2,31	S	1b	NA	30	76,5	778	M
779	11,64	5,725	17,07	7,85	S	1b	NA	32	76,5	779	M
780	16,8	8,1725	19,32	9,75	S	1b	NA	32	76,5	780	M
781	9,11	2,3675	9,98	2,64	S	1b	NA	32	76,5	781	M
782	7,02	2,0425	8,6	2,30	S	1b	NA	32	76,5	782	M
783	13,28	4,0075	15,44	5,04	S	1b	NA	32	76,5	783	M

FIG. 20 (CONT.)

Número de Fila	VAI Max en Tumor	Promedio VAI en Tumor	NateraVAI Máx en Tumor	NateraVAI Promedio en Tumor	Clúster PyClone	Etapas pTNM	Tamaño Lesión 1	Tamaño Lesión 1	Entrada ADN	Número Fila	Hospita
784	24,34	16,2475	22,14	17,31	C	1b	NA	38	101,5	784	M
785	23,54	21,0525	24,42	22,69	C	1b	NA	38	101,5	785	M
786	22,54	16,8	21,33	17,98	C	1b	NA	0,38	101,5	786	M
787	21,25	11,305	20,39	11,57	S	1b	NA	30	101,5	787	M
788	16,99	14,57	16,59	13,95	C	1b	NA	38	101,5	788	M
789	16,38	14,065	18,3	15,33	C	1b	NA	38	101,5	789	M
790	8,7	3,965	9,55	4,7	S	1b	NA	38	101,5	790	M
791	5,07	2,21	4,7	2,33	S	1b	NA	38	101,5	791	M
792	18,41	14,0625	17,48	14,17	C	1b	NA	38	101,5	792	M
793	17,41	13,91	0,44	0,21	C	1b	NA	38	101,5	793	M
794	5,51	1,7775	5,49	2,5	S	1b	NA	38	101,5	794	M
795	5,37	2,3075	4,1	1,98	S	1b	NA	38	101,5	795	M
796	8,76	3,2	14,43	7,06	S	1b	NA	38	101,5	796	M
797	6,31	2,5175	4,67	2,24	S	1b	NA	38	101,5	797	M
798	6,74	1,605	6,16	1,55	S	1b	NA	30	101,5	798	M
799	10,95	2,7375	10,97	2,75	S	1b	NA	38	101,5	799	M
800	14,97	8,405	16,75	8,75	S	1b	NA	38	101,5	800	M
801	18,51	9,6875	43,9	21,55	S	1b	NA	38	101,5	801	M
802	10,38	2,595	10,75	2,59	S	1b	NA	38	101,5	802	M
803	81,78	80,795	83,94	81,34	C	1a	NA	16	15,6	803	B
804	36,17	30,87	33,53	33,2	C	1a	NA	16	15,6	804	B
805	35,29	34,02	43,4	37,51		1a	NA	16	15,6	805	B
806	31,16	29,365	28,54	27,4		1a	NA	16	15,6	806	B
807	15,83	8,71	12,12	6,95	C	1a	NA	16	15,6	807	B
808	29,14	27,5	30,53	29,63	C	1a	NA	16	15,6	808	B
009	22,53	21,455	24,60	23,91	C	1a	NA	16	15,6	009	D
810	19,94	19,59	24,74	24,28	C	1a	NA	16	15,6	810	B

FIG. 20 (CONT.)

Número de Fila	VAF Max en Tumor	Promedio VAF en Tumor	NateraVAF Máx en Tumor	NateraVAF Promedio en Tumor	Clúster PyClone	Etapas pTMM	Tamaño Lesión 1	Tamaño Lesión 1	Entrada ADN	Número Fila	Hospital
811	26,24	25,915	24,88	24,69	C	1a	NA	16	15,6	811	B
812	23,72	20,365	25,43	23,31	C	1a	NA	16	15,6	812	D
813	9,19	4,595	10,14	5,07	S	1a	NA	16	15,6	813	B
814	7,09	3,945	0,0	4,42	S	1a	NA	16	15,6	814	D
815	7,82	3,91	6,59	3,31	S	1a	NA	16	15,6	815	B
816	7,05	3,525	16,31	0,16	S	1a	NA	16	15,6	816	D
817	5,34	2,67	3,9	1,95	S	1a	NA	16	15,6	817	B
818	15,43	12,155	20,46	15,61	S	1a	NA	16	15,6	818	B
819	12,97	8,605	13,96	8,98	S	1a	NA	16	15,6	819	B
820	9,88	7,64	9,47	7,19	C	1a	NA	16	15,6	820	B
821	9,69	6,775	23,95	18,58	S	1a	NA	16	15,6	821	B
822	78,34	50,335	78,63	61,29	C	1b	NA	35	50,1	822	B
823	42,34	34,15	46,56	36,29	C	1b	NA	35	50,1	823	B
824	80,73	58,91	95,45	77,58	C	1b	NA	35	50,1	824	B
825	39,67	31,3625	46,6	38,46	C	1b	NA	35	50,1	825	B
826	32,42	23,235	42,24	30,36	C	1b	NA	35	50,1	826	B
827	11,63	9,02	10,03	7,55	C	1b	NA	35	50,1	827	B
828	81,5	60,375	66,57	46,85	C	1b	NA	35	50,1	828	B
829	10,59	2,9725	12,1	3,24	S	1b	NA	35	50,1	829	B
830	8,55	2,235	6,22	1,75	S	1b	NA	35	50,1	830	B
831	7,38	2,1725	6,41	1,81	S	1b	NA	35	50,1	831	B
832	6,32	1,925	4,13	1,36	S	1b	NA	35	50,1	832	B
833	25,35	6,71	29,48	7,77		1b	NA	35	50,1	833	B
834	9,1	2,35	8,71	2,19	S	1b	NA	35	50,1	834	B
835	5,39	1,675	5,48	2,04	S	1b	NA	35	50,1	835	B
836	5,3	1,5975	3,70	1,80	S	1b	NA	35	50,1	836	B
837	15,27	4,6675	14,84	4,53	S	1b	NA	35	50,1	837	B

FIG. 20 (CONT.)

Número de Fila	VAF Max en Tumor	Promedio VAF en Tumor	NateraVAF Max en Tumor	NateraVAF Promedio en Tumor	Clúster PyClone	Frapa pTNM	Tamaño Lesión 1	Tamaño Lesión 1	Entrada ADN	Número Fila	Hospital
838	13,71	4,5275	14,36	4,44	S	1b	NA	35	50,1	838	B
839	10,56	2,8025	3,17	0,94	S	1b	NA	35	50,1	839	B
840	39,13	33,525	48,02	45,6	C	1a	25	15	26,5	840	U
841	38,75	37,945	62,5	57,57	C	1a	25	15	26,5	841	U
842	36,14	34,29	37,59	35,02	C	1a	25	15	26,5	842	U
843	29,61	28,59	30,05	28,04	C	1a	25	15	26,5	843	U
844	24,69	23,185	26,89	25,23	C	1a	25	15	26,5	844	U
845	23,22	22,94	27,55	25,98	C	1a	25	15	26,5	845	U
846	12,6	11,8	15,4	15,03	C	1a	25	15	26,5	846	U
847	27,70	26,155	00	50	C	1a	25	15	26,5	847	U
848	28,07	26,165	38,97	35,38	C	1a	25	15	26,5	848	U
849	9,12	4,56	10,93	5,46	S	1a	25	15	26,5	849	U
850	10,4	5,2	9,52	4,76	S	1a	25	15	26,5	850	U
851	9,52	4,76	10,95	5,47	S	1a	25	15	26,5	851	U
852	12,77	6,385	5,91	2,96	S	1a	25	15	26,5	852	U
853	11,31	5,655	10,19	5,1	S	1a	25	15	26,5	853	U
854	10,2	5,17	10,91	5,46	S	1a	25	15	26,5	854	U
855	14,1	7,05	14,48	7,24	S	1a	25	15	26,5	855	U
856	10,66	5,33	10,1	5,05	S	1a	25	15	26,5	856	U
857	15,7	8,745	13,67	7,58	S	1a	25	15	26,5	857	U
858	13,37	7,405	16,98	9,11	S	1a	25	15	26,5	858	U
859	53,46	43,655	41,78	35,9	C	2a	60	50	33,0	859	U
860	44,19	37,59	41,58	34,67	C	2a	60	50	33,0	860	U
861	27,54	17,36	33,14	19,86	C	2a	60	50	33,0	861	U
867	17,47	14,07	16,83	15,04	C	7a	60	50	33,0	867	U
863	16,96	14,2225	16,89	15,07	C	2a	60	50	33,0	863	U
864	6,73	1,6825	6,18	1,56	S	2a	60	50	33,0	864	U

FIG. 20 (CONT.)

Número de Fila	VAF Max en Tumor	Promedio VAF en Tumor	NateraVAF Máx en Tumor	NateraVAF Promedio en Tumor	Clúster PyClone	Etapas pTNM	Tamaño Lesión 1	Tamaño Lesión 1	Entrada ADN	Número Fila	Hospital
865	39,88	35,6325	39,2	33,77	C	2a	60	50	33	865	U
866	53,08	46,3475	47,67	41,12	C	2a	60	50	33	866	U
867	38	33,5	21,52	20,38	C	2a	60	50	33	867	U
868	23,08	13,39	23,22	16,57	S	2a	60	50	33	868	U
869	20,18	14,6	33,33	20,24	S	23	60	50	33	869	U
870	16,14	10,2975	14,71	10,37	S	2a	60	50	33	870	U
871	5,62	3,705	6,11	4,21	S	2a	60	50	33	871	U
872	14,64	3,66	15,33	3,84	S	2a	60	50	33	872	U
873	11,2	2,8	12,92	3,23	S	2a	60	50	33	873	U
874	10,67	2,6675	10,32	2,58	S	2a	60	50	33	874	U
875	9,76	2,44	8,95	2,26	S	2a	60	50	33	875	U
876	20,26	5,065	15,49	3,89	S	2a	60	50	33	876	U
877	6,13	1,5325	5,87	1,47	S	2a	60	50	33	877	U
878	7,59	1,8975	15,7	3,92	S	2a	60	50	33	878	U
879	16,58	4,145	13,99	3,54	S	2a	60	50	33	879	U
880	53,99	43,445	61,73	39,77	C	1b	40	39	10	880	D
881	14,39	8,9825	15,39	9,03	C	1b	40	39	10	881	B
882	8,99	2,2475	9,27	1,86	S	1b	40	39	10	882	B
883	19	10,855	13,39	6,16	C	1b	40	39	10	883	B
884	19,29	11,9125	17,59	9,32	C	1b	40	39	10	884	B
885	14	9,38	18,98	9,56	C	1b	40	39	10	885	B
886	14,14	9,5525	18,3	10,1	C	1b	40	39	10	886	B
887	27,45	18,0175	50	19,8	C	1b	40	39	10	887	B
888	25,33	12,19	21,62	9,69	C	1b	40	39	10	888	B
889	21,71	13,6	17,51	9,49	C	1b	40	39	10	889	B
890	13,25	10,1825	40	11,45	C	1b	40	39	10	890	B
891	18,27	10,49	14,6	6,37	C	1b	40	39	10	891	B

Figura 20 (CONT.)

Número de Fila	VAE Max en Tumor	Promedio VAF en Tumor	NataraVAF Max en Tumor	NataraVAF Promedio en Tumor	Clúster PyClone	Etapa pTNUM	Tamaño Lesión 1	Tamaño Lesión 1	Entrada ADN	Número Fila	Hospital
892	14,29	3,5725	17,87	3,59	S	1b	40	39	10	892	B
893	10,48	2,7325	100	29		1b	40	39	10	893	B
894	22,14	5,535	15,72	3,2	S	1b	40	39	10	894	B
895	21,62	5,405	20,99	4,2	S	1b	40	39	10	895	B
896	13,97	3,4925	16,04	3,28	S	1b	40	39	10	896	B
897	19,51	8,3525	17,06	6,33	S	1b	40	39	10	897	B
898	13,58	7,3725	10,13	4,1	S	1b	40	39	10	898	B
899	17,02	12,055	13,29	11,18	C	3a	28	20	18,5	899	U
900	5,17	4,2375	5,51	4,63	C	3a	20	20	10,5	900	U
901	6,71	4,875	5,85	5,11	C	3a	28	20	18,5	901	U
902	7,71	6,69	13,75	11,61	C	3a	28	20	18,5	902	U
903	5,81	5,3675	5,85	4,8	C	3a	28	20	18,5	903	U
904	8,1	5,1	7,82	5,69	C	3a	28	20	18,5	904	U
905	14,18	10,19	12,85	10,94		3a	28	20	18,5	905	U
906	12,9	6,5675	4,15	3,24	C	3a	28	20	18,5	906	U
907	10,91	5,99	16,67	10,27	C	3a	28	20	18,5	907	U
908	6	4,1425	5,9	5,11	C	3a	28	20	18,5	908	U
909	6,85	1,7125	0	0		3a	28	20	18,5	909	U
910	6,41	1,8075	0,02	0,01		3a	28	20	18,5	910	U
911	5,43	1,3575	0,05	0,04		3a	28	20	18,5	911	U

Figura 20 (CONT.)

Número de fila	Tipo Patológico	Estatus LN	¿Invasión Vascular?	Lóbulo del pulmón	Nombre asignado
1	Adenocarcinoma	0	No	LUL	1a LTX180
2	Adenocarcinoma	0	No	LUL	1a LTX180
3	Adenocarcinoma	0	No	LUL	1a LTX180
4	Adenocarcinoma	0	No	LUL	1a LTX180
5	Adenocarcinoma	0	No	LUL	1a LTX180
6	Adenocarcinoma	0	No	LUL	1a LTX180
7	Adenocarcinoma	0	No	LUL	1a LTX180
8	Adenocarcinoma	0	No	LUL	1a LTX180
9	Adenocarcinoma	0	No	LUL	1a LTX180
10	Adenocarcinoma	0	No	LUL	1a LTX180
11	Adenocarcinoma	0	No	LUL	1a LTX180
12	Adenocarcinoma	0	No	LUL	1a LTX180
13	Adenocarcinoma	0	No	LUL	1a LTX180
14	Adenocarcinoma	0	No	LUL	1a LTX180
15	Adenocarcinoma	0	No	LUL	1a LTX180
16	Adenocarcinoma	0	No	LUL	1a LTX180
17	Adenocarcinoma	0	No	LUL	1a LTX180
18	Adenocarcinoma	0	No	LUL	1b LTX073
19	Adenocarcinoma	0	No	LUL	1b LTX073
20	Adenocarcinoma	0	No	LUL	1b LTX073
21	Adenocarcinoma	0	No	LUL	1b LTX073
22	Adenocarcinoma	0	No	LUL	1b LTX073
23	Adenocarcinoma	0	No	LUL	1b LTX073
24	Adenocarcinoma	0	No	LUL	1b LTX073
25	Adenocarcinoma	0	No	LUL	1b LTX073
26	Adenocarcinoma	0	No	LUL	1b LTX073
27	Adenocarcinoma	0	No	LUL	1b LTX073

Figura 20 (Cont.)

Número de fila	Tipo Patológico	Estatus LN	¿Invasión Vascular?	Lóbulo del pulmón	Nombre asignado
28	Adenocarcinoma	0	No	LUL	1b LTX073
29	Adenocarcinoma	0	No	LUL	1b LTX073
30	Adenocarcinoma	0	No	LUL	1b LTX073
31	Adenocarcinoma	0	No	LUL	1b LTX073
32	Adenocarcinoma	0	No	LUL	1b LTX073
33	Adenocarcinoma	0	No	LUL	1b LTX073
34	Adenocarcinoma	0	No	LUL	1b LTX073
35	Adenocarcinoma	0	No	LUL	1b LTX073
36	Adenocarcinoma	0	No	LUL	1b LTX073
37	Adenocarcinoma	0	No	LUL	1b LTX073
38	Adenocarcinoma	0	No	LUL	1b LTX073
39	Adenocarcinoma	0	No	LUL	1b LTX073
40	Carcinoma de células escamosas	0	no	RUL	1b LTX058
41	Carcinoma de células escamosas	0	no	RUL	1b LTX058
42	Carcinoma de células escamosas	0	no	RUL	1b LTX058
43	Carcinoma de células escamosas	0	no	RUL	1b LTX058
44	Carcinoma de células escamosas	0	no	RUL	1b LTX058
45	Carcinoma de células escamosas	0	no	RUL	1b LTX058
46	Carcinoma de células escamosas	0	no	RUL	1b LTX058
47	Carcinoma de células escamosas	0	no	RUL	1b LTX058
48	Carcinoma de células escamosas	0	no	RUL	1b LTX058
49	Carcinoma de células escamosas	0	no	RUL	1b LTX058
50	Carcinoma de células escamosas	0	no	RUL	1b LTX058
51	Carcinoma de células escamosas	0	no	RUL	1b LTX058
52	Carcinoma de células escamosas	0	no	RUL	1b LTX058
53	Carcinoma de células escamosas	0	no	RUL	1b LTX058
54	Carcinoma de células escamosas	0	no	RUL	1b LTX058

Figura 20 (Cont.)

Número de fila	Tipo Patológico	Estatus LN	¿Invasión Vascular?	Lóbulo del pulmón	Nombre asignado
55	Carcinoma de células escamosas	0	no	RUL	1b LTX058
56	Carcinoma de células escamosas	0	no	RUL	1b LTX058
57	Carcinoma de células escamosas	0	no	RUL	1b LTX058
58	Adenocarcinoma	1	No	LLL	2b LTX175
59	Adenocarcinoma	1	No	LLL	2b LTX175
60	Adenocarcinoma	1	No	LLL	2b LTX175
61	Adenocarcinoma	1	No	LLL	2b LTX175
62	Adenocarcinoma	1	No	LLL	2b LTX175
63	Adenocarcinoma	1	No	LLL	2b LTX175
64	Adenocarcinoma	1	No	LLL	2b LTX175
65	Adenocarcinoma	1	No	LLL	2b LTX175
66	Adenocarcinoma	1	No	LLL	2b LTX175
67	Adenocarcinoma	1	No	LLL	2b LTX175
68	Adenocarcinoma	1	No	LLL	2b LTX175
69	Adenocarcinoma	1	No	LLL	2b LTX175
70	Adenocarcinoma	1	No	LLL	2b LTX175
71	Adenocarcinoma	1	No	LLL	2b LTX175
72	Adenocarcinoma	1	No	LLL	2b LTX175
73	Adenocarcinoma	1	No	LLL	2b LTX175
74	Adenocarcinoma	1	No	LLL	2b LTX175
75	Adenocarcinoma	1	No	LLL	2b LTX175
76	Adenocarcinoma	1	No	LLL	2b LTX175
77	Adenocarcinoma	1	No	LLL	2b LTX175
78	Adenocarcinoma	1	No	LLL	2b LTX175
79	Adenocarcinoma	0	sí	LUL	1a LTX185
80	Adenocarcinoma	0	sí	LUL	1a LTX185
81	Adenocarcinoma	0	sí	LUL	1a LTX185

Figura 20 (Cont.)

Número de fila	Tipo Patológico	Estatus LN	¿Invasión Vascular?	Lóbulo del pulmón	Nombre asignado
82	Adenocarcinoma	0	Sí	LUL	1a LTX185
83	Adenocarcinoma	0	Sí	LUL	1a LTX185
84	Adenocarcinoma	0	Sí	LUL	1a LTX185
85	Adenocarcinoma	0	Sí	LUL	1a LTX185
86	Adenocarcinoma	0	Sí	LUL	1a LTX185
87	Adenocarcinoma	0	Sí	LUL	1a LTX185
88	Adenocarcinoma	0	Sí	LUL	1a LTX185
89	Adenocarcinoma	0	Sí	LUL	1a LTX185
90	Adenocarcinoma	0	Sí	LUL	1a LTX185
91	Adenocarcinoma	0	Sí	LUL	1a LTX185
92	Adenocarcinoma	0	Sí	LUL	1a LTX185
93	Adenocarcinoma	0	Sí	LUL	1a LTX185
94	Adenocarcinoma	0	Sí	LUL	1a LTX185
95	Adenocarcinoma	0	Sí	LUL	1a LTX185
96	Adenocarcinoma	0	Sí	LUL	1a LTX185
97	Adenocarcinoma	0	Sí	LUL	1a LTX185
98	Adenocarcinoma	1	No	RUL	2a LTX163
99	Adenocarcinoma	1	No	RUL	2a LTX163
100	Adenocarcinoma	1	No	RUL	2a LTX163
101	Adenocarcinoma	1	No	RUL	2a LTX163
102	Adenocarcinoma	1	No	RUL	2a LTX163
103	Adenocarcinoma	1	No	RUL	2a LTX163
104	Adenocarcinoma	1	No	RUL	2a LTX163
105	Adenocarcinoma	1	No	RUL	2a LTX163
106	Adenocarcinoma	1	No	RUL	2a LTX163
107	Adenocarcinoma	1	No	RUL	2a LTX163
108	Adenocarcinoma	1	No	RUL	2a LTX163

Figura 20 (Cont.)

Número de fila	Tipo Patológico	Estatus LN	¿Invasión Vascular?	Lóbulo del pulmón	Nombre asignado
109	Adenocarcinoma	1	No	RUL	2a LTX163
110	Adenocarcinoma	1	No	RUL	2a LTX163
111	Adenocarcinoma	1	No	RUL	2a LTX163
112	Adenocarcinoma	1	No	RUL	2a LTX163
113	Adenocarcinoma	1	No	RUL	2a LTX163
114	Adenocarcinoma	1	No	RUL	2a LTX163
115	Adenocarcinoma	1	No	RUL	2a LTX163
116	Adenocarcinoma	1	No	RUL	2a LTX163
117	Carcinoma de células escamosas	0	No	RUL	1a LTX111
118	Carcinoma de células escamosas	0	No	RUL	1a LTX111
119	Carcinoma de células escamosas	0	No	RUL	1a LTX111
120	Carcinoma de células escamosas	0	No	RUL	1a LTX111
121	Carcinoma de células escamosas	0	No	RUL	1a LTX111
122	Carcinoma de células escamosas	0	No	RUL	1a LTX111
123	Carcinoma de células escamosas	0	No	RUL	1a LTX111
124	Carcinoma de células escamosas	0	No	RUL	1a LTX111
125	Carcinoma de células escamosas	0	No	RUL	1a LTX111
126	Carcinoma de células escamosas	0	No	RUL	1a LTX111
127	Carcinoma de células escamosas	0	No	RUL	1a LTX111
128	Carcinoma de células escamosas	0	No	RUL	1a LTX111
129	Carcinoma de células escamosas	0	No	RUL	1a LTX111
130	Carcinoma de células escamosas	0	No	RUL	1a LTX111
131	Carcinoma de células escamosas	0	No	RUL	1a LTX111
132	Carcinoma de células escamosas	0	No	RUL	1a LTX111
133	Carcinoma de células escamosas	0	No	RUL	1a LTX111
134	Carcinoma de células escamosas	0	No	RUL	1a LTX111
135	Carcinoma de células escamosas	0	No	RUL	1a LTX111

Figura 20 (Cont.)

Número de fila	Tipo Patológico	Estatus LN	¿Invasión Vascular?	Lóbulo del pulmón	Nombre asignado
136	Carcinoma de células escamosas	0	No	LUL	1b LTX032
137	Carcinoma de células escamosas	0	No	LUL	1b LTX032
138	Carcinoma de células escamosas	0	No	LUL	1b LTX032
139	Carcinoma de células escamosas	0	No	LUL	1b LTX032
140	Carcinoma de células escamosas	0	No	LUL	1b LTX032
141	Carcinoma de células escamosas	0	No	LUL	1b LTX032
142	Carcinoma de células escamosas	0	No	LUL	1b LTX032
143	Carcinoma de células escamosas	0	No	LUL	1b LTX032
144	Carcinoma de células escamosas	0	No	LUL	1b LTX032
145	Carcinoma de células escamosas	0	No	LUL	1b LTX032
146	Carcinoma de células escamosas	0	No	LUL	1b LTX032
147	Carcinoma de células escamosas	0	No	LUL	1b LTX032
148	Carcinoma de células escamosas	0	No	LUL	1b LTX032
149	Carcinoma de células escamosas	0	No	LUL	1b LTX032
150	Carcinoma de células escamosas	0	No	LUL	1b LTX032
151	Carcinoma de células escamosas	0	No	LUL	1b LTX032
152	Carcinoma de células escamosas	0	No	LUL	1b LTX032
153	Carcinoma de células escamosas	0	No	LUL	1b LTX032
154		0	No	RUL	1b LTX126
155		0	No	RUL	1b LTX126
156		0	No	RUL	1b LTX126
157		0	No	RUL	1b LTX126
158		0	No	RUL	1b LTX126
159		0	No	RUL	1b LTX126
160		0	No	RUL	1b LTX126
161		0	No	RUL	1b LTX126
162		0	No	RUL	1b LTX126

Figura 20 (Cont.)

Número de fila	Tipo Patológico	Estatus LN	¿Invasión Vascular?	Lóbulo del pulmón	Nombre asignado
163		0	No	RUL	1b LTX126
164		0	No	RUL	1b LTX126
165		0	No	RUL	1b LTX126
166		0	No	RUL	1b LTX126
167		0	No	RUL	1b LTX126
168		0	No	RUL	1b LTX126
169		0	No	RUL	1b LTX126
170		0	No	RUL	1b LTX126
171		0	No	RUL	1b LTX126
172		0	No	RUL	1b LTX126
173	Adenocarcinoma	2	sí	LUL	3a LTX210
174	Adenocarcinoma	2	sí	LUL	3a LTX210
175	Adenocarcinoma	2	sí	LUL	3a LTX210
176	Adenocarcinoma	2	sí	LUL	3a LTX210
177	Adenocarcinoma	2	sí	LUL	3a LTX210
178	Adenocarcinoma	2	sí	LUL	3a LTX210
179	Adenocarcinoma	2	sí	LUL	3a LTX210
180	Adenocarcinoma	2	sí	LUL	3a LTX210
181	Adenocarcinoma	2	sí	LUL	3a LTX210
182	Adenocarcinoma	2	sí	LUL	3a LTX210
183	Adenocarcinoma	2	sí	LUL	3a LTX210
184	Adenocarcinoma	2	sí	LUL	3a LTX210
185	Adenocarcinoma	2	sí	LUL	3a LTX210
186	Adenocarcinoma	2	sí	LUL	3a LTX210
187	Adenocarcinoma	2	sí	LUL	3a LTX210
188	Adenocarcinoma	2	sí	LUL	3a LTX210
189	Adenocarcinoma	2	sí	LUL	3a LTX210

Figura 20 (Cont.)

Número de fila	Tipo Patológico	Estatus LN	¿Invasión Vascular?	Lóbulo del pulmón	Nombre asignado
190	Adenocarcinoma	2	sí	LUL	3a LTX210
191	Adenocarcinoma	2	sí	LUL	3a LTX210
192	Carcinoma de células escamosas	0	No	RLL	1b LTX093
193	Carcinoma de células escamosas	0	No	RLL	1b LTX093
194	Carcinoma de células escamosas	0	No	RLL	1b LTX093
195	Carcinoma de células escamosas	0	No	RLL	1b LTX093
196	Carcinoma de células escamosas	0	No	RLL	1b LTX093
197	Carcinoma de células escamosas	0	No	RLL	1b LTX093
198	Carcinoma de células escamosas	0	No	RLL	1b LTX093
199	Carcinoma de células escamosas	0	No	RLL	1b LTX093
200	Carcinoma de células escamosas	0	No	RLL	1b LTX093
201	Carcinoma de células escamosas	0	No	RLL	1b LTX093
202	Carcinoma de células escamosas	0	No	RLL	1b LTX093
203	Carcinoma de células escamosas	0	No	RLL	1b LTX093
204	Carcinoma de células escamosas	0	No	RLL	1b LTX093
205	Carcinoma de células escamosas	0	No	RLL	1b LTX093
206	Carcinoma de células escamosas	0	No	RLL	1b LTX093
207	Carcinoma de células escamosas	0	No	RLL	1b LTX093
208	Carcinoma de células escamosas	0	No	RLL	1b LTX093
209	Carcinoma de células escamosas	0	No	RLL	1b LTX093
210	Adenocarcinoma	0	No	RUL	1b LTX001
211	Adenocarcinoma	0	No	RUL	1b LTX001
212	Adenocarcinoma	0	No	RUL	1b LTX001
213	Adenocarcinoma	0	No	RUL	1b LTX001
214	Adenocarcinoma	0	No	RUL	1b LTX001
215	Adenocarcinoma	0	No	RUL	1b LTX001
216	Adenocarcinoma	0	No	RUL	1b LTX001

Figura 20 (Cont.)

Número de fila	Tipo Patológico	Estatus LN	¿Invasión Vascular?	Lóbulo del pulmón	Nombre asignado
217	Adenocarcinoma	0	No	RUL	1b LTX001
218	Adenocarcinoma	0	No	RUL	1b LTX001
219	Adenocarcinoma	0	No	RUL	1b LTX001
220	Adenocarcinoma	0	No	RUL	1b LTX001
221	Adenocarcinoma	0	No	RUL	1b LTX001
222	Adenocarcinoma	0	No	RUL	1b LTX001
223	Adenocarcinoma	0	No	RUL	1b LTX001
224	Adenocarcinoma	0	No	RUL	1b LTX001
225	Adenocarcinoma	0	No	RUL	1b LTX001
226	Adenocarcinoma	0	No	RUL	1b LTX001
227	Adenocarcinoma	?	No	LUL	1a LTX115
228	Adenocarcinoma	?	No	LUL	1a LTX115
229	Adenocarcinoma	?	No	LUL	1a LTX115
230	Adenocarcinoma	?	No	LUL	1a LTX115
231	Adenocarcinoma	?	No	LUL	1a LTX115
232	Adenocarcinoma	?	No	LUL	1a LTX115
233	Adenocarcinoma	?	No	LUL	1a LTX115
234	Adenocarcinoma	?	No	LUL	1a LTX115
235	Adenocarcinoma	?	No	LUL	1a LTX115
236	Adenocarcinoma	?	No	LUL	1a LTX115
237	Adenocarcinoma	?	No	LUL	1a LTX115
238	Adenocarcinoma	?	No	LUL	1a LTX115
239	Adenocarcinoma	?	No	LUL	1a LTX115
240	Adenocarcinoma	?	No	LUL	1a LTX115
241	Adenocarcinoma	?	No	LUL	1a LTX115
242	Adenocarcinoma	?	No	LUL	1a LTX115
243	Adenocarcinoma	?	No	LUL	1a LTX115

Figura 20 (Cont.)

Número de fila	Tipo Patológico	Estatus LN	¿Invasión Vascular?	Lóbulo del pulmón	Nombre asignado
244	Adenocarcinoma	?	No	LUL	1a LTX115
245	Adenocarcinoma	?	No	LUL	1a LTX115
246	Adenocarcinoma	0	sí	RUL	1a LTX062
247	Adenocarcinoma	0	sí	RUL	1a LTX062
248	Adenocarcinoma	0	sí	RUL	1a LTX062
249	Adenocarcinoma	0	sí	RUL	1a LTX062
250	Adenocarcinoma	0	sí	RUL	1a LTX062
251	Adenocarcinoma	0	sí	RUL	1a LTX062
252	Adenocarcinoma	0	sí	RUL	1a LTX062
253	Adenocarcinoma	0	sí	RUL	1a LTX062
254	Adenocarcinoma	0	sí	RUL	1a LTX062
255	Adenocarcinoma	0	sí	RUL	1a LTX062
256	Adenocarcinoma	0	sí	RUL	1a LTX062
257	Adenocarcinoma	0	sí	RUL	1a LTX062
258	Adenocarcinoma	0	sí	RUL	1a LTX062
259	Adenocarcinoma	0	sí	RUL	1a LTX062
260	Adenocarcinoma	0	sí	RUL	1a LTX062
261	Adenocarcinoma	0	sí	RUL	1a LTX062
262	Adenocarcinoma	0	sí	RUL	1a LTX062
263	Adenocarcinoma	0	sí	RUL	1a LTX062
264	Adenocarcinoma	0	sí	RUL	1a LTX062
265	Adenocarcinoma	0	sí	RUL	1a LTX062
266	Adenocarcinoma	0	No	RUL	1b LTX092
267	Adenocarcinoma	0	No	RUL	1b LTX092
268	Adenocarcinoma	0	No	RUL	1b LTX092
269	Adenocarcinoma	0	No	RUL	1b LTX092
270	Adenocarcinoma	0	No	RUL	1b LTX092

Figura 20 (Cont.)

Número de fila	Tipo Patológico	Estatus LN	¿Invasión Vascular?	Lóbulo del pulmón	Nombre asignado
271	Adenocarcinoma	0	No	RUL	1b LTX092
272	Adenocarcinoma	0	No	RUL	1b LTX092
273	Adenocarcinoma	0	No	RUL	1b LTX092
274	Adenocarcinoma	0	No	RUL	1b LTX092
275	Adenocarcinoma	0	No	RUL	1b LTX092
276	Adenocarcinoma	0	No	RUL	1b LTX092
277	Adenocarcinoma	0	No	RUL	1b LTX092
278	Adenocarcinoma	0	No	RUL	1b LTX092
279	Adenocarcinoma	0	No	RUL	1b LTX092
280	Adenocarcinoma	0	No	RUL	1b LTX092
281	Adenocarcinoma	0	No	RUL	1b LTX092
282	Adenocarcinoma	0	No	RUL	1b LTX092
283	Adenocarcinoma	0	No	RUL	1b LTX092
284	Adenocarcinoma	0	No	RUL	1b LTX092
285	Adenocarcinoma	0	No	RUL	1b LTX092
286	Adenocarcinoma	0	No	RUL	1b LTX092
287	Carcinoma de células escamosas	1	Sí	RML	2a LTX107
288	Carcinoma de células escamosas	1	Sí	RML	2a LTX107
289	Carcinoma de células escamosas	1	Sí	RML	2a LTX107
290	Carcinoma de células escamosas	1	Sí	RML	2a LTX107
291	Carcinoma de células escamosas	1	Sí	RML	2a LTX107
292	Carcinoma de células escamosas	1	Sí	RML	2a LTX107
293	Carcinoma de células escamosas	1	Sí	RML	2a LTX107
294	Carcinoma de células escamosas	1	Sí	RML	2a LTX107
295	Carcinoma de células escamosas	1	Sí	RML	2a LTX107
296	Carcinoma de células escamosas	1	Sí	RML	2a LTX107
297	Carcinoma de células escamosas	1	Sí	RML	2a LTX107

Figura 20 (Cont.)

Número de fila	Tipo Patológico	Estatus LN	¿Invasión Vascular?	Lóbulo del pulmón	Nombre asignado
298	Carcinoma de células escamosas	1	sí	RML	2a LTX107
299	Carcinoma de células escamosas	1	sí	RML	2a LTX107
300	Carcinoma de células escamosas	1	sí	RML	2a LTX107
301	Carcinoma de células escamosas	1	sí	RML	2a LTX107
302	Carcinoma de células escamosas	1	sí	RML	2a LTX107
303	Carcinoma de células escamosas	1	sí	RML	2a LTX107
304	Carcinoma de células escamosas	1	sí	RML	2a LTX107
305	Carcinoma de células escamosas	1	sí	RML	2a LTX107
306	Carcinoma de células escamosas	0	No	RUL	1b LTX085
307	Carcinoma de células escamosas	0	No	RUL	1b LTX085
308	Carcinoma de células escamosas	0	No	RUL	1b LTX085
309	Carcinoma de células escamosas	0	No	RUL	1b LTX085
310	Carcinoma de células escamosas	0	No	RUL	1b LTX085
311	Carcinoma de células escamosas	0	No	RUL	1b LTX085
312	Carcinoma de células escamosas	0	No	RUL	1b LTX085
313	Carcinoma de células escamosas	0	No	RUL	1b LTX085
314	Carcinoma de células escamosas	0	No	RUL	1b LTX085
315	Carcinoma de células escamosas	0	No	RUL	1b LTX085
316	Carcinoma de células escamosas	0	No	RUL	1b LTX085
317	Carcinoma de células escamosas	0	No	RUL	1b LTX085
318	Carcinoma de células escamosas	0	No	RUL	1b LTX085
319	Carcinoma de células escamosas	0	No	RUL	1b LTX085
320	Carcinoma de células escamosas	0	No	RUL	1b LTX085
321	Carcinoma de células escamosas	0	No	RLL	2a LTX028
322	Carcinoma de células escamosas	0	No	RLL	2a LTX028
323	Carcinoma de células escamosas	0	No	RLL	2a LTX028
324	Carcinoma de células escamosas	0	No	RLL	2a LTX028

Figura 20 (Cont.)

Número de fila	Tipo Patológico	Estatus LN	¿Invasión Vascular?	Lóbulo del pulmón	Nombre asignado
325	Carcinoma de células escamosas	0	No	RLL	2a LTX028
326	Carcinoma de células escamosas	0	No	RLL	2a LTX028
327	Carcinoma de células escamosas	0	No	RLL	2a LTX028
328	Carcinoma de células escamosas	0	No	RLL	2a LTX028
329	Carcinoma de células escamosas	0	No	RLL	2a LTX028
330	Carcinoma de células escamosas	0	No	RLL	2a LTX028
331	Carcinoma de células escamosas	0	No	RLL	2a LTX028
332	Carcinoma de células escamosas	0	No	RLL	2a LTX028
333	Carcinoma de células escamosas	0	No	RLL	2a LTX028
334	Carcinoma de células escamosas	0	No	RLL	2a LTX028
335	Carcinoma de células escamosas	0	No	RLL	2a LTX028
336	Carcinoma de células escamosas	0	No	RLL	2a LTX028
337	Carcinoma de células escamosas	0	No	RLL	2a LTX028
338	Carcinoma de células escamosas	0	No	RLL	2a LTX028
339	Carcinoma de células escamosas	0	No	RLL	2a LTX028
340	Carcinoma de células escamosas	0	Sí	RUL	1a LTX025
341	Carcinoma de células escamosas	0	Sí	RUL	1a LTX025
342	Carcinoma de células escamosas	0	Sí	RUL	1a LTX025
343	Carcinoma de células escamosas	0	Sí	RUL	1a LTX025
344	Carcinoma de células escamosas	0	Sí	RUL	1a LTX025
345	Carcinoma de células escamosas	0	Sí	RUL	1a LTX025
346	Carcinoma de células escamosas	0	Sí	RUL	1a LTX025
347	Carcinoma de células escamosas	0	Sí	RUL	1a LTX025
348	Carcinoma de células escamosas	0	Sí	RUL	1a LTX025
349	Carcinoma de células escamosas	0	Sí	RUL	1a LTX025
350	Carcinoma de células escamosas	0	Sí	RUL	1a LTX025
351	Carcinoma de células escamosas	0	Sí	RUL	1a LTX025

Figura 20 (Cont.)

Número de fila	Tipo Patológico	Estatus LN	¿Invasión Vascular?	Lóbulo del pulmón	Nombre asignado
352	Carcinoma de células escamosas	0	Sí	RUL	1a LTX025
353	Carcinoma de células escamosas	0	Sí	RUL	1a LTX025
354	Carcinoma de células escamosas	0	Sí	RUL	1a LTX025
355	Carcinoma de células escamosas	0	Sí	RUL	1a LTX025
356	Carcinoma de células escamosas	0	Sí	RUL	1a LTX025
357	Carcinoma de células escamosas	0	Sí	RUL	1a LTX025
358	Carcinoma de células escamosas	0	Sí	RUL	1a LTX025
359	Carcinoma de células escamosas	0	No	RUL	1a LTX120
360	Carcinoma de células escamosas	0	No	RUL	1a LTX120
361	Carcinoma de células escamosas	0	No	RUL	1a LTX120
362	Carcinoma de células escamosas	0	No	RUL	1a LTX120
363	Carcinoma de células escamosas	0	No	RUL	1a LTX120
364	Carcinoma de células escamosas	0	No	RUL	1a LTX120
365	Carcinoma de células escamosas	0	No	RUL	1a LTX120
366	Carcinoma de células escamosas	0	No	RUL	1a LTX120
367	Carcinoma de células escamosas	0	No	RUL	1a LTX120
368	Carcinoma de células escamosas	0	No	RUL	1a LTX120
369	Carcinoma de células escamosas	0	No	RUL	1a LTX120
370	Carcinoma de células escamosas	0	No	RUL	1a LTX120
371	Carcinoma de células escamosas	0	No	RUL	1a LTX120
372	Carcinoma de células escamosas	0	No	RUL	1a LTX120
373	Carcinoma de células escamosas	0	No	RUL	1a LTX120
374	Carcinoma de células escamosas	0	No	RUL	1a LTX120
375	Carcinoma de células escamosas	0	No	RUL	1a LTX120
376	Carcinoma de células escamosas	0	No	RUL	1a LTX120
377	Adenocarcinoma	0	No	LUL	1b LTX041
378	Adenocarcinoma	0	No	LUL	1b LTX041

Figura 20 (Cont.)

Número de fila	Tipo Patológico	Estatus LN	¿Invasión Vascular?	Lóbulo del pulmón	Nombre asignado
379	Adenocarcinoma	0	No	LUL	1b LTX041
380	Adenocarcinoma	0	No	LUL	1b LTX041
381	Adenocarcinoma	0	No	LUL	1b LTX041
382	Adenocarcinoma	0	No	LUL	1b LTX041
383	Adenocarcinoma	0	No	LUL	1b LTX041
384	Adenocarcinoma	0	No	LUL	1b LTX041
385	Adenocarcinoma	0	No	LUL	1b LTX041
386	Adenocarcinoma	0	No	LUL	1b LTX041
387	Adenocarcinoma	0	No	LUL	1b LTX041
388	Adenocarcinoma	0	No	LUL	1b LTX041
389	Adenocarcinoma	0	No	LUL	1b LTX041
390	Adenocarcinoma	0	No	LUL	1b LTX041
391	Adenocarcinoma	0	No	LUL	1b LTX041
392	Adenocarcinoma	0	No	LUL	1b LTX041
393	Adenocarcinoma	0	No	LUL	1b LTX041
394	Adenocarcinoma	0	No	LUL	1b LTX041
395	Adenocarcinoma	0	No	LUL	1b LTX041
396	Adenocarcinoma	2	No	RUL	3a LTX097
397	Adenocarcinoma	2	No	RUL	3a LTX097
398	Adenocarcinoma	2	No	RUL	3a LTX097
399	Adenocarcinoma	2	No	RUL	3a LTX097
400	Adenocarcinoma	2	No	RUL	3a LTX097
401	Adenocarcinoma	2	No	RUL	3a LTX097
402	Adenocarcinoma	2	No	RUL	3a LTX097
403	Adenocarcinoma	2	No	RUL	3a LTX097
404	Adenocarcinoma	2	No	RUL	3a LTX097
405	Adenocarcinoma	2	No	RUL	3a LTX097

Figura 20 (Cont.)

Número de fila	Tipo Patológico	Estatus LN	¿Invasión Vascular?	Lóbulo del pulmón	Nombre asignado
406	Adenocarcinoma	2	No	RUL	3a LTX097
407	Adenocarcinoma	2	No	RUL	3a LTX097
408	Adenocarcinoma	2	No	RUL	3a LTX097
409	Adenocarcinoma	2	No	RUL	3a LTX097
410	Adenocarcinoma	2	No	RUL	3a LTX097
411	Adenocarcinoma	2	No	RUL	3a LTX097
412	Adenocarcinoma	2	No	RUL	3a LTX097
413	Adenocarcinoma	2	No	RUL	3a LTX097
414	Adenocarcinoma	2	No	RUL	3a LTX097
415	Adenocarcinoma	0	Sí	LUL	1b LTX055
416	Adenocarcinoma	0	Sí	LUL	1b LTX055
417	Adenocarcinoma	0	Sí	LUL	1b LTX055
418	Adenocarcinoma	0	Sí	LUL	1b LTX055
419	Adenocarcinoma	0	Sí	LUL	1b LTX055
420	Adenocarcinoma	0	Sí	LUL	1b LTX055
421	Adenocarcinoma	0	Sí	LUL	1b LTX055
422	Adenocarcinoma	0	Sí	LUL	1b LTX055
423	Adenocarcinoma	0	Sí	LUL	1b LTX055
424	Adenocarcinoma	0	Sí	LUL	1b LTX055
425	Adenocarcinoma	0	Sí	LUL	1b LTX055
426	Adenocarcinoma	0	Sí	LUL	1b LTX055
427	Adenocarcinoma	0	Sí	LUL	1b LTX055
428	Adenocarcinoma	0	Sí	LUL	1b LTX055
429	Adenocarcinoma	0	Sí	LUL	1b LTX055
430	Adenocarcinoma	0	Sí	LUL	1b LTX055
431	Adenocarcinoma	0	Sí	LUL	1b LTX055
432	Adenocarcinoma	0	Sí	LUL	1b LTX055

Figura 20 (Cont.)

Número de fila	Tipo Patológico	Estatus LN	¿Invasión Vascular?	Lóbulo del pulmón	Nombre asignado
433	Adenocarcinoma	0	sí	LUL	1b LTX055
434	Adenocarcinoma	0	sí	LUL	1b LTX055
435	Adenocarcinoma	0	sí	LUL	1b LTX055
436	Carcinoma de células escamosas	1	sí	LUL	2b LTX165
437	Carcinoma de células escamosas	1	sí	LUL	2b LTX165
438	Carcinoma de células escamosas	1	sí	LUL	2b LTX165
439	Carcinoma de células escamosas	1	sí	LUL	2b LTX165
440	Carcinoma de células escamosas	1	sí	LUL	2b LTX165
441	Carcinoma de células escamosas	1	sí	LUL	2b LTX165
442	Carcinoma de células escamosas	1	sí	LUL	2b LTX165
443	Carcinoma de células escamosas	1	sí	LUL	2b LTX165
444	Carcinoma de células escamosas	1	sí	LUL	2b LTX165
445	Carcinoma de células escamosas	1	sí	LUL	2b LTX165
446	Carcinoma de células escamosas	1	sí	LUL	2b LTX165
447	Carcinoma de células escamosas	1	sí	LUL	2b LTX165
448	Carcinoma de células escamosas	1	sí	LUL	2b LTX165
449	Carcinoma de células escamosas	1	sí	LUL	2b LTX165
450	Carcinoma de células escamosas	1	sí	LUL	2b LTX165
451	Carcinoma de células escamosas	1	sí	LUL	2b LTX165
452	Carcinoma de células escamosas	1	sí	LUL	2b LTX165
453	Carcinoma de células escamosas	1	sí	LUL	2b LTX165
454	Carcinoma de células escamosas	1	sí	LUL	2b LTX165
455	Carcinoma de células escamosas	1	sí	LUL	2b LTX165
456	Adenocarcinoma	2	sí	RLL	3a LTX021
457	Adenocarcinoma	2	sí	RLL	3a LTX021
458	Adenocarcinoma	2	sí	RLL	3a LTX021
459	Adenocarcinoma	2	sí	RLL	3a LTX021

Figura 20 (Cont.)

Número de fila	Tipo Patológico	Estatus LN	¿Invasión Vascular?	Lóbulo del pulmón	Nombre asignado
460	Adenocarcinoma	2	sí	RLL	3a LTX021
461	Adenocarcinoma	2	sí	RLL	3a LTX021
462	Adenocarcinoma	2	sí	RLL	3a LTX021
463	Adenocarcinoma	2	sí	RLL	3a LTX021
464	Adenocarcinoma	2	sí	RLL	3a LTX021
465	Adenocarcinoma	2	sí	RLL	3a LTX021
466	Adenocarcinoma	2	sí	RLL	3a LTX021
467	Adenocarcinoma	2	sí	RLL	3a LTX021
468	Adenocarcinoma	2	sí	RLL	3a LTX021
469	Adenocarcinoma	2	sí	RLL	3a LTX021
470	Adenocarcinoma	2	sí	RLL	3a LTX021
471	Adenocarcinoma	2	sí	RLL	3a LTX021
472	Adenocarcinoma	2	sí	RLL	3a LTX021
473	Adenocarcinoma	2	sí	RLL	3a LTX021
474	Adenocarcinoma	2	sí	RLL	3a LTX021
475	Carcinoma de células escamosas	0	sí	RML	1b LTX059
476	Carcinoma de células escamosas	0	sí	RML	1b LTX059
477	Carcinoma de células escamosas	0	sí	RML	1b LTX059
478	Carcinoma de células escamosas	0	sí	RML	1b LTX059
479	Carcinoma de células escamosas	0	sí	RML	1b LTX059
480	Carcinoma de células escamosas	0	sí	RML	1b LTX059
481	Carcinoma de células escamosas	0	sí	RML	1b LTX059
482	Carcinoma de células escamosas	0	sí	RML	1b LTX059
483	Carcinoma de células escamosas	0	sí	RML	1b LTX059
484	Carcinoma de células escamosas	0	sí	RML	1b LTX059
485	Carcinoma de células escamosas	0	sí	RML	1b LTX059
486	Carcinoma de células escamosas	0	sí	RML	1b LTX059

Figura 20 (Cont.)

Número de fila	Tipo Patológico	Estatus LN	¿Invasión Vascular?	Lóbulo del pulmón	Nombre asignado
487	Carcinoma de células escamosas	0	sí	RML	1b LTX059
488	Carcinoma de células escamosas	0	sí	RML	1b LTX059
489	Carcinoma de células escamosas	0	sí	RML	1b LTX059
490	Carcinoma de células escamosas	0	sí	RML	1b LTX059
491	Carcinoma de células escamosas	sí	sí	RML	1b LTX059
492	Carcinoma de células escamosas	0	sí	RML	1b LTX059
493	Adenocarcinoma	1	No	RLL	2a LTX084
494	Adenocarcinoma	1	No	RLL	2a LTX084
495	Adenocarcinoma	1	No	RLL	2a LTX084
496	Adenocarcinoma	1	No	RLL	2a LTX084
497	Adenocarcinoma	1	No	RLL	2a LTX084
498	Adenocarcinoma	1	No	RLL	2a LTX084
499	Adenocarcinoma	1	No	RLL	2a LTX084
500	Adenocarcinoma	1	No	RLL	2a LTX084
501	Adenocarcinoma	1	No	RLL	2a LTX084
502	Adenocarcinoma	1	No	RLL	2a LTX084
503	Adenocarcinoma	1	No	RLL	2a LTX084
504	Adenocarcinoma	1	No	RLL	2a LTX084
505	Adenocarcinoma	1	No	RLL	2a LTX084
506	Adenocarcinoma	1	No	RLL	2a LTX084
507	Adenocarcinoma	2	sí	RUL	3a LTX135
508	Adenocarcinoma	2	sí	RUL	3a LTX135
509	Adenocarcinoma	2	sí	RUL	3a LTX135
510	Adenocarcinoma	2	sí	RUL	3a LTX135
511	Adenocarcinoma	2	sí	RUL	3a LTX135
512	Adenocarcinoma	2	sí	RUL	3a LTX135
513	Adenocarcinoma	2	sí	RUL	3a LTX135

Figura 20 (Cont.)

Número de fila	Tipo Patológico	Estatus LN	¿Invasión Vascular?	Lóbulo del pulmón	Nombre asignado
514	Adenocarcinoma	2	sí	RUL	3a LTX135
515	Adenocarcinoma	2	sí	RUL	3a LTX135
516	Adenocarcinoma	2	sí	RUL	3a LTX135
517	Adenocarcinoma	2	sí	RUL	3a LTX135
518	Adenocarcinoma	2	sí	RUL	3a LTX135
519	Adenocarcinoma	2	sí	RUL	3a LTX135
520	Adenocarcinoma	2	sí	RUL	3a LTX135
521	Adenocarcinoma	2	sí	RUL	3a LTX135
522	Adenocarcinoma	2	sí	RUL	3a LTX135
523	Adenocarcinoma	2	sí	RUL	3a LTX135
524	Adenocarcinoma	2	sí	RUL	3a LTX135
525	Adenocarcinoma	2	sí	RUL	3a LTX135
526	Adenocarcinoma	0	No	RUL	1b LTX048
527	Adenocarcinoma	0	No	RUL	1b LTX048
528	Adenocarcinoma	0	No	RUL	1b LTX048
529	Adenocarcinoma	0	No	RUL	1b LTX048
530	Adenocarcinoma	0	No	RUL	1b LTX048
531	Adenocarcinoma	0	No	RUL	1b LTX048
532	Adenocarcinoma	0	No	RUL	1b LTX048
533	Adenocarcinoma	0	No	RUL	1b LTX048
534	Adenocarcinoma	0	No	RUL	1b LTX048
535	Adenocarcinoma	0	No	RUL	1b LTX048
536	Adenocarcinoma	0	No	RUL	1b LTX048
537	Adenocarcinoma	0	No	RUL	1b LTX048
538	Adenocarcinoma	0	No	RUL	1b LTX048
539	Adenocarcinoma	0	No	RUL	1b LTX048
540	Adenocarcinoma	0	No	RUL	1b LTX048

Figura 20 (Cont.)

Número de fila	Tipo Patológico	Estatus LN	¿Invasión Vascular?	Lóbulo del pulmón	Nombre asignado
541	Adenocarcinoma	0	No	RUL	1b LTX048
542	Adenocarcinoma	0	No	RUL	1b LTX048
543	Adenocarcinoma	0	No	RUL	1b LTX048
544	Adenocarcinoma	0	No	LUL	2b LTX046
545	Adenocarcinoma	0	No	LUL	2b LTX046
546	Adenocarcinoma	0	No	LUL	2b LTX046
547	Adenocarcinoma	0	No	LUL	2b LTX046
548	Adenocarcinoma	0	No	LUL	2b LTX046
549	Adenocarcinoma	0	No	LUL	2b LTX046
550	Adenocarcinoma	0	No	LUL	2b LTX046
551	Adenocarcinoma	0	No	LUL	2b LTX046
552	Adenocarcinoma	0	No	LUL	2b LTX046
553	Adenocarcinoma	0	No	LUL	2b LTX046
554	Adenocarcinoma	0	No	LUL	2b LTX046
555	Adenocarcinoma	0	No	LUL	2b LTX046
556	Adenocarcinoma	0	No	LUL	2b LTX046
557	Adenocarcinoma	0	No	LUL	2b LTX046
558	Adenocarcinoma	0	No	LUL	2b LTX046
559	Adenocarcinoma	0	No	LUL	2b LTX046
560	Adenocarcinoma	0	No	LUL	2b LTX046
561	Adenocarcinoma	0	No	LUL	2b LTX046
562	Adenocarcinoma	0	No	RUL	1b LTX036
563	Adenocarcinoma	0	No	RUL	1b LTX036
564	Adenocarcinoma	0	No	RUL	1b LTX036
565	Adenocarcinoma	0	No	RUL	1b LTX036
566	Adenocarcinoma	0	No	RUL	1b LTX036
567	Adenocarcinoma	0	No	RUL	1b LTX036

Figura 20 (Cont.)

Número de fila	Tipo Patológico	Estatus LN	¿Invasión Vascular?	Lóbulo del pulmón	Nombre asignado
568	Adenocarcinoma	0	No	RUL	1b LTX036
569	Adenocarcinoma	0	No	RUL	1b LTX036
570	Adenocarcinoma	0	No	RUL	1b LTX036
571	Adenocarcinoma	0	No	RUL	1b LTX036
572	Adenocarcinoma	0	No	RUL	1b LTX036
573	Adenocarcinoma	0	No	RUL	1b LTX036
574	Adenocarcinoma	0	No	RUL	1b LTX036
575	Adenocarcinoma	0	No	RUL	1b LTX036
576	Adenocarcinoma	0	No	RUL	1b LTX036
577	Adenocarcinoma	0	No	RUL	1b LTX036
578	Adenocarcinoma	0	No	RUL	1b LTX036
579	Adenocarcinoma	0	No	RUL	1b LTX036
580	Adenocarcinoma	0	No	RUL	1b LTX036
581	Adenocarcinoma	0	No	RUL	1b LTX036
582	Carcinoma de células escamosas	0	No	LUL	2a LTX022
583	Carcinoma de células escamosas	0	No	LUL	2a LTX022
584	Carcinoma de células escamosas	0	No	LUL	2a LTX022
585	Carcinoma de células escamosas	0	No	LUL	2a LTX022
586	Carcinoma de células escamosas	0	No	LUL	2a LTX022
587	Carcinoma de células escamosas	0	No	LUL	2a LTX022
588	Carcinoma de células escamosas	0	No	LUL	2a LTX022
589	Carcinoma de células escamosas	0	No	LUL	2a LTX022
590	Carcinoma de células escamosas	0	No	LUL	2a LTX022
591	Carcinoma de células escamosas	0	No	LUL	2a LTX022
592	Carcinoma de células escamosas	0	No	LUL	2a LTX022
593	Carcinoma de células escamosas	0	No	LUL	2a LTX022
594	Carcinoma de células escamosas	0	No	LUL	2a LTX022

Figura 20 (Cont.)

Número de fila	Tipo Patológico	Estatus LN	¿Invasión Vascular?	Lóbulo del pulmón	Nombre asignado
595	Carcinoma de células escamosas	0	No	LUL	2a LTX022
596	Carcinoma de células escamosas	0	No	LUL	2a LTX022
597	Carcinoma de células escamosas	0	No	LUL	2a LTX022
598	Carcinoma de células escamosas	0	No	LUL	2a LTX022
599	Carcinoma de células escamosas	0	No	LUL	2a LTX022
600	Carcinoma de células escamosas	0	No	LUL	2a LTX022
601	Carcinoma de células escamosas	0	No	LUL	2a LTX022
602	Adenocarcinoma	0	sí	RML	1b LTX049
603	Adenocarcinoma	0	sí	RML	1b LTX049
604	Adenocarcinoma	0	sí	RML	1b LTX049
605	Adenocarcinoma	0	sí	RML	1b LTX049
606	Adenocarcinoma	0	sí	RML	1b LTX049
607	Adenocarcinoma	0	sí	RML	1b LTX049
608	Adenocarcinoma	0	sí	RML	1b LTX049
609	Adenocarcinoma	0	sí	RML	1b LTX049
610	Adenocarcinoma	0	sí	RML	1b LTX049
611	Adenocarcinoma	0	sí	RML	1b LTX049
612	Adenocarcinoma	0	sí	RML	1b LTX049
613	Adenocarcinoma	0	sí	RML	1b LTX049
614	Adenocarcinoma	0	sí	RML	1b LTX049
615	Adenocarcinoma	0	sí	RML	1b LTX049
616	Adenocarcinoma	0	sí	RML	1b LTX049
617	Adenocarcinoma	0	sí	RML	1b LTX049
618	Adenocarcinoma	0	sí	RML	1b LTX049
619	Adenocarcinoma	0	sí	RML	1b LTX049
620	Adenocarcinoma	0	sí	RML	1b LTX049
621	Carcinoma de células escamosas	1	sí	RLL	2a LTX063

Figura 20 (Cont.)

Número de fila	Tipo Patológico	Estatus LN	¿Invasión Vascular?	Lóbulo del pulmón	Nombre asignado
622	Carcinoma de células escamosas	1	Sí	RLL	2a LTX063
623	Carcinoma de células escamosas	1	Sí	RLL	2a LTX063
624	Carcinoma de células escamosas	1	Sí	RLL	2a LTX063
625	Carcinoma de células escamosas	1	Sí	RLL	2a LTX063
626	Carcinoma de células escamosas	1	Sí	RLL	2a LTX063
627	Carcinoma de células escamosas	1	Sí	RLL	2a LTX063
628	Carcinoma de células escamosas	1	Sí	RLL	2a LTX063
629	Carcinoma de células escamosas	1	Sí	RLL	2a LTX063
630	Carcinoma de células escamosas	1	Sí	RLL	2a LTX063
631	Carcinoma de células escamosas	1	Sí	RLL	2a LTX063
632	Carcinoma de células escamosas	1	Sí	RLL	2a LTX063
633	Carcinoma de células escamosas	1	Sí	RLL	2a LTX063
634	Carcinoma de células escamosas	1	Sí	RLL	2a LTX063
635	Carcinoma de células escamosas	1	Sí	RLL	2a LTX063
636	Carcinoma de células escamosas	1	Sí	RLL	2a LTX063
637	Carcinoma de células escamosas	1	Sí	RLL	2a LTX063
638	Carcinoma de células escamosas	1	Sí	RLL	2a LTX063
639	Carcinoma de células escamosas	1	Sí	RLL	2a LTX063
640	Carcinoma de células escamosas	1	Sí	RLL	2a LTX063
641	Adenocarcinoma	0	No	LLL	1b LTX144
642	Adenocarcinoma	0	No	LLL	1b LTX144
643	Adenocarcinoma	0	No	LLL	1b LTX144
644	Adenocarcinoma	0	No	LLL	1b LTX144
645	Adenocarcinoma	0	No	LLL	1b LTX144
646	Adenocarcinoma	0	No	LLL	1b LTX144
647	Adenocarcinoma	0	No	LLL	1b LTX144
648	Adenocarcinoma	0	No	LLL	1b LTX144

Figura 20 (Cont.)

Número de fila	Tipo Patológico	Estatus LN	¿Invasión Vascular?	Lóbulo del pulmón	Nombre asignado
649	Adenocarcinoma	0	No	LLL	1b LTX144
650	Adenocarcinoma	0	No	LLL	1b LTX144
651	Adenocarcinoma	0	No	LLL	1b LTX144
652	Adenocarcinoma	0	No	LLL	1b LTX144
653	Adenocarcinoma	0	No	LLL	1b LTX144
654	Adenocarcinoma	0	No	LLL	1b LTX144
655	Adenocarcinoma	0	No	LLL	1b LTX144
656	Adenocarcinoma	0	No	LLL	1b LTX144
657	Adenocarcinoma	0	No	LLL	1b LTX144
658	Adenocarcinoma	0	No	LLL	1b LTX144
659	Adenocarcinoma	0	No	LLL	1b LTX144
660	Carcinoma de células escamosas	0	Sí	LUL	2b LTX038
661	Carcinoma de células escamosas	0	Sí	LUL	2b LTX038
662	Carcinoma de células escamosas	0	Sí	LUL	2b LTX038
663	Carcinoma de células escamosas	0	Sí	LUL	2b LTX038
664	Carcinoma de células escamosas	0	Sí	LUL	2b LTX038
665	Carcinoma de células escamosas	0	Sí	LUL	2b LTX038
666	Carcinoma de células escamosas	0	Sí	LUL	2b LTX038
667	Carcinoma de células escamosas	0	Sí	LUL	2b LTX038
668	Carcinoma de células escamosas	0	Sí	LUL	2b LTX038
669	Carcinoma de células escamosas	0	Sí	LUL	2b LTX038
670	Carcinoma de células escamosas	0	Sí	LUL	2b LTX038
671	Carcinoma de células escamosas	0	Sí	LUL	2b LTX038
672	Carcinoma de células escamosas	0	Sí	LUL	2b LTX038
673	Carcinoma de células escamosas	0	Sí	LUL	2b LTX038
674	Carcinoma de células escamosas	0	Sí	LUL	2b LTX038
675	Carcinoma de células escamosas	0	Sí	LUL	2b LTX038

Figura 20 (Cont.)

Número de fila	Tipo Patológico	Estatus LN	¿Invasión Vascular?	Lóbulo del pulmón	Nombre asignado
676	Carcinoma de células escamosas	0	Sí	LUL	2b LTX038
677	Carcinoma de células escamosas	0	Sí	LUL	2b LTX038
678	Carcinoma de células escamosas	0	Sí	LUL	2b LTX038
679	Carcinoma de células escamosas	0	Sí	LUL	2b LTX038
680	Adenocarcinoma	0	No	RLL	1a LTX034
681	Adenocarcinoma	0	No	RLL	1a LTX034
682	Adenocarcinoma	0	No	RLL	1a LTX034
683	Adenocarcinoma	0	No	RLL	1a LTX034
684	Adenocarcinoma	0	No	RLL	1a LTX034
685	Adenocarcinoma	0	No	RLL	1a LTX034
686	Adenocarcinoma	0	No	RLL	1a LTX034
687	Adenocarcinoma	0	No	RLL	1a LTX034
688	Adenocarcinoma	0	No	RLL	1a LTX034
689	Adenocarcinoma	0	No	RLL	1a LTX034
690	Adenocarcinoma	0	No	RLL	1a LTX034
691	Adenocarcinoma	0	No	RLL	1a LTX034
692	Adenocarcinoma	0	No	RLL	1a LTX034
693	Adenocarcinoma	0	No	RLL	1a LTX034
694	Adenocarcinoma	0	No	RLL	1a LTX034
695	Adenocarcinoma	0	No	RLL	1a LTX034
696	Adenocarcinoma	0	No	RLL	1a LTX034
697	Adenocarcinoma	0	No	RLL	1a LTX034
698	Adenocarcinoma	0	No	LLL	1b LTX013
699	Adenocarcinoma	0	No	LLL	1b LTX013
700	Adenocarcinoma	0	No	LLL	1b LTX013
701	Adenocarcinoma	0	No	LLL	1b LTX013
702	Adenocarcinoma	0	No	LLL	1b LTX013

Figura 20 (Cont.)

Número de fila	Tipo Patológico	Estatus LN	¿Invasión Vascular?	Lóbulo del pulmón	Nombre asignado
703	Adenocarcinoma	0	No	LLL	1b LTX013
704	Adenocarcinoma	0	No	LLL	1b LTX013
705	Adenocarcinoma	0	No	LLL	1b LTX013
706	Adenocarcinoma	0	No	LLL	1b LTX013
707	Adenocarcinoma	0	No	LLL	1b LTX013
708	Adenocarcinoma	0	No	LLL	1b LTX013
709	Adenocarcinoma	0	No	LLL	1b LTX013
710	Adenocarcinoma	0	No	LLL	1b LTX013
711	Adenocarcinoma	0	No	LLL	1b LTX013
712	Adenocarcinoma	0	No	LLL	1b LTX013
713		0	No	LLL	1a LTX065
714		0	No	LLL	1a LTX065
715		0	No	LLL	1a LTX065
716		0	No	LLL	1a LTX065
717		0	No	LLL	1a LTX065
718		0	No	LLL	1a LTX065
719		0	No	LLL	1a LTX065
720		0	No	LLL	1a LTX065
721		0	No	LLL	1a LTX065
722		0	No	LLL	1a LTX065
723		0	No	LLL	1a LTX065
724		0	No	LLL	1a LTX065
725		0	No	LLL	1a LTX065
726		0	No	LLL	1a LTX065
727		0	No	LLL	1a LTX065
728	Carcinoma de células escamosas	0	No	LUL	1b LTX149
729	Carcinoma de células escamosas	0	No	LUL	1b LTX149

Figura 20 (Cont.)

Número de fila	Tipo Patológico	Estatus LN	¿Invasión Vascular?	Lóbulo del pulmón	Nombre asignado
730	Carcinoma de células escamosas	0	No	LUL	1b LTX149
731	Carcinoma de células escamosas	0	No	LUL	1b LTX149
732	Carcinoma de células escamosas	0	No	LUL	1b LTX149
733	Carcinoma de células escamosas	0	No	LUL	1b LTX149
734	Carcinoma de células escamosas	0	No	LUL	1b LTX149
735	Carcinoma de células escamosas	0	No	LUL	1b LTX149
736	Carcinoma de células escamosas	0	No	LUL	1b LTX149
737	Carcinoma de células escamosas	0	No	LUL	1b LTX149
738	Carcinoma de células escamosas	0	No	LUL	1b LTX149
739	Carcinoma de células escamosas	0	No	LUL	1b LTX149
740	Carcinoma de células escamosas	0	No	LUL	1b LTX149
741	Carcinoma de células escamosas	0	No	LUL	1b LTX149
742	Carcinoma de células escamosas	0	No	LUL	1b LTX149
743	Carcinoma de células escamosas	0	No	LUL	1b LTX149
744	Carcinoma de células escamosas	0	No	LUL	1b LTX149
745	Adenocarcinoma	0	No	LLL	2b LTX102
746	Adenocarcinoma	0	No	LLL	2b LTX102
747	Adenocarcinoma	0	No	LLL	2b LTX102
748	Adenocarcinoma	0	No	LLL	2b LTX102
749	Adenocarcinoma	0	No	LLL	2b LTX102
750	Adenocarcinoma	0	No	LLL	2b LTX102
751	Adenocarcinoma	0	No	LLL	2b LTX102
752	Adenocarcinoma	0	No	LLL	2b LTX102
753	Adenocarcinoma	0	No	LLL	2b LTX102
754	Adenocarcinoma	0	No	LLL	2b LTX102
755	Adenocarcinoma	0	No	LLL	2b LTX102
756	Adenocarcinoma	0	No	LLL	2b LTX102

Figura 20 (Cont.)

Número de fila	Tipo Patológico	Estatus LN	¿Invasión Vascular?	Lóbulo del pulmón	Nombre asignado
757	Adenocarcinoma	0	No	LLL	2b LTX102
758	Adenocarcinoma	0	No	LLL	2b LTX102
759	Adenocarcinoma	0	No	LLL	2b LTX102
760	Adenocarcinoma	0	No	LLL	2b LTX102
761	Adenocarcinoma	0	No	LLL	2b LTX102
762	Adenocarcinoma	0	No	LLL	2b LTX102
763	Adenocarcinoma	0	No	LLL	2b LTX102
764	Adenocarcinoma	0	No	LLL	2b LTX102
765	Carcinoma de células escamosas	0	No	RLL	1b LTX015
766	Carcinoma de células escamosas	0	No	RLL	1b LTX015
767	Carcinoma de células escamosas	0	No	RLL	1b LTX015
768	Carcinoma de células escamosas	0	No	RLL	1b LTX015
769	Carcinoma de células escamosas	0	No	RLL	1b LTX015
770	Carcinoma de células escamosas	0	No	RLL	1b LTX015
771	Carcinoma de células escamosas	0	No	RLL	1b LTX015
772	Carcinoma de células escamosas	0	No	RLL	1b LTX015
773	Carcinoma de células escamosas	0	No	RLL	1b LTX015
774	Carcinoma de células escamosas	0	No	RLL	1b LTX015
775	Carcinoma de células escamosas	0	No	RLL	1b LTX015
776	Carcinoma de células escamosas	0	No	RLL	1b LTX015
777	Carcinoma de células escamosas	0	No	RLL	1b LTX015
778	Carcinoma de células escamosas	0	No	RLL	1b LTX015
779	Carcinoma de células escamosas	0	No	RLL	1b LTX015
780	Carcinoma de células escamosas	0	No	RLL	1b LTX015
781	Carcinoma de células escamosas	0	No	RLL	1b LTX015
782	Carcinoma de células escamosas	0	No	RLL	1b LTX015
783	Carcinoma de células escamosas	0	No	RLL	1b LTX015

Figura 20 (Cont.)

Número de fila	Tipo Patológico	Estatus LN	¿Invasión Vascular?	Lóbulo del pulmón	Nombre asignado
784	Adenocarcinoma	0	No	RLL	1b LTX074
785	Adenocarcinoma	0	No	RLL	1b LTX074
786	Adenocarcinoma	0	No	RLL	1b LTX074
787	Adenocarcinoma	0	No	RLL	1b LTX074
788	Adenocarcinoma	0	No	RLL	1b LTX074
789	Adenocarcinoma	0	No	RLL	1b LTX074
790	Adenocarcinoma	0	No	RLL	1b LTX074
791	Adenocarcinoma	0	No	RLL	1b LTX074
792	Adenocarcinoma	0	No	RLL	1b LTX074
793	Adenocarcinoma	0	No	RLL	1b LTX074
794	Adenocarcinoma	0	No	RLL	1b LTX074
795	Adenocarcinoma	0	No	RLL	1b LTX074
796	Adenocarcinoma	0	No	RLL	1b LTX074
797	Adenocarcinoma	0	No	RLL	1b LTX074
798	Adenocarcinoma	0	No	RLL	1b LTX074
799	Adenocarcinoma	0	No	RLL	1b LTX074
800	Adenocarcinoma	0	No	RLL	1b LTX074
801	Adenocarcinoma	0	No	RLL	1b LTX074
802	Adenocarcinoma	0	No	RLL	1b LTX074
803	Adenocarcinoma	?	No	LUL	1a LTX075
804	Adenocarcinoma	?	No	LUL	1a LTX075
805	Adenocarcinoma	?	No	LUL	1a LTX075
806	Adenocarcinoma	?	No	LUL	1a LTX075
807	Adenocarcinoma	?	No	LUL	1a LTX075
808	Adenocarcinoma	?	No	LUL	1a LTX075
809	Adenocarcinoma	?	No	LUL	1a LTX075
810	Adenocarcinoma	?	No	LUL	1a LTX075

Figura 20 (Cont.)

Número de fila	Tipo Patológico	Estatus LN	¿Invasión Vascular?	Lóbulo del pulmón	Nombre asignado
811	Adenocarcinoma	?	No	LUL	1a LTX075
812	Adenocarcinoma	?	No	LUL	1a LTX075
813	Adenocarcinoma	?	No	LUL	1a LTX075
814	Adenocarcinoma	?	No	LUL	1a LTX075
815	Adenocarcinoma	?	No	LUL	1a LTX075
816	Adenocarcinoma	?	No	LUL	1a LTX075
817	Adenocarcinoma	?	No	LUL	1a LTX075
818	Adenocarcinoma	?	No	LUL	1a LTX075
819	Adenocarcinoma	?	No	LUL	1a LTX075
820	Adenocarcinoma	?	No	LUL	1a LTX075
821	Adenocarcinoma	?	No	LUL	1a LTX075
822	Carcinoma de células escamosas	0	Sí	RLL	1b LTX033
823	Carcinoma de células escamosas	0	Sí	RLL	1b LTX033
824	Carcinoma de células escamosas	0	Sí	RLL	1b LTX033
825	Carcinoma de células escamosas	0	Sí	RLL	1b LTX033
826	Carcinoma de células escamosas	0	Sí	RLL	1b LTX033
827	Carcinoma de células escamosas	0	Sí	RLL	1b LTX033
828	Carcinoma de células escamosas	0	Sí	RLL	1b LTX033
829	Carcinoma de células escamosas	0	Sí	RLL	1b LTX033
830	Carcinoma de células escamosas	0	Sí	RLL	1b LTX033
831	Carcinoma de células escamosas	0	Sí	RLL	1b LTX033
832	Carcinoma de células escamosas	0	Sí	RLL	1b LTX033
833	Carcinoma de células escamosas	0	Sí	RLL	1b LTX033
834	Carcinoma de células escamosas	0	Sí	RLL	1b LTX033
835	Carcinoma de células escamosas	0	Sí	RLL	1b LTX033
836	Carcinoma de células escamosas	0	Sí	RLL	1b LTX033
837	Carcinoma de células escamosas	0	Sí	RLL	1b LTX033

Figura 20 (Cont.)

Número de fila	Tipo Patológico	Estatus LN	¿Invasión Vascular?	Lóbulo del pulmón	Nombre asignado
838	Carcinoma de células escamosas	0	sí	RLL	1b LTX033
839	Carcinoma de células escamosas	0	sí	RLL	1b LTX033
840	Adenocarcinoma	0	No	RLL	1a LTX091
841	Adenocarcinoma	0	No	RLL	1a LTX091
842	Adenocarcinoma	0	No	RLL	1a LTX091
843	Adenocarcinoma	0	No	RLL	1a LTX091
844	Adenocarcinoma	0	No	RLL	1a LTX091
845	Adenocarcinoma	0	No	RLL	1a LTX091
846	Adenocarcinoma	0	No	RLL	1a LTX091
847	Adenocarcinoma	0	No	RLL	1a LTX091
848	Adenocarcinoma	0	No	RLL	1a LTX091
849	Adenocarcinoma	0	No	RLL	1a LTX091
850	Adenocarcinoma	0	No	RLL	1a LTX091
851	Adenocarcinoma	0	No	RLL	1a LTX091
852	Adenocarcinoma	0	No	RLL	1a LTX091
853	Adenocarcinoma	0	No	RLL	1a LTX091
854	Adenocarcinoma	0	No	RLL	1a LTX091
855	Adenocarcinoma	0	No	RLL	1a LTX091
856	Adenocarcinoma	0	No	RLL	1a LTX091
857	Adenocarcinoma	0	No	RLL	1a LTX091
858	Adenocarcinoma	0	No	RLL	1a LTX091
859	Carcinoma de células escamosas	0	sí	RUL	2a LTX076
860	Carcinoma de células escamosas	0	sí	RUL	2a LTX076
861	Carcinoma de células escamosas	0	sí	RUL	2a LTX076
862	Carcinoma de células escamosas	0	sí	RUL	2a LTX076
863	Carcinoma de células escamosas	0	sí	RUL	2a LTX076
864	Carcinoma de células escamosas	0	sí	RUL	2a LTX076

Figura 20 (Cont.)

Número de fila	Tipo Patológico	Estatus LN	¿Invasión Vascular?	Lóbulo del pulmón	Nombre asignado
865	Carcinoma de células escamosas	0	sí	RUL	2a LTX076
866	Carcinoma de células escamosas	0	sí	RUL	2a LTX076
867	Carcinoma de células escamosas	0	sí	RUL	2a LTX076
868	Carcinoma de células escamosas	0	sí	RUL	2a LTX076
869	Carcinoma de células escamosas	0	sí	RUL	2a LTX076
870	Carcinoma de células escamosas	0	sí	RUL	2a LTX076
871	Carcinoma de células escamosas	0	sí	RUL	2a LTX076
872	Carcinoma de células escamosas	0	sí	RUL	2a LTX076
873	Carcinoma de células escamosas	0	sí	RUL	2a LTX076
874	Carcinoma de células escamosas	0	sí	RUL	2a LTX076
875	Carcinoma de células escamosas	0	sí	RUL	2a LTX076
876	Carcinoma de células escamosas	0	sí	RUL	2a LTX076
877	Carcinoma de células escamosas	0	sí	RUL	2a LTX076
878	Carcinoma de células escamosas	0	sí	RUL	2a LTX076
879	Carcinoma de células escamosas	0	sí	RUL	2a LTX076
880	Adenocarcinoma	?	No	RLL	1b LTX160
881	Adenocarcinoma	?	No	RLL	1b LTX160
882	Adenocarcinoma	?	No	RLL	1b LTX160
883	Adenocarcinoma	?	No	RLL	1b LTX160
884	Adenocarcinoma	?	No	RLL	1b LTX160
885	Adenocarcinoma	?	No	RLL	1b LTX160
886	Adenocarcinoma	?	No	RLL	1b LTX160
887	Adenocarcinoma	?	No	RLL	1b LTX160
888	Adenocarcinoma	?	No	RLL	1b LTX160
889	Adenocarcinoma	?	No	RLL	1b LTX160
890	Adenocarcinoma	?	No	RLL	1b LTX160
891	Adenocarcinoma	?	No	RLL	1b LTX160

Figura 20 (Cont.)

Número de fila	Tipo Patológico	Estatus LN	¿Invasión Vascular?	Lóbulo del pulmón	Nombre asignado
892	Adenocarcinoma	?	No	RLL	1b LTX160
893	Adenocarcinoma	?	No	RLL	1b LTX160
894	Adenocarcinoma	?	No	RLL	1b LTX160
895	Adenocarcinoma	?	No	RLL	1b LTX160
896	Adenocarcinoma	?	No	RLL	1b LTX160
897	Adenocarcinoma	?	No	RLL	1b LTX160
898	Adenocarcinoma	?	No	RLL	1b LTX160
899	Adenocarcinoma	1	No	RLL	3a LTX103
900	Adenocarcinoma	1	No	RLL	3a LTX103
901	Adenocarcinoma	1	No	RLL	3a LTX103
902	Adenocarcinoma	1	No	RLL	3a LTX103
903	Adenocarcinoma	1	No	RLL	3a LTX103
904	Adenocarcinoma	1	No	RLL	3a LTX103
905	Adenocarcinoma	1	No	RLL	3a LTX103
906	Adenocarcinoma	1	No	RLL	3a LTX103
907	Adenocarcinoma	1	No	RLL	3a LTX103
908	Adenocarcinoma	1	No	RLL	3a LTX103
909	Adenocarcinoma	1	No	RLL	3a LTX103
910	Adenocarcinoma	1	No	RLL	3a LTX103
911	Adenocarcinoma	1	No	RLL	3a LTX103

Figura 20 (Cont.)

Figura 21

